



# Koronavirus

**COVID-19-epidemian hybridstrategian seuranta**

**Erilliskatsaus, vaihtuva teema**

**Muuntuneiden koronavirusten seuranta**

**17.2.2021**

# Koronavirus

## Koronavirusmuunnokset

Koronavirus, SARS-CoV-2, on RNA-virus, joka kuuluu laajaan koronavirusten perheeseen. Koronaviruksia on todettu sekä eläimillä että ihmisillä. Koronavirukset, kuten myös muut RNA-virukset, ovat alttiita muuntumaan. Virusten lisääntyessä niiden perimään ilmaantuu muutoksia eli mutaatioita, jotka voivat ilmentyä viruksen proteiinirakenteiden muutoksina. Muuntuneet virukset, eli virusvariantit, saattavat poiketa ominaisuuksiltaan aiemmin levinneestä viruskannasta. Useita eri koronavirusvariantteja kiertää maailmanlaajuisesti, mutta suurin osa muutoksista ei vaikuta viruksen leviämiseen.

## Muuntuneita koronaviruslinjoja

Osa muuntuneista koronaviruksista voi vaikuttaa covid-19-epidemian kulkuun ja hallintaan. Erityistä huolta ovat herättäneet muuntuneet koronavirukset, joilla on muutoksia viruksen pinnalla sijaitsevassa piikkiproteiinissa. Piikkiproteiinissa, eli S-proteiinissa, on ihmisen solujen ACE2-reseptoriin sitoutuva alue, jonka avulla virus tunkeutuu ihmisen soluun. Joulukuussa 2020 Ison-Britannian ja Etelä-Afrikan terveystieteelliset ilmoittivat muuntuneista koronaviruskannoista, jotka tarttuvat aiempaa levinnyttä kantaa helpommin ja jotka ovat aiheuttaneet epidemian kiihtymisen. Lisäksi todennäköisesti Brasiliasta peräisin oleva kolmas virusmuunnos havaittiin Japanissa matkailijoilla maahantulotestauksen yhteydessä. Kaikilla näillä kolmella virusmuunnoksella on useita muutoksia piikkiproteiinia koodaavassa geenissä. Ne eivät kuitenkaan ole läheistä sukua toisilleen vaan ovat kehittyneet itsenäisesti eri puolilla maailmaa.

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

Britanniasta raportoitu virusmuunnos tunnetaan tieteellisellä nimellä SARS-CoV-2 VOC (Variant of Concern) 202012/01, 20B/501Y.V1 tai B.1.1.7. On arvioitu, että tämä muuntunut virus tarttuu helpommin kuin aiemmin kiertänyt viruskanta ja aiheutti todennäköisesti epidemian kiihtymisen Kaakkois- ja Itä-Englannissa sekä Lontoossa loppuvuonna 2020. Eri arvioiden mukaan tämä variantti voisi tarttua 36-75 % helpommin kuin aiemmin väestössä kiertänyt virus (1). Alustavien brittitutkimusten mukaan muunnoksen aiheuttama riski vakavalle taudinkuvalle on hieman kohonnut (1/100 vs. 1,4/100) (2). Taudinaiheuttamiskyvyn muutoksesta Suomessa ei ole tietoa. Tämä viruskanta VOC 202012/01 on todennäköisesti kehittynyt syksyllä 2020. Viruskannan arvioidaan kattavan valtaosan Britannian uusista todetuista koronavirustapauksista ja sitä on havaittu monessa maassa ympäri maailmaa. Varianttia on todettu Suomessa joulukuusta 2020 alkaen. Mallinnuksien perusteella, rajoituksista riippuen, brittivarientista tulee vallitseva virustyyppi myös Suomessa kevään 2021 aikana (3).

## **20C/501Y.V2 tai B.1.351**

Etelä-Afrikassa ensin havaittu virustyyppi, tieteelliseltä nimeltään 20C/501Y.V2 tai B.1.351 kehittyi todennäköisesti sekin syksyllä 2020. On viitteitä siitä, että myös tämä virusvariantti tarttuu aiempaa helpommin. Tällä hetkellä ei kuitenkaan ole näyttöä siitä, että muuntu- neen viruskannan aiheuttama taudinkuva eroaisi aiemmin kiertävän viruskannan aiheut- tamasta taudista. Tätä viruskantaa on havaittu useassa maassa, myös Suomessa.

### **P.1.**

Muuntunut viruskanta P.1. havaittiin Japanissa matkailijoilta maahantulotestauksen yhteydessä. Todennäköisesti tämä muuntunut virus on peräisin Brasiliasta. On viitteitä siitä, että jotkut P.1.-variantin mutaatioista saattavat vaikuttaa viruksen tarttuvuuteen. P.1.- variantista on toistaiseksi Suomessa yksi matkailuun liittyvä havainto.

Mainittujen virusmuunnosten lisäksi on havaittu useita muita viruskantoja, joiden peri- mässä on havaittu samoja muutoksia kuin seurannan alaisilla varianteilla. Näiden merkit- sevyydestä ei toistaiseksi ole tietoa.

## **Muuntuneiden koronavirusten seuranta Suomessa**

Muuntuneita viruksia tunnistetaan sekvensoimalla koko viruksen perimä tai osa siitä. Suomessa koronavirusta sisältävistä näytteistä tutkitaan otos.

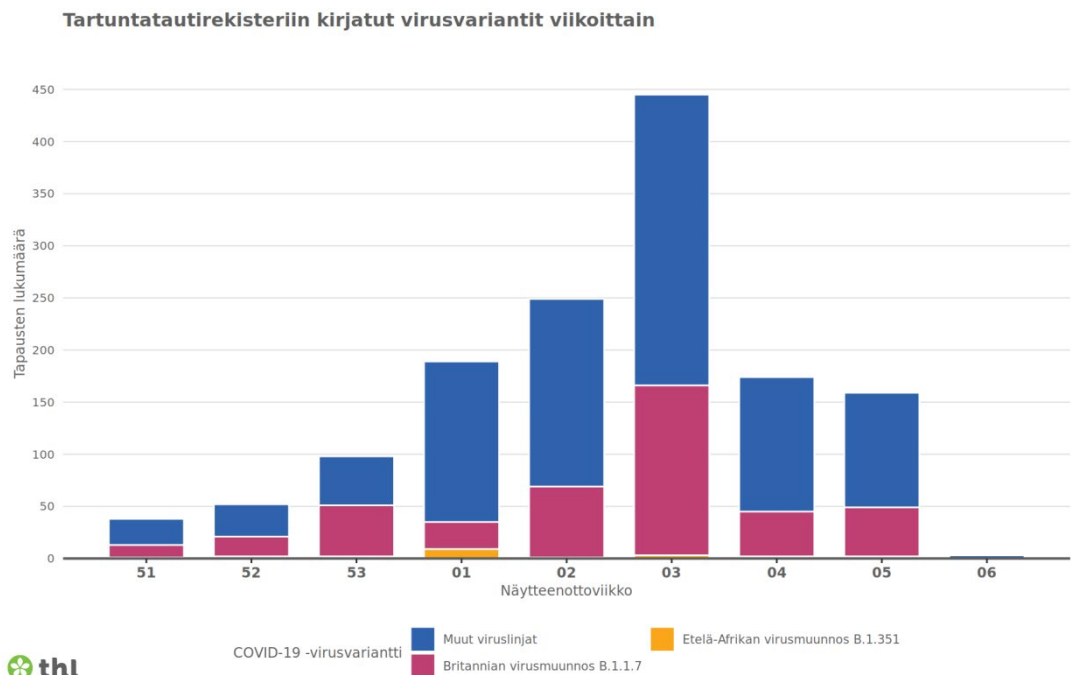
Epidemiologista seurantaa varten kaikista Suomen koronaviruslöydöksistä valitaan sek- vensointiin viikoittain otos, jolla voidaan arvioida tilannetta eri puolilla maata. Näin voim- me seurata eri koronaviruskantojen leviämistä ja suunnitella tehokkaita torjuntatoimenpi- teitä. Viikoittain yhteensä n. 800 positiivista näytettä ohjataan sekvensointiin yliopisto- ja keskussairaaloiden laboratorioista. Väestöpohja on huomioitu kunkin alueen viikoittaises- sa määrässä. Näytteiden pitää olla toisistaan riippumattomia, ja ne voivat olla peräisin avohoidossa tai sairaalahoidossa olevilta koronapositiivisiksi todetuilta henkilöiltä.

Koronapositiivisia näytteitä, jotka on otettu ulkomailta saapuneilta henkilöiltä tai heidän kontakteiltaan, sekvensoidaan myös. Sekvensoimalla matkailijoiden koronaviruskantoja kerätään tietoa mahdollisten koronavirusvarianttien saapumisesta Suomeen ja saadaan tietoa siitä, miten suosituksia ja rajoituksia kannattaa kohdentaa.

Lisäksi sekvensointiin ohjataan näytteitä, jotka on kerätty poikkeavista tautiryistä tai tilanteista, joissa on havaittu poikkeuksellisen paljon jatkotartuntoja. Sekvensoimalla näitä näytteitä saadaan tietoa siitä onko tautiryypään aiheuttaja jotakin muuntunutta koronaviruskantaa.

## Varianttiseurannan tuloksia

Tartuntatautirekisteriin ilmoitetut sekvensointilöydökset luokiteltuina eri geneettisiin linjoihin on esitetty näytteenottopäivän mukaan viikkotasolla kuvassa. Taulukossa on viikkokohtaiset löydökset ja niiden osuudet erikseen Helsingin ja Uudenmaan sairaanhoitopiirin alueen ja muun Suomen osalta.



**Kuvaaja.** Virusvarianttilöydökset näytteenottopäivän mukaan viikkotasolla.

Varianttilöydöksistä brittivarientti B.1.1.7 kattaa 95 % ja näistä yli 70 % on todettu HUS-alueella. Varianttien osuudet kaikista todetuista positiivisista tapauksista ovat kasvaneet viikosta 51 lähtien HUS-alueella 0,8 %:sta 11 %:iin. Muualla maassa kasvu ei ole ollut yhtä voimakasta, mutta nousua on koko maassa. Varianttilöydösten osuudet kaikista sekvensoiduista vaihtelevat viikkotasolla, koska sekvensointi on seurannan alkuvaiheissa kohdistunut erityisesti matkailuun ja tartuntaketjuihin, joissa variantteja on epäilty tartunnanaiheuttajiksi. Väestötösnäytteiden osuus kaikista sekvensoiduista on kasvamassa, mikä antaa tulevana viikkoina selkeämpää kuvaa varianttien esiintyvyydestä väestötasolla. Viikkojen 4-6 osalta johtopäätöksiä ei voi vielä tehdä analysointiviiveen vuoksi.

Lisätietoa varianttivirusien esiintyvyydestä maailmalla löytyy WHO:n katsauksesta (4).

**Taulukko.** Sekvensoitujen viruskantojen määrät ja niistä todetut varianttilyödykset sekä niiden osuudet Helsingin ja Uudenmaan sairaanhoitopiiriin (HUS) alueella ja muualla Suomessa viikkokohtaisesti.

aluerajaus	näytteenot-toviikko	lab. varmis-tetut tapauk-set TTR:ssä	Sekvensoitu yhteensä		Britannian virusmuunnos B.1.1.7			Etelä-Afrikan virusmuunnos B.1.351			Muut viruslinjat			Sekvensointituloksia ei saatu		
			luku-määrä	osuus kaikista tapauksista (%)	luku-määrä	osuus sekven-soiduista (%)	osuus kaikista tapauksista (%)	luku-määrä	osuus sekvensoi-duista (%)	osuus kaikista tapauksista (%)	luku-määrä	osuus sekven-soiduista (%)	osuus kaikista tapauk-sista (%)	luku-määrä	osuus sekven-soiduista (%)	osuus kaikista tapauksista (%)
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
<b>HUS</b>	<b>yhteensä: 2020- W51..2021- W06</b>	<b>10500</b>	<b>642</b>	<b>6,1</b>	<b>305</b>	<b>47,5</b>	<b>2,9</b>	<b>11</b>	<b>1,7</b>	<b>0,1</b>	<b>302</b>	<b>47</b>	<b>2,9</b>	<b>24</b>	<b>3,7</b>	<b>0,2</b>
Muu maa pl. 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
Muu maa pl. 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
Muu maa pl. HUS	2020-W53	837	43	5,1	6	14	0,7	0	0	0	34	79,1	4,1	3	7	0,4
Muu maa pl. 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
Muu maa pl. 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
Muu maa pl. HUS	2021-W03	1063	182	17,1	19	10,4	1,8	3	1,6	0,3	149	81,9	14	11	6	1
Muu maa pl. 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
Muu maa pl. 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
Muu maa pl. HUS	2021-W06	861	1	0,1	0	0	0	0	0	0	1	100	0,1	0	0	0
<b>Muu maa pl. HUS</b>	<b>yhteensä: 2020- W51..2021- W06</b>	<b>8650</b>	<b>765</b>	<b>8,8</b>	<b>122</b>	<b>15,9</b>	<b>1,4</b>	<b>11</b>	<b>1,4</b>	<b>0,1</b>	<b>586</b>	<b>76,6</b>	<b>6,8</b>	<b>46</b>	<b>6</b>	<b>0,5</b>

**Valittuja lähdeviitteitä:**

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 –webinaari (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>

**Muuntuneet koronavirukset THL:n verkkosivulla:**

<https://thl.fi/fi/web/infektiotaudit-ja-rokotukset/ajankohtaista/ajankohtaista-koronaviruksesta-covid-19/tarttuminen-ja-suojautuminen-koronavirus/muuntuneet-koronavirukset>

**Lisätietoja:**

Carita Savolainen-Kopra, Johtava asiantuntija [etunimi.sukunimi@thl.fi](mailto:etunimi.sukunimi@thl.fi)

Taneli Puumalainen, Ylilääkäri, [etunimi.sukunimi@thl.fi](mailto:etunimi.sukunimi@thl.fi)