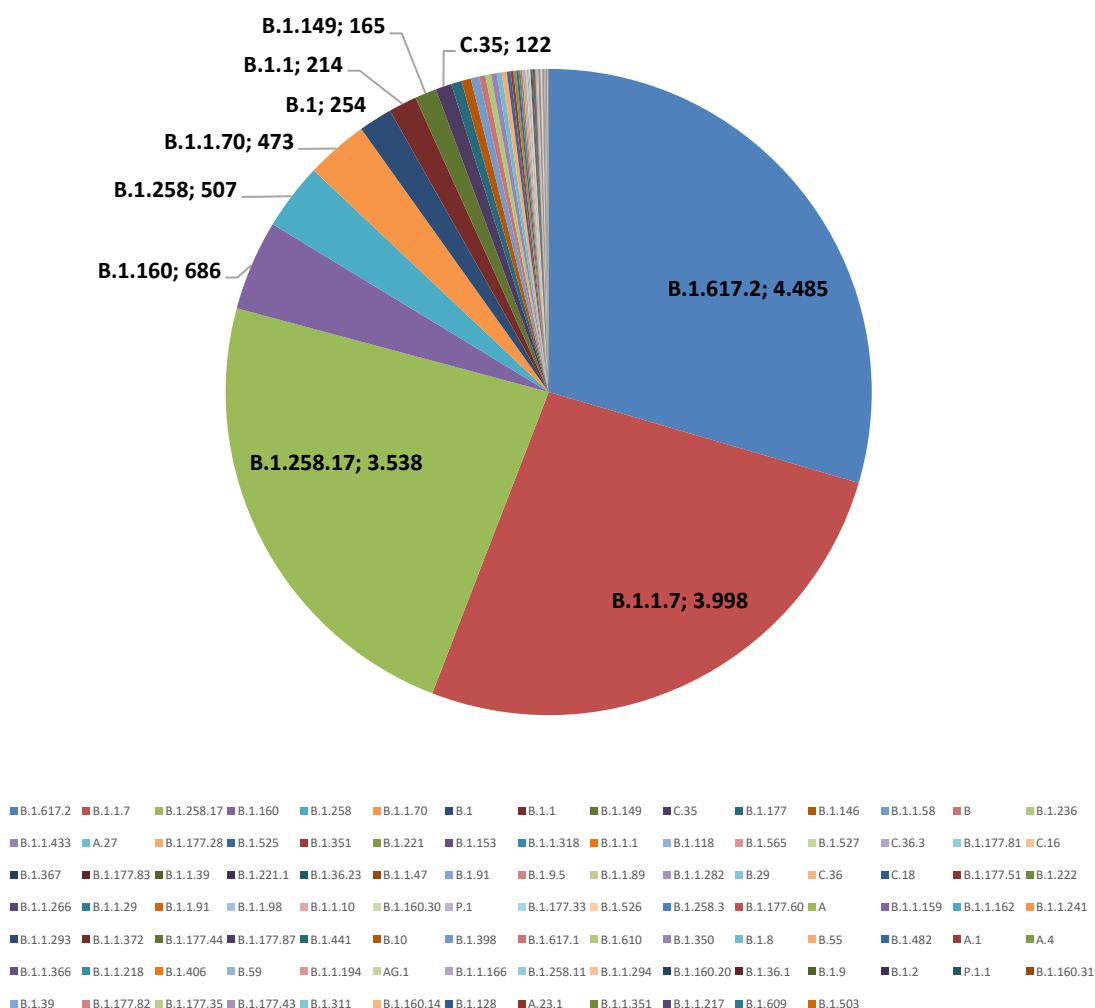




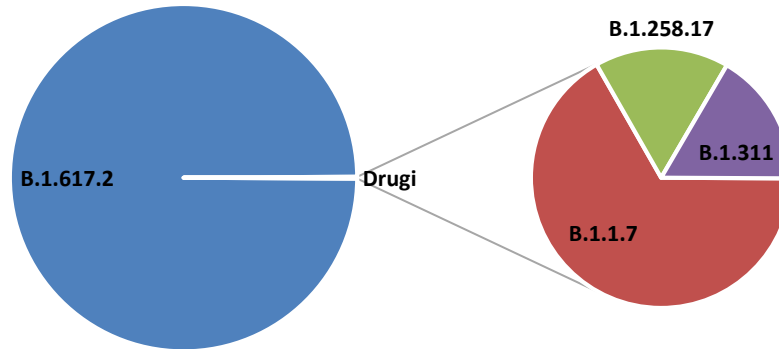
Datum: Ljubljana, 28.09.2021

Sistematično genomsko opredeljevanje in spremljanje epidemije SARS-CoV-2 v Sloveniji na Inštitutu za mikrobiologijo in imunologijo Medicinske fakultete Univerze v Ljubljani
Rezultati testiranja 330 vzorcev odvzetih med 13. 09. 2021 in 19. 09. 2021

V **sedemintrideseto presejalno sekveniranje** virusnih različic SARS-CoV-2 z metodo določanja nukleotidnih zaporedij (sekveniranje) smo vključili 330 vzorcev (11 % vseh SARS-CoV-2 PCR-pozitivnih vzorcev na IMI), ki so bili odvzeti med 13. 09. 2021 in 19. 09. 2021. Izmed teh je bilo 82 % vzorcev iz osrednjeslovenske regije, 7 % iz Goriške regije, po 2 % iz Gorenjske, Podravske in Zasavske regije, po 1 % iz Jugovzhodne in Savinjske regije. Sedem 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 **avgustu in septembru 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 sedemintridesetem presejalnem obdobju različice alfa nismo potrdili.** Genetska različica delta (B.1.617.2) je v Sloveniji popolnoma izrinila genetsko različico alfa. Do sedaj smo različico alfa potrdili pri 3.998 osebah.

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 sedemintridesetem 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 sedemintridesetem presejalnem različice gama nismo potrdili.** Različico gama smo doslej potrdili pri 3 osebah.

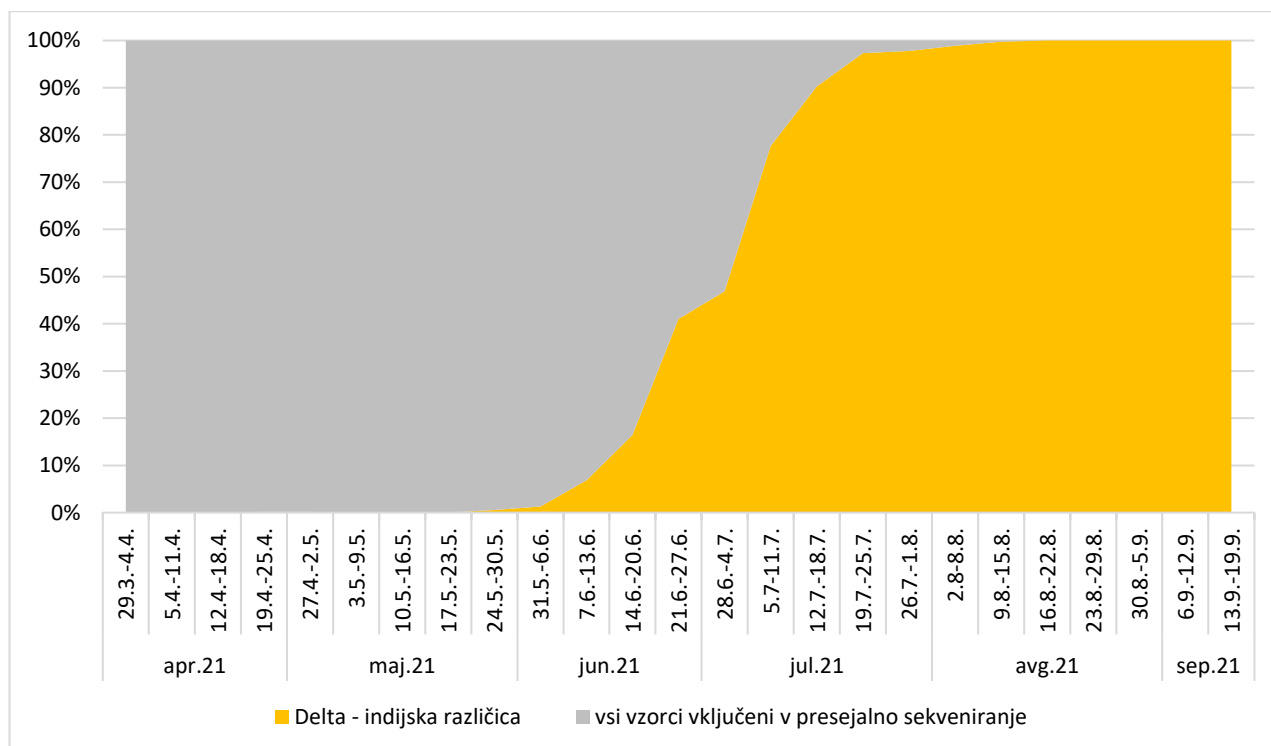
Delta - B.1.617.2 - Indijska različica

Različica delta (B.1.617.2) vsebuje naslednje značilne mutacije: T19R, L452R, T478K, D614G, D950N, P681R, del157/158. **V sedemintridesetem presejalnem testiranju smo različico delta potrdili v vseh vzorcih vključenih v presejalno sekveniranje.** Skupno smo do sedaj različico delta potrdili pri 4.485 osebah.



Genetske različice delta plus v sedemintridesetem presejalnem testiranju nismo potrdili. 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 3. 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 sedemintridesetem 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 sedemintridesetem 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 sedemintridesetem 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 sedemintridesetem 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 sedemintridesetem presejalnem obdobju različice B.1.258.17 nismo potrdili.** Do sedaj smo različico B.1.258.17 v presejalnem testiranju potrdili v 3.535 vzorcih.

Genetska različica A.27

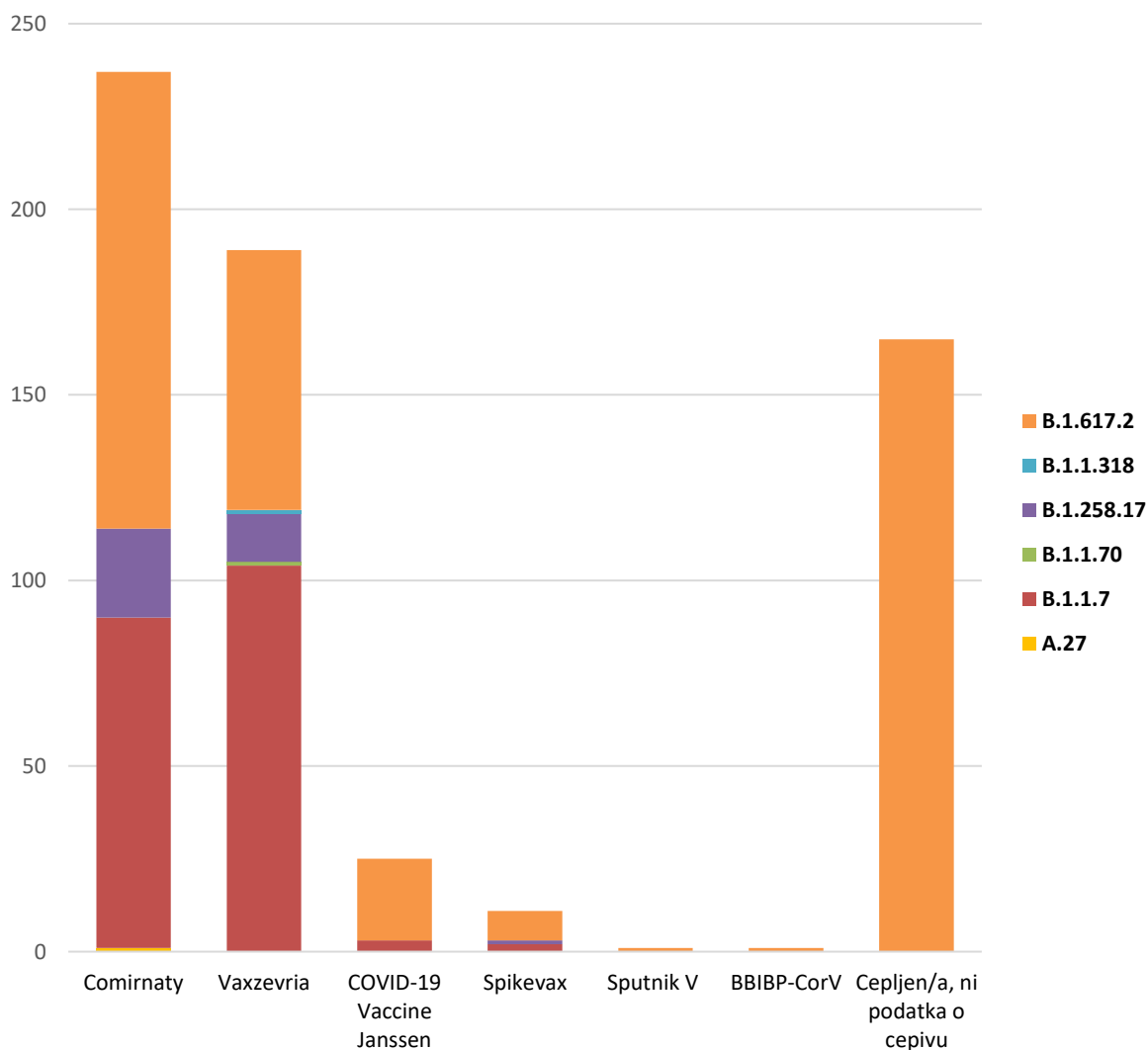
Za genetsko različico A.27 so značilne mutacije: L18F, L452R, N501Y, A653V, H655Y, D796Y, G1219V. Različica je najbolj razširjena v francoski čezmorski skupnosti Mayotte, zabeležili pa so jo tudi v Združenem kraljestvu, na Nizozemskem, Danskem in v Turčiji. **V sedemintridesetem presejalnem obdobju različice 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 19. 09. 2021 smo v sodelovanju z NIJZ sekvenirali 629 genomov SARS-CoV-2 po okužbi pri osebah, ki so bile cepljene. Od tega je bilo 237 oseb cepljenih s cepivom Comirnaty (BioNTech/Pfizer), 11 oseb je bilo cepljenih s cepivom Spikevax (Moderna), 189 oseb je bilo cepljenih s cepivom Vaxzevria (AstraZeneca/Oxford), 25 oseb je bilo cepljenih s cepivom COVID-19 Vaccine Janssen (Johnson & Johnson's/Janssen), 1 oseba je bila cepljena s cepivom BBIBP-CorV (Sinopharm), 1 oseba je bila cepljena s cepivom Sputnik V (Gamaleya Research Institute of Epidemiology and Microbiology), pri 165 osebah nimamo podatka o vrsti cepiva.

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



Slika 4. Genetske različice SARS-CoV-2, ki povzročajo okužbo po cepljenju proti COVID-19 v slovenski populaciji.



Ponovne okužbe SARS-CoV-2 (reinfekcije)

V sodelovanju z NIJZ izvajamo sekveniranje genomov SARS-CoV-2 pri osebah, ki so že prebolele okužbo s SARS-CoV-2 in so ponovno pozitivne na SARS-CoV-2 RNA v razmaku več kot 90 dni. Med 7. 4. 2021 in 2. 6. 2021 smo preiskovali 51 oseb, ki ustrezajo tem kriterijem. Po podrobni analizi smo dokončno potrdili 6 primerov ponovnih okužb, pri katerih smo uspešno pridobili zaporedje genoma SARS-CoV-2 v obeh vzorcih ter potrdili, da gre za različni genetski različici (Razpredelnica 1).

Razpredelnica 1. Osebe s ponovno okužbo s SARS-CoV-2 prepoznano v obdobju 7. 4. – 2. 6. 2021.

Regija prebivališča	Spol	Starost	SARS-CoV-2 različica dokazana v 1. vzorcu	Razmak med pozitivnima PCR testoma (št. dni)	SARS-CoV-2 različica dokazana v 2. vzorcu
Zasavska	Ž	73	B.1.1.70	173	B.1.367
Osrednjeslovenska	Ž	44	B.1.258.17	201	B.1.1.7
Osrednjeslovenska	Ž	32	B.1.160	187	B.1.1.7
Osrednjeslovenska	Ž	39	B.1.258.17	129	B.1.1.7
Zasavska	Ž	31	B.1.258.17	205	B.1.1.7
Osrednjeslovenska	Ž	21	B.1.258.17	237	B.1.1.7