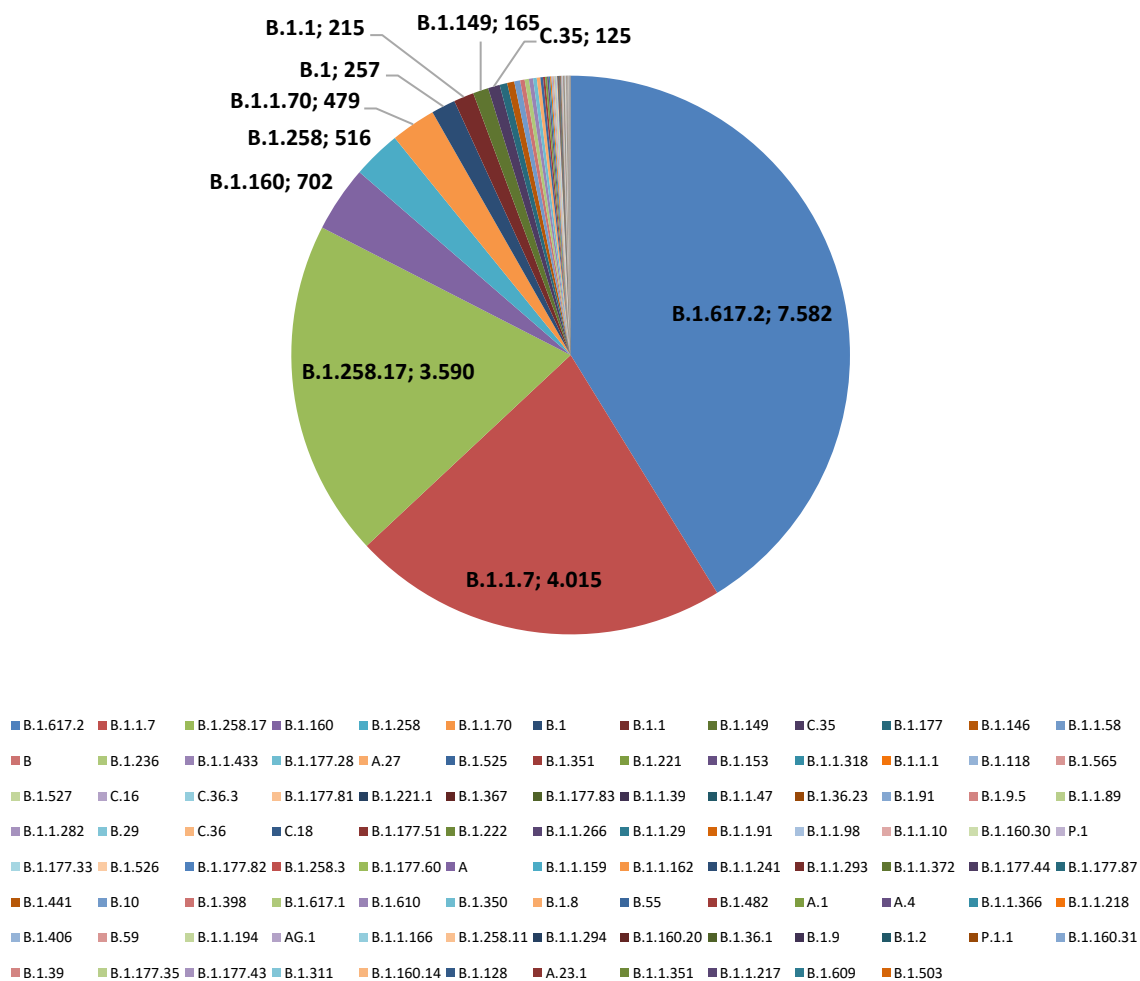




Datum: Ljubljana 04.11.2021

Sistematično genomsko opredeljevanje in spremljanje epidemije SARS-CoV-2 v Sloveniji na Inštitutu za mikrobiologijo in imunologijo Medicinske fakultete Univerze v Ljubljani
Rezultati testiranja 941 vzorcev odvzetih med 18. 10. 2021 in 24. 10. 2021

V **dvainštirideseto presejalno sekveniranje** virusnih različic SARS-CoV-2 z metodo določanja nukleotidnih zaporedij (sekveniranje) smo vključili 941 vzorcev (19 % vseh SARS-CoV-2 PCR-pozitivnih vzorcev na IMI), ki so bili odvzeti med 18. 10. 2021 in 24. 10. 2021. Izmed teh je bilo 64 % vzorcev iz osrednjeslovenske regije, 14 % iz Goriške regije, 7 % iz Zasavske regije, 4 % iz Jugovzhodne regije, 3 % iz Posavske regije in po 1 % iz Obalno-kraške, Gorenjske, Podravske, Savinjske in Primorsko-notranjske regije. Sedemnajst 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. V septembru in oktobru 2021 smo dokazali samo različico delta.



Nadzor nad zaskrbljujočimi genetskimi različicami (VOC)

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 dvainštiridesetem 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.

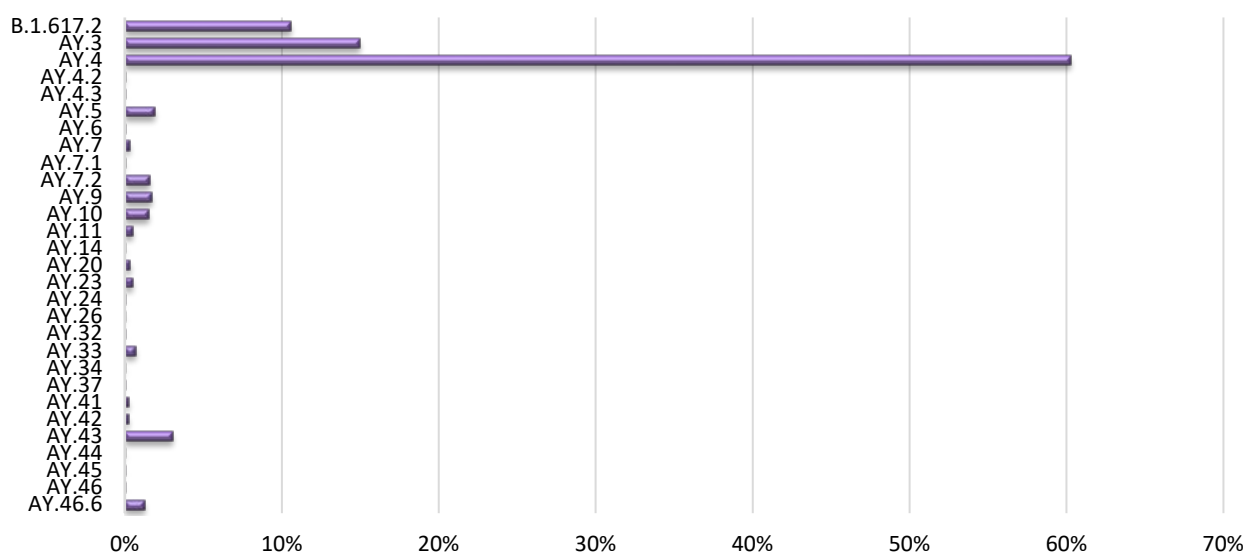
Gama – P.1 - Brazilska različica

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

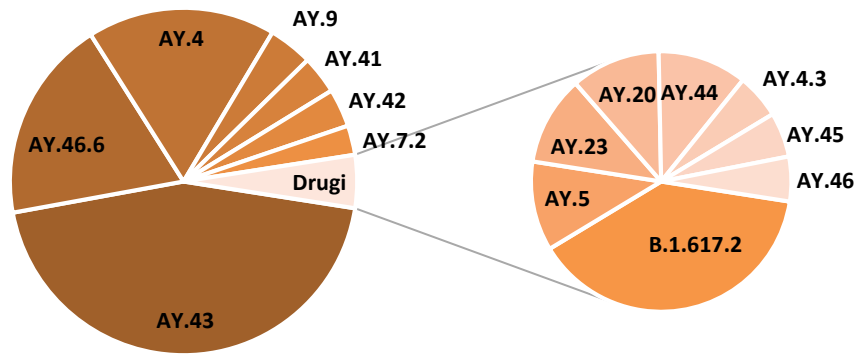
Delta - B.1.617.2 - Indijska različica

Različica delta (B.1.617.2) vsebuje naslednje značilne mutacije: T19R, L452R, T478K, D614G, D950N, P681R, del157/158. **V dvainštiridesetem presejalnem testiranju smo različico delta potrdili v vseh vzorcih vključenih v presejalno sekveniranje.** Skupno smo do sedaj različico delta potrdili pri 7.582 osebah.

Zaradi svetovne razširjenosti, pri različici delta spremljamo tudi pojav posameznih mutacij v virusnem genomu, iz katerih se lahko oblikujejo nove različice ali podrazličice. Trenutno spremljamo 55 podrazličic delta, ki so označene: AY.številka. V Sloveniji je najprej prevladovala podrazličica AY.3, ki jo je konec avgusta 2021 nadomestila podrazličica AY.4, ki jo še nadalje delimo v AY.4.1 in **AY.4.2**. Različica AY.4.2, ki jo zaznamujeta dodatni mutaciji A222V in Y145H, je zaradi hitrega širjenja v Veliki Britaniji pod drobnogledom. **V dvainštiridesetem poročevalskem obdobju AY.4.2 z obema mutacijama nismo zaznali.** Podrazličico AY.4.2 z obema mutacijama smo doslej potrdili pri 2 osebah. Kljub podrobnemu spremljanju, do sedaj ni dokazov, a bi bila katerakoli podrazličica delta bolj kužna ali virulentna od ostalih.



Slika 2. Delež posameznih podrazličic delte potrjenih v presejalnem testiranju.



Slika 3. Razporeditev posameznih genetskih podrazličic dokazanih v dvainštiridesetem tednu, opredeljenih s sekveniranjem celotnega genoma.