

การลำดับสารพันธุกรรมในเวลาจริง (real-time sequencing) ณ ขณะที่ SARS-CoV-2 ระบาด: เป็นเป้าหมายที่บรรลุได้หรือไม่

สรุปการนำเสนอของคุณ Thomas Christie Williams ในสัมมนา SARS-CoV-2/COVID-19

การตรวจหาลำดับสารพันธุกรรมไวรัส SARS-CoV-2 สามารถใช้ประโยชน์ได้หลายทาง สามารถใช้แยกกรณีนำเข้าและกรณีที่เกิดจากการติดเชื้อภายในท้องที่ และสามารถชี้แสดงคุณลักษณะของการติดเชื้อเป็นกลุ่มก้อนกับคุณลักษณะการแพร่ของเชื้อภายในสหราชอาณาจักร

ในโรงพยาบาลการลำดับสารพันธุกรรมสามารถช่วยระบุวงจรการติดเชื้อ จึงช่วยทำให้เปิดแผนกได้มากที่สุดเท่าที่เป็นไปได้ ในวงกว้างเราสามารถติดตามผลมาตรการป้องกันการแพร่เชื้อและใช้ประมาณจำนวนกรณีที่ไม่ถูกรายงานจากพลวัตของการวิวัฒนาการในเชิงภูมิศาสตร์

โรมส์กับคณะทำงาน ณ Royal Infirmary of Edinburgh ของ NHS Lothian จัดตั้งกระบวนการตรวจหาลำดับสารพันธุกรรมในเวลาจริงซึ่งใช้เทคโนโลยีลำดับสารพันธุกรรมแบบนาโนพอร์ (nanopore sequencing) กระบวนการลำดับสารพันธุกรรมนี้และวิธีวิเคราะห์ข้อมูลที่เกี่ยวข้องพัฒนาโดยเครือข่าย ARTIC (<https://artic.network/ncov-2019>) วิธีเหล่านี้รวมซอฟต์แวร์วิเคราะห์ข้อมูล RAMPART ที่พัฒนาโดยศาสตราจารย์ Andrew Rambaut และนักศึกษาระดับปริญญาเอก Áine O'Toole ณ มหาวิทยาลัยเอดินบะระ

คณะทำงานนี้เป็นส่วนหนึ่งของสมาคม COG-UK ที่มีสมาชิกจากทั่วสหราชอาณาจักร ตลอดช่วงโรคระบาดสมาคมนี้จะผลิตลำดับสารพันธุกรรม SARS-CoV-2 ที่เป็นตัวแทนดีจากแต่ละเขตภูมิศาสตร์ และคณะทำงานที่ NHS Lothian ร่วมกับคณะทำงานอื่นในสกอตแลนด์เช่น NHS Greater Glasgow และศูนย์วิจัยไวรัสของสภาวิจัยการแพทย์ (MRC Centre of Virus Research) สามารถตรวจหาลำดับพันธุกรรมตัวอย่างไวรัส SARS-CoV-2 ได้ 200 ถึง 400 ตัวอย่างต่อสัปดาห์

เป็นไปได้ว่าการตรวจหาลำดับสารพันธุกรรมในเวลาจริงสามารถให้ข้อมูลการดูแลผู้ป่วยโดยตรงเมื่อเราเข้าใจไวรัสมากขึ้น แต่กว่าจะถึงขั้นนี้ได้ ต้องพิจารณาปัจจัยอย่างถ่วงถ่วง และต้องลงทุนเวลา กำลัง และความชำนาญด้านวิจัยอย่างมาก