

بیگیری پیدایش و شیوع کووید-19 با استفاده از داده های توالی یابی

خلاصه ای از ارایه سم لایست در کارگاه کرونا ویروس سندرم حاد تنفسی ۲/کووید-19

تجزیه و تحلیل فیلوژنتیک توالی های کرونا ویروس سندرم حاد تنفسی ۲ (SARS-CoV-2) نشان می دهد که ویروس نه تنها بسیار به سارس (SARS) شباهت دارد، بلکه به انواع دیگری از بتا کرونا ویروس هایی که قبلا در خفاش ها شناسایی شده بودند نیز بسیار شبیه است. به لطف داده های توالی یابی ویروسی که به صورت جهانی در پایگاه داده عمومی GISAID (<https://www.gisaid.org>) به اشتراک گذاشته میشوند، ما میتوانیم به این روابط پی ببریم. در طول ماه های ژانویه و فوریه، بیشتر توالی یابی های ذخیره شده منشا آسیایی دارند، اما در هفته های گذشته ما شاهد افزایش تعداد داده ها از اروپا و آمریکای شمالی بوده ایم.

توالی های کرونا ویروس سندرم حاد تنفسی ۲ (SARS-CoV-2) بسیار شبیه به یکدیگر هستند، اما ما چند جهش نیز بین موارد ویروسی جدا شده میبینیم. در حالی که ما انتظار نداریم که این جهش ها تاثیری روی واگیری بیماری داشته باشند، میتوانیم از آنها جهت ردیابی شیوع بیماری همه گیر بهره ببریم.

با تهیه یک درخت فیلوژنتیک زمانی بر اساس تمام توالی یابی های موجود، ما تخمین میزنیم که منشا این ویروس از نوامبر 2019 باشد. این درخت فیلوژنتیک نشان میدهد که این ویروس چندین بار به بریتانیا وارد شده است و این درخت دارای خوشه هایی است که به ازای هر ورود گسترش یافته اند. همچنین، توالی یابی ها خوشه های مشخصی را براساس منشا قاره ای خود نشان میدهند؛ برای مثال، توالی یابی های قاره اروپا بسیار شبیه تر به یکدیگر در مقایسه با توالی یابی های قاره اقیانوسیه هستند.

این داده ها می توانند روی نقشه جهان نیز بررسی شوند که نشان می دهد در ماه های ژانویه و فوریه، مرکز حامل شیوع ویروس از آسیا، به سمت اروپا، استرالیا و آمریکای شمالی بوده است. با این حال، با گذشت زمان، اروپا مرکز شیوع ویروس گشته است و سپس جریان حرکت این مرکز به سمت آمریکای جنوبی و مکانهای دیگر گسترش یافته است.

با جمع آوری داده های توالی یابی بیشتر، ممکن است ما بتوانیم جزئیات بیشتری درباره شیوع ویروس به دست آوریم. این جزئیات شامل تخمین تغییرات نرخ شیوع (RO) بین کشورها و قاره های متفاوت است. در نتیجه، این کار ممکن است بتواند کمکی در شناسایی موثرترین راهکارهای مداخله دهد.