



Folkhälsomyndigheten

Helgenomsekvensering av svenska SARS-CoV-2 som orsakar covid-19, del 5

Delrapport 5, 2021-06-24



Denna titel kan laddas ner från: www.folkhalsomyndigheten.se/publicerat-material/. En del av våra titlar går även att beställa som ett tryckt exemplar från Folkhälsomyndighetens publikationsservice, publikationsservice@folkhalsomyndigheten.se.

Citera gärna Folkhälsomyndighetens texter, men glöm inte att uppge källan. Bilder, fotografier och illustrationer är skyddade av upphovsrätten. Det innebär att du måste ha upphovsmannens tillstånd att använda dem.

© Folkhälsomyndigheten, 2021.

Artikelnummer: 21149

Om publikationen

Inom det nationella övervakningsprogrammet för SARS-CoV-2 genomförs löpande sekvensering av arvsmassan för SARS-CoV-2 i patientprov från landets olika regioner. Övervakningen är ett samarbete mellan Folkhälsomyndigheten, de kliniska mikrobiologiska laboratorier som utför diagnostik för covid-19 och de aktörer som utför sekvensering. Data från övervakningsprogrammet har tidigare redovisats i fyra rapporter i rapportserien ”Helgenomsekvensering av svenska SARS-CoV-2 som orsakar covid-19”.

Det här är den femte delen i rapportserien och täcker veckorna 15 till 22, 2021. Under 2021 har flera laboratorier etablerat helgenomsekvensering för SARS-CoV-2 och dessa data har inkluderats i denna rapport när sekvenser har rapporterats in till Folkhälsomyndighetens databas GENSAM. Rapporten visar fördelningen samt analyserar förändringar över tid av genetiska grupper och virusvarianter av särskild betydelse samt virusvarianter av intresse i Sverige.

Folkhälsomyndigheten

Karin Tegmark Wisell

Avdelningschef, avdelningen för mikrobiologi

Innehåll

Om publikationen	3
Ordlista	5
Sammanfattning	7
Bakgrund	8
Tidigare rapporter	8
Sekvensering av SARS-CoV-2 inom det nationella mikrobiella övervakningsprogrammet.	8
Klassifikation av genetiska grupper för SARS-CoV-2	8
Virusvarianter av särskild betydelse	9
Virusvarianter av intresse	9
Övervakning av virusvarianter av särskild betydelse	11
Övervakning av virusvarianter av intresse	12
Syfte	13
Metod	14
Sammanfattande	14
Sekvensdata	14
Omfattning	14
Resultat	16
Fördelning av genetiska grupper vecka 15 -22	17
Diskussion	20
Referenser	21
Appendix	22

Ordlista

Deletion	När en eller flera nukleotider försvinner i virusgenomet.
GENSAM	Projektet ”Gemensam nationell hantering av sekvenseringsdata inom klinisk mikrobiologi” är en resurs för insamlingen och analysen av sekvenseringsdata från klinisk mikrobiologi i Sverige där Folkhälsomyndigheten i samverkan med regionerna bygger en nationell sekvensdatabas för anmälningspliktiga smittämnen.
Genetisk grupp	I Folkhälsomyndighetens rapporter likställs pangolin klassifikationen av SARS-CoV-2 (se Pangolin) med genetisk grupp. En genetisk grupp kan vara en virusvariant av särskild betydelse eller en virusvariant av intresse (se nedan).
GISAID	En databas för sekvensdata (och analys) och metadata kopplad till influensa och SARS-CoV-2. Innehåller majoriteten av de globala sekvenserna för SARS-CoV-2.
Pangolin	Ett system för, över tid, dynamisk klassificering av genetiska grupper av SARS-CoV-2. Bygger på indelning enligt storskalig fylogenetisk analys (analys av släktskap mellan sekvenser) kombinerat med brytvärde för när en variation börjar utgöra en ny genetisk grupp.
SARS-CoV-2	Viruset som orsakar sjukdomen covid-19.
Sentinelprovtagning	Sentinelövervakning innebär att ett urval av läkare provtar ett slumpvist urval av patienter med luftvägssymtom så man kan fastställa hur många patienter som har influensa eller covid-19.
Spikeprotein	En struktur som sitter på utsidan av SARS-CoV-2 och som viruset använder sig av för att ta sig in i kroppens celler.

Typnings-PCR	En enklare och snabbare metod för typning än helgenomsekvensering. Med realtids-PCR påvisas förändringar i virusgenomet typiska för en virusvariant av särskild betydelse. Fynden kan behöva bekräftas med sekvensering.
Virusvarianter av särskild betydelse	Variants of Concern (VOC), ECDC bedömer att dessa genetiska grupper har egenskaper som kan påverka den epidemiologiska situationen i Europa.
Virusvarianter av intresse	Variants of Interest (VOI) listade av ECDC. Förändringar i arvsmassan och epidemiologiska data inger misstanke om att dessa genetiska grupper kan ha egenskaper liknande de hos virusvarianter av särskild betydelse men data är fortfarande preliminära och ytterligare undersökningar krävs för att klassa dem som virusvarianter av särskild betydelse.

Sammanfattning

Detta är den femte rapporten om genetisk karakterisering av SARS-CoV-2 i Sverige och beskriver dynamiken hos genetiska grupper i landet. Rapporten omfattar prover från vecka 15 till och med vecka 22, 2021. Särskilt fokus ligger på förekomst och dynamik för de genetiska grupper som utgör virusvarianter av särskild betydelse enligt European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC) definition, då de bedöms vara av stor betydelse för pandemins utveckling i Europa. Sedan förra rapporten har B.1.617.2 (delta) tillkommit som virusvariant av särskild betydelse enligt ECDC, då dess betydelse och förekomst i Europa ökat. Övriga är fortsatt B.1.1.7 (alfa), B.1.1.7 med mutation E484K, B.1.351 (beta) och P.1 (gamma).

Analyserade sekvensdata har producerats inom det nationella övervakningsprogrammet för helgenomsekvensering av SARS-CoV-2 och alla sekvenser som rapporterats in till databasen GENSAM ingick i analysen. Inom övervakningsprogrammet sker ett representativt urval av minst 10% av positiva prover för helgenomsekvensering, dessutom tillkommer sekvensering för mer specifika frågeställningar. Sekvensering och datainsamling koordineras genom Folkhälsomyndigheten och utförs både inom nationell och regional infrastruktur. För de laboratorier som endast har rapporterat genetisk grupp till SmiNet, utan att dela sekvensdata med GENSAM har det ej varit möjligt att inkludera resultat i denna rapport, vilket innebär att den regionala täckningen för regionerna Stockholm, Jönköping och Sörmland inte är fullständig. Dock bedöms data vara fullt tillräckliga och representativa för att analysera förekomsten av genetiska grupper nationellt under rapportperioden.

Under den period rapporten beskriver syns en fortsatt dominans av B.1.1.7 (alfa) över alla andra genetiska grupper (15958 fall). Under hela perioden påvisas en låg och minskande andel av B.1.351 (beta; 332 fall). Av övriga virusvarianter av särskild betydelse påvisades en låg men konstant andel B.1.1.7 med E484K (91 fall) och P.1 (gamma; 34 fall). Första fallet av B.1.617.2 (delta) påvisades i Sverige vecka 14 och ett flertal fall har påvisats hos resenärer från Indien. Antalet fall av denna variant med inhemsk smitta har ökat, vilket bland annat är relaterat till flera regionala utbrott. Totalt påvisas 181 fall av B.1.617.2 (delta).

I prover från individer med uppgift om utlandssmitta påvisas främst B.1.1.7 (alfa), men även fall av B.1.351 (beta) och B.1.617.2 (delta) under hela perioden.

En viss ökning av andelen B.1.617.2 i Sverige samtidigt med en sjunkande nationell incidens av covid-19 överensstämmer med det epidemiologiska läget i Europa.

Bakgrund

Tidigare rapporter

Denna rapport är den femte rapporten i serien. Tidigare rapporter beskriver fördelningen och utvecklingen av genetiska grupper från introduktionen av SARS-CoV-2 i Sverige januari 2020 fram till och med vecka 14, 2021. Denna rapport beskriver utvecklingen under slutet av våren och början av sommaren 2021 från vecka 15 till och med vecka 22. Liksom tidigare rapporter är detta en deskriptiv studie över fördelningen av sekvensdata i det nationella programmet för helgenomsekvensering av SARS-CoV-2.

Sekvensering av SARS-CoV-2 inom det nationella mikrobiella övervakningsprogrammet

Sekvensering av SARS-CoV-2 arvs massa koordineras genom Folkhälsomyndigheten och utförs inom både nationell och regional infrastruktur. Det nationella mikrobiella övervakningsprogrammet för SARS-CoV-2 etablerades under våren 2020 och utökades i samband med att vaccination mot covid-19 påbörjades kring årsskiftet 2020/2021.

I ett särskilt regeringsuppdrag "Uppdrag att utöka nationell övervakning av varianter av SARS-CoV-2" (S2021/01102) har Folkhälsomyndigheten fått i uppdrag att samordna den mikrobiologiska övervakningen av cirkulerande genetiska grupper, virusvarianter av särskild betydelse och intresse samt följa upp vilka genetiska grupper/mutationer som orsakar vaccinationsgenombrott (1). Ett representativt urval av prov från både sjukhusvårdade covid-19-patienter (5 procent) och patienter från öppenvården/samhället (95 procent) vilket tillsammans ska uppgå till minst 10 procent av bekräftade fall i landet skall helgenomssekvenseras. Vid låg incidens ska alla eller minst 2000 prover per vecka sekvenseras. Vidare samlas prov in vid misstanke om reinfektion, vaccinationsgenombrott, från resenärer som vistats utomlands och från sentinelprovtagningen. Genom övervakningsprogrammet uppfyller Sverige de rekommendationer om övervakning av SARS-CoV-2 som utfärdats av European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC) (2).

Klassifikation av genetiska grupper för SARS-CoV-2

Att viruset muterar är en naturlig och förväntad evolutionär process av diversifiering vid pågående smittspridning. Folkhälsomyndigheten och ECDC använder klassifikationen enligt pangolin (3). Verktøget bygger, utifrån ett globalt släktskap, modeller för att klassificera virus efter vilka genetiska särarter de bär på. För att förenkla kommunikation kring virusvarianter av särskild betydelse och intresse har Världshälsoorganisationen utvecklat ett system där de namnges med grekisk bokstav (4). Folkhälsomyndigheten använder nu dessa system parallellt (ex. B.1.1.7 (alfa)) se tabell 1 (3, 4). Förutom att följa fördelningen av genetiska

grupper studeras även specifika mutationer eller kombinationer av mutationer, som definierar virusvarianter av särskild betydelse eller intresse.

Virusvarianter av särskild betydelse

Sedan december 2020 har flera virusvarianter av särskild betydelse som fått stor spridning och betydelse för pandemiutvecklingen uppmärksammas. ECDC benämner dessa "Variants of Concern" och motsvarigheten på svenska är "virusvarianter av särskild betydelse" se tabell 1. ECDC bedömer att dessa varianters egenskaper kan påverka den epidemiologiska situationen i Europa (5).

Virusvarianter av särskild betydelse karakteriseras av förändringar i arvsmassan som ger dem speciella egenskaper. De förändringarna som är viktigast för varianternas egenskaper är sannolikt de som är lokaliserade i virusets S-gen, som kodar för spikeproteinet. Spikeproteinet används av viruset för att binda till kroppens celler, och är viktigt för skyddande antikroppar. Olika förändringar i spikeproteinet kan därmed leda till högre smittsamhet eller minskad effekt av antikroppars skyddande effekt. De i Sverige godkända covid-19 vaccinerna är baserade på spikeproteinet.

Mutation D614G i spikeproteinet fanns redan tidigt i januari-februari 2020 när genetiska gruppen B.1 uppstod och mutationen etablerades i efterföljande genetiska grupper vilka sedan juni 2020 har dominerat globalt. Nu är denna mutation vanlig i nästa alla genetiska grupper. De flesta virusvarianter av särskild betydelse B.1.1.7 (alfa), B.1.1.7 med E484K, B.1.351 (beta) och P.1 (gamma) har mutationen N501Y, som kopplats till ökad smittsamhet då den förbättrar bindningen till angiotensinkonvertas-2 (ACE-2) som är den huvudsakliga receptorn för SARS-CoV-2. Mutationen E484K förekommer i flera av dessa varianter och är viktig då den kopplats till minskad effekt av immunitet och potentiell påverkad vaccineffekt. Den senast tillkomna varianten av särskild betydelse, B.1.617.2 (delta) saknar N501Y och E484K men har mutationerna L452R och T478K vilka har kopplats till ökad smittsamhet och potentiellt påverkad vaccineffekt vid ofullständig vaccination.

Virusvarianter av intresse

Globalt uppmärksammas ständigt nya virusvarianter. ECDC listar även varianter där förändringar i arvsmassan och epidemiologiska data inger misstanke om att de kan ha egenskaper liknande de hos virusvarianter av särskild betydelse. Därmed skulle de potentiellt kunna ha en inverkan på den epidemiologiska situationen inom Europa, men data är fortfarande preliminära och ytterligare undersökningar krävs för att klassa dem som virusvarianter av särskild betydelse. Dessa varianter benämner ECDC som "Variants of Interest" (VOI) och motsvarigheten på svenska är "virusvarianter av intresse".

Tabell 1. Virusvarianter av särskild betydelse och virusvarianter av intresse enligt ECDC och WHO (3, 4)

Beteckning enl. WHO	Genetisk grupp och ev mutation	Variant	Mutationer i S-genen	Land där variant först påvisades	Påvisades första gången månad-år	Transmission i Europa	Antal fall påvisade i Sverige vecka 15 -22 (2021).
Alfa	B.1.1.7	Virusvariant av särskild betydelse	N501Y, D614G, P681H	Storbritannien	sep-20	Dominerande	15 958
	B.1.1.7+E484K	Virusvariant av särskild betydelse	E484K, N501Y, D614G, P681H	Storbritannien	dec-20	Utbrott	91
Beta	B.1.351	Virusvariant av särskild betydelse	K417N, E484K, N501Y, D614G, A701V	Sydafrika	sep-20	Samhällsspridning	332
Gamma	P.1	Virusvariant av särskild betydelse	K417T, E484K, N501Y, D614G, H655Y	Brasilien	dec-20	Samhällsspridning	34
Delta	B.1.617.2	Virusvariant av särskild betydelse	L452R, T478K, D614G, P681R	Indien	Dec-20	Samhällsspridning	181
Eta	B.1.525	Virusvariant av intresse	E484K, D614G, Q677H	Nigeria	dec-20	Samhällsspridning	7
Epsilon	B.1.427/B.1.429	Virusvariant av intresse	L452R, D614G	USA	sep-20	Sporadiska fall/resekopplade	0
Theta	P.3	Virusvariant av intresse	E484K, N501Y, D614G, P681H	Filippinerna	jan-21	Sporadiska fall/resekopplade	0
	B.1.616	Virusvariant av intresse	V482A, D614G, H655Y, G669S	Frankrike	feb-21	Ett utbrott	0
Kappa	B.1.617.1	Virusvariant av intresse	L452R, E484Q, D614G, P681R	Indien	dec-20	Utbrott	1
	B.1.620	Virusvariant av intresse	S477N, E484K, D614G, P681H	Påvisats i flera länder samtidigt	feb-21	Utbrott	0

Beteckning enl. WHO	Genetisk grupp och ev mutation	Variant	Mutationer i S-genen	Land där variant först påvisades	Påvisades första gången månads-år	Transmission i Europa	Antal fall påvisade i Sverige vecka 15 -22 (2021).
	B.1.621	Virusvariant av intresse	R346K, E484K, N501Y, D614G, P681H	Colombia	jan-21	Sporadiska fall/resekopplade	0

Övervakning av virusvarianter av särskild betydelse

Vid publicering av denna rapport, 24 juni 2021, övervakas fem virusvarianter av särskild betydelse;

B.1.1.7 (alfa) är den virusvariant som nu dominerar i Sverige och många andra europeiska länder. Den började cirkulera i Storbritannien september 2020 och blev snabbt dominerande där. Epidemiologiskt påvisades en bättre transmissionsförmåga än för de tidigare cirkulerande genetiska grupperna i Storbritannien. Den har mutation N501Y, vilket är en orsak till att den har ökad smittsamhet. Denna variant bedöms av ECDC ha liten påverkan på vaccinskyddet och skyddet mot reinfektion (5). Första fallet av B.1.1.7 i Sverige var en resenär från Storbritannien som diagnosticerades med SARS-CoV-2 vecka 52 i december 2020 men denna variant har introducerats i Sverige genom ett flertal oberoende smittkedjor.

B.1.1.7 med mutation E484K i spikeproteinets påvisades första gången i Storbritannien december 2020 men har fått begränsad spridning i Europa. Denna variant har mutation E484K och N501Y i kombination, vilket potentiellt kan påverka vaccinskyddet och skyddet mot reinfektion, efter vad vi vet om andra varianter med E484K. Första påvisade fallet konstaterades i Sverige vecka 8, 2021.

B.1.351 (beta) påvisades första gången i Sydafrika i september 2020 och har fått stor spridning i Sydafrika, men inte haft samma spridning efter introduktion i Europa. Denna variant har mutationerna K417N, E484K, och N501Y i kombination. Laboratoriestudier visar att den experimentellt neutraliseras sämre av antikroppar efter infektion och vaccination samt av vissa monoklonala antikroppar (antikroppar som används för behandling). Första påvisade fallet av B.1.351 i Sverige var en resenär från Sydafrika vecka 52, 2020.

P.1 (gamma) påvisades första gången i Brasilien december 2020. Denna variant har E484K och N501Y gemensamma med B.1.351 samt B.1.1.7+E484K. Den har också mutationen K417T som kan påverka effekten av vissa monoklonala antikroppar. Första påvisade fallet av P.1 i Sverige konstaterades vecka 4, 2021.

B.1.617.2 (delta) påvisades första gången i Indien december 2020. Den har aminosyrautbyten L452R, T478K och P681R. Det bedöms som troligt att denna variant har ökad smittsamhet och potentiellt även påverkad vaccineffekt vid ofullständig vaccination. Första påvisade fallet av B.1.617.2 i Sverige konstaterades vecka 14, 2021.

Se appendix tabell 1 för alternativ namngivning i GISAIID och Nextstrain samt tabell 2 för antal godkända sekvenserade prover per vecka. Se appendix tabell 3 till 7 för antal påvisade fall per vecka av virusvarianter av särskild betydelse under vecka 15 till 22, 2021.

Övervakning av virusvarianter av intresse

I Sverige övervakas idag sju olika virusvarianter av intresse enligt ECDCs klassificering:

B.1.525 (eta), B.1.427/B.1.429 (epsilon), P.3 (theta), B.1.616, B.1.617.1 (kappa), B.1.620 samt B.1.621. Mer information om dessa finns i tabell 1.

Syfte

Folkhälsomyndigheten följer med helgenomsekvensering fortlöpande de olika genetiska grupper och virusvarianter av särskild betydelse och intresse som cirkulerar i samhället. Detta för att bättre förstå den initiala och fortsatta spridningen i Sverige samt hur introduktion av nya genetiska grupper påverkar situationen. Idag har sekvensdata från över 90 000 SARS-CoV-2 positiva prover rapporterats till Folkhälsomyndighetens nationella sekvensdatabas GENSAM.

Analys av helgenomsekvenser kan potentiellt upptäcka förändringar i viruset som är relevanta för immunitet vid en förnyad exponering för viruset, för skyddseffekten vid vaccination samt vid en behandling med monoklonala antikroppar. Sekvensdata används även för att upptäcka förändringar som kan påverka diagnostiska tester.

Metod

Sammanfattande

Den här rapporten beskriver förekomst av genetiska grupper och virusvarianter av särskild betydelse samt virusvarianter av intresse i de data som genererats i det nationella övervakningsprogrammet för SARS-CoV-2.

Sekvensdata

Sekvensdata för den nationella övervakningen i den här rapporten har producerats antingen regionalt eller nationellt. De nationella och regionala resurserna för sekvensering producerar huvudsakligen data i tre format; Illumina (nationellt, regionalt), Ion Torrent (nationellt, regionalt) och MGI-seq (nationellt). Dessutom sker regional sekvensering med Oxford Nanopore som teknik. I dagsläget använder sig samtliga system av en metod som går ut på att först kopiera virusets arvs massa med PCR för att sedan sekvensera dessa kopior. På detta sätt kan man snabbt och med hög säkerhet skapa sekvenseringsdata för kliniska prover.

Omfattning

Data som ingår i rapporten omfattar alla helgenomsekvenser som rapporterats till GENSAM från vecka 15 till 22, 2021. Resultat från laboratorier som endast har rapporterat genetisk grupp till SmiNet, utan att dela sekvensdata med GENSAM har inte kunnat inkluderas i rapporten. Det innebär att den regionala täckningen för regionerna Stockholm, Jönköping och Sörmland inte är fullständig. Dock bedöms data vara fullt tillräckliga och representativa för att analysera förekomsten av genetiska grupper nationellt under rapportperioden.

Från veckorna 15 till 22 har 20 049 prover analyserats med helgenomsekvensering se tabell 2. Angivna urvalskriterier för sekvensering var för 63,3 procent av proverna representativt urval i övervakningsprogrammet, 5,3 procent vaccinationsgenombrott, 0,8 procent utlandsvistelse, 0,7 procent utbrottsutredning, 0,08 procent reinfektion och 0,3 procent annat specificerat urval. För 29,5 procent av proverna saknades angivet urvalskriterium. Observera att antal prover med urvalskriterium vaccinationsgenombrott inte speglar den totala förekomsten av sådana. Information om förekomst av vaccinationsgenombrott publiceras på Folkhälsomyndighetens webbplats (6).

För 16 907 prover (84,3 procent) resulterade analysen i godkända sekvenser där genetisk grupp kunde avgöras (tabell 2 i appendix). Att sekvensering i vissa fall inte lyckas kan bero på olika tekniska faktorer, men en vanlig orsak är att det inte finns tillräckligt med virus i provet. Samtliga 16 907 prover mellan vecka 15 och vecka 22 med godkända kvalitetskrav inkluderades i denna analys, baserad på data insamlad av det nationella övervakningsprogrammet och registrerade i GENSAM.

I graferna nedan visualiseras de fyra vanligast förekommande genetiska grupperna samt kategorin övrigt som inkluderar resterande. Denna analys redovisas för all

data (n=16 907) (figur 1) samt separat för prover tagna med representativt urval inom övervakningsprogrammet (n=11671) (figur 2) respektive prover från individer med uppgift om utlandssmitta (n=228), antingen genom att urvalskriteriet för sekvensering var utlandsvistelse, eller att annat smittland än Sverige angivits i SmiNet efter smittspårning (figur 3). Totalt påvisades 61 olika genetiska grupper (enligt pangolin) under perioden vecka 15 till vecka 22 (2021) som rapporten omfattar.

Antalet fall av olika genetiska grupper publicerade i denna rapport kan skilja sig från antalet fall baserade på rapporterad genetisk grupp i SmiNet. Detta då data i SmiNet genereras genom rapportering av resultat från sekvenserande laboratorium, och alla dessa sekvenser ej var tillgängliga för analys vid sammanställning av data för rapporten.

Resultat

Rapporten inkluderar data från 20 049 prover tagna under perioden vecka 15 till 22 för vilka sekvenseringsresultat och genetisk grupp finns för 16 907. Tabell 2 beskriver veckovis antal sekvenserade prover, antal fall (PCR-positiva) samt den andel av prover som rapporterats som sekvenserade till GENSAM. I tabell 2 i appendix redovisas antalet prover som har godkända sekvenser för analys.

Tabell 2. Antal fall av covid-19 samt antalet prov som är sekvenserade och registrerade i GENSAM under perioden vecka 15 till 22.

Vecka	Antal fall	Antal sekvenserade prover	Andel sekvenserade
15	41045	3961	9,7%
16	36035	3639	10,1%
17	35313	3474	9,8%
18	33686	3218	9,6%
19	25919	2139	8,3%
20	18180	1653	9,1%
21	7975	1162	14,6%
22	9106	803	8,8%

Fördelning av genetiska grupper vecka 15 till 22

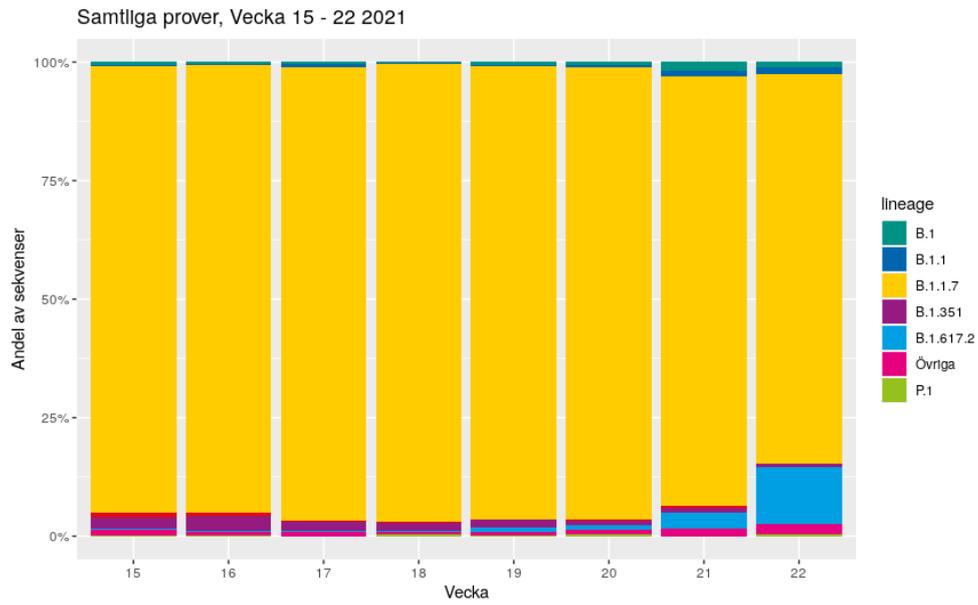
Mellan vecka 15 och 22 har sekvensdata från helgenomsekvensering rapporterats till GENSAM från 8,3-14,6 procent av de positiva proverna nationellt. På grund av eftersläpning i produktion och inrapportering av data kommer ytterligare data att tillkomma för denna period.

Under perioden tillhör en majoritet av fallen fortsatt den genetiska gruppen B.1.1.7 (alfa), som trängt undan de varianter som cirkulerade tidigare under vintern/våren (B.1.177 och B.1221), se figur 1. Under perioden påvisas en låg och långsamt sjunkande andel av B.1.351 (beta) samt en låg andel B.1.1.7 med mutationen E484K och P.1 (gamma). Genetisk grupp B.1.617.2 (delta) påvisades första gången vecka 14 och har ökat sedan dess (figur 1 och tabell 3 till 7 i appendix).

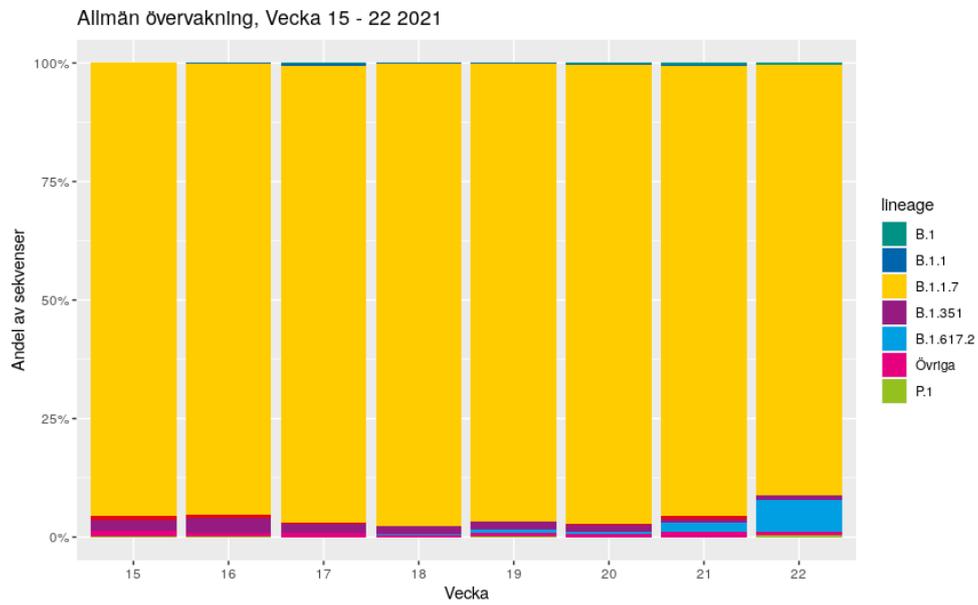
Vid analys av enbart de prover som har angivet urvalskriterium allmän övervakning (n=11 671), och därmed utgör ett mer representativt material, är bilden (figur 2) i stort densamma men dominansen av B.1.1.7 (alfa) över andra genetiska grupper blir än tydligare. Andelen B.1.617.2 (delta) minskar då prover från utlandsresenärer och utredning av utbrott exkluderats.

Bland de genetiska grupper som påvisas i prover från resenärer (fall som troligen har smittats utomlands, n=228, figur 3), dominerar B.1.1.7 (alfa) under perioden men fall av B.1.617.2 (delta) påvisas alla veckor (vecka samt antal B.1.617.2 (delta)/totalt antal prover: v15 n=1/42, v16 n=6/47, v17 n=1/32, v18 n=2/33, v19 n=2/26, v20 n=3/20, v21 n=4/20, v22 n=4/8). Antalet analyserade prover per vecka är litet varför det inte går att dra slutsatser om trender för förekomst av B.1.617 (delta) hos resenärer under perioden. Ett mindre antal importfall av B.1.351 (beta) förekommer.

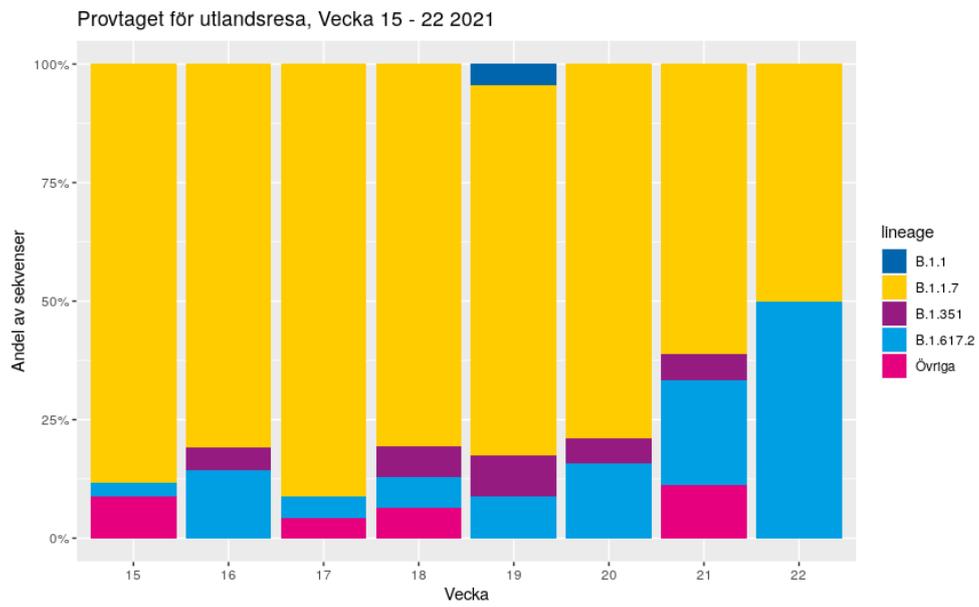
Figur 1. Fördelningen av genetiska grupper under vecka 15 till 22, samtliga prover.



Figur 2. Fördelning av genetiska grupper i prover tagna för allmän övervakning under vecka 15 till 22.



Figur 3. Fördelning av genetiska grupper hos individer provtagna efter utlandsresa.



Diskussion

Under vecka 15 till 22, 2021 som omfattas av denna rapport, har incidensen av covid-19 sjunkit markant i Sverige. Den genetiska gruppen B.1.1.7 (alfa) har fortsatt att dominera, vilket även varit fallet i flertalet europeiska länder. Andra virusvarianter av särskild betydelse som fortsatt cirkulerar i Sverige är B.1.351 (beta), och P.1 (gamma) och B.1.1.7 med mutationen E484K, som alla har påvisats i en låg andel under perioden. Under rapportperioden påvisas även ett flertal andra genetiska grupper, totalt 61 olika, varav många förekommer endast i en mindre andel av analyserade prover.

I analysen ses en ökande andel av B.1.617.2 (delta) efter att det första fallet hos en resenär påvisades vecka 14. Under den senare delen av rapportperioden är det övervägande antalet fall smittade i Sverige. Förekomsten av B.1.617.2 (delta) varierar kraftigt mellan regioner och många fall kan kopplas till regionala utbrott. Redovisningen av fall på nationell nivå i denna rapport ger därför inte en fullständig bild.

Flera länder i Europa med sjunkande incidens av covid-19 har samtidigt en stigande andel B.1.617.2 (delta). Det finns indikationer på att denna variant kan komma att dominera smittspridningen framöver (5, 7). ECDC har omklassificerat den till "virusvariant av särskild betydelse" sedan den förra rapporten i denna serie publicerades (3).

I Europa under vecka 21 till 22 utgjorde B.1.1.7 (alfa) 79 procent av sekvenserade prover, B.1.351 (beta) 0,2 procent, P.1 (gamma) 0,4 procent och B.1.617.2 (delta) 0,9 procent (7). Motsvarande andel i Sverige vecka 21 till 22, den senare dock ofullständigt rapporterad (tabell 3 till 7 i appendix), var B.1.1.7 (alfa) 87 procent, B.1.351 (beta) 0,9 procent, P.1 (gamma) 0,02 procent och B.1.617.2 (delta) 6,6 procent. Förekomsten av virusvarianter av särskild betydelse i Sverige speglar således det epidemiologiska läget i Europa i stort, bortsett från en högre förekomst av B.1.617.2 (delta) under vecka 21 till 22. Det speglar delvis att prover från utbrott med misstanke om B.1.617.2 (delta) prioriterats för sekvensering, men oavsett det observeras över de senaste veckorna inkluderade i rapporten en trend av ökande förekomst av B.1.617.2 (delta) i Sverige.

Referenser

1. Regeringskansliet RO. Uppdrag att utöka nationell övervakning av varianter av SARS-CoV-2 [Internet]. [cited 2021 Jun 24]. Available from: [Uppdrag att utöka nationell övervakning av varianter av SARS-CoV-2](#)
2. Guidance for representative and targeted genomic SARS-CoV-2 monitoring [Internet]. 2021 [cited 2021 Jun 24]. Available from: [Guidance for representative and targeted genomic SARS-CoV-2 monitoring](#)
3. SARS-CoV-2 variants of concern as of 18 June 2021 [Internet]. [cited 2021 Jun 24]. Available from: [SARS-CoV-2 variants of concern as of 18 June 2021](#)
4. Tracking SARS-CoV-2 variants [Internet]. [cited 2021 Jun 24]. Available from: [Tracking SARS-CoV-2 variants](#)
5. Rapid risk assessment: Assessing SARS-CoV-2 circulation, variants of concern, non-pharmaceutical interventions and vaccine rollout in the EU/EEA, 15th update [Internet]. 2021 [cited 2021 Jun 24]. Available from: [Rapid risk assessment: Assessing SARS-CoV-2 circulation, variants of concern, non-pharmaceutical interventions and vaccine rollout in the EU/EEA, 15th update](#)
6. Förekomst av covid-19 efter vaccination [Internet]. [cited 2021 Jun 24]. Available from: [Förekomst av covid-19 efter vaccination](#)
7. ECDC-WHO/Europe COVID-19 Surveillance Explorer [Internet]. [cited 2021 Jun 24]. Available from: [ECDC-WHO/Europe COVID-19 Surveillance Explorer](#)

Appendix

Tabell 1. Olika namngivning av virusvarianter av särskild betydelse.

WHO	Genetisk grupp enligt pangolin	Variant enligt GISAID	Variant enligt Nextstrain	Alternativt namn
Alfa	B.1.1.7	GRY (tidigare GR/501Y.V1)	20I (V1)	VOC-202012/01
-	B.1.1.7+E484K	GRY		VOC-202102/02
Beta	B.1.351	GH/501Y.V2	20H (V2)	VOC-202012/02
Gamma	P.1	GR/501Y.V3	20J (V3)	VOC-202101/02
Delta	B.1.617.2	G/478K.V1	21A	VOC-21APR-02

Tabell 2. Beskriver antalet prover skickade för sekvensering, antalet godkända för nedströms analys samt andelen som var godkända.

Vecka	Sekvenserade	Godkända	Procent
15	3961	3034	76,6
16	3639	2944	80,9
17	3474	2618	75,4
18	3218	2940	91,4
19	2139	2033	95,0
20	1653	1562	94,5
21	1162	1099	94,6
22	803	677	84,3

Tabell 3. Fördelningen av B.1.1.7 (alfa) under perioden vecka 15 till 22.

Vecka	Sekvenserade B.1.1.7	Antal Sekvenser	Procent	
15		2853	3034	94,0
16		2781	2944	94,5
17		2498	2618	95,4
18		2844	2940	96,7
19		1944	2033	95,6
20		1486	1562	95,1
21		996	1099	90,6
22		556	677	82,1

Tabell 4. Fördelningen av B.1.1.7+E484K under perioden vecka 15 till 22

Vecka	Sekvenserade B.1.1.7 + E484K	Antal Sekvenser	Procent
15	6	3034	0,2
16	14	2944	0,5
17	13	2618	0,5
18	22	2940	0,7
19	5	2033	0,2
20	17	1562	1,1
21	8	1099	0,7
22	6	677	0,9

Tabell 5. Fördelningen av B.1.351 (beta) under perioden vecka 15 till 22

Vecka	Sekvenserade B.1.351	Antal Sekvenser	Procent
15	79	3034	2,6
16	89	2944	3
17	46	2618	1,8
18	53	2940	1,8
19	34	2033	1,7
20	15	1562	1
21	11	1099	1
22	5	677	0,7

Tabell 6. Fördelningen av P.1 (gamma) under perioden vecka 15 till 22

Vecka	Sekvenserade P.1	Antal Sekvenser	Procent
15	5	3034	0,2
16	4	2944	0,1
17	NA	2618	NA
18	10	2940	0,3
19	4	2033	0,2
20	8	1562	0,5
21	NA	1099	NA
22	3	677	0,4

Tabell 7. Fördelningen av B.1.617.2 (delta) under perioden vecka 15 till 22

Vecka	Sekvenserade B.1.617.2	Antal Sekvenser	Procent
15	5	3034	0,2
16	9	2944	0,3
17	7	2618	0,3
18	7	2940	0,2
19	17	2033	0,8
20	18	1562	1,2
21	36	1099	3,3
22	82	677	12,1

Den femte delen i rapportserien om genetisk karakterisering av SARS-CoV-2 i Sverige omfattar vecka 15 till 22, 2021. Övervakningsprogrammet för helgenomsekvensering av SARS-CoV-2 omfattar minst 10 procent av de positiva proverna per vecka och region.

I rapporten beskrivs förekomsten av virusvarianter av särskild betydelse enligt ECDCs definition; B.1.1.7 (alfa), B.1.1.7 med mutation E484K, B.1.351 (beta), P.1 (gamma) samt B.1.617.2 (delta).

Under rapportperioden har incidensen av covid-19 sjunkit markant i Sverige. B.1.1.7 (alfa) är fortsatt den dominerande genetiska gruppen. B.1.351 (beta), B.1.1.7 med E484K samt P.1 (gamma) förekommer fortsatt på låga nivåer. B.1.617.2 (delta) påvisas i en ökande andel av sekvenserade prover och förekommer både hos individer smittade utomlands och i Sverige. Den ökade förekomsten av inhemsk smitta med B.1.617.2 (delta) är delvis relaterad till ett antal regionala utbrott och skillnaderna i förekomst över landet är stora.

Folkhälsomyndigheten är en nationell kunskapsmyndighet som arbetar för en bättre folkhälsa. Det gör myndigheten genom att utveckla och stödja samhällets arbete med att främja hälsa, förebygga ohälsa och skydda mot hälsohot. Vår vision är en folkhälsa som stärker samhällets utveckling.



Folkhälsomyndigheten

Solna Nobels väg 18, 171 82 Solna. Östersund Forskarens väg 3. Box 505, 831 26 Östersund.

www.folkhalsomyndigheten.se