

Eine Zusammenfassung von Sam Lycetts Präsentation auf dem SARS-CoV-2 / COVID-19-Workshop.

Phylogenetische Analysen von SARS-CoV-2-Sequenzen zeigen, dass das Virus SARS sehr ähnlich ist, aber auch einer Vielzahl anderer Beta-Coronaviren, die zuvor bei Fledermäusen identifiziert wurden. Wir können diese Beziehungen dank viraler Sequenzierungsdaten ableiten, die global in der öffentlich zugänglichen GISAID-Datenbank (<https://www.gisaid.org>) geteilt werden. Im Januar und Februar wurden die meisten hinterlegten Sequenzen in Asien isoliert, aber in den letzten Wochen haben wir eine zunehmende Anzahl aus Europa und Nordamerika gesehen.

SARS-CoV-2-Sequenzen sind einander sehr ähnlich, aber wir sehen einige Mutationen zwischen Isolaten. Obwohl wir nicht erwarten, dass diese Mutationen die Virulenz beeinflussen, können wir sie verwenden, um die Ausbreitung der Epidemie zu verfolgen.

Wenn wir aus allen verfügbaren Sequenzen einen zeitskalierten phylogenetischen Baum erstellen, können wir den Ursprung des Virus auf November 2019 datieren. Dieser Baum zeigt außerdem, dass das Virus mehrmals in Großbritannien eingeschleppt wurde, wobei sich Cluster von jeder Einführung ausbreiteten. Wir können auch klare Cluster in den Sequenzen sehen, die von verschiedenen Kontinenten kommen; z. B. sind die Sequenzen aus Europa einander viel ähnlicher als die Sequenzen aus Ozeanien.

Diese Daten können einer Weltkarte überlagert werden, die zeigt, dass im Januar und Februar das Epizentrum der Virusausbreitung von Asien nach Europa, Australien und Nordamerika war. Im Laufe der Zeit ist das Epizentrum jedoch stattdessen nach Europa gezogen von wo es sich nach Südamerika und anderswo ausgebreitet hat.

Durch Sammeln von weiteren Sequenzdaten, können wir möglicherweise mehr Details über die Ausbreitung des Virus ableiten, z. B. die Schätzung der Unterschiede in  $R_0$  zwischen verschiedenen Ländern und Kontinenten. Dies kann wiederum dazu beitragen, zu zeigen, welche Interventionsstrategien am effektivsten waren.

Schaue Sam's talk