تتبع ظهور وانتشار COVID-19 باستخدام بيانات التسلسل الجيني

ملخص عرض سام لايست في ورشة عمل COVID-19/ SARS-CoV-2

تظهر تحليلات التطور الجيني لتسلسل السارس- CoV-2 أن الفيروس يشبه إلى حد كبير فيروس السارس ، ولكن أيضًا لمجموعة متنوعة من فيروسات بيتا كورونا التي تم تحديدها مسبقًا في الخفافيش. نحن قادرون على استنتاج هذه العلاقات بفضل بيانات التسلسل الجيني للفيروس ، والتي يتم مشاركتها عالميًا على قاعدة بيانات GISAID المتاحة علناً (https://www.gisaid.org). طوال شهري يناير وفبراير ، معظم التسلسلات المودعة تم عزلها في آسيا ، ولكن في الأسابيع الأخيرة شهدنا عددًا متزايدًا من أوروبا وأمريكا الشمالية.

تتشابه تسلسلات SARS-CoV-2 الجينية مع بعضها البعض جداً، و لكننا نرى بعض الطفرات بين العينات المعزولة. في حين أننا لا نتوقع أن تؤثر هذه الطفرات على حدة الفيروس (الفوعة)، إلا أننا يمكننا استخدامها لتتبع انتشار الوباء.

من خلال بناء شجرة وراثية ذات مقاييس زمنية من جميع التسلسلات المتاحة، يمكننا تقدير أن أصل الفيروس يعود لنوفمبر 2019. تشير نفس الشجرة إلى أن الفيروس تم إدخاله إلى المملكة المتحدة عدة مرات، مع انتشار مجموعات من كل مقدمة. يمكننا أيضًا أن نرى مجموعات واضحة في التسلسلات القادمة من قارات مختلفة. على سبيل المثال ، تتشابه التسلسلات من أوروبا مع بعضها البعض أكثر بكثير من التسلسلات من أوقيانوسيا.

يمكن تركيب هذه البيانات على خريطة للعالم ، والتي تظهر أنه في يناير وفبراير ، كان مركز الانتشار الفيروسي من آسيا إلى أوروبا وأستراليا وأمريكا الشمالية. لكن مع تقدم الوقت، انتقل مركز الانتشار إلى أوروبا بدلاً من ذلك ، حيث بدأ ينتشر من أوروبا إلى أمريكا الجنوبية وأماكن أخرى.

بينما نجمع المزيد من بيانات التسلسل ، قد نتمكن من استنتاج المزيد من التفاصيل حول انتشار الفيروس ، مثل تقدير الاختلافات في R0 (عدد التكاثر الأساسي) بين البلدان والقارات المختلفة. وهذا بدوره قد يساعد في إظهار أي من استراتيجيات التدخل كان الأكثر فاعلية.