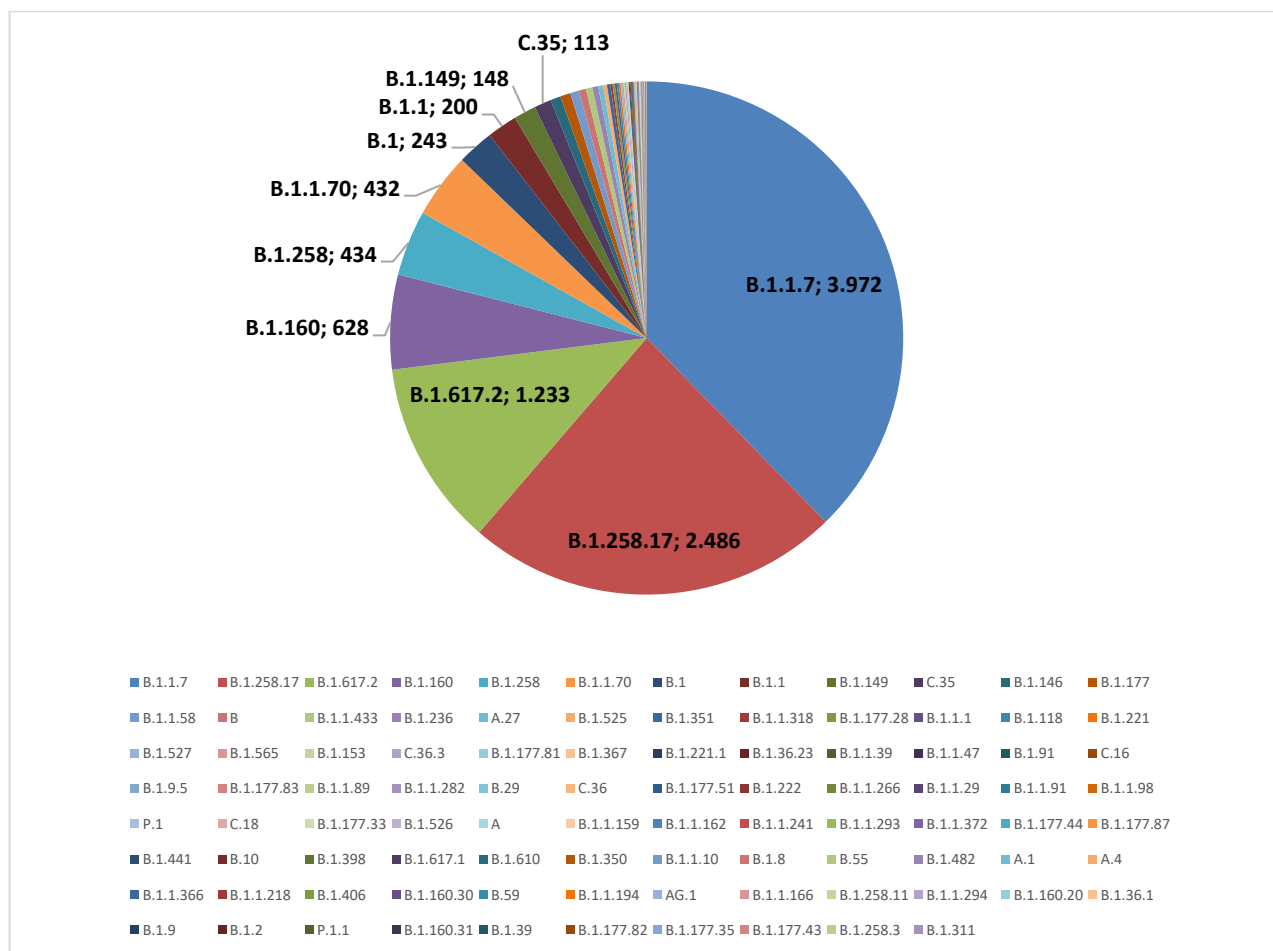




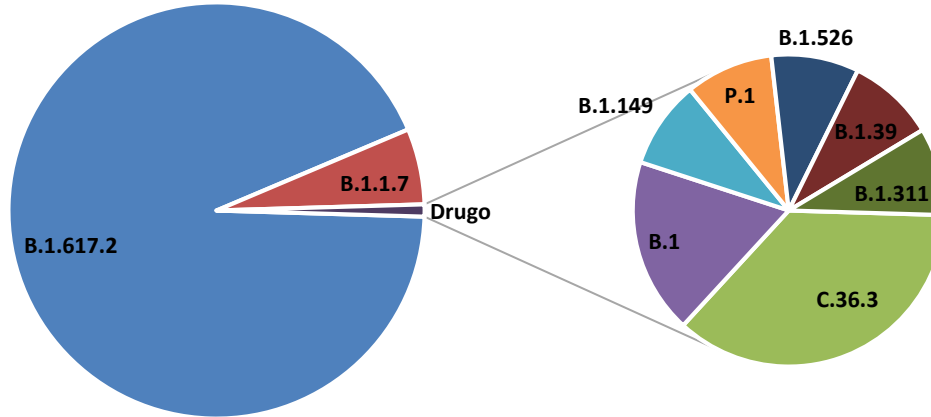
Datum: Ljubljana, 18.08.2021

Sistematično genomsko opredeljevanje in spremljanje epidemije SARS-CoV-2 v Sloveniji na Inštitutu za mikrobiologijo in imunologijo Medicinske fakultete Univerze v Ljubljani
Rezultati testiranja 365 vzorcev odvzetih med 02. 08. 2021 in 08. 08. 2021

V **enaintrideseto presejalno sekveniranje** virusnih različic SARS-CoV-2 z metodo določanja nukleotidnih zaporedij (sekveniranje) smo vključili **365 SARS-CoV-2 PCR-pozitivnih vzorcev na IMI, ki so bili odvzeti med 02. 08. 2021 in 08. 08. 2021**. Izmed teh je bilo 67 % vzorcev iz osrednjeslovenske regije, 7 % iz Goriške regije, 5 % iz Zasavske regije, 4 % iz Posavske regije, po 3 % iz Primorsko-notranjske in Obalno-kraške regije, po 2 % iz Gorenjske in Savinjske regije in 1 % iz Jugovzhodne regije. Osemnajst vzorcev je pripadalo osebam, ki imajo stalno prebivališče v tujini.



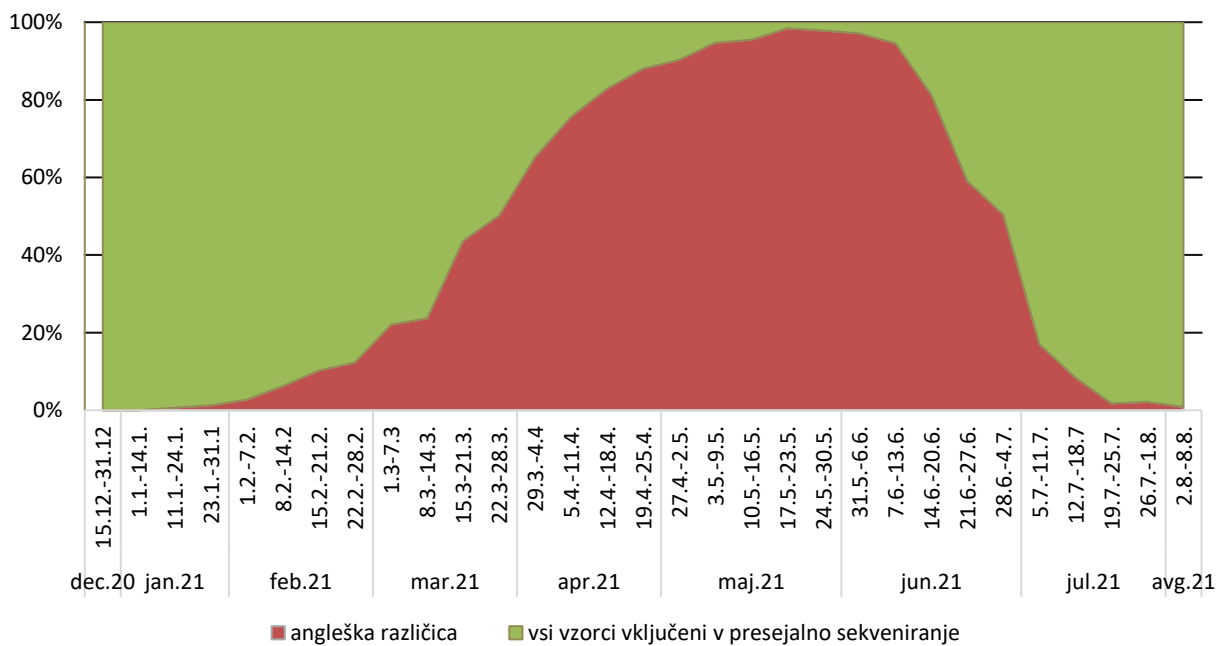
Slika 1. Razporeditev posameznih genetskih različic opredeljenih s sekveniranjem celotnega genoma iz vzorcev vključenih v presejalno sekveniranje.



Slika 2. Razporeditev posameznih genetskih različic dokazanih v **juliju in avgustu 2021**, opredeljenih s sekveniranjem celotnega genoma.

Alfa - B.1.1.7 - Angleška različica

Različica alfa (501Y.V1 - B.1.1.7) vsebuje naslednje značilne mutacije: del69-70, del144, N501Y, A570D, D614G, P681H, T716I, S982A, D1118H. **V enaintridesetem presejalnem obdobju smo različico alfa potrdili v 3 vzorcih (1 %).**



Slika 3. Dinamika deleža različice alfa med vzorci v presejalnem sekveniranju.



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 enaintridesetem 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.

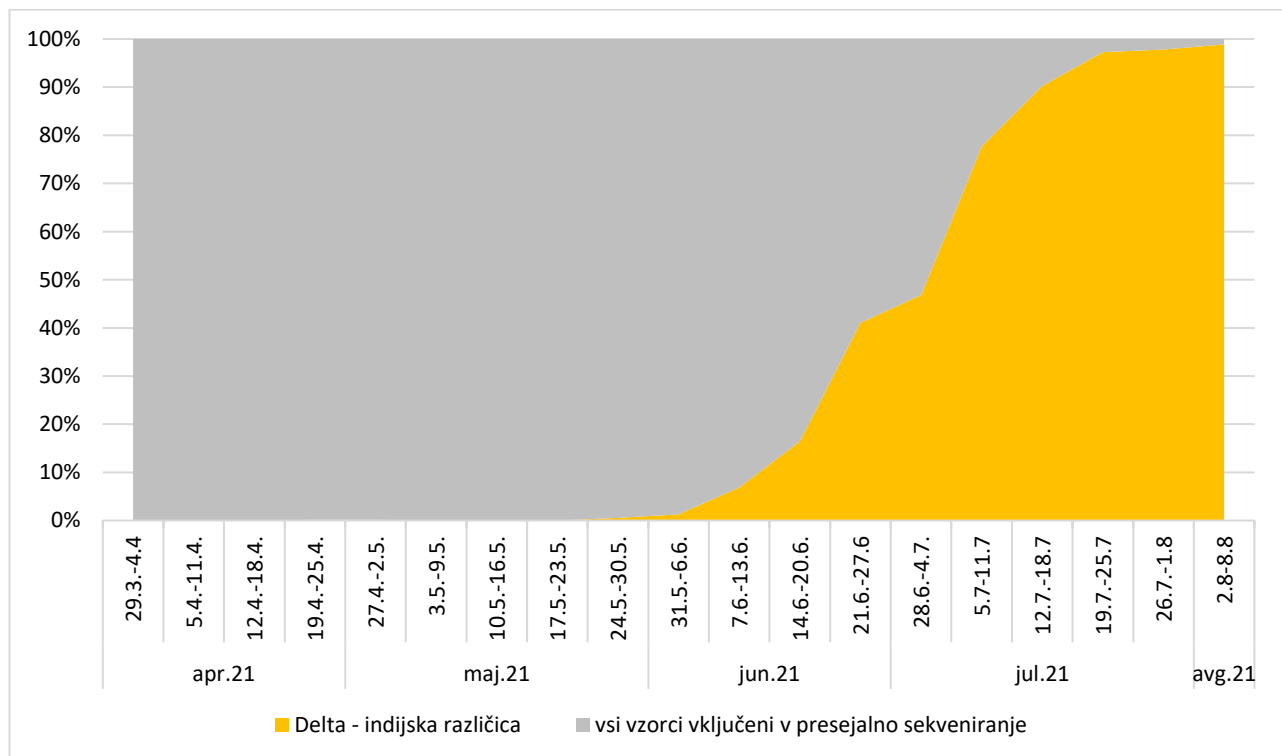
Gama – P.1 - Brazilska različica

Različica gama (501Y.V3 – P.1) vsebuje naslednje značilne mutacije: L18F, T20N, P26S, D138Y R190S, K417T, E484K, N501Y, D614G, H655Y, T1027I, V1176F. **V enaintridesetem presejalnem različice gama nismo potrdili.** Gama različico 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 enaintridesetem presejalnem testiranju smo različico delta potrdili v 351 vzorcih (99 %).** Skupno smo do sedaj različico delta potrdili pri 1233 osebah. **Genetsko različico delta plus smo v enaintridesetem presejalnem testiranju potrdili pri eni osebi.** Skupno smo do sedaj različico delta plus potrdili pri 11 osebah.

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



Slika 4. Dinamika deleža različice delta med vzorci v presejalnem sekveniranju.



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 enaintridesetem 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 enaintridesetem 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 enaintridesetem 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 enaintridesetem 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 enaintridesetem 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

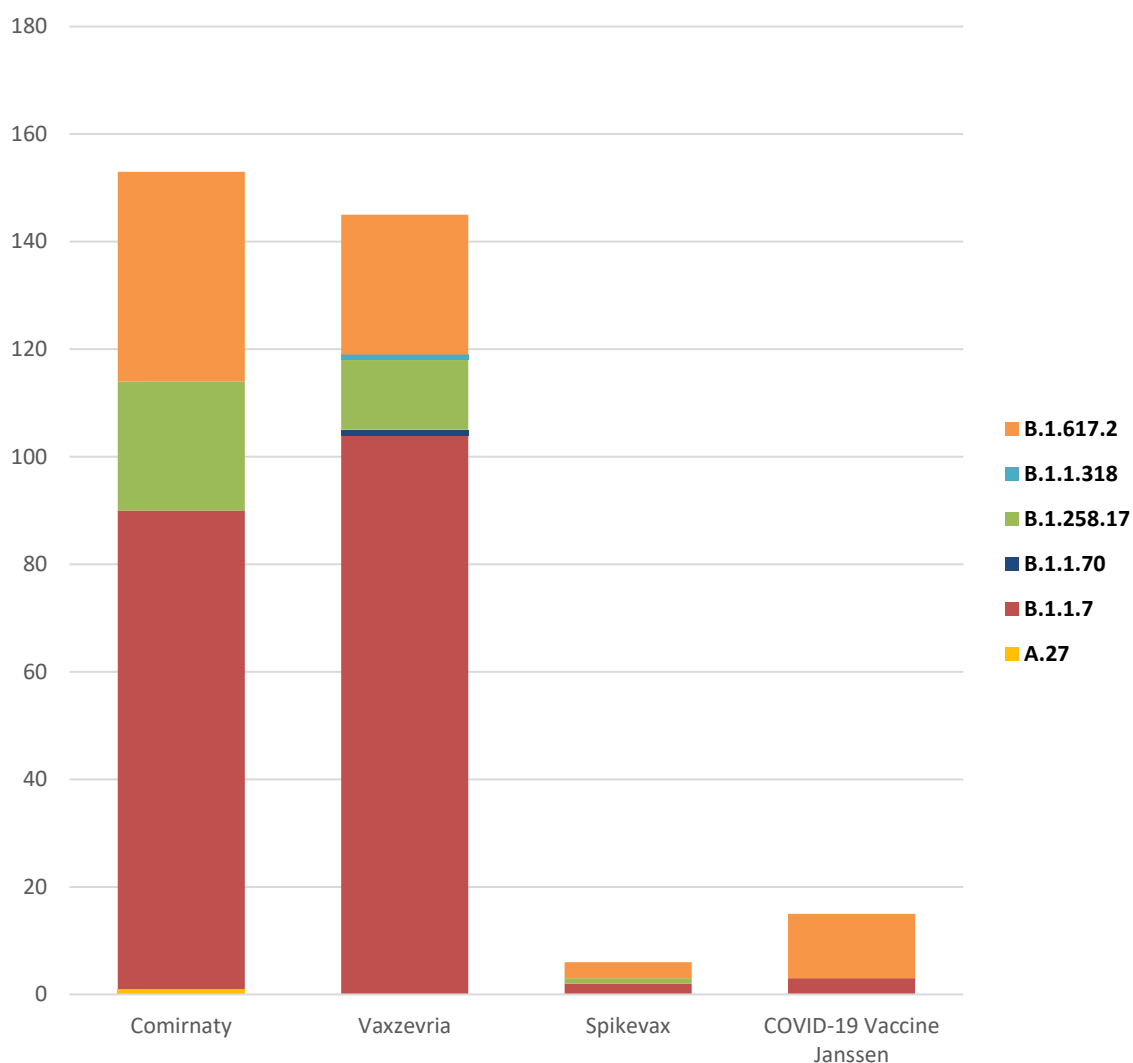
Za genetsko različico A.27 so značilne mutacije: L18F, L452R, N501Y, A653V, H655Y, D796Y, G1219V. Različica je najbolj razširjena v francoski čezmorski skupnosti Mayotte, zabeležili pa so jo tudi v Združenem kraljestvu, na Nizozemskem, Danskem in v Turčiji. **V enaintridesetem presejalnem obdobju različice 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 08. 08. 2021 smo v sodelovanju z NIJZ sekvenirali 319 genomov SARS-CoV-2 po okužbi pri osebah, ki so bile cepljene. Od tega je bilo 153 oseb cepljenih s cepivom Comirnaty (BioNTech/Pfizer), 6 oseb je bilo cepljenih s cepivom Spikevax (Moderna), 145 oseb je bilo cepljenih s cepivom Vaxzevria (AstraZeneca/Oxford) in 15 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.



Slika 5. Genetske različice SARS-CoV-2, ki povzročajo okužbo po cepljenju proti COVID-19 v slovenski populaciji.