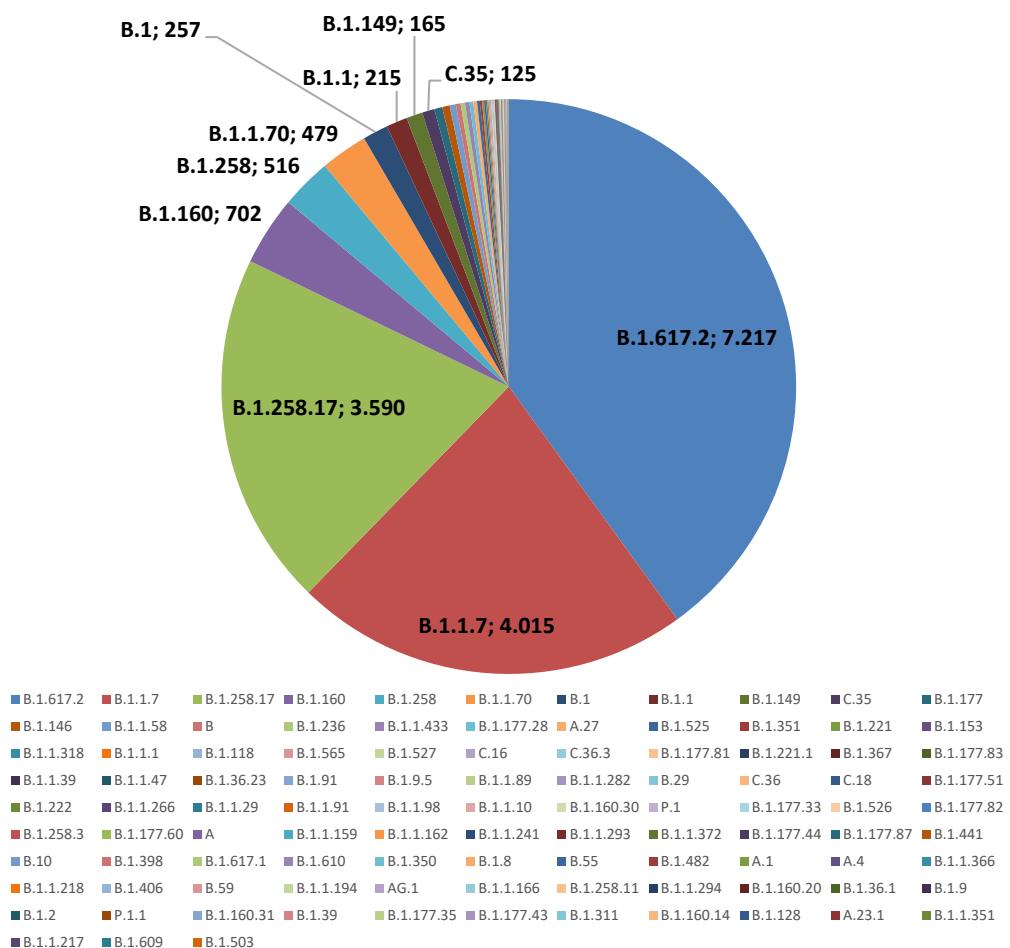




Datum: Ljubljana 28.10.2021

**Sistematično genomsko opredeljevanje in spremljanje epidemije SARS-CoV-2 v Sloveniji na
Inštitutu za mikrobiologijo in imunologijo Medicinske fakultete Univerze v Ljubljani**

V **enainštirideseto presejalno sekveniranje** virusnih različic SARS-CoV-2 z metodo določanja nukleotidnih zaporedij (sekveniranje) smo vključili 931 vzorcev (**33 % vseh SARS-CoV-2 PCR-požitivnih vzorcev na IMI**), ki so bili **odvzeti med 11. 10. 2021 in 17. 10. 2021**. Izmed teh je bilo 72 % vzorcev iz osrednjeslovenske regije, 7 % iz Goriške regije, po 5 % iz Jugovzhodne regije, po 3 % iz Primorsko-notranjske, Obalno-kraške in Zasavske regije, po 1 % iz Gorenjske, Posavske, Podravske, Savinjske in Pomurske regije. Triindvajset 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 enainštiridesetem 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.

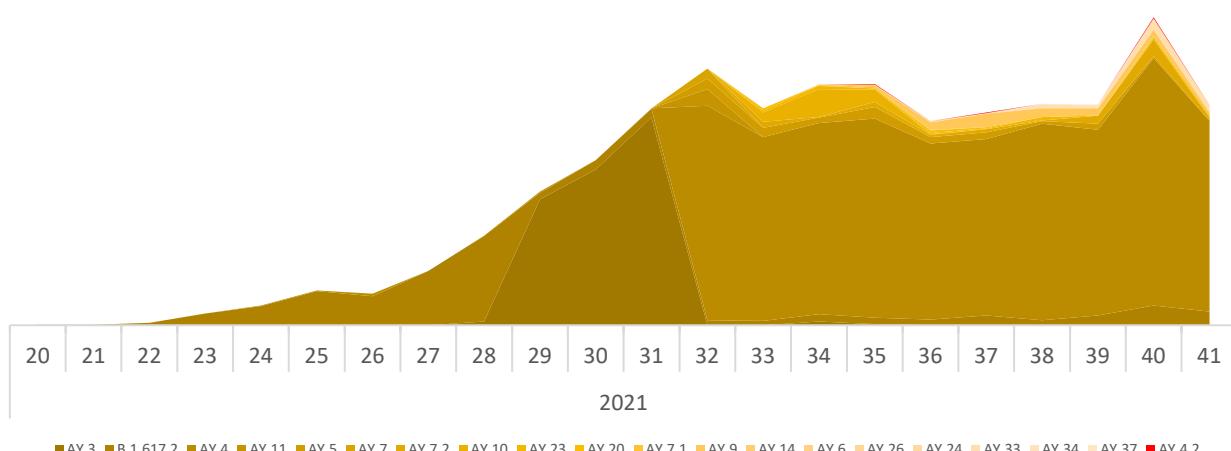
Gama – P.1 - Brazilska različica

Različica gama (501Y.V3 – P.1) vsebuje naslednje značilne mutacije: L18F, T20N, P26S, D138Y R190S, K417T, E484K, N501Y, D614G, H655Y, T1027I, V1176F. **V enainštiridesetem 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 enainštiridesetem presejalnem testiranju smo različico delta potrdili v vseh vzorcih vključenih v presejalno sekveniranje.** Skupno smo do sedaj različico delta potrdili pri 7.217 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 enainštiridesetem poročevalskem obdobju AY.4.2 z obema mutacijama nismo zaznali.** Podrazličico AY.4.2 smo doslej potrdili v 4 vzorcih, vendar le dva z obema mutacijama. Kljub podrobному spremeljanju, do sedaj ni dokazov, a bi bila katerakoli podrazličica delta bolj kužna ali virulentna od ostalih.



Slika 2. Dinamika deleža podrazličic delte v presejalnem testiranju v posameznem tednu. Z rdečo jeobarvana AY.4.2.