

Praćenje pojave i širenja COVID-a 19 putem sekvencioniranja

Sažetak prezentacije Sam Lycett-a sa SARS-CoV-2/COVID-19 radionice.

Filogenetske analize sekvenci SARS-CoV-2 pokazuju da je virus vrlo sličan SARS-u, ali također i raznim drugim beta-korona virusima prethodno identificiranim u šišmišima. U mogućnosti smo uspostavljati ovakve srodnosti zahvaljujući sekvencama virusnih genoma, koje se globalno objavljuju u javno dostupnoj bazi podataka GISAID (<https://www.gisaid.org>). Tijekom siječnja i veljače, većina pohranjenih sekvenci bila je izolirana u Aziji, ali zadnjih tjedana, povećava se broj sekvenci iz Europe i Sjeverne Amerike.

Genomske sekvence SARS-CoV-2 su međusobno vrlo slične, ali vidimo nekoliko mutacija između zemljopisno razdvojenih uzoraka. Iako ne očekujemo da ove mutacije utječu na virulentnost, možemo ih koristiti za praćenje širenja epidemije.

Izradom vremenski srazmjernog filogenetskog stabla od svih dostupnih sekvenci, možemo procijeniti da se virus javio u prosincu 2019. Isto stablo ukazuje da je virus unesen u Ujedinjeno Kraljevstvo u više navrata, s grupacijam koje su se širile dalje nakon svakog unosa. Također vidimo jasne grupacije sekvenci koje dolaze s različitih kontinentata; npr. sekvence iz Europe puno više nalikuju jedna drugoj nego sekvencama iz Oceanije.

Ove podatke možemo porediti s kartom svijeta, što pokazuje da je epicentar virusnog širenja u siječnju i veljači bio iz Azije u Europu, Australiju i Sjevernu Ameriku. No s vremenom, epicentar se premjestio u Europu, šireći se dalje u Južnu Ameriku i drugdje.

Daljnijim sakupljanjem sekvenci, mogli bismo biti u mogućnosti doznati još više detalja o širenju virusa, kao npr. procjene razlika R_0 između zemalja i kontinenata. Za uzvrat, to bi moglo pokazati koje intervencijske strategije su bile najučinkovitije.