

Shrnutí prezentace z SARS-CoV-2/COVID-19 semináře: Sam Lycett

Fylogenetické analýzy sekvencí SARS-CoV-2 ukazují, že tento virus je velmi podobný SARS viru, nicméně také řadě dalších beta-koronavirů dříve identifikovaných u netopýrů.

Díky virovým sekvenčním datům jsme schopni tyto vztahy odvodit, a jsou celosvětově sdíleny ve veřejně přístupné databázi GISAID (<https://www.gisaid.org>).

Během ledna a února byla izolována většina uložených sekvencí v Asii, nicméně v posledních týdnech jsme zaznamenali rostoucí počet izolací z Evropy a Severní Ameriky.

SARS-CoV-2 sekvence jsou si vzájemně velmi podobné, nicméně mezi izoláty je zřejmých několik mutací. I když neočekáváme, že tyto mutace ovlivní virulenci, můžeme je použít ke sledování šíření epidemie.

Vytvořením časově škálovaného fylogenetického stromu ze všech dostupných sekvencí, původ viru můžeme odhadnout na listopad 2019. Stejný strom naznačuje, že virus byl zaveden do Velké Británie několikrát, přičemž z každého zavedení se šířily další shluky. Vidíme také jasné shluky v sekvencích pocházejících z různých kontinentů; například sekvence z Evropy jsou si vzájemně mnohem podobnější než sekvence z Océánie.

Tato data lze převést na mapu světa, která pak ukazuje, že v lednu a únoru bylo epicentrem virového šíření Asie, do Evropy, Austrálie a Severní Ameriky. Nicméně postume času se epicentrum přesunulo do Evropy a rozšířilo se do Jižní Ameriky a jinam.

Díky současnému stálemu sběru dalších sekvenčních dat, budeme možni odvodit více podrobností o šíření viru, jako je odhadování rozdílů v R_0 mezi různými zeměmi a kontinenty. To může zase pomoci ukázat, které intervenční strategie byly nejúčinnější.