

การติดตามการอุบัติและแพร่กระจายโควิด-19 โดยใช้ข้อมูลลำดับสารพันธุกรรม

สรุปการนำเสนอของคุณ Sam Lycett ในสัมมนา SARS-CoV-2/COVID-19

การศึกษาลำดับสารพันธุกรรมของ SARS-CoV-2 ในเชิงวิวัฒนาการแสดงให้เห็นว่าไวรัสนี้คล้ายไวรัส SARS แต่ก็คล้ายไวรัสชนิดเบตา-โคโรนาไวรัสพันธุ์อื่นที่เคยพบในค้างคาว เราสามารถอนุมานความสัมพันธ์ระหว่างไวรัสนี้จากข้อมูลลำดับสารพันธุกรรมซึ่งแบ่งปันทั่วโลกผ่านฐานข้อมูล GISAID (<https://www.gisaid.org>) ที่บุคคลทั่วไปสามารถเข้าถึงได้ ในช่วงเดือนมกราคมถึงกุมภาพันธ์ ลำดับสารพันธุกรรมส่วนใหญ่ที่ลงฐานข้อมูลนี้เก็บจากเอเชีย แต่ในสัปดาห์ให้หลังเราพบข้อมูลจากยุโรปและอเมริกาเหนือมากขึ้น

ลำดับสารพันธุกรรมจากเชื้อ SARS-CoV-2 แต่ละตัวคล้ายกันมาก แต่เราพบการกลายพันธุ์บ้าง ถึงแม้เราไม่คาดว่าจะการกลายพันธุ์เหล่านี้ส่งผลกับความรุนแรงของเชื้อ เราสามารถใช้การกลายพันธุ์นี้ติดตามการระบาดของโรคได้

จากการสร้างต้นไม้สายวิวัฒนาการจากลำดับสารพันธุกรรมที่มี สามารถประมาณการได้ว่าไวรัสอุบัติในเดือนพฤศจิกายน พ.ศ. 2562 ต้นไม้สายวิวัฒนาการเดียวกันนี้บ่งชี้ว่าไวรัสถูกนำเข้าสหราชอาณาจักรหลายครั้ง โดยมีผู้ติดเชื้อเป็นกลุ่มก่อนจากการนำเข้าแต่ละครั้ง นอกจากนี้ก็พบกลุ่มลำดับสารพันธุกรรมจากแต่ละทวีป อาทิ ลำดับสารพันธุกรรมจากยุโรปคล้ายกันเองมากกว่าที่จะคล้ายลำดับจากโอเชียเนีย

ข้อมูลนี้สามารถวาดทับแผนที่โลกได้ และแสดงให้เห็นว่าในช่วงเดือนมกราคมถึงกุมภาพันธ์เชื้อแพร่จากศูนย์กลางที่เอเชียไปยังยุโรป ออสเตรเลีย และอเมริกาเหนือ แต่ต่อมาศูนย์กลางย้ายไปยุโรปแทนและแพร่เชื้อไปอเมริกาใต้และสถานที่อื่น

เมื่อเราเก็บข้อมูลลำดับสารพันธุกรรมเพิ่ม จะสามารถอนุมานรายละเอียดอื่นเกี่ยวกับการแพร่เชื้อได้ เช่นประมาณความแตกต่างระหว่างค่า R0 ของแต่ละประเทศหรือแต่ละทวีป แล้วตัวเลขนี้อาจช่วยบ่งชี้ว่ากลยุทธ์การป้องกันโรคใดได้ผลดีที่สุด