



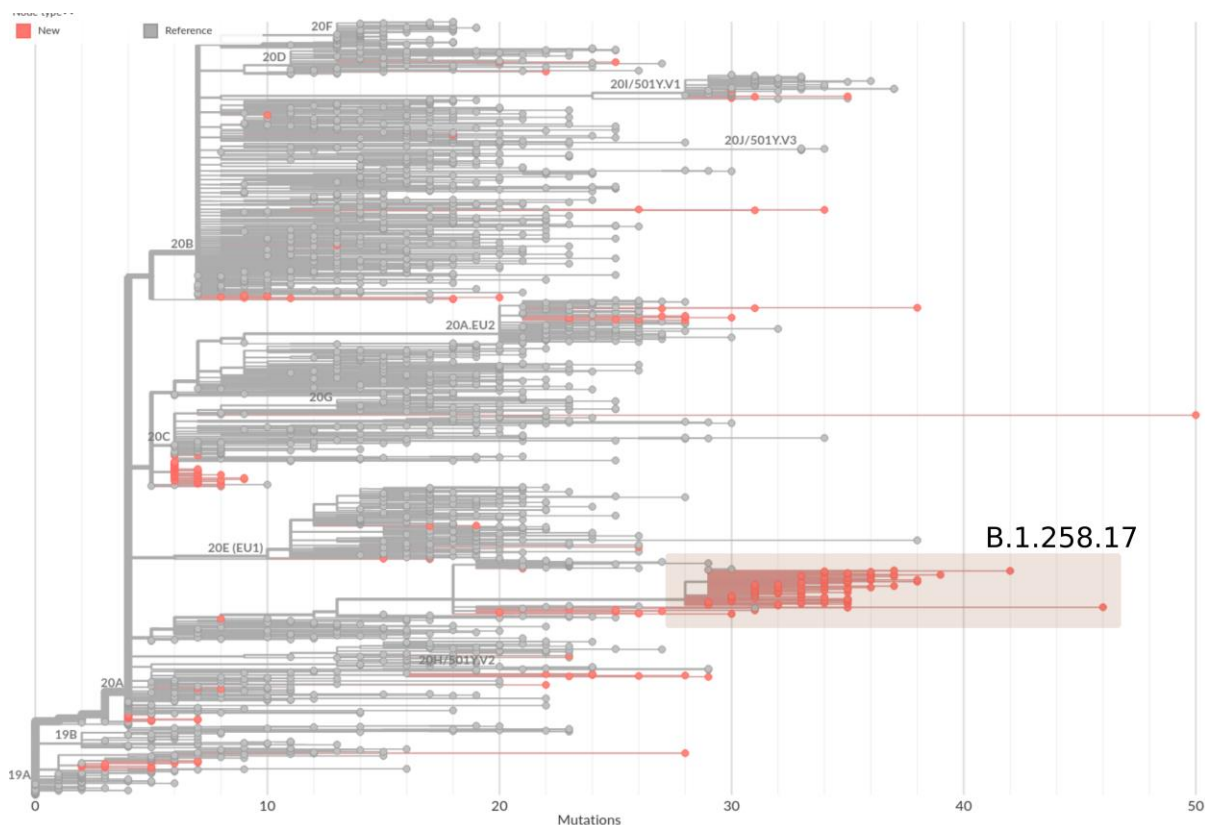
Datum: Ljubljana, 11.02.2021

Analiza celotnih genomov SARS-CoV-2 v Sloveniji

Poleg presejalnega testiranja, s katerim iščemo specifične mutacije na delu virusnega genoma, ki nosi zapis za beljakovino S virusa SARS-CoV-2 raziskovalna skupina Inštituta za mikrobiologijo in imunologijo (IMI), Medicinske fakultete Univerze v Ljubljani že od začetka pandemije covid-19 analizira celotne genome virusa SARS-CoV-2 v Sloveniji.

Trenutno je v javni bazi GISAID 245 celotnih genomov virusa SARS-CoV-2, ki so bili dokazani v Sloveniji, in smo jih v bazo prispevali raziskovalci iz IMI ali Nacionalnega laboratorija za zdravje, okolje in hrano. V spomladanskem valu epidemije COVID-19 so se, glede na Pangolinoško poimenovanje sevov SARS-CoV-2, **slovenski virusni genomi uvrstili v 8 različnih sevov: B, B.1, B.1.1, B.1.5, B.1.22, B.2, B.2.5, B.6.**

V drugem valu epidemije pa se povečuje število sekvenc, ki sodi v linijo **B.1.258.17**. Za različico sta značilni **2 mutaciji na zapisu za beljakovino S (D614G in V772I)**. Prvi vzorec, ki sodi v linijo **B.1.258.17** smo zaznali **konec oktobra 2020**, trenutno ta različica predstavlja približno **60 %** vseh sekveniranih genomov v drugem valu epidemije (**80/139**). Genetska različica B.1.258.17 je prisotna tudi v sosednjih državah (Italiji in Avstriji), predvsem je pogosta na Danskem in v Švici (https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.258.17.html). **Glede na dosedanje podatke različica B.1.258.17 ne vpliva na učinkovitost cepiv in na zanesljivost diagnostičnih testov.**



Vir: <https://clades.nextstrain.org>