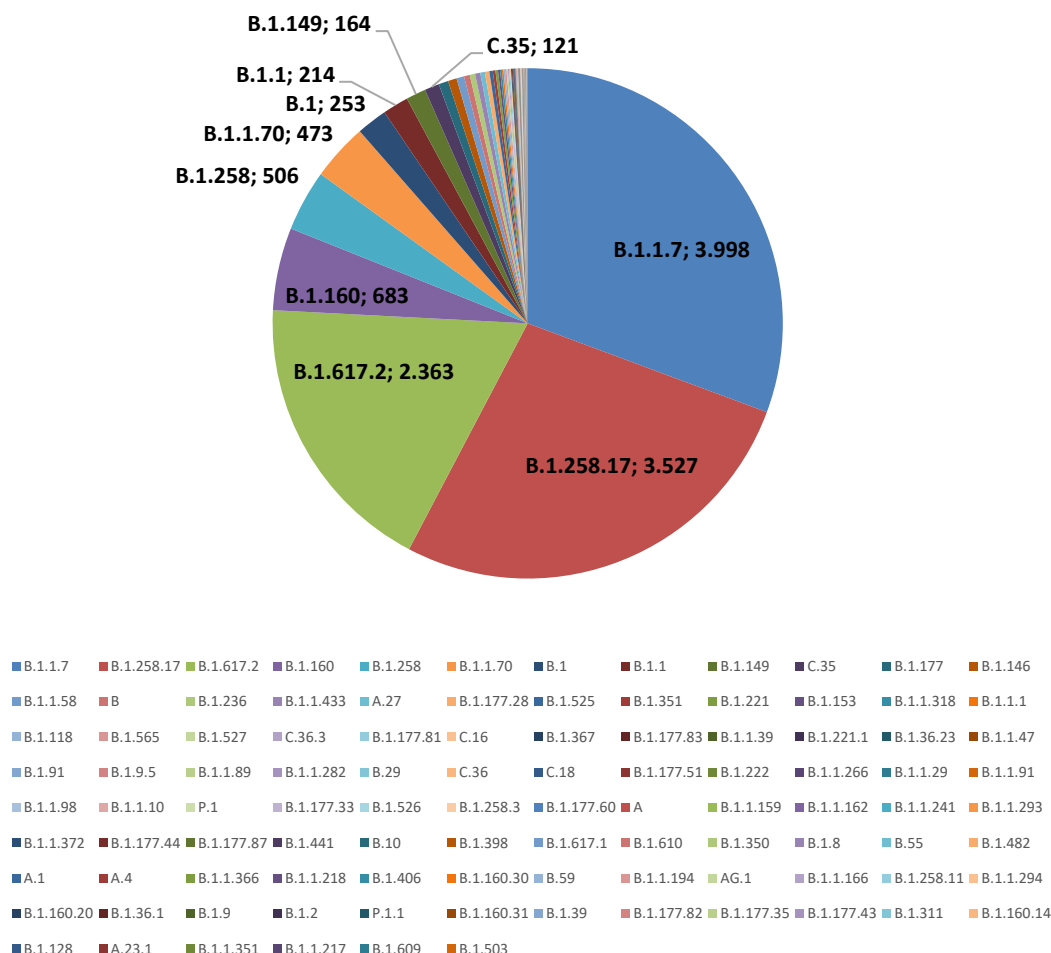




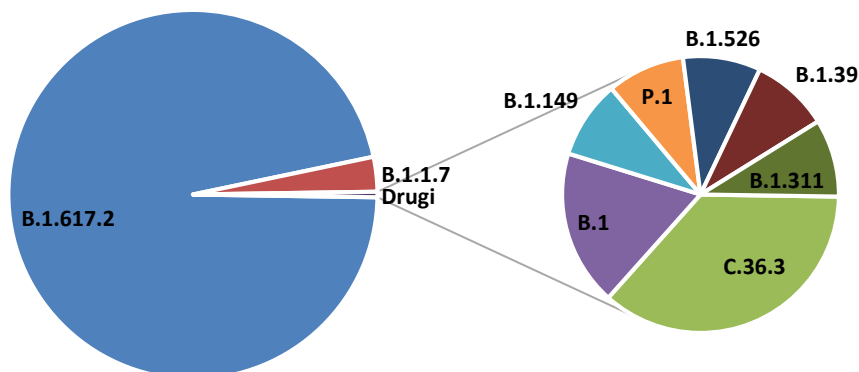
Datum: Ljubljana, 08.09.2021

***Sistematično genomsko opredeljevanje in spremljanje epidemije SARS-CoV-2 v Sloveniji na Inštitutu za mikrobiologijo in imunologijo Medicinske fakultete Univerze v Ljubljani***  
**Rezultati testiranja 364 vzorcev odvzetih med 23. 08. 2021 in 29. 08. 2021**

V **štiriintrideseto presejalno sekveniranje** virusnih različic SARS-CoV-2 z metodo določanja nukleotidnih zaporedij (sekveniranje) smo vključili 364 vzorcev (28 % vseh SARS-CoV-2 PCR-pozitivnih vzorcev na IMI), ki so bili odvzeti med 23. 08. 2021 in 29. 08. 2021. Izmed teh je bilo 57 % vzorcev iz osrednjeslovenske regije, 17 % iz Goriške regije, 4 % iz Zasavske regije, po 3 % iz Jugovzhodne, Obalno-kraške, Posavske in Primorsko-notranjske regije, po 1 % iz Gorenjske, Podravske in Savinjske. Trinajst vzorcev je pripadalo osebam, ki imajo stalno prebivališče v tujini.



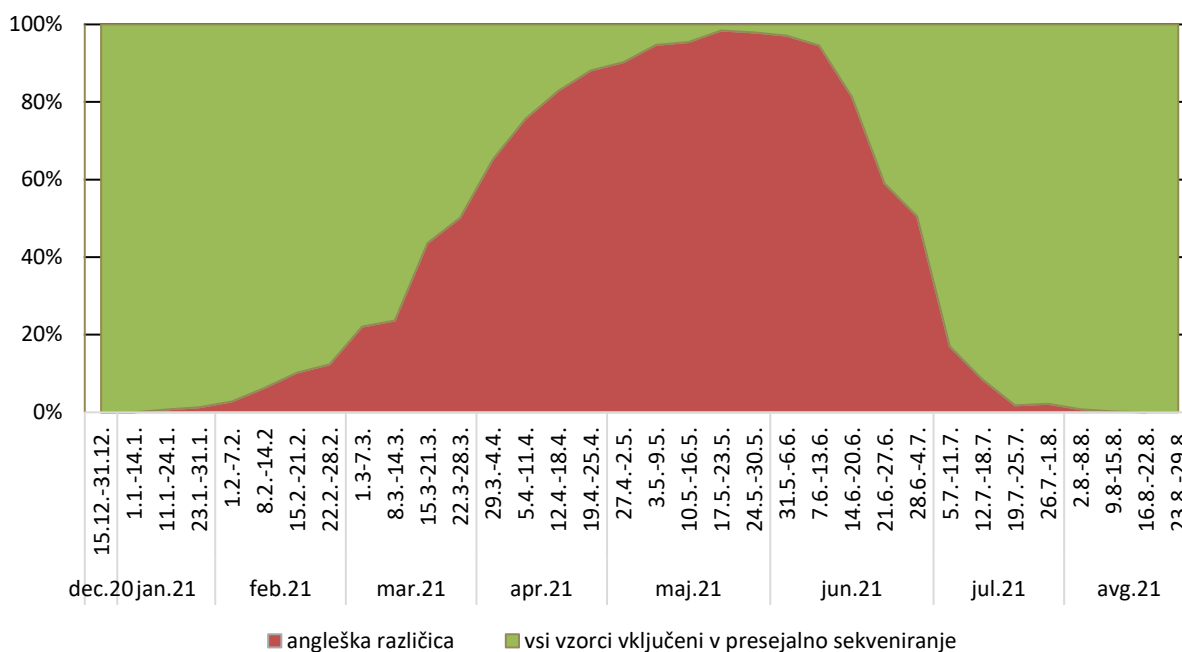
**Slika 1.** Razporeditev posameznih genetskih različic opredeljenih s sekveniranjem celotnega genoma iz vzorcev vključenih v presejalno sekveniranje.



**Slika 2.** Razporeditev posameznih genetskih različic dokazanih v **juliju in avgustu 2021**, opredeljenih s sekveniranjem celotnega genoma.

### 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 štiriintridesetem 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.



**Slika 3.** Dinamika deleža različice alfa med vzorci v presejalnem sekveniranju.



### **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 štiriintridesetem 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.

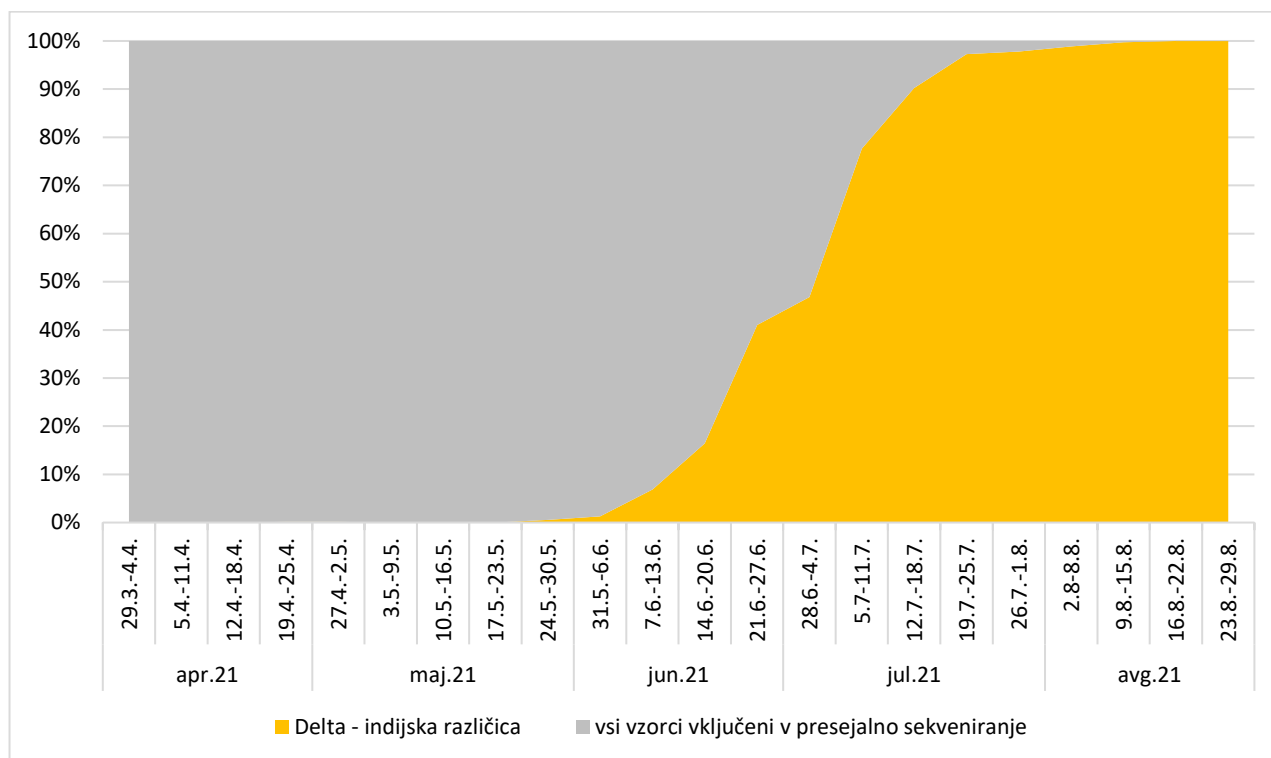
### **Gama – P.1 - Brazilska različica**

Različica gama (501Y.V3 – P.1) vsebuje naslednje značilne mutacije: L18F, T20N, P26S, D138Y R190S, K417T, E484K, N501Y, D614G, H655Y, T1027I, V1176F. **V štiriintridesetem presejalnem 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 štiriintridesetem presejalnem testiranju smo različico delta potrdili v vseh vzorcih vključenih v presejalno sekveniranje.** Skupno smo do sedaj različico delta potrdili pri 2.363 osebah. **Genetske različice delta plus v štiriintridesetem presejalnem testiranju nismo potrdili.** Skupno smo do sedaj različico delta plus potrdili pri 11 osebah.

Na spodnji sliki je prikazano naraščanje deleža različice delta med vzorci vključenimi v presejalno sekveniranje.



**Slika 4.** Dinamika deleža različice delta med vzorci v presejalnem sekveniranju.



### **Epsilon - B.1.429**

Za genetsko različico epsilon so značilne mutacije: S13I, W152C, L452R, D614G. Različica je najbolj razširjena v Kaliforniji, zabeležili so jo tudi v Mehiki. **Različice epsilon do sedaj nismo potrdili v Sloveniji.**

### **Eta - B.1.525**

Genetska različica eta vsebuje naslednje značilne mutacije: Q52R, E484K, Q677H, F888L. Različica je najbolj razširjena v Nigeriji, na Danskem, v Združenem kraljestvu in Združenih državah Amerike. **V štiriintridesetem presejalnem obdobju različice eta nismo potrdili.** Do sedaj smo potrdili različico eta v 23 vzorcih iz Osrednjeslovenske, Jugovzhodne, Savinjske in Zasavske regije.

### **Jota - B.1.526**

Za genetsko različico jota so značilne mutacije: L5F, T95I, D253G, E484K, D614G, A701V. Različica je razširjena predvsem v New Yorku, Združene države Amerike. **V štiriintridesetem presejalnem obdobju genetske različice jota nismo potrdili.** Do sedaj smo potrdili različico jota v vzorcih 2 oseb.

### **Kapa - B.1.617.1 - Indijska različica**

Genetska različica kapa vsebuje naslednje značilne mutacije: L452R, E484Q, D614G, P681R, Q1071H. **V štiriintridesetem presejalnem obdobju različice kapa nismo potrdili v presejalnem testiranju.** Do sedaj smo potrdili različico kapa v vzorcu 1 osebe, ki se je vrnila iz tujine.

### **Genetska različica B.1.1.318**

Za genetsko različico B.1.1.318 so značilne mutacije: T95I, del144, E484K, D614G, P681H, D796H. Različico so do sedaj dokazali v Združenem kraljestvu, v Švici in v Združenih državah Amerike. **V štiriintridesetem presejalnem testiranju različice B.1.1.318 nismo potrdili.** Do sedaj smo potrdili različico B.1.1.318 v vzorcih 15 oseb iz Osrednjeslovenske, Posavske, Zasavske regije in pri osebah, ki imajo stalno prebivališče v tujini.

### **Genetska različica B.1.258.17**

Evropska linija B.1.258.17 vsebuje naslednje značilne mutacije: N439K, D614G, V772I. Genetska različica se je v Sloveniji razširila v drugem valu epidemije. Drugače je različica razširjena še v Švici (9%), Nemčiji (9%), na Švedskem (6%) in v Avstriji (2%). Genetska različica alfa (B.1.1.7) je v Sloveniji popolnoma izrinila genetsko različico B.1.258.17. **V štiriintridesetem presejalnem obdobju različice B.1.258.17 nismo potrdili.** Do sedaj smo različico B.1.258.17 v presejalnem testiranju potrdili v 1.380 vzorcih.

### **Genetska različica A.27**

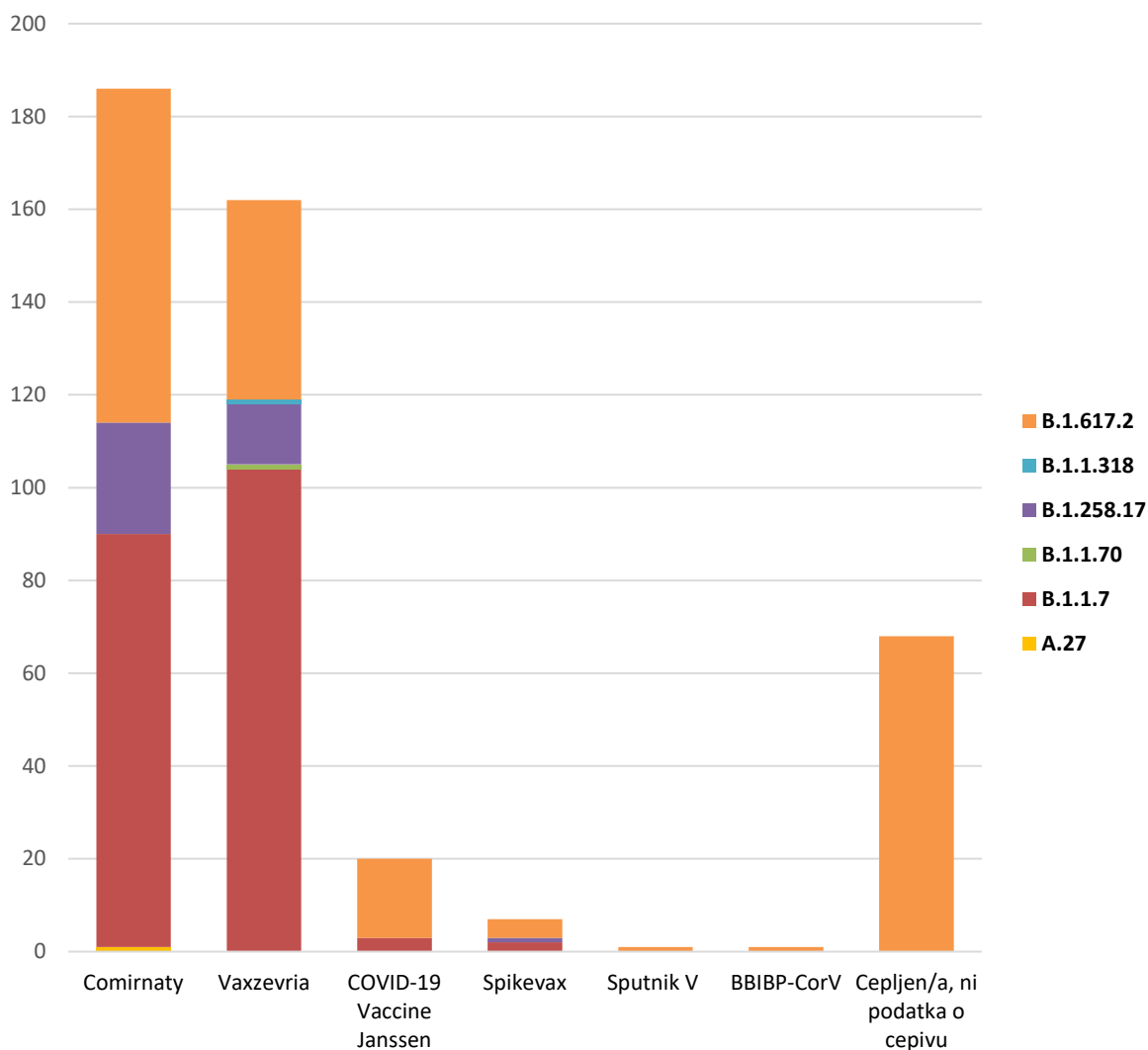
Za genetsko različico A.27 so značilne mutacije: L18F, L452R, N501Y, A653V, H655Y, D796Y, G1219V. Različica je najbolj razširjena v francoski čezmorski skupnosti Mayotte, zabeležili pa so jo tudi v Združenem kraljestvu, na Nizozemskem, Danskem in v Turčiji. **V štiriintridesetem presejalnem obdobju različice nismo potrdili.** Do sedaj smo potrdili različico A.27 v skupno 31 vzorcih iz Osrednjeslovenske, Jugovzhodne in Obalno-kraške regije.



## Okužbe po cepljenju proti COVID-19

Od 24. 02. 2021 do 29. 08. 2021 smo v sodelovanju z NIJZ sekvenirali 445 genomov SARS-CoV-2 po okužbi pri osebah, ki so bile cepljene. Od tega je bilo 186 oseb cepljenih s cepivom Comirnaty (BioNTech/Pfizer), 7 oseb je bilo cepljenih s cepivom Spikevax (Moderna), 162 oseb je bilo cepljenih s cepivom Vaxzevria (AstraZeneca/Oxford), 20 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 68 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 5.** 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