

# Real-time sequencing of the SARS-CoV-2 pandemic: An achievable goal?

A summary of Thomas Christie Williams' presentation at the SARS-CoV-2/COVID-19 workshop.

Real-time sequencing of SARS-CoV-2 could contribute in a number of ways. It can help to distinguish between cases which have been imported, and those which have been transmitted within the community, and help to characterise community-based clusters and spread throughout the UK.

Within hospitals, it could help to identify chains of transmission and thus help to keep as many wards open as possible. On a wider scale, we could use it to track the impact of intervention measures, and to estimate the how many cases are going unreported, based on phylogeographic dynamics.

Thomas and a team at NHS Lothian's Royal Infirmary of Edinburgh have put into place a real-time sequencing protocol which uses Nanopore sequencing technology. The sequencing protocol, and associated data analysis methods, have been developed by the ARTIC Network (<https://artic.network/ncov-2019>). This includes the RAMPART data software developed by the University of Edinburgh's Professor Andrew Rambaut and PhD student Áine O'Toole.

The team is part of a UK-wide consortium, COG-UK, which will generate a geographically representative selection of SARS-CoV-2 genome sequences throughout the epidemic. Together with other Scottish teams, such as NHS Greater Glasgow and the MRC Centre for Virus Research, the NHS Lothian team aim to be able to sequence 200-400 SARS-CoV-2 samples per week.

It is possible that, as we gain greater understanding of the virus, real-time sequencing could also be used to directly inform patient care. However, this will require careful thought and substantial investment of time, effort, and research expertise.

## Summary 6

**SARS-CoV-2 தொற்றுநோயின் நிகழ்நேர வரிசைமுறை: அடையக்கூடிய குறிக்கோள். SARS-CoV-2 / COVID-19 விரிவுரை அமர்வில் தாமஸ் கிறிஸ்டி வில்லியம்ஸின் விளக்கக்காட்சியின் சுருக்கம்.**

SARS-CoV-2 இன் நிகழ்நேர வரிசைமுறை பல வழிகளில் பங்களிக்கக்கூடும். இது வெளிநாட்டு பரவல் மற்றும் சமூகபரவல் ஆகியவற்றிலிருந்து வேறுபடுத்துவதற்கு உதவக்கூடும், மேலும் சமூக அடிப்படையிலான கிளைகளை வகைப்படுத்தவும் இங்கிலாந்து முழுவதும் பரவவும் உதவும்.

மருத்துவமனைகளுக்குள், இதன் பரிமாற்ற சங்கிலிகளை அடையாளம் காண உதவும், இதனால் முடிந்தவரை பல வார்டுகளை திறந்து வைக்க வேண்டும். பரந்த அளவில், தலையீட்டு இதன் தாக்கத்தைக் கண்காணிக்கவும் மூலத்தொகுப்பியல் பகுப்பாய்வின் இயக்கவியல் அடிப்படையில் எத்தனை நோய்த்தொற்று வழக்குகள் பதிவு செய்யப்படாமல் உள்ளன என்பதை மதிப்பிடவும் இதைப் பயன்படுத்தலாம்.

தாமஸ் மற்றும் எடின்பெர்கின் என்.எச்.எஸ். வரிசைமுறை நெறிமுறை மற்றும் அதனுடன் தொடர்புடைய நானோபபோர் தரவு பகுப்பாய்வு முறைகளில் ஈடுபட்டனர், அதன் செயல்முறை விளக்கமும் தகவல்களும் ARTIC நெட்வொர்க் (<https://artic.network/ncov-2019>) உருவாக்கியுள்ளது. எடின்பர்க் பல்கலைக்கழகத்தின் பேராசிரியர் ஆண்ட்ரூ ரம்பாட் மற்றும் பிஎச்.டி மாணவர் அயன் ஓ டீல் ஆகியோரால் உருவாக்கப்பட்ட RAMPART தரவு மென்பொருள் இதில் அடங்கும்.

இந்த குழு இங்கிலாந்து அளவிலான கூட்டமைப்பான COG-UK இன் ஒரு பகுதியாகும், இந்த குழு SARS-CoV-2 மரபணு வரிசைமுறை மூலம் தொற்றுநோய் பரவலை புவியியல் ரீதியாக தேர்ந்தெடுக்கும். NHS கிரேட்டர் கிளாஸ்கோ மற்றும் வைரஸ் ஆராய்ச்சிக்கான MRC மையம் போன்ற பிற ஸ்காட்டிஷ் அணிகளுடன் சேர்ந்து, NHS லோதியன் குழு வாரத்திற்கு 200-400 SARS-CoV-2 மாதிரிகளை வரிசைப்படுத்தியது.

வைரஸைப் பற்றி நாம் அதிக புரிதலைப் பெறுகையில், நோயாளியின் கவனிப்பை நேரடியாகத் தெரிவிக்க நிகழ்நேர வரிசைமுறையும் பயன்படுத்தப்படலாம். இருப்பினும், இதற்கு கவனமாக சிந்தனை மற்றும் நேரம், முயற்சி மற்றும் ஆராய்ச்சி நிபுணத்துவம் ஆகியவற்றின் கணிசமான முதலீடு தேவைப்படும்