

Urmărirea apariției și răspândirii COVID-19 folosind date de secvență ARN

Un rezumat al prezentării lui Sam Lycett la seminarul SARS-CoV-2 / COVID-19.

Analizele filogenetice ale secvențelor ARN ale virusului SARS-CoV-2 arată că este foarte similar cu SARS, dar și cu o varietate de alte beta-coronavirusuri identificate anterior în lilieci. Putem deduce aceste relații grație datelor de secvențiere virală, care sunt împărtășite la nivel global prin baza de date cu acces public GISAID (<https://www.gisaid.org>). De-a lungul lunilor ianuarie și februarie, majoritatea secvențelor depuse au fost izolate în Asia, dar în ultimele săptămâni am observat un număr din ce în ce mai mare din Europa și America de Nord.

Secvențele SARS-CoV-2 sunt foarte similare între ele, dar vedem câteva mutații între izolate. Chiar dacă nu ne așteptăm ca aceste mutații să afecteze virulența, le putem folosi pentru a urmări răspândirea epidemiei.

Construind un arbore filogenetic la scară de timp din toate secvențele disponibile, putem estima originea virusului ca fiind noiembrie 2019. Același arbore indică faptul că virusul a fost introdus în Marea Britanie de mai multe ori, cu clustere la fiecare introducere. De asemenea, putem vedea clustere clare în secvențele care provin de pe diferite continente; de exemplu, secvențele din Europa sunt mult mai similare între ele față de secvențele din Oceania.

Aceste date pot fi suprapuse pe o hartă a lumii, ceea ce arată că în ianuarie și februarie, epicentrul răspândirii virale a fost Asia, răspândindu-se în Europa, Australia și America de Nord. Dar pe măsură ce timpul a trecut, epicentrul s-a mutat în Europa, răspândindu-se în America de Sud și în alte părți.

Pe măsură ce colectăm mai multe date de secvență, este posibil să putem deduce mai multe detalii despre răspândirea virusului, cum ar fi estimarea diferențelor de R_0 între diferite țări și continente. La rândul său, acest lucru poate ajuta la demonstrarea strategiilor de intervenție care au fost cele mai eficiente.