

浙江省生物信息学学会

抗击疫情第一线，生信人在行动！

面对新型冠状病毒感染的肺炎疫情，浙江省生物信息学学会坚决拥护并贯彻落实党中央、国务院和省委、省政府和省科协关于疫情防控工作部署，动员本会会员以“两个维护”的政治自觉，以对人民群众生命安全和身体健康高度负责的态度，在“打赢疫情防控阻击战”中发挥积极作用。

一、生物企业在行动

1、理事单位：杭州遂真生物技术有限公司迅速自主研发了 AIGS 全自动核酸检测分析系统，并于第一时间驰援武汉各大疫区医院，为武汉前线抗疫贡献自己的一份力量。此套系统能将检测样本放在全封闭自动检测仪中独立运行，全封闭体系很好防止了病原的泄露，有效避免了扩增产物的交叉污染，因此也减少了检验人员暴露的风险。加班加点、保质保量、争分夺秒以最快速度努力为全国多家检测单位与医院提供 AIGS 全自动核酸检测分析系统与配套的新型冠状病毒检测试剂盒，如湖北、浙江、广东、北京等疫情地区。（学会部“防疫”工作信息第 5 期已报道）

2、团体会员单位：杭州厚泽生物作为首批企业积极加入华大集团组织的百余家企业参与的“抗疫灭毒联合行动”，为抗击新冠病毒肺炎全力以赴！

随着将临床诊断病例数纳入确诊病例数，昨日（2月12日）湖北省新增确诊 14840 例，全国新增确诊病例 15153 例。在 NMPA 应急审批 7 款试剂盒后，科技部也于近日发布相关应急项目申报指南，面向社会广泛征集新冠病毒的现场快速检测产品试剂盒。厚泽生物一直专注于诊断、基因检测、蛋白等相关领域，服务于广大医院实验室，医学检验所和疾控、海关、动物疫控等机构的实验室仪器构建，从全自动核酸提取仪，全自动核酸蛋白分析仪，全自动移液工作站，荧光定量 PCR 仪到 INB-D200 光感测生物标志物分析仪，可为实验室提供全套的先进检测设备。

二、生物学者在行动——驳斥关于 2019-nCov 新型冠状肺炎病毒 (NCP) 是人工病毒的错误言论

王晟 (Jason Sheng Wang) bsmagic@hdu.edu.cn


美国科学家 Dr. James Lyons-Weiler 发表文章《Moderately Strong Confirmation of a Laboratory Origin of 2019-nCoV》，断章取义炮制证据，捏造 2019-nCoV 新型冠状肺炎 (NCP) 病毒基因组中的某段序列是实验室合成出来的人工载体序列插入片段，NCP 病毒是实验室被合成的谣言，可造成恶劣的影响。

本人检查了其文章，重演了其分析流程，向 Lyons-Weiler 指出其分析是落入了生物信息学数据处理的“陷阱”，分析方法和结论都是错误的，并在其网站留言公开驳斥 (<https://jameslyonsweiler.com/2020/02/02/moderately-strong-confirmation-of-a-laboratory-origin-of-2019-ncov/>) (图 1)。Lyons-Weiler 无法正面反驳，只反复强调他自己的履历。

Lyons-Weiler 其采用的数据库序列搜索比对工具 BLAST 的参数设置有问题，导致遗漏了重要的匹配结果。其实，他所谓的人工载体序列插入片段在其他自然界已有物种中有大量的高度相似序列。Lyons-Weiler 因为用 BLAST 的在线服务进行序列分析，默认参数只显示前 100 的序列，后面的匹配分值也很显著，但是没有显示出来。Lyons-Weiler 有意无意忽视这个结果，而炮制出那段序列为人工载体插入序列的结论。

本人通过分析 2019-nCoV 病毒基因组 (GenBank 登录号: NC_045512.2) 指出，Lyons-Weiler 所谓的来自 pShuttle-SN 人工载体序列 (AY862402.1) 的插入片段，本身在自然界的其他物种的基因组中有大量的相似序列，比如蝙蝠病毒 RaTG13 的基因组 (MN996532.1)。Lyons-Weiler 所谓的 pShuttle-SN 载体插入片段，本身就是该载体在设计时引入的 SARS-CoV 上的 Spike 蛋白编码序列，而 SARS-CoV 本身就与 2019-nCoV 病毒有同源性。

总之，Lyons-Weiler 该文乡壁虚构炮制捏造，本人进行了驳斥，力图正本清源，减少对国内疫情防控的干扰和中国国际形象的抹黑。

 **Jason Sheng Wang**
February 5, 2020 at 7:47 am


correction: you fell into the pitfalls of bioinformatics research, and should learn how to use BLAST first.

1, Due to data updating issue, the default BLAST search against nr database would not return the hit of RaTG13 genome, which is a natural Bat CoV (GenBank: MN996532.1), there was no such long insertion as mentioned in this essay.

2, Due to the display issue of NCBI BLAST MSA VIEWER, if you choose the default hit number settings, the matched alignment with natural sequence in the region so-called "pShuttle-SN vector insertion" would not be shown in the MSA, even though it actually exists. You could find a lot of natural virus sequences with high homology to the pShuttle-SN vector sequence (AY862402.1), e.g. MK211376.1, MK211375.1

★ Like


↪ Reply

 **jameslyonsweiler**
February 5, 2020 at 9:28 am

Jason, thank you but that is incorrect. I never searched against the default nr database. I specifically excluded viral sequences using a query with what is now called the "middle fragment" and found SARS spike proteins and pShuttle-SN. You don't have to worry about my bioinformatics skills. I teach classes on how to use NCBI's bioinformatics tools and was scientific director of the Bioinformatics Analysis Core at the University of Pittsburgh. Look up who Webb Miller was; he along with Dr. Nei were my post-doctoral advisors at Penn State University during my AP Sloan Computational Molecular Biology Post-doctoral years, and I've designed alignment algorithms myself.

★ Like

↪ Reply

 **Jason Sheng Wang**
February 5, 2020 at 12:32 pm

Thanks for your reply, could you answer questions briefly and directly?

1, a natural Bat CoV (GenBank: MN996532.1) genome contains the so-called "insertion sequence"

2, we could identify highly homologous sequences of "insertion sequence" in a couple of natural virus sequences, e.g. MK211376.1, MK211375.1, AY864806.1, AY278554.2 and et.al.. you could use the ENTREZ QUERY AS DATABASE SEARCH SET: "entrez query: txid10239[Organism:exp] not wuhan".

★ Like

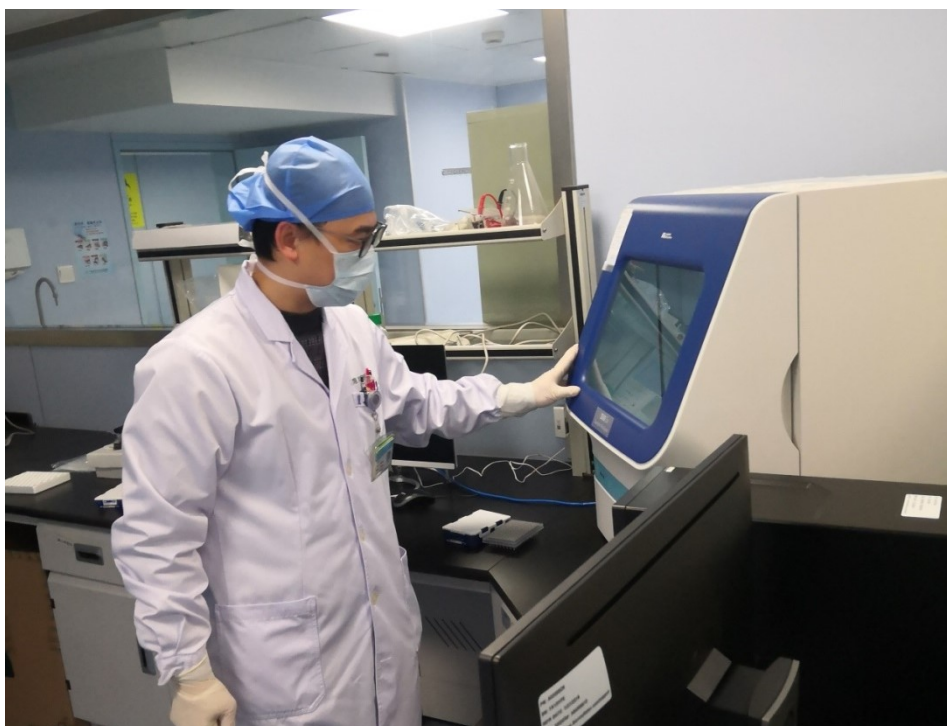
图 1 对 Lyons-Weiler 言论的驳斥

三、医者在抗战一线

王峰：男，44岁，无党派人士，宁波市李惠利医院东部院区检验科副主任，浙江省生物信息学学会会员、精准医学专委会委员。医院的检验科对大多数人来讲，总是有些神秘，它和医院其他科室不同，

是一个相对独立、封闭的部门。这场突如其来的疫情，因为“核酸检测”这个关键词，把检验科推到了战场的最前线，而核酸检测医生就被赋予了“排雷兵”的名号。1月22日，王峰同志接到命令，带领科室同志参加了宁波市疾控中心紧急举办的“新型冠状病毒检测培训”，从技术和生物安全培训，到核酸试剂准备，再到信息系统参数设置等等。东部院区建院以来，还没有一个检测项目上得如此匆忙而又有条不紊，为保证操作规范、结果准确，王峰和整个检验团队承受了极大的压力！防控这条线，核酸检验作为诊断“金标准”，突出其在诊治重要性的同时，检验操作的安全性尤其受到关注，因为此次新冠病毒的传染性和传播途径刷新了专业人士的认识。王峰作为部门管理人员，对原有核酸扩增实验室存在的安全隐患作了排查和整改，同时与院领导积极沟通，策划、协调并改进医院中心实验室现有场地，拟成立新冠检测综合实验室，并把新冠核酸检测放到刚刚完成基础建设、具备负压条件的中心实验室核酸扩增检测区。

目前，王峰正忙于对新 PCR 实验室的准备工作，包括改建工程，仪器准备，及书写浙江省临床检验中心报备的相关文件和视频资料。王峰说：“希望在不能预料何时才能结束战役的情况下，我们能打一场有准备的持久战，相信全国各条战线同志们能风雨同舟，同心同向，中国一定能够打赢这场战争！”



张新军：宁波大学医学院附属医院消化内科主任医师，浙江省生物信息学学会精准医学专委会委员。当医院疫情防控集结号刚刚吹响，医院扩建发热门诊，增设临时感染病房，组建医疗护理梯队，感染病房人员。消化内科副主任张新军就带头报名，成为发热门诊首批增援的医生，张新军说，“我是党支部书记，我不带头谁带头！一切以党员冲在最前面的原则执行！”。



钱国清：宁波市第一医院感染科医生，浙江省生物信息学学会青年委员。1月21日，医院紧急向几个重点科室发布了“召集令”，几乎零秒反应，80后的钱国清就给科主任发了信息：“请让我上隔离病房。我是感染科医生，又是党支部书记，我不去谁去？”当他拉着行李箱踩着坚定的步伐即将进入隔离病房的时候，他的同事说：颇有一副壮士出征的况味。这个年轻“老支书”态度异常坚决！

隔离病房里这一身厚重的装备有多难受，就说给留观的患者做好情绪疏导，也持续考验着钱国清的智慧与耐心。治疗之外的时间，就是尽可能多的床旁陪伴与安抚，要想设法突破这层厚厚的隔离装备的阻碍，让患者感受到关爱、树立起信心。常常交流下来，隔离服下又一次汗流浹背。回到宿舍，这个好学的青年医生依然一刻不停，查阅《柳叶刀》等各种期刊，整理前沿信息、国家最新防控要求，叮嘱同事们巩固再巩固。任何医疗任务前，医者都是这样一丝不苟，既要治病更要疗心，还不忘学习，这是职业习惯。



欢迎有志之士加入我们大家庭！

<http://www.zjbioinformatics.org/>

关注公众号：浙江省生物信息学学会

