

Η γονιδιωματική ιχνηλάτηση του ιού SARS-CoV-2

Η ανίχνευση/ιχνηλάτηση των επαφών, ένας όρος που κυκλοφόρησε σχετικά πρόσφατα, είναι ένα χρήσιμο εργαλείο για τον έλεγχο της εξάπλωσης του SARS-CoV-2. Αυτή η ιχνηλάτηση εξαρτάται από την ταχεία, αποτελεσματική αναγνώριση ενός μολυσμένου ατόμου, ακολουθούμενη κατόπιν από την ταυτοποίηση όλων αυτών που έχουν έρθει πρόσφατα σε στενή επαφή με αυτό το άτομο, έτσι ώστε τα άτομα αυτά (οι επαφές) να τεθούν σε καραντίνα για να σπάσει η αλυσίδα της μετάδοσης του ιού. Οι Καθηγητές της Θεραπευτικής Κλινικής της Ιατρικής Σχολής του Εθνικού και Καποδιστριακού Πανεπιστημίου Αθηνών, **Ευστάθιος Καστρίτης** και **Θάνος Δημόπουλος** (Πρύτανης ΕΚΠΑ), συνοψίζουν τα δεδομένα αυτά.

Με την σωστή εκτέλεση και εφαρμογή, η ιχνηλάτηση των επαφών μπορεί να είναι εξαιρετικά αποτελεσματική αλλά μπορεί επίσης να είναι εξαιρετικά δύσκολη στην εφαρμογή της κατά την καταπολέμηση ενός εύκολα μεταδόμενου ιού όπως ο SARS-CoV-2, ειδικά όταν ο ιός εξαπλώνεται γρήγορα.

Υπάρχουν, ωστόσο, ορισμένοι καινοτόμοι τρόποι για την ενίσχυση της ιχνηλάτησης των επαφών. Σε μια μελέτη, που δημοσιεύθηκε στο περιοδικό Nature Medicine, ερευνητές στην Αυστραλία εφάρμοσαν έναν από αυτούς: τη συγκέντρωση γονιδιωματικών δεδομένων σχετικά με τον ιό για να βοηθήσει τις προσπάθειες ιχνηλάτησης. Αυτή η επονομαζόμενη γονιδιωματική επιτήρηση, βασίζεται στην ιδέα ότι όταν ο ιός μεταδίδεται από άτομο σε άτομο κατά την διάρκεια μερικών μηνών, μπορεί να αποκτήσει τυχαίες παραλλαγές (μεταλλάξεις) στην ακολουθία του γενετικού του κώδικα. Αυτές οι μοναδικές παραλλαγές στο γενετικό υλικό του ιού χρησιμεύουν ως διακριτικά «δακτυλικά αποτυπώματα».

Όταν η COVID-19 αρχίζει να κυκλοφορεί σε μια κοινότητα, οι ερευνητές μπορούν να «δακτυλογραφήσουν» τα γονιδιώματα του SARS-CoV-2 που λαμβάνονται από άτομα πρόσφατα μολυσμένα. Αυτές οι άμεσες πληροφορίες βοηθούν στο να διαπιστωθεί εάν ο συγκεκριμένος ιός εξαπλώθηκε τοπικά για λίγο ή μόλις έφτασε από άλλο μέρος του πλανήτη. Μπορεί επίσης να δείξει πού διαδόθηκε ο υπότυπος του ιού μέσα σε μια κοινότητα ή, επίσης ιδιαίτερα σημαντικό, αν και πότε σταμάτησε να κυκλοφορεί και να μεταδίδεται.

Η πρόσφατη μελέτη διεξήχθη στο Πανεπιστήμιο του Σίδνεϋ σε συνεργασία με την ομάδα ιχνηλάτησης των επαφών του Υπουργείου Υγείας της Νέας Νότιας Ουαλίας (NSW), της πιο πυκνοκατοικημένης πολιτείας της Αυστραλίας, ώστε να περιορίσει το αρχικό ξέσπασμα της επιδημίας του SARS-CoV-2 από τα τέλη Ιανουαρίου έως τον Μάρτιο του 2020.

Η ομάδα πραγματοποίησε γονιδιωματική παρακολούθηση, χρησιμοποιώντας δεδομένα αλληλούχησης που ελήφθησαν εντός περίπου πέντε ημερών, για να κατανοήσει τα τοπικά μοτίβα μετάδοσης του ιού. Ήθελαν επίσης να συγκρίνουν αυτό που έμαθαν από τη γονιδιωματική παρακολούθηση με τις προβλέψεις που έγιναν από ένα εξελιγμένο υπολογιστικό μαθηματικό μοντέλο για το πώς μπορεί να εξαπλωθεί ο ιός μεταξύ των περίπου 24 εκατομμυρίων πολιτών της Αυστραλίας.

Από τις 1.617 γνωστές περιπτώσεις COVID-19 στο Σίδνεϋ, κατά τη διάρκεια της τριμηνιαίας περιόδου μελέτης, οι ερευνητές αλληλούχησαν το γονιδίωμα του ιού από 209 (13%) περιπτώσεις κρουσμάτων. Συγκρίνοντας αυτές τις αλληλουχίες με άλλες που κυκλοφορούν στο εξωτερικό (εκτός Αυστραλίας), βρήκαν μεγάλη ποικιλία γενετικών παραλλαγών,

υποδεικνύοντας ότι ο SARS-CoV-2 είχε εισαχθεί στο Σίδνεϋ πολλές φορές και από πολλά μέρη από όλο τον κόσμο.

Στη συνέχεια χρησιμοποίησαν τα δεδομένα της αλληλούχησης για να κατανοήσουν καλύτερα πώς διαδόθηκε ο ιός μέσα στην κοινότητα. Η ανάλυσή τους διαπίστωσε ότι οι 209 υπό μελέτη περιπτώσεις περιλάμβαναν 27 ξεχωριστά γονιδιωματικά «δακτυλικά αποτυπώματα». Με βάση τη στενή ομοιότητα των γονιδιωματικών «δακτυλικών αποτυπωμάτων» τους, ένα σημαντικό μερίδιο των περιπτώσεων COVID-19 φάνηκε να προήλθε από την άμεση εξάπλωση του ιού μεταξύ των ατόμων σε συγκεκριμένα μέρη ή εγκαταστάσεις.

Αυτό που ήταν πιο εντυπωσιακό ήταν ότι τα γονιδιωματικά στοιχεία βοήθησαν στην παροχή πληροφοριών που διαφορετικά δεν θα μπορούσαν να είχε διαπιστώσει η ομάδα της ιχνηλάτησης των επαφών με τις συμβατικές μεθόδους. Για παράδειγμα, τα γονιδιωματικά δεδομένα επέτρεψαν στους ερευνητές να εντοπίσουν προηγουμένως ανυποψίαστους συνδέσμους μεταξύ ορισμένων περιπτώσεων COVID-19. Βοήθησε επίσης στην επιβεβαίωση άλλων συνδέσμων που διαφορετικά δεν ήταν σαφείς.

Οι ερευνητές χρησιμοποίησαν τα γονιδιωματικά στοιχεία για να συγκεντρώσουν στοιχεία και πληροφορίες για σχεδόν 40 τοις εκατό των περιπτώσεων COVID-19 (81 από τις 209) για τις οποίες μόνο τα συμβατικά δεδομένα ιχνηλάτησης δεν μπορούσαν να εντοπίσουν μια την αρχική πηγή μόλυνσης. Αυτό περιλάμβανε 26 περιπτώσεις στις οποίες ένα άτομο που έφτασε πρόσφατα στην Αυστραλία από το εξωτερικό μετέδωσε τον ιό σε άλλους που δεν είχαν ταξιδέψει. Οι γονιδιωματικές πληροφορίες βοήθησαν επίσης στον εντοπισμό πιθανών πηγών στην κοινότητα για άλλες 15 περιπτώσεις που αποκτήθηκαν τοπικά και δεν ήταν γνωστές με βάση τα δεδομένα συμβατικά δεδομένα ιχνηλάτησης από την κοινότητα.

Οι ερευνητές συνέκριναν τα δεδομένα παρακολούθησης του γονιδιώματος με την αναμενόμενη εξάπλωση του SARS-CoV-2, όπως διαμορφώθηκε σε μια προσομοίωση υπολογιστή με βάση τα ταξίδια προς και από την Αυστραλία κατά την εν λόγω χρονική περίοδο. Επειδή η μελέτη περιλάμβανε μόλις το 13% όλων των γνωστών περιπτώσεων COVID-19 στο Σίδνεϋ από τα τέλη Ιανουαρίου έως τον Μάρτιο, δεν προκαλεί έκπληξη το γεγονός ότι τα γονιδιωματικά δεδομένα παρουσιάζουν μια ελλιπή εικόνα, εντοπίζοντας μόνο ένα μέρος των πιθανών αλυσίδων μετάδοσης που προβλέπονται στο μοντέλο προσομοίωσης.

Ωστόσο, τα ευρήματα αυτά δείχνουν την αξία των γονιδιωματικών δεδομένων για την παρακολούθηση του ιού και τον εντοπισμό του πού ακριβώς εξαπλώνεται στην κοινότητα. Αυτό μπορεί να συμβάλει στην κάλυψη σημαντικών κενών στην ιχνηλάτηση με συμβατικές μεθόδους. Συνδυάζοντας την παραδοσιακή ιχνηλάτηση επαφών, τη γονιδιωματική παρακολούθηση και τη μαθηματική μοντελοποίηση με άλλα νέα εργαλεία, είναι πιθανό να αποκτήσουμε μια σαφέστερη εικόνα της «κινητικότητας» του SARS-CoV-2 ώστε να τεθούν πιο στοχευμένα μέτρα δημόσιας υγείας για να επιβραδυνθεί και τελικά να σταματήσει η εξάπλωσή του ιού.