

Spuri la aperon kaj disvastiĝon de COVID-19 per sinsekvaj datumoj

Resumo de la prezento de Sam Lycett ĉe la SARS-CoV-2 / COVID-19 seminario.

Filogenetikaj analizoj de SARS-CoV-2 sinsekvoj montras, ke la viruso tre similas al SARS, sed ankaŭ al vario de aliaj beta-koronvirusoj antaŭe identigitaj en vespertoj. Ni povas dedukti ĉi tiujn rilatojn danke al virusaj sinsekvaj datumoj, konigitaj tutmonde sur la publike atingebla datumbazo GISAID (<https://www.gisaid.org>). Dum januaro kaj februaro, la plej multaj deponitaj sinsekvoj estis izolitaj en Azio, sed en la lastaj semajnoj ni vidis kreskantan nombron el Eŭropo kaj Nordameriko.

Sinsekvoj de SARS-CoV-2 estas tre similaj inter si, sed ni vidas kelkajn mutaciojn inter izolitoj. Dum ni ne atendas, ke ĉi tiuj mutacioj influas virusecon, ni povas uzi ilin por spuri la disvastiĝon de la epidemio.

Konstruante temp-skalan filogenetikan arbon kun ĉiuj haveblaj sinsekvoj, ni povas taksu la originon de la viruso esti novembro 2019. La sama arbo indikas, ke la viruso estis enkondukita al Britujo multfoje, kun grupoj disvastiĝantaj de ĉiu enkonduko. Ni ankaŭ povas vidi klarajn grupojn en la sinsekvoj venantaj el diversaj kontinentoj; ekzemple la sinsekvoj el Eŭropo estas multe pli similaj inter si ol la sinsekvoj el Oceanio.

Ĉi tiuj datumoj povas esti supermetitaj sur mapon de la mondo, kio montras, ke en januaro kaj februaro la epicentro de virusa disvastiĝo estis Azio, al Eŭropo, Aŭstralio kaj Nordameriko. Tamen, dum tempo progresis, la epicentro translokiĝis anstataŭe al Eŭropo, disvastiĝante al Sudameriko kaj aliloke.

Dum ni kolektas pli da sinsekvaj datumoj, ni eble povus dedukti pli da detaloj pri la disvastiĝo de la viruso, ekzemple taksu malsamojn en R_0 inter diversaj landoj kaj kontinentoj. Siavice, tio povus helpi montri kiuj intervenaj strategioj plej efikas.

Figura apudskribo: Vicrivelado de SAR-CoV-2 genomo povas montri kiel kazoj disvastiĝis inter landoj.