0128-nature

**The next worrisome coronavirus variant could come from China — will it get detected?**

**下一个新冠变种可能来自中国—它会被发现吗？**

**下一个令人担忧的冠状病毒变种可能来自中国——它会被检测到吗？**

**Genomic surveillance is crucial for tracking the next ‘variant of concern’, but many countries are *winding* *back* their monitoring.**

**基因检测是当下应对下一轮“担忧变异”，但很多国家正在~~绕回~~监控。**

**基因组监测对于追踪下一个“关注的变种”至关重要，但许多国家正在减少监测。**

Fears that the **massive** **surge** of coronavirus infections in China could immediately **spark** the **emergence** of a troubling new variant are *unfounded*, say researchers. But that could change in the coming months as more people in the country *acquire* some natural immunity from infection. More widespread immunity could *drive* the virus SARS-CoV-2 to evolve ways to **evade** this immune **protection**. It remains **crucial** that variants be **tracked**, yet scientists *question* how quickly the next variant of concern will be **detected** *as* many countries *wind down* surveillance **efforts**.

语法：as，引导伴随状语

在中国，对新冠病毒感染的担忧迅速地成为了一个争议地焦点，新的预防方式并没有找到，研究者说。但是这可能改变接下来几个月，很多人在国内不得不*~~接受~~*一些来自感染(后)的自然免疫。很多更广泛的免疫也许能~~控制~~住SARS-CoV-2病毒的进化之路通过这次免疫预防。这意味着变种的周期会得到应对，然而科学问题//如何快速在下一次担忧的变种的预防是很多国家是缠绕在监测的事项。

**研究人员说，担心中国冠状病毒感染的大规模激增可能会立即引发一种令人不安的新变种的出现是没有根据的。但随着该国越来越多的人获得对感染的自然免疫力，这种情况可能会在未来几个月内发生变化。更广泛的免疫力可能会促使SARS-CoV-2病毒进化出逃避这种免疫保护的方法。追踪变异株仍然至关重要，但科学家们质疑，随着许多国家逐步减少监测工作，下一个令人担忧的变种将很快出现。**

When China **abruptly** dropped its zero-COVID policy in December, most of its population had *little* immunity against the **dominant** Omicron variant in **circulation** worldwide. Under such **circumstances**, the **emergence** of a dangerous new variant is unlikely, says epidemiologist Jodie McVernon at the Doherty Institute in Melbourne, Australia. There should be less selection pressure for **immune-evading** variants to **emerge** in a such a population, she says.

当中国在12月迅速放弃了他的清零政策，很多中国人已经对全球流行的Omicron变种建立了轻度免疫。在这种局面下，危险的新变种是不可能的，流行病生物学家xxx表示。在如此规模的人口下，这应该是对~~免疫变种~~更低的筛选压力。

**当中国在 12 月突然放弃其零 COVID 政策时，其大多数人对全球流行的主要奥密克戎变种几乎没有免疫力。在这种情况下，不太可能出现危险的新变种，澳大利亚墨尔本Doherty研究所的流行病学家Jodie McVernon说。她说，在这样的人群中出现逃避免疫的变异体应该有更少的选择压力。**

**Still**, China is **ramping up** **efforts** to **monitor** variants **circulating** in its population, and has announced plans to get 3 hospitals in each of its 31 provinces to **genetically sequence** virus samples collected from 15 outpatients, 10 people with severe COVID-19, and all people who have died from COVID-19 each week. But experts are *divided* on whether these plans will be enough to **rapidly** **detect** a concerning variant that could cause new waves of infection and death, in part because many other nations have reduced their **genomic monitoring**.

~~然而/仍然，~~中国是主要变种流行增加率影响最广泛的地区，基于它的人口，和曾经宣布的计划，选择3家医院在31个省内//进行病毒样本的基因检查//收集了15个门诊患者、10个感染者，和每周所有死于COVID-19的患者。但是专家们分开了这些计划//会足够降低对变种的担忧(变种会引起新的感染和死亡变化波)，部分是因为很对其他国家已经~~降低了~~基因监测。

**尽管如此，中国仍在加大力度监测其人群中传播的变异株，并宣布计划让其3个省份的31家医院对每周从15名门诊患者、10名COVID-19重症患者以及所有死于COVID-19的人身上收集的病毒样本进行基因测序。但专家们对这些计划是否足以快速检测可能导致新一波感染和死亡的令人担忧的变异存在分歧，部分原因是许多其他国家已经减少了基因组监测。**

However, the European Centre for Disease Prevention and Control has called on European countries to set up **random** testing of travellers from China, and **sequence** the virus from all positive samples, so that **emerging** variants can be detected. Other nations, including the United States, Japan and Australia, have also put **surveillance** **measures** in place for travellers from China.

然而，欧洲疾病预防和控制中心已经提醒欧洲国家面对来自中国的旅游者建立粗略的监测，同时迅速的确定所有的阳性样本，来预防变种。其他国家，包括美国、日本和澳大利亚，同样开展了对中国旅客的监测。

**然而，欧洲疾病预防控制中心呼吁欧洲国家对来自中国的旅行者进行随机检测，并从所有阳性样本中对病毒进行测序，以便能够检测到新出现的变种。其他国家，包括美国、日本和澳大利亚，也对来自中国的旅行者采取了监控措施。**

## Tracking a virus 病毒跟踪（✔）

**Countries** track variants by constantly **sequencing** a **proportion** of known infections and sharing those **sequences** in public **repositories** such as GISAID. During the first two years of the pandemic, most public-health **agencies** carried out targeted sequencing, **monitoring** people who had been **hospitalized** with COVID-19 //*with* the aim of detecting new variants that might cause **more-severe** illness. Viruses collected from **immunocompromised** people, who can *harbour* infections for weeks or months, were also sequenced, because **prolonged** infections can give rise to *heavily* **mutated** viruses.

~~国家跟踪病例持续地监测感染病分享资料在公共平台上，比如GISAID。~~在疫情最初的两年，大多数公共健康病例找出目标xx，监测COVID-19住院人群/带着预防新变种的目标/，这有可能导致很多疾病。从xx身上收集病毒，这些人可能已经感染几周或数月，仍然具备测序的可能性，~~因为病毒感染能够降低对病毒的抵抗力。~~

**各国通过不断对一定比例的已知感染进行测序并在GISAID等公共存储库中共享这些序列来跟踪变异株。在大流行的头两年，大多数公共卫生机构进行了有针对性的测序，监测因COVID-19住院的人，目的是发现可能导致更严重疾病的新变种。从免疫功能低下的人那里收集的病毒也被测序，这些病毒可以隐藏数周或数月的感染，因为长期感染会导致严重突变的病毒。**

Most nations also **sequenced** a representative sample of viruses from across the community, says Vitali Sintchenko, a microbiologist at the University of Sydney in Australia. In a study he **co-authored**, the researchers concluded that countries should aim to sequence 0.5% of COVID-19 cases and share those data within 21 days of collecting the samples. That would give them a 34% probability of detecting a new **lineage** before it infects 100 people.

多数国家仍旧对现存跨区的病毒携带者病例进行测序，Vitali Sintchenko说，一个微生物学家在澳大利亚xxx大学。在一份研究中，他作为联合作者，研究者得出结论，国家需要测出0.5%的COVID-19的样本，同时在收集样本后21天内分享数据。这会在新变种感染了100个人之前，给出34%的可能性去检测出。

**大多数国家还对来自整个社区的具有代表性的病毒样本进行了测序，澳大利亚悉尼大学的微生物学家Vitali Sintchenko说。在他与人合著的一项研究中，研究人员得出结论，各国应致力于对 0.5% 的 COVID-19 病例进行测序，并在收集样本后的 21 天内分享这些数据。这将使他们在感染34人之前检测到新谱系的概率为100%**

The study, which also *looked* at sequencing efforts in 189 countries **up to the end** of February 2022, found that during the first two years of the pandemic, 78% of high-income countries **sequenced** more than 0.5% of their COVID-19 cases, with some, including Denmark, Japan and the United Kingdom, **consistently** **sequencing** more than 5% of cases each week. The earlier such data are gathered and shared, the faster scientists can run laboratory tests to *look at* the new variant’s immune **evasion**, **resistance** to **antiviral** drugs and ability to infect cells, says Sintchenko.

这个报告，同样展望了测率项目在189个国家~~从头到尾~~，建立在持续两年的疫情中，78%的高收入国家检测了高于0.5%的COVID-19的样本，包括丹麦、日本和英国，组成地测率每周高于5%。数据越早背集中和分享，科学家能越快地组建实验室检测同时预测新的变种免疫，开发新药，~~同时能够感染细胞~~，xxx说。

**该研究还研究了截至189年2022月底在78个国家的测序工作，发现在大流行的头两年，78%的高收入国家对其COVID-5病例的19.5%以上进行了测序，包括丹麦、日本和英国在内的一些国家每周持续对超过<>%的病例进行测序。Sintchenko说，越早收集和共享此类数据，科学家就可以更快地进行实验室测试，以观察新变种的免疫逃避，对抗病毒药物的耐药性和感染细胞的能力。**

But the testing **landscape** has changed **drastically** over the past year, says evolutionary virologist Verity Hill at the Yale School of Public Health in New Haven, Connecticut. **Broad-scale** population-based screening was **feasible** in countries such as the United Kingdom because researchers could **tap** into samples collected at community-based PCR testing **facilities**. But in many countries authorities are no longer offering such services because of the expense and the decrease in **demand**, says Hill. And people are increasingly **opting** to self-test, using rapid **antigen** tests, or not test at all.

但是去年检测机构已经被替代了，xxx病毒进化研究者xxx说。基于人口大数据背景下的国家检测，比如英国，因为研究者们需要通过社区PCR检测数据收集样本。但是在很多国家，机构没有能力提供类似的服务，因为成本和降低的破坏性，xxx讲。同时越来越多的人~~倾向~~自测，通过抗原，或者干脆不检测。

**但在过去的一年里，测试环境发生了巨大变化，康涅狄格州纽黑文耶鲁大学公共卫生学院的进化病毒学家Verity Hill说。在英国等国家，大规模的基于人群的筛查是可行的，因为研究人员可以利用在社区为基础的PCR检测设施收集的样本。但希尔说，在许多国家，由于费用和需求减少，当局不再提供此类服务。人们越来越多地选择自我检测，使用快速抗原检测，或者根本不检测。**

That means that detection of new variants is getting harder everywhere, says Sintchenko.

这意味着新的病毒变种的监测在世界各地变得越来越难。

**这意味着在任何地方检测新变种变得越来越困难，辛琴科说。**

## Red flags 红色旗帜~~/标志~~

Experts look for **mutations** in the SARS-CoV-2 **spike protein**, which allows the virus to enter host cells and is the main **target** of the body’s **immune responses**. A *jump* in the number of **mutations** in a new variant is one thing to ***watch out*** for, says Hill. “That’s a warning *flag,*” she says. The Omicron variant, which first appeared in a sequence from Botswana, had more than 30 **mutations** in its spike protein.

专家寻求一种在SARS-CoV-2的穗状蛋白质变异，这种蛋白质能够使病毒进入宿主细胞，同时是身体引发免疫反应的主要目标。一个活跃者在一堆变异中/在一个新变种/是一个需要找出来的东西。Xxx说。“这是一个警告的标志。”。Omicron，首次被发现于一个Botswana序列中，有30多种突变在他的穗状蛋白上。

**专家们寻找SARS-CoV-2刺突蛋白的突变，该蛋白允许病毒进入宿主细胞，是人体免疫反应的主要目标。新变体突变数量的激增是需要注意的一件事，希尔说。“这是一个警告信号，”她说。奥密克戎变体首次出现在博茨瓦纳的序列中，其刺突蛋白中有30多个突变。**

The World Health Organization (WHO) only designates a new ‘variant of concern’ if a variant is better at **evading** existing immune system protections, causes more **severe** disease or is much more **transmissible** than currently circulating variants.

世界健康组织仅仅能标记一个新的“担忧变种”，如果一个变种是很容易被免疫系统发现预测的，导致很多比现有的变种更严重的疾病或更多的传播。

**世界卫生组织（WHO）仅在变种更善于逃避现有的免疫系统保护，导致更严重的疾病或比目前流行的变种更具传播性时，才会指定一个新的“关注变种”。**

Omicron not only contained many **mutations**, but also rapidly became a **dominant** variant in the population, **suggesting** it was **spreading** faster than, and *out-competing*, other variants in the community. The WHO designated Omicron a variant of concern within days of South African researchers **alerting** the international community to the variant’s rapid spread. But that came nearly three weeks after the first Omicron sequence was deposited into GISAID.

Omicron不仅包含很多变异，更是一个在人群中更具传播规模的病毒，假设它传播更快，外溢更强，其他变种在社区。WHO标记“担忧的病毒”变种在南非数天内改变了国际社区的传播率。但是这在第一轮Omicron测序后接近三周的时间deposited GISAID。

**奥密克戎不仅包含许多突变，而且还迅速成为人群中的主要变异株，这表明它的传播速度快于社区中的其他变异株，并且胜过社区中的其他变异株。世卫组织在南非研究人员**提醒**国际社会注意该变种迅速传播的几天内将奥密克戎指定为令人担忧的变种。但这是在第一个奥密克戎序列被存入GISAID近三周后发生的。**

The Delta variant was designated a variant of *concern* in May 2021, seven months after the first known sample was collected in India. The first sign that there could be a concerning new variant around was a rapid rise in case numbers, (hospitalizations and deaths in India at the start of 2021). “It’s connecting case counts and genetics as much as you can,” says Hill.

语法：括号中的是in case numbers 的补语

德尔塔变种被标记成关注变种在2021年五月，7个月后第一个公开样本在印度被采集到。第一个标记可能是一轮新的变种担忧/围绕在病毒在一定范围内迅速地扩散能力，印度在2021年初的住院和死亡人数。

**Delta变体于2021年2021月被指定为值得关注的变体，这是在印度收集第一个已知样本七个月后。可能存在令人担忧的新变种的第一个迹象是 <> 年初印度的病例数、住院人数和死亡人数迅速上升。“它尽可能地将病例数和遗传学联系起来，”希尔说。**

## Wait and see 等待和思考 / 走着瞧

**So far,** most of the sequences that China has **submitted** to GISAID since the beginning of December belong to Omicron subvariants already in **circulation** **elsewhere**. There are five new **lineages** — **descendants** of those subvariants — but these are unlikely to gain a **foothold** outside China, because of pre-existing immunity.

然而，很对中国的检测序列被隐瞒了，自从12月初关于Omicron亚种完成的进化度——但是这些不可能被中国以外的~~地区知道，因~~为提前存在的免疫

**到目前为止，中国自12月初以来提交给GISAID的大多数序列都属于已经在其他地方流通的奥密克戎亚变异株。有五个新的谱系 - 这些亚变异的后代 - 但由于预先存在的免疫力，它们不太可能在中国以外站稳脚跟。**

But the decreased **population-wide** **surveillance** outside China makes it more likely that a variant that **emerges** in China might **initially** go undetected, says Hill.

但是，在中国之外的/下降的人口边际监测，使其更可能让一个变种暴露中国的未检测问题.xx说

**但希尔说，中国境外人口监控的减少使得在中国出现的变种最初更有可能未被发现。**

Sintchenko says there are also concerns that China is not sharing enough of its sequences. At a 3 January meeting of the WHO’s Technical Advisory Group on Virus Evolution, scientists from the Chinese Center for Disease Control and Prevention presented data based on more than 2,000 genomes collected and sequenced since 1 December 2022. But only around one-quarter of that number — 564 sequences — has been uploaded to GISAID’s database over the same period.

Sintchenko表示，仍然有一些担忧关注中国没有分享足够的监测数据。在3月份的世界卫生组织会议中，病毒进化科学提供组，来自中国疾控中心的科学家出示的数据是，基于2022年1月开始的，多于2000多个基因采集和序列。但是在此期间，只有四分之的数量（564份序列）被上传到GISAID的数据库。

**辛琴科说，也有人担心中国没有分享足够的序列。在世卫组织病毒进化技术咨询小组3月2日的会议上，中国疾病预防控制中心的科学家介绍了自000年1月2022日以来收集和测序的564多个基因组的数据。但在同一时期，只有大约四分之一的数字 - <>个序列 - 被上传到GISAID的数据库。**

A COVID-19 researcher in China, who has asked to remain anonymous to **avoid** ***undue attention*** for ***weighing in*** on political matters, says that although current surveillance in China is **insufficient**, China is building its capacity and **ramping up** the number of sequences it uploads to GISAID each week.

一位中国COVID-19的研究者，被要求保持匿名提供这些被放弃的数据为政治家，并表示这尽管是中国当下的监测xx，中国正在建设自己的容纳量并提高每周上传给GISAID序列的数量。

**中国的一位COVID-19研究人员要求保持匿名，以避免因权衡政治问题而受到过度关注，他说，尽管中国目前的监控还不够，但中国正在建设其能力，并增加每周上传到GISAID的序列数量。**