



Professor Kári Stefánsson, VD och grundare, deCODE genetics, är en av forskarna bakom studien som nu publicerats i New England Journal of Medicine.

2020-04-15 08:37 CEST

Amgen-bolaget deCODE genetics presenterar unik populationsstudie av covid-19 på Island

Studien kombinerar den mest intensiva allmänna screening av en population som hittills genomförts med omfattande sekvensering av viruset från alla identifierade fall för att spåra både virusmutation och spridning.

Resultaten visar på såväl effektiviteten som nödvändigheten av intensiv testning, isolering av infekterade och fysisk distans samt behovet av bredare testning för att kontrollera viruset och sjukdomen.

– Det känns oerhört värdefullt för oss på Amgen att kunna bidra med potentiellt avgörande insikter i kampen mot denna globala pandemi, säger Maria Eriksson Svensson, medicinsk chef på Amgen Sverige.

Forskare vid [deCODE genetics](#), ett helägt dotterbolag till Amgen, har tillsammans med kollegor från [Embætti landlæknis](#) (Islands hälsodirektorat) och universitetssjukhuset [Landspítali](#) publicerat en studie i ansedda New England Journal of Medicine, [Spread of SARS-CoV-2 in the Icelandic Population](#). Det är en befolkningsbaserad studie av den tidiga spridningen av SARS-Cov-2-viruset på Island i syfte att ge en så omfattande bild som möjligt av hur viruset sprider sig i population och att genomföra tidiga och intensiva test-, spårnings- och isoleringsåtgärder för att begränsa epidemin.

Resultaten visar att ungefär 0,8 procent av befolkningen i stort är smittade i nuläget med ett flertal olika virusstammar vilket stärker misstanken om att symptomfria bärare sprider sjukdomen. Detta talar för att insatserna från folkhälsosystemet varit effektiva för att mildra spridningen, men att ytterligare data, inklusive populationsscreening, kommer att vara avgörande för att informera och underbygga Islands fortsatta ansträngningar att kontrollera viruset på längre sikt.

Studien bygger på testning och en populationsscreening motsvarande över 60 000 tester per miljon invånare till och med den 4 april, stoppdatum för denna studie. Därefter har ytterligare 4 000 tester per miljoner invånare [genomförts på Island dagligen](#). (Island har en befolkning på strax över 360 000.)

Isländska hälsomyndigheter började med att testa personer som återvänt från högriskzoner (främst skidorter i Alperna) med troliga symtom i början av februari, alltså en månad innan det första fallet av SARS-Cov-2-infektion identifierades den 28 februari.

Med början den 4 april hade man med denna riktade testning av 9 199 symptomatiska individer och deras kontakter identifierat 1 221 fall. Samtliga bekräftade fall isolerades och deras kontakter spårades och placerades i hemkarantän under 14 dagar. För att komplettera testningen och ge en bild av spridningen i den allmänna befolkningen inledde deCODE den 13 mars testning av frivilliga som tecknat sig för deltagande i gratis screening. Den 1 april hade 10 797 personer screenats inom ramen för detta arbete varav 87, eller 0,8 procent, testat positivt. Från 1 april till 4 april screenades ytterligare

individer varav 13 (0,6 procent) var positiva. Analysen av de kombinerade testdata indikerar att barn och kvinnor i allmänhet är något mindre mottagliga för SARS-Cov-2-infektion än män och vuxna.

– Genom att i detalj kartlägga den molekylära epidemiologin av covid-19 på Island hoppas deCODE kunna förse världen med data som kan användas i den samlade globala insatsen för att förstå och begränsa spridningen av sjukdomen, säger Maria Eriksson Svensson.

deCODE sekvenserade viruset från 643 individer och ritade ett släkträd med de olika haplotyperna (strängar av sekvensvarianter) som hittades. Analys av sekvensdata avslöjar att haplotyperna av viruset som upptäcktes i de tidiga riktade testerna nästan uteslutande var av viral subtyp clade A2 med ursprung i Österrike och Italien som kommit in i Island med personer som återvände från skidsemester. De fall som identifierats i senare riktade tester respektive i deCODEs populationsscreening visade emellertid att olika haplotyper av A1-clade som är vanligt förekommande ibland annat Storbritannien hade blivit vanligare och att det nu finns en bred och växande variation av haplotyper i befolkningen.

Detta talar för att viruset kom in i Island från många länder, även sådana som då bedömdes vara lågriskländer. När forskarna publicerade sin artikel hade 291 mutationer hittats i landet som inte har identifierats någon annanstans. Att sekvensera viruset gör det möjligt att mer specifikt spåra kontakterna och ytterligare infektioner som kommer från bekräftade fall. Dessa uppgifter, och det faktum att majoriteten av nya infektioner kommer från dem som redan finns i karantän, understryker den generella effektiviteten av folkhälsoinsatser för att spåra och isolera dessa kontakter och ytterligare kontrollera spridningen av viruset.

– För att böja kurvan för denna pandemi så snabbt som möjligt behöver vi vetenskapligt noggrann information om hur covid-19 sprider sig i samhällen, säger Maria Eriksson Svensson. Jag tror att deCODEs snabba respons på denna nödsituation och de insikter man bidragit med kommer att ge resten av världen en starkare vetenskaplig grund för det fortsatta folkhälsoarbetet.

För ytterligare information, vänligen kontakta:

[Maria Eriksson Svensson](#), medicinsk chef, Amgen, tel: 076–109 94 40

Om Amgen

Alltsedan grundandet 1980 har Amgen varit en pionjär inom bioteknologi. Amgens strävan är att bekämpa allvarliga sjukdomar genom att ständigt expandera potentialen av biologiska läkemedel. Med utgångspunkt i en djupgående förståelse för humangenetiken och den mänskliga biologins grundläggande mekanismer söker Amgen identifiera nya viktiga signalvägar som kan ligga till grund för innovativa behandlingar för svårt sjuka personer. Läs mer på Amgen.se

Om deCODE genetics

Baserat i Reykjavik, Island, är deCODE en världsledande aktör när det gäller att analysera och förstå det mänskliga genomet. Genom sin unika expertis inom mänsklig genetik i kombination med växande kunskaper inom transkriptomik och populationsproteomik och stora mängder fenotypiska data har deCODE upptäckt riskfaktorer för dussintals vanliga sjukdomar och tillhandahållit avgörande insikter om deras patogenes.

deCODE använder sin förståelse av sjukdomens genetik för att skapa nya sätt att diagnostisera, behandla och förebygga sjukdomar. deCODE är ett helägt dotterbolag till Amgen. Läs mer på deCODE.com

Kontaktpersoner



Karin Järperud

Presskontakt

VD

karin.jarperud@amgen.com

+46 722002532



Sandra Eketorp Sylan

Presskontakt

Medicinsk chef

sandra.eketorp.sylvan@amgen.com

+46 70 433 5791