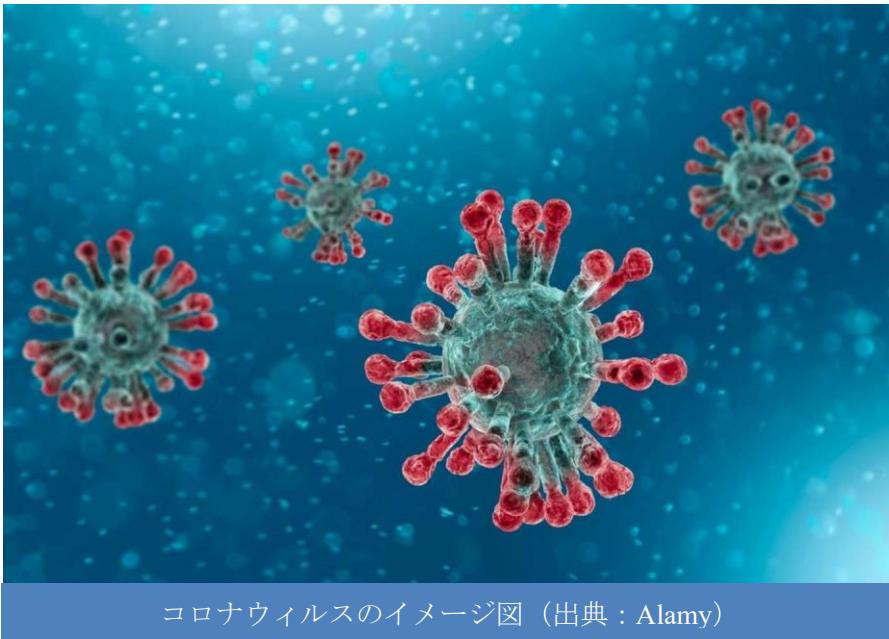


COVID-19 の起源は舟山コウモリと関連 : 中国 CDC の Lancet 最新論文

新浪科技 tech.sina.com.cn 2020-01-30 19:26 来源: 钛媒体

原タイトル: 中国 CDC チームが Lancet 上に最新論文: COVID-19 の起源は舟山コウモリと関連 出典: 林志佳

摘要: 武漢市の流行を生じさせた新型コロナウイルスは、浙江省舟山コウモリが、華南海鮮市場で売られていた現時点では知られていない野生動物を通じてヒトに感染が広がったものの可能性がある。



コロナウィルスのイメージ図 (出典: Alamy)

『人類は究極の宿主だ。これ(新型コロナウイルス肺炎)は、野生動物中の隠しウイルス貯蔵庫と彼らが哺乳類(ヒト)に潜む可能性について再びハイライトを当てることになった。』

中国疾病管理センター(宮本注:以下「CDC」)のバイオセーフティチーフエキスパート武桂珍は語った。

2019年12月下旬、未知の微生物によるウィルス性肺炎に感染した多くの患者が中国武漢市に出現。その後、中国CDCは、病原の鑑定を通じ今回のウィルス性肺炎患者の病原体が新型コロナウイルスであると確定した。1月10日、武漢で見つかったウィルスはWHOにより『2019-nCoV』、つまり『2019年武漢新型コロナウイルス(この英文名称のどこにも武漢という文字がないのですが、今武漢肺炎と書くのは台湾メディアぐらいのものですが…)』と命名された。

新型コロナウイルス肺炎は今なお発生が続き、確診症例、治癒症例、死亡者数は増加し続けている。

が、今回の新型コロナウイルスの宿主はいったいどこからやってきたのか、このウィルスがどのようにして武漢にやってきたのか、また、どこでピボットを越えてヒトに感染するようになったのか、これら重要な情報については、正式な結果は未だ発表されていない。

世界中の科学者がこれらに関する結論を見つけ出そうと大量の時間と精力を投じて研究をしている。

北京時間1月30日未明、世界的に権威のある医学誌『ランセット』が新型コロナウイルスに関する最新の論文をオンラインで発表した。

その中の一編の作者は、武桂珍や山東第一医科大学の施文芳らだが、当該論文は新型コロナウイルス肺

Epidemiological and clinical characteristics of 99 cases of 2019 novel coronavirus pneumonia in Wuhan, China: a descriptive study

Nanshan Chen*, Min Zhou*, Xuan Dong*, Jieming Qu*, Fengyun Gong, Yang Han, Yang Qiu, Jingli Wang, Ying Liu, Yuan Wei, Jia'an Xia, Ting Yu, Xinxin Zhang, Li Zhang

Summary

Background In December, 2019, a pneumonia associated with the 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) emerged in Wuhan, China. We aimed to further clarify the epidemiological and clinical characteristics of 2019-nCoV pneumonia.

Methods In this retrospective, single-centre study, we included all confirmed cases of 2019-nCoV in Wuhan Jinyintan Hospital from Jan 1 to Jan 20, 2020. Cases were confirmed by real-time RT-PCR and were analysed for epidemiological, demographic, clinical, and radiological features and laboratory data. Outcomes were followed up until Jan 25, 2020.

Findings Of the 99 patients with 2019-nCoV pneumonia, 49 (49%) had a history of exposure to the Huanan seafood market. The average age of the patients was 55.5 years (SD 13.1), including 67 men and 32 women. 2019-nCoV was detected in all patients by real-time RT-PCR. 50 (51%) patients had chronic diseases. Patients had clinical manifestations of fever (82 [83%] patients), cough (81 [82%] patients), shortness of breath (31 [31%] patients), muscle ache



Published Online
January 29, 2020
[https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(20\)30211-7](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(20)30211-7)

*Contributed equally
Tuberculosis and Respiratory Department (Prof N Chen MD, X Dong PhD, Y Wei MD, J Xia MD, T Yu MD, Prof L Zhang MD), Infection Disease Department (F Gong MD, J Wang MD), Science and Education Department (Y Han PhD), and

炎に感染した武漢の患者の遺伝子の分析を通じて初めて『新型コロナウイルスの最初の宿主は舟山コウモリに最も近いものだ』との結論に至った。もう一遍は、武漢市金银潭医院の張麗らにより書かれたものだが、より重篤な患者の分析に焦点を当てている。この論文は、新型コロナウイルス肺炎患者 99 名のデータを通じて、新型コロナウイルス感染初期の特徴を分析している。

『ランセット』のこの 2 編の論文は、新型コロナウイルスの発生源や感染経路及び感受性などに関して全方位的なデータ分析を行っただけではない。ビッグデータの分析と科学的研究を通じ現状を統合し、『都市封鎖』などの感染制御手段の有効性をよく説明し、新型コロナウイルス肺炎の予防管理活動の指針ともなっている。

他誌で発表された新型コロナウイルスに関する研究報告と比べると、ランセットで発表された論文には比較的権威がある。本論文は、中国 CDC のバイオセーフティのチーフエキスパートである武桂珍率いる山東第一医科大学附属第一医院や中国科学院華大基因の遺伝子病原学技術研究センター、温州医科大学陸軍総医院、湖北省 CDC、中国科学院北京生命科学研究所等の科学者グループの共同研究であり、中国 CDC の主任、国家衛健委の高級専門家グループメンバーである高福院士も参画している。

論文の作者たちもまた各論文の最終部分で、野生動物体内に潜む未知のウイルスの人類に対する潜在的脅威について再強調している。

新型コロナウイルスの宿主は舟山コウモリと関連があり、類似性は 87.99% に達している

最初の論文で、科学者は新型コロナウイルス肺炎患者と確定診断された 9 人の気管支肺胞洗浄液と培養物中からサンプルを分離し、遺伝子シーケンスの決定と遺伝子分析を行った。これらのサンプルから、科学者たちは、合計 8 つの完全なウイルスゲノムと 2 つの部分的に完全なウイルスゲノムを接合した。ウイルスの起源及びウイルスの感染経路を確定するため、このコロナ患者 9 人の新型コロナウイルス (2019-nCoV) の 10 遺伝子シーケンスに新たな遺伝子分析を行った。

	Patient information		Sample information			Genome sequence obtained	
	Exposure to Huanan seafood market	Date of symptom onset	Admission date	Sample type	Collection date	Ct value	
Samples WH19001 and WH19005	Yes	Dec 23, 2019	Dec 29, 2019	BALF and cultured virus	Dec 30, 2019	30.23	Complete
Sample WH19002	Yes	Dec 22, 2019	NA	BALF	Dec 30, 2019	30.50	Partial (27130 nucleotides)
Sample WH19004	Yes	NA	NA	BALF	Jan 1, 2020	32.14	Complete
Sample WH19008	Yes	NA	Dec 29, 2019	BALF	Dec 30, 2019	26.35	Complete
Sample YS8011	Yes	NA	NA	Throat swab	Jan 7, 2020	22.85	Complete
Sample WH01	Yes	NA	NA	BALF	Dec 26, 2019	32.60	Complete
Sample WH02	Yes	NA	NA	BALF	Dec 31, 2019	34.23	Partial (19503 nucleotides)
Sample WH03	Yes	Dec 26, 2019	NA	BALF	Jan 1, 2020	25.38	Complete
Sample WH04	No*	Dec 27, 2019	NA	BALF	Jan 5, 2020	25.23	Complete

Ct=threshold cycle. BALF=bronchoalveolar lavage fluid. NA=not available. 2019-nCoV=2019 novel coronavirus. *Patient stayed in a hotel near Huanan seafood market from Dec 23 to Dec 27, 2019, and reported fever on Dec 27, 2019.

Table: Information about samples taken from nine patients infected with 2019-nCoV

患者 9 人の基本データ

研究者たちは先ず彼らの間のゲノム配列を比較対照してみた。その結果、8 つの完全なウイルスのゲノムは 99.98% の効率でほぼ完全に一致していた。実際に、研究者や医師たちが問い合わせをしたところ、

これらの患者 9 例中、8 例は以前華南海鮮市場に行っており、もう 1 例は同市場に一度も行っていないか

ったが、発症前に市場近くにあるホテルには宿泊しており、ウイルスにどのように感染したのかは不明確だ。

データと患者の説明をもとに、この比較対照の結果、新型コロナウイルス肺炎がどこから来たのかにかかわらず、ウイルスの起源は同じだということが示され、新型コロナウイルスの起源は一つのソースからのものであり、この中間の期間は極めて短いもので、相対的にかなり迅速に検出されたものと確定できる。

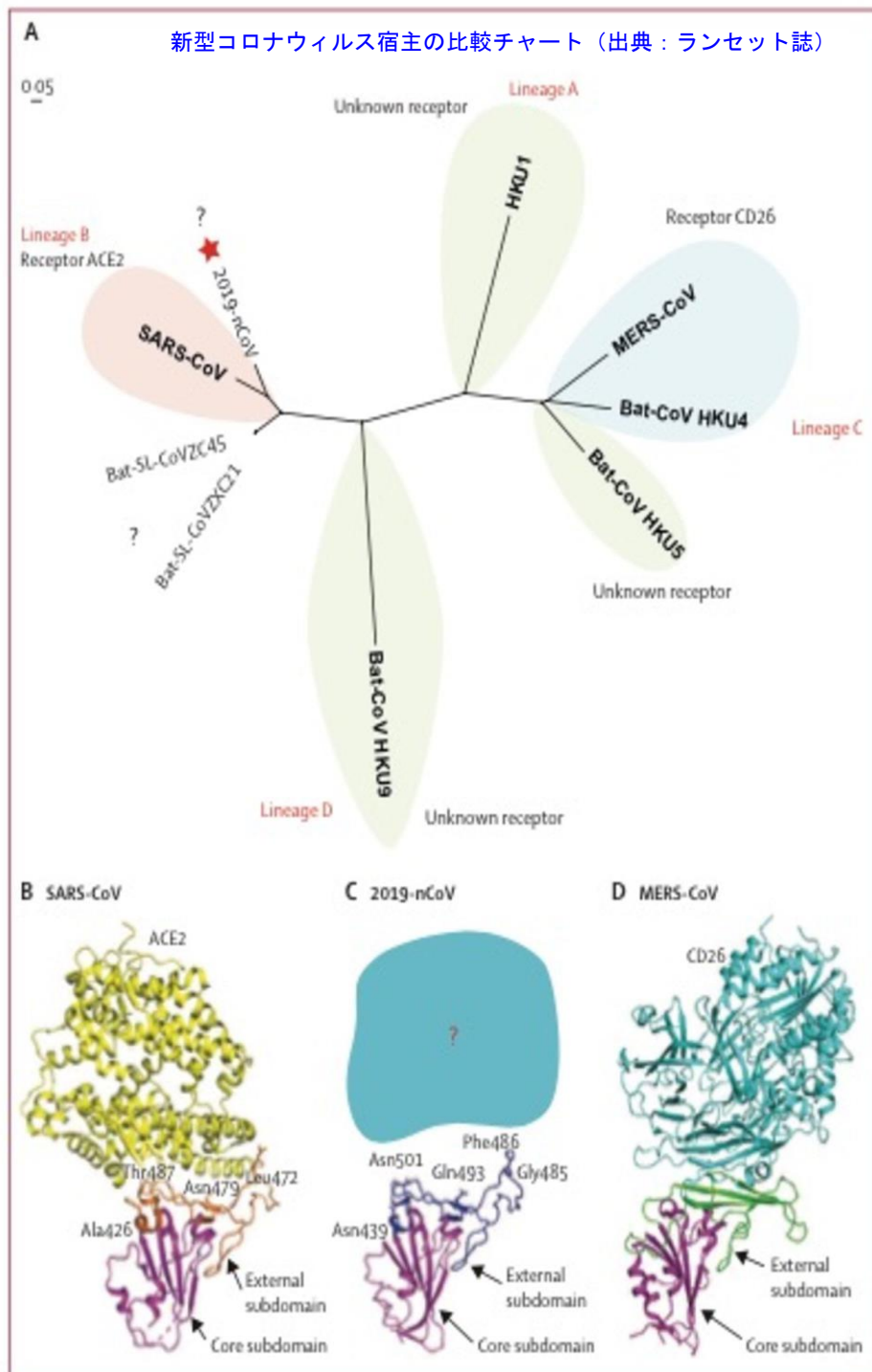
では、これらのウイルスはどこからやってきたのか？

論文では、研究者たちが、新型コロナウイルスの遺伝子配列を、よく知られている **SARS** ウィルスと **MERS** ウィルスを含む現有のウィルスデータベースと比較したと記述している。比較対照の結果、分離された二ウィルス **bat-SL-CoVZC45** と **bat-SL-CoVZXC21** でウイルス遺伝子配列の **87.99%**が共有されていたことが判った。

換言すれば、新型コロナウイルスの完全なゲノム配列に最も近いのは、2018年に浙江省舟山市でコウモリから分離された2株のウィルスであり、それらとの類似性は88%前後に達していた。

対照的に、新型コロナウイルスと **SARS** や **MERS** ウィルスの配列はそれほど類似しておらず、その類似性はそれぞれ **79%**、**50%**であった。同時に、新型コロナウイルス肺炎と **SARS** のウィルスの起源はともにコウモリであるが、類似した構造をもってはいるもののデータからみると、この二つのコロナウィルスサンプルが一致していないということもまた確認された。

換言すると、武漢肺炎（中国でも武漢肺炎という言葉を使っていることに驚いています。2021年の現時点ではこの言葉を使うのは台湾や香港のメディアぐらいなので…）のウィルスは未知のタイプのコロナウィルスであって、**SARS** コロナウィルスや **MERS** コロナウィルスとは異なるということだ。



論文中のデータ分析によると、武漢でのアウトブレイクを引き起こした新型コロナウイルスは、浙江省の舟山コウモリに由来し、華南海鮮市場で販売されていた、現時点では未知の野生動物を介してヒトに拡

散した可能性がある。その上、コウモリのコロナウイルスは突然変異しやすいため、新型コロナウイルスの起源を判断し難くしている。もし、より密接に関連する動物ウイルスが見つければ、中間宿主の分析ができることになる。

更に、中国科学院武漢ウイルス研究所の石正麗チームは、未レビューの学術プラットフォーム **bioRxiv** (バイオアーカイブ) に コウモリのコロナウイルス **BatCoV RaTG13** に短い **RdRp** 領域が見つかったと投稿している。この種のウイルスは、コウモリの体内で見つかり、この領域が新型コロナウイルスの配列と高い相同性を示し、全ゲノム配列の相動性は **96.2%** だった。系統発生解析では、**RaTG13** が新型コロナウイルスの近縁種であることが示された。石正麗チームは、コウモリウイルスが新型コロナウイルスの起源だと考えている。

2つの研究報告は、新型コロナウイルスの『コウモリ期限』のより多くのエビデンスを提供している。



『これらのデータは、コロナウイルスに一般的に使用されるコウモリのデータベースと一致しており、特に、新型コロナウイルスと一致しています。とはいえ、コウモリは大変重要だというものの、他の動物宿主がコウモリとヒトの間における中間宿主として機能しているようにみえるのです。』武桂珍はその論文に対して説明する。

「まず、武漢にいるコウモリの大多数が全て冬眠している最中の 2019 年 12 月下旬にそのアウトブレイクが報じられたということです。次に、華南海鮮市場ではコウモリの販売はされておらず、コウモリが見つかっていませ

んが、多くの非水生動物の遺伝子配列の類似性は 90% に未たないものでした。つまり、これが意味するのは華南海鮮市場が第一の宿主起源ではなく、SARS や MERS においてもコウモリがその起源となっており、他の動物はその中間宿主となります。人類は究極の宿主です。これ（新型コロナウイルス肺炎）は、野生動物中の隠しウイルス貯蔵庫と彼らが哺乳類（ヒト）に潜む可能性について再びハイライトを当てることになったのです。」

同時に、中央電視台は武桂珍のいる中国 CDC が今月 28 日に高い特異性を持つ PCR 検査試薬の開発に成功、新型コロナウイルス株に関する情報が初公開され、新型コロナウイルスのワクチン研究開発作業が開始されたと報じた。

ワクチンの研究開発活動時期もまた一般の人にとって大きな関心事だ。以前に、高福院士が中央電視台のインタビューを受けた際、「(新型コロナウイルス) ワクチンはきっと成功を収めるだろう。ウイルスには、独自の発展法則があり、ワクチンの開発にもまた独自の法則があり、決して一夜にしてできるものではない。ワクチンは実験室で開発に成功した後、安全のために動物実験を行わねばならず、臨床実験に至るまでにまだ時間がかかるものだ。」と語っている。

新華社によると、現在、メッセンジャーRNA (mRNA) ワクチン技術のプラットフォームを使用することで、新型コロナウイルスワクチンの開発サイクルを **3.25** か月に短縮でき、更に国家衛健委の高級特別専門家グループの李蘭娟院士によると、「ワクチン株の入手には、**1.5** か月を要し、その後は **1.5** か月の承認プロセスが必要となる」のだそうだ。

従い、『ランセット』での新型コロナウイルス宿主の研究は、ワクチンの実験期間の大幅スピードアップさせる可能性があるが、全体的な観点からすると、ワクチンは、ヒトの臨床試験ができるようになるまでに早くても **5** 月以降まで待つ必要がある。

約 100 例の感染を解析： 熱発や咳は疾患の重要な兆候

今週、チタニウムメディア（以下『チタニウム』）は以前『ランセット』が暴露 流行震源地は華南海鮮市場か否か 新たな疑念）で、武漢市で早期に確認された感染者 41 人を分析したが、これはランセット上で発表された最新論文となるが、前回報告されたデータを補足するものだ。実験室に送られてきた新型コロナウイルスの確診症例 99 例に対するデータ研究と分析により、研究チームが検体数を拡大し、患者の臨床症状が更に明らかになった。

新しい論文では、患者は全て本年（2020年）1月1日～20日までの間に武漢金银潭医院で治療を受けた確診症例であったことを示している。作者は、臨床記録や検査結果及び画像所見を疫学データと組み合わせしており、大多数の患者が中年（平均年齢 55.5 歳）で、男性（67 例）とされ、先週のランセットの論文は華南海鮮市場で働いていた比率は 66%前後とされていたが、今回は華南海鮮市場との接触歴があった（49 例）のは患者の 49%となり、その大部分（46 例）は、同市場のマネージャーまたは販売スタッフであった。

更に、論文のデータは以下のことを示している：

ほぼ半数の症例（50 例）は、心血管や脳血管の疾病（40 例）、糖尿病（12 例）を含む慢性疾患患者で発生していたが、慢性疾患を有する老人男性が新型コロナウイルスにより感受性が高い。WHO は先週の緊急記者会見において、何度も今回の感染症例中の少なからぬ人が基礎疾患をもっていると発言しており、この観点は今回の分析結果と一致している。

つまり、論文中で述べられているように、発熱と咳が、新型コロナウイルス肺炎に常見される最も臨床的な特徴である。データは、入院した全患者に肺炎が見られ、且つ、大多数の患者（74 例）において両肺部に感染が見られたことを示している。ほとんどの患者に発熱（82 例）、咳（81 例）があり、呼吸困難（31 例）も見られた。重症者 5 例には細菌（1 例）や真菌（4 例）等の感染併発などの臨床的特徴がみられた。

診療方案においては、衛健委が 1 月 27 日に発表された『新型コロナウイルス感染肺炎の診療方案（試行第四版）』を基に、現在新型コロナウイルス肺炎患者の方案は三種類に分けられている：

アルファインターフェロン噴霧吸入、レムデシベルまたはレンジシビル（レムデシベル、GS-5734）、クロロキン（クロロキン、シグマ-C6628）及びその他薬物方案の試用；抗菌（薬）療法や酸素療法、電解質バランスその他の手段により、患者の肺部に関する問題を解決することが可能；危篤患者には、呼吸補助、ホルモン、腸管微生物、血漿、漢方薬、エイズ治療薬などの治療手段を用い、患者の症状を緩和するが、総体的には、患者の症状、地域の気候特性及び様々な体質に基づき、診断と治療を決定する必要がある。

患者 99 人のサンプルデータのスクリーンショット	Patients (n=99)
Age, years	
Mean (SD)	55.5 (13.1)
Range	21-82
≤39	10 (10%)
40-49	22 (22%)
50-59	30 (30%)
60-69	22 (22%)
≥70	15 (15%)
Sex	
Female	32 (32%)
Male	67 (68%)
Occupation	
Agricultural worker	2 (2%)
Self-employed	63 (64%)
Employee	15 (15%)
Retired	19 (19%)
Exposure to Huanan seafood market*	
Long-term exposure history	47 (47%)
Short-term exposure history	2 (2%)
Chronic medical illness	
Cardiovascular and cerebrovascular diseases	40 (40%)
Digestive system disease	11 (11%)
Endocrine system disease†	13 (13%)
Malignant tumour	1 (1%)
Nervous system disease	1 (1%)
Respiratory system disease	1 (1%)
Admission to intensive care unit	
23 (23%)	
Clinical outcome	
Remained in hospital	57 (58%)
Discharged	31 (31%)
Died	11 (11%)

Data are n (%) unless specified otherwise. 2019-nCoV=2019 novel coronavirus.
*Long-term exposure is having worked at or lived in or around Huanan seafood market, whereas short-term exposure is having been to Huanan seafood market occasionally. †12 were diabetic.

この論文のデータによると、大多数の患者は抗ウイルス薬治療（75例）、抗生物質（70例）、酸素療法（75例）を受け、予後は良好であった。但し、患者17例には急性呼吸逼迫症候群（ARDS）が現れ、うち11人が多臓器不全で亡くなっている。この致死率はSARS感染に相当（10%）するが、MERS感染死（35%）ほどに深刻ではない。著者はまた、時間経過とともに、入院している患者の間で新たな死亡例が生じる可能性がある」と述べている。

1月25日までの時点で、患者99例中、3分の1近く（31例）は退院したが、半分以上の患者（57人）がまだ入院中であった。

実際、これまでに開示された99例のデータに基づき、新型コロナウイルス肺炎にかかりやすい人々の範囲がデータにより決定づけられており、更に、論文では実験室での検査結果を基に、大部分の患者においてリンパ球数がある程度低下しているとも指摘している。これは、感染後に体内のサイトカインストームが一連の免疫反応を引き起こしてリンパ球数を変化させたものである可能性がある。これらの結果は、新型コロナウイルスがリンパ球に影響を与えること、臨床診断のパラメータの一つとなる可能性があることを示している。

昨日、北京CDCの龐星火副主任もまた、現在、新型コロナウイルス肺炎への感受性が高い人の範囲は、ウイルスのインプット期から拡散期にあるかもしれない、現在は過渡期だ、言い換えれば、臨床的には武漢の現地症例に暴露（した人）が徐々に増えており、伝播力は次第に拡散している。以前に疾病管理の専門家である曾光は中央電視台のインタビューに対し、SARSで新型コロナウイルス肺炎はカバーできない、両者は根本的に違うものだと指摘している。

論文の著者はまた、これが新型コロナウイルス肺炎確定症例99例にわたるこの種のデータ分析中で最大規模のものとはいえ、他都市や他国の患者を含めた、より広範な研究をして初めてこの新たなウイルスに関する全面的な理解が可能となるのだと指摘している。

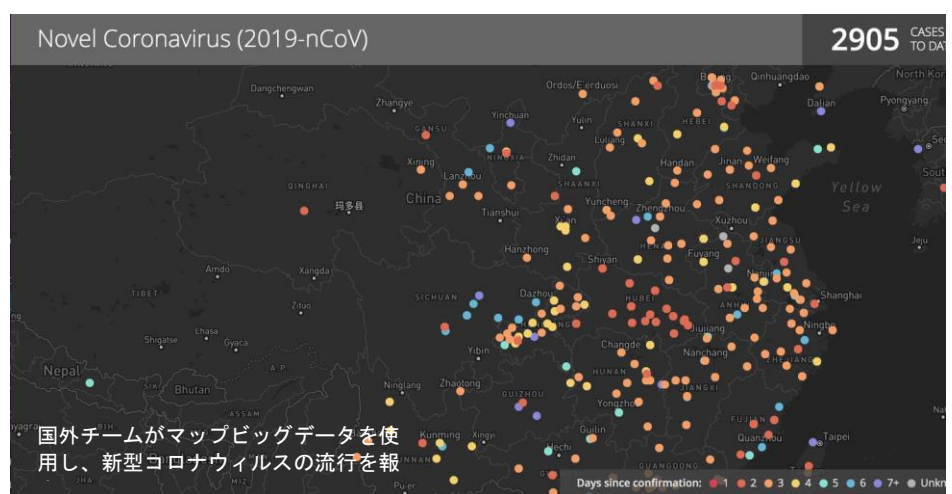
新たな流行と戦っているAIやビッグデータなどの情報化手法

新たなコロナウイルスは既に、コウモリから野生動物に種間感染をし、更に哺乳類に感染をしているが、これはこの20年では、SARSやMERSに続き種間感染を実現した第三のウイルスとなっている。このウイルスは大変な速度で世界に蔓延しており、予防も制御も可能だと言われてはいるものの、確定症例数は日々数千件増加している。

感染拡大を如何に制御するか、各人のマスク着用や消毒の励行等の公衆衛生方式で対抗する以外に、AIやドローン、ビッグデータなどの情報技術の活用もこの流行進展に絶えず影響を及ぼしている。

『ランセット』の論文に述べられているように、ビッグデータによって関連部門がより科学的な配置と診療を行なえるようになった。

1月28日の中央電視台インタビューにおいて、李蘭娟院士は、彼女が浙江省で出会ったある患者は「武漢の人との接触もないし、武漢の華南海鮮市場を訪れたこともないと言ったが、ビッグデータ分析により患者が湖北省の人3人との接触があったとの結論が得られた」と話していた。李蘭娟院士は、ビッグデータなどの情報化手段の活用により今回の感染経路をよりよく説明できると認識している。



更に、一部の研究者が以前にAI機器の学習ベイズアルゴリズムを使用し、新型コロナウイルスのアウト

ブレイクや **R0**（基本再生産数）の分析と予測をしている。**R0** 値は、感染症がアウトブレイクする可能性とその程度の強弱を反映しており、数値が高ければ高いほどより深刻なエピデミックとなるという点は言及の価値がある。

WHO データは、当該ウィルスの初期の『基本再生産数』 **R0** は、現在 **1.4~2.5** となっており、医療機関のそれは、更に大きなものとなっていることを示している。英米の大学チームは、この外部からの介入がなく誰もが免疫をもっていない状況下で、ある種の感染症に感染した人が他の人に感染させる人数の平均値である **R0** 値を **3.11** に更新した。オークランド大学の生物学者でこの種の実験に従事するディミトリオス パラスケヴィスは、『チタニウム』とのインタビューで、このアルゴリズムには臨床的根拠はないもののデータの数値は正確だったと述べている。

一部の研究者は、この新型コロナウイルスの感染率はかなり高く、ウィルスは少なくとも **3~4** 世代間で感染をしていたという見解と合致すると同時に、新ウィルスの蔓延による負担を軽減するために、効果的かつ厳格な公衆衛生対策を講じる必要があると考えている。

李蘭娟院士は、中央電視台のインタビュー時に、「**AI** やビッグデータなどの情報技術を利用して流行情報をできるだけ早くユーザに発信する、これが過去の **SARS** のコロナウィルスの時より利点となっている。さらに多くの人々は、これらの技術手段が、新型コロナウイルス肺炎流行を打ち破るための最良の牽引車となるかもしれないと信じている」と語った。（本記事は、『チタニウム』で最初に公開されている 著者：林志佳、編集：趙 宇航）

<https://tech.sina.com.cn/roll/2020-01-30/doc-iimxxste7709985.shtml>

The latest paper from the China Centers for Disease Control and Prevention team appears in The Lancet: The source of the new crown pneumonia virus is related to Zhoushan bats

Sina Technology tech.sina.com.cn 2020-01-30 19:26 Source: Titanium Media

Original title: The latest paper of the China Centers for Disease Control and Prevention team appeared in The Lancet: The source of the novel coronavirus pneumonia virus is related to Zhoushan bats Source: Lin Zhijia

Abstract: The novel coronavirus that caused the Wuhan epidemic may have come from bats in Zhoushan, Zhejiang. It spread to humans through a currently unknown wild animal sold at the South China Seafood Market.

<<Picture 1: Image of Coronavirus (Source: Alamy)>>

"Humans are the ultimate host. This (Novel Coronavirus Pneumonia) once again highlights the hidden virus reservoirs in wild animals and their potential to lurk in mammals (humans)."

Said Wu Guizhen, chief expert on biosafety at the China Centers for Disease Control and Prevention.

In late December 2019, a number of patients infected with viral pneumonia due to unknown microbes emerged in Wuhan, China. After that, the Chinese Center for Disease Control and Prevention determined that the pathogen of this viral pneumonia patient was a new type of coronavirus through pathogen identification. On January 10, the World Health Organization named the virus discovered in Wuhan as "2019-nCoV", which is the "2019 Wuhan Novel Coronavirus".

The novel coronavirus pneumonia epidemic is happening, and the number of confirmed cases, cured cases, and deaths is constantly increasing.

However, where is the source of the novel coronavirus host, how did the virus come to Wuhan, and what pivot point it crossed to humans, etc., the official has not yet announced the results on these kinds of important information.

Scientists from all over the world are investing a lot of time and energy in scientific research, hoping to find relevant conclusions.

In the early morning of January 30th, Beijing time, the world's authoritative medical journal "The Lancet" published online two latest papers on the new coronavirus.

One of the authors is Wu Guizhen, Shi Wenfang of Shandong First Medical University and others. The paper analyzed the genetics of 9 Wuhan patients infected with novel coronavirus pneumonia, and it was the first time that "The source of the novel coronavirus host is closest to Zhoushan bats" this conclusion. The other one was written by Zhang Li and others from Jinyintan Hospital in Wuhan, focusing more on clinical case analysis. The paper analyzes the early characteristics of the new coronavirus infection based on the data of 99 patients with confirmed new coronary pneumonia.

The two papers of "The Lancet" not only conducted a comprehensive data analysis on the source of the novel coronavirus, the route of infection, and the susceptible people, etc., further, also integrated the current situation, through big data analysis and scientific research, to better explain the prevention and control methods such as "lockdown of the city", and play a guiding role in the prevention and control of novel coronavirus pneumonia.

<<Picture 2>>

Compared with the current scientific research reports on the new coronavirus published in other journals, the paper published in The Lancet is relatively authoritative. The paper was led by Wu Guizhen, chief expert in biosafety of the China Center for Disease Control and Prevention. A team of scientists from the First Affiliated Hospital of Shandong First Medical University, the BGI Gene Etiology Technology Research Center of the Chinese Academy of Sciences, the Army General Hospital of Wenzhou Medical University, the Hubei Center for Disease Control, Beijing Institute of Biological Sciences of the Chinese Academy of Sciences and other scientists conducted joint research. Academician Gao Fu, director of the Chinese Center for Disease Control and Prevention and member of the high-level expert group of the National Health Commission, also participated.

The authors of the paper also re-emphasized the potential threat of unknown viruses in wild animals to humans at the end of the article.

The host of the novel coronavirus is related to Zhoushan bats, with a similarity of 87.99%

In the first research report, scientists isolated samples from the bronchoalveolar lavage fluid and cultures of nine patients diagnosed with novel coronavirus pneumonia, and performed genetic sequencing and genetic analysis. From these samples, the scientists spliced together 8 complete viral genomes and 2 partially complete viral genomes, a new genetic analysis was performed on the 10 genome sequences of the novel coronavirus (2019-nCoV) of these nine patients to determine the origin of the virus and the route of transmission of the virus.

<<Picture 3>>

Basic data of 9 patients

The researchers first compared the genetic sequences between them. The comparison results show that the 8 complete virus genomes are as high as 99.98%, which is almost identical. In fact, after inquiry by scientific researchers and doctors, among the 9 confirmed cases of new coronary pneumonia, 8 patients have been to the South China Seafood Market, and the other patient has never been to the South China Seafood Market, however, before the onset, the case lived in a hotel near the market, and it is not clear how the case got the virus.

Based on the data and patient narratives, the results of this comparison show that no matter where the focal point of the novel coronavirus pneumonia is, the source of the virus is the same. And it can be determined that the novel coronavirus originated from one source, the interval between them is very short, and can be detected relatively quickly.

So, where do these viruses come from?

The paper stated that researchers compared the gene sequence of the novel coronavirus with the existing virus database which also includes the well-known SARS virus and MERS virus. The comparison results showed that the two isolated viruses, bat-SL-CoVZC45 and bat-SL-CoVZXC21, shared 87.99% of the viral gene sequence.

So, where do these viruses come from?

The paper stated that researchers compared the gene sequence of the novel coronavirus with the existing virus database which also includes the well-known SARS virus and MERS virus. The comparison results showed that the two isolated viruses, bat-SL-CoVZC45 and bat-SL-CoVZXC21, shared 87.99% of the viral gene sequence.

In other words, the closest to the complete genome sequence of the novel coronavirus is the two viruses isolated from bats in Zhoushan City, Zhejiang Province in 2018. Their similarity reached about 88.

<<Picture 4: Comparison chart of new coronavirus hosts (Source: The Lancet)>>

In contrast, the sequences of the new coronavirus and SARS and MERS viruses are not that similar, with similarities of 79% and 50%, respectively. This also confirms that although the sources of the novel coronavirus pneumonia and SARS viruses are both bats and have similar structures, from the data point of view, the two coronavirus samples are not consistent. In other words, the virus of the Wuhan pneumonia epidemic is an unknown new type of coronavirus that is different from the SARS coronavirus and the MERS coronavirus.

According to the data analysis in the paper, the new coronavirus that caused the outbreak in Wuhan may be derived from bats in Zhoushan, Zhejiang, and spread to humans through a currently unknown wild animal sold at the South China Seafood Market. The bat coronavirus is more susceptible to mutation, which makes it difficult to judge the source of the novel coronavirus. If a more closely related animal virus is found, the intermediate host can be analyzed.

In addition, Shi Zhengli's team from the Wuhan Institute of Virology of the Chinese Academy of Sciences once posted on the unreviewed academic platform bioRxiv that a short RdRp area was found in BatCoV RaTG13, a bat coronavirus. This virus was detected in bats, and this region showed high sequence homology to the novel coronavirus, with the whole genome sequence homology of 96.2%. Phylogenetic analysis also showed that RaTG13 is a close relative of the novel coronavirus, that is to say, Shi Zhengli's team believes that the bat virus is the source of the novel coronavirus.

Two research reports provide more evidence for the "bat origin" of the new coronavirus.

<< Picture 5: Wu Guizhen is interviewed by CCTV >>

"These data are consistent with the bat database generally used for coronavirus, especially, consistent with the novel coronavirus. It, however, despite the importance of bats, seems that other animal hosts are acting as intermediate hosts between bats and humans" Wu Guizhen explained to the paper."

"First, the outbreak was reported in late December 2019, when most bat species in Wuhan were hibernating. Secondly, no bats were sold or found in the South China Seafood Market. However, the genetic sequence similarity of many non-aquatic animals is less than 90%. This means that the South China Seafood Market is not the primary source of hosts. In SARS and MERS, bats are the source. The other animal is the intermediate host, Humans are the ultimate host, which once again highlights the hidden virus reservoirs in wild animals and their potential to lurk into mammals (humans)."

At the same time, CCTV reported the China Center for Disease Control and Prevention where Wu Guizhen is located has successfully developed a highly specific PCR detection reagent on the 28th of this month, released the first novel coronavirus strain information, and initiated the research and development of a novel coronavirus vaccine.

Vaccine research and development work schedule is also a matter of greater concern to the public. In an interview with CCTV earlier, Academician Gao Fu said, "(New Coronavirus) Vaccines can definitely be studied successfully. Viruses have their own rules of development, and the development of vaccines also has their own rules. It does not happen overnight. After the vaccine is successfully developed in the laboratory, animal experiments need to be done for safety of the people, and it will take time to go to the population for clinical experiments."

According to Xinhua News Agency, using the messenger ribonucleic acid (mRNA) vaccine technology platform, we can shorten the vaccine development cycle of the novel coronavirus to 3.25 months, today. In addition to the statement of Academician Li Lanjuan, a member of the high-level expert group of the National Health Commission, "It takes one and a half months to get the vaccine strain, and then another one and a half months of approval process."

Therefore, the study of the host of the novel coronavirus in The Lancet may greatly speed up the experimental time of the vaccine. From an overall point of view, the vaccine will need to wait until May this year at the earliest before it can be used in clinical trials among the population.

Analysis of nearly 100 cases of infection: fever and cough are important signs of illness

This week, Titanium Media reported ("The Lancet" exposed the foci or non-South China seafood market, the new crown pneumonia added doubts), analyzing 41 cases of early confirmed infection in Wuhan. And the latest paper published on The Lancet is a supplement to the previous data report this time. Through data research and analysis of 99 diagnosed cases of novel coronavirus infection that were sent to the laboratory, the scientists' team expanded the number of case samples, and the clinical signs of patients became more and more obvious.

The new paper shows that the patients were all diagnosed patients who were treated at Wuhan Jinyintan Hospital between January 1 and January 20 this year. The author combined clinical records, laboratory results, and imaging findings with epidemiological data. It was found that most of the patients were middle-aged people (average age 55.5 years), male (67 patients), and approximately 49% of the patients had a history of exposure to the South China Seafood Market (49 patients). Most of them (46 patients) are working in the South China Seafood Market, with positions as managers or sales staff, compared to the last week's Lancet paper reported "66%."

<< Picture 6: Partial screenshot of sample data of 99 patients >>

In addition, the paper data shows that about half of the cases (50 cases) occurred in patients with underlying chronic diseases including cardiovascular and cerebrovascular diseases (40 cases) and diabetes (12 cases). That is to say, elderly men with chronic diseases are more susceptible to the novel coronavirus. The WHO mentioned many times in the emergency press conference last week that many of the infected cases this time have underlying diseases, and the results of this analysis are consistent with this view.

That is to say, as mentioned in the paper, fever and cough are the most common clinical features of new coronary pneumonia. The data showed that all patients admitted to the hospital had pneumonia, and most of the patients' lungs were infected (74 cases). Most patients also had fever (82 cases), cough (81 cases), and even shortness of breath (31 cases), five critically ill patients also experienced clinical features such as co-infection of bacteria (1 case) and fungus (4 cases).

In the diagnosis and treatment plan, according to the "Novel Coronavirus Infection Pneumonia Diagnosis and Treatment Plan (Trial Fourth Edition) issued by the Health Commission on January 27, the current rescue plans for patients with new coronary pneumonia are divided into three types:

Try alpha-interferon nebulized inhalation, remdivir or rendisivir (Remdesivir, GS-5734), chloroquine (Chloroquine, Sigma-C6628), lopinavir/ritonavir (Ritonavir) and other drug programs; Antibacterial, oxygen therapy, electrolyte balance and other measures allow patients to solve lung problems; For critically ill patients, use respiratory support, hormones, intestinal microecology, plasma, Chinese medicine, AIDS drugs and other treatments to relieve their symptoms. But on the whole, it is necessary to make diagnosis and treatment decisions based on the condition of the disease, local climate characteristics, and different physical conditions.

According to the data in this paper, most patients received antiviral treatment (75 cases), antibiotics (70 cases) and/or oxygen therapy (75 cases), and the prognosis is good. However, 17 patients developed acute respiratory distress syndrome (ARDS), and 11 of them died of multiple organ failure. This mortality rate is comparable to SARS infection (10%), but not as severe as MERS infection (35%). The author also said that over time, there may be new deaths among patients who are in hospital.

As of January 25, more than half of the 99 patient samples (57 patients) are still in the hospital, and nearly one-third (31 patients) have been discharged.

In fact, based on the data of 99 samples disclosed so far, the range of people who are susceptible to novel coronavirus pneumonia is marked out by data. In addition, the paper also points out that the lymphocyte count of most patients has decreased based on the results of laboratory tests. This may be because after the infection, the cytokine storm in the body triggered a series of immune responses, leading to changes in the number of lymphocytes. These results indicate that the novel coronavirus may affect lymphocytes, which may be one of the parameters of clinical diagnosis.

Pang Xinghuo, deputy director of the Beijing Centers for Disease Control and Prevention, also pointed out yesterday: At present, the range of susceptible group of novel coronavirus pneumonia may be from the import period to the spread period, the current epidemic is in a transitional period. In other words, clinically, the number cases in contact with Wuhan local case is gradually increasing, and the spreading power is gradually becoming larger and larger. Earlier, disease control expert Zeng Guang pointed out in an interview with CCTV that SARS cannot be used to cover the novel coronavirus pneumonia epidemic. The two are fundamentally different.

The author of the paper also pointed out that, although this is the largest data analysis of its kind, involving 99 confirmed cases of novel coronavirus pneumonia, more extensive research, including patients from other cities and countries, is needed to have a more comprehensive understanding of this new type of coronavirus.

Informatization methods such as AI and big data are fighting the new epidemic

The new coronavirus has achieved cross-species transmission, from bats to wild animals, and then infects mammals. This is also the third virus that has successfully achieved cross-species transmission after SARS and MERS in the past 20 years. It is spreading in the world at a faster rate. Although it has been said to be preventable and controllable, the number of confirmed cases is increasing by thousands every day.

How to control the spread of the epidemic, in addition to everyone fighting the epidemic through public health methods such as wearing masks and frequent disinfection, AI, drones, big data and other information technology methods are continuously affecting the development of this epidemic.

As mentioned in the "Lancet" paper, big data allows relevant departments to deploy and diagnose more scientifically.

In a CCTV interview on January 28, Academician Li Lanjuan stated that she had encountered a patient in Zhejiang. She said she had not come into contact with Wuhan people and had never been to the Wuhan South China Seafood Market. But through big data analysis, it was concluded that the case had contacted three Hubei people. Academician Li Lanjuan believes that the use of information technology such as big data can provide a good explanation for the spread of this epidemic.

<< Picture 7: A foreign team used map big data to report the COVID-19 >>

In addition, earlier researchers used AI machine learning Bayesian algorithm to analyze and predict the outbreak and R0 (basic number of infections) value of the new coronavirus. It is worth mentioning that the R0 value reflects the potential and severity of an infectious disease outbreak. The higher the value, the more severe the epidemic.

According to data from the World Health Organization, the initial "basic reproduction number" R0 of the virus is currently 1.4-2.5, and the infection index in medical institutions is larger. In other words, in the absence of external intervention and everyone has no immunity, a person infected with a certain infectious disease will transmit the disease to the average number of other people. Dimitrios Paraskevis, a biologist at the University of Auckland engaged in this type of experiment, said in an interview with Titanium Media that although this algorithm has no clinical basis, the data is correct.

Some researchers believe that the relatively high transmission rate of this new type of coronavirus is consistent with the view that the virus has experienced at least three to four generations of transmission, which also shows that effective and strict public health measures must be taken to alleviate the burden of the spread of the new virus.

Academician Li Lanjuan told CCTV that using AI, big data and other informatization methods to transmit epidemic information to users as quickly as possible, this is the advantage of new coronary pneumonia over SARS in the past. More people believe that these technical methods may become the best engine for defeating the new crown pneumonia epidemic. (This article was first published in Titanium Media, author | Lin Zhijia, editor | Zhao Yuhang)

..... 以下是中国語原文

中国疾控中心团队最新论文登上《柳叶刀》：新冠肺炎病毒源头与舟山蝙蝠有关

新浪科技 tech.sina.com.cn 2020-01-30 19:26 来源：钛媒体

原标题：中国疾控中心团队最新论文登上《柳叶刀》：新冠肺炎病毒源头与舟山蝙蝠有关 来源：林志佳

摘要：造成武汉疫情的新型冠状病毒，可能是从浙江舟山蝙蝠上来的，它通过在华南海鲜市场出售的一种目前未知野生动物，再传播给人类。

《图 1 冠状病毒渲染图（来源：Alamy）》

“人类是终末宿主，这（新冠肺炎）再次凸显了野生动物中隐藏的病毒库以及它们潜伏到哺乳动物（人）体内的潜力。”

中国疾控中心生物安全首席专家武桂珍说。

2019年12月下旬，中国武汉出现了多位因不明微生物原菌而感染病毒性肺炎的病患。之后，中国疾控中心通过病原鉴定，确定本次病毒性肺炎患者的病原体为新型冠状病毒。1月10日，世界卫生组织将本次武汉发现的病毒被命名为“2019-nCoV”，即“2019武汉新型冠状病毒”。

新冠肺炎疫情正在发生，确诊病例、治愈病例、死亡病例人数都在不断攀升。

不过，本次新型冠状病毒宿主源头究竟在哪儿，以及该病毒是怎么来到武汉、又是通过什么支点跨越到了人类等等，这些重要信息，官方尚未公布结果。

各国科学家都在投入大量时间和精力进行科研，希望找到相关结论。

北京时间1月30日凌晨，世界权威医学期刊《柳叶刀》在线发表两篇关于新型冠状病毒的最新论文。

其中一篇作者为武桂珍、山东第一医科大学施文芳等人，该论文通过对9名受到新冠肺炎感染的武汉病患的遗传基因分析，首次具体得出“新型冠状病毒宿主源头与舟山蝙蝠最为接近”这一结论；另一篇由武汉市金银潭医院张丽等人所著，更侧重临床病例分析。该论文通过对99名新冠肺炎确诊病例的数据，分析新型冠状病毒感染的早期特征。

《柳叶刀》这两篇论文，不但对新冠肺炎病毒源头、传染途径以及易感者等等进行了全方位的数据解析，也综合当下情况，通过大数据分析及科学研究，对“封城”等防控手段进行了更好的解释，对新冠肺炎防疫工作起到了指导作用。

《图2》

相比目前其他期刊发表的关于新冠病毒的科研报告，本次发表在《柳叶刀》的论文相对权威。该论文由中国疾控中心生物安全首席专家武桂珍领衔，山东第一医科大学附属第一医院、中科院华大基因病原学技术研究中心、温州医科大学陆军总医院、湖北疾控中心、中科院北京生命科学研究所等科学家团队共同研究，中国疾控中心主任、国家卫健委高级别专家组成员高福院士也参与其中。

论文作者们也就此次疫情在文章的最后再次强调了野生动物体内未知病毒对人类的潜在威胁。

新型冠状病毒宿主与舟山蝙蝠有关，相似度高达87.99%

在第一篇研究报告中，科学家从9名被确诊为新冠肺炎患者的支气管肺泡灌洗液与培养物中分离出了样本，进行基因测序和遗传分析工作。从这些样本中，科学家们一共拼接出了8个完整的病毒基因组，以及2个部分完整的病毒基因组，通过对这九名患者的新型冠状病毒（2019-nCoV）的10个基因组序列进行了新的遗传分析，以确定病毒的起源以及病毒的传染途径。

《图3》

9名病患的基本数据

研究人员们首先比对了它们之间的基因序列。比对结果表明，这8个完整的病毒基因组高达99.98%，几乎完全一致。事实上，经过科研人员以及医生的询问，在这9名确诊新冠肺炎病例当中，有8名患者去过华南海鲜市场，另外一名患者从未去过华南海鲜市场，但在并发之前就住在市场附近的一家旅馆里，如何感染病毒尚不明确。

根据数据以及病患叙述，这个比对结果表明，不管新冠肺炎的疫源地在哪里，病毒源头都是一致的。而且可以确定，新型冠状病毒就起源于一个来源，这中间相隔的时间极短，并且可以被相对迅速地检测到。

那么，这些病毒从何而来呢？

该论文表示，科研人员将新型冠状病毒基因序列与现有病毒库进行比较，这也包括了知名的SARS病毒和MERS病毒。比对结果表明，两种分离出的病毒 bat-SL-CoVZC45 和 bat-SL-CoVZXC21，它们共享87.99%

的病毒基因序列。

也就是说，与新型冠状病毒完整基因组序列最为接近的，是 2018 年科学家在浙江省舟山市的蝙蝠体内分离出的两株病毒，它们的相似性达到 88 左右。

《图 4 新型冠状病毒宿主对比图（来源：柳叶刀论文）》

相比之下，新型冠状病毒与 SARS 和 MERS 病毒的序列就没那么相像，相似性分别为 79% 和 50%。这也同时证实了，尽管新冠肺炎与 SARS 的病毒的源头都为蝙蝠，且有相似的结构，但从数据上看，两次的冠状病毒样本并不一致，也就是说，武汉肺炎疫情的病毒是一种未知的、不同于 SARS 冠状病毒和 MERS 冠状病毒的新型冠状病毒。

根据论文当中的数据分析，造成武汉爆发疫情的新型冠状病毒，可能是浙江舟山蝙蝠所衍生出来的，并通过在华南海鲜市场出售的一种目前未知野生动物，再传播给人类。而蝙蝠冠状病毒较易突变，才让新型冠状病毒的源头不太好判断，如果发现了更密切相关的动物病毒，则可以对中间宿主进行解析。

另外，中科院武汉病毒研究所的石正丽团队曾在未审议学术平台 bioRxiv 上发文称，从一种蝙蝠冠状病毒 BatCoV RaTG13 中发现了一个短的 RdRp 区域，这种病毒是在蝙蝠体内检测到的，该区域显示了对新型冠状病毒的高序列同源性，全基因组序列同源性为 96.2%。系统发育分析还表明，RaTG13 是新型冠状病毒的近亲，也就是说，石正丽团队认为，蝙蝠病毒是新型冠状病毒的源头。

两份研究报告，为新型冠状病毒的“蝙蝠起源”提供了更多证据。

《图 5 武桂珍接受央视采访》

“这些数据与一般用于冠状病毒的蝙蝠库一致，特别是与新型冠状病毒一致。然而，尽管蝙蝠很重要，但似乎其他动物宿主正在充当蝙蝠与人类之间的中间宿主。”武桂珍对该论文解释称。

“首先，爆发是在 2019 年 12 月下旬报道的，当时武汉的大多数蝙蝠种类都在冬眠。其次，在华南海鲜市场上没有出售或发现蝙蝠，而许多非水生动物的遗传序列相似度不到 90%，这意味着华南海鲜市场不是第一宿主来源，在 SARS 和 MERS 中，蝙蝠都是源头，另一只动物是中间宿主，人类是终末宿主，这再次凸显了野生动物中隐藏的病毒库以及它们潜伏到哺乳动物（人）体内的潜力。”

与此同时，央视武桂珍所在的中国疾控中心已在本月 28 日成功研制出高特异性 PCR 检测试剂，首发了第一株新型冠状病毒毒株信息，并启动了新型冠状病毒的疫苗研发工作。

疫苗研发工作时间同样是大众较为关心的问题。早前高福院士接受央视采访时表示，（新冠病毒）疫苗肯定能够研究成功，病毒有自身发展规律，研发疫苗也有自身规律，不是一蹴而就，疫苗在实验室研制成功后，为了安全需要做动物实验，去人群做临床实验，这是需要时间的。

另据新华社，目前利用信使核糖核酸（mRNA）疫苗技术平台，我们可以将新型冠状病毒的疫苗研发周期缩短到 3.25 个月，加上国家卫健委高级别专家组成员李兰娟院士的说法，“拿到疫苗株需要一个半月，之后还需要一个半月的审批过程”。

因此，《柳叶刀》的这份新型冠状病毒宿主的研究，或将大大加快疫苗的实验时间。而根据总体来看，疫苗时间最快需要等到今年五月之后，才可以到人群当中做临床实验。

近百例感染病例解析：发热、咳嗽是患病的重要标志

本周，钛媒体曾报道（《柳叶刀》曝疫源地或非华南海鲜市场，新冠肺炎再添疑云），分析 41 例武汉早期确诊感染的病例，而这一次《柳叶刀》上发布的最新论文，是对上一次数据报告的补充，通过对 99 例经实验室去人的新型冠状病毒感染的确证病例，进行数据研究和分析，科研团队扩大了病例样本数，患者的临床表征愈发明显。

新的论文表明，患者均为今年 1 月 1 日至 1 月 20 日之间在武汉金银潭医院接受治疗的确诊患者。作者将临床记录，实验室结果和影像学发现与流行病学数据相结合。发现大多数患者是中年人（平均年龄 55.5 岁），

男性（67 例患者），大约占比为 49% 的患者有过接触华南海鲜市场的历史（49 例患者），其中大部分（46 例患者）在华南海鲜市场工作，职位为经理或销售人员，相比之下，上周的《柳叶刀》论文中，这一比例为 66% 左右。

《图 6 99 名病患的样本数据部分截图》

另外，论文数据显示，大约一半的病例（50 例）发生在患有包括心血管和脑血管疾病（40 例）和糖尿病（12 例）的潜在慢性病患者中，也就是说，老年男性慢性病患者更易感染新冠病毒。世卫组织在上周的紧急发布会中多次提到，这次的感染病例中，有不少具有基础疾病，而本次的分析结果与这一观点具有一致性。

论文中提到，发热和咳嗽是新冠肺炎最为常见的临床特征。数据表明，入院的所有患者均患有肺炎，并且大多数患者的双肺都受到感染（74 例）。大多数患者还存在发烧（82 例），咳嗽（81 例），还会出现呼吸急促（31 例），有五名重症患者还经历了细菌（1 例）和真菌（4 例）的合并感染等临床特征。

在诊疗方案中，根据卫健委于 1 月 27 日颁布的《新型冠状病毒感染的肺炎诊疗方案（试行第四版）》中，目前救助新冠肺炎病患的方案分为三种：

试用 α -干扰素雾化吸入，雷米迪维或伦地西韦（Remdesivir, GS-5734）、氯喹（Chloroquine, Sigma-C6628）、洛匹那韦/利托那韦（Ritonavir）等药物方案；抗菌、氧疗、电解质平衡等措施，让患者解决肺部问题；危重病人用呼吸支持、激素、肠道微生态、血浆、中医、艾滋病药物等治疗手段，让患者缓解病症。

但从整体上看，需要根据病情、当地气候特点以及不同体质等情况再做诊疗决定。

而根据本论文数据上显示，大多数患者接受抗病毒药治疗（75 例），抗生素（70 例）和氧疗（75 例），预后良好。但是，有 17 名患者出现了急性呼吸窘迫综合征（ARDS），其中 11 人死于多器官功能衰竭。这一死亡率与 SARS 感染相当（10%），但不如 MERS 感染那么严重（35%）。作者也表示，随着时间的推移，正在住院的患者中，可能还会有新增的死亡病例。

截至 1 月 25 日，99 例患者样本中，一半以上的患者（57 位患者）仍在医院中，近三分之一（31 位患者）已出院。

事实上，就目前所公开的 99 例样本数据，将新冠肺炎的易感人群范围用数据方式标注出来了，另外，论文还根据实验室检测的结果，指出大部分患者的淋巴细胞计数有所降低。这可能是因为感染之后，体内的细胞因子风暴引发了一系列免疫反应，导致淋巴细胞的数量发生变化。这些结果表明本次新型冠状病毒可能会影响到淋巴细胞，这或许是临床诊断的参数之一。

昨日北京疾控中心副主任庞星火也指出，目前新冠肺炎的易感人群范围，或由输入期到扩散期，目前疫情处于过渡期，也就是说，临床上，接触武汉的本地病例逐渐增多，传播力逐渐扩散。早前，疾控专家曾光在接受央视采访时指出，不能拿 SARS 去套新冠肺炎疫情，两者有着根本的不同。

该论文的作者也指出，尽管这是同类研究中规模最大的数据分析，涉及 99 例新冠肺炎的确诊病例，但需要更广泛的研究，包括来自其他城市和国家的患者，才能对这种新型冠状病毒有更全面的了解。

AI、大数据等信息化手段正在对抗新疫情

新的冠状病毒已经实现了跨物种传播，从蝙蝠到野生动物、再感染至哺乳动物上，这也是近 20 年来，继 SARS 和 MERS 之后，第三种成功实现跨物种传播的病毒。它正在以更快的速度在世界蔓延，尽管一直称可防可控，但确诊病例以每日千计增加。

如何控制疫情的蔓延，除了每个人通过戴口罩、勤消毒等公共卫生方式对抗疫情之外，AI、无人机、大数据等信息化科技方式正在不断影响着这次疫情的发展。

正如《柳叶刀》论文当中提到的，大数据让相关部门可以更科学的部署和诊疗。

在 1 月 28 日的央视采访中，李兰娟院士称，她在浙江遇到一个病人，本人说没有接触到武汉人，也没有去

过武汉华南海鲜市场。但是通过大数据分析，得出其接触过三名湖北人的结论。李兰娟院士认为，利用大数据等信息化手段，可以将这次疫情的传播途径进行很好的解释。

《图 7 国外一团队利用地图大数据报道新冠肺炎疫情》

另外，早前有科研人员利用 AI 机器学习贝叶斯算法，对新型冠状病毒的爆发、R0（基本传染数）值进行分析和预测。值得一提的是，R0 值反映传染病爆发的潜力和严重程度，数值越高，表示疫情越严重。

根据世卫组织的数据显示，该病毒的初步“基本传染数” R0 目前为 1.4-2.5，在医疗机构的传染指数会更大些。而来自英美的高校团队更新 R0 值为 3.11，也就是说，在没有外力介入，同时所有人没有免疫力的情况下，一个感染到某种传染病的人，会把疾病传染给其他人的个数平均值。奥克兰大学从事该类型实验的生物学家 Dimitrios Paraskevis 在接受钛媒体采访时表示，这种算法虽然没有临床依据，但数据是正确的。

有研究者认为，这一新型冠状病毒相当高的传播数，与该病毒至少经历了三代到四代传播的观点相符，同时也表明，必须采取有效、严格的公共卫生措施，才能减轻新病毒传播产生的负担。

李兰娟院士在接受央视表示，利用 AI、大数据等信息化手段，将疫情信息最快传递到用户手中，这就是新冠肺炎比当年 SARS 的优势。更多人认为，这些技术手段，或成为打败新冠肺炎疫情的最佳助力引擎。（本文首发钛媒体，作者 | 林志佳，编辑 | 赵宇航）

20200130D COVID-19 の起源は舟山コウモリと関連 :中国 CDC の Lancet 最新論文(新浪科技)