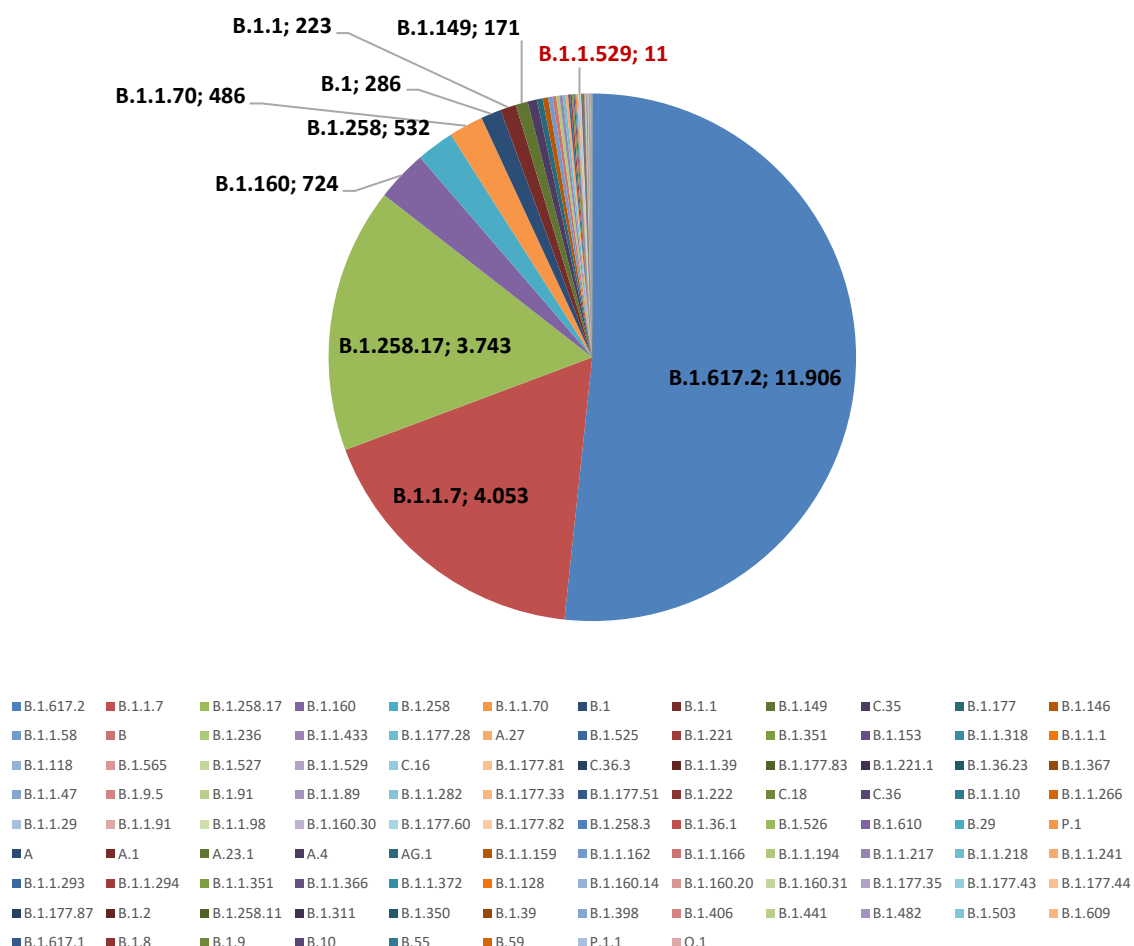




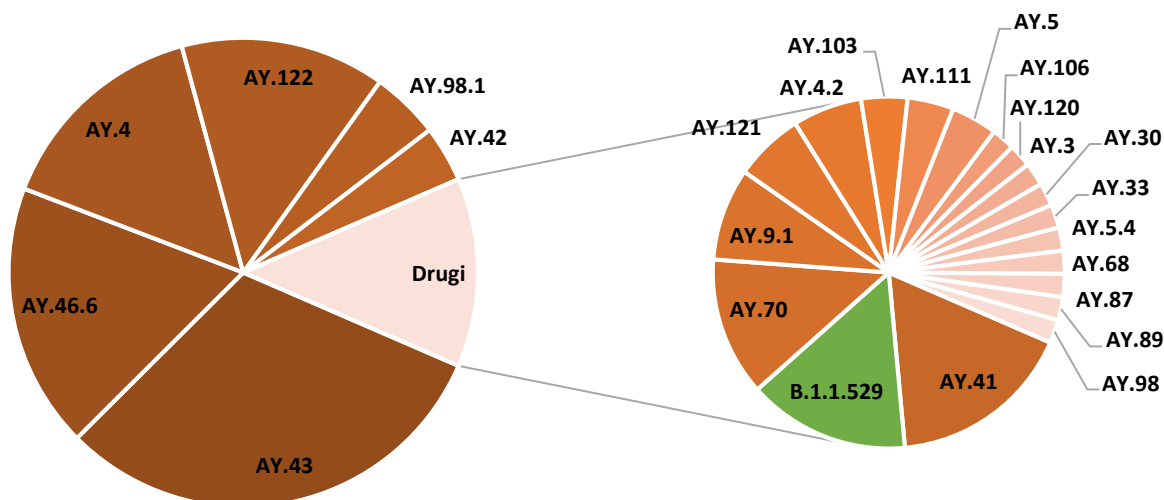
Datum: Ljubljana 21.12.2021

Sistematično genomsko opredeljevanje in spremljanje epidemije SARS-CoV-2 v Sloveniji na Inštitutu za mikrobiologijo in imunologijo Medicinske fakultete Univerze v Ljubljani
Rezultati testiranja 1.008 vzorcev odvzetih med 06. 12. 2021 in 12. 12. 2021

V **devetinštirideseto presejalno sekveniranje** virusnih različic SARS-CoV-2 z metodo določanja nukleotidnih zaporedij (sekveniranje) smo vključili **1.008 vzorcev (26 % vseh SARS-CoV-2 PCR-pozitivnih vzorcev na IMI), ki so bili odvzeti med 06. 12. 2021 in 12. 12. 2021**. Izmed teh je bilo 64 % vzorcev iz osrednjeslovenske regije, 12 % iz Goriške regije, po 5 % iz Jugovzhodne in Zasavske regije, 4 % iz Posavske regije, 3 % iz Obalno-kraške regije, po 2 % iz Primorsko-notranjske in Gorenjske regije in 1 % iz in Savinjske regije. Enajst 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 devetinštiridesetem 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 devetinštiridesetem 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 devetinštiridesetem presejalnem obdobju različice gama nismo potrdili.** Različico gama smo doslej potrdili pri 3 osebah.

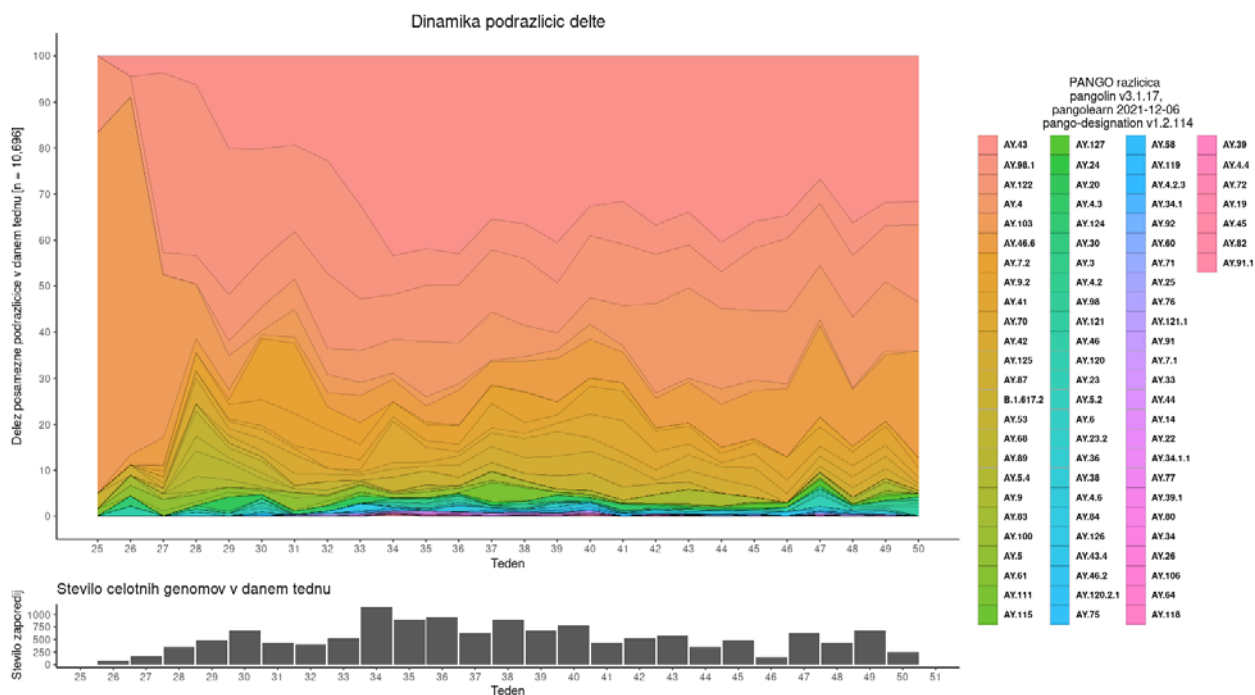
Delta - B.1.617.2 - Indijska različica

Različica delta (B.1.617.2) vsebuje naslednje značilne mutacije: T19R, L452R, T478K, D614G, D950N, P681R, del157/158. **V devetinštiridesetem presejalnem testiranju smo različico delta potrdili v več kot 99 % vseh vzorcev vključenih v presejalno sekveniranje.** Skupno smo do sedaj različico delta potrdili pri 11.906 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 podrazličic 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 devetinštiridesetem presejalnem obdobju smo različico omikron potrdili v 7 vzorcih iz Osrednjeslovenske regije.** Različico omikron smo doslej potrdili pri 11 osebah.