

## **Suivi de l'émergence et de la propagation de la COVID-19 à l'aide de données de séquence**

Un résumé de la présentation de Sam Lycett au séminaire sur SARS-CoV-2 / COVID-19.

Les analyses phylogénétiques des séquences du SARS-CoV-2 montrent que le virus est très similaire au SARS-CoV, mais aussi à une grande variété d'autres bêta-coronavirus précédemment identifiés chez les chauves-souris. Nous avons pu déduire ces relations grâce aux données de séquençage viral, partagées à l'échelle mondiale sur la base de données GISAID qui est accessible au public (<https://www.gisaid.org>). En janvier et février, la plupart des séquences déposées étaient isolées en Asie, mais au cours des dernières semaines, nous avons observé un nombre croissant de séquences venant d'Europe et d'Amérique du Nord.

Les différentes séquences du SARS-CoV-2 sont très similaires, mais nous avons constaté quelques mutations entre les isolats. Même si nous supposons que ces mutations n'affectent pas la virulence, nous pouvons les utiliser pour suivre la propagation de l'épidémie.

En construisant un arbre phylogénétique sur une échelle de temps à partir de toutes les séquences disponibles, nous estimons que le virus est apparu en novembre 2019. Le même arbre indique que le virus a été introduit au Royaume-Uni à plusieurs reprises, créant des foyers de propagation à chaque introduction. Nous pouvons aussi clairement voir des foyers dans les séquences provenant de différents continents ; par exemple, les séquences d'Europe sont beaucoup plus similaires entre elles qu'aux séquences d'Océanie.

Ces données peuvent être superposées sur une carte du monde, qui montre qu'en janvier et février, l'épicentre de la propagation virale était en Asie, se répandant vers l'Europe, l'Australie et l'Amérique du Nord. Cependant, au fil du temps, l'épicentre s'est déplacé vers l'Europe, se propageant vers l'Amérique du Sud et d'autres régions.

Au fur et à mesure que nous recueillons des données de séquence, nous pouvons obtenir plus de détails sur la propagation du virus, comme l'estimation des différences de  $R_0$  entre les différents pays et continents. Cela pourrait aider à déterminer quelles stratégies d'intervention sont les plus efficaces.