

**Analiza epidemiologică a primelor 136 de cazuri de COVID-19
din România confirmate cu noi variante ale SARS-CoV-2
22 februarie 2021**

Preambul

Așa după cum menționa ECDC în Evaluările Rapide de Risc (RRA) din luna decembrie a anului 2020, precum și din ianuarie-februarie, anul 2021, cu referire la riscul legat de răspândirea de noi variante ale SARS-CoV-2 în EU/EEA, virusurile se modifică constant prin mutații, iar variații ale virusului SARS-CoV-2, datorită evoluției și proceselor de adaptare, au fost observate în întreaga lume. Însă, în timp ce majoritatea mutațiilor emergente nu vor avea un impact semnificativ asupra răspândirii virusului, unele mutații sau combinații de mutații îi pot oferi virusului un avantaj selectiv, cum ar fi transmisibilitatea crescută sau capacitatea de a se sustrage răspunsului imun al gazdei. Variantele SARS-CoV-2 care determină în prezent îngrijorare (VOC) sunt următoarele:

- **VOC 202012/01 (B.1.1.7)** care a fost identificată pentru prima dată ca fiind îngrijorătoare în sudul Regatului Unit (Marea Britanie) în decembrie 2020, iar prima probă în care a putut fi identificată a fost confirmată cu COVID-19 în septembrie 2020;
- **501Y.V2 (B.1.351)** care a fost identificată pentru prima dată în Africa de Sud, în decembrie 2020;
- **P.1** identificată inițial doar în Brazilia.

În RRA din 15 februarie 2021, ECDC atrăgea atenția că datorită transmisibilității crescute, dovezilor de severitate crescută și potențialului ca vaccinurile existente anti-COVID-19 autorizate să fie parțial sau semnificativ mai puțin eficiente față de o variantă care ridică îngrijorare (VOC), combinată cu probabilitatea mare ca proporția cazurilor cauzate de B.1.1.7 (și posibil și B.1.351 și P.1) să crească, **riscul asociat cu răspândirea în continuare a VOC-urilor SARS-CoV-2 în EU / EEA este în prezent evaluat ca fiind mare până la foarte mare pentru populația generală și foarte mare pentru persoanele vulnerabile**, că varianta B.1.1.7 pare a fi mai transmisibilă decât tulpinile care au predominat anterior în circulație și poate provoca infecții mai severe, precum și asupra faptului că

ridicarea prematură a măsurilor va duce la o creștere rapidă a ratelor de incidență, a numărului de cazuri severe și a mortalității.

Extrase din toate RRA ale ECDC au fost postate pe site-ul INSP-CNSCBT <http://www.cnscbt.ro/index.php/evaluare-de-risc> .

Ca urmare a intrării în circulație, în România, a noii variante UK - Linia genetică B.1.1.7 (Varianta VOC_202012/01) și a posibilității intrării în circulație și a altor noi variante, devine evidentă necesitatea realizării de secvențieri ale căror rezultate să fie comunicate DSP-urilor și CNSCBT în timp cât mai scurt, în vederea declanșării rapide a investigației epidemiologice.

Analiza epidemiologică descriptivă a cazurilor confirmate cu noi variante ale SARS-CoV-2

1. Numărul de secvențieri comunicate la CNSCBT și rata de confirmare cu VOC

Până în prezent, în anul 2021 au fost comunicate la CNSCBT **499** secvențieri finalizate în săptămânile 53/2020-07/2021, respectiv până la data de 21 februarie 2021 inclusiv, dintre care **136** au fost confirmate cu VOC 202012/01 (linia genetică B.1.1.7). Aceasta corespunde unei rate de confirmare de **27,3%**. Până la data menționată nu au fost detectate alte variante ale SARS-CoV-2 care determină îngrijorare (VOC).

Rezultatele secvențierilor menționate ne-au fost comunicate de **4 laboratoare**, așa după cum se poate observa în Tabel I:

- INCDMM Cantacuzino;
- INBI Bals;
- MedLife;
- Universitatea “Ștefan cel Mare” Suceava (USV)

Tabel I

Numărul de cazuri cu secvențiere, numărul de cazuri confirmate cu B.1.1.7 și rata de confirmare, la total și pe laboratoare, România, S 53/2020 - S 07/2021

Laborator	Număr cazuri cu secvențiere	Număr cazuri confirmate cu B.1.1.7	Rata de confirmare (%)
INCDMM Cantacuzino	59	12	20.3
INBI BALS	42	31	73.8
MEDLIFE	319	79	24.8
USV	79	14	17.7
Total	499	136	27.3

În Fig.1 se poate observa evoluția numărului de cazuri confirmate cu B.1.1.7 după săptămâna în care a fost finalizată secvențierea.

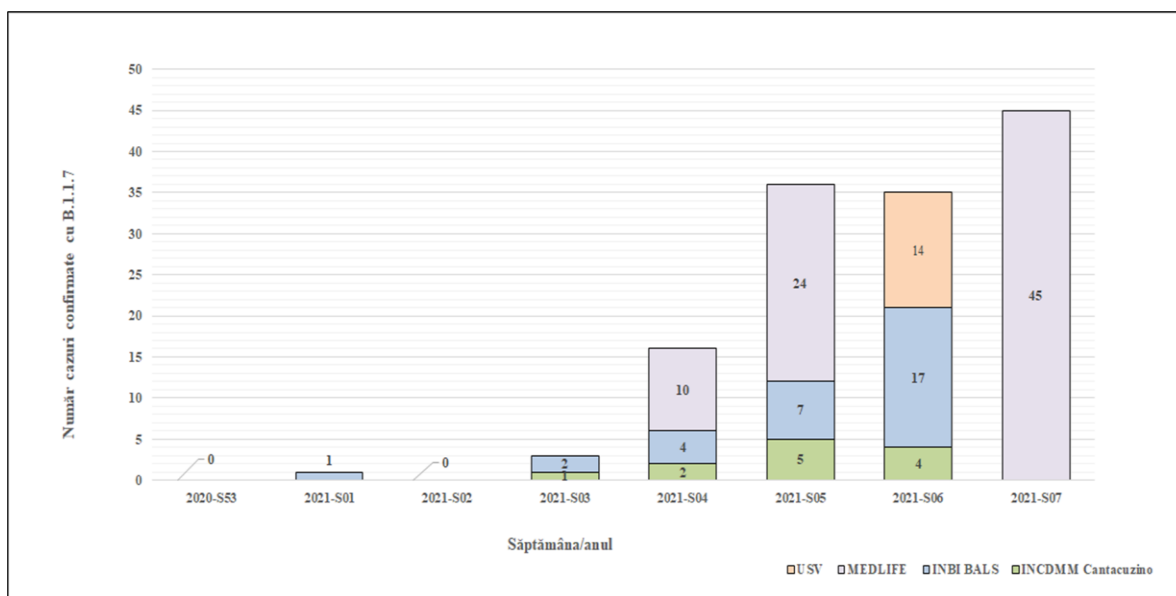
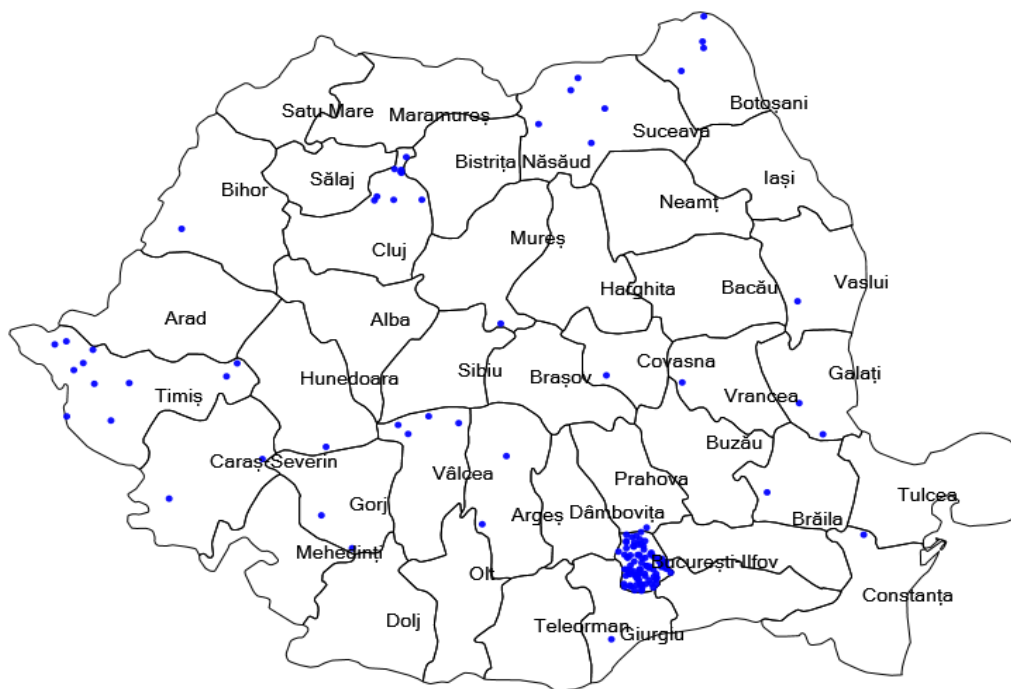


Fig.1. Evoluția săptămânală a numărului de cazuri confirmate cu B.1.1.7, la total și pe laboratoare, România, S 53/2020-S07/2021 (n=136)

2. Distribuția cazurilor confirmate cu varianta B.1.1.7 după județul de apartenență

Cele 136 de cazuri confirmate cu varianta B.1.1.7 au provenit din următoarele județe (Fig.2): Argeș (2), mun.București (80), Bihor (1), Brăila (1), Botoșani (4), Caraș-Severin (2), Cluj (9), Constanța (1), Covasna (1), Galați (2), Giurgiu (1), Gorj (2), Hunedoara (1), Ilfov (5), Mureș (1), Prahova (1), Suceava (5), Timiș (11), Vâlcea (4), Vrancea (1), Vaslui (1).

Faptul că pentru jumătate dintre județe, provenind din toate regiunile țării, există evidențe de existență a cazurilor confirmate cu varianta B.1.1.7, denotă o răspândire extinsă și o probabilitate mare de a cuprinde întreg teritoriul țării în viitorul apropiat.



Legenda

1 punct = 1 caz

Fig.2. Distribuția cazurilor confirmate cu B.1.1.7 după județul de apartenență, România, S 53/2020-S07/2021 (n=136)

3. Distribuția pe grupe de vârstă și sexe a cazurilor confirmate cu varianta B.1.1.7

Cele mai multe cazuri confirmate s-au înregistrat la grupa de vârstă 45-54 ani, așa cum se poate observa în Fig.3. Marea majoritate a cazurilor (95,6%) au avut vârsta mai mare de 25 de ani.

Au fost înregistrate 2 cazuri cu vârsta sub 1 an, ambii copii provenind din focare familiale de COVID-19.

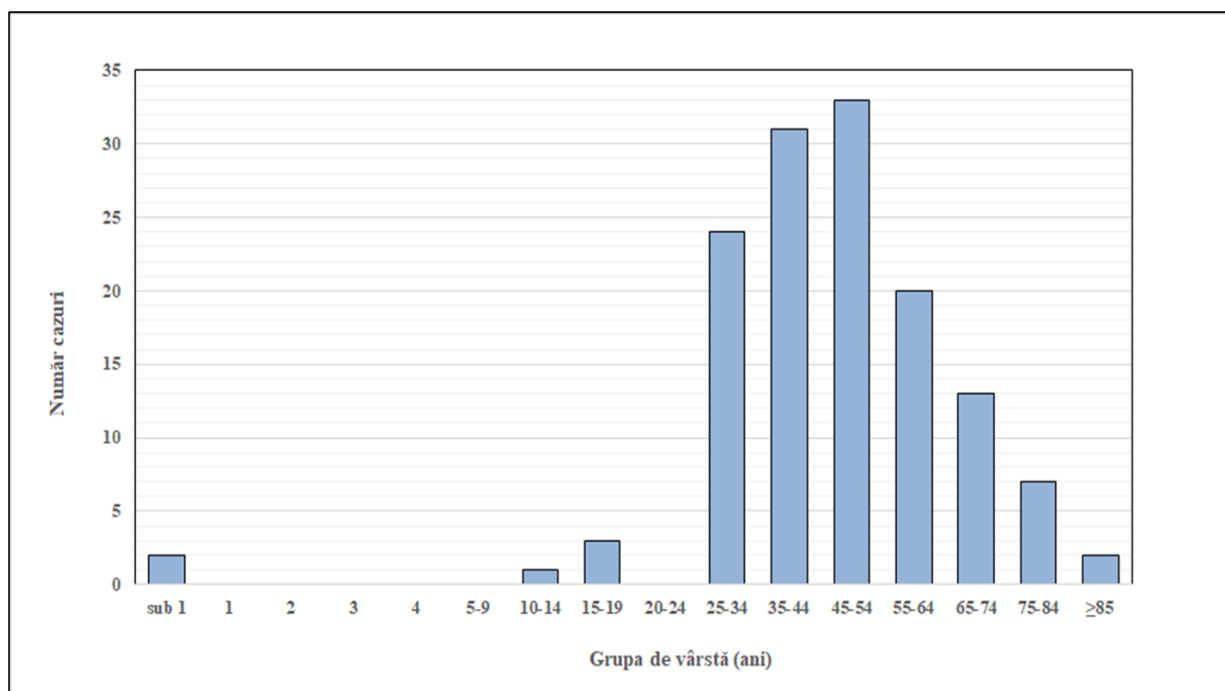


Fig.3. Evoluția pe grupe de vârstă OMS a numărului de cazuri confirmate cu B.1.1.7, România, S 53/2020-S07/2021 (n=136)

Referitor la distribuția pe grupe de vârstă și sexe reprezentată în Fig.4, se observă un număr evident mai mare de cazuri la sexul masculin (M) la 55-64 de ani, respectiv la sexul feminin (F) la 25-34 de ani. Prin aceasta nu se poate concluziona că varianta B.1.1.7 este mai frecventă la bărbații din grupa de vârstă 55-64 de ani, respectiv la femeile din grupa de vârstă 25-34 de ani, ci doar că acestea sunt datele valabile pentru grupul de cazuri analizat, cazuri care nu provin dintr-un screening sistematic.

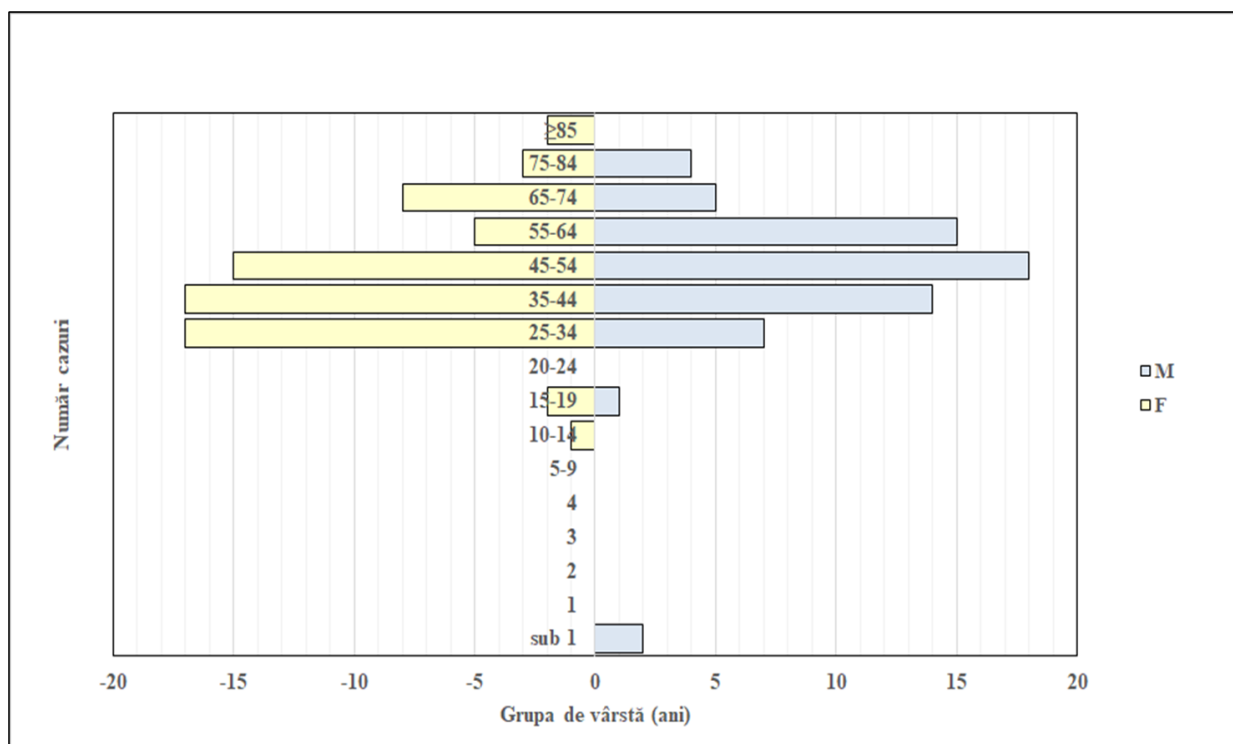


Fig.4. Evoluția pe grupe de vârstă OMS și sexe a numărului de cazuri confirmate cu B.1.1.7, România, S 53/2020-S07/2021 (n=136)

4. Distribuția cazurilor confirmate cu varianta B.1.1.7 după tipul de legătură epidemiologică

În urma anchetelor epidemiologice realizate, direcțiile de sănătate publică județene și a mun.București (DSP) nu au menționat nicio legătură epidemiologică identificată pentru 77 de cazuri (57%).

Călătoria în Regatul Unit al Marii Britanii și Irlandei de Nord a fost menționată pentru numai 5 cazuri (4%).

Patruzeci și nouă de cazuri (36%) au avut contact cu cazuri confirmate cu noua variantă B.1.1.7 și au fost parte componentă a unor focare familiale sau de colectivitate.

Un caz a fost încadrat ca infecție asociată asistenței medicale (IAAM), locul probabil al transmiterii fiind spitalul.

Pentru 2 cazuri contactul probabil a avut loc în familie, respectiv la locul de muncă (sursa probabilă nu fusese investigată prin secvențiere).

De la 2 cazuri nu au putut fi obținute informații din cauza refuzului, respectiv a imposibilității contactării telefonice a persoanei.

Proporția cea mai mare fiind a cazurilor la care nu a putut fi identificată nicio legătură epidemiologică, acest fapt denotă circulația deja intensă a variantei B.1.1.7 a SARS-CoV-2 în comunitate.

Concluzii:

- Varianta SARS-CoV-2 linia genetică B.1.1.7 circulă deja în jumătate din județele țării și există o probabilitate mare de a cuprinde întreg teritoriul României în viitorul apropiat.
- Sunt necesare eforturi conjugate pentru realizarea secvențierilor și comunicarea rezultatelor la DSP și CNSCBT cât mai curând după finalizarea investigațiilor de laborator, în vederea realizării rapide a anchetelor epidemiologice și a instituirii măsurilor necesare față de cazuri și contacți, având în vedere transmisibilitatea crescută a acestei variante și, conform ultimelor evidențe sosite dn UK, severitatea mai mare a bolii pe care o generează la vârstnici.

Analiză realizată de

Dr.Odette Popovici