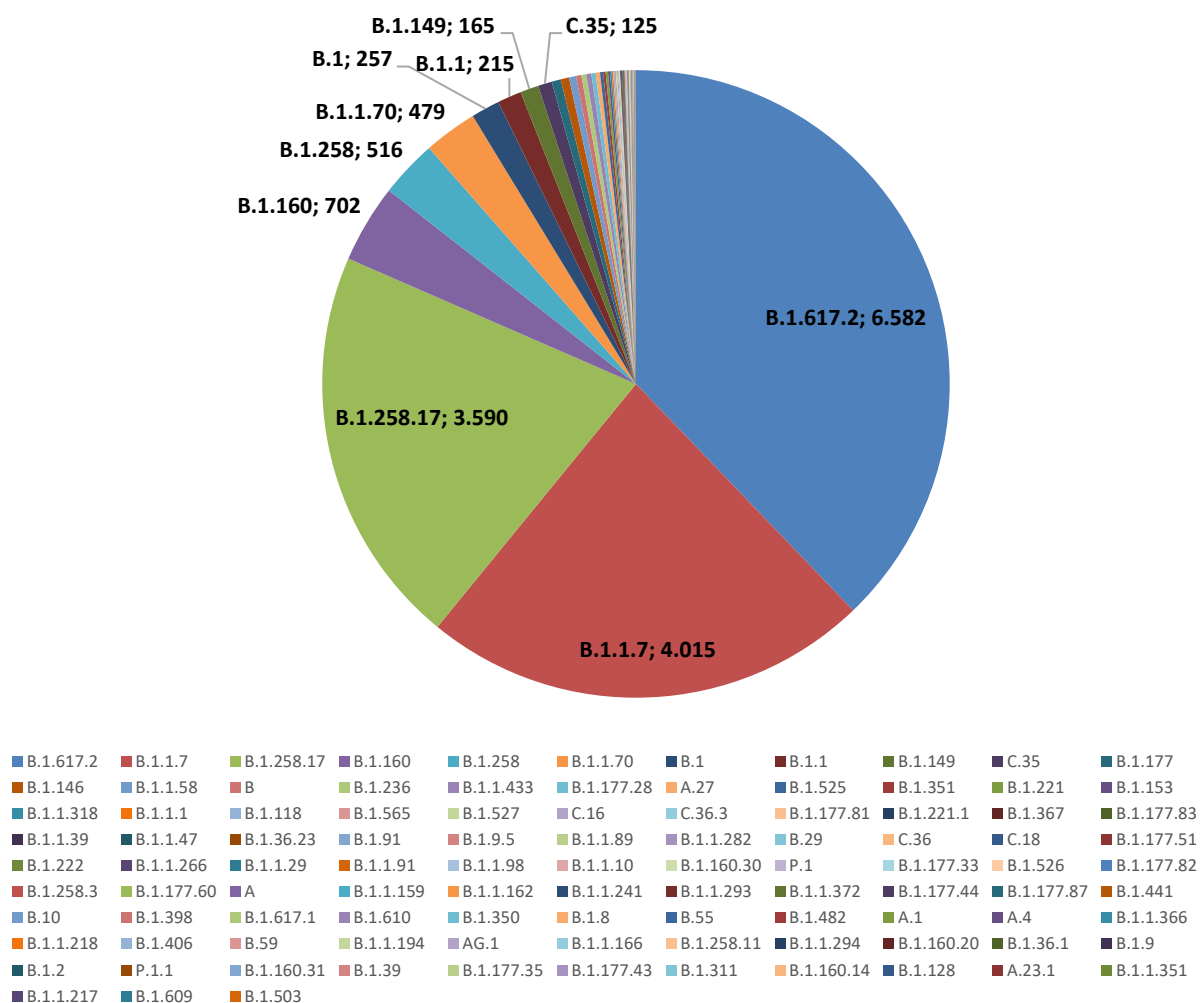




Datum: Ljubljana 21.10.2021

Sistematično genomsko opredeljevanje in spremljanje epidemije SARS-CoV-2 v Sloveniji na Inštitutu za mikrobiologijo in imunologijo Medicinske fakultete Univerze v Ljubljani
Rezultati testiranja 1.074 vzorcev odvzetih med 04. 10. 2021 in 10. 10. 2021

V **štirideseto presejalno sekveniranje** virusnih različic SARS-CoV-2 z metodo določanja nukleotidnih zaporedij (sekveniranje) smo vključili **1.074 vzorcev (47 % vseh SARS-CoV-2 PCR-pozitivnih vzorcev na IMI), ki so bili odvzeti med 04. 10. 2021 in 10. 10. 2021**. Izmed teh je bilo 60 % vzorcev iz osrednjeslovenske regije, 14 % iz Goriške regije, po 5 % iz Jugovzhodne in Zasavske regije, 4 % iz Obalno-kraške regije, 3 % Posavske regije, po 2 % iz Primorsko-notranjske in Gorenjske regije in 1 % iz Savinjske regije. Trideset 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)

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 štiridesetem 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 pripotovala iz celinske Tanzanije in ena iz Zanzibarja.

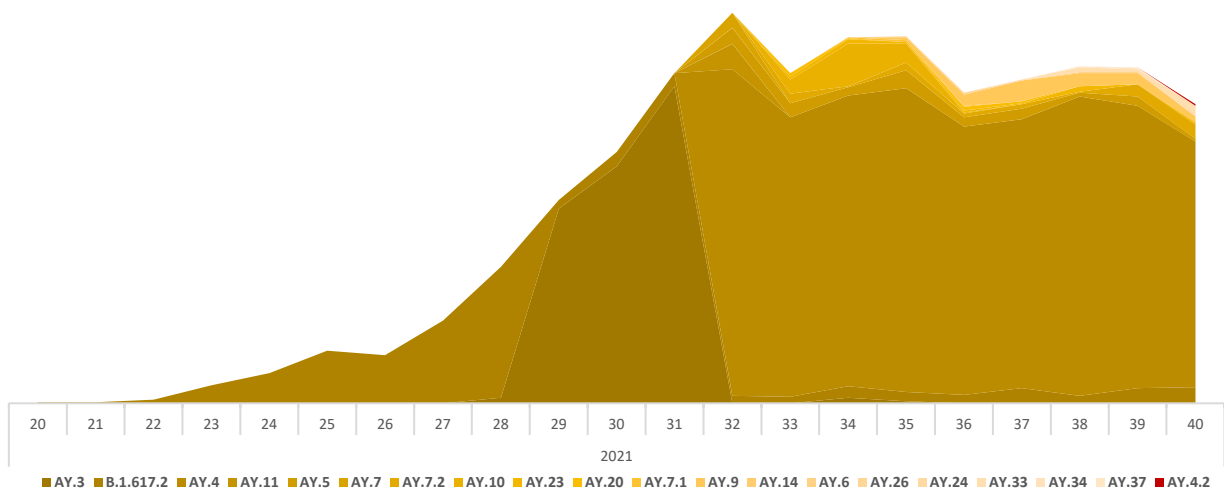
Gama – P.1 - Brazilska različica

Različica gama (501Y.V3 – P.1) vsebuje naslednje značilne mutacije: L18F, T20N, P26S, D138Y R190S, K417T, E484K, N501Y, D614G, H655Y, T1027I, V1176F. **V štiridesetem 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 štiridesetem presejalnem testiranju smo različico delta potrdili v vseh vzorcih vključenih v presejalno sekveniranje.** Skupno smo do sedaj različico delta potrdili pri 6.582 osebah.

Zaradi svetovne razširjenosti, pri različici delta spremljamo tudi pojav posameznih mutacij v virusnem genomu, iz katerih se lahko oblikujejo nove različice ali podrazličice. Trenutno spremljamo 55 podrazličic delta, ki so označene: AY.številka. V Sloveniji je najprej prevladovala podrazličica AY.3, ki jo je konec avgusta 2021 nadomestila podrazličica AY.4, ki jo še nadalje delimo v AY.4.1 in **AY.4.2**. Različica AY.4.2, ki jo zaznamujeta dodatni mutaciji A222V in Y145H, je zaradi hitrega širjenja v Veliki Britaniji pod drobnogledom. **V Sloveniji smo prvič zaznali AY.4.2 z obema mutacijama v tem poročevalskem obdobju v 2 vzorcih iz Goriške regije.** Po posodobitvi podatkovne baze GISAID imamo v Sloveniji 4 vzorce z dokazano podrazličico AY.4.2, vendar le dva z obema mutacijama. Kljub podrobnemu spremljanju, do sedaj ni dokazov, da bi bila katerakoli podrazličica delta bolj kužna ali virulentna od ostalih.



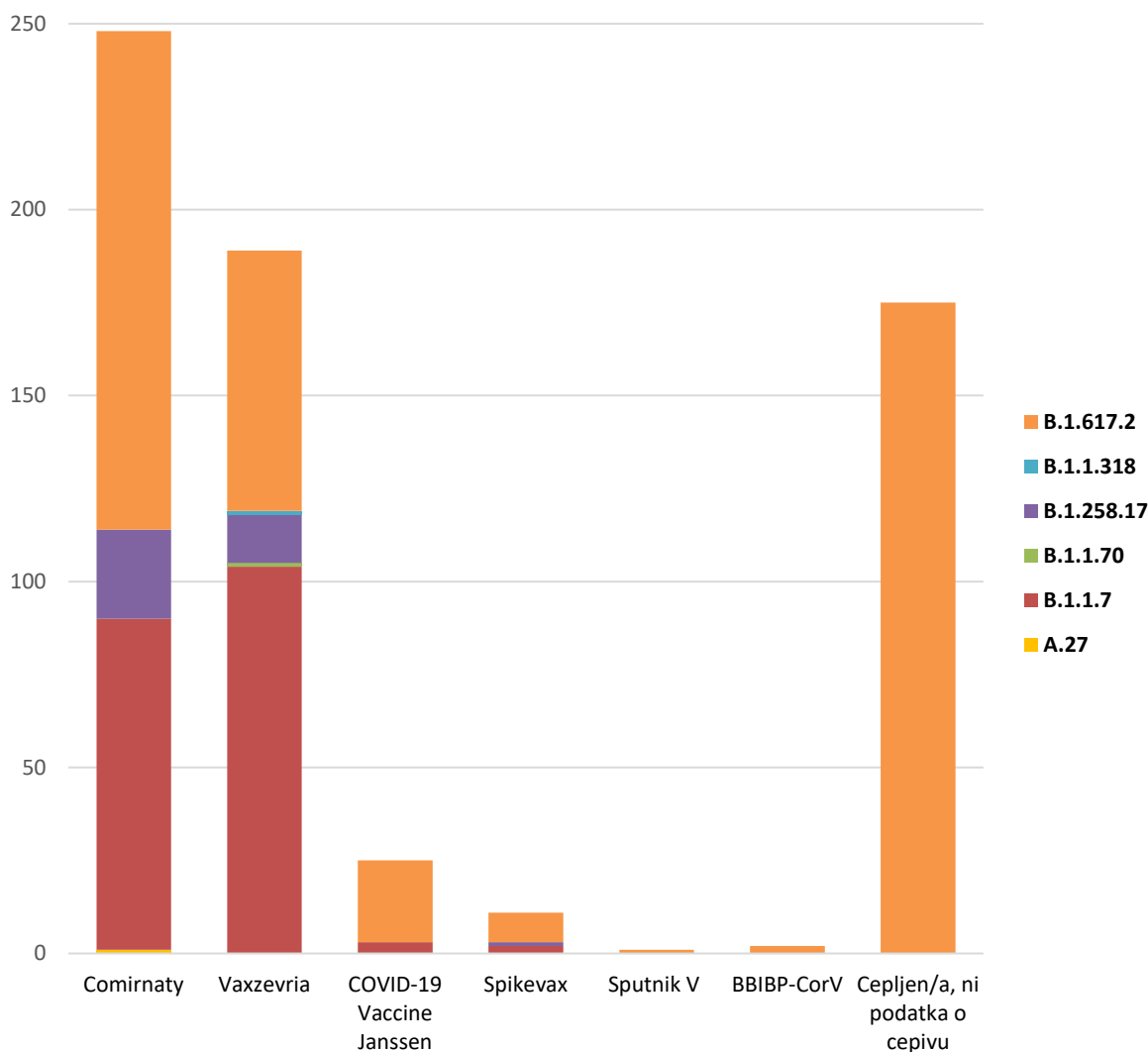
Slika 2. Dinamika deleža podrazličic delte v presejalnem testiranju. Z rdečo je obarvana AY.4.2.



Okužbe po cepljenju proti COVID-19

Od 24. 02. 2021 do 10. 10. 2021 smo v sodelovanju z NIJZ sekvenirali 651 genomov SARS-CoV-2 po okužbi pri osebah, ki so bile cepljene. Od tega je bilo 248 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), 2 osebi sta bili cepljeni s cepivom BBIBP-CorV (Sinopharm), 1 oseba je bila cepljena s cepivom Sputnik V (Gamaleya Research Institute of Epidemiology and Microbiology), pri 175 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 ustrezajo 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