

ВЕРСИИ ПРОИСХОЖДЕНИЯ ВИРУСА

ТЕКСТ 1

Ученые оценили две версии происхождения COVID-19

<https://lenta.ru/news/2021/07/13/gipotezy/>

на сайте можно прослушать аудиозапись статьи

МГУ – Московский государственный университет

ВШЭ – Высшая школа экономики

ФИЦ ФТМ - Федеральный исследовательский центр фундаментальной и трансляционной медицины

НГУ – Новосибирский государственный университет

РАН – Российская Академия Наук

происхождение

естественное/рукотворное происхождение вируса

искусственное происхождение

косвенные доказательства

промежуточный вариант

судить о чём?

заражаться – заразиться

утечка штамма

Вирусолог, профессор МГУ, доктор биологических наук Алексей Аграновский в беседе с РБК оценил версию о существовании двух версий происхождения коронавируса. По мнению ученого, версии рукотворного и естественного происхождения COVID-19 поддерживаются только косвенными доказательствами. «Большинство ученых не то что стоит за одну из версий, скорее относятся с осторожностью к любым категоричным суждениям», — сказал он.

Как считает специалист, ученым нужны данные о промежуточных вариантах вируса, которые доказывают его естественное происхождение, или конкретные сведения о разработках SARS CoV-2 в лаборатории. В таком случае можно будет судить о происхождении вируса, отметил он.

При этом руководитель лаборатории особо опасных инфекций Федерального исследовательского центра фундаментальной и трансляционной медицины (ФИЦ ФТМ), профессор вирусологии Александр Чепурнов не верит в искусственное происхождение коронавируса. Однако он пояснил, что вирус все-таки можно изменить в ходе различных условий культивирования. «Работая с вирусами, кто-то мог совершенно случайно заразиться и вынести вирус в человеческую популяцию — все равно вечером все уходят домой», — сказал специалист.

Директор Института экономики здравоохранения ВШЭ Лариса Попович считает, что для подтверждения сведений об искусственном происхождении вируса необходимы конкретные аргументы. Так, она отметила, что вирусы появляются естественным путем, можно ожидать и появления других, тем более в условиях изменения климата и экосистемы. Ранее доктор биологических наук, завлабораторией бионанотехнологии, микробиологии и вирусологии Новосибирского госуниверситета (НГУ), член-корреспондент РАН Сергей Нетесов заявил, что большинство специалистов и ученых считают естественным происхождение коронавирусной инфекции, однако точной определенности на данный момент нет. По его словам, до сих пор есть две основные гипотезы — что это штамм или утечка из лаборатории штамма от каких-то животных.

ТЕКСТ 2

<https://ria.ru/20211101/koronavirus-1756932499.html>

"Мы финансировали". В США рассказали о происхождении COVID-19

Комментарии

Драстик - DRASTIC - (**D**ecentralized **R**adical **A**utonomous **S**earch **T**eam **I**nvestigating **C**OVID-19) is a loose collection of internet activists investigating the origins of COVID-19, in particular the lab leak theory. DRASTIC is composed of about 30 core members, whose activity

is primarily organized through the social media website Twitter. They formed in February 2020, at the start of the COVID-19 pandemic. DRASTIC members have called for a "full and unrestricted investigation" into the origins of COVID-19, conducted independently of the World Health Organization.^[1] Most scientists think that COVID-19 likely had a natural origin, and some have considered that a potential lab leak is worth investigating.

НКО - Некоммерческая организация (НКО, англ. nonprofit organization)

Фуриновая вставка - фурин – фермент для расщепления белка

расследование

утечка

правдоподобный

водоплавающие

млекопитающие

налогоплательщики

грызуны

предотвращение эпидемии

атипичная пневмония

птичий грипп

летучие мыши

МОСКВА, 1 ноября — РИА Новости, Татьяна Пичугина. В США признали, что финансировали исследования в Институте вирусологии в Ухане. Это вновь подогрело интерес к гипотезе о лабораторной утечке инфекции, вызвавшей пандемию COVID-19. Некоторые считают, что американские и китайские ученые проводили особо опасные опыты с коронавирусом летучих мышей. Однако прямых подтверждений этому нет.

Весной 2020-го в ВОЗ создали комиссию по расследованию происхождения новой инфекции. Эксперты из десяти стран посетили Институт вирусологии в Ухане, рынок, с которым связывают вспышку, взяли образцы, изучили документы, однако в лаборатории не нашли следов возбудителя COVID-19. "Нет признаков того, что кто-то работал с этим вирусом в прошлом и что произошла утечка", — сообщил в подкасте ВОЗ участник комиссии доктор Питер Бен Эмбарек.

Президент США Байден поручил это дело разведке. В конце августа ему представили доклад. Общественности объявили, что обе версии — об утечке и естественном источнике вируса — правдоподобны, но данных не хватает. Единственное, в чем убедились секретные службы, — Китай не разрабатывал

возбудителя COVID-19 как биологическое оружие. Байден сказал, что продолжит разбираться в этом.

В обход моратория

США — одна из самых пострадавших от пандемии стран. Болезнь унесла уже 743 тысячи жизней, сильно ударила по экономике. По иронии судьбы коронавирусом в Ухане занимались в том числе на деньги американских налогоплательщиков.

В 2012-м две группы ученых из разных стран, включая США, независимо друг от друга генетически модифицировали вирус птичьего гриппа H5N1. Он опасен для человека, но заразиться им можно только от водоплавающих — между людьми не передается. Пытаясь понять, почему это так и способен ли вирус стать более заразным, ученые вставили небольшой участок в ген поверхностного белка гемагглютинаина, с помощью которого инфекция проникает в клетки млекопитающего, ввели вирус в хорьков, позволили ему эволюционировать и в итоге получили вариант, заразный для грызунов.

Такие эксперименты в науке называют gain-of-function research — создание новых функций. В их этичности есть большие сомнения. С одной стороны, это помогает разрабатывать новые противовирусные лекарства, вакцины, управлять опасными эпидемиями, с другой — есть определенный риск.

В 2014-м после ряда инцидентов в США запретили gain-of-function research с гриппом и коронавирусами. В то же время Национальные институты здоровья НИН — крупнейшая в стране организация, фактически Министерство здравоохранения — выдали гранты EcoHealth Alliance для финансирования Института вирусологии в Ухане.

EcoHealth — негосударственная НКО, наследница фонда, созданного в 1970-е британским натуралистом Джеральдом Даррелом для сохранения дикой природы. Теперь среди проектов — поиск потенциально опасных для человека инфекций и предотвращение эпидемий. Возглавляет EcoHealth британский эксперт по зоонозным инфекциям Питер Дашак. Несмотря на очевидный конфликт интересов, он стал единственным представителем от США в вышеупомянутой комиссии ВОЗ.

ЕсоHealth выдала гранты в сумме 600 тысяч долларов лаборатории, возглавляемой вирусологом Ши Чжэнли — бэтумен (женщиной-летучей мышью). Она знаменита тем, что обнаружила природный резервуар SARS-CoV-подобного вируса, возбудителя атипичной пневмонии, вспышка которой случилась в начале 2000-х в Китае. Это подковоносные летучие мыши, обитающие в пещерах провинции Юньнань.

.....

В 2015-м в Nature вышла статья коллектива ученых во главе с Ши Чжэнли и американским исследователем Ральфом Бариком из Университета Северной Каролины в Чапел-Хилл с результатами экспериментов над коронавирусами летучих мышей. В SARS-CoV вставили поверхностный белок-шип другого коронавируса. Химера заражала клетки человека и гуманизированных мышей — специально выведенных генно-модифицированных животных с человеческим рецептором ACE2 на мембранах клеток. Причем зараженные химерным вирусом грызуны болели сильнее.

В 2017-м Ши Чжэнли выпустила работу в соавторстве с Дашаком. На этот раз они генетически вставили белок-шип от восьми коронавирусов летучих мышей в дикий коронавирус WIV1. Новые агенты инфицировали клеточные линии почек мартышек и человека HeLa, используя как ворота рецепторы ACE2.

Эта публикация вызвала жаркие споры на слушаниях в конгрессе США в мае этого года. Сенатор Рэнд Пол настаивал, что налицо gain-of-function research, а значит, США финансировали запрещенные исследования. Главный эпидемиолог страны Энтони Фаучи это отрицал.

Ситуация прояснилась только на днях, когда в сенат пришло письмо из NIH, широко разошедшееся по Сети. "Опубликованные геномные данные показывают, что коронавирусы летучих мышей, изучаемые по грантам NIH и ЕсоHealth в Уханьском институте вирусологии, не стали и не могли стать SARS-CoV-2", — говорилось в нем. Оказалось также, что ЕсоHealth не полностью отчиталась по грантам.

Стоит отметить, что Евросоюз тоже спонсировал китайский Институт вирусологии через программу "Горизонт-2020". Но возникли задержки с отчетом, и ЕС прервал финансирование.

Аргументы за и против

Сейчас рабочая версия, которую предпочитают ученые, — естественный перескок вируса от летучих мышей на человека, возможно, посредством промежуточного хозяина. Такое неоднократно случалось в прошлом. Достаточно вспомнить об эпидемиях ВИЧ, птичьего гриппа, Зика, Эбола, SARS и MERS. Не каждый раз удастся обнаружить непосредственных предков в природном резервуаре, но ближайшие родственные вирусы среди диких типов есть всегда.

Главный аргумент против версии утечки — слишком большое различие между геномами SARS-CoV-2 и тех вирусов, с которыми экспериментировали в Ухане. Единственный штамм, способный заражать человека, нашли у летучих мышей в пещерах Юньнаня — это SARS-подобный вирус RaTG13. Их геномы повторяются на 96 процентов. Недавно ученые из французского Института Пастера обнаружили на 96,8 процента сходный коронавирус в Северном Лаосе.

У SARS-CoV-2 и SARS-CoV геном совпадает на 75 процентов. В участке, где зашифрована информация о белке-шипе, есть важное отличие. У SARS-CoV-2 там вставка из четырех нуклеотидов, позволяющая привлечь дополнительный фермент (фуриновую протеазу) для расщепления белка-шипа на две части (S1 и S2) при сцеплении с рецептором ACE2, чтобы легче проникать через клеточную мембрану внутрь.

Фуриновая вставка сразу привлекла внимание ученых. Ни у кого из родственных коронавирусов такой нет. Непонятно, как и где ее приобрел SARS-CoV-2. Генетикам знакома эта последовательность, хотя несколько в другом виде. Это дополнительный аргумент против сбежавшего из лаборатории мутанта — нет работ, где бы ученые воспроизводили фуриновую вставку точно как у SARS-CoV-2. Подобные эксперименты планировали и в EcoHealth. В 2018-м организация подавала заявку на грант в DARPA — Управление перспективных исследовательских проектов Министерства обороны США, но без успеха. Документ утек в СМИ благодаря группе DRASTIC, объединяющей волонтеров, которые расследуют версию лабораторной утечки.

Идейный вдохновитель DRASTIC — канадский предприниматель российского происхождения Юрий Дейгин. Энтузиасты ищут документы об экспериментах в лаборатории Ши Чжэнли. Осенью прошлого года Дейгин в соавторстве с микробиологом из Австрии Розаной Сегрето опубликовал в научном журнале статью в поддержку своей гипотезы. "Искусственное происхождение вируса SARS-CoV-2 — не просто теория заговора, которую

надо осуждать, ученые обязаны рассмотреть все возможные причины", — заключают авторы.

Сторонники природного перескока считают вспышку в Ухане трагическим совпадением. "Случись эпидемия не в Ухане, а, скажем, в Пекине, рядом нашлась бы лаборатория, вызывающая подозрения", — утверждает в статье в "Новой газете" биолог Александр Панчин из Института проблем передачи информации имени А. А. Харкевича РАН. На днях вместе с генетиком из МГУ и Гарварда Александром Тышковским он раскритиковал версию утечки. Ей не хватает четкого сценария, при котором это стало возможно, и аргументов, которые бы перевесили гипотезу о естественной эволюции, полагают ученые.

Пока же происхождение SARS-CoV-2 окутано тайной. Поиски предка в дикой природе могут занять не один год и закончиться ничем. К примеру, ближайшего собрата SARS-CoV искали 14 лет, а источник вспышки лихорадки Эбола 2014 года не выявили до сих пор.

Вопросы:

- 1. Какие существуют версии происхождения вируса?**
- 2. Какая из версий вам кажется наиболее вероятной?**
- 3. Прочитайте интервью с Ю. Дейгиным (текст 3). Слышали ли вы раньше об этом учёном?**
- 4. Перчислите аргументы в поддержку искусственного происхождения вируса, которые кажутся вам убедительными?**
- 5. Понятно ли Ю. Дейгин излагает свою точку зрения?**
- 6. Можете ли вы во всём согласиться с учёным?**

ТЕКСТ 3

<https://style.rbc.ru/health/60d0b0769a79477306b22480>

«Люди не понимают, как опасна сейчас вирусология». Ученый — о природе COVID-19



© ПРЕСС-СЛУЖБА

АВТОР ЮННА ВРАДИЙ

25 ИЮНЯ 2021

Внутри научного мира все чаще звучат призывы расследовать версию лабораторного происхождения нового вируса. Об этой теории мы поговорили с биотехнологом Юрием Дейгиным, который еще в апреле 2020 года начал говорить об искусственной природе вируса.

Несколько видных ученых оставили свои имена под письмом в журнале Science, призывающем начать беспристрастное расследование лабораторной природы происхождения вируса COVID-19. Вслед за этим западные медиа заполнили материалы, рассматривающие эту теорию всерьез. Почему изначально к этой версии относились как к конспирологической и что побудило поднять этот вопрос сейчас, разбираемся в разговоре с Юрием Дейгиным. После окончания Университета Торонто и Колумбийской школы бизнеса он основал Youthereum Genetics — биотехнологический стартап по разработке генной терапии старения. Кроме того, Дейгин — вице-президент фонда поддержки научных исследований «Наука за продление жизни».

Драстик - DRASTIC - (Decentralized Radical Autonomous Search Team Investigating COVID-19) is a loose collection of internet activists investigating the origins of COVID-19, in

particular the lab leak theory. DRASTIC is composed of about 30 core members, whose activity is primarily organized through the social media website Twitter. They formed in February 2020, at the start of the COVID-19 pandemic. DRASTIC members have called for a "full and unrestricted investigation" into the origins of COVID-19, conducted independently of the World Health Organization.^[1] Most scientists think that COVID-19 likely had a natural origin, and some have considered that a potential lab leak is worth investigating.

Почему изначально теорию о том, что COVID-19 имеет лабораторное происхождение, стали называть конспирологической? При этом известно: подобные утечки вирусов из лабораторий уже происходили, в том числе в Китае. Известен случай подобной утечки в Пекине в 2013 году.

- Да, утечек было много, и не только в Пекине. Первый SARS-CoV несколько раз утекал из лаборатории: в Сингапуре и на Тайване, оба раза в 2003 году. Наверное, самая большая пандемия вследствие утечки из лаборатории — эпидемия гриппа H1N1 в 1977 году.

H1N1 – это та самая «испанка»?

- Да. Тогда в Китае то ли разрабатывали вакцину от этого гриппа, то ли просто исследовали вирус. Произошла утечка, вирус тогда заразил миллионы человек по всему миру. Относительно этого уже есть научный консенсус: 99% процентов ученых сегодня согласны, что пандемия 1977 года была вызвана лабораторной утечкой.

Так почему же в случае с COVID-19 теорию об утечке не рассматривали всерьез?

- Думаю, в основном по политическим причинам. Это никому не выгодно. Крестовый поход против лабораторной гипотезы сразу возглавил Питер Дашак, руководитель организации EcoHealth Alliance, который финансировал исследования в Уханьском институте вирусологии и разработку там панкоронавирусной вакцины — средства если не от всех коронавирусов, то хотя бы от коронавирусов SARS-CoV и MERS. А ниточка EcoHealth Alliance ведет напрямую к главному американскому эпидемиологу — ученому-медику Энтони Фаучи, который выдавал гранты EcoHealth Alliance на подобные разработки и был большим фанатом исследований в формате gain-of-function,

когда объект исследования приобретает новые функции. Например, вирус получает способность заражать человеческие клетки.

Питер Дашак быстро организовал письмо в The Lancet. В нем говорилось, что любые измышления, что это могла быть лабораторная утечка, есть конспирология и ни в коем случае так считать нельзя. Письмо подписало много уважаемых ученых.

В начале февраля Энтони Фаучи созвал конференцию вирусологов, на которой был в том числе Кристиан Андерсен. И буквально через неделю в Nature вышла статья Андерсена о происхождении SARS-CoV-2, в которой практически не оставалось места теории о лабораторной природе коронавируса. По сути, там безапелляционно, насколько это возможно в научных статьях, утверждалось, что геном SARS-CoV-2 имеет натуральное происхождение. Несмотря на то что ранее в частной переписке с тем же самым Энтони Фаучи Кристиан Андерсен признавал, что в геноме SARS-CoV-2 есть какие-то подозрительные вставки, которые похожи на генномодифицированные. Также он говорил, что он и его коллеги считают, что геном SARS-CoV-2 (COVID-19) не соотносится с эволюционными ожиданиями.

И вот после письма в The Lancet, телеконференции и статьи Андерсена все люди, которые привыкли прислушиваться к мнению ученых, приняли природное происхождение вируса за аксиому.

Вы также изначально были скептически настроены в отношении того, что новый коронавирус имеет какое-то искусственное происхождение. В какой момент вы стали сомневаться?

Абсолютно верно, я также склонен доверять уважаемым ученым или уважаемым изданиям, которые пересказывают мнения уважаемых ученых. Вспышка была замечена в декабре, в январе его начали изучать. Правда, странно все было с самого начала: вспышка случилась в Ухане. Там находится институт по коронавирусам — этот факт сразу повернул многих в сторону конспирологии, поэтому в качестве улики его никто не воспринимал. В интернете периодически возникали обсуждения, в которых я, находясь под влиянием мнения авторитетных ученых, тоже говорил, что все это — конспирология, потому что подавляющее большинство предыдущих вспышек вирусов были природными: где-то вирус перескочил с птиц, свиней, еще с какого-то животного. И не было причин думать, что в этот раз все случилось как-то иначе. Кроме вот этой вот зацепки, что в Ухане находится большой институт вирусологии. Но мало ли? Сколько там этих институтов? Может, они в каждом уважающем себя китайском городе? Подумаешь, совпадение. И пока

не понимаешь, насколько это большое совпадение, ты просто доверяешь каким-то источникам и не думаешь каждый раз проверять дотошно любую новость. В какой-то момент мне захотелось самому разобраться, и я начал смотреть, сколько этих институтов вирусологии в Китае — их оказалось мало. А еще оказалось, что уханьский — самый главный.

Вторая зацепка — этот институт вирусологии находится в Ухане. Думаешь, должно быть, Ухань буквально кишит всеми этими летучими мышами. Проверяешь — оказывается, нет, совсем это не так, летучие мыши живут в провинции Юньнань, это полторы тысячи километров от провинции Хубэй, где находится Ухань.

Начинаешь дальше смотреть — чем занимаются в этом институте вирусологии? Оказывается, его руководитель Ши Чжэнли исследует коронавирусы — выделяет их из летучих мышей, а затем генетически модифицирует, в том числе так, чтобы они были более заразными для человека. Это сразу такой красный флажок, после которого появляются основания рассмотреть эту гипотезу непредвзято. Начинаешь копать, сначала просто для себя, из любопытства. И вот в какой-то момент накопился определенный массив данных, исходя из которых стало видно, что версия о лабораторной утечке даже имеет большее право на существование, чем природная.

Почему китайские ученые скрывали, что у них в лаборатории был максимально близкий к нынешнему COVID-19 вирус?

- Я считаю, все указывает на то, что они пытались скрыть факт утечки, надеясь в первую очередь, что инфекция не пойдет дальше Китая. А если где-то и будут вспышки, их так же быстро, как в Ухане, локализуют и потушат. Но, к сожалению, другие страны опыт Китая либо не учли, либо не смогли повторить, и сегодня мы имеем 3,5 млн умерших и сотни миллионов заболевших коронавирусом. Соответственно, они, вероятно, не предполагали, что это будет такая страшная, ужасная пандемия. Вероятно, хотели избежать конфуза, не выглядеть непрофессионально: людьми, которые в своей ведущей лаборатории упустили коронавирус, от которого должны были разработать вакцину.

Они надеялись, что на основе этих исследований получат уважение и славу, а обнаружение утечки грозило насмешками всего мира. И получилась такая реакция: а давайте будем говорить, что это не мы и там вообще непонятно, что и как, а если вдруг там что-то выяснится, ну, ладно, тогда уж

признаем. Все их поведение на протяжении последних полутора лет указывает именно на такую, очень недальновидную стратегию — пытаться все отрицать.

Как все это могло происходить? Вот вспышка в Ухане. 30 декабря буквально из двух больных выделяют коронавирус, отдают в Уханьский институт вирусологии, они это секвенируют, вызывают Ши Чжэнли с какой-то конференции в Пекине обратно в Ухань, она едет на поезде и переживает: не утечка ли это из ее лаборатории? 10 января они, наконец, представляют геном коронавируса всему миру. И только 23 января Уханьский институт вирусологии обнародовал информацию о том, что у них в коллекции был вирус RaTG13, который на 96% процентов совпадает с геномом COVID-19 (только вне стен лаборатории ранее об этом никто не знал).

Позже наша группа «Драстик» выяснила, что секвенировали RaTG13 еще в 2017–18 годах, то есть у Уханьского института вирусологии в момент, когда они получили образец SARS-CoV-2 в декабре 2019 года, уже был полный геном вируса RaTG13, но миру они это не рассказали. И потом только Ши Чжэнли была вынуждена признать это в интервью Science. Потом мы нашли две диссертации на китайском, где было написано, что Уханьский институт вирусологии выделил этот штамм из летучих мышей из той самой шахты, где в 2012 году заболели шахтеры, и тогда он назывался вообще по-другому — Ra4991. Ши Чжэнли позже это также подтвердила. И потом Nature потребовал выпустить дополнение с поправками и уточнениями к ее статье о RaTG13.

То есть вы считаете, что коронавирус искусственно адаптировали под человека?

- Да, их лаборатория этим и занималась. Они исследовали коронавирусы и изучали, что именно помогает им лучше связываться с человеческими рецепторами, какие именно аминокислоты и белки там действуют и как предсказать эволюцию вируса при передаче между летучей мышью и человеком или промежуточными какими-то носителями, чтобы описать его опасность. Это целое направление в вирусологии, которым занималась Ши Чжэнли и другие китайские ученые.

Когда вы стали рассматривать непосредственно РНК вируса, что вас натолкнуло на то, что там действительно было какое-то вмешательство человека?

- Я начал рассматривать это тогда же, когда начал копаться во всем этом. Одно дело — обнаружить всякие косвенные улики, а другое — посмотреть сам геном, может, там будет что-то, явно указывающее на человеческое

вмешательство. Как только опубликовали геном этого вируса, много кто, в том числе и тот самый ученый Кристиан Андерсен, говорил, что он выглядит очень странно, как будто кто-то взял и вставил туда один фрагмент. Я совершенно не первый заметил так называемый фуриновый сайт (другое название — фуриновая вставка) и рассмотрел, как он устроен, потому что с точки зрения эволюции для этого семейства вирусов — именно летучемышинных SARS-подобных коронавирусов — фуриновый сайт совершенно не характерен. Мы знаем сотни различных штаммов летучемышинных коронавирусов (в смысле из этого SARS-подобного семейства), и ни у кого из них нет фуринового сайта.

Что представляет собой фуриновый сайт?

Это 12 нуклеотидов, которые кодируют четыре аминокислоты, распознающиеся ферментом фурином. Когда вирус цепляется к клеткам человека, пока его шиповидный белок какой-нибудь фермент не разрежет в определенном месте, внутрь он проникнуть не может. Так вот, у SARS-CoV-2 в этом месте находится последовательность, которую и узнает наш фермент фурин: он видит свои четыре аминокислоты, узнает их, после чего разрезает белок, и вирус проникает в клетку. Я заметил в этом фуриновом сайте последовательность нуклеотидов CGG-CGG — и это действительно странно.

Что вы имеете в виду?

ДНК или РНК состоят из нуклеотидов, которые кодируют белок. Чтобы из нуклеотидов сделать белок, нужен некий перевод, и он называется трансляция. Трансляция превращает трехбуквенные сочетания нуклеотидов — кодоны — в одну из 20 аминокислотных «букв» белкового языка — то есть кодон написан на языке нуклеотидов: три нуклеотида говорят, какую аминокислоту вставлять в белок. Из трех нуклеотидов можно составить 64 различных комбинации, притом что аминокислот в человеческом организме используется всего 20. Наблюдается некая избыточность: различные комбинации нуклеотидов могут кодировать одну и ту же аминокислоту. Из этого вытекает возможность того, что разные организмы могут отдавать предпочтение тому или иному кодону для одной и той же аминокислоты. Это называется кодоновые предпочтения, или кодоновый диалект. У различных организмов он свой. То есть человек предпочитает одни кодоны для кодирования какой-то аминокислоты (например, аргинина), а летучая мышь — другие. До конца непонятно, почему у разных видов разные кодовые предпочтения. Человек любит последовательность CGG: у него аргинин часто кодируется кодоном CGG, в то время как у летучих мышей, наоборот, это самый редкий кодон, который кодирует аргинин. Часто вирусы

приспосабливаются под диалект их хозяев. У летучемышинного вируса чаще всего кодоновые предпочтения если не полностью, то хотя бы частично совпадают с кодоновыми предпочтениями хозяина — летучей мыши. Когда вирус перепрыгивает на нового хозяина, его кодоновые предпочтения меняются медленно — сотни лет.

И что в этой связи можно сказать о COVID-19?

- Фишка этого фуринового сайта COVID-19 в том, что аргинины в нем кодируются этими кодонами CGG, которые, как я уже сказал, у человека самые популярные, а у летучей мыши — самые непопулярные. Тут мы видим не просто один кодон CGG, а два подряд, и это — достаточно редкое явление. И если предположить, что кому-то надо было вмешаться и адаптировать вирус к человеку, то он бы таким образом его и модифицировал. Второй аспект: эту странную 12-нуклеотидную вставку можно отслеживать — продолжает она присутствовать в вирусе или вдруг она мутировала и ушла. Это тот самый маячок, о котором тоже вскользь упоминает Стивен Куэй в своей статье в The Wall Street Journal. Это еще одна странность, которая наводит на мысль о человеческом вмешательстве в РНК нового коронавируса, потому что подобная вставка-опознаватель дает возможность дальше отслеживать судьбу данной мутации по мере того, как ее будут изучать, — месяцы или годы в лаборатории. Это очень удобно.

Несмотря на все это, можно ли допустить вероятность, что подобная мутация вируса произошла в естественных условиях?

- В живой природе может произойти все что угодно. Вопрос — какова вероятность. В одном из вирусов нашли похожую последовательность нуклеотидов и теоретизировали, что это, может быть, была какая-то рекомбинация в какой-то летучей мыши, которая заразилась сразу двумя коронавирусами в Юньнани, заразила человека, потом этот человек сел на поезд, поехал в Ухань, и там из него это выпрыгнуло. Вероятность этого всего астрономически мала. Но в целом, если сейчас говорить об этом в рамках байесовской вероятности, то природную гипотезу я оцениваю (исключительно интуитивно) в 10%.

Думаю, что у многих изначально скепсис вызывала теория про искусственное происхождение вируса, потому что в рамках нее говорили о коронавирусе как о биологическом оружии или как о суперковарном плане Китая по нанесению ущерба странам-конкурентам. Я правильно понимаю, что вы не рассматриваете ни одну из этих версий как состоятельную?

- Да, конечно, я не рассматриваю никакой сценарий, где это не трагическая случайность. Я не считаю, что в случае с коронавирусом работали над биооружием, скорее всего, работали над той вакциной, которая заявлялась и финансировалась, поэтому никакой секретности тут нет. И даже если там присутствовали какие-то военные биологи, то в любом случае, мне кажется, никакой идиот не стал бы выпускать вирус на своей территории и убивать людей. Поэтому, даже если я и рассматриваю версию, что это могли быть эксперименты двойного назначения, вероятность, что вирус специально кто-то выпустил, нулевая.

ТЕКСТ 4

Дополнительный материал поддержку искусственного происхождения вируса

ПРОБИРКА ПАНДОРЫ: ЗА И ПРОТИВ. РАЗБИРАЕМ АРГУМЕНТЫ

Юлия Латынина. Статья от 27 июля 2021 года. «Новая газета»

Полный текст статьи:

<https://novayagazeta.ru/articles/2021/07/27/probirka-pandory-za-i-protiv-razbiraem-argumenty>

Gryphon Scientific is a small business with a unique focus on projects that require expertise in the physical and life sciences as well as public health.

лабораторная утечка

наложить мораторий

сверхдержава

биобезопасность

база данных

образцы

летучие мыши

предки

родичи

кишеть вирусами промежуточное животное

Тезисы статьи**

Есть две теории о том, как возник ковид. Одна утверждает, что вирус SARS2, вызывающий болезнь, эволюционировал естественным путем. Другая полагает, что он сбежал из лаборатории Уханьского института вирусологии, где его вывели в рамках экспериментов по усилению функций (gain of function), — это когда ученые берут сравнительно безопасные для человека вирусы и делают их опасными, в рамках предотвращения эпидемий.

Gryphon Scientific предсказывала в апреле 2016 г., что «улучшение передачи коронавирусов может значительно увеличить шансы глобальной пандемии, вызванной лабораторной утечкой». Доктор Линн Клоц в 2012 г. оценивал шанс того, что в ближайшие 12 лет из лаборатории сбежит смертельно опасный патоген, сделанный в рамках gain of function, в 80%. В результате всего этого на gain of function в 2014 г. в США был наложен мораторий, и — это мнение автора данной статьи — этот мораторий и стал одной из причин катастрофы. Дело в том, что науку в принципе запретить нельзя.

США де-факто продолжали финансировать gain of function через различные НКО, а вот выполнялись эти работы в Китае, который за последние 15 лет стал биологической сверхдержавой, заплатив за этот скачок безопасностью.

То, что Ральф Барик, учитель, а потом соперник Ши Чжэнли из Уханьского института вирусологии, делал в своем Chapel Hill, North Carolina, на уровне биобезопасности BSL3+ (то есть в скафандре). Ши Чжэнли, глава коронавирусной лаборатории Уханьского института вирусологии, делала на уровне BSL2, то есть в перчатках и маске. Это и позволяло работать в 15 раз быстрее.

В вопросе о том, как произошел вирус, политики полагались на экспертов, а экспертами были те самые люди, которые больше всего теряли, если вирус сбежал.

Я являюсь сторонником gain of function в широком смысле слова. Это — способ понять, как устроена жизнь и дорога к бессмертию. Да, на этой дороге мы будем совершать ошибки, но черновыльский взрыв — это не повод отказаться от ядерной энергии.

Но вот что недопустимо, особенно для ученых — это врать. Истина самоценна. Нет, наука не скомпрометирована тем, что вирус мог (подчеркиваю, пока только мог, все наши доказательства серьезные, но косвенные) сбежать.

Аргументация автора статьи в пользу искусственного происхождения вируса

1. Где база данных?

Самым сильным аргументом в пользу утечки являются вовсе не биологические аргументы. Одной из главных задач института было составление базы данных по коронавирусам. В этой базе находилось 22 тысячи образцов, в том числе около 1000 коронавирусов, из которых по меньшей мере 500 были недавно открытыми коронавирусами летучих мышей, и по меньшей мере 50 были коронавирусами, близкими к SARS2. «Все это вместе делало эту базу данных лучшим инструментом поиска естественного предшественника SARS2», — пишут Жиль Деменеф и его коллеги по группе DRASTIC.

Каково же было удивление DRASTIC, когда оказалось, что базу из открытого доступа убрали!

В любом случае, действия Уханьского ин-та вирусологии беспрецедентны. Ведь база данных для того и составлялась, чтобы бороться с эпидемиями! И вот теперь, когда эпидемия случилась, — институт закрыл базу, врет о причине и времени закрытия и не предоставляет к ней доступа никому, даже дружественной комиссии ВОЗ.

2. Усиление функций

Как мы уже сказали, за последние 20 лет в вирусологии произошла космическая революция, которая привела к тому, что вирусы можно печатать, как на машинке.

3. Ареал обитания вирусологов

Вне зависимости от того, естественной или искусственной версии происхождения SARS2 вы придерживаетесь, одно несомненно — его предками были коронавирусы летучих мышей. Эти коронавирусы обладают одним важным свойством — они заражают человека, но плохо. И вдруг один из этих вирусов начал заражать человека хорошо.

...ученые нашли около десятка близких родичей SARS2 (напомню, что в Уханьской базе данных их было раз в пять больше), и ситуация стала еще более загадочной.

Если бы SARS2 перешел на человека естественным путем, логично предположить, что это произошло бы в ареале обитания близких ему вирусов. Но наша эпидемия разразилась совсем в другом месте. Она разразилась в **ареале обитания вирусологов**, учивших эти вирусы переходить на людей.

4. Где промежуточный носитель?

Вирус мог заразить человека, конечно, не только через летучую мышь. Но и через промежуточного носителя. Сначала он перепрыгнул с летучей мыши на это животное, а потом животное приехало в Ухань и было продано на мокром рынке. Однако в случае SARS2 промежуточное животное до сих пор не найдено. Мокрый рынок в Ухане кишел вирусом, но это был вирус, уже перешедший на людей. В животных, продававшихся на рынке, вируса не нашлось.

«Взятие образцов на рынке Хуанань показало, что поверхности на рынке были широко заражены SARS2, что согласовывалось с выделением вируса инфицированными людьми, посещавшими рынок в конце декабря 2019 года. Несмотря на обширное тестирование животных продуктов на рынке, не было найдено никаких следов инфекций в животных», — отмечает доклад ВОЗ. Но все, что мы знаем о SARS2, указывает, что он с самого начала заражал человека лучше, чем любое животное с другими, нежели у человека, ACE2-рецепторами.

5. Оптимизация под ACE2

SARS2 не просто хорошо заражает человека. Он оптимизирован под человеческий рецептор ACE2 и связывается с ним лучше, чем любым другим. Damas et al. протестировали на связь с SARS2 ACE2-рецепторы 410 животных. Человек и обезьяны Старого Света, чьи ACE2-рецепторы идентичны человеческим, имели наивысший риск заражения. За ними — с пометкой «высокий риск» следовали киты, дельфины, грызуны, олени, муравьеды, лемуруобразные и колобус.

Все это — отсутствие промежуточного животного, оптимизация под человеческий ACE2, расстояние, отделяющее ареал обитания родственников вируса от ареала первоначального заражения — сложно

объяснить в рамках теории естественного происхождения и легко — в рамках теории утечки.

****Полный текст статьи можно прочитать на сайте:**

<https://novayagazeta.ru/articles/2021/07/27/probirka-pandory-za-i-protiv-razbiraem-argumenty>

ТЕКСТ 5

Дополнительный материал об естественном происхождении вируса

<https://novayagazeta.ru/articles/2021/07/01/covid-19-taina-rozhdtniia>

COVID-19. Тайна рождения

Биолог Александр Панчин продолжает дискуссию о происхождении вируса, начатую Юлией Латыниной

ОТ АВТОРА

Некоторое время назад в «Новой газете» появилась статья журналистки Юлии Латыниной **«Побег из Уханя»** о лабораторном происхождении коронавируса. В своем блоге я [написал подробный разбор ошибок](#), которые Юлия допустила в публикации.

В частности, я отметил, что, вопреки заявлениям в статье, некоторые летучие мыши болеют коронавирусом SARS-CoV-2, и это экспериментально доказано. Кроме того, появление последовательности из четырех аминокислот в шиповидном белке SARS-CoV-2, именуемой «фуриновым сайтом», не является чем-то необычным в природе: многие коронавирусы (и не только они) независимо приобретали такие сайты.

Отметил я и то, что «фуриновые сайты», используемые генными инженерами, отличаются от фуринового сайта SARS-CoV-2.

В этом тексте я уже не буду разбирать публикацию Юлии, но попытаюсь объяснить, почему я как биолог пришел к выводу, что версия лабораторной утечки вируса крайне маловероятна.

Априорная (первоначальная) вероятность того, что произвольно взятое заражение **произошло в природе**, более чем в тысячу раз превышает вероятность **лабораторного** заражения. Давайте это учитывать.

У коронавируса SARS-CoV-2 есть несколько наиболее интересных для ученых характеристик.

- Это, во-первых, связывание с рецептором ACE2 человека.
- Во-вторых, наличие фуринового сайта, который позволяет его S-белку активироваться ферментом фурином, что помогает вирусу заражать самые разные клетки.
- В-третьих, умение уходить от иммунной системы за счет так называемого гликанового щита.

Рецепторы ACE2 — это, можно сказать, точка проникновения вируса в наши клетки, и SARS-CoV-2 неплохо приспособлен к нашему ACE2. Но приспособлен неидеально. В частности, в так называемом новом индийском штамме появляется мутация E484Q, которая, видимо, улучшает связывание с человеческим рецептором ACE2. Но, что интересней, эту неидеальность можно было заранее предсказывать современными вычислительными методами.

Иными словами, генные инженеры, вероятно, сделали бы лучше.

В то же время SARS-CoV-2 прекрасно связывает ACE2 массы других видов млекопитающих. Показано, что вирусом могут заражаться кошки, собаки, норки, хорьки, львы, тигры, пумы, леопарды, ягуары, гориллы, енотовидные собаки, летучие мыши. Похожий вирус нашли у панголинов. Это говорит о том, что вирус обладает хорошим потенциалом для перескакивания с одного вида к другому, что намекает на его природное происхождение.

Фуриновый сайт SARS-CoV-2 состоит из четырех аминокислот RRAR. Генные инженеры обычно работают с сайтами, которые уже изучались. Так

проще гарантировать результат. До появления SARS-CoV-2 каноническим фуриновым сайтом считался $RX[R/K]R$, что отражено в научных публикациях. В третьей позиции здесь либо аминокислота R (аргинин), либо K (лизин), но не A (аланин), как у SARS-CoV-2. И действительно, если мы посмотрим на работы реальных генных инженеров, которые встраивали фуриновый сайт в белки коронавирусов, то они всегда следовали правилу $RX[R/K]R$: RRKR, RSRR, RTKR. Но не RRAR.

А вот в природе у коронавируса кошек есть фуриновый сайт, идентичный тому, что у SARS-CoV-2, потому что природа использует метод проб и ошибок, а не разумный дизайн, а также не пытается опубликовать статью в журнале Nature. Но не это самый сильный аргумент от фуринового сайта в пользу природности SARS-CoV-2. Опыты по культивированию вируса в клеточных линиях показали, что в таких условиях фуриновый сайт либо меняется, либо утрачивается, будто он не просто бесполезен, а даже вреден. Известный факт: условия эволюции в клеточных линиях, с которыми работают ученые, отличаются от природных. И SARS-CoV-2 приспособлен не к культуре, а к животным.

1. <https://www.inopressa.ru/article/06Oct2021/wsj/science.html#> Наука указывает на происхождение Covid

(...) "Основываясь на опыте с SARS-1 в 2003 году и MERS в 2012 году, мы знаем, что многие люди заражаются от животного-хозяина задолго до того, как коронавирус мутирует до такой степени, что сможет передаваться от человека к человеку. Доступен обширный набор данных за конец 2019 года - более 9000 больничных образцов - о людях, у которых проявлялись гриппоподобные (следовательно, похожие на Covid) симптомы в китайских провинциях Хубэй и Шэньси до начала эпидемии. С учетом SARS-1 и MERS, естественная зоонозная теория прогнозирует, что в этих образцах было бы обнаружено от 100 до 400 инфекций Covid. Гипотеза лабораторной утечки, конечно, предсказывает 0 заражений. Если бы новый коронавирус был разработан учеными, занимающимися исследованиями повышения функциональности вируса, в обществе не было бы случаев заражения, пока он не ускользнет из

лаборатории. В ходе расследования ВОЗ были проанализированы эти хранящиеся образцы, и, как было установлено, уровень заражений до пандемии составил 0. Это убедительное свидетельство в пользу теории лабораторной утечки", - пишут на страницах [The Wall Street Journal](#) Ричард Мюллер, почетный профессор физики Калифорнийского университета в Беркли и бывший старший научный сотрудник Национальной лаборатории Лоуренса Беркли, и Стивен Куэй, основатель Atossa Therapeutics и соавтор книги "Происхождение вируса: скрытые истины за микробом, убившим миллионы людей".

(...) "Если коронавирус был создан в лаборатории, конечно, никакого животного-хозяина найти не удастся, - указывают они. - В начале 2020 года команда ВОЗ провела поиск животного-хозяина, протестировав более 80 000 животных 209 видов, включая диких, домашних животных и животных, продававшихся на рынках. Не было обнаружено ни одного животного, инфицированного SARS-CoV-2. Это открытие существенно подтверждает теорию лабораторной утечки. Мы можем только задаться вопросом, были бы результаты другими, если бы среди протестированных животных были гуманизированные мыши, содержащиеся в Уханьском институте вирусологии", - пишут авторы статьи, продолжая: "Коронавирус адаптируется к своему животному-хозяину. Ему требуется время, чтобы усовершенствоваться настолько, чтобы заражать людей. Но патогену, сконструированному путем ускоренной эволюции в лаборатории с использованием гуманизированных мышей, не требуется дополнительное время для того, чтобы после утечки оптимизироваться для заражения человека. (...) Группа американских ученых создала мутации основы генома коронавируса почти 4000 различными способами и проверила каждую вариацию. В процессе они фактически наткнулись на вариант "Дельта". В итоге они определили, что исходный патоген SARS-CoV-2 был на 99,5% оптимизирован для заражения человека - убедительное подтверждение гипотезы о лабораторной утечке".

"SARS-CoV-2 содержит ключевую мутацию - "сайт расщепления фурином" (furin cleavage site или FCS). Эта мутация достаточно сложна, чтобы не быть результатом спонтанных изменений, вызванных, например, мутагеном или радиацией. Однако она могла быть создана природой или людьми. В природе этот процесс называется рекомбинацией - вирус обменивается частями самого себя с другим близкородственным вирусом, когда оба заражают одну и ту же клетку. [База данных Национального института здравоохранения](#) показывает, что FCS нет в более чем 1200 вирусах, которые могли бы произвести обмен с SARS-CoV-2. Как недавно сообщал [Intercept](#), запрос на предоставление гранта

от 2018 года, составленный EсоHealth Alliance, некоммерческой организацией в США, и направленный в Управление перспективных исследовательских проектов Министерства обороны США (Defense Advanced Research Projects Agency - Darpa), содержал описание предлагаемых экспериментов, которые будут включать сплайсинг последовательностей FCS в вирусы летучих мышей, чтобы исследовательская группа могла изучить изменения в инфекционности. Управление решило не финансировать грант, но отсутствие FCS в родственных коронавирусах вместе с очевидным желанием и способностью ученых сделать такое включение убедительно свидетельствуют в пользу тезиса о лабораторном происхождении", - уверяют авторы.

"Опираясь исключительно на научные данные, беспристрастное жюри было бы убеждено, что коронавирус SARS-CoV-2 ускользнул после того, как был создан в лаборатории с использованием ускоренной эволюции (мутации с приобретением функции) и сплайсинга генов на основе коронавируса летучих мышей. Используя стандартные статистические методы, мы можем количественно оценить вероятность гипотезы лабораторной утечки по сравнению с гипотезой зооноза. Расклад в пользу лабораторной утечки, намного весомее 99% -ной уверенности, обычно необходимой для революционного научного открытия", - говорится в публикации. (...)

Источник: The Wall Street Journal