

Rastreado la emergencia y dispersión del COVID-19 usando datos de secuenciación

Resumen de la ponencia de Sam Lycett en el *workshop* de SARS-CoV-2/COVID-19.

Los análisis filogenéticos de las secuencias de SARS-CoV-2 muestran que el virus es muy similar al SARS-CoV-1, pero también similar a una variedad de betacoronavirus identificada previamente en murciélagos. Somos capaces de inferir estas relaciones gracias a los datos de secuenciación del virus, que están siendo compartidos globalmente en la base de datos pública GISAID (<https://www.gisaid.org>). A lo largo de Enero y Febrero, la mayor parte de las secuencias depositadas correspondían con aislados asiáticos, pero en las semanas recientes hemos visto un incremento en el número de secuencias procedentes de Europa y Norteamérica.

Las secuencias de SARS-CoV-2 son muy similares unas a las otras, pero aun así pueden observarse unas pocas mutaciones diferentes entre los aislados. Si bien no se espera que estas mutaciones afecten a la virulencia, podemos usarlas para rastrear la dispersión de la epidemia.

Mediante la construcción de un árbol filogenético a escala temporal con todas las secuencias disponibles, podemos estimar que el virus apareció en Noviembre de 2019. El mismo árbol indica que el virus fue introducido en el Reino Unido varias veces, con focos de dispersión asociados a cada introducción. Igualmente, podemos observar claras agrupaciones de secuencias procedentes de los distintos continentes; por ejemplo, las secuencias de Europa son todas mucho más similares entre ellas que las secuencias de Oceanía.

Estos datos pueden representarse en un mapa del mundo, el cual muestra que en Enero y Febrero, el epicentro de la dispersión viral estaba en Asia, alcanzando Europa, Australia y Norteamérica. Sin embargo, a lo largo del tiempo, este epicentro se desplazó a Europa, desde donde se propagó hasta Sudamérica entre otros lugares.

A medida que se recogen más datos de secuenciación, quizá seamos capaces de inferir más detalles acerca de la dispersión del virus, como estimar diferencias en la constante R_0 entre distintos países y continentes. Así, esto puede ayudar a mostrar qué estrategias de intervención han sido más eficaces.