bioRxiv/medRxiv最新8篇论文全面解读新型冠状病毒

作者：小柯生命 来源：科学网博客

本文原地址：https://www.iikx.com/news/topnews/8132.html

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

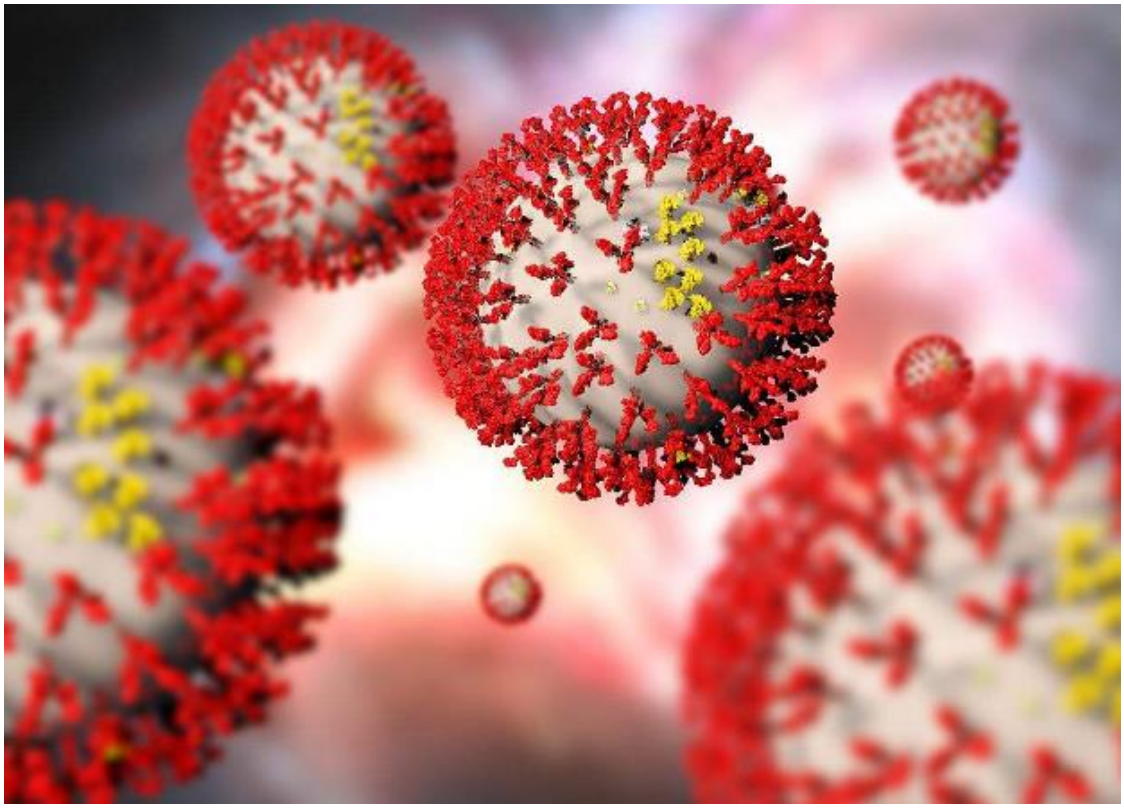
bioRxiv/medRxiv最新8篇论文全面解读新型冠状病毒。近日，预印本服务器bioRxiv和medRxiv陆续更新8篇冠状病毒相关论文，从无症状传播者、抗体研究、医疗体系负担等方面，对2019-nCoV及相关冠状病毒进行了深入探讨。

模型数据表明，随着传播的继续，实际感染人数可能远远高于报道的数字。因此，如果不实施有效的公共卫生干预，卫生保健系统的负担将是巨大的，特别是对隔离病房和重症监护病房而言。

而奈非那韦可能是对抗2019-nCov Mpro的潜在抑制剂。

研究人员建议，只要有医疗资源，应将无症状传播个体或潜在无症状个体纳入隔离治疗范围。

为了提高公共卫生干预的有效性，个人的努力不容忽视。个人在家中和社区之间的一系列预防行为对于适当控制公共传播和预防超级传播事件是至关重要的。



警惕无症状传播：基于扩展SEIR模型的2019-nCoV防控措施研究

西安工程大学等机构研究人员，建立了一个考虑区域间人员流动的SEIRD模型，揭示了3种措施(隔离感染、降低人员区域流动和提高治疗水平)在控制疫情传播方面的效果。

研究结果表明，我国现行的防治措施是十分必要的。

此外，该研究进一步证实了国际和国内专家对无症状传播的关注。

研究人员表示，该结果可用于探讨相关措施的实施对疫情传播防控的影响，以及识别疫情传播过程中可能存在的关键个体。

研究人员还建议只要有医疗资源，应将无症状传播个体或潜在无症状个体纳入隔离治疗范围。政府应及时发布疫情信息，以及感染者所在地区和车辆信息，进一步鼓励与感染者(不论有无症状)有过接触的人员及时到附近医院检查。

作者：Peng Shao、Yingji Shan

相关论文信息：https://doi.org/10.1101/2020.01.28.923169

医疗体系的崩溃：控制2019-nCoV在中国武汉暴发的数学模型

一种新型冠状病毒肺炎最初在中国武汉发现，暂时命名为2019-nCoV。考虑到此次人传人事件对卫生保健系统造成的巨大负担，暨南大学和英国帝国理工学院等机构研究人员，评估了武汉疫情期间卫生保健系统的负担。

考虑到不同的诊断率和公共卫生干预效果，研究人员使用了一个修正的SIR模型，预测实际感染病例数，以及隔离病房和重症监护病房的具体负担。

总体而言，研究人员综合了2019-nCoV暴发期间的现有信息，模型数据表明，随着传播的继续，实际感染人数可能远远高于报道的数字。因此，如果不实施有效的公共卫生干预，卫生保健系统的负担将是巨大的，特别是对隔离病房和重症监护病房。

研究人员还调查了隔离病房和重症监护病房的具体负担，假设诊断率为50%、公共卫生干预方案为基线，以及有效率分别为70%、80%和90%。如果公共卫生干预的有效率达到70%，那么在整个暴发过程中，进入隔离病房和重症监护病房的病例数将大幅下降。同样的，如果能达到更高的效率(80%或90%)，医疗系统将获得更大的效益。

为了提高公共卫生干预的有效性，个人的努力不容忽视。个人在家中和社区之间的一系列预防行为对于适当控制公共传播和预防超级传播事件是至关重要的。

研究人员认为，在目前的疫情期间，个人预防季节性流感和其他病毒感染的策略仍然适用，包括限制患病居民从事普通活动，不让有症状的人进入住家/设施，特别是限制逗留菜市场、活禽市场或农场。保持个人卫生(如经常洗手)和咳嗽礼仪(如咳嗽时捂住鼻子和嘴，正确处理使用过的纸巾)也是有益的。

作者：Wai-kit Ming、Jian Huang、Casper J.P. Zhang

相关论文信息：https://doi.org/10.1101/2020.01.27.922443

研究预测Nelfinavir为新型冠状病毒主蛋白酶的潜在抑制剂

2019-nCov在中国造成多例死亡，并且在10多个国家/地区报告了感染病例。但是，目前没有批准的药物可以治疗这种疾病。2019-nCov的Mpro蛋白是对抗该病毒的潜在药物靶标。

中科院上海药物研究所研究人员建立了基于SARS Mpro结构的同源性模型，并将1903种小分子药物与模型对接。根据对接得分以及与已知Mpro配体结合模式的3D相似性，4种药物被选出用于结合自由能计算。

MM/GBSA和SIE方法均筛选出奈非那韦(nelfinavir)，其结合自由能分别为-24.69±0.52 kcal/mol和-9.42±0.04 kcal/mol。因此，研究人员认为奈非那韦可能是对抗2019-nCov Mpro的潜在抑制剂。

作者：Zhijian Xu、Cheng Peng、Yulong Shi、Zhengdan Zhu、Kaijie Mu、Xiaoyu Wang、Weiliang Zhu

相关论文信息：https://doi.org/10.1101/2020.01.27.921627

2019-nCoV突刺蛋白与SARS冠状病毒特异性人单克隆抗体的强效结合

新发现的2019-nCoV已对人类健康构成严重威胁。然而，目前还没有专门的抗病毒治疗方法或疫苗。鉴于2019-nCoV和SARS-CoV受体结合域(RBD)的同源性较高，迫切需要评估具有2019-nCoV突刺蛋白与抗SARS-CoV抗体的交叉反应活性，这对2019-nCoV疫苗的快速开发和治疗性抗体的研制具有重要意义。

复旦大学和中科院武汉病毒研究所研究人员，首次报道了SARS-CoV特异性人单克隆抗体CR3022可与2019-nCoV RBD有效结合。在2019-nCoV RBD内，CR3022的表位不与ACE2结合位点重叠。

因此，CR3022有潜力作为候选疗法进行开发，单独或与其他中和抗体结合，用于2019-nCoV感染的预防和治疗。

研究人员还强调，一些最强大的SARS-CoV特异性中和抗体(如m396、CR3014)以SARS-CoV的ACE2结合点为目标，但未能结合2019-nCoV 突刺蛋白，说明SARS-CoV与2019-nCoV RBD的差异对中和抗体的交叉反应性有重要影响。因此，开发能够特异性结合2019-nCoV RBD的新型单克隆抗体仍然是必要的。

作者：Xiaolong Tian、Cheng Li、 Ailing Huang、Shuai Xia、Sicong Lu、Zhengli Shi、Lu Lu、Shibo Jiang、Zhenlin Yang、Yanling Wu、Tianlei Ying

相关论文信息： https://doi.org/10.1101/2020.01.28.923011

新型冠状病毒潜伏期分析

当前，新型冠状病毒2019-nCoV在武汉暴发病毒性肺炎。对其流行病学特征了解很少。荷兰莱顿大学医学中心研究人员根据在武汉以外发现的34例确诊病例的旅行史和症状，估计平均潜伏期为5.8天(4.6~7.9天，95%置信区间)，变动范围为1.3~11.3天。这些值有助于为新型冠状病毒病例适当的隔离期限提供信息，作者认为，隔离14天将确保隔离后不出现症状。

与MERS和SARS潜伏期的比较结果显示，与估计的MERS潜伏期分布相比，这些值极为相似，平均值最多相差1天，95%最多相差2天。相对于SARS，不同研究的平均潜伏期估计值有更大的差异，包括比2019-nCoV更短和更长的值。

这些研究结果显示，先前研究假定潜伏期分布类似于MERS或SARS，这些发现将不会因为潜伏期的长短而改变。

作者：Jantien A. Backer、Don Klinkenberg、Jacco Wallinga

相关论文信息：https://doi.org/10.1101/2020.01.27.20018986

新发传染病暴发过程中人群防护行为变化的影响

在新发感染暴发期间，有效药物和疫苗的缺乏增加了对非药物公共卫生干预措施和行为改变的依赖，以帮助限制病毒的人际传播。

美国北卡罗来纳大学教堂山分校和佐治亚大学研究人员表示，提高受感染者从易感人群中脱离速度的干预措施是最重要的，尤其是隔离和住院治疗。埃博拉(EVD)、SARS和中东呼吸综合征(MERS)是动物传染病，已因持续人际传播造成重大疫情。

本研究量化了7种不同EVD、SARS和MERS疫情中受感染人群的变化平均去除率(MRR)和从症状出现到住院天数(DSOH)，结果显示，疫情周和病毒序列间隔与每次疫情中人群发展出和维持健康行为的速度相关。

研究人员检测了基于疫情位置和暴发类型的DSOH和MRR的变化，结果表明可以估计这些变量随时间的一般变化率范围。他们认为，由于DSOH和MRR的位置特异性差异，因此希望在疾病暴发早期建立预测模型的建模人员，将受益于使用已经发生的相同病原体在类似环境中的疫情数据。

此外，这些估计结果的质量将受到选择的度量标准的影响，正如在DSOH和MRR中检测到的显著但不同的趋势所显示的那样。从中可以看出，利用精心选择的响应变量和相对较少的数据可以为有效预测公共卫生行为提供材料。

作者：Evans K Lodge、Annakate M Schatz、John M Drake

相关论文信息：https://doi.org/10.1101/2020.01.27.921536

新型冠状病毒的实时流行病学鉴定

非典型肺炎合并白细胞减少和对抗生素无效的临床特征表明，病原体是由病毒感染引起而非细菌

感染。

病毒学检测是病原体鉴定的金标准，目前结果表明，一种新型冠状病毒是武汉市2019-20年肺炎爆发的最可能原因。

但只有成功地对这种新型病毒进行测序，才能获得基于实验室的确切结果，这可能是一个漫长的过程。

日本北海道大学研究团队表明，在进行病毒学检测之前，非病毒学描述特征可以确定疾病暴发由一种新型病原体引起。

研究组从两个医学社交媒体网站实时收集持续爆发的疫情特征，将这些特征与可引起非典型肺炎的十个现有病原体特征进行比较，发现目前的疫情爆发由“ 未知病原体 ”引起，而非已知病原体，且该预计将随着疫情的持续而更新。

研究组根据不同时间点的可用信息，实时估计正在持续的肺炎爆发疫情由每个候选病原体所引起的概率。

在病毒鉴定前一周，即2019年12月31日，未知病原体引发疫情的概率预计超过32%。

在2020年1月5日通过实验室检测排除了一些特定病原体后，该概率超过了59%。

研究组从数量上证明了非典型肺炎的暴发与一种新型病原体密切相关。该方法仅使用常规观察到的非病毒学数据，即使在病毒学检测结果可用之前，也可以帮助进行风险评估。

作者：Sung-mok Jung、Ryo Kinoshita、Katsuma Hayashi、Natalie M. Linton、Yichi Yang、Andrei R. Akhmetzhanov、Hiroshi Nishiura

相关论文信息：https://doi.org/10.1101/2020.01.26.20018887

新型冠状病毒感染的流行病学特征

2019年新型冠状病毒(2019-nCoV)感染者的地理传播为研究新出现病毒的自然史提供了机会。春运迁徙使旅客在接触已知传播区域期间面临着感染的风险。

日本北海道大学研究团队分析统计了公开的2019-nCoV疫情数据，这些数据共享了病例的事件与日期。该研究评估了潜伏期和其他时间间隔，以解读2019-nCoV感染流行病学动态。

研究结果表明，潜伏期为2-9天，具有95%的置信度，当使用Weibull分布来近似估算时，平均潜伏期为4-5天，这是最佳拟合模型。

从发病到住院的平均时间估计为3天。根据95%的潜伏期估计，研究组建议隔离的时间应至少为9天。在估计这种新型病毒的病死风险时，研究组发现从发病到死亡的平均延误时间为13.8天。

作者：Natalie M. Linton1, Tetsuro Kobayashi1,Yichi Yang, Katsuma Hayashi, Andrei R.Akhmetzhanov, Sung-mok Jung, Baoyin Yuan, Ryo Kinoshita, Hiroshi Nishiura

相关论文信息：doi: https://doi.org/10.1101/2020.01.26.20018754

更多 科研头条 请访问 https://www.iikx.com/news/topnews/

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，爱科学iikx.com转发