

使用序列数据跟踪 COVID-19 的出现和传播

Sam Lycett 在 SARS-CoV-2 / COVID-19 研讨会上的演讲摘要。

对 SARS-CoV-2 序列的系统发生分析表明，该病毒的序列与 SARS 非常相似，也与先前在蝙蝠中鉴定出的多种 β -冠状病毒相似。我们能够推断出这些关系，这要归功于病毒测序数据的共享。这些数据在 GISAID 数据库 (<https://www.gisaid.org>) 上全球共享。目前收集的数据表明：一月和二月，大多数分离出的病毒序列主要来自亚洲；最近几周，来自欧洲和北美的数量有所增加。

虽然收集到的 SARS-CoV-2 序列彼此非常相似，但是我们确实看到了采集的病毒之间的一些突变。虽然我们不期望这些突变会影响毒力病毒的致病性，但是我们可以使用它们来追踪流行病的传播。

根据目前收集到的病毒序列构建时间尺度的系统发生树，我们可以估计该病毒的起源是 2019 年 11 月。同时，该分析显示了此病毒多次引入英国，并且每次引入都产生了大规模的扩散。我们还可以看到病毒的序列在各大洲中有明显的区域性；例如，在欧洲分离出的病毒序列相比大洋洲的序列更加相似。

这些数据同时也可以结合地理位置进行分析。该结果表明，在一月和二月，病毒传播的重心在亚。然后扩散到进入欧洲，澳大利亚和北美。但是，随着时间的流逝，病毒的感染震中转移到了欧洲，并扩散到了南美和其他地方。

随着我们收集更多的病毒序列数据，我们也许能够推断出更多有关病毒传播的详细信息。例如估计不同国家和大洲之间的 R_0 差异。同时，这可能也有助于表明哪种干预策略最有效。