

Summary 5

Tracking the emergence and spread of COVID-19 using sequence data

A summary of Sam Lycett's presentation at the SARS-CoV-2/COVID-19 workshop.

Phylogenetic analyses of SARS-CoV-2 sequences show the virus is very similar to SARS, but also to a variety of other beta-coronaviruses previously identified in bats. We are able to infer these relationships thanks to viral sequencing data, which are being shared globally on the publicly accessible GISAID database (<https://www.gisaid.org>). Throughout January and February, most sequences deposited were isolated in Asia, but in recent weeks we have seen an increasing number from Europe and North America.

SARS-CoV-2 sequences are very similar to each other, but we do see a few mutations between isolates. Whilst we do not expect these mutations to be affecting virulence, we can use them to trace the spread of the epidemic.

Building a time-scaled phylogenetic tree from all the available sequences, we can estimate the origin of the virus to be November 2019. The same tree indicates that the virus was introduced to the UK multiple times, with clusters spreading from each introduction. We can also see clear clusters in the sequences coming from different continents; for example, the sequences from Europe are all much more similar to each other than the sequences from Oceania.

This data can be overlaid onto a map of the world, which shows that in January and February, the epicentre of viral spread was Asia, into Europe, Australia and North America. However, as time has progressed, the epicentre has moved to Europe instead, spreading to South America and elsewhere.

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.

DNA வரிசை அமைப்பை பயன்படுத்தி COVID-19 இன் தோற்றம் மற்றும் பரவலைக் கண்காணிக்கலாம் என்று SARS-CoV-2 / COVID-19 விரிவுரை அமர்வில் சாம் லைசெட்டின் விளக்கக்காட்சியின் சுருக்கம்.

SARS-CoV-2 வின் மூலத்தொகுப்பியல் பகுப்பாய்வுகள் மூலம் இது SARS வைரஸ் உடன் மிகவும் ஒத்திருப்பதைக் காட்டுகின்றன ஆனால் பல பீட்டா-கொரோனா வைரஸ்கள் வெளவால்களில் காணப்படுகிறது இது வைரல் DNA வரிசை அமைப்பை வைத்து தெரிகிறது. இந்த தகவல் உலகளாவிய தரவுத்தளமான GISAIID (<https://www.gisaid.org>) உள்ளது. இதில் ஜனவரி மற்றும் பிப்ரவரி மாதம் சமர்ப்பிக்கப்பட்ட தகவல்கள் அனைத்தும் ஆசியா கண்டத்தில் காணப்படுகின்றன ஆனால் சமீபத்திய வாரங்களில் ஐரோப்பா மற்றும் வட அமெரிக்காவிலிருந்து அதிகரித்து வருவதைக் கண்டோம்.

SARS-CoV-2 வரிசை அமைப்பு ஒன்றுக்கொன்று மிகவும் ஒத்தவை. ஆனால் வைரஸ்களுக்கு இடையில் ஒரு சில பிறழ்வுகள் காணப்படுகிறது. இந்த பிறழ்வுகள் வைரசின் நச்சுத்தன்மையை அதிகரிக்கும் என்று நாங்கள் எதிர்பார்க்கவில்லை என்றாலும், தொற்றுநோயின் பெருவாரியான பரவுதலை இந்த பிறழ்வுகள் மூலம் கண்டறிய அவற்றைப் பயன்படுத்தலாம்.

காலஅளவு மூலத்தொகுப்பியல் பகுப்பாய்வு மரதின் மூலம் இந்த வைரஸ் நவம்பர் 2019 இல் தோன்றப்பட்டுள்ளது. அதே பகுப்பாய்வின் மூலம் வைரஸ் பல முறை இங்கிலாந்துக்கு அறிமுகப்படுத்தப்பட்டது என்பதைக் குறிக்கிறது ஒவ்வொரு அறிமுகத்திலிருந்தும் பகுப்பாய்வு மரகிளை பரவுகின்றன, வெவ்வேறு கண்டங்களிலிருந்து வரும் பகுப்பாய்வு மரகிளை தெளிவாக காணப்படுகிறது. எடுத்துக்காட்டாக, ஓசியானியாவிலிருந்து கிடைத்த வரிசை அமைப்பை காட்டிலும் ஐரோப்பாவின் வரிசை அமைப்பு அனைத்தும் ஒன்றுக்கொன்று மிகவும் ஒத்தவை.

இந்தத் மூலத்தொகுப்பின் வரிசை அமைப்பை உலகின் வரைபடத்தோடு இணைத்தால், ஜனவரி மற்றும் பிப்ரவரி மாதங்களில், வைரஸ் பரவலின் மையப்பகுதி ஆனா ஆசியாவிலிருந்து ஐரோப்பா, ஆஸ்திரேலியா மற்றும் வட அமெரிக்காவிற்குள் பரவுவதாக தெரிகிறது. இருப்பினும், காலமாற்றத்தால் மையப்பகுதி தென் அமெரிக்காவிற்கும் பிற இடங்களுக்கும் பதிலாக ஐரோப்பாவிற்கு நகர்ந்தது.

மேலும் மூலத்தொகுப்பின் வரிசை அமைப்பை நாங்கள் சேகரிக்கும்போது, பல்வேறு நாடுகளுக்கும் கண்டங்களுக்கும் இடையில் உள்ள R0 வேறுபாடுகளை மதிப்பிடுவது மற்றும் வைரஸின் பரவலைப் பற்றிய கூடுதல் விவரங்களை நாம் ஊகிக்க முடியும். இதையொட்டி, எந்த தகவல் உத்திகள் மிகவும் பயனுள்ளதாக இருந்தன என்பதைக் காட்ட இது உதவக்கூடும்.