

### 中美合作研究新冠病毒传播方式 发现该病毒自然史、传播和防控重要信息

【科技日报北京4月29日电】美国国家过敏症和传染病研究所(NIAID)主任安东尼·西莫内利29日在新闻发布会上表示，中美两国科学家合作研究新冠病毒传播方式，发现该病毒自然史、传播和防控重要信息。

### “中国，抗击新冠肺炎疫情的榜样”

【科技日报北京4月29日电】世界卫生组织(WHO)29日在日内瓦总部举行视频会议，纪念中国抗击新冠肺炎疫情一周年。会上，WHO总干事谭德塞称赞中国是“抗击新冠肺炎疫情的榜样”。

谭德塞在讲话中说，中国为控制疫情做出了巨大贡献，为全球其他国家提供了宝贵经验。他特别提到中国在早期发现病毒、迅速采取防控措施以及有效治疗患者方面所取得的成就。

此外，WHO还表彰了中国在疫情防控中展现出的组织能力和执行力。谭德塞表示，中国经验表明，通过严格的防控措施和科学的医疗手段，可以有效遏制病毒的传播。

### 欧盟发布指南 降低疫情对临床研究影响

【科技日报布鲁塞尔4月29日电】欧盟委员会29日发布了关于降低疫情对临床研究影响的指南。该指南旨在帮助研究人员在疫情期间安全地开展临床试验。

指南指出，研究人员应优先采用远程监测和数字化工具，以减少患者和工作人员的接触。同时，指南还强调了个人防护措施的重要性，并要求研究人员在必要时暂停或调整试验方案。

此外，指南还建议研究人员与监管机构保持密切沟通，以便在遇到问题时能够及时调整方案。欧盟委员会表示，将全力支持研究人员在疫情期间开展必要的临床研究。

该指南适用于所有欧盟成员国，旨在为研究人员提供清晰的指导，确保在疫情期间临床研究的质量和安全性。欧盟委员会表示，将密切关注疫情对临床研究的影响，并根据实际情况调整指南内容。

### 扩大疫苗接种有望减少抗生素使用

【科技日报北京4月29日电】一项最新研究指出，扩大疫苗接种有望减少抗生素使用。研究认为，疫苗可以降低感染率，从而减少对抗生素的需求。

研究团队表示，随着疫苗接种率的提高，社区中病原体的传播将受到抑制，这有助于减少耐药性细菌的出现。此外，疫苗还可以预防一些严重的感染，从而避免患者需要使用抗生素治疗。

研究人员指出，抗生素的过度使用是导致耐药性细菌产生的主要原因之一。通过扩大疫苗接种，可以从源头上减少对抗生素的需求，这对于遏制耐药性的蔓延具有重要意义。

研究还发现，疫苗接种可以降低住院率和死亡率，从而减轻医疗系统的负担。此外，疫苗还可以减少因感染而产生的经济成本，这对于个人和社会都是有益的。

研究人员呼吁政府和社会各界共同努力，扩大疫苗接种的覆盖范围。他们表示，只有当足够多的人接种疫苗时，才能有效遏制病毒的传播，并减少对抗生素的依赖。

### 从早期测序率上判断疫情发展过程 “人类肿瘤网络图谱”正在构建

【科技日报北京4月29日电】一项最新研究指出，从早期测序率上可以判断疫情的发展过程。同时，“人类肿瘤网络图谱”正在构建中。

研究团队表示，通过分析早期测序数据，可以了解病毒的传播模式和变异情况。这有助于预测疫情的走势，并为制定防控措施提供依据。

此外，研究人员还在构建“人类肿瘤网络图谱”，以揭示不同癌症类型之间的关联。该图谱将有助于发现新的治疗靶点和药物开发机会。

研究人员表示，肿瘤网络图谱的构建需要大量的基因组数据。通过整合全球范围内的肿瘤基因组数据，可以构建出一个全面的肿瘤网络图谱。

该图谱将有助于研究人员了解不同癌症类型之间的相互关系，以及它们是如何影响患者预后的。此外，该图谱还可以用于发现新的治疗靶点和药物开发机会。

研究人员表示，肿瘤网络图谱的构建是一个长期的过程。他们需要继续收集更多的基因组数据，并不断优化分析算法，以构建出一个更加准确和全面的肿瘤网络图谱。

### 新冠病毒蛋白与候选化合物作用数据公布

【科技日报北京4月29日电】一项最新研究公布了新冠病毒蛋白与候选化合物的作用数据。这些数据有助于研究人员筛选潜在的抗病毒药物。

研究团队表示，他们筛选了数千种候选化合物，并测试了它们与新冠病毒蛋白的相互作用。他们发现了一些具有潜在抗病毒活性的化合物，这些化合物可以作为进一步研究的候选药物。

研究人员表示，这些化合物的作用机制各不相同，有些可以抑制病毒的复制，有些可以阻止病毒进入细胞。这些发现为开发新的抗病毒药物提供了重要的线索。

研究人员表示，他们将继续对这些候选化合物进行深入研究，以了解它们的作用机制和潜在的副作用。他们还将测试这些化合物在动物模型和人体中的安全性和有效性。

研究人员表示，他们希望这些发现能够加速新冠病毒的治疗和预防。他们还将与监管机构和其他研究人员合作，共同推动这些候选药物的开发和上市。

### 日本开发出可检测新冠病毒单克隆抗体

【科技日报东京4月29日电】日本研究人员开发出了一种可检测新冠病毒单克隆抗体的新方法。该方法具有高灵敏度和特异性，可用于快速诊断。

研究团队表示，他们利用基因工程技术生产了针对新冠病毒表面蛋白的单克隆抗体。这些抗体可以与病毒蛋白特异性结合，从而实现对病毒的检测。

研究人员表示，这种检测方法操作简单、快速，且不需要复杂的设备。它可以在实验室、诊所甚至家庭中使用，为新冠病毒的诊断提供了新的选择。

研究人员表示，他们还将进一步优化检测方法，以提高其灵敏度和特异性。他们还将测试该方法在大规模筛查中的应用。

研究人员表示，他们希望这种检测方法能够广泛应用于新冠病毒的诊断和监测。他们还将与监管机构和其他研究人员合作，共同推动该方法的开发和上市。

## 给新冠病毒分类 机器学习仅需几分钟



科技日报北京4月29日电 (记者刘霞)据物理学家组织网28日报道，加拿大计算机科学家和生物学家在当日出版的《科学公共图书馆·综合》(PLOS ONE)杂志撰文指出，他们借助机器学习方法，在短短几分钟内对29个不同新冠病毒DNA序列进行分类，鉴定出一个潜在的“基因签名”。

他们表示，机器学习这种新的数据发现工具将使科学家能在短短几分钟内快速轻松地对致命病毒(如新冠病毒)分类，而加快这一过程对于大流行期间医疗资源的战略规划至关重要。此外，最新研究还支持一个科学假设——新冠病毒起源于蝙蝠，属于β冠状病毒属的Sarbecovirus亚型。

韦仕敦大学生物学教授凯瑟琳·希尔与该校计算机科学、统计与精算科学领域的同事，及滑铁卢大学计算机科学系的研究人员共同开展了这项研究。

他们指出，这个“超快速、可扩展且高度准确”的分类系统使用新的基于图形的专用软件和决策树方法来解释分类，并从所有可能结果中找出最佳选择。这一机器学习方法可对新冠病毒序列进行100%准确分类，更重要的是，可在数分钟内再次发现5000多个病毒基因组之间最密切的关系。

希尔说：“我们需要的是新冠病毒DNA序列能发现自身的内在序列模式，我们使用该签名模式和一种逻辑方法，使该模式与其他病毒尽可能接近，并在数分钟而非数天、数小时内对新冠病毒进行了非常准确的分类。”

研究人员指出，该工具能对任何新发现的新冠病毒或其他病毒序列进行分类，将成为全球大流行期间疫苗和药物开发人员、一线医疗工作者、研究人员和科学家使用的工具包的重要组成部分。

- ➔ 扩大疫苗接种有望减少抗生素使用
- ➔ 中美合作研究新冠病毒传播方式
- ➔ “中国，抗击新冠肺炎疫情的榜样”
- ➔ “人类肿瘤网络图谱”正在构建
- ➔ 欧盟发布指南 降低疫情对临床研究影响
- ➔ 给新冠病毒分类 机器学习仅需几分钟
- ➔ 新冠病毒蛋白与候选化合物作用数据公布
- ➔ 新设计解决锂电池硅基阳极粉化难题
- ➔ 日本开发出可检测新冠病毒单克隆抗体