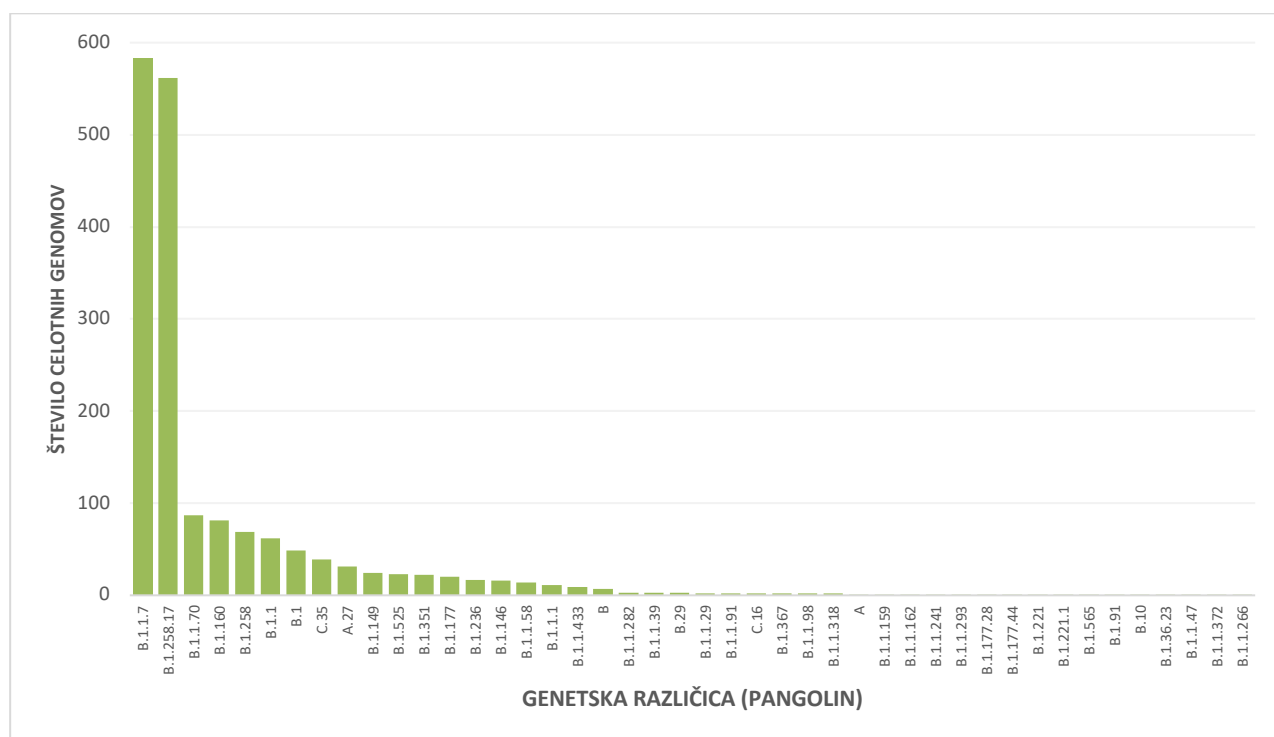




Datum: Ljubljana, 20.04.2021

Sistematično genomsko opredeljevanje in spremljanje epidemije SARS-CoV-2 v Sloveniji na Inštitutu za mikrobiologijo in imunologijo Medicinske fakultete Univerza v Ljubljani
Rezultati testiranja 575 vzorcev odvzetih med 05. 04. 2021 in 11. 04. 2021

V **petnajsto presejalno sekveniranje** virusnih različic SARS-CoV-2 drugega vala epidemije z metodo določanja nukleotidnih zaporedij (sekveniranje) **smo vključili skupno 575 vzorcev (18 % vseh SARS-CoV-2 PCR-pozitivnih vzorcev na IMI), ki so bili odvzeti med 05. 04. 2021 in 11. 04. 2021.** Izmed teh je bilo 57 % vzorcev iz osrednjeslovenske regije, 12 % iz Goriške regije, 7 % Jugovzhodne regije in Zasavske regije, 5 % iz Obalno-kraške regije, 3 % iz Posavske regije in po 2% Gorenjske, Primorsko-notranjske in Savinjske regije in do 1 % iz Koroške, Podravske in Pomurske regije. Trinajst vzorcev je pripadali osebam, ki imajo stalno prebivališče v tujini.



Na sliki zgoraj je v absolutnih številkah prikazana razporeditev posameznih genetskih različic opredeljenih s sekveniranjem celotnega genoma iz vzorcev vključenih v presejalno sekveniranje.



Genetska različica A.27

Za genetsko različico A.27 so značilne mutacije: L18F, L452R, N501Y, A653V, H655Y, D796Y, G1219V. Različica je najbolj razširjena v francoski čezmorski skupnosti Mayotte, zabeležili pa so jo tudi v Združenem kraljestvu, na Nizozemskem, Danskem in v Turčiji. **Do sedaj smo potrdili različico A.27 v skupno 31 vzorcih iz Osrednjeslovenske, Jugovzhodne in Obalno-kraške regije.**

Genetska različica B.1.525

Za genetsko različico B.1.525 sta značilni mutaciji: del69-70 in E484K. Različica je najbolj razširjena na Danskem, v Združenem kraljestvu, Nigeriji in v Združenih državah Amerike. **Do sedaj smo potrdili različico B.1.525 v skupno 23 vzorcih iz Osrednjeslovenske, Jugovzhodne, Savinjske in Zasavske regije.**

Angleška različica VOC 202012/01 - B.1.1.7

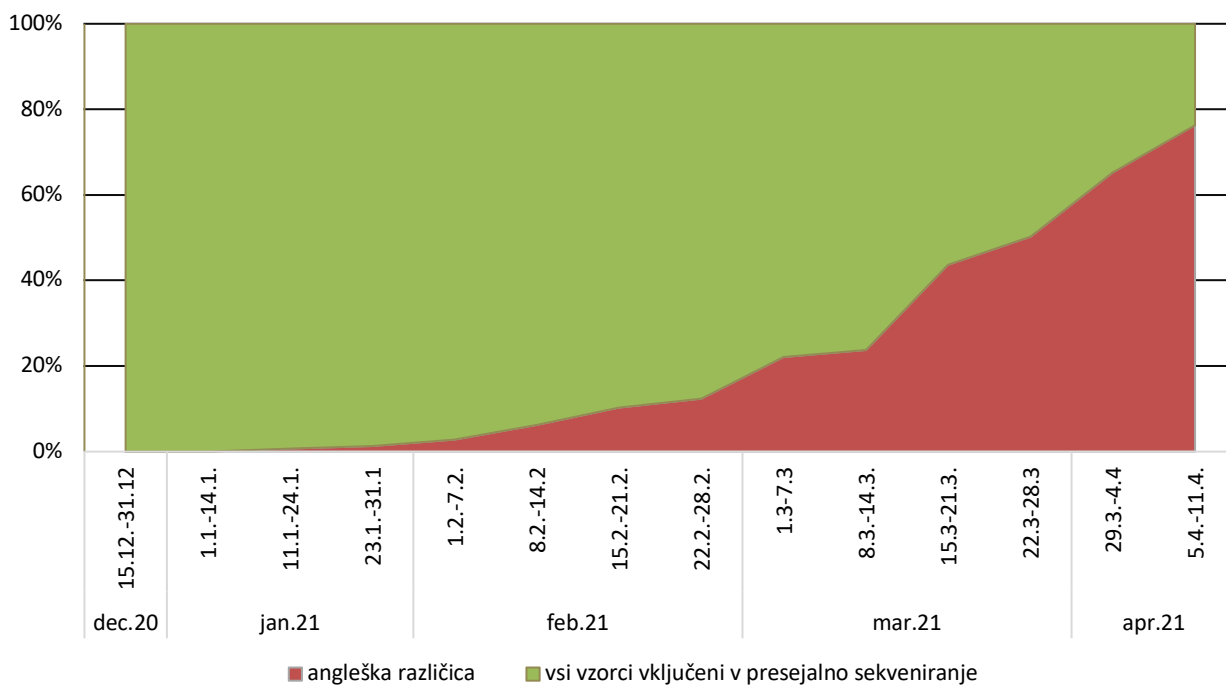
Angleška različica (VOC 202012/01 - B.1.1.7) vsebuje naslednje značilne mutacije: del69-70, del144, N501Y, A570D, D614G, P681H, T716I, S982A, D1118H. V tabeli spodaj so z zeleno barvo označene mutacije značilne za različico VOC 202012/01 - B.1.1.7, ki smo jih odkrili pri presejanju in z rdečo tiste, 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)									
1.1. - 14.01.21 (291 vzorcev)									
11.01. - 24.01.21 (480 vzorcev)									
23.01. - 31.01.21 (383 vzorcev)									
01.02. - 07.02.21 (576 vzorcev)									
08.02. - 14.02.21 (386 vzorcev)									
15.02. - 21.02.21 (577 vzorcev)									
22.02. - 28.02.21 (576 vzorcev)									
01.03. - 07.03.21 (562 vzorcev)									
08.03. - 14.03.21 (570 vzorcev)									
15.03. - 21.03.21 (573 vzorcev)									
22.03. - 28.03.21 (568 vzorcev)									
29.03. - 04.04.21 (575 vzorcev)									
05.04. - 11.04.21 (575 vzorcev)									

V petnajstem presejalnem obdobju smo našli vse mutacije značilne za angleško različico v vseh skupinah vzorcev. Delež posameznih mutacij se v zadnjem presejalnem obdobju gibljejo od med 70 - 90 %.



Delež angleške različice med vzorci, vključenimi v presejalno sekveniranje, narašča in je v petnajstem presejalnem obdobju dosegel 76 % vseh vključenih vzorcev, kar je prikazano na sliki spodaj.



Južnoafriška različica VOC 501Y.V2 - B.1.351

Južnoafriška različica (VOC 501Y.V2 - B.1.351) vsebuje naslednje značilne mutacije: L18F, D80A, D215G, 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.

Obdobje presejalnega testiranja	Mutacije značilne za južnoafriško različico(VOC 501Y.V2)							
	L18F	D80A	D215G	K417N	E484K	N501Y	D614G	A701V
01.10. - 12.12.20 (290 vzorcev)	■	■	■	■	■	■	■	■
13.12. - 31.12.20 (300 vzorcev)	■	■	■	■	■	■	■	■
1.01. - 14.01.21 (291 vzorcev)	■	■	■	■	■	■	■	■
11.01. - 24.01.21 (480 vzorcev)	■	■	■	■	■	■	■	■
23.01. - 31.01.21 (383 vzorcev)	■	■	■	■	■	■	■	■
01.02. - 07.02.21 (576 vzorcev)	■	■	■	■	■	■	■	■
08.02. - 14.02.21 (386 vzorcev)	■	■	■	■	■	■	■	■
15.02. - 21.02.21 (577 vzorcev)	■	■	■	■	■	■	■	■
22.02. - 28.02.21 (576 vzorcev)	■	■	■	■	■	■	■	■



01.03. - 07.03.21 (562 vzorcev)												
08.03. - 14.03.21 (570 vzorcev)												
15.03. - 21.03.21 (573 vzorcev)												
22.03. - 28.03.21 (568 vzorcev)												
29.03. - 04.04.21 (575 vzorcev)												
05.04. - 11.04.21 (575 vzorcev)												

V petnajstem presejalnem obdobju nismo potrdili južnoafriške različice v presejalnem NGS testiranju. Skupno smo do sedaj dokazali južnoafriško različico pri 23 osebah, od katerih jih 21 nima jasne epidemiološke anamneze za potencialni neposredni vnos iz tujine. Ena oseba je pripotovala iz Tanzanije in ena iz Zanzibarja.

Brazilska različica IC-0561 – P.1

Brazilska različica (IC-0561 – P.1) 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 – P.1, ki smo jih odkrili pri presejanju in z rdečo tiste, ki jih v posameznih obdobjih vzorčenja nismo našli.

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)												
01.01.-14.01.21 (291 vzorcev)												
11.01. - 24.01.21 (480 vzorcev)												
23.01. - 31.01.21 (383 vzorcev)												
01.02. - 07.02.21 (576 vzorcev)												
08.02. - 14.02.21 (386 vzorcev)												
15.02. - 21.02.21 (577 vzorcev)												
22.02. - 28.02.21 (576 vzorcev)												
01.03. - 07.03.21 (562 vzorcev)												
08.03. - 14.03.21 (570 vzorcev)												
15.03. - 21.03.21 (573 vzorcev)												
22.03. - 28.03.21 (568 vzorcev)												
29.03. - 04.04.21 (575 vzorcev)												
05.04. - 11.04.21 (575 vzorcev)												



V petnajstem presejalnem obdobju nismo potrdili brazilske različice (IC-0561 – P.1) virusa v Sloveniji, smo pa ugotovili višje deleže posameznih, za brazilsko različico značilnih, mutacij v različnih kliničnih vzorcih.

Okužbe po cepljenju proti COVID-19

V preteklem mesecu smo v sodelovanju z NIJZ sekvenirali 63 genomov SARS-CoV-2 po okužbi pri ljudeh, ki so bili cepljeni. Od tega je bilo 44 oseb več kot 2 tedna po cepljenju z 2 odmerkoma cepiva Comirnaty (BioNTech/Pfizer) in 18 oseb več kot 3 tedne po cepljenju z 1 odmerkom Vaxzevria (AstraZeneca/ Oxford).

Pri cepljenih smo dokazali genetske različice, ki so pogoste v Sloveniji (B.1.258.17, B.1.1.7 in A.27) v približno enakem deležu, kot se pojavljajo v ostali populaciji.

