

Traceren van de opkomst en verspreiding van COVID-19 met behulp van sequence data

Een samenvatting van de presentatie van Sam Lycett tijdens de SARS-CoV-2 / COVID-19 workshop.

Fylogenetische analyses van SARS-CoV-2-sequences tonen aan dat het virus erg lijkt op SARS, maar ook op een aantal andere bètacoronavirussen die eerder in vleermuizen waren geïdentificeerd. We kunnen deze relaties afleiden dankzij virale sequencing data, die wereldwijd worden gedeeld in de openbaar toegankelijke GISAID-database (<https://www.gisaid.org>). In januari en februari waren de meeste gedeponeerde sequences geïsoleerd in Azië, maar de laatste weken zien we een toenemend aantal uit Europa en Noord-Amerika.

SARS-CoV-2-sequences lijken erg op elkaar, maar we zien wel enkele mutaties tussen isolaten. Hoewel we niet verwachten dat deze mutaties de virulentie beïnvloeden, kunnen we ze gebruiken om de verspreiding van de epidemie op te sporen.

Door uit alle beschikbare sequences een tijdschaalfylogenetische boom op te bouwen, kunnen we de oorsprong van het virus op november 2019 schatten. Dezelfde boom geeft aan dat het virus meerdere keren in het VK is geïntroduceerd, met clusters die zich vanaf elke introductie verspreiden. We zien ook duidelijke clusters in de sequences afkomstig van verschillende continenten; de sequences uit Europa lijken bijvoorbeeld allemaal veel meer op elkaar dan de sequences uit Oceanië.

Deze gegevens kunnen op een kaart van de wereld worden gelegd, waaruit blijkt dat in januari en februari Azië het epicentrum van virale verspreiding naar Europa, Australië en Noord-Amerika was. Naarmate de tijd vorderde, is het epicentrum echter naar Europa verhuisd, vanuit waar het naar Zuid-Amerika en elders verspreide.

Naarmate we meer sequence data verzamelen, kunnen we mogelijk meer details over de verspreiding van het virus afleiden, zoals het schatten van verschillen in R_0 tussen verschillende landen en continenten. Dit kan op zijn beurt helpen om te laten zien welke interventiestrategieën het meest effectief zijn geweest.