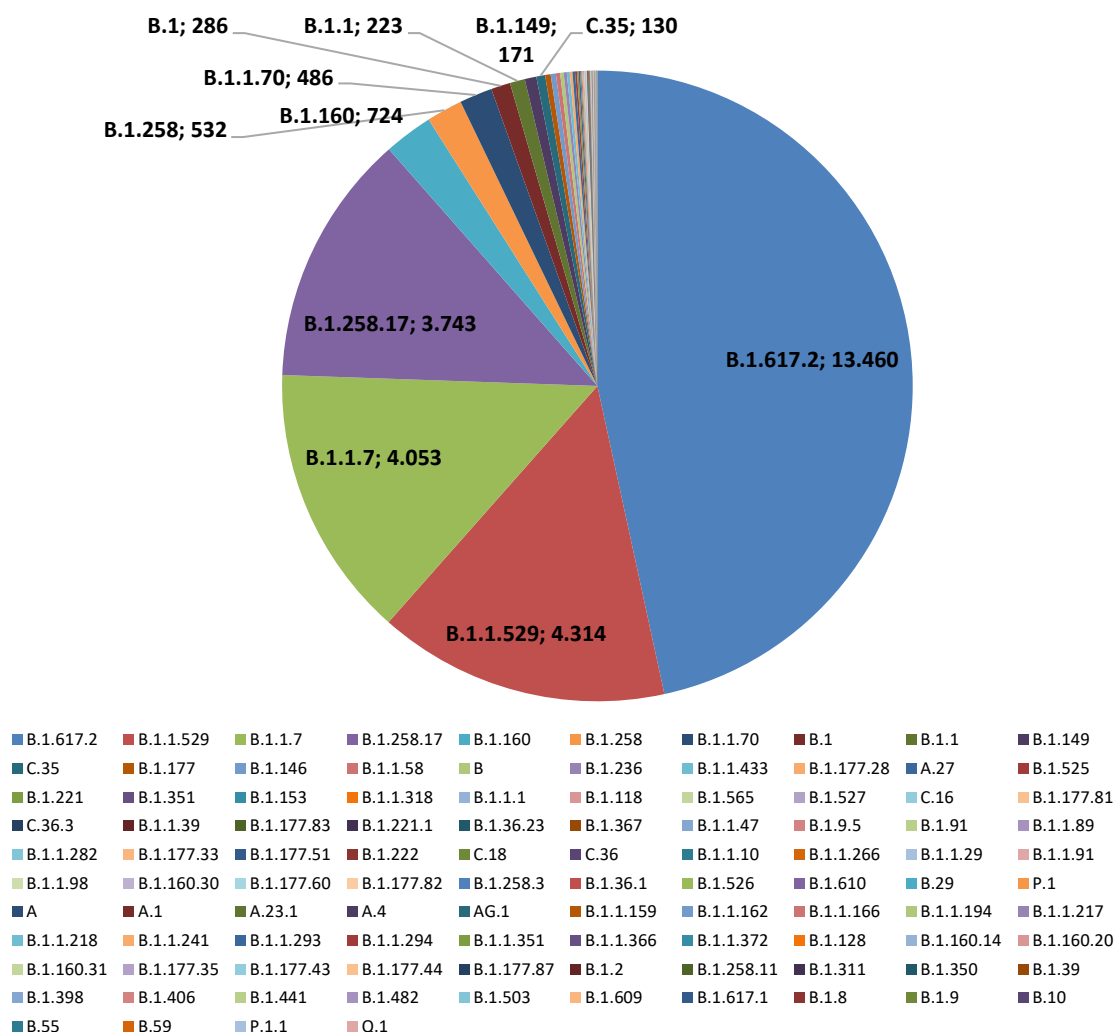




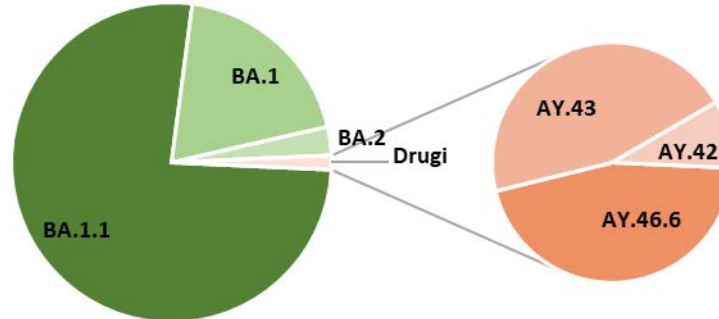
Datum: Ljubljana 10.02.2022

Sistematično genomsko opredeljevanje in spremljanje epidemije SARS-CoV-2 v Sloveniji na Inštitutu za mikrobiologijo in imunologijo Medicinske fakultete Univerze v Ljubljani
Rezultati testiranja 768 vzorcev odvzetih med 24. 01. 2022 in 30. 01. 2022

V **šestinpadeseto presejalno sekveniranje** virusnih različic SARS-CoV-2 z metodo določanja nukleotidnih zaporedij (sekveniranje) smo vključili **768 vzorcev (3 % vseh SARS-CoV-2 PCR-pozitivnih vzorcev na IMI), ki so bili odvzeti med 24. 01. 2022 in 30. 01. 2022**. Izmed teh je bilo 50 % vzorcev iz osrednjeslovenske regije, 12 % iz Goriške regije, 9 % iz Zasavske regije, 7 % iz Posavske regije, 6 % iz Jugovzhodne regije, 5 % iz Obalno-kraške regije, 3 % iz Gorenjske regije, 2 % iz Savinjske regije in po 1 % iz Podravske in Primorske regije. Devetnajst 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 podrazličic delte (AY.številk) in omikrona (BA.številk) dokazanih v šestinpetdesetem tednu, opredeljenih s sekveniranjem celotnega genoma.

Nadzor nad zaskrbljivočimi 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 šestinpetdesetem 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

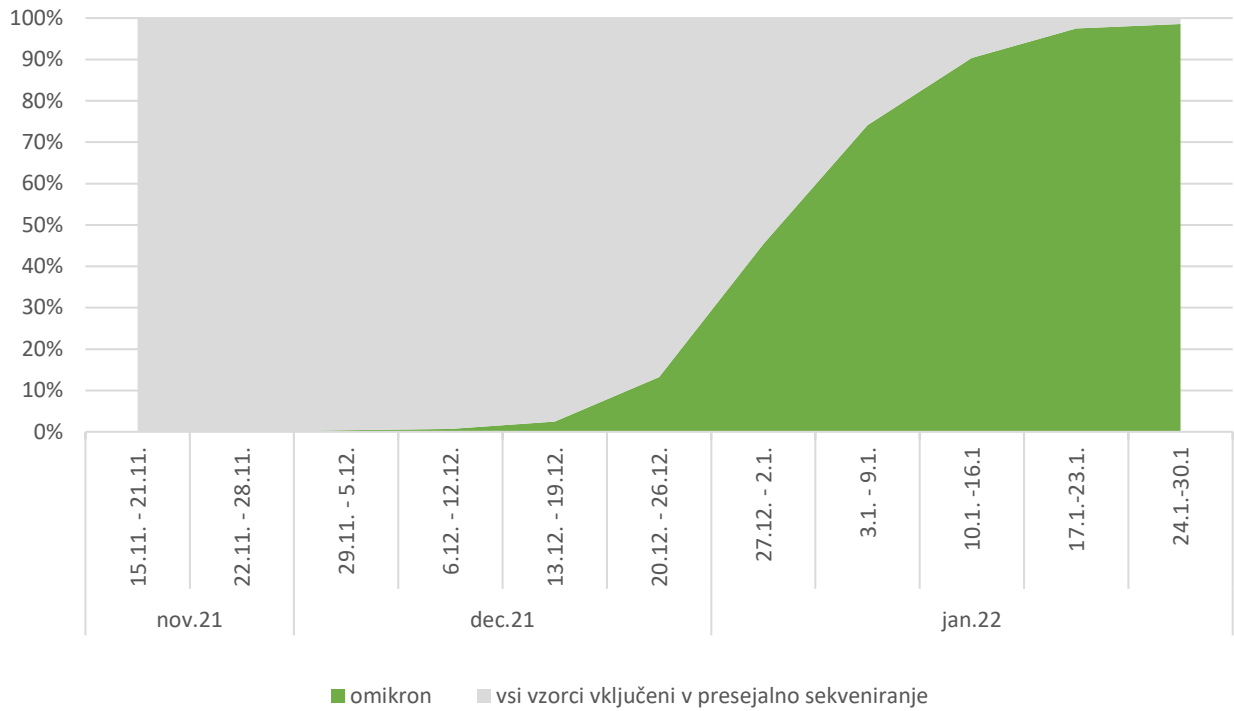
Različica gama (501Y.V3 – P.1) vsebuje naslednje značilne mutacije: L18F, T20N, P26S, D138Y R190S, K417T, E484K, N501Y, D614G, H655Y, T1027I, V1176F. **V šestinpetdesetem presejalnem obdobju različice gama nismo potrdili.** Različico gama smo doslej potrdili pri 3 osebah.

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 šestinpetdesetem presejalnem testiranju smo različico delta potrdili v 1,4 % vseh vzorcev vključenih v presejalno sekveniranje.** Skupno smo do sedaj različico delta potrdili pri 13.460 osebah.

Omikron - B.1.1.529

Različica omikron (484A – B.1.1.529) vsebuje 26 aminokislinskih zamenjav, 3 delecije in 1 insercijo na beljakovini bodice S v primerjavi s prvotno različico (A67V, del69_70, T95I, G142D, del143_145, N211I, del211, ins214EPE, G339D, S371L, S373P, S375F, S477N, T478K, E484A, Q493R, G496S, Q498R, N501Y, Y505H, T547K, D614G, H655Y, N679K, P681H, D796Y, N856K, Q954H, N969K in L981F). **V šestinpetdesetem presejalnem obdobju smo različico omikron potrdili v 755 vzorcih (v 585 vzorcih podrazličico BA.1.1, v 148 vzorcih BA.1 in v 22 vzorcih podrazličico BA.2).** Različico omikron smo potrdili v 98,6 % vseh vzorcev vključenih v presejalno sekveniranje.



Slika 3. Naraščanje deleža različice omikron v presejalnem sekveniranju.