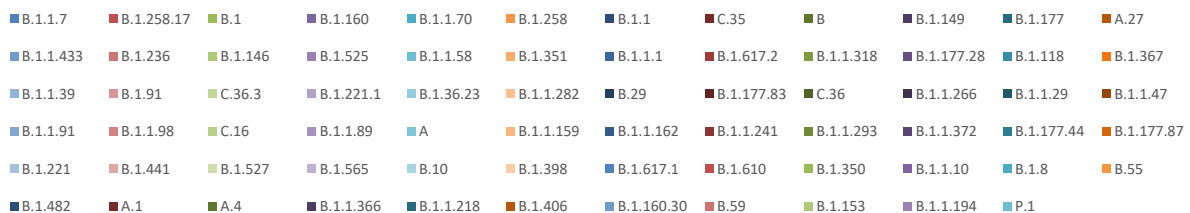
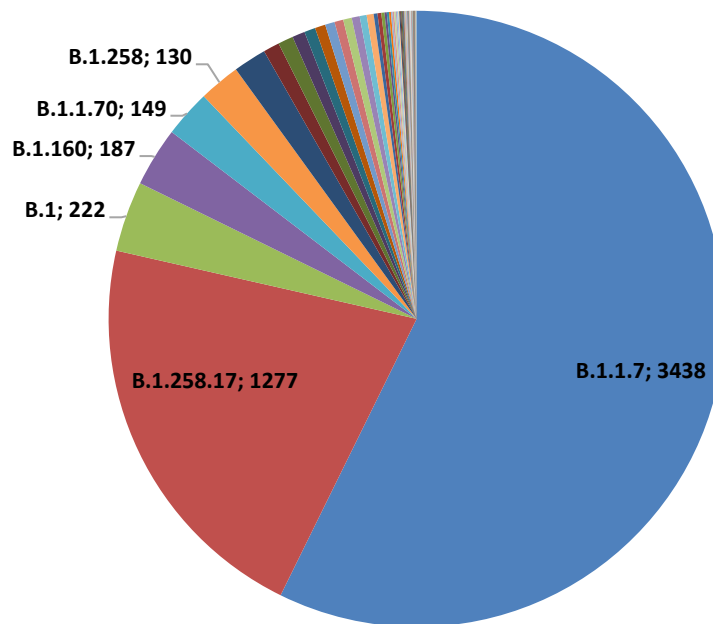




Datum: Ljubljana, 22.06.2021

Sistematično genomsko opredeljevanje in spremljanje epidemije SARS-CoV-2 v Sloveniji na Inštitutu za mikrobiologijo in imunologijo Medicinske fakultete Univerze v Ljubljani
Rezultati testiranja 277 vzorcev odvzetih med 06. 06. 2021 in 13. 06. 2021

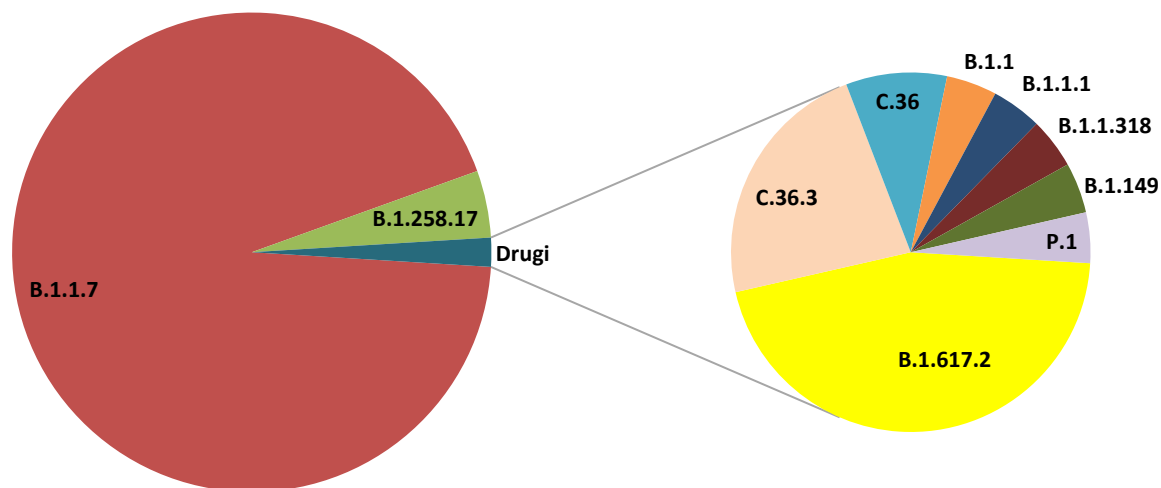
V **triindvajseto presejalno sekveniranje** virusnih različic SARS-CoV-2 drugega vala epidemije z metodo določanja nukleotidnih zaporedij (sekveniranje) **smo vključili skupno 277 vzorcev (54 % vseh SARS-CoV-2 PCR-pozitivnih vzorcev na IMI), ki so bili odvzeti med 06. 06. 2021 in 13. 06. 2021.** Izmed teh je bilo 68 % vzorcev iz osrednjeslovenske regije, 6 % iz Posavske regije, po 5 % iz Goriške in Jugovzhodne regije, po 3 % Primorsko-notranjske, Zasavske in Obalno-kraške regije in po 1 % iz Gorenjske, Koroške in Savinjske regije. 9 vzorcev je pripadalo 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.



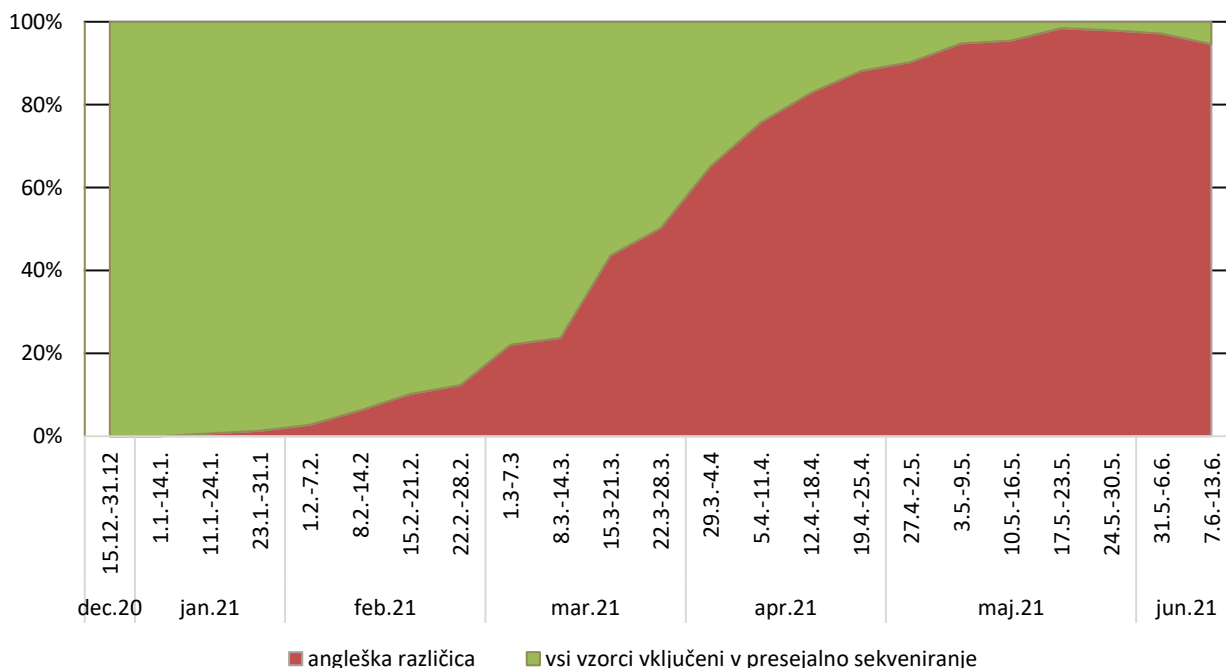
Na spodnji sliki je v prikazana razporeditev posameznih genetskih različic dokazanih v **maju in juniju 2021**, opredeljenih s sekveniranjem celotnega genoma.



Alfa - B.1.1.7 - Angleška različica

Angleška različica (501Y.V1 - B.1.1.7) vsebuje naslednje značilne mutacije: del69-70, del144, N501Y, A570D, D614G, P681H, T716I, S982A, D1118H. **V triindvajsetem presejalnem obdobju smo našli vse mutacije značilne za angleško različico v vseh skupinah vzorcev. Deleži posameznih mutacij se v zadnjem presejalnem obdobju gibljejo od 95 - 100 %.**

Delež angleške različice med vzorci, vključenimi v presejalno sekveniranje, je v triindvajsetem presejalnem obdobju znašal 95 % vseh vključenih vzorcev, kar je prikazano na sliki spodaj.



■ angleška različica ■ vsi vzorci vključeni v presejalno sekveniranje



Beta - B.1.351 - Južnoafriška različica

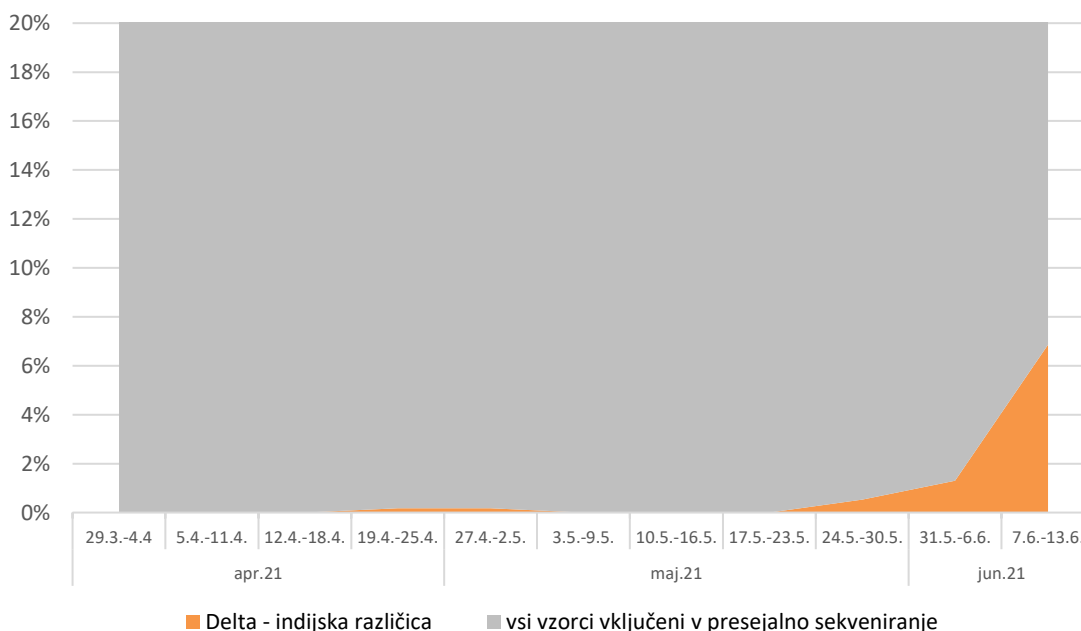
Južnoafriška različica (501Y.V2 - B.1.351) vsebuje naslednje značilne mutacije: L18F, D80A, D215G, K417N, E484K, N501Y, D614G in A701V. **V triindvajsetem presejalnem obdobju južnoafriške različice v presejalnem NGS testiranju nismo potrdili.** Skupno smo do sedaj dokazali južnoafriško različico pri 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

Brazilska različica (501Y.V3 – P.1) vsebuje naslednje značilne mutacije: L18F, T20N, P26S, D138Y R190S, K417T, E484K, N501Y, D614G, H655Y, T1027I, V1176F. **V triindvajsetem presejalnem obdobju brazilske različice v Sloveniji nismo potrdili.** Brazilsko različico smo doslej potrdili v vzorcu enega bolnika, ki se je 31. 05. 2021 vrnil iz tujine.

Delta - B.1.617.2 - Indijska različica

Indijska različica B.1.617.2 vsebuje naslednje značilne mutacije: T19R, L452R, T478K, D614G, D950N, P681R, del157/158. **V triindvajsetem presejalnem testiranju naključno izbranih vzorcev smo potrdili indijsko genetsko različico v Sloveniji v 9 skupinah vzorcev. Značilne mutacije se pojavljajo v nizkih deležih, torej so pozitivni 1-3 vzorci v vsaki skupini.** V naslednjem tednu bomo v vzorcih določili celoten genom virusa in s tem potrdili prisotnost indijske različice virusa. **Skupno smo do sedaj indijsko različico B.1.617.2 potrdili pri 12 bolnikih.**



Epsilon - B.1.429

Za genetsko različico B.1.429 so značilne mutacije: S13I, W152C, L452R, D614G. Različica je najbolj razširjena v Kaliforniji, zabeležili so jo tudi v Mehiki. **Genetske različice B.1.429 do sedaj nismo potrdili v Sloveniji.**



Eta - B.1.525

Genetska različica B.1.525 vsebuje naslednje značilne mutacije: Q52R, E484K, Q677H, F888L. Različica je najbolj razširjena v Nigeriji, na Danskem, v Združenem kraljestvu in Združenih državah Amerike. **V triindvajsetem presejalnem obdobju različice nismo potrdili v presejalnem testiranju v Sloveniji.** Do sedaj smo potrdili različico B.1.525 v skupno 23 vzorcih iz Osrednjeslovenske, Jugovzhodne, Savinjske in Zasavske regije.

Jota - B.1.526

Za genetsko različico B.1.526 so značilne mutacije: L5F, T95I, D253G, E484K, D614G, A701V. Različica je razširjena predvsem v New Yorku, Združene države Amerike. **Genetske različice B.1.526 do sedaj nismo potrdili v Sloveniji.**

Kapa - B.1.617.1 - Indijska različica

Indijska različica B.1.617.1 vsebuje naslednje značilne mutacije: L452R, E484Q, D614G, P681R, Q1071H. **V triindvajsetem presejalnem obdobju različice nismo potrdili v presejalnem testiranju v Sloveniji.** Do sedaj smo potrdili indijsko različico B.1.617.1 v vzorcu ene 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 triindvajsetem presejalnem obdobju genetske različice B.1.1.318 v Sloveniji nismo zasledili s presejalnim testiranjem.** Do sedaj smo potrdili različico B.1.1.318 v skupno 10 vzorcih iz Osrednjeslovenske, Posavske in Zasavske regije.

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, **zato v triindvajsetem presejalnem obdobju različice nismo potrdili v presejalnem testiranju v Sloveniji.** Do sedaj smo različico B.1.258.17 v presejalnem testiranju potrdili v skupno 1.277 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 triindvajsetem presejalnem obdobju različice nismo potrdili v presejalnem testiranju v Sloveniji.** 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 13. 06. 2021 smo v sodelovanju z NIJZ sekvenirali 236 genomov SARS-CoV-2 po okužbi pri osebah, ki so bile cepljene. Od tega je bilo 111 oseb več kot 2 tedna po cepljenju z 2 odmerkoma cepiva Comirnaty (BioNTech/Pfizer), 3 osebe so bile cepljene s cepivom Moderna COVID-19, 119 oseb je bilo več kot 3 tedne po cepljenju z 1 odmerkom Vaxzevria (AstraZeneca/Oxford) in 3 osebe so bile več kot 3 tedne po cepljenju s cepivom COVID-19 Janssen (Johnson & Johnson's/Janssen).

Pri cepljenih smo dokazali genetske različice, ki so pogoste v Sloveniji (B.1.258.17, B.1.1.7, A.27, B.1.1.70, B.1.1.318 in B.1.617.2) v približno enakem deležu, kot se pojavljajo v ostali populaciji.

