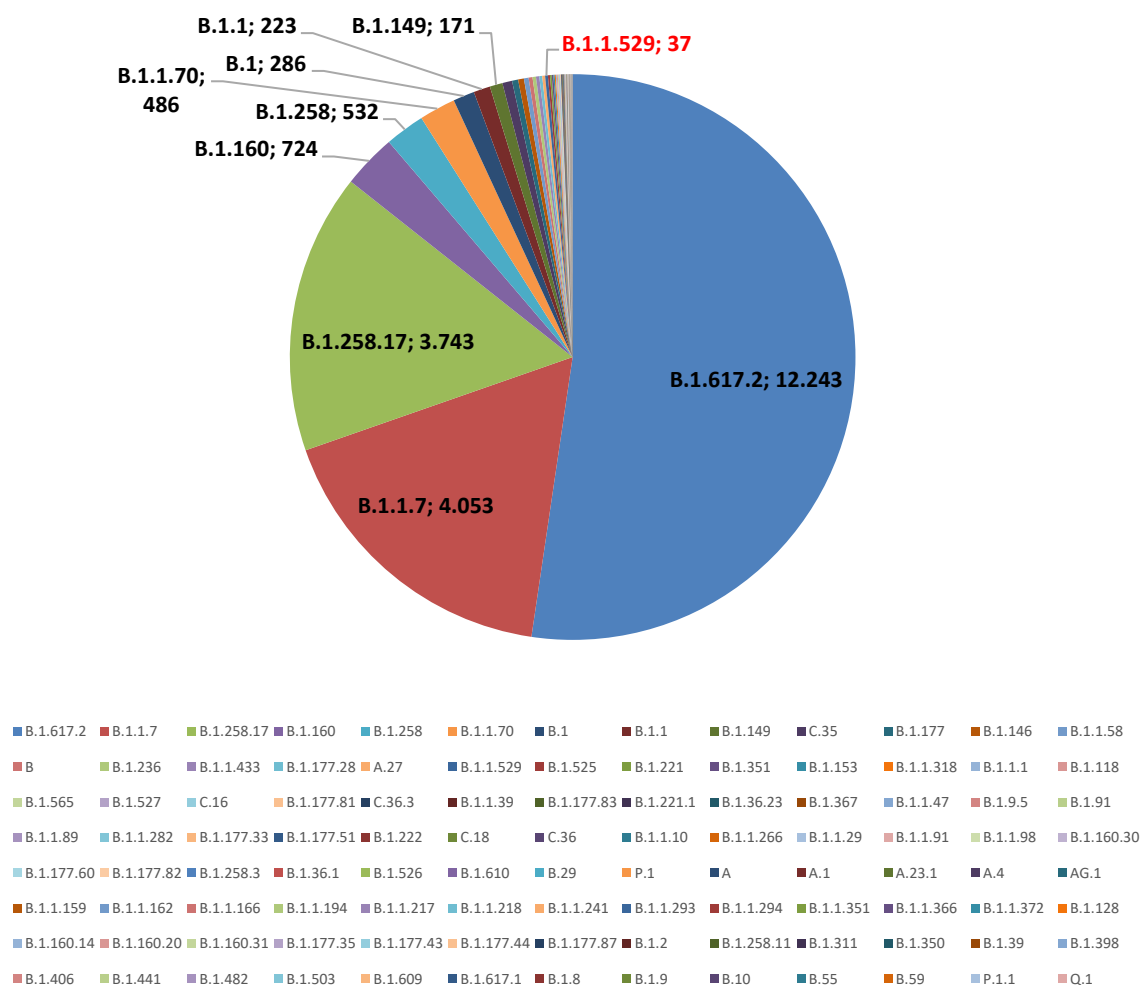




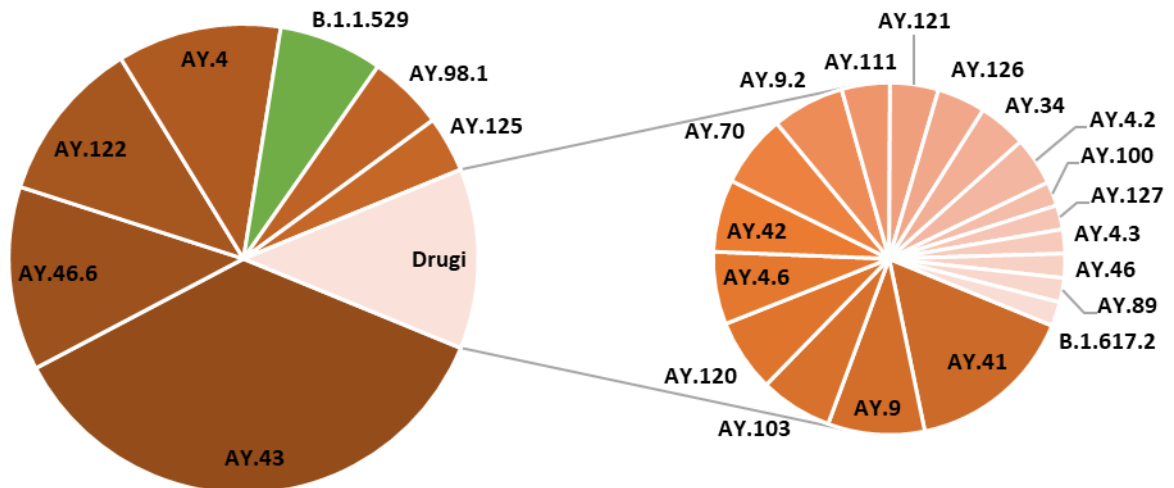
Datum: Ljubljana 28.12.2021

Sistematično genomsko opredeljevanje in spremljanje epidemije SARS-CoV-2 v Sloveniji na Inštitutu za mikrobiologijo in imunologijo Medicinske fakultete Univerze v Ljubljani
Rezultati testiranja 1.035 vzorcev odvzetih med 13. 12. 2021 in 19. 12. 2021

V **petdeseto presejalno sekveniranje** virusnih različic SARS-CoV-2 z metodo določanja nukleotidnih zaporedij (sekveniranje) smo vključili **1.035 vzorcev (31 % vseh SARS-CoV-2 PCR-pozitivnih vzorcev na IMI), ki so bili odvzeti med 13. 12. 2021 in 19. 12. 2021**. Izmed teh je bilo 66 % vzorcev iz osrednjeslovenske regije, 12 % iz Goriške regije, 6 % iz Jugovzhodne regije, 4 % iz Zasavske in Posavske regije, 2 % iz Obalno-kraške regije in po 1 % iz Gorenjske, Savinjske, Primorsko-notranjske in Koroške regije. Šestnajst 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 petdesetem 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 petdesetem presegalnem 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.

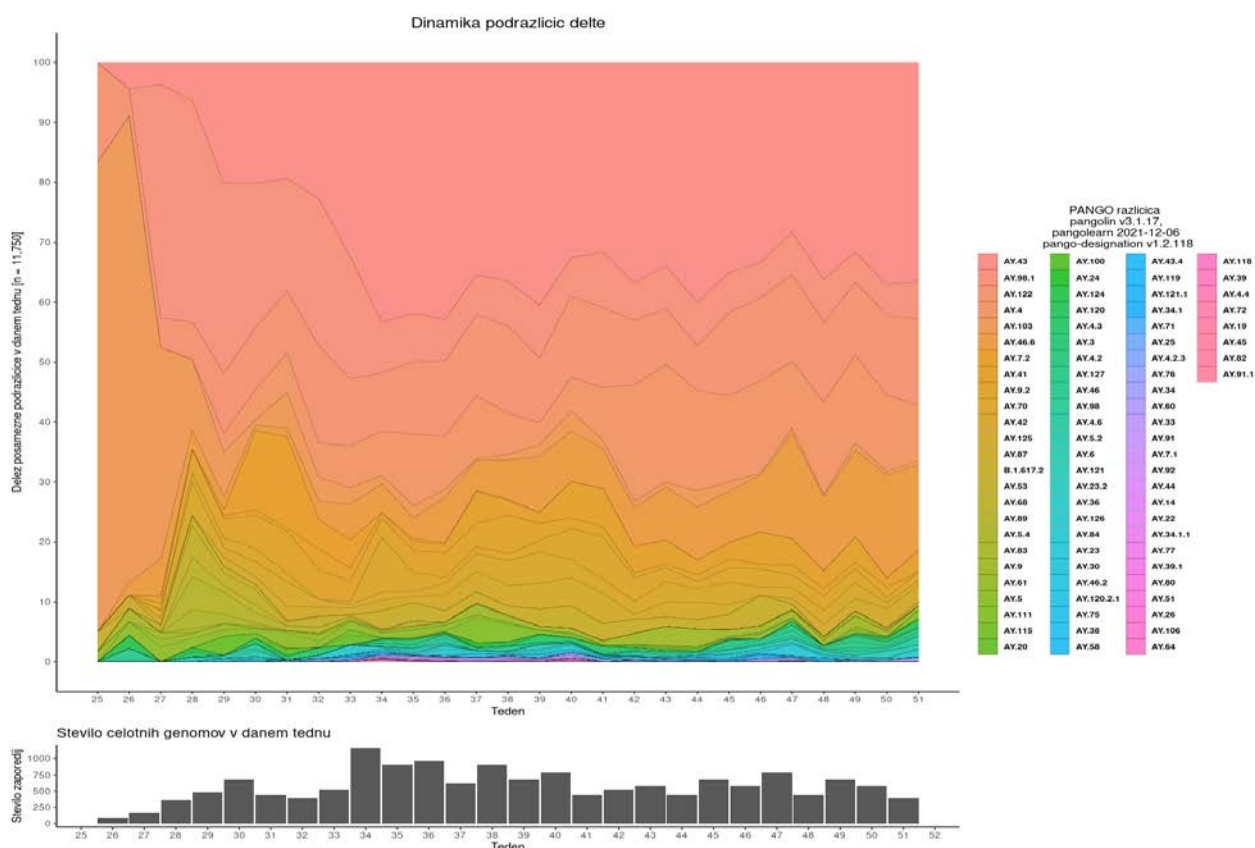
Gama – P.1 - Brazilska različica

Različica gama (501Y.V3 – P.1) vsebuje naslednje značilne mutacije: L18F, T20N, P26S, D138Y R190S, K417T, E484K, N501Y, D614G, H655Y, T1027I, V1176F. **V petdesetem presegalnem 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 petdesetem presegalnem testiranju smo različico delta potrdili v 97,5 % vseh vzorcev vključenih v presegalno sekveniranje.** Skupno smo do sedaj različico delta potrdili pri 12.243 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 zamenjav, 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 petdesetem presejalnem obdobju smo različico omikron potrdili v 26 vzorcih iz Jugovzhodne, Koroške, Osrednjeslovenske, Pomurske in Posavske regije.** Različico omikron smo doslej s sekveniranjem potrdili pri 37 osebah.