

Отслеживание появления и распространения COVID-19 по данным секвенирования

Краткое изложение доклада Sam Lycett на семинаре о SARS-CoV-2/COVID-19.

Филогенетический анализ геномных последовательностей SARS-CoV-2 показывает, что этот вирус очень похож на SARS, а также и многие другие бета-коронавирусы, раньше найденные у летучих мышей. Мы можем делать выводы об этих взаимосвязях, благодаря данным секвенирования вирусных геномов, которые публикуются на общедоступной базе данных GISAID (<https://www.gisaid.org>). В январе и феврале большинство предоставленных последовательностей были выделены в Азии, однако в последние недели мы видим все больше и больше последовательностей из Европы и Северной Америки.

Несмотря на то, что SARS-CoV-2 последовательности очень похожи друг на друга, мы видим несколько мутаций между образцами. Хотя мы не ожидаем, что эти мутации влияют на вирулентность, мы можем использовать их для отслеживания распространения эпидемии.

Построив временное филогенетическое дерево из всех доступных последовательностей, мы можем оценить, что первое внедрение вируса произошло в ноябре 2019 года. Это же дерево указывает на то, что вирус был завезен в Великобританию несколько раз, с последующим локальным распространением от каждого внедрения. Мы также можем видеть четкие кластеры последовательностей, приходящих с разных континентов; например, последовательности из Европы намного больше похожи друг на друга, чем на последовательности из Океании.

Эти данные могут быть перенесены на карту мира, которая показывает, что в январе и феврале эпицентром распространения вируса была Азия, и далее Европа, Австралия и Северная Америка. Однако, с течением времени эпицентр переместился в Европу, распространившись в Южную Америку и другие части света.

По мере того, как мы собираем больше данных секвенирования, мы можем получить более подробную информацию о распространении вируса, например, оценить разницу в R_0 между различными странами и континентами. В свою очередь, это может помочь выяснить, какие стратегии вмешательства были наиболее эффективными.