

Koronawirus posiada opatentowany fragment kodu DNA

24 lutego 2022

Pojawiło się nowe podejrzenie, że koronawirus wywołujący chorobę COVID-19 mógł powstać w laboratorium. Naukowcy znaleźli materiał genetyczny należący do Moderny w białku kolca wirusa.

Zidentyfikowali mały fragment kodu, który jest identyczny z częścią genu opatentowanego przez producenta szczepionek trzy lata przed pandemią. Został odkryty w unikalnym miejscu cięcia furyny SARS-CoV-2, części, która sprawia, że jest tak dobry w zarażaniu ludzi i odróżnia go od innych koronawirusów. Struktura była jednym z głównych punktów debaty na temat pochodzenia wirusa, a niektórzy naukowcy twierdzą, że nie można jej było uzyskać w sposób naturalny.

Międzynarodowy zespół naukowców sugeruje, że wirus mógł zmutować podczas eksperymentów na ludzkich komórkach w laboratorium. Twierdzą, że istnieje jedna na trzy biliony szans, że sekwencja Moderny pojawiła się przypadkowo w wyniku naturalnej ewolucji. Toczy się debata na temat tego, czy dopasowanie jest tak rzadkie, jak twierdzi badanie, a inni eksperci opisują to jako „dziwaczny” zbieg okoliczności, a nie „dymiący pistolet”.

W najnowszym badaniu, opublikowanym w „Frontiers in Virology”, naukowcy porównali skład SARS-CoV-2 z milionami zsekwencjonowanych białek w internetowej bazie danych. Wirus składa się z 30 000 liter kodu genetycznego, które zawierają informacje potrzebne do rozprzestrzeniania się, znane jako nukleotydy. Jest to jedyny koronawirus tego typu, który nosi 12 unikalnych liter, które umożliwiają aktywację jego białka

kolczastego przez powszechny enzym zwany furyną, co pozwala z łatwością rozprzestrzeniać się między ludzkimi komórkami. Analiza oryginalnego genomu SARS-CoV-2 wykazała, że ten wirus dzieli sekwencję 19 określonych liter z sekcją genetyczną należącą do Moderny, która ma łącznie 3300 nukleotydów.

Jak wynika z danych, amerykańska firma farmaceutyczna złożyła patent w lutym 2016 r. w ramach swojego działu badań nad rakiem. Opatentowana sekwencja jest częścią genu zwanego MSH3, o którym wiadomo, że wpływa na naprawę uszkodzonych komórek w organizmie. Naukowcy wskazali tę ścieżkę jako potencjalny cel dla nowych metod leczenia raka.

Dwanaście wspólnych liter tworzy strukturę miejsca cięcia furyny koronawirusa, a reszta jest dopasowana do nukleotydów w pobliskiej części genomu. Naukowcy stwierdzili, że pasujący kod mógł zostać pierwotnie wprowadzony do genomu SARS-CoV-2 przez zakażone ludzkie komórki wyrażające gen MSH3.

Profesor Lawrence Young, wirusolog z Warwick University, przyznał, że ostatnie odkrycie było interesujące, ale stwierdził, że nie jest na tyle znaczące, aby sugerować manipulację laboratoryjną. „Mówimy o bardzo, bardzo, bardzo małym kawałku złożonym z 19 nukleotydów. Więc szczerze, nie znaczy to zbyt wiele. Jeśli przeprowadzasz tego typu wyszukiwania, zawsze możesz znaleźć dopasowania. Czasami takie rzeczy zdarzają się przypadkowo, czasami jest to wynik ewolucji konwergentnej (kiedy organizmy ewoluują niezależnie, aby mieć podobne cechy, aby przystosować się do swojego środowiska). To dziwaczne spostrzeżenie, ale nie nazwałbym tego dymiącym pistoletem, ponieważ jest za mały” – powiedział dziennikowi „Mail Online”. „To nie prowadzi nas dalej w debacie na temat tego, czy COVID-19 został zaprojektowany” – dodał.

Dr Simon Clarke, mikrobiolog z Reading University, zakwestionował, czy znalezisko było tak rzadkie, jak twierdzi badanie. „Może istnieć tylko pewna liczba [kombinacji

genetycznych w] miejscach rozszczepienia furyny. Funkcjonują jak zamek i klucz w celi, a oba pasują do siebie tylko w ograniczonej liczbie kombinacji. Więc to interesujący zbieg okoliczności, ale z pewnością jest to całkowicie przypadek” – powiedział „Mail Online”.

Dowody poszlakowe od dawna stawiają pytania dotyczące pochodzenia Covid i jego powiązania z Instytutem Wirusologii w Wuhan.

Źródło: [Brytol.com](https://brytol.com)