



Coronavirus

Uppföljning av hybridstrategin för covid-19-epidemin

Separat översikt, varierande tema

Uppföljning av muterade coronavirus

17.2.2021

Coronavirus

Coronavirusvarianter

Coronaviruset, SARS-CoV-2, är ett RNA-virus som hör till en omfattande familj av coronavirus. Coronavirus har konstaterats hos både djur och människor. Coronavirus, liksom andra RNA-virus, är benägna att mutera. När virus förökar sig uppstår förändringar, det vill säga mutationer, i deras arvs massa som kan ta sig uttryck i förändringar i virusets proteinstrukturer. Muterade virus, det vill säga virusvarianter, kan ha egenskaper som avviker från den virusstam som tidigare cirkulerat. Flera olika coronavirusvarianter cirkulerar globalt, men största delen av variationerna påverkar inte virusets spridning.

Förekomster av coronavirusvarianter

Det är möjligt att en del av coronavirusvarianterna kan påverka covid-19-epidemins förlopp och hantering. Särskilt oroväckande är de muterade coronavirusen, med mutationer i spikproteinet på virusets yta. I spikprotein, dvs. S-protein, finns ett område som binder till en ACE2-receptor på människans celler och med vars hjälp viruset tränger in i cellen. I december 2020 meddelade hälsovårdsmyndigheterna i Storbritannien och Sydafrika om muterade coronavirusstammar som smittar lättare än stammen som spridits tidigare och som har lett till att epidemin har accelererat. Dessutom upptäcktes en tredje virusvariant som sannolikt härstammar från Brasilien hos turister i Japan i samband med inrese-testningen. Alla dessa tre virusvarianter har flera mutationer i genen som kodar spikprotein. De är ändå inte nära besläktade med varandra utan har utvecklats självständigt på olika håll i världen.

VOC 202012/01, 20B/501Y.V1 eller B.1.1.7

Den virusvariant som rapporterats från Storbritannien kallas SARS-CoV-2 VOC (Variant of Concern) 202012/01, 20B/501Y.V1 eller B.1.1.7. Man har uppskattat att den här virusvarianten smittar lättare än den virusstam som cirkulerat tidigare och att den sannolikt orsakade en acceleration i epidemin i sydöstra och östra England samt i London i slutet av 2020. Enligt olika bedömningar kunde denna variant smitta 36–75 procent lättare än viruset som tidigare cirkulerat bland befolkningen (1). Enligt preliminära brittiska undersökningar medför varianten en något förhöjd risk för allvarlig sjukdomsbild (1/100 vs. 1,4/100) (2). Det finns inte uppgifter från Finland om förändringar i den sjukdomsalstrande. Denna virusstam VOC 202012/01 har sannolikt utvecklats hösten 2020. Virusstammen bedöms täcka merparten av de nya konstaterade fallen av coronavirus i Storbritannien och den har även observerats i många andra länder runt om i världen. Varianten har konstaterats i Finland sedan december 2020. På basis av modelleringar blir den brittiska varianten den dominerande virustypen även i Finland under våren 2021. Gällande restriktioner påverkar utvecklingen (3).

20C/501Y.V2 eller B.1.351

Den virustyp som först observerades i Sydafrika, med det vetenskapliga namnet 20C/501Y.V2 eller B.1.351, utvecklades sannolikt också hösten 2020. Det finns tecken på att även denna virusvariant smittar lättare än den tidigare cirkulerande virusstammen. För närvarande finns det dock inte bevis på att den sjukdomsbild som orsakas av den muterade virusstammen skiljer sig från den sjukdom som orsakas av den virusstam som cirkulerat tidigare. Denna virusstam har observerats i flera länder, även i Finland.

P.1.

Den muterade coronavirusstammen P.1 observerades i Japan hos resenärer i samband med inresetestningen. Troligen härstammar denna virusvariant från Brasilien. Det finns tecken på att vissa av mutationerna i varianten P.1 kan påverka virusets smittsamhet. Det finns tills vidare en observation av varianten P.1 i Finland med anknytning till resor.

Utöver de nämnda virusvariationerna har det hos flera andra virusstammar observerats samma mutationer i arvsmassan som hos de varianter som övervakas. Det finns tills vidare inga uppgifter om deras signifikans.

Uppföljning av muterade coronavirus i Finland

Virusvarianter identifieras genom sekvensering av hela eller en del av virusets arvs massa. I Finland undersöks ett urval av de prover som konstateras innehålla coronaviruset.

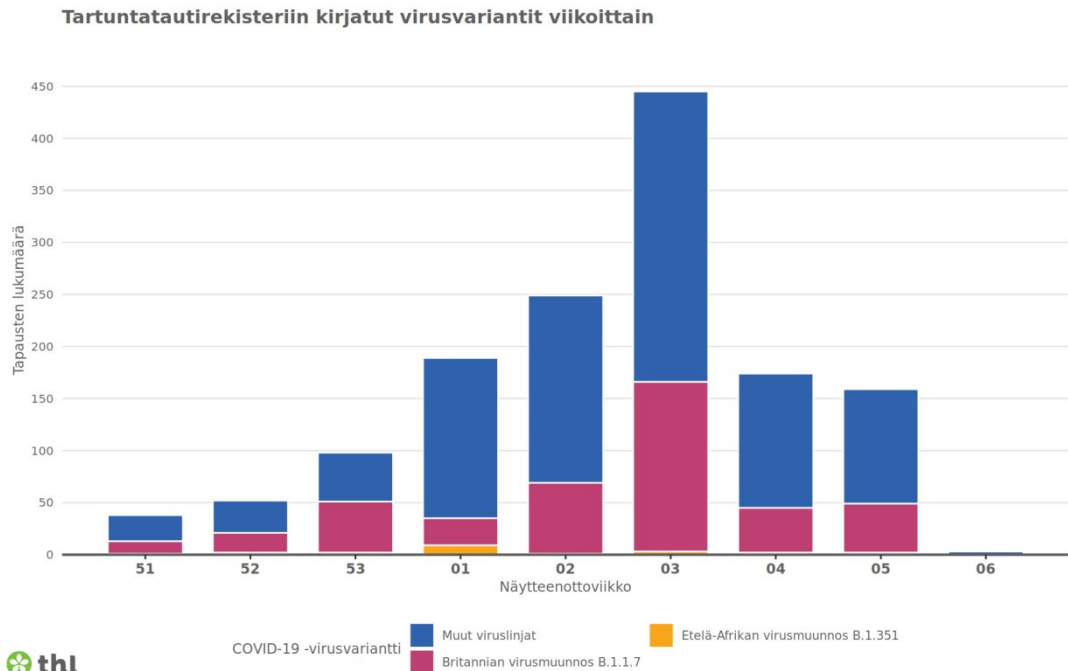
För den epidemiologiska uppföljningen görs varje vecka ett urval för sekvensering bland alla fynd av coronavirus i Finland. Syftet är att bedöma situationen på olika håll i landet. På så sätt kan vi följa spridningen av de olika coronavirusstammarna och planera effektiva bekämpningsåtgärder. Varje vecka skickas sammanlagt cirka 800 positiva prov till sekvensering från universitets- och centralsjukhusens laboratorier. Befolkningsunderlaget i regionerna har beaktats i antalet. Proverna ska vara oberoende av varandra och de kan komma från personer i öppenvård eller sjukhusvård som konstaterats vara coronapositiva.

Coronaviruspositiva prover från personer som anlänt från utlandet eller deras kontakter sekvenseras också. Genom att sekvensera coronavirusstammarna från resenärer samlar man in information om hur eventuella coronavirusvarianter kommer till Finland och får information om hur det lönar sig att rikta in rekommendationer och restriktioner.

Prover från avvikande sjukdomskluster eller situationer där exceptionellt många infektioner har observerats sekvenseras också. Genom att sekvensera dessa prov får man information om huruvida sjukdomsklustret orsakas av en coronavirusvariant.

Resultat från variantuppföljningen

I grafen under syns sekvenseringsfynden som anmälts till registret över smittsamma sjukdomar kategoriserade i olika genetiska linjer enligt provtagningsdag på veckonivå. I tabellen anges fynden per vecka och deras andelar separat för Helsingfors och Nylands sjukvårdsdistrikt (HUS) och övriga Finland.



Graf. Virusvariantfynd enligt provtagningsdag på veckonivå. *Staplarna visar antalet fynd per vecka. I rött visas den brittiska varianten B.1.1.7, i gult den sydafrikanska virusvarianten B.1.351 och i blått övriga viruslinjer.*

Den brittiska varianten B.1.1.7 täcker 95 procent av varianterna och över 70 procent av dem har konstaterats i HUS-området. Varianternas andel av alla konstaterade positiva fall har sedan vecka 51 ökat i HUS-området från 0,8 procent till 11 procent. På andra håll i landet har ökningen inte varit lika kraftig, men ökning har skett i hela landet. Variantfyndens andel av alla sekvenserade fynd varierar på veckonivå, eftersom sekvenseringen under de första veckorna av uppföljningen särskilt inriktades på resor och smittkedjor där varianter misstänktes orsaka smittan. Andelen slumpmässigt utvalda sekvenserade fynd från befolkningen av alla sekvenserade prover ökar, vilket ger en tydligare bild av varianternas förekomst på befolkningsnivå under de kommande veckorna. För veckorna 4–6 kan man ännu inte dra några slutsatser pga. att sekvenseringsprocessen tar lång tid. Resultaten kompletteras retroaktivt.

Mer information om förekomsten av virusvarianter i världen finns i WHO:s översikt (4).

Tabell. Antalet sekvenserade virusstammar och variantfynd som konstaterats i dessa samt deras andelar i Helsingfors och Nylands sjukvårdsdistrikt (HUS) och på andra håll i Finland varje vecka.

områdesavgränsning	provtag- ningsvecka	labora- torie- beträ- f-tade fall i regist- ret för smitt- samma sjuk- domar	Sekvenserade totalt		Brittiska virusvarianten B.1.1.7			Sydafrikanska virusvarianten B.1.351			Övriga viruslinjer			Sekvenseringsresultat uppnåddes inte		
			antal	andel av alla fall (%)	antal	andel av sekven- serade (%)	andel av alla fall (%)	antal	andel av sekvense- rade (%)	andel av alla fall (%)	antal	andel sekven- serade (%)	andel av alla fall (%)	antal	andel av sekven- serade (%)	andel av alla fall (%)
HUS	2020-W51	1199	11	0,9	10	90,9	0,8	0	0	0	1	9,1	0,1	0	0	0
HUS	2020-W52	916	14	1,5	10	71,4	1,1	0	0	0	4	28,6	0,4	0	0	0
HUS	2020-W53	889	55	6,2	43	78,2	4,8	2	3,6	0,2	9	16,4	1	1	1,8	0,1
HUS	2021-W01	952	73	7,7	19	26	2	6	8,2	0,6	47	64,4	4,9	1	1,4	0,1
HUS	2021-W02	864	99	11,5	40	40,4	4,6	1	1	0,1	54	54,5	6,2	4	4	0,5
HUS	2021-W03	1292	263	20,4	144	54,8	11,1	0	0	0	111	42,2	8,6	8	3	0,6
HUS	2021-W04	1301	64	4,9	22	34,4	1,7	0	0	0	38	59,4	2,9	4	6,2	0,3
HUS	2021-W05	1537	61	4	17	27,9	1,1	2	3,3	0,1	36	59	2,3	6	9,8	0,4
HUS	2021-W06	1550	2	0,1	0	0	0	0	0	0	2	100	0,1	0	0	0
HUS	totalt: 2020- W51..2021- W06	10500	642	6,1	305	47,5	2,9	11	1,7	0,1	302	47	2,9	24	3,7	0,2
Övriga landet exkl. HUS	2020-W51	1095	27	2,5	2	7,4	0,2	1	3,7	0,1	22	81,5	2	2	7,4	0,2
Övriga landet exkl. HUS	2020-W52	704	38	5,4	9	23,7	1,3	2	5,3	0,3	24	63,2	3,4	3	7,9	0,4
Övriga landet exkl. HUS	2020-W53	837	43	5,1	6	14	0,7	0	0	0	34	79,1	4,1	3	7	0,4
Övriga landet exkl. HUS	2021-W01	857	116	13,5	7	6	0,8	3	2,6	0,4	103	88,8	12	3	2,6	0,4
Övriga landet exkl. HUS	2021-W02	890	150	16,9	28	18,7	3,1	0	0	0	109	72,7	12,2	13	8,7	1,5
Övriga landet exkl. HUS	2021-W03	1063	182	17,1	19	10,4	1,8	3	1,6	0,3	149	81,9	14	11	6	1
Övriga landet exkl. HUS	2021-W04	1320	110	8,3	21	19,1	1,6	2	1,8	0,2	80	72,7	6,1	7	6,4	0,5
Övriga landet exkl. HUS	2021-W05	1023	98	9,6	30	30,6	2,9	0	0	0	64	65,3	6,3	4	4,1	0,4
Övriga landet exkl. HUS	2021-W06	861	1	0,1	0	0	0	0	0	0	1	100	0,1	0	0	0
Övriga landet exkl. HUS	totalt: 2020- W51..2021- W06	8650	765	8,8	122	15,9	1,4	11	1,4	0,1	586	76,6	6,8	46	6	0,5

Utvalda källhänvisningar:

1. Risk Assessment: Risk related to the spread of new SARS-CoV-2 variants of concern in the EU/EEA – first update (21.1.2021)
<https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/covid-19-risk-assessment-spread-new-variants-concern-eueea-first-update>
2. NERVTAG: Update note on B.1.1.7 severity 11 February, 2021
<https://www.gov.uk/government/publications/nervtag-update-note-on-b117-severity-11-february-2021>
3. Vaihtoehtoisia kehityskulkuja virusmuunnoksen leviämisestä ja koronarokotusten vaikutuksista, webinarium (THL, 9.2.2021)
<https://thl.fi/fi/ajankohtaista/tapahtumat/tapahtumakalenteri/-/event/7084057>
4. WHO Weekly epidemiological update – 9 February 2021
<https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update---9-february-2021>

Coronavirusvarianter på THL:s webbplats:

<https://thl.fi/sv/web/infektionssjukdomar-och-vaccinationer/aktuellt/aktuellt-om-coronaviruset-covid-19/smitta-och-skydd-coronaviruset/coronavirusvarianter>

Mer information:

Carita Savolainen-Kopra, ledande expert fornamn.efternamn@thl.fi

Taneli Puumalainen, överläkare, fornamn.efternamn@thl.fi