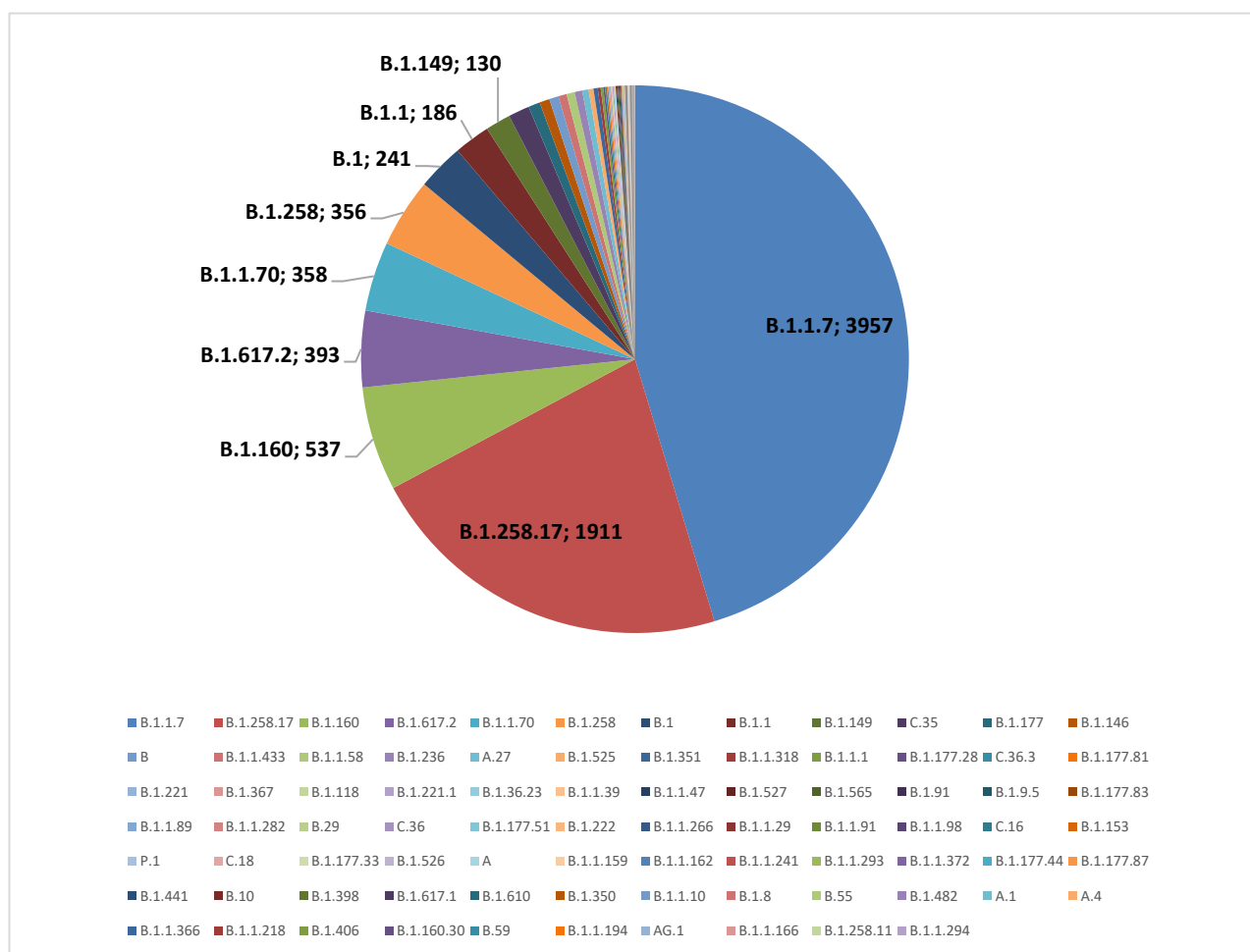




Datum: Ljubljana, 27.07.2021

Sistematično genomsko opredeljevanje in spremljanje epidemije SARS-CoV-2 v Sloveniji na Inštitutu za mikrobiologijo in imunologijo Medicinske fakultete Univerze v Ljubljani
Rezultati testiranja 160 vzorcev odvzetih med 12. 07. 2021 in 18. 07. 2021

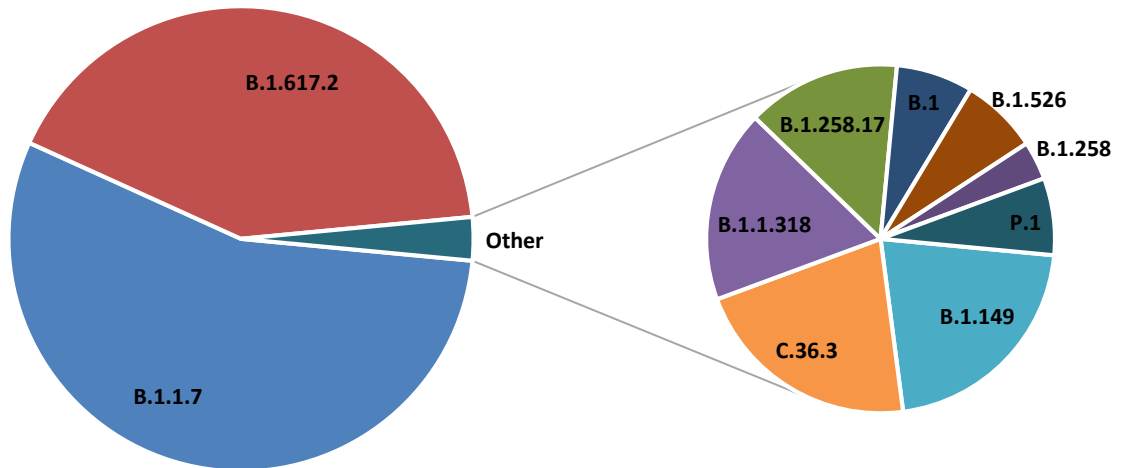
V **osemindvajseto presegalno sekveniranje** virusnih različic SARS-CoV-2 drugega vala epidemije z metodo določanja nukleotidnih zaporedij (sekveniranje) **smo vključili 160 SARS-CoV-2 PCR-pozitivnih vzorcev na IMI, ki so bili odvzeti med 12. 07. 2021 in 18. 07. 2021.** Izmed teh je bilo 60 % vzorcev iz osrednjeslovenske regije, 11 % iz Goriške regije, 9 % iz Posavske regije, 6 % iz Jugovzhodne in Obalno-kraške regije, 3 % iz Gorenjske regije, 1% iz Zasavske regije, Primorsko-notranjske in Savinjske regije. Trije vzorci so pripadali osebam, ki imajo stalno prebivališče v tujini.





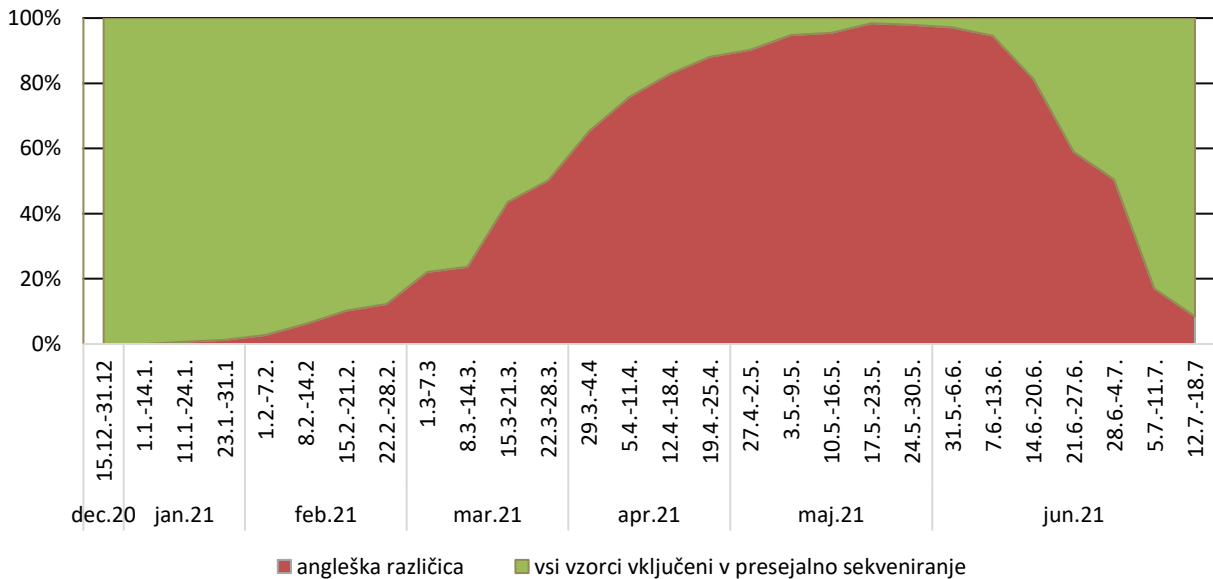
Na sliki zgoraj je v absolutnih številkah prikazana razporeditev posameznih genetskih različic opredeljenih s sekveniranjem celotnega genoma iz vzorcev vključenih v presejalno sekveniranje.

Na spodnji sliki je v prikazana razporeditev posameznih genetskih različic dokazanih v **juniju in juliju 2021**, opredeljenih s sekveniranjem celotnega genoma.



Alfa - B.1.1.7 - Angleška različica

Alfa različica (501Y.V1 - B.1.1.7) vsebuje naslednje značilne mutacije: del69-70, del144, N501Y, A570D, D614G, P681H, T716I, S982A, D1118H. **V osemindvajsetem presejalnem obdobju smo različico alfa potrdili v 13 vzorcih (8 %).**



■ angleška različica ■ vsi vzorci vključeni v presejalno sekveniranje



Beta - B.1.351 - Južnoafriška različica

Beta različica (501Y.V2 - B.1.351) vsebuje naslednje značilne mutacije: L18F, D80A, D215G, K417N, E484K, N501Y, D614G in A701V. **V osemindvajsetem 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.

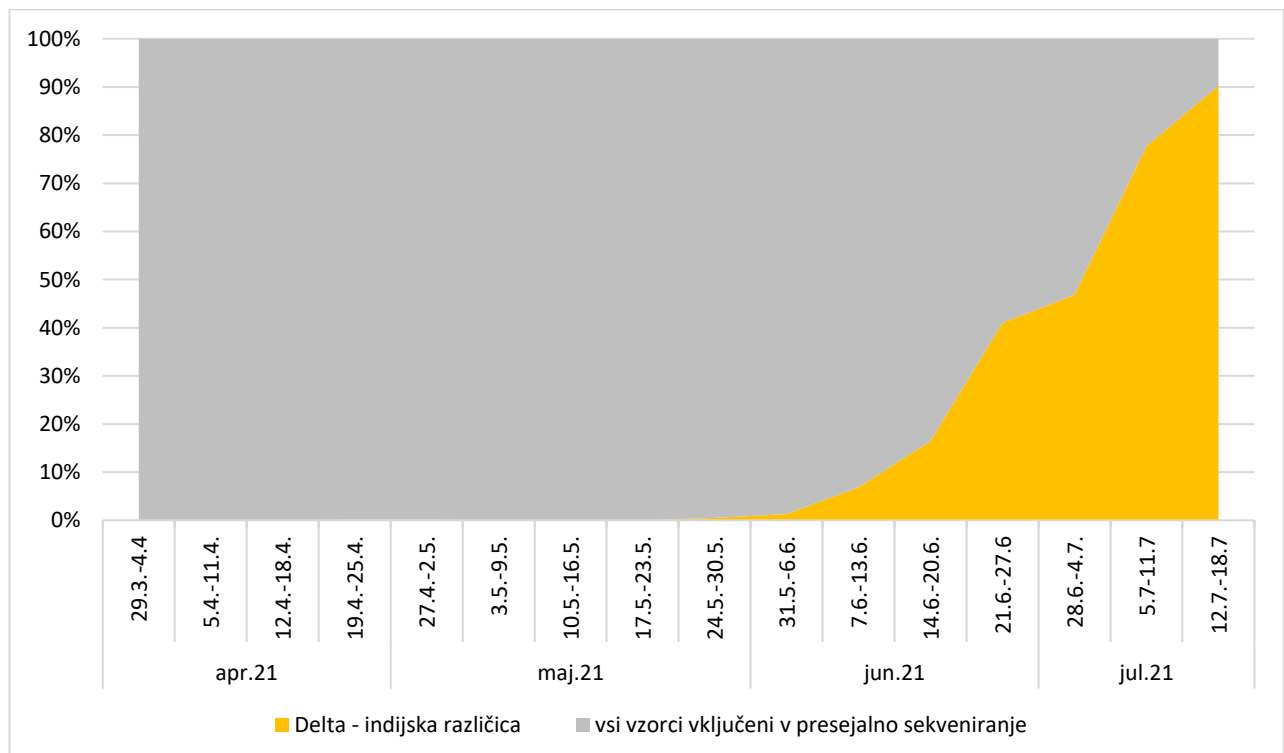
Gama – P.1 - Brazilska različica

Gama različica (501Y.V3 – P.1) vsebuje naslednje značilne mutacije: L18F, T20N, P26S, D138Y R190S, K417T, E484K, N501Y, D614G, H655Y, T1027I, V1176F. **V osemindvajsetem presejalnem različice gama nismo potrdili.** Gama različico smo doslej potrdili pri 3 osebah.

Delta - B.1.617.2 - Indijska različica

Delta različica B.1.617.2 vsebuje naslednje značilne mutacije: T19R, L452R, T478K, D614G, D950N, P681R, del157/158. **V osemindvajsetem presejalnem testiranju smo različico delta potrdili v 139 vzorcih (90 %).** Skupno smo do sedaj različico delta potrdili pri 393 osebah. **Genetsko različico delta plus smo potrdili pri eni osebi iz osrednjeslovenske regije.** Skupno smo do sedaj različico delta plus potrdili pri 7 osebah.

Na spodnji sliki je prikazano naraščanje deleža različice delta med vzorci vključenimi v presejalno sekveniranje.





Epsilon - B.1.429

Za genetsko različico epsilon so značilne mutacije: S13I, W152C, L452R, D614G. Različica je najbolj razširjena v Kaliforniji, zabeležili so jo tudi v Mehiki. **Epsilon različice do sedaj nismo potrdili v Sloveniji.**

Eta - B.1.525

Genetska različica eta vsebuje naslednje značilne mutacije: Q52R, E484K, Q677H, F888L. Različica je najbolj razširjena v Nigeriji, na Danskem, v Združenem kraljestvu in Združenih državah Amerike. **V osemindvajsetem presejalnem obdobju različice eta nismo potrdili.** Do sedaj smo potrdili različico eta v 23 vzorcih iz Osrednjeslovenske, Jugovzhodne, Savinjske in Zasavske regije.

Jota - B.1.526

Za genetsko različico jota so značilne mutacije: L5F, T95I, D253G, E484K, D614G, A701V. Različica je razširjena predvsem v New Yorku, Združene države Amerike. **V osemindvajsetem presejalnem obdobju smo genetsko različico jota potrdili pri 1 osebi s stalnim bivališčem v tujini.** Do sedaj smo potrdili različico jota v vzorcih 2 oseb.

Kapa - B.1.617.1 - Indijska različica

Genetska različica kapa vsebuje naslednje značilne mutacije: L452R, E484Q, D614G, P681R, Q1071H. **V osemindvajsetem presejalnem obdobju različice kapa nismo potrdili v presejalnem testiranju.** Do sedaj smo potrdili različico kapa v vzorcu 1 osebe, ki se je vrnila iz tujine.

Genetska različica B.1.1.318

Za genetsko različico B.1.1.318 so značilne mutacije: T95I, del144, E484K, D614G, P681H, D796H. Različico so do sedaj dokazali v Združenem kraljestvu, v Švici in v Združenih državah Amerike. **V osemindvajsetem presejalnem testiranju različice B.1.1.318 nismo potrdili.** Do sedaj smo potrdili različico B.1.1.318 v vzorcih 15 oseb iz Osrednjeslovenske, Posavske, Zasavske regije in pri osebah, ki imajo stalno prebivališče v tujini.

Genetska različica B.1.258.17

Evropska linija B.1.258.17 vsebuje naslednje značilne mutacije: N439K, D614G, V772I. Genetska različica se je v Sloveniji razširila v drugem valu epidemije. Drugače je različica razširjena še v Švici (9%), Nemčiji (9%), na Švedskem (6%) in v Avstriji (2%). Genetska različica alfa (B.1.1.7) je v Sloveniji popolnoma izrinila genetsko različico B.1.258.17. **V osemindvajsetem presejalnem obdobju različice B.1.258.17 nismo potrdili.** Do sedaj smo različico B.1.258.17 v presejalnem testiranju potrdili v 1.380 vzorcih.

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. **V osemindvajsetem presejalnem obdobju različice nismo potrdili.** Do sedaj smo potrdili različico A.27 v skupno 31 vzorcih iz Osrednjeslovenske, Jugovzhodne in Obalno-kraške regije.



Okužbe po cepljenju proti COVID-19

Od 24. 02. 2021 do 18. 07. 2021 smo v sodelovanju z NIJZ sekvenirali 251 genomov SARS-CoV-2 po okužbi pri osebah, ki so bile cepljene. Od tega je bilo 122 oseb cepljenih s cepivom Comirnaty (BioNTech/Pfizer), 3 osebe so bile cepljene s cepivom Spikevax (Moderna), 123 oseb je bilo cepljenih s cepivom Vaxzevria (AstraZeneca/Oxford) in 3 osebe so bile cepljene s cepivom COVID-19 Vaccine Janssen (Johnson & Johnson's/Janssen).

Pri cepljenih smo dokazali genetske različice, ki so pogoste v Sloveniji v približno enakem deležu, kot se pojavljajo v ostali populaciji.

