



Cell: 新冠病毒英国变种B.1.1.7于2020年12月传入美国, 并迅速传播

编译者: hujm 发布时间: 2021-5-19 点击量: 16 来源栏目: 科技动态

相同栏目

- 1 默克Amnis重
- 2 STM: 科学
- 3 研究发现发现
- 4 俄罗斯研发快
- 5 Cancer Res:
- 6 HIV潜伏在大
- 7 Nature: 开
- 8 多项临床研
- 9 Immunity:
- 10 JBC: 靶向组

热门资源

- 1 WHO警示 “
- 2 Nature Gen
- 3 美首次批准R
- 4 武汉文献情
- 5 应对超级细
- 6 Nature: 科
- 7 世界首个3D
- 8 美DARPA为
- 9 澳大利亚抗
- 10 武汉文献情

在一项新的研究中, 来自美国耶鲁大学公共卫生学院的研究人员利用来自英国和其他受SARS-CoV-2 B.1.1.7变种影响严重的国家的入境航班数据, 首次报告了这种变种在美国的传入数量和传播程度。相关研究结果发表在2021年5月13日的Cell期刊上, 论文标题为“Early introductions and transmission of SARS-CoV-2 variant B.1.1.7 in the United States”。

这些作者使用统计模型预测, 由于纽约、加利福尼亚、佛罗里达、德克萨斯、新泽西和马萨诸塞州等美国主要机场的容量很大, 这些州面临着英国B.1.1.7变种的最高传入风险。

这些作者确定了至少有23个传入B.1.1.7变种的不同地点, 并在2021年3月初之前导致了美国九个州的持续社区传播。该变种如今已经传入美国所有50个州。

B.1.1.7变种被认为比导致COVID-19大流行的原始病毒更具传播性和毒性, 到2020年12月, 该变种被发现已经在美国境内建立并传播。这些作者对基因组数据进行先进的系统地理学分析来获得他们的发现。

在令人担忧的新变种成为主导流行毒株之前检测出它们是控制这种大流行病的关键。这种大规模的监测需要广泛的合作和伙伴关系。

这些作者还使用来自附近各州(康涅狄格州、纽约州、新泽西州和伊利诺伊州)的COVID-19测试数据, 用逻辑斯蒂增长模型(logistic growth model)预测美国各州B.1.1.7的指数增长。随着本地和国际旅行的继续, 那些不具备基因组监测能力的州可能不会察觉到令人担忧的变种的出现和流通。

这些研究表明, 某些州需要大幅提高测试和基因组测序的速度, 以便在病例激增开始之前检测到这种变种。

这项研究需要来自耶鲁大学和其他研究机构的许多实验室开展广泛的合作, 进行样本收集和测序, 以及数据汇总和分析。这些作者表示, 他们迫切需要迅速发布他们的研究结果, 以便以最有影响的方式协助制定公共卫生指南。

随着SARS-CoV-2感染了更多的人, 突变可能会导致这种病毒的变种更容易传播, 能够逃避抗体中和, 或者毒性更强。这些作者正继续与美国疾病控制与预防中心(CDC)以及当地卫生部门和医院合作, 监测SARS-CoV-2变种的出现情况。

随着疫苗接种的推广, 这些作者也在探究疫苗规避的情况, 这种规避可能是由现有的或新的SARS-CoV-2变种引起的, 这些变种可能随着各州的重新开放而出现。

原文题目 Cell: 新冠病毒英国变种B.1.1.7于2020年12月传入美国, 并迅速传播

原文来源 <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S0092867421004347>, <https://news.bion.com/article/6787200.html>

上一篇: [韩国首尔基础科学研究所: SARS-CoV-2...](#)

下一篇: [Nature: SARS-CoV-2使用多管齐下的...](#)

提供服务: 导出本资源

版权所有@2017中国科学院文献情报中心

制作维护：中国科学院文献情报中心信息系统部地址：北京中关村北四环西路33号邮政编码：100190