

## **Проследяване на появата и разпространението на COVID-19 с помощта на резултатите от секвенирането на генома на вируса**

Резюме на представянето на Sam Lycett по време на семинара 'SARS-CoV-2 / COVID-19'.

Филогенетичните анализи от секвенирането на SARS-CoV-2 показват, че вирусът е много подобен на SARS, но също така и на редица други бета-коронавируси, идентифицирани първоначално при прилепите. Ние можем да стигнем до тези заключения благодарение на резултатите от секвенирането на вируса, които бяха споделени глобално в публично достъпната база данни GISAID (<https://www.gisaid.org>). През януари и февруари повечето депозирани последователности бяха изолирани в Азия, но през последните седмици наблюдаваме нарастващ брой от Европа и Северна Америка.

Изолираните последователности на SARS-CoV-2 са много сходни една с друга, но се наблюдават няколко мутации между различните изолати. Въпреки че не очакваме тези мутации да засегнат вирулентността, ние можем да ги използваме за проследяване разпространението на епидемията.

Изграждайки времево филогенетично дърво на базата на всички налични последователности, ние можем да изчислим, че вирусът датира от ноември 2019 г. Същото дърво показва, че вирусът е бил внесен във Великобритания многократно, като клъстери на зараза са били разпространени при всяко внасяне. Също така можем да видим ясни клъстери в последователностите, идващи от различни континенти; например, последователностите от Европа са много по-сходни помежду си, отколкото последователностите от Океания.

Тези данни могат да бъдат нанесени върху картата на света, която показва, че през януари и февруари епицентърът на вирусното разпространение е бил в Азия, разпространявайки се към Европа, Австралия и Северна Америка. С течение на времето обаче епицентърът се е преместил в Европа, разпространявайки се към Южна Америка и другаде.

С набирането на повече данни за последователността на вируса може да успеем да изведем повече подробности за неговото разпространение, като например да изчислим разликите в  $R_0$  (репродуктивно число) между различните страни и континенти. От своя страна това може да помогне за идентифицирането на стратегии за намеса, които са били най-ефективни.