



Datum: Ljubljana, 11.02.2021

***Sistematično genomsko opredeljevanje in spremljanje epidemije SARS-CoV-2 v Sloveniji na Inštitutu za mikrobiologijo in imunologijo Medicinske fakultete Univerze v Ljubljani***  
**Rezultati testiranja 383 vzorcev odvzetih med 23. 01. 2021 in 31. 01. 2021**

Raziskovalna skupina Inštituta za mikrobiologijo in imunologijo, Medicinske fakultete Univerze v Ljubljani že od začetka pandemije covid-19 sistematično spremlja genomsko raznolikost virusa SARS-CoV-2 ter genomsko opredeljuje različice virusa SARS-CoV-2, ki se širijo v Sloveniji. Od marca do konca maja 2020 smo določili nukleotidno zaporedje skupno 106 celotnih genomov virusa SARS-CoV-2 iz prvega vala epidemije, oz. 7,2 % od vseh PCR-pozitivnih vzorcev v Sloveniji.

Od začetka oktobra 2020 redno in sistematično spremljamo pojav in razvoj novih različic SARS-CoV-2 v drugem valu epidemije.

V **peto presejanje** virusih različic SARS-CoV-2 drugega vala epidemije z metodo določanja nukleotidnih zaporedij (sekveniranje) **smo vključili skupno 383 vzorcev (12,6 % vseh SARS-CoV-2 PCR-pozitivnih vzorcev na IMI), ki so bili odvzeti med 23. 01. 2021 in 31. 01. 2021.** Od tega je bilo 67 % vzorcev iz osrednjeslovenske regije, 15 % iz Goriške regije, 3 % iz Jugovzhodne, Posavske, Zasavske in Obalno-kraške regije ter po 1 % iz Gorenjske, Podravske, Pomurske in Savinjske regije. Sedem vzorcev je pripadalo osebam, ki imajo stalno prebivališče v tujini.

Naš originalni algoritem presejanja, ki temelji na sekveniranju, omogoča hkratno zaznavo vseh znanih pomembnih mutacij, prisotnih v vseh znanih svetovnih različicah virusa SARS-CoV-2 z možnim večjim pandemijskim potencialom in različicah, ki povzročajo slabšo učinkovitost trenutnih cepiv. Naš algoritem omogočatudi takojšnjo prilagoditev za presejanje novih kandidatnih klinično pomembnih mutacij.

### **Angleška različica**

Angleška različica (VOC 202012/01 - B.1.1.7) vsebuje naslednje značilne mutacije: del69-70, del144, N501Y, A570D, D614G, P681H, T716I, S982A, D1118H. V tabeli spodaj so z zeleno barvo označene mutacije značilne za različico VOC 202012/01 - B.1.1.7, ki smo jih odkrili pri presejanju in z rdečo tiste, ki jih v posameznih obdobjih vzorčenja nismo našli.

Obdobje presejalnega testiranja	Mutacije značilne za angleško različico (VOC 202012/01)								
	del69-70	del144	N501Y	A570D	D614G	P681H	T716I	S982A	D1118H
01.10. - 12.12.20 (290 vzorcev)									
13.12. - 31.12.20 (300 vzorcev)									
01.01. - 14.01.21 (291 vzorcev)									
11.01. - 24.01.21 (480 vzorcev)									
23.01. - 31.01.21 (383 vzorcev)									



**V zadnjem presejalnem obdobju smo našli vse mutacije značilne za angleško različico v 4 skupinah vzorcev. Večina mutacij se še vedno pojavlja v zelo nizkih deležih, torej samo v posameznem vzorcu v skupini. Točno število vzorcev z angleško različico virusa bomo določili v naslednjih tednih.**

Do sedaj smo angleško različico virusa (VOC 202012/01 - B.1.1.7) potrdili pri **petih osebah**, ki pa so pozitivno epidemiološko anamnezo za potencialni vnos angleške različice v Slovenijo (tabela spodaj).

Datum	Mutacije značilne za angleško različico (VOC 202012/01)								
	del69-70	del144	N501Y	A570D	D614G	P681H	T716I	S982A	D1118H
7.01.2021									
11.1.2021									
12.1.2021									
16.1.2021									
19.1.2021									

### Južnoafriška različica

Južnoafriška različica (VOC 501Y.V2 - B.1.351) vsebuje naslednje značilne mutacije: D80A, D215G, del242-245, R246I, K417N, E484K, N501Y, D614G in A701V. V tabeli spodaj so z zeleno barvo označene mutacije značilne za različico VOC 501Y.V2 - B.1.351, ki smo jih odkrili pri presejanju in z rdečo tiste, ki jih v posameznih obdobjih vzorčenja nismo našli. **Za južnoafriško različico (VOC 501Y.V2 - B.1.351) značilne mutacije se v Sloveniji zaenkrat pojavljajo le v zelo nizkih deležih, in v različnih kliničnih vzorcih. Pogosteje kot v prejšnjih presejalnih obdobjih, a še vedno le v posameznih vzorcih, smo tokrat zaznali mutacijo N501Y.**

Obdobje presejalnega testiranja	Mutacije značilne za južnoafriško različico (VOC 501Y.V2)								
	D80A	D215G	del242-245	R246I	K417N	E484K	N501Y	D614G	A701V
01.10. - 12.12.20 (290 vzorcev)									
13.12. - 31.12.20 (300 vzorcev)									
01.02. - 14.01.21 (291 vzorcev)									
11.01. - 24.01.21 (480 vzorcev)									
23.01. - 31.01.21 (383 vzorcev)									



### **Brazilska različica**

Brazilska različica (IC-0561 - B.1.1248) vsebuje naslednje značilne mutacije: L18F, T20N, P26S, D138Y, R190S, K417T, E484K, N501Y, D614G, H655Y, T1027I, V1176F. V tabeli spodaj so z zeleno barvo označene mutacije značilne za različico IC-0561 - B.1.1248, ki smo jih odkrili pri presejanju in z rdečo tiste, ki jih v posameznih obdobjih vzorčenja nismo našli. **Za brazilsko različico (IC-0561 - B.1.1248) značilne mutacije se v Sloveniji zaenkrat pojavljajo le v zelo nizkih deležih, in v različnih kliničnih vzorcih.**

Obdobje presejalnega testiranja	Mutacije značilne za brazilsko različico (IC-0561 - B.1.1248)											
	L18F	T20N	P26S	D138Y	R190S	K417T	E484K	N501Y	D614G	H655Y	T1027I	V1176F
01.10. - 12.12.20 (290 vzorcev)	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
13.12. - 31.12.20 (300 vzorcev)	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
01.03. - 14.01.21 (291 vzorcev)	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
01.01. - 24.01.21 (480 vzorcev)	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
23.01. - 31.01.21 (383 vzorcev)	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■