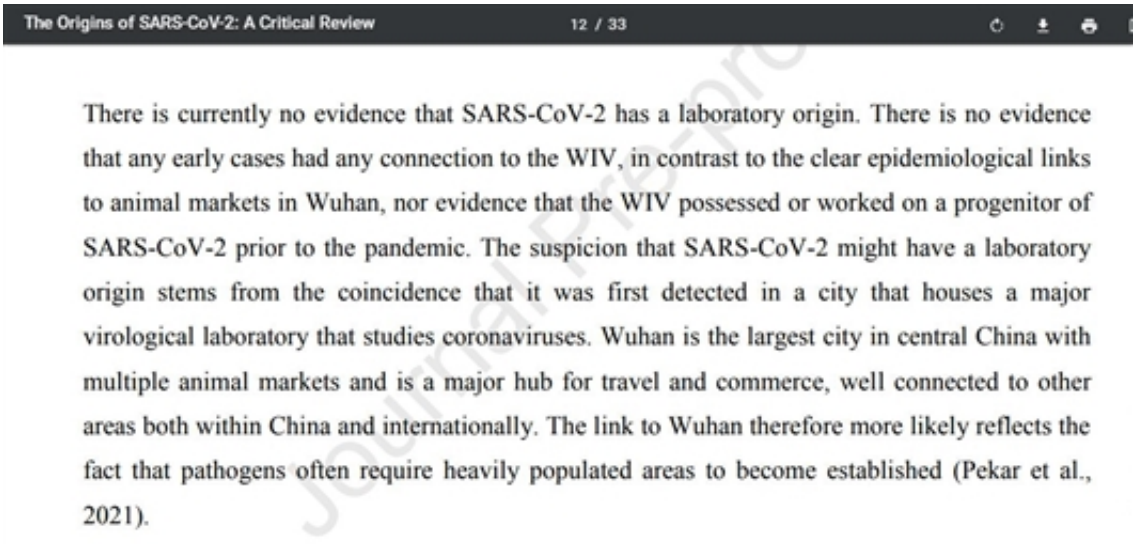
新冠病毒武汉病毒所泄露“没有任何证据”

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/15313.html

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

新冠病毒武汉病毒所泄露“没有任何证据”。


The Origins of SARS-CoV-2: A Critical Review 12 / 33

There is currently no evidence that SARS-CoV-2 has a laboratory origin. There is no evidence that any early cases had any connection to the WIV, in contrast to the clear epidemiological links to animal markets in Wuhan, nor evidence that the WIV possessed or worked on a progenitor of SARS-CoV-2 prior to the pandemic. The suspicion that SARS-CoV-2 might have a laboratory origin stems from the coincidence that it was first detected in a city that houses a major virological laboratory that studies coronaviruses. Wuhan is the largest city in central China with multiple animal markets and is a major hub for travel and commerce, well connected to other areas both within China and internationally. The link to Wuhan therefore more likely reflects the fact that pathogens often require heavily populated areas to become established (Pekar et al., 2021).

图片来源：《细胞》

新冠病毒是从中国科学院武汉病毒研究所（以下简称武汉病毒所）实验室泄露的？没有任何证据！

8月19日，来自中国、加拿大、英国、新西兰等国家和地区的21位国际科学家在《细胞》杂志发表的一篇评论文章中再次指出：没有任何证据表明早期新冠病毒肺炎病例与武汉病毒所有任何联系，也没有证据表明该所在大流行前拥有或研究过新冠病毒的祖细胞。

自2019年12月首次报道新冠病毒以来，人们对该病毒起源主要存在两个争论：实验室泄露和人畜共患起源。作者批判性地回顾了有关新冠病毒起源的科学证据，指出如果不能通力合作全面调查人畜共患的起源，将对未来全世界应对其他大流行产生不利影响。

武汉病毒所泄露不可能

历史上，曾发生过实验室事件导致的孤立感染和短暂传播链的先例，比如曾经的非典病毒。但所有有记录的实验室泄露都是易于识别的病毒（马尔堡病毒除外），并与持续高滴度培养相关。文章第一兼通讯作者、澳大利亚悉尼大学的Edward Holmes与合作者指出，1977年A/H1N1流感大流行很可能源于大规模疫苗挑战试验，是研究活动导致的人类流行或大流行的唯一记录。

至今为止，尚未发生由一种新病毒泄露引起的流行病，也没有数据表明，武汉病毒所或任何其他实验室在研究新冠病毒，或任何足够接近其祖细胞的病毒。他们指出，武汉病毒所开展的无细胞培养的病毒基因组测序，风险可以忽略不计，因为病毒在RNA提取过程中会失活。在病毒样本测序后，不会有实验室泄露的病例。

同时，尽管武汉病毒所的研究者在新冠肺炎大流行期间对早期病例进行了广泛的接触者追踪，但该所的所有实验室工作人员和全所工作人员均未报道相关感染病例。2020年3月，武汉病毒所研究员石正丽实验室被检测为新冠病毒血清阴性。

尽管武汉病毒所拥有来自蝙蝠的样本目录，如从蝙蝠中培养的3种SARS相关冠状病毒（SARSr-CoV）——WIV1、WIV16和Rs4874。但关键的是，这三种病毒与非典病毒的关系比与新冠病毒更密切。与此相对，武汉病毒所从未分离或培养蝙蝠病毒RaTG13，仅作为短测序序列组装的核苷酸序列存在。当前已发表的所有研究均表明，基于蝙蝠的序列数据，包括生成新的反向遗传系统，被用于传播传染性SARSr-CoV。

在实验室泄露的任何情境下，新冠病毒必须在大流行之前出现在实验室中，但没有证据支持这一观点，也没有确定可以作为其前体的序列。作者指出。

此外，常用实验室动物的低致病性和与啮齿动物适应相关的基因组标记物的缺失表明，新冠病毒不太可能被实验室工作者在病毒发病机制或功能获得实验过程中获得。

人畜共患起源证据更多

长期以来，冠状病毒具有很高的大流行风险。新冠病毒是第9种感染人类的冠状病毒，也是过去20年中发现的第7种冠状病毒。Holmes等指出，此前所有感染人的冠状病毒都有人畜共患的起源，绝大多数其他感染人的病毒也是如此。

同时，新冠病毒的出现具有人畜共患病的多个特征。它与2003年的非典冠状病毒有明显的相似之处。这两种冠状病毒出现事件都与市场销售活体动物和相关物种有关，特别是果子狸和浣熊犬。这些易受新冠病毒感染的物种2019年也曾在武汉市场现场销售。Holmes等写道。

他们表示，2019年，包括华南市场在内的武汉市场交易了数千种活体野生动物，包括果子狸和浣熊犬等高风险物种。市场关闭后，新冠病毒在环境样本中也曾检测到，主要是在野生动物和家畜产品交易的西部地区，以及相关的排水区。

事实上，新冠病毒与其他四种曾发生过的人类冠状病毒相似：HCoV-OC43、HCoV-HKU1、HCoV-229E和HCoV-NL63，这些病毒都有人畜共患的起源。此外，许多其他人类病原体都具有动物起源，包括埃博拉病毒、丙型肝炎病毒、脊髓灰质炎病毒。

在东南亚多地，科学家已经在蝙蝠和穿山甲中发现了与新冠病毒密切相关的病毒，包括中国、泰国、柬埔寨和日本，有血清学证据表明穿山甲病毒感染超过十年。然而，新冠病毒与最近的相关

动物病毒之间存在显著的进化差距：例如，武汉病毒所收集的蝙蝠病毒RaTG13与新冠病毒参考序列的遗传距离约为4%（~1150个突变）。相关数据毫无疑问地表明，RaTG13不是新冠病毒的祖先。

那么，为何迄今为止尚未发现新冠病毒的蝙蝠宿主库和中间动物宿主呢？作者指出，这可能是因为尚未取样正确的动物物种和/或种群，并且/或任何祖病毒的流行率可能较低。人们很可能不会发现最初的跨物种传播事件。因为大多数新冠病毒指数病例感染不会导致持续的传播，只有动物到人类的溢出导致重大暴发。他们表示。

证据不支撑实验室优化说

新冠病毒在细胞培养或人源化动物模型中促进人类传播的说法得到了大量关注。事实上，自新冠病毒出现以来，它经历了对增加病毒适应度的突变的重复检验。例如，第一个明显的适应性突变，刺突蛋白中的D614G替代，发生在大流行的早期。刺突蛋白受体结合域的反复突变，包括N501Y、K417N/T、L452R和E484K/Q组成突变，同样增强病毒传染性和ACE2结合。作者指出，这驳斥了新冠病毒刺突蛋白出现后被优化以与人类ACE2结合的说法。

同时，新冠病毒也表现出宿主多面性，它能够在多种哺乳动物物种中有效传播，包括水貂、老虎、猫、大猩猩、狗、浣熊、雪貂，有记录显示，水貂中爆发了大规模疫情，并传播给人类和其他动物。作者表示，这些发现表明，新冠病毒的出现或早期传播不需要特定的人类前期编辑，声称该病毒经过高度编辑以适应人类宿主，或以某种方式优化从而与人类ACE2结合的说法是无效的。

人们怀疑新冠病毒可能起源于实验室，这源于一个巧合，即它最初是在一个拥有研究冠状病毒的主要病毒学实验室的城市被发现的。作者写道，武汉是中国中部最大的城市，拥有多个动物市场，也是主要的旅游和商业中心，与中国国内和国际上的其他地区有着紧密的联系。因此，其与武汉的联系更有可能反映了这样一个事实，即病原体的传播往往需要建立在人口密集的地区。

他们认为，尽管新冠病毒的动物宿主尚未确定，关键物种可能也尚未被检测出，但与其他解释相比，有大量的科学证据支持人畜共患的起源。如果不能通过合作和仔细协调的研究，全面调查人畜共患的起源，将使世界容易受到未来人类活动引起的大流行的影响，使我们反复与新病毒发生冲突。作者最后强调。（来源：中国科学报冯丽妃）

相关论文信息：https://doi.org/10.1016/j.cell.2021.08.017

版权声明：凡本网注明来源：中国科学报、科学网、科学新闻杂志的所有作品，网站转载，请在正文上方注明来源和作者，且不得对内容作实质性改动；微信公众号、头条号等新媒体平台，转载请联系授权。邮箱：shouquan@stimes.cn。
作者：Edward Holmes 来源：《细胞》

更多 科学进展 请访问 https://www.iikx.com/news/progress/

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，爱科学iikx.com转发