

Echtzeit-Sequenzierung der SARS-CoV-2-Pandemie: Ein erreichbares Ziel?

Eine Zusammenfassung der Präsentation von Thomas Christie Williams auf dem SARS-CoV-2 / COVID-19-Workshop.

Die Echtzeit-Sequenzierung von SARS-CoV-2 kann auf verschiedene Weise zu unserem wachsenden Verständnis des Virus beitragen. So kann sie dabei helfen, zwischen importierten und lokal übertragenen Fällen zu unterscheiden, sowie lokale Cluster zu charakterisieren und die Verbreitung durch das gesamte Vereinigte Königreich nachzuverfolgen.

In Krankenhäusern könnte sie helfen, Übertragungsketten zu identifizieren und so möglichst viele Stationen offen zu halten. In größerem Maßstab könnten wir mit ihr die Auswirkungen von Interventionsmaßnahmen nachverfolgen und anhand der phylogeografischen Dynamik abschätzen, wie viele Fälle nicht gemeldet werden.

Thomas und ein NHS Lothian Team an der Royal Infirmary of Edinburgh haben ein Echtzeit-Sequenzierungsprotokoll etabliert, das Nanopore-Sequenzierungstechnologie verwendet. Das Sequenzierungsprotokoll und die zugehörigen Methoden zur Datenanalyse wurden vom ARTIC Netzwerk (<https://artic.network/ncov-2019>) entwickelt. Dazu gehört die RAMPART-Datensoftware, die von Professor Andrew Rambaut und Doktorandin Áine O'Toole von der Universität Edinburgh entwickelt wurde.

Das Team ist Teil eines UK-weiten Konsortiums, COG-UK (Covid-19 Genomics UK), das im Verlaufe der Epidemie eine geografisch repräsentative Auswahl von SARS-CoV-2 Genomsequenzen erstellen wird. Zusammen mit anderen schottischen Teams wie dem NHS Greater Glasgow und dem MRC Center for Virus Research hat das NHS Lothian-Team das Ziel, 200-400 SARS-CoV-2 Proben pro Woche sequenzieren können.

Mit zunehmendem Verständnis des Virus könnte die Echtzeit-Sequenzierung auch verwendet werden, um die Patientenversorgung zu unterstützen. Dies wird jedoch sorgfältige Überlegungen und einen erheblichen Zeitaufwand, Einsatz und Forschungskompetenz erfordern.