



# Koronavirus

**COVID-19-epidemian hybridstrategian seuranta**

**Erilliskatsaus, vaihtuva teema**

**Muuntuneiden koronavirusten  
seuranta II**

**31.3.2021**

# 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 leviämisominaisuuksiin.

## 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. Neutraloivat vasta-aineet tunnistavat usein piikkiproteiinissa sijaitsevia alueita. Muunnokset näillä alueilla voivat pahimmillaan johtaa luonnollisen infektion kautta saadun immunitetin tai rokoteimmunitetin väistämiseen.

Joulukuussa 2020 Ison-Britannian ja Etelä-Afrikan terveystieteiläiset ilmoittivat muuntuneista koronaviruskannoista, jotka tarttuvat aiempaa levinnyttä kantaa helpommin ja jotka ovat aiheuttaneet epidemian kiihtymisen. Todennäköisesti Brasiliasta peräisin oleva kolmas virusmuunnos havaittiin Japanissa matkailijoilla maahantulotestauksen yhteydessä. Kaikilla näillä kolmella virusmuunnoksella on useita muutoksia piikki-proteiinia koodaavassa geenissä. Ne eivät kuitenkaan ole läheistä sukua toisilleen vaan ovat kehittyneet itsenäisesti eri puolilla maailmaa.

## Mutaatioiden ja varianttien määrittäminen

Viruksen mutaatiot tunnistetaan vertaamalla viruksen kokogenomisekvenssiä pandemian alkuvaiheessa kiertäneiden virusten perimään. Sekvensoituja kokogenomisekvenssejä kerätään myös kansainväliseen tietokantaan jossa ne ovat tutkijayhteisön analysoitavissa. Tietokantaan tallennetuista sekvensseistä generoidaan säännöllisesti globaali koronavirusten sukupuu (ns. fylogeneettinen puu) jonka avulla voidaan arvioida viruskantojen evoluutiota. Puun haaroja, jotka täyttävät tietyt minimivaatimukset mutaatioiden määrän ja virussekvenssien määrän suhteen, kutsutaan linjoiksi ja ne nimetään vakiintuneen tavan mukaisesti.

Maailman terveysjärjestön WHO:n linjauksen mukaan, kun linjoissa esiintyy huomattava määrä merkittävinä pidettäviä mutaatioita, jos linja näyttää muuntuneen epidemiologisten tai kliinisten ominaisuuksien puolesta tai jos sen havaitseminen vaikeutuu yleisesti käytössä olevien laboratoriotutkimusten avulla, nimetään se VOC (Variant of Concern) -kannaksi ja asetetaan erityisen seurannan alaiseksi. Uudet virusmuunnokset joiden mutaatiot tai muut ominaisuudet herättävät huolta mutta joista ei vielä ole tutkimustietoa kutsutaan VOI (Variant of Interest) -kannaksi. Alueellisen harkinnan mukaan voidaan seurantaan nostaa myös muita kantoja. Euroopan tartuntatautiviraston (ECDC) riskinarviointiraporttiin on koottu tähänastista tutkimustietoa VOC-kannoista (1).

#### **B.1.1.7 (tunnetaan myös nimillä VOC 202012/01 ja 20B/501Y.V1)**

Britanniasta raportoitu virusmuunnos tunnetaan tieteellisillä nimillä B.1.1.7, VOC 202012/01 ja 20B/501Y.V1. On arvioitu, että tämä muuntunut virus tarttuu helpommin kuin aiemmin kiertäneet viruskannat ja aiheutti todennäköisesti epidemian kiihtymisen Kaakkois- ja Itä-Englannissa sekä Lontoossa loppuvuonna 2020. Eri arvioiden mukaan tämä variantti voisi tarttua n. 50 % helpommin kuin aiemmin väestössä kiertäneet virukset (1). Useiden brittitutkimusten tulosten perusteella on todennäköistä että B.1.1.7 muunnos aiheuttaa kohonneen riskin sairastua sairaalahoitoa vaativaan ja kuolemaan johtavaan tautiin verrattuna ei-VOC kantoihin (2). Virusmuunnos on todennäköisesti kehittynyt syksyllä 2020 ja sen arvioidaan kattavan nyt valtaosan Britannian uusista todetuista koronavirustapauksista. B.1.1.7 linjan viruksia on havaittu monessa maassa ympäri maailmaa ja Suomessa joulukuusta 2020 alkaen. Kuten jo paikoittain voidaan todeta, ja kuten mallinnukset ovat ennustaneet, brittivarientista tulee vallitseva virus-tyyppi myös Suomessa kevään 2021 aikana (3). Virusmuunnoksen taudinaiheuttamiskyvyn muutoksesta Suomessa ei ole vielä tietoa.

#### **B.1.351 (tunnetaan myös nimellä 20C/501Y.V2)**

Etelä-Afrikassa ensin havaittu virustyyppi, tieteelliseltä nimeltään B.1.351 tai 20C/501Y.V2 kehittyi todennäköisesti sekin syksyllä 2020. On viitteitä siitä, että myös tämä virusmuunnos tarttuu aiempaa helpommin (4). Tällä hetkellä ei kuitenkaan ole selkeää näyttöä siitä, että muuntuneen viruskannan aiheuttama taudinkuva eroaisi aiemmin kiertävien viruskantojen aiheuttamasta taudista. B.1.351-linjan viruksia on havaittu laajalti maailmassa, ja sen on myös todettu leviävän usean Euroopan maan väestössä, mukaan lukien Suomen.

#### **P.1.**

Muuntunut viruskanta P.1. havaittiin Japanissa matkailijoilta maahantulotestauksen yhteydessä. Todennäköisesti tämä muuntunut virus on peräisin Brasiliasta. Eräiden P.1-variantin mutaatioiden arvellaan vaikuttavan viruksen tarttuvuuteen. Tutkimustietoa tartuttavuudesta ja taudin vakavuudesta on vielä vähän. P.1-variantista on toistaiseksi Suomessa yksi matkailuun liittyvä havainto.

WHO:n asiantuntijapaneelin päivitetty listaus VOC- ja VOI-kannoista julkaistaan viikoittain osana WHO:n epidemiakatsausta (4). Taulukossa 1 on esitetty tämänhetkiset VOC- ja VOI-kannat.

### Muut seurattavat kannat

VOC-kantojen lisäksi WHO määrittää brasilialaisen P.2-kannan, kalifornialaiset B.1.427 ja B.1.429-kannat sekä B.1.525-kannan VOI-kannoiksi jotka ovat tehostetun seurannan kohteena tutkimustiedon karttuessa. Mainittujen virusmuunnosten lisäksi on havaittu useita muita viruskantoja, joiden perimässä on samoja muutoksia kuin seurannan alaisilla varianteilla (mm. P3, B.1.1.318, B.1.526). Erityisesti piikkiproteiinin deleetit sekä mutaatiot L452R, Y453F, E484K ja N501Y on havaittu vaikuttavan viruksen infektiivisyyteen ja/tai leviämiseen. Näiden muutosten merkittävyydestä yksittäisissä kannoissa on kuitenkin epäselvää ja vaati aina erillisen arvion tutkimustiedon karttuessa.

**Taulukko 1.** VOC- ja VOI-linjat, niiden merkittävimmät piikkiproteiinimutaatiot ja havaintojen määrät Suomessa.

Merkitys	Linja	Merkittäviä mutaatioita piikki-proteiinissa	Mahdollinen vaikutus pandemiaan hallintaan	Havaintoja Suomessa
VOC	B.1.1.7	H69/V70 del, Y144 del, (E484K), N501Y, A570D, P681H	tehokkaampi leviäminen, mahdollisesti vakavampi tauti	2474
VOC	B.1.351	L242/A243/L244 del, K417N, E484K, N501Y	tehokkaampi leviäminen, heikompi neutraloituminen	225
VOC	P1 (B.1.1.28.1)	K417T, E484K, N501Y	tehokkaampi leviäminen, heikompi neutraloituminen, yksittäisiä uusintainfektioita raportoitu	1
VOI	B.1.427 ja B.1.429	S13I, W152C, L452R, D614G	ei tietoa	3
VOI	P2 (B.1.1.28.2)	L18F, T20N, P26S, F157L, E484K, D614G, S929I, V1176F	ei tietoa	1
VOI	B.1.525	H69-V70 del, Y144 del, Q52R, E484K, Q677H, D614G, F888L	ei tietoa	31

### Muuntuneiden koronavirusten seuranta Suomessa

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

Epidemiologista seuranta varten kaikista Suomen koronaviruslöydöksistä valitaan sekvensointiin viikoittain otos, jolla voidaan arvioida tilannetta eri puolilla maata. Näin voimme seurata eri koronaviruskantojen leviämistä ja suunnitella tehokkaita torjuntatoimenpiteitä. Viikoittain yhteensä n. 800 positiivista näytettä ohjataan sekvensointiin yliopisto- ja keskussairaaloiden laboratorioista. Väestöpohja on huomioitu kunkin alueen

viikoittaisessa määrässä. Näytteiden pitää olla toisistaan riippumattomia, ja ne voivat olla peräisin avohoidossa tai sairaalahoidossa olevilta koronapositiivisiksi todetuilta henkilöiltä.

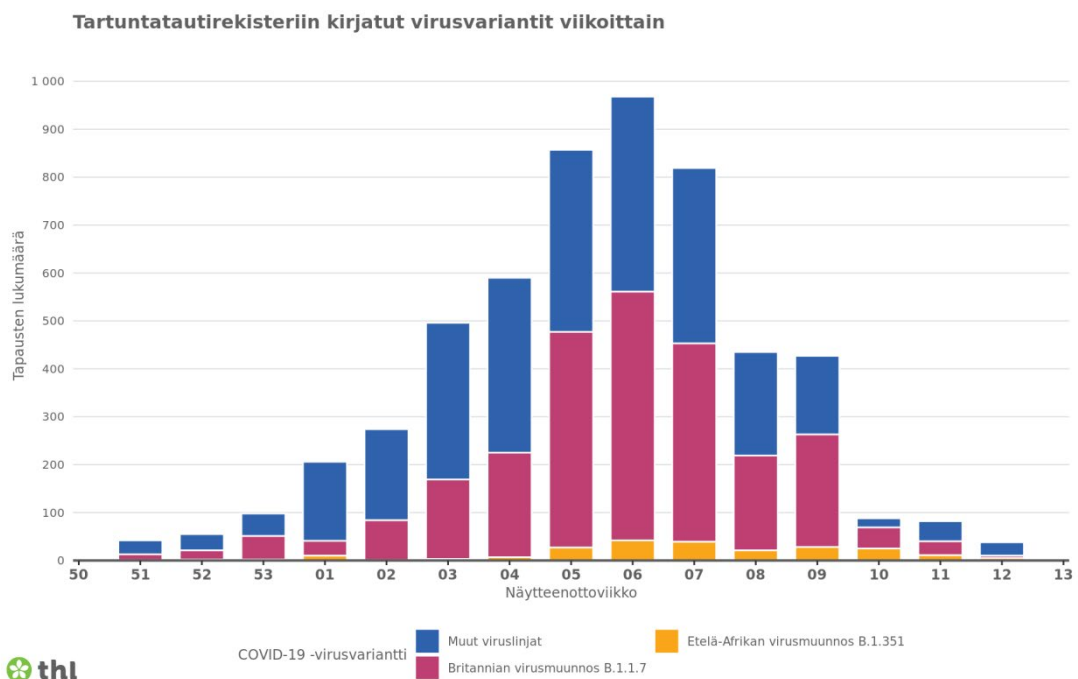
Koronapositiivisia näytteitä, jotka on otettu ulkomailta saapuneilta henkilöiltä tai heidän kontakteiltaan, sekvensoidaan myös. Sekvensoimalla matkailijoiden koronaviruskantoja kerätään tietoa mahdollisten koronavirusvarianttien saapumisesta Suomeen ja saadaan tietoa siitä, miten suosituksia ja rajoituksia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

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

Koronavirusten sekvensointia tehdään Suomessa THL:ssä, HUSLAB/HY:ssä, TYKS Kliininen mikrobiologia Turussa, Fimlab/Tampereen yliopisto Tampereella ja Vita-lab/Biotekniikan instituutissa.

## Varianttiseurannan tuloksia

Tartuntatautirekisteriin ilmoitetut sekvensointilöydökset luokiteltuina eri geneettisiin linjoihin on esitetty näytteenottopäivän mukaan viikkotasolla kuvaajassa (alla). Taulukossa 2 on viikkokohtaiset löydökset ja niiden osuudet erikseen Helsingin ja Uudenmaan sairaanhoitopiirin alueen ja muun Suomen osalta.



**Kuvaaja.** Virusvarianttilöydökset näytteenottopäivän mukaan viikkotasolla.

Sekvensoitujen näytteiden määrä kaikista positiivisista löydöksistä on tällä hetkellä parhaimmillaan 40 %. Varianttilöydösten osuudet HUS-alueella ovat brittivariantin osalta olleet 60-70 % ja Etelä-Afrikan muunnoksen osalta n. 8%. Muun maan osalta osuudet ovat n. 50 % ja n. 5 % (Taulukko 2). Varianttihavaintojen määrän kasvua on havaittavissa koko maassa, voimakkaimmin HUS-alueella. Varianttilöydösten osuudet kaikista sekvensoiduista näytteistä vaihtelevat viikkotasolla, koska sekvensointi on seurannan alkuvaiheissa kohdistunut erityisesti matkailuun ja tartuntaketjuihin, joissa variantteja on epäilty tartunnanaiheuttajiksi. Kuvaajassa nähtävä varianttilöydösten lasku viikkoina 7-9 selittyy sekvensoinnin keskittymisellä yhä enenevässä määrin väestöotoksenäytteisiin. Analysointiviiveen vuoksi viimeisten kolmen viikon osalta ei voida tehdä johtopäätöksiä.

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

**Taulukko 2.** Sekvensoitujen viruskantojen määrät ja niistä todetut varianttilöydökset sekä niiden osuudet Helsingin ja Uudenmaan sairaanhoitopiirin (HUS) alueella ja muualla Suomessa viikkokohtaisesti.

aluerajaus	näytteenottoviikko	lab. varmistetut tapaukset TTR:ssä	Sekvensoitu yhteensä		Britannian virusmuunnos B.1.1.7			Etelä-Afrikan virusmuunnos B.1.351			Muut viruslinjat			Sekvensointituloksia ei saatu		
			lukumäärä	osuus kaikista tapauksista (%)	lukumäärä	osuus sekvensoiduista (%)	osuus kaikista tapauksista (%)	lukumäärä	osuus sekvensoiduista (%)	osuus kaikista tapauksista (%)	lukumäärä	osuus sekvensoiduista (%)	osuus kaikista tapauksista (%)	lukumäärä	osuus sekvensoiduista (%)	osuus kaikista tapauksista (%)
HUS	2020-W51	1199	12	1,0	10	83,3	0,8	0	0,0	0,0	2	16,7	0,2	0	0,0	0,0
HUS	2020-W52	915	15	1,6	10	66,7	1,1	0	0,0	0,0	4	26,7	0,4	1	6,7	0,1
HUS	2020-W53	889	55	6,2	43	78,2	4,8	2	3,6	0,2	9	16,4	1,0	1	1,8	0,1
HUS	2021-W01	955	82	8,6	24	29,3	2,5	7	8,5	0,7	48	58,5	5,0	3	3,7	0,3
HUS	2021-W02	863	107	12,4	43	40,2	5,0	1	0,9	0,1	59	55,1	6,8	4	3,7	0,5
HUS	2021-W03	1290	287	22,2	146	50,9	11,3	0	0,0	0,0	132	46,0	10,2	9	3,1	0,7
HUS	2021-W04	1391	338	24,3	182	53,8	13,1	3	0,9	0,2	113	33,4	8,1	40	11,8	2,9
HUS	2021-W05	1564	571	36,5	404	70,8	25,8	5	0,9	0,3	122	21,4	7,8	40	7,0	2,6
HUS	2021-W06	1515	635	41,9	456	71,8	30,1	17	2,7	1,1	108	17,0	7,1	54	8,5	3,6
HUS	2021-W07	2042	418	20,5	270	64,6	13,2	32	7,7	1,6	72	17,2	3,5	44	10,5	2,2
HUS	2021-W08	2439	61	2,5	40	65,6	1,6	9	14,8	0,4	7	11,5	0,3	5	8,2	0,2
HUS	2021-W09	2758	49	1,8	27	55,1	1,0	10	20,4	0,4	12	24,5	0,4	0	0,0	0,0
HUS	2021-W10	3055	39	1,3	21	53,8	0,7	18	46,2	0,6	0	0,0	0,0	0	0,0	0,0
HUS	2021-W11	2818	24	0,9	14	58,3	0,5	9	37,5	0,3	1	4,2	0,0	0	0,0	0,0
HUS	2021-W12	2446	9	0,4	4	44,4	0,2	5	55,6	0,2	0	0,0	0,0	0	0,0	0,0
HUS	yhteensä: W51-W12	26139	2702	10,3	1694	62,7	6,5	118	4,4	0,5	689	25,5	2,6	201	7,4	0,8
Muu maa pl. HUS	2020-W51	1096	30	2,7	2	6,7	0,2	1	3,3	0,1	23	76,7	2,1	4	13,3	0,4
Muu maa pl. HUS	2020-W52	704	40	5,7	9	22,5	1,3	2	5,0	0,3	24	60,0	3,4	5	12,5	0,7
Muu maa pl. HUS	2020-W53	837	43	5,1	6	14,0	0,7	0	0,0	0,0	34	79,1	4,1	3	7,0	0,4
Muu maa pl. HUS	2021-W01	857	124	14,5	7	5,6	0,8	3	2,4	0,4	110	88,7	12,8	4	3,2	0,5
Muu maa pl. HUS	2021-W02	890	167	18,8	40	24,0	4,5	0	0,0	0,0	113	67,7	12,7	14	8,4	1,6
Muu maa pl. HUS	2021-W03	1064	209	19,6	20	9,6	1,9	3	1,4	0,3	170	81,3	16,0	16	7,7	1,5
Muu maa pl. HUS	2021-W04	1326	252	19,0	36	14,3	2,7	4	1,6	0,3	195	77,4	14,7	17	6,7	1,3
Muu maa pl. HUS	2021-W05	1023	286	28,0	46	16,1	4,5	22	7,7	2,2	201	70,3	19,6	16	5,6	1,6
Muu maa pl. HUS	2021-W06	908	333	36,7	63	18,9	6,9	25	7,5	2,8	220	66,1	24,2	25	7,5	2,8
Muu maa pl. HUS	2021-W07	1470	401	27,3	144	35,9	9,8	7	1,7	0,5	223	55,6	15,2	27	6,7	1,8
Muu maa pl. HUS	2021-W08	1454	374	25,7	158	42,2	10,9	12	3,2	0,8	195	52,1	13,4	9	2,4	0,6
Muu maa pl. HUS	2021-W09	1659	378	22,8	208	55,0	12,5	18	4,8	1,1	141	37,3	8,5	11	2,9	0,7
Muu maa pl. HUS	2021-W10	1825	49	2,7	23	46,9	1,3	7	14,3	0,4	7	14,3	0,4	12	24,5	0,7
Muu maa pl. HUS	2021-W11	1828	58	3,2	15	25,9	0,8	2	3,4	0,1	1	1,7	0,1	40	69,0	2,2
Muu maa pl. HUS	2021-W12	1553	29	1,9	1	3,4	0,1	0	0,0	0,0	0	0,0	0,0	28	96,6	1,8
Muu maa pl. HUS	yhteensä: W51-W12	18494	2773	15,0	778	28,1	4,2	106	3,8	0,6	1657	59,8	9,0	231	8,3	1,2

**Valittuja lähdeviitteitä:**

1. European Centre for Disease Prevention and Control. Rapid Risk Assessment: SARS-CoV-2 - increased circulation of variants of concern and vaccine rollout in the EU/EEA, 14th update. 15 February 2021. <https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/RRA-covid-19-14th-update-15-feb-2021.pdf>
2. NERVTAG: Update note on B.1.1.7 severity 11 February, 2021. [https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment\\_data/file/961042/S1095\\_NERVTAG\\_update\\_note\\_on\\_B.1.1.7\\_severity\\_20210211.pdf](https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/961042/S1095_NERVTAG_update_note_on_B.1.1.7_severity_20210211.pdf)
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 – 23 March 2021. <https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update-on-covid-19---23-march-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)