



新冠肺炎防疫科學線上直播

-基因序列定位探索新冠肺炎病毒

2020年9月16日

本週新冠肺炎防疫科學主題為以演化樹基因序列定位探索全球病毒來源、傳播及多元性，將在**2020年9月16日(三)** 09:00 am – 10:00 am 以線上直播方式與媒體朋友、全球民眾及專業人士共享。

國際疫情方面，本週仍持續性對全球五大洲流行疫情區域持續及新發群聚感染進行說明及分析。

- (1) 美洲：美國新增個案整體趨勢下降，但各州仍不斷有群聚感染發生。除校園群聚及學生派對群聚外，紐約州也於上週爆發教會群聚感染。南美洲疫情減緩，阿根廷疫情持續加劇，確診個案排名仍為全球前十名之國家；巴西因聖保羅州學校延遲復課、病毒傳染速度減緩以及政府投資於追蹤衛生工作者而使疫情趨緩，但是疫情相對於其他國家仍然嚴重；哥倫比亞為減低流行，則以單車通勤降低搭乘公車之傳染風險。
- (2) 歐洲：暑期危機持續延燒，加上面臨學校開學，西歐國家疫情有擴大升溫之勢，法國單日確診數也創新高，9/12 單日確診人數高達 10561 人，遠超三月第一波疫情。東歐爆發多起群聚感染造成第二波疫情，嚴重程度遠超過第一波疫情，各國紛紛進一步封鎖邊境，與實施多項社交距離禁令。捷克本周單日確診數屢創新高，9/12 單



日確診人數首次超過 1500 人，疫情主要集中於捷克首都布拉格附近，捷克政府也進一步下達全國室內場所口罩令。另外俄羅斯疫情仍相當嚴重，但因採檢數量多，對於疫情的傳播及擴散程度比較難以判斷。

- (3) 非洲：摩洛哥疫情持續上升，開放外國旅客入境的同時亦第五度延長緊急狀態至 10 月 10 日，且前後宣布封鎖經濟大城卡薩布蘭卡(Casablanca)及部分封鎖蓋尼特拉(Kenitra)及馬赫迪耶(Mehdia)兩城。
- (4) 亞洲：亞洲疫情以印度最為嚴重單日新增個案直逼十萬，還有菲律賓及印尼疫情嚴重，其中菲律賓死亡人數創新高，印尼首都再度軟封城。東北亞地區，日本疫情趨緩使得防疫措施逐漸解除，而南韓地方群聚及醫院群聚感染仍然存在但疫情有趨緩之勢。中東疫情伊朗及伊拉克疫情持續燃燒，阿拉伯聯合大公國確診人數再度升高，因此可能再次採取封鎖等防疫措施。
- (5) 大洋洲：澳洲雪梨近日爆出院內感染，而墨爾本疫情則逐漸趨緩。紐西蘭雖然持續出現群聚感染，但疫情已控制並未造成爆發。

本週科學防疫主題重點將說明全球利用遺傳演化樹基因序列建立 COVID-19 病毒株族譜，並建立國際基因序列定位資料庫，以釐清各國境外移入來源及本土個案病毒傳播動態，並輔助接觸者追蹤調查，而且可了解病毒在境外及本土變異程度。



- (1) 首先針對中國 COVID-19 病毒起源進行分析，發現上海傳染病毒株與武漢病毒株完全不同，兩者間應存在共同起源之病毒株，證實武漢華南海鮮市場非新冠肺炎的起源地。此外更發現，不同病毒株其疾病嚴重程度未有顯著差異，唯症狀惡化前淋巴細胞 CD3+T 會大規模減少，此類徵兆可用於預測疾病危險程度。
- (2) 荷蘭針對 COVID-19 個案的基因序列做演化樹分析，以監測 COVID-19 在社區傳播的嚴重度，作為公共衛生防疫政策之依據。藉此方法配合旅遊史了解到荷蘭在二月底病毒由義大利境外移入個案為主進而傳播至北布拉班特造成本土流行，並擴展至其他地區，決策者依據此演化樹所產生的變異實證科學證據實施全國性嚴格的防疫措施。同時也藉此方法闡明 COVID-19 在荷蘭具有本土及義大利境外移入個案基因序列多樣性。
- (3) 蘇格蘭針對第一波疫情發現多由國外感染傳至蘇格蘭，依序為義大利、西班牙、奧地利等歐洲旅遊之國家。並藉由空間地理區域分布及相關旅遊史，了解來自不同國家病毒分布狀況及本土個案傳播，結果證明至少 48 個社區群聚感染和 38 個無傳播之單例序列。
- (4) 巴西研究透過演化樹基因序列分析，找到 3 大主要演化支(Clade)，多顯示為境外感染，從演化樹時間判斷，3 月初即產生社區傳染個案；第一波源自於義大利(歐洲)、美國，而後第二波病毒游離在巴西不同州之間；早期疫情流行期間，病毒傳播以州內為主，而後則以州間傳播為主。



- (5) 哥倫比亞 3 月至 6 月間共有 857 例境外移入個案，大多來自歐洲、南美和北美。合併流行病學、歷史航空旅行紀錄及演化樹基因組可闡明哥倫比亞的境外感染原有至少 12 個基因族譜，大部分源自歐洲。若自分離 122 株與全球各地分離出具代表性 1462 株比對具時序演化樹推估最早病毒株日期約 2019 年 12 月 7 日且病毒株散布在全球各地，顯示境外移入持續發生。
- (6) 韓國利用 COVID-19 病毒株族譜演化樹分析獲得之群集分支與問卷調查接觸史追蹤結果相近，透過演化樹分析方法能補充、校正問卷調查中因人為因素無法釐清的病毒傳播方向。
- (7) 以色列演化樹分析及 2 位早期感染個案基因序列分析，可以辨識出以色列有 5 大主要病毒演化支，其中自日本旅遊及義大利旅遊回國同屬武漢病毒株之第三次及第八次變異之所得資訊可提供當地傳播的後續追蹤做為參考。
- (8) 摩洛哥利用早期通報個案及基因序列資料進行演化樹分析，分析結果得到四類演化支，並進一步利用變異型網絡分析證明摩洛哥病毒有多重輸入來源，而其中又以義大利及法國為主要輸入源國家，並利用進一步分析了解不同國家共享 S 蛋白變異型。
- (9) 澳洲運用基因定序對新南威爾士州及維多利亞州兩州進行 COVID-19 追蹤，兩州樣本透過演化樹分析與國際間比較，發現兩州病毒基因皆可檢測在各國不同演化支、



基因譜系下，表明在該時期澳洲疫情主要受境外移入個案影響。另透過基因定序追蹤也可協助對於流行病學無法連結之個案感染源進行釐清。

(10) 美國加州大學聖塔芭芭拉校區利用大學城社區民眾無症狀者篩檢，比較兩種基因片段檢測方法，提出無症狀確診者比例與整體社區疫情流行趨勢檢測研究。結果顯示無症狀者在採檢時的病毒濃度與先前有症狀卻診者的病毒濃度無差異。

(11) 台灣曾利用病毒基因定序分析二月自埃及入境確診婦女，並和全球 GISAID 病毒株基因序列資料庫進行新冠病毒演化樹比對發現該基因序列屬於 Clade A2a，此病毒株過去曾在歐洲出現，但未曾出現在臺灣，依此確認該個案之感染源乃來自旅遊過程 (Wang et al, 2020)。另外，亦利用臺灣確診個案的 20 個樣本進行基因定序，發現在 2 月至 4 月兩波主要流行個案的病毒株大多與武漢及歐美所定義出的病毒株相近，但亦分離出一株與中東旅遊史相關的新型病毒變異(Gong et al, 2020)。

我們也介紹如何利用各國新冠病毒基因定序演化樹所形成的全球共享流感(Global Initial Sharing All Infectious Data, GISAID)資料庫，使得各國可以利用此資料庫以所發現的境外移入及本土個案進行基因序列比對，解析新冠病毒傳播及變異之多元性。

本週疫苗主題方面，隨著疫苗發展漸露曙光，待安全有效的疫苗被發展之後，針對全球疫苗分配提出以道德為基礎之準則下，建立公正優先模式，並以分階段方式從短



程的減少死亡、中程減少社會及經濟衝擊、到長程的恢復正常生活的優先性考量達成
優先分配及健康平等目的。

本週說明會將採線上直播型式，
歡迎各位舊雨新知透過[新冠肺炎科學防疫網站專頁](#)觀賞直播！

講者：

陳秀熙 教授/英國劍橋大學博士

聯絡人：

羅淳樺小姐 電話: (02)33668033 E-mail: chuenhualo@gmail.com

任小萱博士 電話: (02)33668033 E-mail: shanjen8419@gmail.com