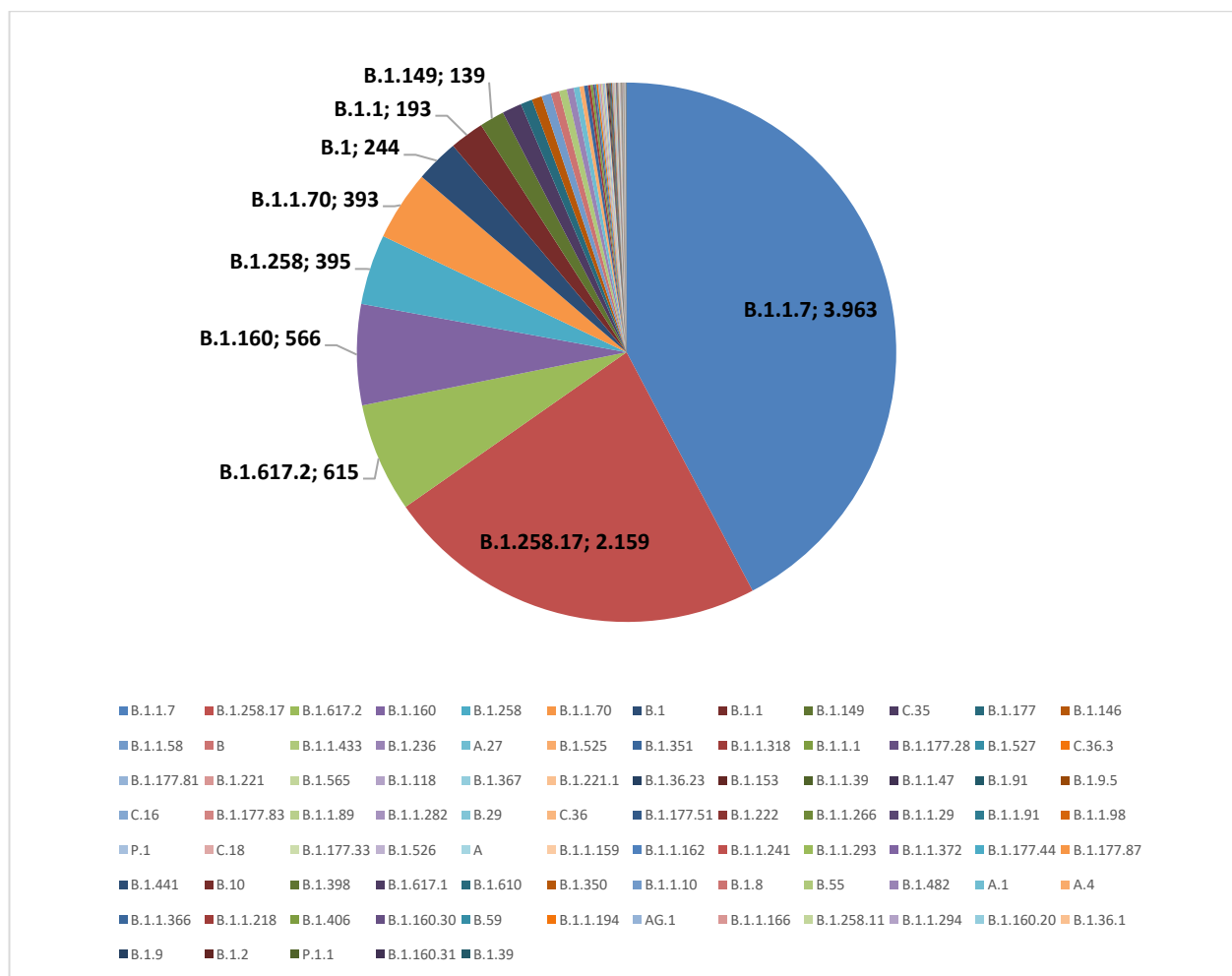




Datum: Ljubljana, 03.08.2021

***Sistematično genomsko opredeljevanje in spremljanje epidemije SARS-CoV-2 v Sloveniji na Inštitutu za mikrobiologijo in imunologijo Medicinske fakultete Univerze v Ljubljani***  
**Rezultati testiranja 225 vzorcev odvzetih med 19. 07. 2021 in 25. 07. 2021**

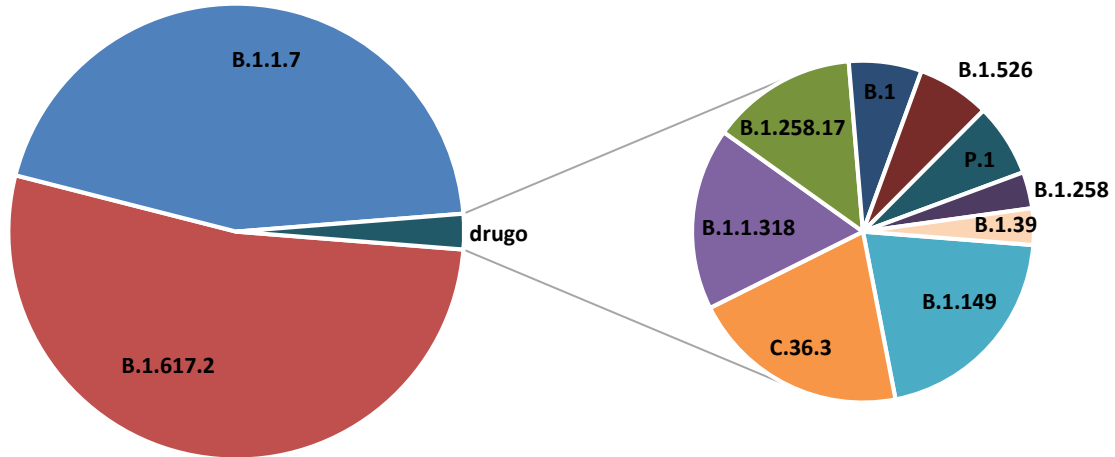
V **devetindvajseto presejalno sekveniranje** virusnih različic SARS-CoV-2 drugega vala epidemije z metodo določanja nukleotidnih zaporedij (sekveniranje) **smo vključili 225 SARS-CoV-2 PCR-pozitivnih vzorcev na IMI, ki so bili odvzeti med 19. 07. 2021 in 25. 07. 2021.** Izmed teh je bilo 63 % vzorcev iz osrednjeslovenske regije, 13 % iz Goriške regije, 6 % iz Posavske regije, 5 % iz Zasavske regije, 4 % iz Jugovzhodne regije, 3 % iz Gorenjske regije, po 2 % iz Primorsko-notranjske in Savinjske regije in 1 % iz Obalno-kraške regije. Štirje vzorci so pripadali osebam, ki imajo stalno prebivališče v tujini.





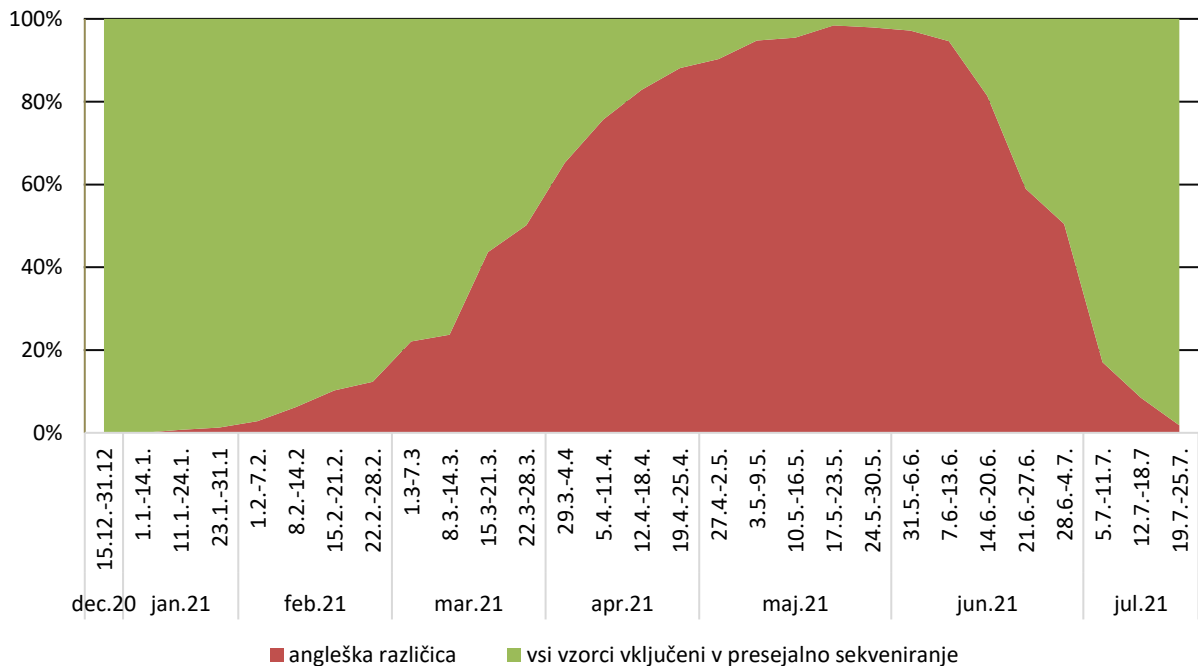
Na sliki zgoraj je v absolutnih številkah prikazana razporeditev posameznih genetskih različic opredeljenih s sekveniranjem celotnega genoma iz vzorcev vključenih v presejalno sekveniranje.

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 devetindvajsetem presejalnem obdobju smo različico alfa potrdili v 4 vzorcih (2 %).**





### **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 devetindvajsetem 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.

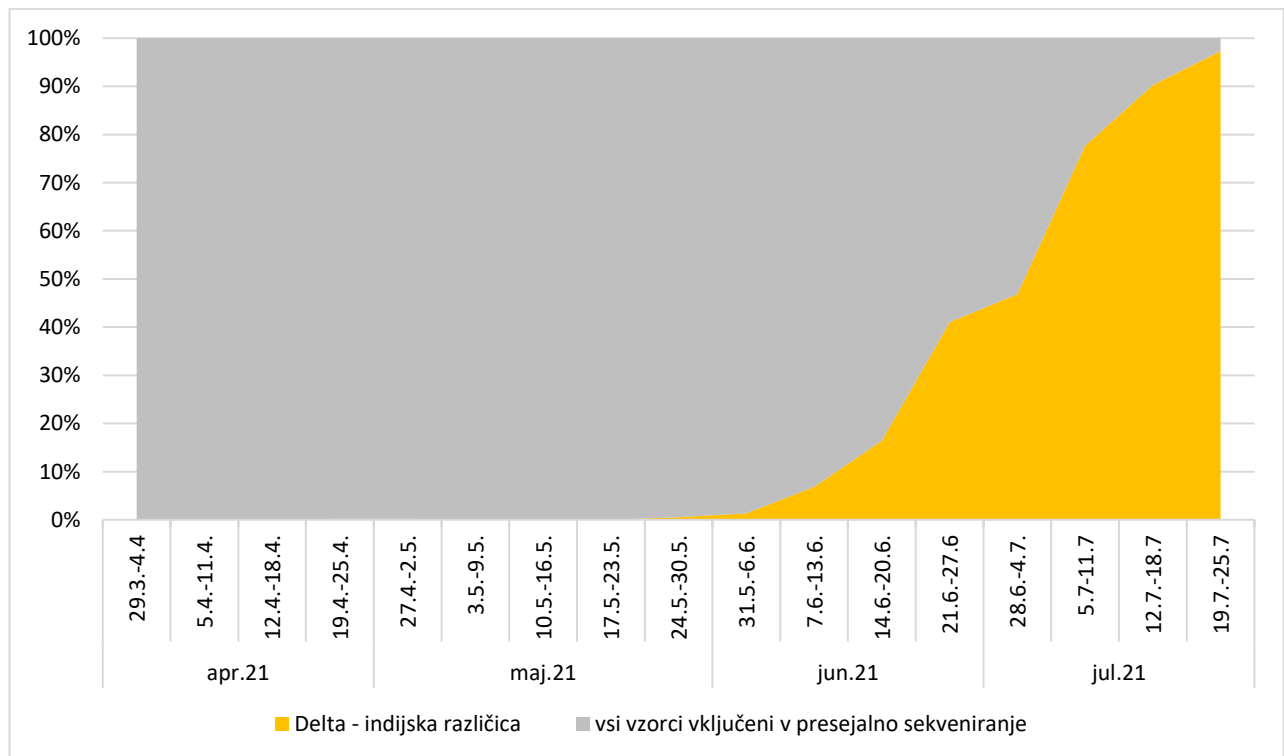
### **Gama – P.1 - Brazilska različica**

Gama različica (501Y.V3 – P.1) vsebuje naslednje značilne mutacije: L18F, T20N, P26S, D138Y R190S, K417T, E484K, N501Y, D614G, H655Y, T1027I, V1176F. **V devetindvajsetem 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 devetindvajsetem presejalnem testiranju smo različico delta potrdili v 216 vzorcih (97 %).** Skupno smo do sedaj različico delta potrdili pri 615 osebah. **Genetsko različico delta plus smo potrdili pri treh osebah iz osrednjeslovenske, goriške in zasavske regije.** Skupno smo do sedaj različico delta plus potrdili pri 10 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. **Različice epsilon 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 devetindvajsetem 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 devetindvajsetem presejalnem obdobju genetske različice jota nismo potrdili.** 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 devetindvajsetem 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 devetindvajsetem 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 devetindvajsetem 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 devetindvajsetem 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 25. 07. 2021 smo v sodelovanju z NIJZ sekvenirali 269 genomov SARS-CoV-2 po okužbi pri osebah, ki so bile cepljene. Od tega je bilo 130 oseb cepljenih s cepivom Comirnaty (BioNTech/Pfizer), 3 osebe so bile cepljene s cepivom Spikevax (Moderna), 130 oseb je bilo cepljenih s cepivom Vaxzevria (AstraZeneca/Oxford) in 6 oseb je bilo cepljenih 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.

