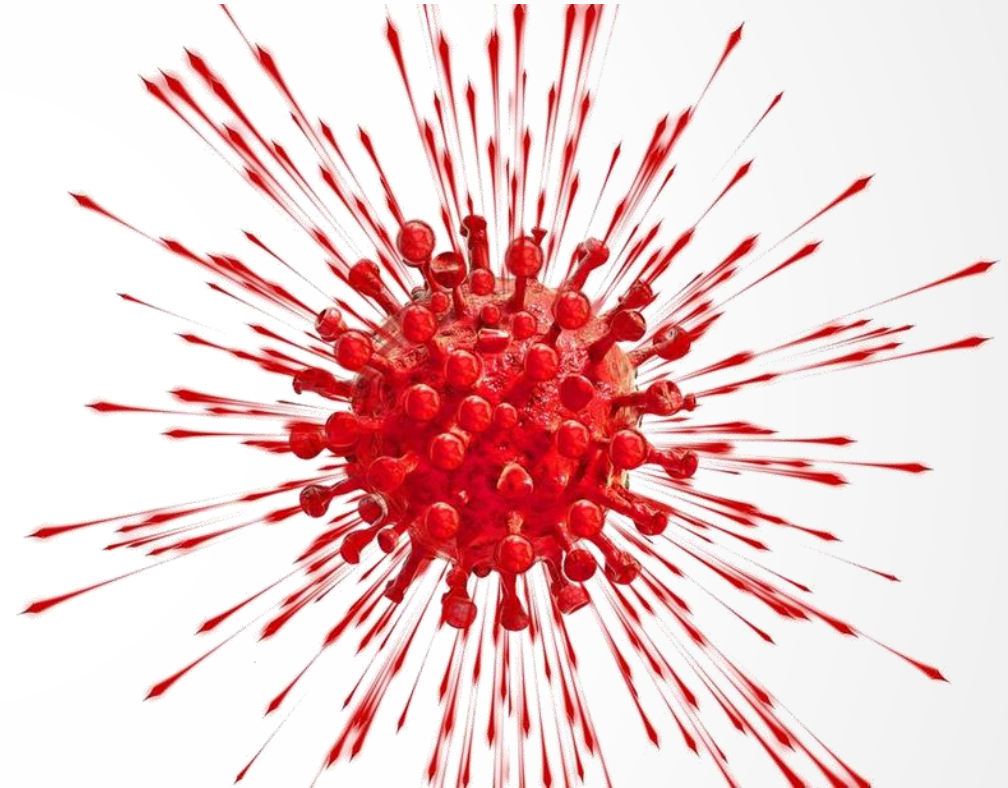


Opsporing af smittekæder



Toke Meier Carlsen, Fróðskaparsetur Føroya

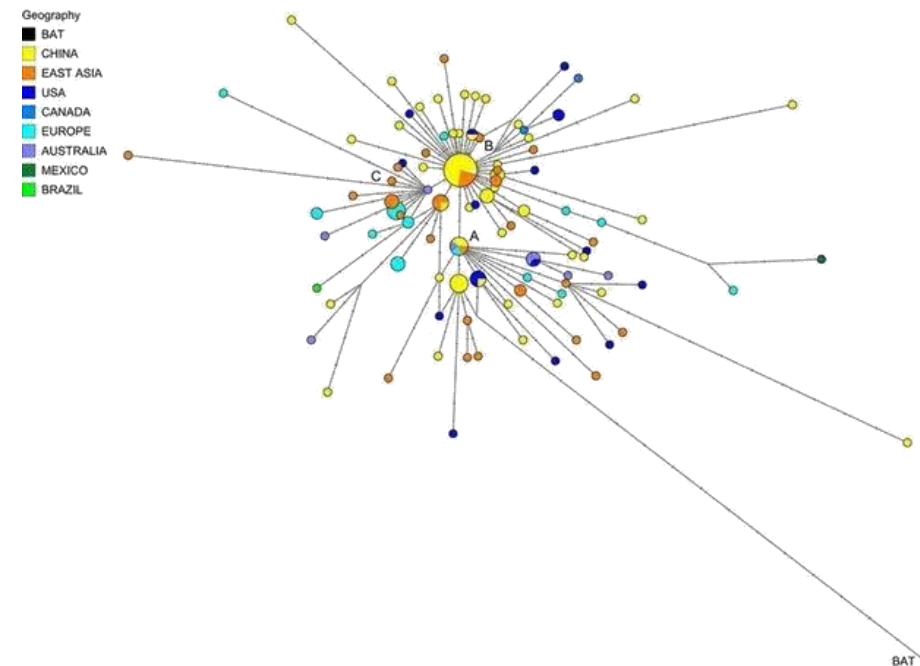
Vísindavøka 6. november 2020

Hvad er smitteopsporing?

- Smitteopsporing er et forsøg på at fastlægge hvordan en person er blevet smittet med fx coronavirus.
- Dvs. man forsøger at finde ud af
 - hvornår en person er blevet smittet,
 - hvordan personen er blevet smittet,
 - hvor smitten kommer fra.
- Det bruges blandt andet til at identificere dem der måske er smittet eller har været udsat for smittefare, således at de kan blive testet og eventuelt komme i karantæne.
- Smitteopsporing er også nyttig fordi det kan give en bedre forståelse af hvordan coronavirussen spreder sig.
- Dette kan være med til at vi bedre kan bekæmpe spredningen af coronavirus.

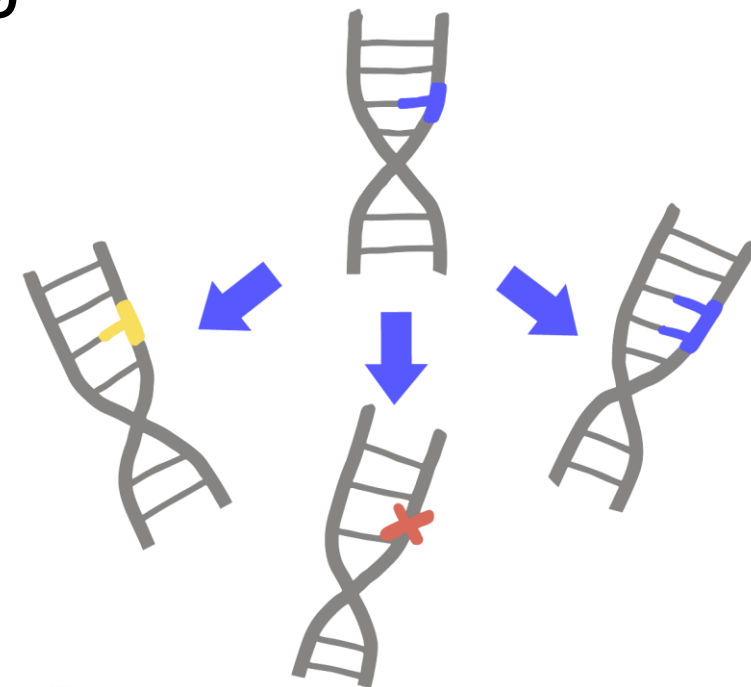
Hvordan udføres smitteopsporing?

- Smitteopsporing foregår typisk ved at man sammen med den smittede person finder ud af hvor vedkommende har opholdt sig, og hvem vedkommende har været i kontakt med.
- Dette er dog ikke altid tilstrækkeligt til at opnå en effektiv smitteopsporing.
- Et anden metode der benyttes til smitteopsporing, er at lave genetisk kortlægning af de coronavira der har inficeret mennesker.
- Derved kan man få et overblik over hvordan smitten har spredt sig fra person til person og fra område til område.



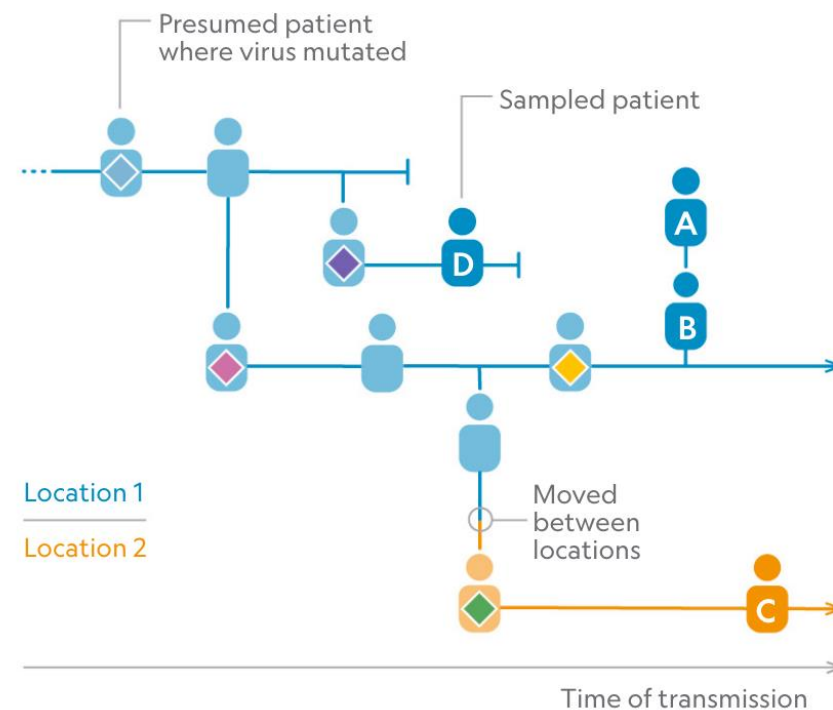
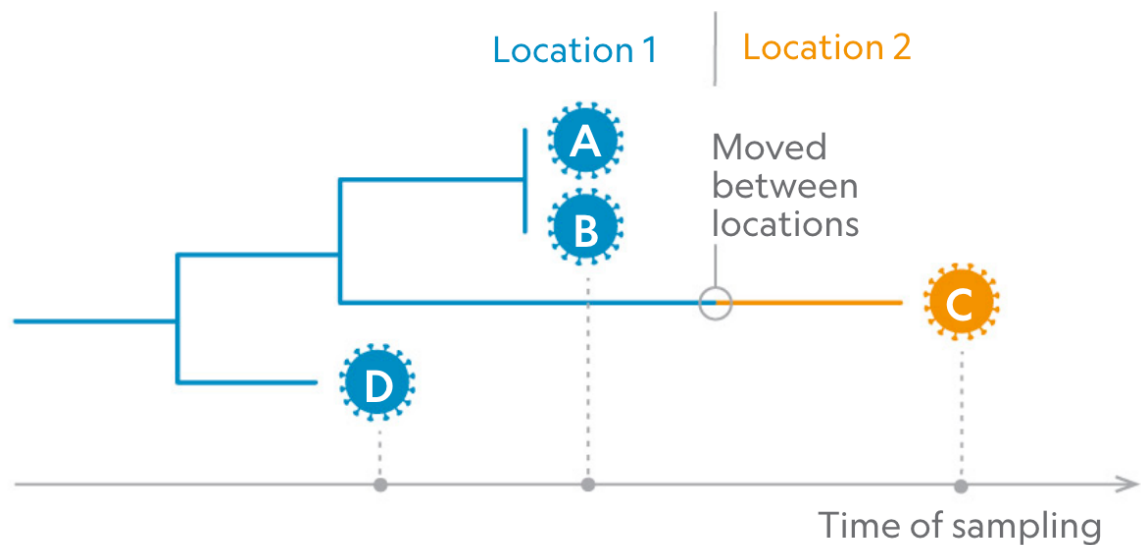
Smitteopsporing vha. genetisk kortlægning

- Coronavirus' genom ændrer sig løbende i forbindelse med at coronavirusceller deler sig.
- Dette gør at der findes forskellige varianter af coronavirus.
- Man kan derfor få en forståelse af hvordan coronavirus har spredt sig, ved at sammenligne genomerne fra coronavirus fundet i forskellige personer.
- Derved kan man lave et stamtræ for coronavirus der viser hvordan de forskellige varianter af coronavirus er beslægtet med hinanden.



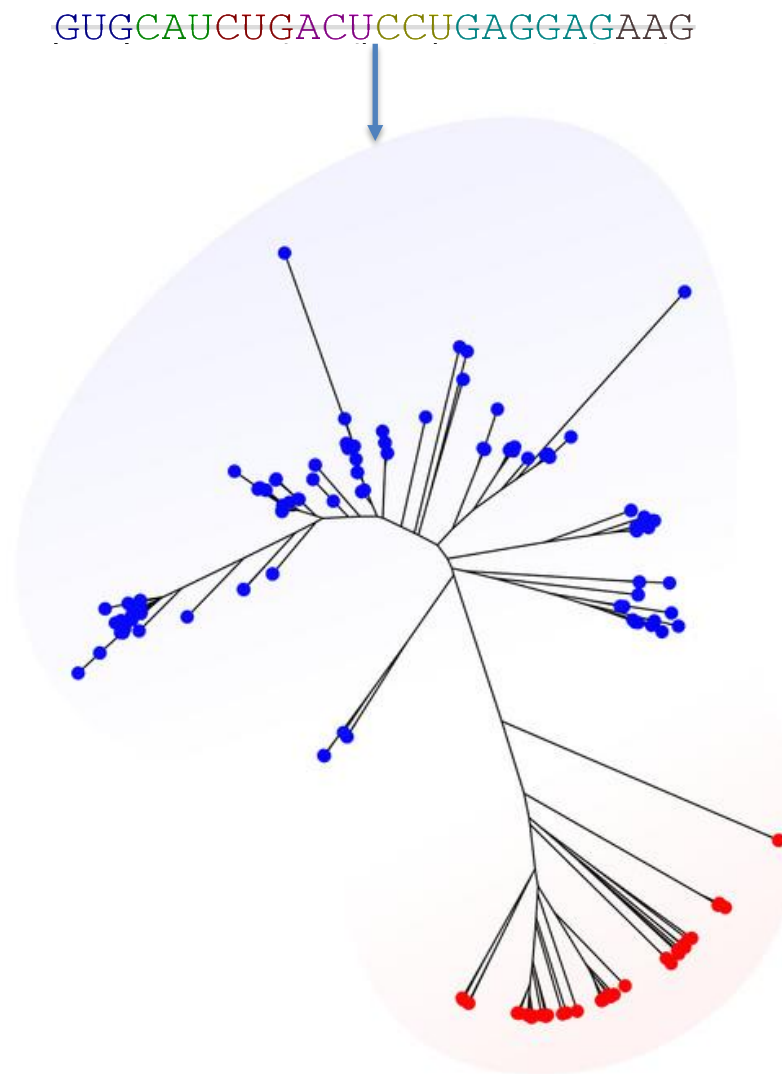
Smitteopsporing vha. genetisk kortlægning

- Dermed kan man få en forståelse af hvordan smitten har spredt sig fra område til område.
- Og fra person til person.



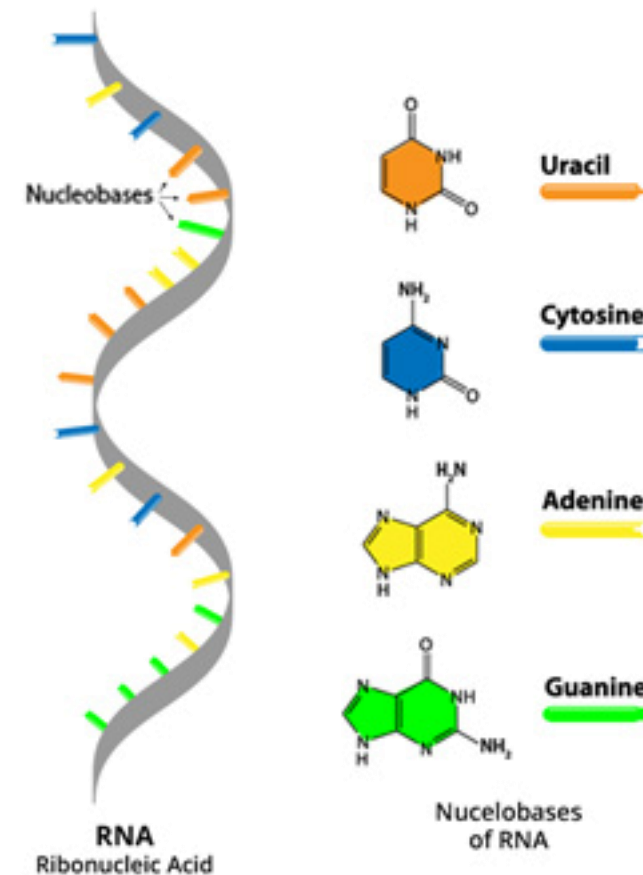
Fra genom til stamtræ

- Når man konstruerer et stamtræ ud fra genomerne fra forskellige individer, gøres det typisk ved hjælp af følgende 3 trin:
 1. Tilpasning af genomsekvenser.
 2. Bestemmelse af hvor stor forskel der er mellem to eksemplarers genomer.
 3. Søgning efter det stamtræ der med størst sandsynlighed forklarer de fundne forskelle på genomerne.
- Genomet til SARS-CoV-2 består af omkring 30.000 nukleobaser, så til overstående benyttes computere, computeralgoritmer og statistiske metoder.



Tilpasning af genomsekvenser

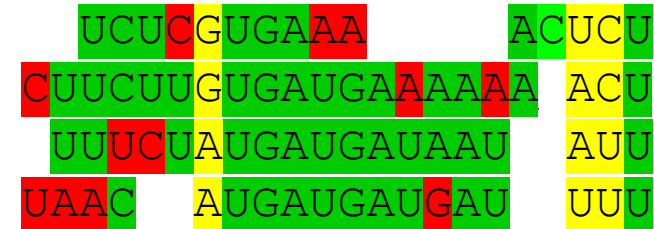
- Genomet for SARS-CoV-2 er et RNA-genom.
- I RNA-molekyler findes der 4 forskellige typer af nukleobaser: cytosin, guanin, adenin og uracil.
- Vi kan derfor repræsentere genomet for coronavirus som en sekvens af C'er, G'er, A'er og U'er.
- Ønsker man at sammenligne genomerne fra forskellige varianter af SARS-CoV-2, kan det derfor gøres ved at sammenligne de tilhørende sekvenser af C'er, G'er, A'er og U'er.
- Disse er dog ofte ufuldstændige eller har forskellige længder.
- Det er derfor ikke nok at sammenligne sekvenserne bogstav for bogstav.
- I stedet bruger man computeralgoritmer til at tilføje mellemrum mellem bogstaverne i de sekvenser man undersøger, således at bogstaver der sandsynligvis svarer til hinanden, får samme position i alle sekvenserne.



```
UCCUUCUGGAAACUCNCAUCUCU
CUUCUUGUGAUGAAAAAACUCU
UUUUCUUGAUGAUAUAUUUAUU
UAACAUAAGAGAGAUUUUUUUU
```

Bestemmelse af hvor stor forskel der er mellem to eksemplarers genomer

- Når man har fået tilpasset genomsekvenserne for de varianter af SARS-CoV-2 man har genom fra, kan man begynde at måle på hvor store forskelle der er mellem to varianter genomer.
- Dette gøres ved at sammenligne de tilpassede genomsekvenser for de varianter man kigger på bogstav for bogstav.
- Ud fra dette opnår man et tal der fortæller hvor forskellige de to genomer vi betragter, er fra hinanden.
- Dette tal kaldes ofte den genetiske afstand.
- Jo større den genetiske afstand er, jo større forskel er der på genomerne.

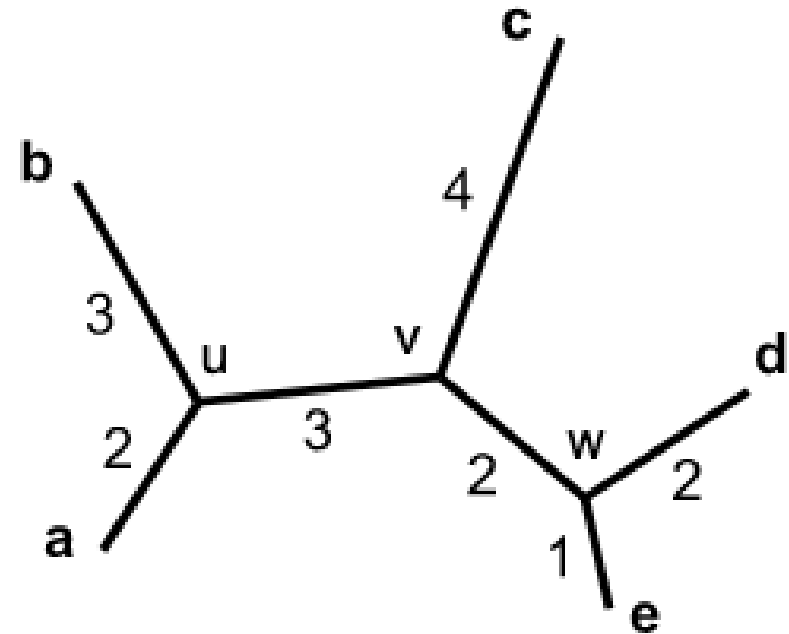


Distance Matrix

	A	B	C	D	E	F
A	0	16	47	72	77	79
B	16	0	37	57	65	66
C	47	37	0	40	30	35
D	72	57	40	0	31	23
E	77	65	30	31	0	10
F	79	66	35	23	10	0

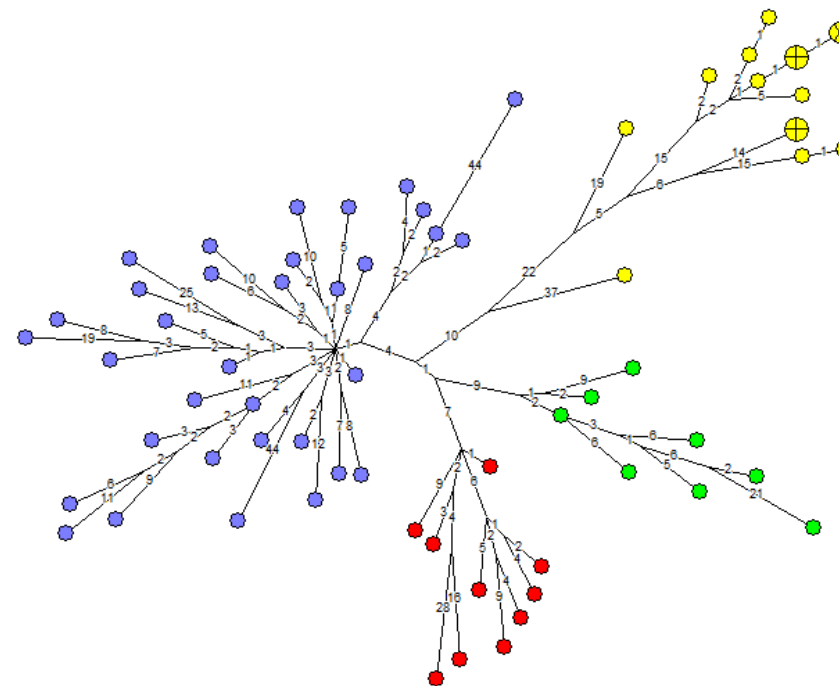
Bestemmelse af hvor stor forskel der er mellem to eksemplars genomer

- Når man har fået fastsat den genetiske afstand mellem alle de genomer man undersøger, kan man ved hjælp af computerprogrammer lave en graf der viser disse afstande og hvor genomer der ligner hinanden, er placeret i nærheden af hinanden.



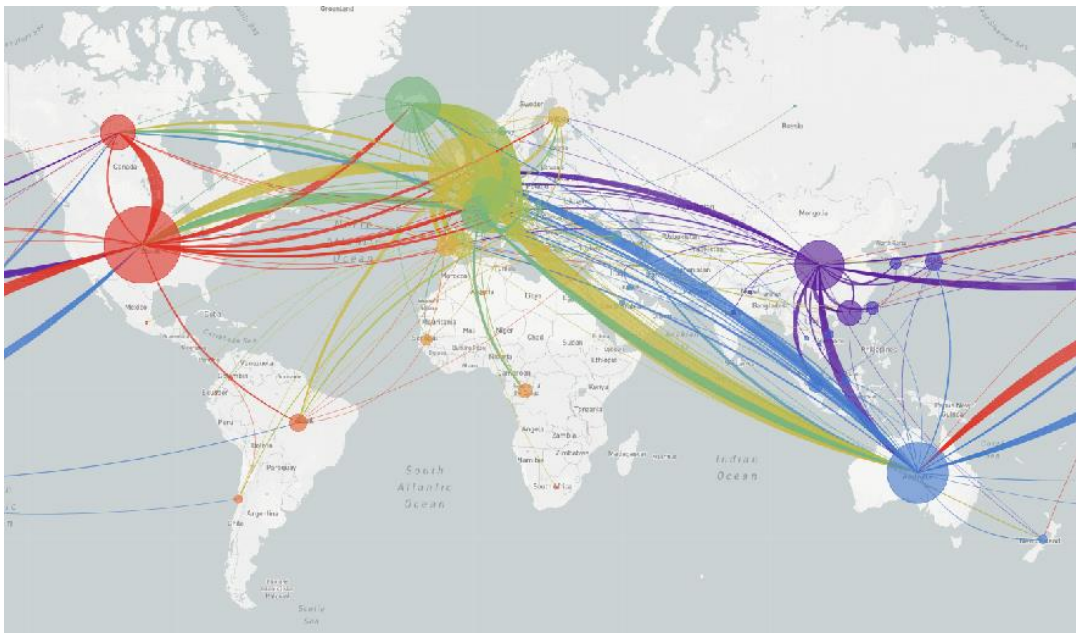
Søgning efter det stamtræ der med størst sandsynlighed forklarer de fundne forskelle på genomerne

- Ud fra grafen der viser de genetiske afstande, kan man så lave et stamtræ der viser hvordan de varianter af SARS-CoV-2 man undersøger, er beslægtet med hinanden.
- Typisk gøres det ved at man ved hjælp af computeralgoritmer finder det stamtræ der med størst sandsynlighed forklarer de genetiske afstande man har fundet.
- Desuden kan man, i tillæg til de genetiske afstande, også inddrage oplysninger om hvor og hvornår de varianter af SARS-CoV-2 man undersøger, er fundet, og oplysninger om allerede kendte smittekæder.



Viden uddraget af stamtræer

- Ved hjælp af disse metoder, har man opdaget hidtil ukendte smittekæder, og man har fået en bedre forståelse af hvordan coronasmitten har spredt sig geografisk.
- Det har bidraget til en bedre forståelse af coronavirus og covid-19-epidemien og givet os bedre redskaber til at bekæmpe den.





Vísinda) *vøka*