

Praćenje pojave i širenja COVIDa-19 pomoću sekvenciranja

Sažetak prezentacije dr Sam Lycett na SARS-CoV-2/COVID-19 radionici.

Filogenetske analize SARS-CoV-2 sekvenci pokazuju da je virus vrlo sličan SARS-u, ali i raznim drugim beta-koronavirusima koji su prethodno identificirani u slijepim miševima. To možemo zaključiti zahvaljujući sekvencama virusa koji se globalno objavljuju na javno dostupnoj GISAID bazi podataka (<https://www.gisaid.org>). Tokom januara i februara većina pohranjenih sekvenci bila je izolirana u Aziji, ali posljednjih sedmica primjećujemo sve veći broj iz Evrope i Sjeverne Amerike.

SARS-CoV-2 sekvence su vrlo slične jedne drugima, ali vidimo nekoliko mutacija između geografski razdvojenih uzoraka. Iako ne očekujemo da ove mutacije utječu na virulenciju, možemo ih koristiti za praćenje širenja epidemije.

Izgradivši vremenski srazmjerno filogenetsko stablo korištenjem svih raspoloživih sekvenci, možemo procijeniti da je porijeklo virusa novembar 2019. Isto drvo ukazuje na to da je virus uveden u Veliku Britaniju više puta, a grupe su se širile dalje nakon svakog uvođenja. Također možemo vidjeti jasne grupe u sekvencama koji dolaze sa različitih kontinenata; na primjer, sve sekvence iz Evrope su sličnije jedna drugoj nego sekvencama iz Oceanije.

Ovi se podaci mogu prevući preko karte svijeta, što nam pokazuje da je epicentar virusnog širenja u januaru i februaru bila Azija, odakle se širila na Evropu, Australiju i Sjevernu Ameriku. Međutim, kako je vrijeme odmicalo, epicentar se premjestio u Evropu, proširivši se na Južnu Ameriku i drugdje.

Kako prikupljamo više podataka o sekvenci, možda ćemo biti u mogućnosti zaključiti i više detalja o širenju virusa, kao na primjer procijeniti razliku u R_0 između različitih zemalja i kontinenata. Zauzvrat, to nam može pomoći da se pokaže koje su strategije intervencije bile najefikasnije.