

Οι φυλογενετικές αναλύσεις των αλληλουχιών SARS-CoV-2 δείχνουν ότι ο ιός είναι πολύ παρόμοιος με το SARS, αλλά και με μια ποικιλία άλλων β-κοροναϊών που είχαν προηγουμένως αναγνωρισθεί σε νυχτερίδες. Μπορούμε να συμπεράνουμε αυτές τις σχέσεις χάρη στα ιογενή δεδομένα αλληλουχίας γονιδιώματος, τα οποία κοινοποιούνται παγκοσμίως στη δημόσια βάση δεδομένων GISAID (<https://www.gisaid.org>). Κατά τη διάρκεια του Ιανουαρίου και του Φεβρουαρίου, οι περισσότερες αλληλουχίες που κατατέθηκαν απομονώθηκαν στην Ασία, αλλά τις τελευταίες εβδομάδες έχουμε δει έναν αυξημένο αριθμό σε αλληλουχίες γονιδιωμάτων από την Ευρώπη και την Βόρεια Αμερική.

Οι αλληλουχίες γονιδιωμάτων SARS-CoV-2 είναι πολύ παρόμοιες, αλλά βλέπουμε μερικές μεταλλάξεις μεταξύ τους. Αν και δεν περιμένουμε αυτές οι μεταλλάξεις να επηρεάζουν τη λοιμογόνο δύναμη του ιού, μπορούμε να τις χρησιμοποιήσουμε για τον εντοπισμό της εξάπλωσης της επιδημίας.

Χτίζοντας ένα φυλογενετικό δέντρο με χρονική κλίμακα από όλες τις διαθέσιμες αλληλουχίες γονιδιωμάτων, μπορούμε να εκτιμήσουμε την προέλευση του ιού τον Νοέμβριο του 2019. Το ίδιο δέντρο δείχνει ότι ο ιός εισήχθη στο Ηνωμένο Βασίλειο πολλές φορές, με ομάδες να εξαπλώνονται από κάθε εισαγωγή. Μπορούμε επίσης να δούμε σαφείς ομάδες στις αλληλουχίες γονιδιωμάτων που προέρχονται από διαφορετικές ηπείρους. Για παράδειγμα, οι αλληλουχίες γονιδιωμάτων από την Ευρώπη είναι πολύ πιο παρόμοιες μεταξύ τους από τις αλληλουχίες γονιδιωμάτων της Ωκεανίας.

Αυτά τα δεδομένα μπορούν να επικαλυφθούν σε έναν χάρτη του κόσμου, ο οποίος δείχνει ότι τον Ιανουάριο και τον Φεβρουάριο, το επίκεντρο της ιογενούς εξάπλωσης ήταν από την Ασία, προς την Ευρώπη, στην Αυστραλία και στην Βόρεια Αμερική. Ωστόσο, καθώς ο χρόνος έχει προχωρήσει, το επίκεντρο έχει μετακινηθεί στην Ευρώπη, και εξαπλώνεται στη Νότια Αμερική και αλλού.

As we collect more sequence data, we may be able to infer more details about the spread of the virus, such as estimating differences in  $R_0$  between different countries and continents. In turn, this may help to show which intervention strategies have been most effective.

Καθώς συλλέγουμε περισσότερα δεδομένα με αλληλουχίες γονιδιωμάτων, ενδέχεται να μπορούμε να συμπεράνουμε περισσότερες λεπτομέρειες σχετικά με την εξάπλωση του ιού, όπως η εκτίμηση των διαφορών στο βασικό ρυθμό αναπαραγωγής της επιδημίας ( $R_0$ ) μεταξύ διαφορετικών χωρών και ηπείρων. Αυτό με τη σειρά του μπορεί να βοηθήσει στο να δείξει ποιες στρατηγικές παρεμβάσεις ήταν πιο αποτελεσματικές.