



Folkhälsomyndigheten

# Helgenomsekvensering av svenska SARS-CoV-2 som orsakar covid-19, del 4

Delrapport 4, 2021-05-07



Denna titel kan laddas ner från: [www.folkhalsomyndigheten.se/publicerat-material/](http://www.folkhalsomyndigheten.se/publicerat-material/). En del av våra titlar går även att beställa som ett tryckt exemplar från Folkhälsomyndighetens publikationsservice, [publikationsservice@folkhalsomyndigheten.se](mailto: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: 21097

## Om publikationen

Folkhälsomyndigheten genomför löpande sekvensering av arvsmassan för SARS-CoV-2 i patientprov som skickas in från landets olika regioner. Övervakningen är ett samarbete mellan Folkhälsomyndigheten och de kliniska mikrobiologiska laboratorier som utför diagnostik för covid-19. Detta har tidigare redovisats i tre rapporter i rapportserien ”Helgenomsekvensering av svenska SARS-CoV-2 som orsakar covid-19”. Under 2021 har flera laboratorier etablerat helgenomsekvensering för SARS-CoV-2 och dessa data har inkluderats i denna rapport. Det här är den fjärde delen i rapportserien och täcker veckorna 45 till 53, 2020 samt veckorna 1 till 14, 2021. Rapporten innehåller en genomgång av läget i Sverige avseende övervakningen av genetiska grupper. Den visar fördelningen samt analyserar förändringar över tid av genetiska grupper 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 mikrobiella övervakningsprogrammet.....	8
Klassifikation av genetiska grupper för SARS-CoV-2 .....	8
Virusvarianter av särskild betydelse.....	8
Virusvarianter av intresse.....	9
Övervakning av virusvarianter av särskild betydelse.....	10
Övervakning av virusvarianter av intresse .....	11
Syfte .....	12
Metod.....	13
Sammanfattande .....	13
Sekvensdata .....	13
Omfattning .....	13
Resultat.....	15
Fördelning av genetiska grupper under vecka 45-53 .....	15
Fördelning av genetiska grupper vecka 1-4 .....	17
Fördelning av genetiska grupper vecka 5 -14 .....	18
Diskussion .....	20
Referenser .....	22
Appendix .....	23

# 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.
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 varianter 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 (lineage).
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.
SGTF	S-gene target failure, ett mönster i resultat från vissa SARS-CoV-2 PCR-metoder, orsakat av deletion 69-70 i spikegenen. Detta fynd talar för men är inte konklusivt för den genetiska gruppen B.1.1.7.
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.

Undergrupp	En genetisk grupp som ackumulerat tillräckligt med mutationer för att i pangolin särskiljas från huvudgruppen, e.g. B.1.258.22 är relaterad till B.1.258 men distinkt för en geografisk region.
Virusvarianter av särskild betydelse	Variants of Concern (VOC), ECDC bedömer att dessa varianters förändringar i arvsmassan 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 de 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 fjärde rapporten om genetisk karakterisering av SARS-CoV-2 i Sverige, som beskriver dynamiken hos genetiska grupper av betydelse i landet. Rapporten omfattar prover från vecka 45, 2020 till och med vecka 14, 2021. I rapporten beskrivs förekomsten av de fyra genetiska grupper som är virusvarianter av särskild betydelse enligt ECDCs definition; B.1.1.7, B.1.1.7 med mutation E484K, B.1.351 samt P.1.

Analyserade sekvensdata har producerats inom det nationella programmet för helgenomsekvensering av SARS-CoV-2. Sedan årsskiftet 2021 har övervakningsprogrammet utökats kraftigt för att följa utvecklingen av virusvarianter av särskild betydelse. Målet att sekvensera minst 10 procent av positiva fall nationellt har uppnåtts från vecka 5. Sekvensering koordineras genom Folkhälsomyndigheten och utförs både inom nationell och regional infrastruktur. Urvalet och omfattningen av PCR-positiva prover som sekvenserats har förändrats under perioden, varför vi valt att dela upp analysen i tre tidperioder; vecka 45-53, vecka 1-4 samt vecka 5-14.

Under vecka 45-53 sekvenserades en liten andel (<1 procent) av positiva prover. De tre tidigare under hösten vanliga genetiska grupperna B.1.160, B.1.177 och B.1.258 fortsatte att cirkulera under denna period. Mot slutet av perioden påvisas en ökande andel B.1.1.7. Både B.1.1.7 och B.1.258 är sannolikt överrepresenterade i materialet, eftersom urvalet delvis baserats på en genetisk förändring de har gemensam som medförde att prover selekterades för sekvensering när de hade SGTF.

Under vecka 1-4 ökade andelen sekvenserade prover, men fortsatt skevhet i urvalet gör att data inte är helt representativa för fördelningen av genetiska grupper. Under denna period förekom B.1.1.7, men B.1.177 kvarstod som den dominerade genetiska gruppen.

Under vecka 5-14 sekvenserades >10 procent av positiva prover, men eftersläpning i inrapportering av sekvenser gör att täckningen av data är sämre under de sista två veckorna. Representativiteten för att analysera cirkulerande genetiska grupper bedöms vara god under hela perioden. Under denna period sker en förändring då B.1.1.7 expanderar till att dominera över alla andra genetiska grupper (25 515 fall). Under hela perioden påvisas en låg men konstant andel av B.1.351 (979 fall). Av övriga virusvarianter av särskild betydelse, B.1.1.7 med E484K och P.1, påvisas under hela rapportens omfattning endast 51 respektive 43 fall.

# Bakgrund

## Tidigare rapporter

Denna rapport är den fjärde rapporten i serien. Den beskriver fördelningen av genetiska grupper under slutet av hösten 2020 samt utvecklingen under våren 2021 till och med vecka 14. Särskilt fokus ligger på introduktionen av den genetiska gruppen B.1.1.7 samt andra varianter av särskild betydelse. 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 mikrobiella övervakningsprogrammet

Sekvensering av SARS-CoV-2 arvsmassa koordineras genom Folkhälsomyndigheten och utförs både inom nationell och regional infrastruktur. Det mikrobiella övervakningsprogrammet för SARS-CoV-2 har under 2020 etablerats och använts för både löpande uppföljning av de cirkulerande genetiska grupperna i landet, och för punktinsatser vid ökad provtagning. Det senare avser reseanamnes utomlands, utredning av utbrott och smittspridning samt analys av reinfektion. Under 2021 inkluderades även analys av vaccinationsgenombrott.

Sedan årsskiftet 2021 har övervakningsprogrammet kraftigt utökats för att följa utvecklingen av virusvarianter av särskild betydelse. Den genetiska kartläggningen av SARS-CoV-2 i Sverige och globalt saknar motsvarighet, inte för något annat virus finns data om utveckling och spridning på så detaljerad nivå.

## Klassifikation av genetiska grupper för SARS-CoV-2

Att viruset muterar är en naturlig och förväntad evolutionär process av diversifiering vid pågående smittspridning. Den primära metod som används för att sortera genetiska data från SARS-CoV-2 i Folkhälsomyndighetens rapporter är baserad på verktyget pangolin. Verktyget bygger utifrån ett globalt släktskap, modeller för att klassificera virus utifrån vilka genetiska särarter de bär på. I Folkhälsomyndighetens rapporter benämns pangolin klassifikationen som genetisk grupp. Förutom att följa fördelningen av genetiska grupper studeras även specifika mutationer eller kombinationer av mutationer, som definierar varianter av särskild betydelse eller virusvarianter av intresse.

## Virusvarianter av särskild betydelse

Sedan december 2020 har flera virusvarianter som fått stor spridning och betydelse för pandemiutvecklingen uppmärksammas. European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC) benämner dessa ”Variants of Concern” och motsvarigheten på svenska är ”virusvarianter av särskild betydelse”. ECDC bedömer att dessa varianter egenskaper kan påverka den epidemiologiska situationen i Europa. 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. Alla virusvarianter av särskild betydelse 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 immunitet och potentiell påverkad vaccineffekt. En annan mutation i spikeproteinet, D614G, uppstod redan tidigt i januari-februari 2020 och i juni 2020 dominerade denna mutation globalt. Nu är denna mutation vanlig i nästa alla genetiska grupper och har måttlig effekt på transmission.

## 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 (1)

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 sedan vecka 45 (2020) - 14 (2021).
B.1.1.7	Virusvariant av särskild betydelse	N501Y, D614G	Storbritannien	sep-20	Dominerande	27863
B.1.1.7+E484K	Virusvariant av särskild betydelse	E484K, N501Y, D614G	Storbritannien	dec-20	Utbrott	49
B.1.351	Virusvariant av särskild betydelse	K417N, E484K, N501Y, D614G	Sydafrika	sep-20	Samhällsspridning	1043
P.1	Virusvariant av särskild betydelse	K417T, E484K, N501Y, D614G	Brasilien	dec-20	Samhällsspridning	46
B.1.525	Virusvariant av intresse	E484K, D614G, Q677H	Nigeria	dec-20	Samhällsspridning	9
B.1.427/B.1.429	Virusvariant av intresse	L452R, D614G	USA	sep-20	Sporadiska fall/resekopplade	5
P.3	Virusvariant av intresse	E484K, N501Y, D614G	Filippinerna	jan-21	Sporadiska fall/resekopplade	0
B.1.616	Virusvariant av intresse	V482A, D614G, H655Y, G669S	Frankrike	feb-21	Ett utbrott	0
B.1.617.1/ B.1.617.3	Virusvariant av intresse	L452R, E484Q, D614G	Indien	okt-21	Utbrott	1
B.1.617.2	Virusvariant av intresse	L452R, T478K, D614G	Indien	dec-20	Sporadiska fall/resekopplade	1
B.1.620	Virusvariant av intresse	S477N, E484K, D614G	Påvisats i flera länder samtidigt	feb-21	Utbrott	0
B.1.621	Virusvariant av intresse	R346K, E484K, N501Y, D614G	Colombia	Jan-21	Sporadiska fall/resekopplade	0

## Övervakning av virusvarianter av särskild betydelse

Idag övervakas fyra virusvarianter av särskild betydelse;

B.1.1.7 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. 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 sannolikt har denna variant introducerats i Sverige genom ett flertal oberoende smittkedjor.

B.1.1.7 med mutation E484K i spikeproteinet 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 fallet påvisades i Sverige vecka 8 2021.

B.1.351 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. Studier visar att den experimentellt neutraliseras sämre av antikroppar efter infektion och vaccination samt av vissa monoklonala antikroppar (antikroppar som används för behandling). Första fallet av B.1.351 i Sverige var en resenär från Sydafrika vecka 52, 2020.

P.1 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 fallet av P.1 i Sverige påvisades vecka 4, 2021.

Se appendix tabeller 3-6 för antal fall per vecka av dessa virusvarianter av särskild betydelse under vecka 1-14, 2021.

## Övervakning av virusvarianter av intresse

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

B.1.525, B.1.427, B.1.429, P.3, B.1.616, B.1.617.1, B.1.617.2, B.1.617.3, 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 av SARS-CoV-2 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. Dessa analyser 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.

I början av februari fick Folkhälsomyndigheten ett regeringsuppdrag ”Uppdrag att utöka nationell övervakning av varianter av SARS-CoV-2” (S2021/01102). Detta medförde att övervakningsprogrammet skalades upp och har som mål att under 2021 helgenomsekvensera minst 10 procent av prover positiva för SARS-CoV-2 genom ett slumpvist urval av prov från både sjukhusvårdade covid-19-patienter (5 procent) samt patienter från öppenvården/samhället (95 procent). Vidare samlas prov in vid misstanke om reinfektion, genombrottsinfektion samt från resenärer som vistats utomlands, vaccinationsgenombrott och från sentinelprovtagningen.

# 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

Från och med 2020-04-02 uppmanas kliniska mikrobiologiska laboratorier att skicka in 5-10 prover per månad för helgenomsekvensering av SARS-CoV-2 arvs massa vid Folkhälsomyndigheten. Från och med 2021-01-21 utökades detta program till att innefatta 10 procent av de positiva provsvaren för SARS-CoV-2. Utöver denna provinsamling inkluderas prover vid misstanke om reinfektion, genombrottsinfektion samt från resenärer som vistats utomlands, vaccinationsgenombrott och från sentinelprovtagningen.

Under perioden vecka 49, 2020 till vecka 4, 2021 pågick en riktad insats för att identifiera om resenärer var smittade med den genetiska gruppen B.1.1.7. Under denna period genomfördes PCR-screening med efterföljande sekvensering vid reseanamnes från länder där B.1.1.7 hade hög spridning. Utöver detta, skedde även utökad provtagning i samhället vid misstanke om smitta och utökad provtagning i vissa regioner. Dessa data är inkluderade i perioderna vecka 45-53 samt vecka 1-4. Under vecka 1-4 sekvenserades nästan enbart prover med reseanamnes, prover med sannolik B.1.1.7 som selekterats med SGTf-mönster från PCR-diagnostiken (ett diagnostiskt test som påvisar en viss mutation talande för B.1.1.7) samt prover som tagits för att särskilt påvisa B.1.1.7. Därmed är fynden under perioden missvisande för det övergripande epidemiologiska läget och tabeller och figurer över denna period får tolkas med detta i åtanke. Veckorna 45-53 är även de separerade i en egen graf, då skillnaden i mängd sekvenserade prover är så stor att en direkt jämförelse med vårens sekvensering blir svåranalyserad.

För perioden vecka 45-53, 2021 har 753 prover sekvenserats. Sekvenser publicerade i GISAID vid datum för rapporten är inkluderade. Samtliga sekvenser med provtagningsdatum och klassificering enligt pangolin ingår i analysen. För

perioden vecka 1-4 sekvenserades 3 686 prover, se tabell 2 varav 3399 godkända sekvenser motsvarande 92% av proverna, se tabell 2 i appendix. Veckorna 5-14 sekvenserades 39 181 prover, se tabell 2 varav 33820 godkända sekvenser motsvarande 86% av proverna, se tabell 2 i appendix. Samtliga prover mellan vecka 1 och vecka 14 med godkända kvalitetskrav inkluderades, baserat på data insamlad av det nationella programmet GENSAM.

För visualisering är varje period grupperad med fem genetiska grupper, de fyra vanligast förekommande samt kategorin övrigt som inkluderar resterande. Totalt påvisades 840 olika genetiska grupper (enligt pangolin) under perioden vecka 45 (2020) till vecka 14 (2021) som rapporten omfattar.

Antalet fall av olika genetiska grupper publicerade i denna rapport kan skilja sig något 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 37 972 sekvenser. De flesta (90 procent) är från prover tagna under perioden vecka 5-14. Tabell 2 beskriver veckovis antal sekvenserade prover, antal fall (PCR-positiva) samt den andel av prover som sekvenserats. I tabell 2 i appendix redovisas antalet prover som har godkända sekvenser för analys.

Tabell 2. Antal fall samt antal sekvenserade över perioden vecka 45 – 14.

<b>Vecka</b>	<b>Antal fall</b>	<b>Antal Sekvenserade</b>	<b>Procent Sekvenserade</b>
45	28450	46	0,2
46	30099	26	0,1
47	34493	62	0,2
48	35308	78	0,2
49	38766	23	0,1
50	42938	107	0,2
51	47397	86	0,2
52	41342	291	0,7
53	17458	34	0,2
1	34613	342	1,0
2	34081	491	1,4
3	23613	1255	5,3
4	19790	1598	8,1
5	21116	2650	12,5
6	20342	3308	16,3
7	22761	4296	18,9
8	26167	4650	17,8
9	27714	4648	16,8
10	27551	5599	20,3
11	31665	4872	15,4
12	35792	4111	11,5
13	40188	3088	7,7
14	37223	1959	5,3

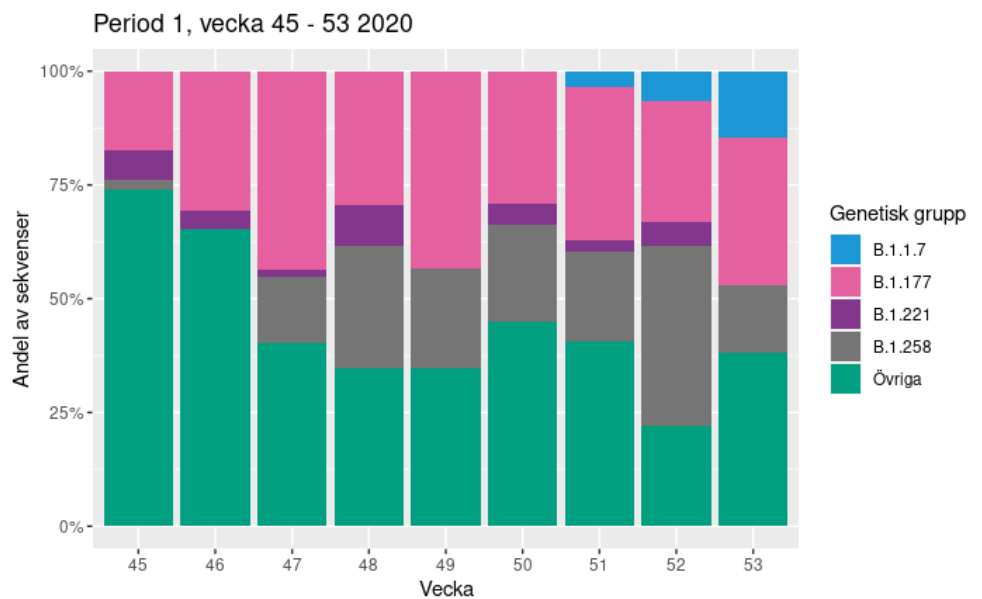
## Fördelning av genetiska grupper under vecka 45-53

För den sekvensdata som finns tillgänglig för perioden vecka 45 till 53 ser vi ett tydligt mönster med tre dominerande grupper; B.1.160, B.1.177 (och dess undergrupper) samt B.1.258 (och dess undergrupper), se figur 1. Under vecka 49-53 antas selektion av SGTF-positiva prover för sekvensering ha medfört att även

fler prover med B.1.258 sekvenserades eftersom denna genetiska grupp liksom B.1.1.7 har deletion i position 69-70 i spikegenen.



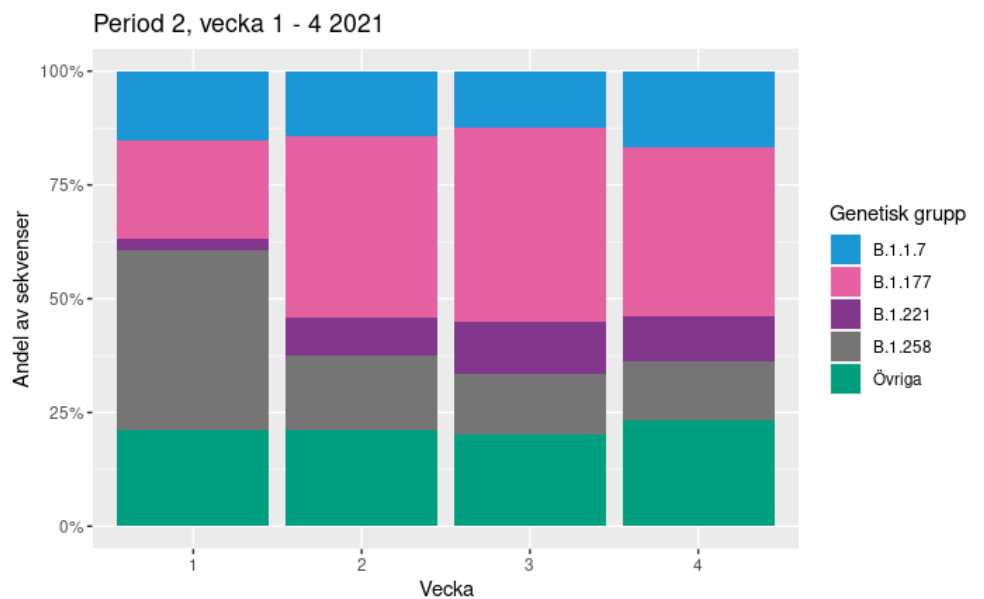
Figur 1. Fördelningen av genetiska grupper under vecka 45–53.



## Fördelning av genetiska grupper vecka 1-4

Under perioden vecka 1-4 fokuserade urvalet till sekvensering på SGTF-positiva prover samt prover från individer med reseanamnes och smitta med koppling till reseanamnes. Detta gör att data inte är representativa för den allmänna smittspridningen. B.1.258 och B.1.1.7 är sannolikt överrepresenterade och även varianter kopplade till utlandsvistelse kan vara överrepresenterade i materialet. Under perioden ser man hur B.1.1.7 konsekvent påvisades samt hur den i föregående period dominerande genetiska gruppen B.1.177 fortsatt bidrog till nya fall, se figur 2.

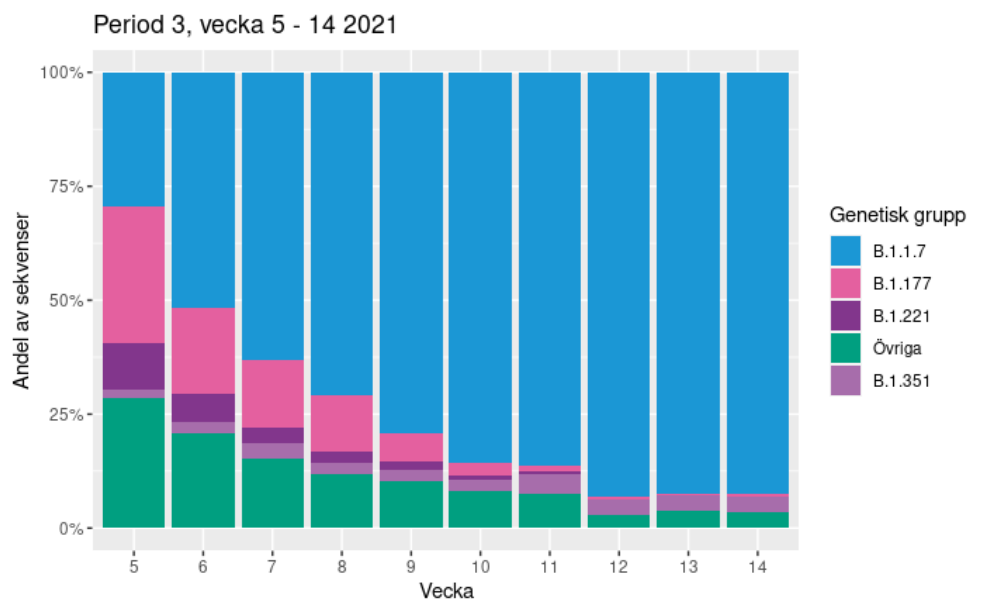
Figur 2. Fördelningen av genetiska grupper under vecka 1-4.



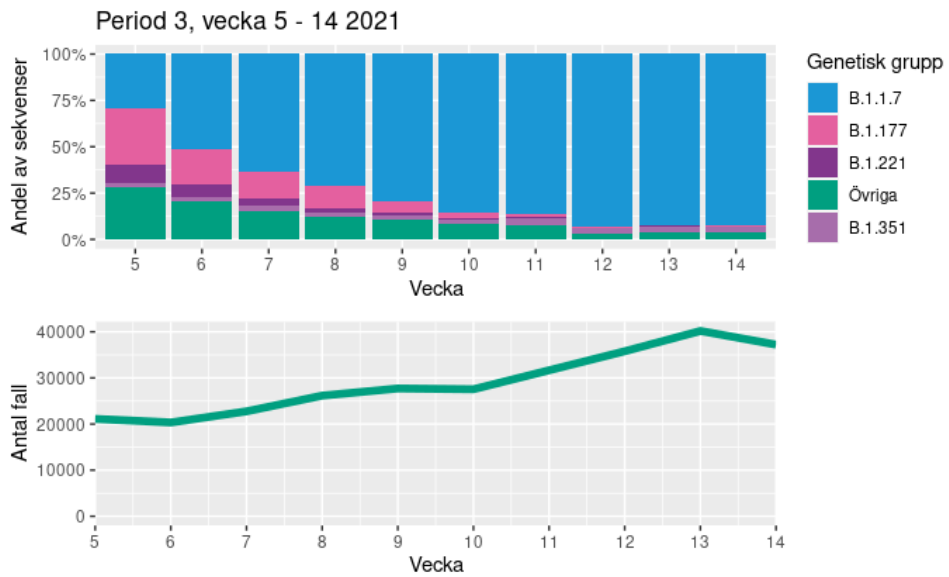
## Fördelning av genetiska grupper vecka 5 -14

Övervakningsprogrammet utökades för att inkludera minst 10 procent av de positiva proverna från och med vecka 5. Mellan vecka 5 och 12 sekvenserades 11-20 procent av de positiva proverna, för vecka 13-14 sjunker andelen sekvenserade positiva prover eftersom det tar några veckor från provtagning till färdig analys av helgenomsekvensering. Man ser en kraftig ökning av den genetiska gruppen B.1.1.7, som tränger undan de tidigare cirkulerande varianterna, se figur 3. Under perioden påvisas en låg men konstant andel av B.1.351.

Figur 3. Fördelningen av genetiska grupper under vecka 5-14.



Figur 4. Den övre delen av figuren visar fördelningen av genetiska grupper per vecka i sekvenserade prover inom det nationella övervakningsprogrammet vecka 5-14. Den undre delen av figuren visar det totala rapporterade antalet nya fall av SARS-CoV-2 i Sverige under motsvarande veckor.



## Diskussion

Under slutet av 2020 och början av 2021 fortsatte de genetiska grupper som dominerande i rapport 3 att cirkulera. Stora och väl etablerade grupper som B.1.177, B.1.258 samt B.1.221 (samtliga med undergrupper som vid det här tillfället var väl etablerade i Skandinavien) utgjorde en stor del av de sekvenserade proven. Det fanns dock en hög diversitet (totalt 51 olika genetiska grupper), se figur 1 för vecka 45-53. Under vecka 49 och fram till årets slut genomfördes en utökning av sekvenseringen för att upptäcka möjliga introduktioner av B.1.1.7, vilket även påverkade påvisning av andra genetiska grupper som bär på en markör för SGTF, huvudsakligen B.1.258. Under årets sista två veckor påvisades flera fall av B.1.1.7 kopplade till utlandsresa, men sannolikt introducerades virusvarianten även av andra resenärer där provtagning och/eller virustypning ej gjorts.

I början av 2021 genomfördes en stor uppskalning av sekvenseringen. Denna var framför allt inriktad på analys av prover med påvisad SGTF, från individer med reseanamnes eller samband med misstänkt smittspridning av B.1.1.7. Data under vecka 1 till 4 visar dock på en fortsatt stabil situation med mestadels tidigare etablerade genetiska grupper i cirkulation, se figur 2. Även under denna period förekom ett antal mindre genetiska grupper (totalt antal genetiska grupper under perioden är 87). Förekomsten av B.1.1.7 kan ses som stabil under perioden och inga stora effekter på fördelningen syns i förhållande till tidigare period.

Från vecka 5, 2021 och framåt skalas det mikrobiella övervakningsprogrammets sekvensering av SARS-CoV-2 upp ytterligare. Under veckorna 5 till 9 ökar andelen av B.1.1.7 och efter vecka 9 syns en undanträngning av samtliga andra genetiska grupper, se figur 3 för vecka 5-14. Tidsmässigt sammanfaller den ökade dominansen av B.1.1.7 med ett ökat antal påvisade fall nationellt, se figur 4. Under vecka 5 till 13 analyserades prover från 19 regioner med typnings-PCR där man ser en ökning av andelen B.1.1.7 som skedde lite olika i olika regioner (2). Trots dominansen av B.1.1.7 (medel 75 procent, vecka 5 -14) påvisas fortfarande ett stort antal andra genetiska grupper under perioden (totalt under perioden påvisas 123 olika genetiska grupper). B.1.351 utgör en låg men stabil (medel 2,9 procent, vecka 5 -14) andel av det totala antalet sekvenser och leder till ett antal mindre utbrott under perioden, trots dominansen av B.1.1.7. P.1 har sedan vecka 4 enbart påvisats hos 46 fall (medel 0,14 procent, vecka 5 -14) där bland annat resenärer från Brasilien har testats. B.1.1.7+E484K har påvisats hos 49 fall (medel 0,14procent, vecka 5-14) till vecka 14.

I Europa under vecka 14-15 utgjorde B.1.1.7 90,9 procent av sekvenserade prover, B.1.351 0,9 procent och P.1 < 0,1 procent (3). Motsvarande siffror i Sverige vecka 14 var B.1.1.7 92,7 procent, B.1.351 3,3 procent och P.1 0,1 procent. Förekomsten av varianter av särskilt intresse i Sverige speglar således hur förekomsten ser ut i Europa i stort.



# Referenser

1. SARS-CoV-2 variants of concern as of 4 May 2021 [Internet]. [cited 2021 May 7]. Tillgänglig från: [SARS-CoV-2 variants of concern as of 4 May 2021](#)
2. Vecka 13 – Statistik om SARS-CoV-2 virusvarianter av särskild betydelse [Internet]. [cited 2021 May 7]. Tillgänglig från: [Vecka 13 – Statistik om SARS-CoV-2 virusvarianter av särskild betydelse](#)
3. Joint ECDC-WHO/EURO weekly surveillance report - current issue. 2021 May 7 [cited 2021 May 7]; Tillgänglig från: [Joint ECDC-WHO/EURO weekly surveillance report](#)

# Appendix

Tabell 1. Olika namngivning av virusvarianter av särskilt intresse.

<b>Genetisk grupp enligt pangolin</b>	<b>Variant enligt GISAID</b>	<b>Variant enligt Nextstrain</b>	<b>Alternativt namn</b>
B.1.1.7	GRY/501Y.V1	20I/501Y.V1	VOC 202012/01
B.1.1.7+E484K	VUI202012/01 GRY (B.1.1.7)	20I/501Y.V1	VOC-202102/02
B.1.351	GH/501Y.V2	20H/501Y.V2	VOC 202012/02
P.1	GR/501Y.V3	20J/501Y.V3	VOC 202101/02

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

<b>Vecka</b>	<b>Antal prover</b>	<b>Antal Godkända</b>	<b>Procent godkända</b>
1	342	331	96,8
2	491	466	94,9
3	1255	1159	92,4
4	1598	1443	90,3
5	2650	2474	93,4
6	3308	2976	90,0
7	4296	3489	81,2
8	4650	3946	84,9
9	4648	3965	85,3
10	5599	4987	89,1
11	4872	4537	93,1
12	4111	3577	87,0
13	3088	2462	79,7
14	1959	1407	71,8

Tabell 3. Fördelningen av B.1.1.7 under perioden vecka 1 till 14.

<b>Vecka</b>	<b>Antal sekvenserade</b>	<b>Antal sekvenserade B.1.1.7</b>	<b>Procent av sekvenser</b>
1	331	50	15,1
2	466	66	14,2
3	1159	144	12,4
4	1443	244	16,9
5	2474	730	29,5
6	2976	1537	51,6
7	3489	2206	63,2
8	3946	2792	70,8
9	3965	3142	79,2
10	4987	4275	85,7
11	4537	3924	86,5
12	3577	3329	93,1
13	2462	2276	92,4
14	1407	1304	92,7



Tabell 4. Fördelningen av B.1.351 under perioden vecka 1 till 14

Vecka	Antal sekvenserade	Antal sekvenserade B.1.351	Procent av sekvenser
1	331	1	0,3
2	466	4	0,9
3	1159	7	0,6
4	1443	23	1,6
5	2474	50	2,0
6	2976	72	2,4
7	3489	114	3,3
8	3946	89	2,3
9	3965	88	2,2
10	4987	124	2,5
11	4537	194	4,3
12	3577	118	3,3
13	2462	84	3,4
14	1407	46	3,3

Tabell 5. Fördelningen av P.1 under perioden vecka 1 till 14

Vecka	Antal Sekvenserade	Antal Sekvenserade P.1	Procent av sekvenser
4	1443	3	0,2
5	2474	6	0,2
6	2976	4	0,1
7	3489	7	0,2
8	3946	3	0,1
9	3965	4	0,1
10	4987	5	0,1
11	4537	9	0,2
12	3577	3	0,1
13	2462	1	0,0
14	1407	1	0,1

Tabell 6. Fördelningen av B.1.1.7+E484K under perioden vecka 1 till 14

Vecka	Antal Sekvenserade	Antal Sekvenserade B.1.1.7 + E484K	Procent av sekvenser
8	3946	2	0,1
9	3965	0	0
10	4987	5	0,1
11	4537	14	0,3
12	3577	13	0,4
13	2462	15	0,6
14	1407	2	0,1

Den fjärde delen av rapportserien om genetisk karakterisering av SARS-CoV-2 i Sverige omfattar vecka 45, 2020 till vecka 14, 2021. Under denna period har övervakningsprogrammet för helgenomsekvensering av SARS-CoV-2 utökats till att omfatta 10 procent av de positiva proverna.

Under slutet av 2020 uppmärksammades nya virusvarianter av särskild betydelse. I rapporten beskrivs förekomsten av virusvarianter av särskild betydelse enligt ECDCs definition; B.1.1.7, B.1.1.7 med mutation E484K, B.1.351 samt P.1.

Under februari börjar B.1.1.7, som först beskrevs i Storbritannien, dominera i Sverige. B.1.351 som först cirkulerade i Sydafrika påvisas i 2,3 procent av proverna under vecka 1 till 14. B.1.1.7 med E484K, som utvecklats från B.1.1.7, och P.1 som upptäckts i Brasilien, är bägge ovanliga och har endast påvisats i 51 respektive 46 fall. Utöver virusvarianter av särskild betydelse redovisas andra genetiska grupper som påvisats med helgenomsekvensering under perioden.

---

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 Campusvägen 20. Box 505, 831 26 Östersund.

[www.folkhalsomyndigheten.se](http://www.folkhalsomyndigheten.se)