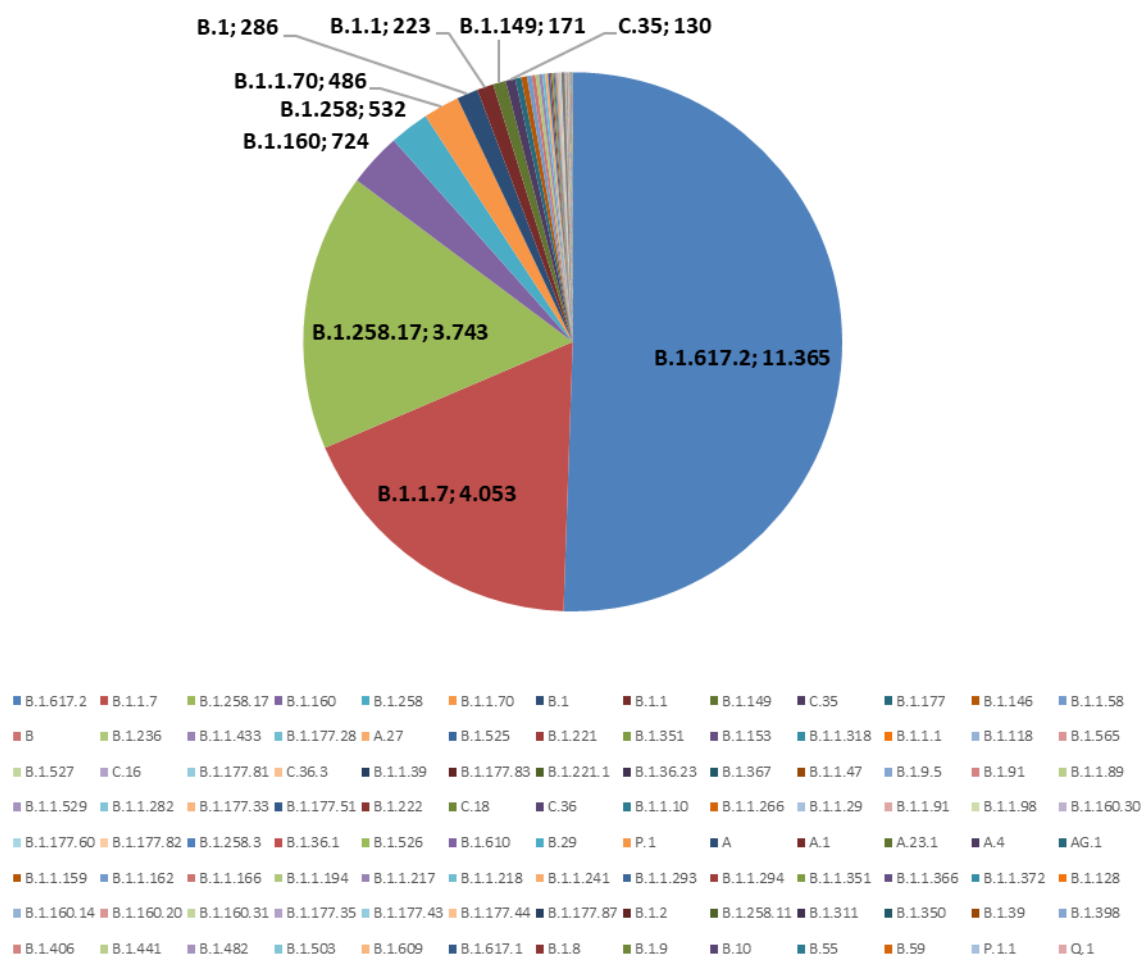




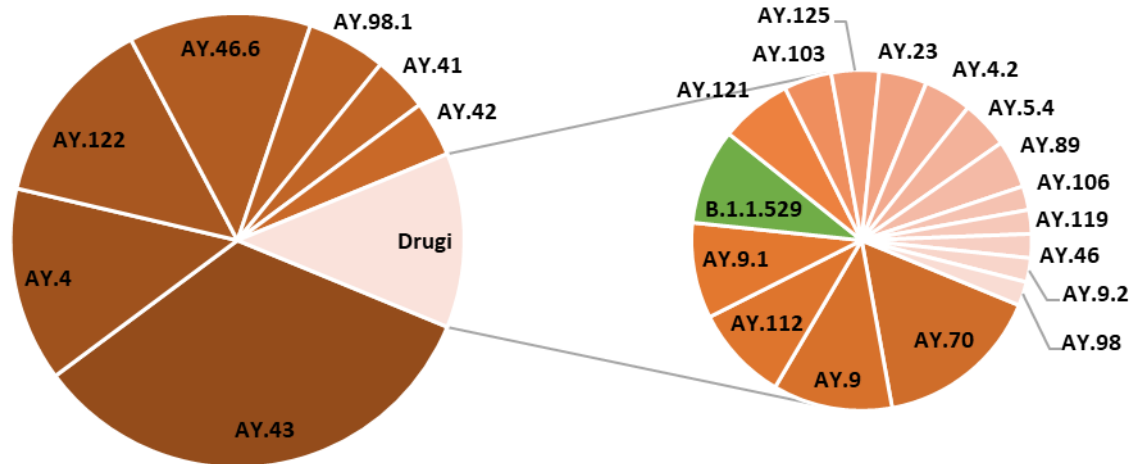
Datum: Ljubljana 15.12.2021

Sistematično genomsko opredeljevanje in spremljanje epidemije SARS-CoV-2 v Sloveniji na Inštitutu za mikrobiologijo in imunologijo Medicinske fakultete Univerze v Ljubljani
Rezultati testiranja 1.026 vzorcev odvzetih med 29. 11. 2021 in 05. 12. 2021

V **oseminštirideseto presejalno sekveniranje** virusnih različic SARS-CoV-2 z metodo določanja nukleotidnih zaporedij (sekveniranje) smo vključili **1.026 vzorcev (22 % vseh SARS-CoV-2 PCR-pozitivnih vzorcev na IMI), ki so bili odvzeti med 29. 11. 2021 in 05. 12. 2021**. Izmed teh je bilo 61 % vzorcev iz osrednjeslovenske regije, 11 % iz Goriške regije, 6 % iz Posavske regije, po 5 % iz Jugovzhodne in Zasavske regije, 4 % iz Obalno-kraške regije, 2 % iz Primorsko-notranjske in po 1 % iz Gorenjske in Savinjske regije. Osemindvajset 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 in podrazličic dokazanih v osemindesetem tednu, opredeljenih s sekveniranjem celotnega genoma.

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 osemindesetem 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.

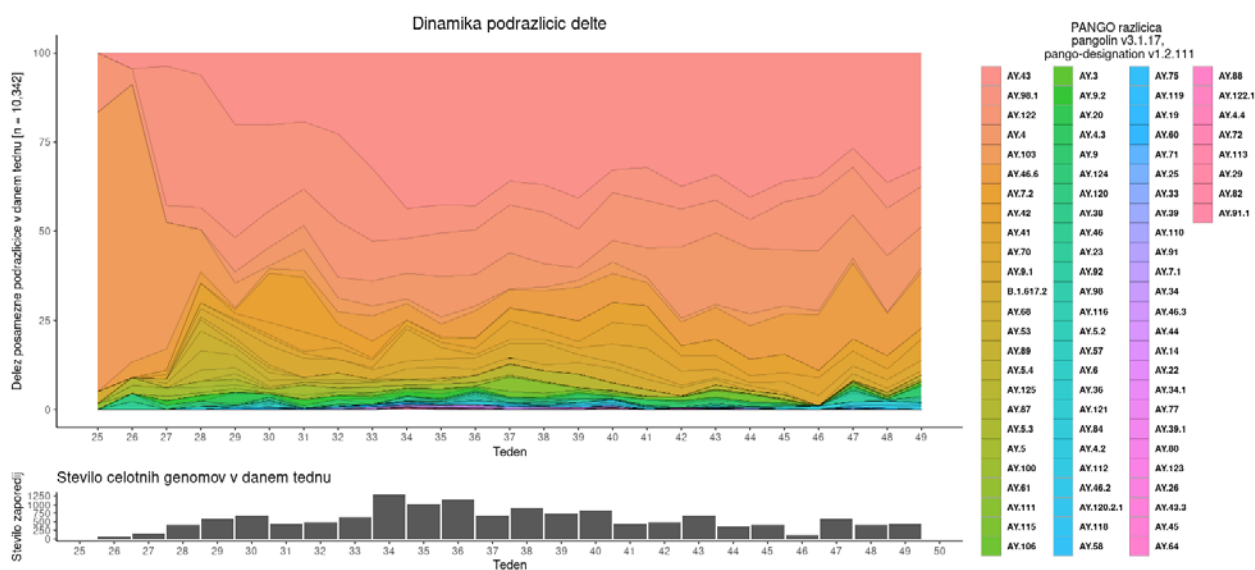
Gama – P.1 - Brazilska različica

Različica gama (501Y.V3 – P.1) vsebuje naslednje značilne mutacije: L18F, T20N, P26S, D138Y R190S, K417T, E484K, N501Y, D614G, H655Y, T1027I, V1176F. **V osemindesetem 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 osemindesetem presejalnem testiranju smo različico delta potrdili v več kot 99 % vseh vzorcev vključenih v presejalno sekveniranje.** Skupno smo do sedaj različico delta potrdili pri 11.365 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 več kot 150 podrazličic delta, ki so označene: AY.številka. Kljub podrobnemu spremljanju, do sedaj ni dokazov, da bi bila katerakoli podrazličica delta bolj kužna ali virulentna od ostalih.



Slika 3. Delež posameznih podrazlic delte potrjenih v presejalnem testiranju.

Omikron - B.1.1.529

Različica omikron (484A – B.1.1.529) vsebuje 26 aminokislinskih mutacij, 3 delecije in 1 insercijo na beljakovini bodice S v primerjavi s prvotno različico (A67V, del69_70, T95I, G142D, del143_145, N211I, del211, ins214EPE, G339D, S371L, S373P, S375F, S477N, T478K, E484A, Q493R, G496S, Q498R, N501Y, Y505H, T547K, D614G, H655Y, N679K, P681H, D796Y, N856K, Q954H, N969K in L981F). **V osemindesetem presejalnem obdobju smo različico omikron potrdili v 4 vzorcih iz Osrednjeslovenske regije.**