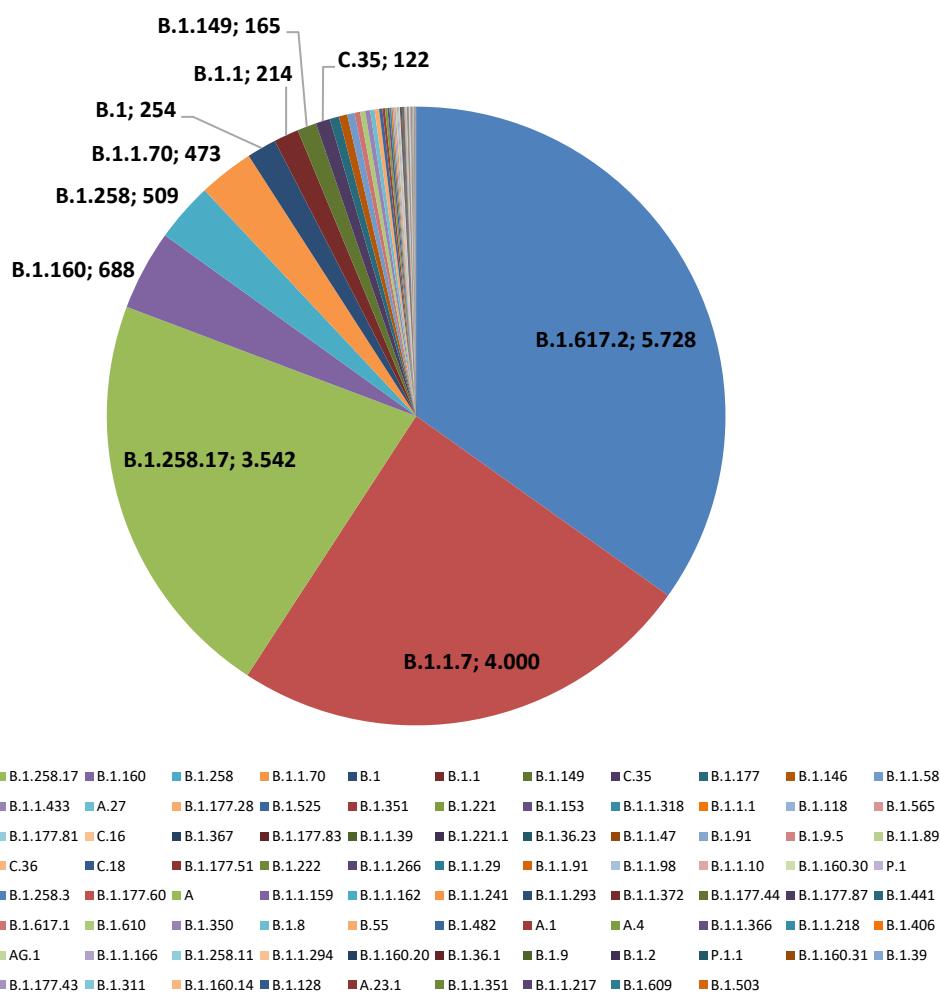




Datum: Ljubljana 12.10.2021

***Sistematično genomsko opredeljevanje in spremljanje epidemije SARS-CoV-2 v Sloveniji na Inštitutu za mikrobiologijo in imunologijo Medicinske fakultete Univerze v Ljubljani
Rezultati testiranja 919 vzorcev odvzetih med 27. 09. 2021 in 03. 10. 2021***

V **devetintrideseto presejalno sekveniranje** virusnih različic SARS-CoV-2 z metodo določanja nukleotidnih zaporedij (sekveniranje) smo vključili 919 vzorcev (**37 % vseh SARS-CoV-2 PCR-pozitivnih vzorcev na IMI**), ki so bili odvzeti med **27. 09. 2021 in 03. 10. 2021**. Izmed teh je bilo 71 % vzorcev iz osrednjeslovenske regije, 12 % iz Goriške regije, 4 % iz Jugovzhodne regije, po 2 % iz Primorske, Gorenjske in Zasavske regije, po 1 % iz Savinjske, Obalno-kraške, Posavske in Podravske regije. Osemindvajset vzorcev je pripadalo osebam, ki imajo stalno prebivališče v tujini.



Slika 1. Razporeditev posameznih genetskih različic opredeljenih s sekveniranjem celotnega genoma iz vzorcev vključenih v presejalno sekveniranje. V septembru in oktobru 2021 smo dokazali samo različico delta.



Nadzor nad zaskrbljujočimi genetskimi različicami (VOC)

Alfa - B.1.1.7 - Angleška različica

Različica alfa (501Y.V1 - B.1.1.7) vsebuje naslednje značilne mutacije: del69-70, del144, N501Y, A570D, D614G, P681H, T716I, S982A, D1118H. **V devetintridesetem presejalnem obdobju različice alfa nismo potrdili.** Genetska različica delta (B.1.617.2) je v Sloveniji popolnoma izrinila genetsko različico alfa. Do sedaj smo različico alfa potrdili pri 3.998 osebah.

Beta - B.1.351 - Južnoafriška različica

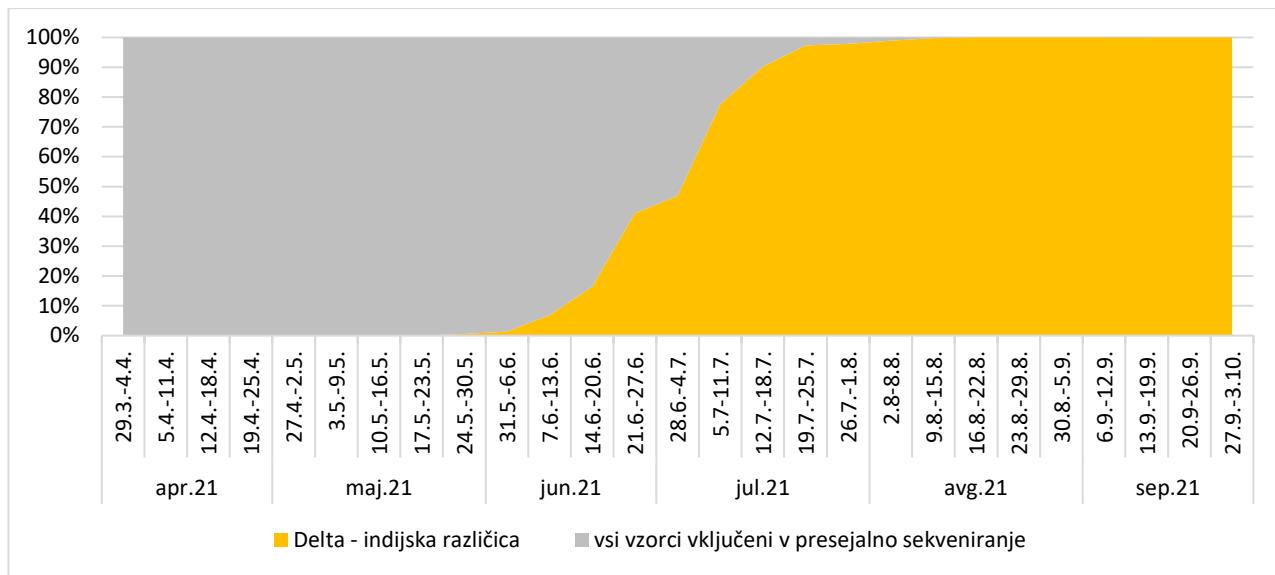
Različica beta (501Y.V2 - B.1.351) vsebuje naslednje značilne mutacije: L18F, D80A, D215G, K417N, E484K, N501Y, D614G in A701V. **V devetintridesetem presejalnem obdobju različice beta nismo potrdili.** Skupno smo do sedaj dokazali različico beta pri 23 osebah, od katerih jih 21 nima jasne epidemiološke anamneze za potencialni neposredni vnos iz tujine. Ena oseba je pripravovala iz celinske Tanzanije in ena iz Zanzibarja.

Gama – P.1 - Brazilska različica

Različica gama (501Y.V3 – P.1) vsebuje naslednje značilne mutacije: L18F, T20N, P26S, D138Y R190S, K417T, E484K, N501Y, D614G, H655Y, T1027I, V1176F. **V devetintridesetem presejalnem obdobju različice gama nismo potrdili.** Različico gama smo doslej potrdili pri 3 osebah.

Delta - B.1.617.2 - Indijska različica

Različica delta (B.1.617.2) vsebuje naslednje značilne mutacije: T19R, L452R, T478K, D614G, D950N, P681R, del157/158. **V devetintridesetem presejalnem testiranju smo različico delta potrdili v vseh vzorcih vključenih v presejalno sekveniranje.** Skupno smo do sedaj različico delta potrdili pri 5.728 osebah. **Genetske različice delta plus v devetintridesetem presejalnem testiranju nismo potrdili.** Skupno smo do sedaj različico delta plus potrdili pri 11 osebah.



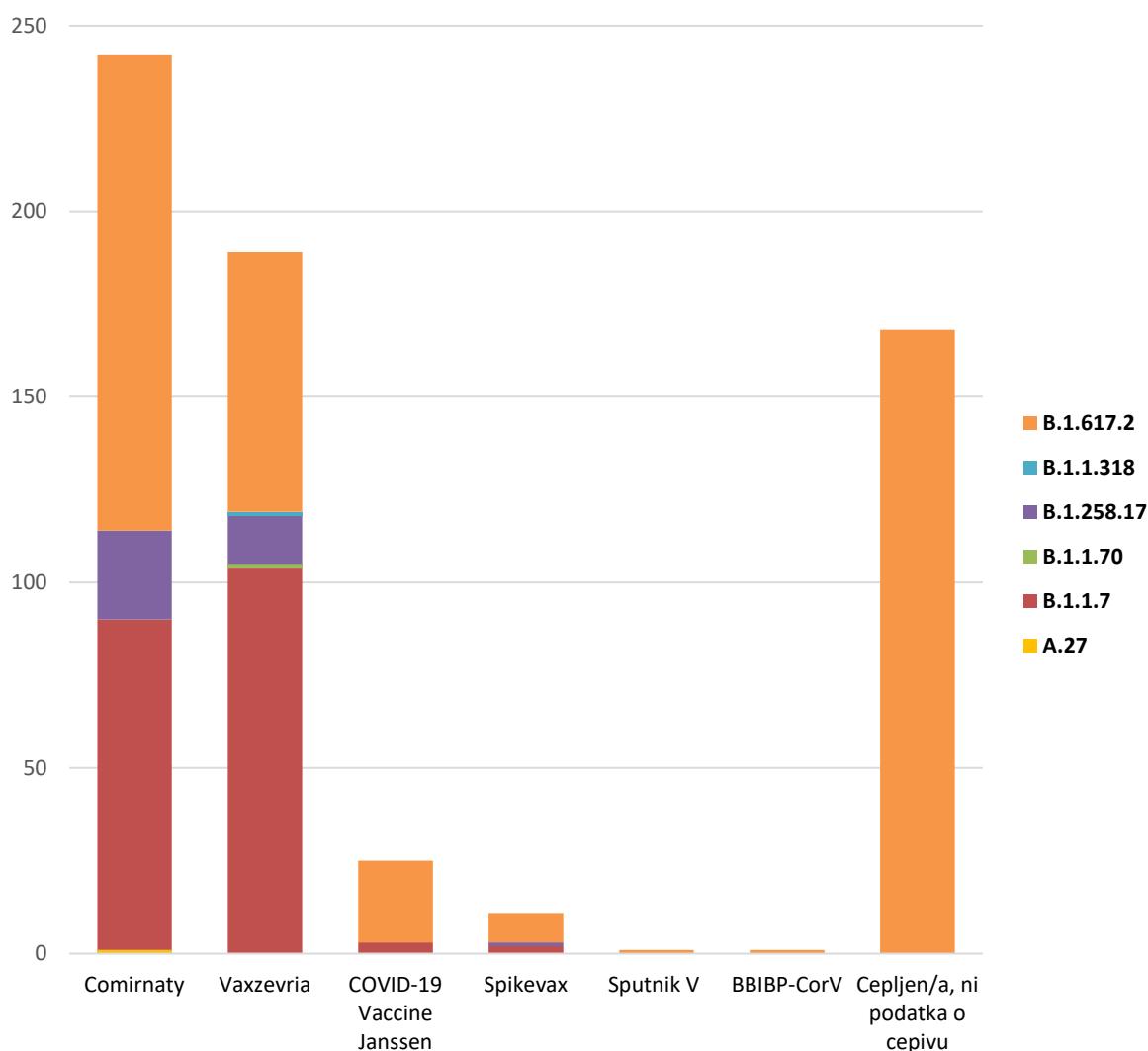
Slika 2. Dinamika deleža različice delta med vzorci v presejalnem sekveniraju.



Okužbe po cepljenju proti COVID-19

Od 24. 02. 2021 do 26. 09. 2021 smo v sodelovanju z NIJZ sekvenirali 637 genomov SARS-CoV-2 po okužbi pri osebah, ki so bile cepljene. Od tega je bilo 242 oseb cepljenih s cepivom Comirnaty (BioNTech/Pfizer), 11 oseb je bilo cepljenih s cepivom Spikevax (Moderna), 189 oseb je bilo cepljenih s cepivom Vaxzevria (AstraZeneca/Oxford), 25 oseb je bilo cepljenih s cepivom COVID-19 Vaccine Janssen (Johnson & Johnson's/Janssen), 1 oseba je bila cepljena s cepivom BBIBP-CorV (Sinopharm), 1 oseba je bila cepljena s cepivom Sputnik V (Gamaleya Research Institute of Epidemiology and Microbiology), pri 168 osebah nimamo podatka o proizvajalcu cepiva.

Pri cepljenih smo dokazali genetske različice, ki so pogoste v Sloveniji v približno enakem deležu, kot se pojavljajo v ostali populaciji.



Slika 3. Genetske različice SARS-CoV-2, ki povzročajo okužbo po cepljenju proti COVID-19 v slovenski populaciji.



Ponovne okužbe SARS-CoV-2 (reinfekcije)

V sodelovanju z NIJZ izvajamo sekveniranje genomov SARS-CoV-2 pri osebah, ki so že prebolele okužbo s SARS-CoV-2 in so ponovno pozitivne na SARS-CoV-2 RNA v razmaku več kot 90 dni. Med 7. 4. 2021 in 2. 6. 2021 smo preiskovali 51 oseb, ki ustrezano tem kriterijem. Po podrobni analizi smo dokončno potrdili 6 primerov ponovnih okužb, pri katerih smo uspešno pridobili zaporedje genoma SARS-CoV-2 v obeh vzorcih ter potrdili, da gre za različni genetski različici (Razpredelnica 1).

Razpredelnica 1. Osebe s ponovno okužbo s SARS-CoV-2 prepoznano v obdobju 7. 4. – 2. 6. 2021.

Regija prebivališča	Spol	Starost	SARS-CoV-2 različica dokazana v 1. vzorcu	Razmak med pozitivnima PCR testoma (št. dni)	SARS-CoV-2 različica dokazana v 2. vzorcu
Zasavska	Ž	73	B.1.1.70	173	B.1.367
Osrednjeslovenska	Ž	44	B.1.258.17	201	B.1.1.7
Osrednjeslovenska	Ž	32	B.1.160	187	B.1.1.7
Osrednjeslovenska	Ž	39	B.1.258.17	129	B.1.1.7
Zasavska	Ž	31	B.1.258.17	205	B.1.1.7
Osrednjeslovenska	Ž	21	B.1.258.17	237	B.1.1.7