

コロナウイルス文献情報とコメント(拡散自由)

2023年3月23日

Nature:

COVID-19は武漢の華南海鮮市場の狸から発生した可能性強い

【松崎雑感】

「緑の狸」と言うCMがあります。COVID-19の発生源が、海鮮市場の狸ではないかと言う結構重要な論文を紹介する論文が公表されました（ややこしや）。パンデミック当初に採取された武漢の海鮮市場の環境検体で、COVID-19ウイルス陽性検体のほとんどで、タヌキなどの野生動物の遺伝子が検出されたため、COVID-19ウイルスは、タヌキなどの野生動物からヒトに感染したのだろうという推測が妥当だというものです。原著の図では、狸遺伝子陽性検体を緑で表示しています。武漢のウイルス研究所からのリークを否定する知見のようです。

COVID-19は武漢の華南海鮮市場の狸から発生した可能性強い

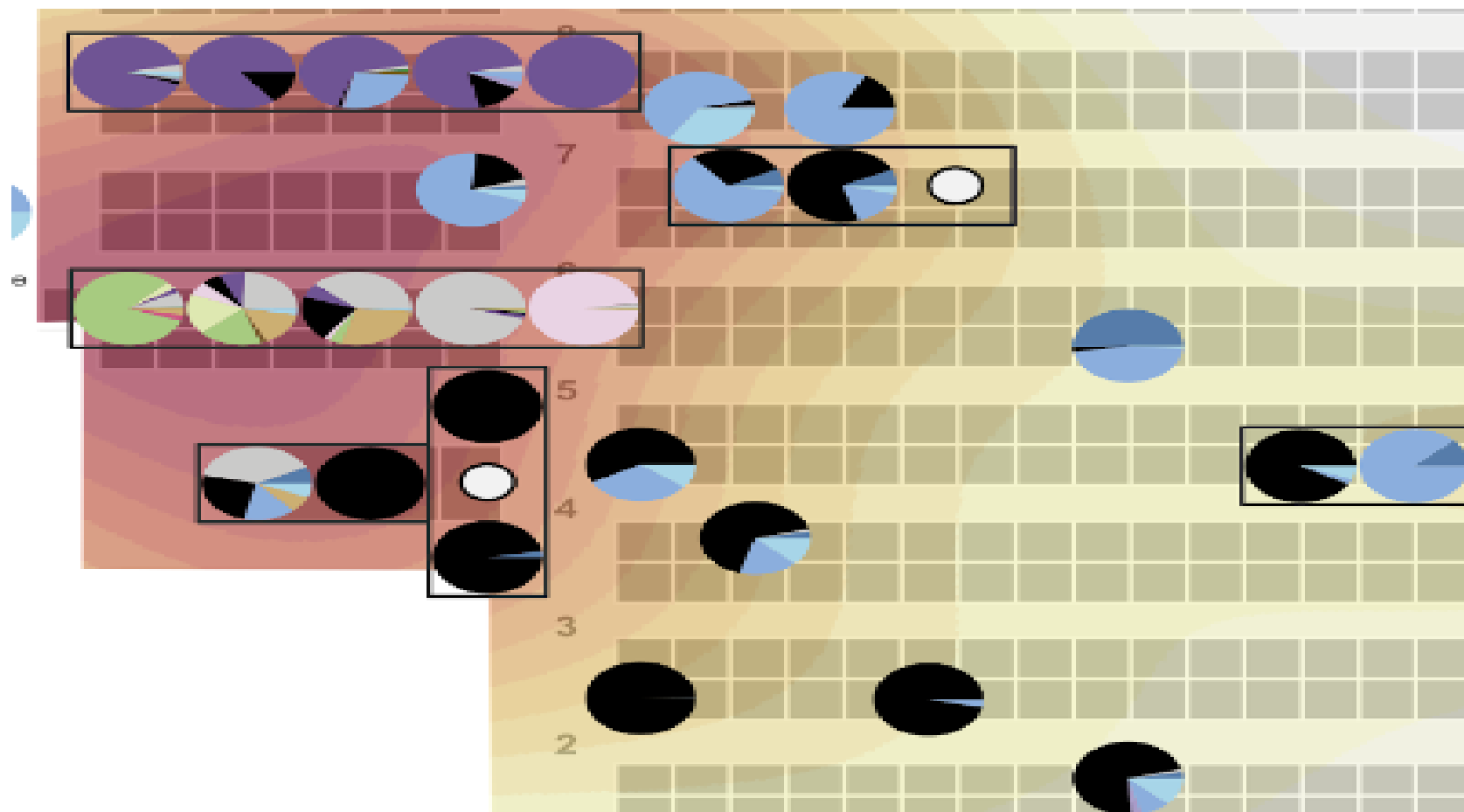
Mallapaty S. **COVID-origins study links raccoon dogs to Wuhan market: what scientists think** [published online ahead of print, 2023 Mar 21]. **Nature**. 2023;10.1038/d41586-023-00827-2. doi:10.1038/d41586-023-00827-2

コロナウイルスが野生動物から発生したという仮説を支持する専門家もいるが、決定的証拠がないという指摘も

COVID-19が最初に発生した可能性のある華南海鮮卸売市場構内のふき取り検体（スワブ検体）から狸、タケネズミ、ヤシジャコウネコなどの動物のDNAとCOVID-19ウイルスが同時に検出されている。この解析結果は、3月20日の学術投稿サイトZenodoに投稿され、COVID-19がこの市場の動物からヒトに感染したことを示すと主張している（次スライド参照）。

「もちろんこれは直接的証拠ではない。しかし、現在のところこの情報が、われわれが入手できる最上の証拠である。なぜなら、その後すべての動物が市場から運び出され、これらの動物の存在を示すふき取り検体が入手できないからだ」と香港大学ウイルス専門家レオ・プーン氏は語った。

華南市場の平面図：赤紫が濃いほどCOVID-19ウイルス陽性率の高い場所。円グラフの黒はヒト、緑は狸、紫は朝鮮イタチ、ヒトは当時まだコロナに感染していない場所にいます。[Genetic evidence of susceptible wildlife in SARS-CoV-2 positive samples at the Huanan Wholesale Seafood Market, Wuhan: Analysis and interpretation of data released by the Chinese Center for Disease Control | Zenodo](#)



Species sold live according to Xiao et al. (2021):

- | | | |
|---|--|---|
| ■ Raccoon dog | ■ Bamboo rat | ■ Siberian weasel |
| ■ Amur hedgehog | ■ Himalayan marmot | ■ Hog badger |
| ■ Malayan porcupine | ■ Masked palm civet | |

Other main mammals:

- | | | |
|---|--|--|
| ■ Human | ■ Sheep | ■ Pig |
| ■ Cow | ■ Brown rat | ■ Dog |

3月16日、Atlantic紙が最初にこの分析結果を報道した。このZenodoへの投稿はまだピアレビューされておらず、一般の人々にこの情報が公開されたのは、この報道が初めてである。もしこれが最初に分かっていたなら、市場に居た動物がどこから運ばれてきたかを明らかにできたはずである。これらのふき取り検体は、市場が閉鎖され商品動物がすべて運び出された後の2020年初めに採取されたものである。

研究者らはまず人へのウイルス感染を媒介する哺乳類に着目した。5種類の動物（タヌキ、マレーヤマアラシ、アムールハリネズミ、マスクドパームジャコウネコ、ホアリータケネズミ）のほぼ完全なミトコンドリアの1万6千塩基対を同定した。論文の共著者で、ボルチモアのNPOに所属するコンピュータ生物学者アレックス・クリッツ・クリストフ氏は「これらの動物リストは注目に値する」と語った。

重要なことは、二つの屋台から得られた6検体から狸のミトコンドリアDNAが検出されたことである。タヌキはキツネに似た動物でCOVID-19が感染するが、無症状であり、次の狸に感染させる。タヌキとマスクドパームジャコウネコは、2003年にアウトブレイクしたSARSとほぼ同じコロナウイルスが感染することが分かっている。ヤシジャコウネコの細胞は、COVID-19にも感染することが実験で明らかになっている。

COVID-19ウイルスの先祖はコウモリに由来すると考えられている。しかし、コウモリからどのようにヒトに感染したのかは明らかになっていない。

専門家たちは、中間宿主の存在を想定しているが、明確な根拠は見つかっていない。そのため、武漢のウイルス研究所からウイルスが人為的に、あるいは間違っ

今回の研究結果から、これらの動物がCOVID-19ウイルスに感染していたことを裏付ける根拠は見つけれられていない。しかし、マーケットにこれらの動物がいた事が明らかとなったため、今回のパンデミックが動物から始まったという仮説の信ぴょう性が強化されたと主張する専門家もいる。

この情報が分かっていたなら、市場に居た動物がどこから来たかを明らかにでき、今回のパンデミックがいつどのように始まったかをあきらかにすることができただろうとしている。

しかし、これに同意しない専門家もいる。パンデミックの始まったときにこれらの動物が市場に居たことはわかるが、動物がCOVID-19ウイルスに感染していたという証明にはならない、とCold Spring Harbor Laboratoryの定量的生物学者ジャスティン・キニー氏は述べている。

「これらのデータでは、パンデミックがどのように始まったかについて決定的な答えを出したとは言えない。しかし、COVID-19の起源を明らかにするためにはどのような情報も重要だ」とWHOのテドロス事務総長は、この論文の公表前に3月17日の記者会見で述べた。

出現と消失

このふき取り検体の存在については、2022年2月に、中国CDCの前所長ジョージ・ガオ氏のチームがプレプリントサーバーResearch Squareに報告している。

研究者らは彼に再三、データを公表するように要請したが、データは公表されていない。

しかし、この論文の共著者であるフランス国立科学研究センターの進化生物学者フローレンス・デバール氏は、3月4日にパブリックデータ・レポジトリのGISAIDで偶然にこのデータを見つけたと語っている。「これは、われわれが長い間待ち望んでいたデータだ」と彼女は述べている。

デバール氏のチームは、総量500ギガバイトに登る50件のゲノムデータをダウンロードした。

このデータは、2020年1～2月に生鮮市場のほとんどすべての下水、屋台、床から採取され、COVID-19ウイルスが存在しているかどうかを検査したものである。「何百万もの遺伝子配列を調査した」とクリッツ・クリストフ氏は語った。

ところが、彼らがデータをダウンロードした直後、このデータがGISAIDから消えてしまった。

GISAIDのスポークスパーソンは本誌に、データを削除したことはないとメールで回答した。しかし、投稿者がしばしばデータをアップロードすることがあり、その際に、「一時的にアクセスできなくなる」こともあると述べた。

市場のふき取り検体データは「投稿者が新しいデータを追加し書き直す作業のためにアップデート中である」と。

（現在ガオ氏の論文はNature Portfolio※で「査読中」と表示されている。なおこの記事を提供しているNature newsチームはNature Portfolioを運営しているSpringer Natureとは独立の存在である）（※Nature Portfolioは、科学的小および臨床的研究コミュニティ向けに、高品質で独立した査読付きの研究やレビュー、コメントやニュースを発行することを目的としている：松崎）

デバル氏チームは、プレプリント論文の著者らに共同して分析することを申し入れたが、中国CDCは拒否した。

3月14日、彼女のチームと中国CDCのメンバーは、WHO新規病原体の起源に関する科学諮問グループの会合において、WHOに自分たちのデータを説明した。

3月17日の記者会見でテドロス事務局長は、中国CDCに対して、透明性を保証したデータの共有を要請した。「これらのデータは、3年前に共有できたものであり、共有すべきだった」と彼は述べた。

本誌はガオ氏にコメントを求めたが、ノーコメントだった。

デバル氏は、これらのデータを共有できるまで長い時間がかかったが、中国CDCは環境データの収集とゲノム解析というやるべき仕事をやってきたということは認めざるを得ないと語った。

彼女は「中国の研究者がなすべきことをやってきたから、われわれは重要なデータを手に入れたのだ」と語った。

何が妥当なのか

2017年から2019年まで、華南市場で中国タケネズミとタヌキが売られていたことは確認されている。また、食肉用の生きた動物や屠畜したばかりの動物を売る屋台も複数存在していた。

今回のデータは「市場に存在していたはずだと考えていたものが、実際に存在していたことが証明されたわけだ」と、共著者のUCSD分子疫学者ジョエル・ヴェルトハイム氏は述べた。

「COVID-19ウイルスが陽性のふき取り検体が多く見つかった場所から、野生動物のDNAが同様に多く見つかった。これはCOVID-19ウイルスが野生動物由来であるという仮説と合致している。市場東部でウイルスが陽性だった検体からは、ヒトのDNAが多く検出されている。これは2020年初めにヒト-ヒト感染が発生していたことをしめすものだろう」とプーン氏は述べている。

「飼育ケージを運搬するある台車から、狸のRNAとDNAが検出されたが、ヒトのゲノムはほとんど検出されなかった。COVID-19ウイルスに感染した狸が、周囲にウイルスを広げたと考えるのが最も合理的な説明だろう」とプーン氏は述べた。

しかし、別の発生源に由来するCOVID-19ウイルスのRNAが混ざりこんだという可能性も考えられる。「感染した狸でなく、感染したヒトからウイルスが持ち込まれる可能性も同じくらいあるだろう」とキニー氏は語った。

さらにデータが必要

今後さらに多くのデータが公表されたなら、因果関係にかかわる知見も多く得られるだろうとクリッツ氏は語る。

例えば、様々な動物のRNAとDNAの比を検討することで、そのような動物が市場に存在した時期を確定することができる。DNAの方がRNAよりも長い期間変性せずに検出できるためである。

しかし、検体の採取、前処理、ゲノム測定がどのように行われたかも確認する必要があるとヴェルトハイム氏は語った。

クリッツ氏は、RNAの状態を詳しく見ることで、市場に入荷した野生動物が健康だったかどうかを判別できたかもしれないと考えている。

2020年初めに華南市場に入荷した野生動物が感染症に冒されていたかどうか、今回のデータから極めて多くの、難しいが素晴らしいヒントを得られる可能性がある」と彼は語った。

まだ公開されていないデータがあるだろう。

COVID-19ウイルスマイナスの検体ではどうなのか？

検出されたウイルスのゲノムはどうなのか？

これらのことが明らかになれば、華南市場で起きたことがもっと明らかにできるだろうとヴェルトハイム氏は語った。