

Prof. Roman Zieliński **odpowiada 34 naukowcom z PAN**

19 stycznia 2021

Dotyczy stanowiska Komitetu Genetyki Człowieka i Patologii Molekularnej PAN, w sprawie rozpowszechnianych nieprawdziwych informacji o szczepionkach przeciw COVID-19 oraz testach PCR wykrywających SARS-CoV-2, z dnia 4 stycznia 2021 r.

Treść listu z dnia 17 stycznia 2021 r.

Stanowisko Komitetu Genetyki Człowieka i Patologii Molekularnej PAN (KGCiPM) z dnia 4 stycznia, zwane dalej Stanowiskiem, zostało sformułowane w odpowiedzi na mój wywiad udzielony Stolikowi Wolności. Wywiadu udzieliłem jako niezależny naukowiec (nie powołuję się w nim na żadne instytucje) w grudniu 2020 r., w związku z agresywną kampanią reklamową produktów leczniczych opartych o mRNA, których badania zakończą się dopiero 2023 r. Wywiad ten był odpowiedzią na pojawiające się w świecie naukowym publikacje, petycje i głosy niezależnych naukowców o wielu niejasnościach związanych z działaniem tychże produktów.

Ponadto w wywiadzie został poruszony temat błędnie zoptymalizowanych i w związku z tym wadliwych testów RT-qPCR, co również zostało potwierdzone w licznych publikacjach uznanych ekspertów światowych. W sytuacji tychże niejasności należałoby rozpocząć publiczną dyskusję na temat strategii oraz metod stosowanych w odniesieniu do zjawiska COVID-19.

W swoim stanowisku KGCiPM zarzuca mi rozpowszechnianie nieprawdziwych informacji, brak wiedzy oraz stawianie nieuprawnionych hipotez. Niewątpliwie takie postawienie tezy jest argumentem ad personam i narusza wolność wypowiedzania

opinii. Uznając prawo każdego do wypowiedzi nie protestuję przeciwko samej wypowiedzi, ale odnoszenia jej w stosunku do konkretnej osoby. Przypomnę, że w wywiadzie dla Stolika Wolności wyrażając swoje krytyczne stanowisko nie wymieniałem nikogo imiennie. Tymczasem KGCI CM PAN stawia się w roli cenzora i narusza moje konstytucyjne prawo do wyrażania opinii.

Nie jest to pierwsza sytuacja, gdy w odpowiedzi na krytyczne opinie części naukowców (vide: Apel do Prezydenta, Rządu...) zamiast dyskusji pojawia się personalny atak na sygnatariuszy. Zachowanie takie nie ma nic wspólnego z wolnością słowa i dyskursem akademickim. Nie przystoi ono także profesorom, którzy powinni hołdować raczej oksfordzkiej dyskusji aniżeli medialnym przepychankom.

Jako niezależny naukowiec z zasady na tego typu Stanowiska nie odpowiadam, szanując prawo każdego człowieka do własnego zdania. Jednakże zostałem tu imiennie przywołany i zmuszony do odpowiedzi.

Specjalizacja a prawo wypowiedzi

Autorzy Stanowiska rozpoczynają swoją krytykę od dyskredytacji, wykazania braku kompetencji i manipulowania dorobkiem stwierdzając, że w omawianym wywiadzie (cyt.) „posługuję się naukowym żargonem, przedstawiane tezy konstruowane są w sposób niejasny, przy użyciu szczątkowej, nierzadko opacznej, wiedzy biologicznej”. Atak na wykształcenie jest częstym chwytem erystycznym gdy brak argumentów merytorycznych, a przecież tych Szanownemu gronu sygnatariuszy nie powinno zabraknąć.

W swoich wypowiedziach rzadko powołuję się na dorobek, wykształcenie i publikacje, gdyż one świadczą o przeszłości. Natomiast człowiek mądry potrafi dostrzec inną opinię i starać się zrozumieć jej podstawy. Wywiad prasowy ma swoją dynamikę, ale w wielu miejscach zwracałem uwagę na niejasności, brak

danych, stawiałem tezy pod dyskusję. Odmawianie mi, jako profesorowi genetyki i biologii z 40-letnim stażem zawodowym, prawa do wypowiadania się w kwestiach zastrzeżonych, jak się dowiaduję ze Stanowiska, dla specjalistów z zakresu genetyki medycznej, to oczywiste argumentum ad ignorantiam.

Oceniając mój dorobek na podstawie szczątkowych informacji, klasyfikując mnie a priori jako wąskiego specjalistę, Autorzy Stanowiska przyjmują w istocie, że człowiek jest na tyle unikalnym gatunkiem, że zachodzące u niego procesy, materiał genetyczny, nie mają odpowiednika w świecie organizmów żywych. Dlatego badania nad człowiekiem są dostępne tylko dla wąskiej grupy naukowców, którzy mają odpowiednie wykształcenie.

Tymczasem już na początku pandemii prasa amerykańska opisywała naukowców, którzy w codziennym życiu nie mieli nic wspólnego z wirusami, zajmując się zoologią lub ekologią. Przykładowo, doświadczenie Andrew Cohen'a w badaniu małża, *Dreissena polymorpha* okazało się bezcenne w identyfikowaniu problemów z fałszywie pozytywnymi wynikami testów PCR (Harris 2020).

Ekolog, który na co dzień styka się z problemem zanieczyszczenia materiału biologicznego często może wnieść więcej niż specjalista skupiony na jednym problemie. Jest to znana reguła dostępności. Warto podkreślić, że przedstawione w Stanowisku kwestie są na tyle podstawowe, że mógłby z powodzeniem wypowiedzieć się doktor nauk biologicznych. Autorzy Stanowiska nie przedstawili żadnego dowodu na potwierdzenie tezy, jakoby moje (cyt.) „wypowiedzi pozostawały w sprzeczności z aktualnym stanem wiedzy w zakresie genetyki medycznej i diagnostyki laboratoryjnej”.

W zamian, w Stanowisku zastosowano rozliczne chwytły erystyczne i logiczne. Takie podejście autorów w rażący sposób narusza zasady współżycia społecznego i zasady etyki obowiązujące w nauce, bowiem adwersarz jakim jest zespół 34 naukowców reprezentujących PAN, powinien odnieść się jedynie do przedstawionych przeze mnie treści, a nie na ich podstawie

dokonywać oceny moich kwalifikacji zawodowych.

Komisja europejska z naciskiem podkreśla, że oceniający projekty badawcze eksperci nie mogą wychodzić poza zakres swoich kompetencji jakim jest ocena projektu badawczego *in extenso*. Zabronione jest odnoszenie się personalne do badacza, czy zespołu (REA 2020).

Tym samym, zademonstrowane w Stanowisku podejście jest jednym z wielu przykładów patologii w nauce, gdzie recenzent zamiast ograniczyć się do merytorycznej oceny tekstu rozprawy, rozciąga swoje wnioski na osobę ocenianą, formułując zestaw inwektyw pod adresem tej osoby.

W odniesieniu do zarzucanego mi dorobku naukowego, uprzejmie informuję, iż baza PubMed nie jest miarodajna dla weryfikacji mojego dorobku bibliograficznego, ponieważ jako biolog publikuję w czasopismach biologicznych. Natomiast baza Scopus również nie zawiera wszystkich prac, zwłaszcza prac starszych. Istotą cytowania jest podanie wartości faktycznych cytowań. Obecnie Komisja Europejska w pełni uznaje cytowania Google Scholar, czy nawet indeks RG (Research Gate).

Stąd zarzut o zawyżeniu przeze mnie wskaźników bibliometrycznych jest nieuprawniony. Wskaźniki te nie są zawyżone lecz są zaniżone, ponieważ obejmują okres jedynie do 2010 r. Przestałem je uwzględniać jako mój protest przeciwko wszechobecnej i patologicznej punktozie w nauce, za którą często stoją interesy międzynarodowych koncernów wydawniczych.

Na zakończenie tej części wypowiedzi pragnę zaznaczyć, że wykształcenie genetycznobiologiczne daje dostatecznie szeroką ekspertyzę do wypowiadania się na temat człowieka. Studia biologiczne od zawsze były studiami ogólnoakademickimi, podczas gdy studia medyczne dopiero niedawno uzyskały taki status. Do niedawna studia medyczne były kształceniem praktycznym, zawodowym. Nie jest moim zamiarem dyskredytowanie kształcenia praktycznego.

W sytuacji leczenia ludzi chorych niezbędna jest specjalizacja, jednakże spojrzenie biologiczne potrafi dać szerszą perspektywę. To dlatego od wielu lat w projektach finansowanych przez Komisję Europejską promuje się inter/multidyscyplinarność. Tym samym, uczciwi naukowcy powinni dążyć do nawiązania współpracy i wsłuchania się w opinie innych specjalistów. Wąskie spojrzenie nie rozwiąże problemu COVID 19.

O potrzebie zmian w ocenie dorobku naukowego pracowników naukowych wypowiadała się wielokrotnie Komisja Europejska pouczając ekspertów, aby nie oceniać badaczy tylko na podstawie liczby publikacji i cytowań (REA 2020). Również Minister Edukacji i Nauki, prof. Przemysław Czarnek, widzi potrzebę dokonania zmian w dotychczasowym systemie szkolnictwa wyższego.

Mój dorobek naukowy jest ogólnodostępny. Trzeba wykazać wiele złej woli aby zauważyć w nim głównie małże, a nie np. wypromowanie dwóch doktorów z genetyki prątka gruźlicy. Jeden z tych doktoratów zakończył się obroną z zakresu medycyny w Akademii Medycznej w Lublinie. Nie zauważono także, że na podstawie genu *KatG* u *Mycobacterium tuberculosis*, kodującego enzym o funkcji katalazy-peroksydazy, opracowałem unikalny w świecie markerowy system do molekularnej identyfikacji zarówno gatunków taksonomicznych jak i gatunków biologicznych u roślin i zwierząt. Pominęto wieloletnie doświadczenie moje i mojego zespołu w Olsztynie w pracy nad transpozonomi (np. Polok i Zielinski 2011), czyli ruchomymi elementami genetycznymi, które w odniesieniu do obecnych produktów mRNA jest szczególnie istotne.

To właśnie nieznanne mechanizmy inicjowania odpowiedzi immunologicznej przez te elementy oraz aktywność niektórych z nich w genomie człowieka budzą obawy naukowców na całym świecie. Nie zauważono również mojego dorobku naukowego związanego ze współpracą międzynarodową, w tym koordynacji projektu finansowanego przez Komisję Europejską (Contract

MTKD-CT-2004-509834), sieci badawczej COST (FA0603), współpracy z licznymi jednostkami europejskimi, realizacji kilkunastu projektów finansowanych przez KBN.

Łatwo jest zarzucić kolorowanie dorobku naukowego na podstawie skróconego opisu na stronach internetowych, trudniej jest znaleźć ten dorobek lub zapytać się recenzowanego.

Należy zwrócić uwagę, na coraz większe znaczenie biologii ewolucyjnej w naukach medycznych jako podstawy do wnioskowania o chorobach, o ewolucji genomu ludzkiego oraz jego powiązaniach z innymi organizmami. Sugestie o włączeniu komponentu ewolucyjnego w kształcenie medyczne pojawiły się dekadę temu i coraz częściej nawet bardziej tradycyjne gałęzie biologii są włączane w kształcenie medyczne (Nesse i inni 2010).

Zespoły biologiczne stanowią ważny element uczelni medycznych, dostarczając wielu cennych podstawowych danych, jak chociażby o związkach Choanoflagellata z Metazoa, a więc także człowiekiem. Od tej grupy pochodzi wiele ważnych genów związanych z budową komórkową człowieka. W tym kontekście odmawianie mi prawa do wypowiedzi brzmi jak groteska.

Wreszcie należy podkreślić, że jest wiele przykładów naukowców, którzy swój sukces naukowy osiągnęli dzięki temu, że nie byli wąskimi specjalistami. Pięknym przykładem jest Prof. Wacław Gajewski, który karierę rozpoczynał jako botanik, ale świat nauki poznał go jako najwybitniejszego polskiego genetyka tamtego czasu. Prof. W. Gajewski napisał swoją dysertację habilitacyjną z zakresu botaniki. Miałem ten zaszczyt, że prof. W. Gajewski był recenzentem mojej rozprawy habilitacyjnej. Z kolei założyciel BioNTechu i współtwórca szczepionki mRNA też nie jest specjalistą-genetykiem, ale onkologiem (Uğur Şahin 2021).

Przypomnę także, że ani Minister Łukasz Szumowski nie był genetykiem, a wypowiadał się o testach PCR, ani obecni doradcy

Ministra Zdrowia nie są genetykami, a wypowiadają się na temat produktu mRNA przeciw SARS-CoV-2.

Testy PCR

Jednym z koronnych argumentów o braku kompetencji i szerzeniu (cyt.) „nieprawdziwej i społecznie szkodliwej” wiedzy jest moja dyskredytacja molekularnych testów na obecność SARSCoV-2, opartych o technikę PCR, a dokładnie ilościowy PCR z wykorzystaniem reakcji odwrotnej transkryptazy. RT-qPCR. Zastanawiam się, jakaż to tajemna wiedza jest zawarta w metodyce omawianego testu, że jako osoba, która jako jedna z pierwszych wprowadzała testy PCR do praktyki laboratoryjnej w latach 1995 nie ma prawa się o nich wypowiadać.

Testy RT-qPCR w odniesieniu do diagnostyki koronawirusa same się zdyskredytowały. Byłem jednym z pierwszych niezależnych naukowców na świecie, który poddał te testy kompleksowej krytyce. Procedurze testowania ludzi na obecność SARS-CoV-2 za pomocą RT-qPCR zarzuciłem między innymi amplifikowanie nieoczyszczonego materiału biologicznego, błędnie zaprojektowane startery, zbyt dużą liczbę cykli, niewłaściwe profile termiczne.

Zwróciłem też uwagę na to, że przyczyną wyników fałszywie pozytywnych może być między innymi obecność w genomie ludzkim sekwencji homologicznych do starterów zaprojektowanych na geny koronawirusa. Wykazałem to za pomocą analizy bioinformatycznej, a także kierując się wiedzą na temat budowy i ewolucji genomów (Zielinski i Polok 2020).

Obecność sekwencji homologicznych u różnych organizmów jest powszechna i jest efektem ewolucji ich genomów. Sekwencje homologiczne obserwowałem u różnych organizmów, między innymi prowadząc przez wiele lat badania, z udziałem zagranicznych partnerów, nad organizmami zmodyfikowanymi genetycznie (GMO). Niejednokrotnie natrafialiśmy na problem identyfikacji transgenów przy pomocy reakcji PCR, w tym qPCR, podczas gdy

hybrydyzacja metodą Southern bez problemu go wykazywała.

Budowa genomu człowieka odzwierciedla jego ewolucyjną historię. Dlatego możemy w nim znaleźć sekwencje homologiczne do sekwencji genomowych innych zwierząt, roślin, mikroorganizmów i wirusów. Odnosząc się do tych ostatnich, w genomie człowieka zidentyfikowano już sekwencje pochodzące od wirusa HIV, które odgrywają rolę w nieswoistej odpowiedzi odpornościowej poprzez mechanizm przypominający technikę antysensowną.

Wykazano, że sekwencje retrotranspozonowe HERV stanowią istotny element uruchamiający receptory komórkowe, będące pierwszą linią obrony przed wirusami (Grandi i Tramontano 2018). Ze względu na obecność sekwencji homologicznych i biologiczne zanieczyszczenia próby pobranej z nosogardzieli, rutynowe testowanie RT-qPCR nie nadaje się do diagnostyki SARSCoV-2.

Błędnie wykonywane testy to odrębny temat, dodam jedynie, że Ministerstwo Zdrowia w odpowiedzi na zapytanie Justyny Sochy ze STOP-NOP dotyczące tych testów, stwierdziło w dniu 23.11.2020 r., że (cyt.) „...liczba cykli zależy od organizacji pracy w laboratorium”. To tak jakby oczekiwać, że nocna zmiana diagnostów będzie stosowała inną liczbę cykli od zmiany dziennej. I jak w takiej sytuacji nie zgłaszać wątpliwości odnośnie wiarygodności uzyskiwanych wyników z przymusowego testowania ludzi za pomocą testu qPCR?

Po wielu miesiącach świat naukowy przyznał mi rację w 100%, a grupa 22 naukowców pod egidą dr W. Wodarga zażądała retrakcji artykułu Cormana-Drostena, na podstawie którego wprowadzono testy RT-qPCR do diagnostyki SARS-CoV-2. (Borger i inni, 2020). Autorzy krytycznej opinii zwrócili także uwagę na liczne nieprawidłowości w zatwierdzaniu tego artykułu, jak chociażby czas od wysłania artykułu do jego ukazania się, który wynosił 24 h.

Zdaniem wielu edytorów, nawet przy założeniu kilkugodzinnej recenzji i przyjęcia artykułu bez zmian, co jest prawie niemożliwe, nie jest możliwy wydruk (nawet on line) artykułu w tak krótkim czasie, ponieważ po zatwierdzeniu dochodzi jeszcze praca edytora, co trwa kilka dni. Warto też dodać, że sąd apelacyjny w Portugalii odrzucił jako dowód wyniki testów PCR, na podstawie których zarządzana była kwarantanna, między innymi z powodu zbyt dużej liczby cykli w reakcji PCR.

Również WHO przyznało, że stosowana liczba cykli była zbyt duża i może generować niespecyficzne wyniki (WHO 2020). Amerykański panel CDC oszacował, że uzyskiwane za pomocą tego testu wyniki fałszywie pozytywne wynoszą 65%. Panel ten nie rekomenduje tego testu do diagnostyki COVID (Panel CDC 2020). Istnieje także zgoda w środowisku naukowym, że test RT-qPCR nie może być złotym standardem w diagnostyce koronawirusa, jak to przedstawiają Autorzy Stanowiska. Takim standardem mogłoby być jedynie sekwencjonowanie produktu PCR, co jest obecnie rutyną w przypadku innych patogenów.

Dlatego nie jest zrozumiałe pominięcie tej metody w diagnostyce SARS-CoV-2. Autorzy Stanowiska cytują publicystyczny kanał informacyjny Konkret24, jako źródło wiedzy o testach PCR. Warto podkreślić, że kanał ten nie podlega recenzji, jest programem popularnonaukowym, a podawane tam dane nie są poparte cytowaniami.

Oczywiście zdaję sobie sprawę, że taka jest formuła programu, ale daleko posuniętą nieuczciwością jest zarzucanie mi, iż tekst do Stolika Wolności nie jest naukowy przy jednoczesnym powoływaniu się na równie nienaukowe źródło jakim jest Konkret 24. Typowy przykład stosowania podwójnych standardów. Warto podkreślić, że jeden z profesorów wypowiadających się do Konkret24 zarzucał mi, że w procesie odwrotnej transkrypcji nie powstaje hybryda RNA-DNA a jedynie cDNA.

Profesor ten wykazał się tym samym brakiem elementarnej wiedzy na temat reakcji RT-qPCR oraz biologii molekularnej,

kompletnie ignorując fakt, że reakcja RT-qPCR to faktyczne złożenie dwóch różnych reakcji, odwrotnej transkrypcji i reakcji PCR. Reakcja odwrotnej transkrypcji przebiega w dwóch etapach. W jednym z nich otrzymuje się hybrydę DNA-RNA. Jest to tak podstawowa wiedza, że pisze o tym nawet Wikipedia (Complementary DNA 2020).

W książce „Fałszywa pandemia, krytyka naukowców i lekarzy”, cz. 2, ustosunkowałem się na 100 stronach tekstu do wszystkich zarzutów jakie zgłoszono pod adresem moich publicznych wypowiedzi na temat reakcji qPCR i reakcję tę bardzo szczegółowo omówiłem, cytując obszerną literaturę (Zielinski i Polok 2020).

Możliwość przepisania RNA na DNA

Kolejnym zarzutem jest stwierdzenie Autorów Stanowiska, że (cyt.) „jest nieprawdą, że RNA podawany w szczepionce przeciw COVID-19 zostaje przepisany na DNA”. Przede wszystkim należy podkreślić, że nigdy tego nie twierdziłem. Wyraziłem jedynie uzasadnioną obawę, że tak może się stać. Istnieje różnica między twierdzeniem a przypuszczeniem i warto aby Autorzy Stanowiska rozróżniali te dwie formy wypowiedzi.

Oczywiście wolałbym tego nie przewidywać, gdyby Pfizer zwolnił mnie z tego zadania, podając stosowne wyniki badań i publikując je w odpowiednim, recenzowanym czasopiśmie. Takich badań jednak Pfizer nie przeprowadził. Sygnatariusze Stanowiska również nie udokumentowali swoich twierdzeń stosownymi cytowaniami i badaniami.

Przykładowo twierdzenie, że (cyt.) „podawana w szczepionce konstrukcja genowa (mRNA) nie ulega odwrotnej transkrypcji, nie wnika do jądra komórkowego, nie zostaje również wbudowana do genomu komórkowego” nie jest poparte odpowiednimi cytowaniami i stanowi jedynie niepotwierdzoną hipotezę.

Tym bardziej, że istnieją dowody eksperymentalne wskazujące na

odwrotną transkrypcję sekwencji koronawirusa w komórkach ludzkich i możliwą integrację z genomem. Zostało to pokazane przez światowej sławy ekspertów pod kierunkiem Rudolfa Jaenish'a w pracy pt. SARS-CoV-2 RNA reverse-transcribed and integrated into the human genome (Zhang i inni, 2020).

Ponadto Centralny Dogmat Biologii Molekularnej sformułowany przez noblistę F. Cricka w 1956 r. i opublikowany w 1958 r. zakładał przepływ informacji genetycznej zarówno z DNA, do RNA i dalej do białka, jak pomiędzy kwasami nukleinowymi, tj. również od RNA do DNA. Informacje o tym można znaleźć nawet w Wikipedii (CDMB 2020).

Tym samym Autorzy Stanowiska przeczą podstawowej wiedzy biologicznej. Możliwość taką również potwierdził inny noblista, H. M. Temin, który odkrył enzym odwrotnej transkryptazy, 1975 r. W komórkach ludzkich istnieją endogenne enzymy pochodzenia retrotranspozonowego, które dokonują właśnie takiej odwrotnej transkrypcji. Sekwencje te stanowią aż 60% naszego genomu. Wśród nich są sekwencje HERV, 8% oraz LINE, 17% (Bannert i Kurh, 2004; Hanks i Kazazian 2016; Georgoiu i inni. 2019). Przez wiele lat kierowany przeze mnie zespół prowadził badania nad transpozonomami, współpracując w tym zakresie z czołowymi jednostkami zagranicznymi w ramach projektu Unii Europejskiej (Contract MTKD-CT-2004-509834). Dlatego mam zarówno wiedzę jak i doświadczenie aby wypowiadać się w tym temacie.

Konstrukt mRNA jest oparty na wieloletnich badaniach

Autorzy Stanowiska polemizują ze mną, że (cyt.) „szczepionki anty-COVID-19 oparte są na opracowywanym przez wiele lat modelu molekularnych szczepionek mRNA i poddawane były badaniom klinicznym zgodnie ze standardowymi procedurami. To, że nie rekomenduje się podawania ich ciężarnym...”. Prawdą jest, że badania nad technologią mRNA były prowadzone od wielu lat,

ale głównie w terapii nowotworów. W tym przypadku szacowanie ryzyka i korzyści jest zupełnie inne. Należy pamiętać, że dla SARS-CoV-2 śmiertelność według WHO wynosi 0,15%.

Badania kliniczne producentów konstruktu mRNA szacują częstość występowania objawów chorobowych w grupie placebo wynoszącą 0,75% (Pfizer) do 1,3% (Moderna). Tym samym serwujemy konstrukt mRNA ludziom zdrowym, którzy w minimalnym stopniu narażeni są na powikłania. Dodam również, że badania kliniczne się nie zakończyły, mają trwać do 2023 r., a produkt mRNA jest dopuszczony w jedynie trybie „emergency”. Należy także określić, że jak dotąd model szczepionki mRNA nigdzie się nie sprawdził.

Koty zaszczepione mRNA zdychały, a Moderna po wielu latach badań nad szczepionką mRNA przeciwko wirusowi grypy, zawiesiła te badania, ze względu na liczne skutki uboczne.

Podawana obecnie szczepionka mRNA firmy Pfizer nie przeszła wszystkich wymaganych badań klinicznych i ma charakter szczepionki eksperymentalnej, która jest testowana na ludziach. Firma ta szacuje ryzyko poważnych skutków ubocznych jak 1:1000, co przy zamiarze zaszczepienia 30 mln Polaków dałoby 30 000 takich przypadków. Już wiadomo, że jest to wartość niedoszacowana ponieważ w Wielkiej Brytanii ten odsetek wynosi 2,79% (za panelem CDC z 18.12.2020 r.)

W związku z tym, że szczepionka mRNA jest niedopracowana, firma Pfizer nie wzięła na siebie odpowiedzialności za wyniki z jej użycia skutki uboczne. Skoro takie jest podejście producenta do swojego produktu, jakim jest szczepionka mRNA, to jako niezależny naukowiec nie mogę wykazywać politycznej poprawności i nie zauważać problemu.

Problem syncytyny

Autorzy Stanowiska polemizują z wypowiedziami internetowymi, za które nie mogę ponosić odpowiedzialności: (cyt.) „rzekomo negatywny wpływ szczepionki na procesy rozrodcze powodowany ma

być podobieństwem białka kolca wirusa i białka syncytyny. W wypowiedziach internetowych myłone są pojęcia homologii i reakcji krzyżowych”.

Trudno odpowiadać mi za to, co pisze się w internecie. Ja tych pojęć nie mylę. Homologia jest terminem ewolucyjnym i oznacza podobieństwo sekwencji, struktury i funkcji ze względu na wspólne pochodzenie. Wyróżnia się zarówno ortologię jak i paralogię. Zależności te powszechnie wykorzystuje się w analizach bioinformatycznych. Termin ten może odnosić się do genów lub białek. Jeśli chodzi o białka, to stopień ich podobieństwa wyraża się podobieństwem aminokwasowym lub podobieństwem strukturalnym.

W odniesieniu do rozpatrywanych białek, tj. białka kolca S i ludzkiej syncytyny, ich całkowite podobieństwo aminokwasowe wynosi 30%. Jednakże podobieństwo kluczowych fragmentów strukturalnych jest znacznie wyższe (>70%). Nawet 30% podobieństwa aminokwasowego przekłada się na podobieństwo strukturalne 75-90%. Przy tak wysokim podobieństwie tych białek, zwłaszcza strukturalnym, istnieje uzasadniona obawa, że system immunologiczny może zostać skierowany również na własne białko syncytynę.

Problem ten podnieśli lekarze niemieccy (Gallagher B. 2020). Ja referowałem ich stanowisko stwierdzając, że nie wiadomo czy reakcja z białkami syncytyny zajdzie, gdyż takich badań nie przeprowadzono. Zatem twierdzenia zawarte w Stanowisku są kłamstwem. Na homologię białek wirusowych i endogennych zwraca również uwagę Lyons-Weiler (2020). Zdaniem Autorów Stanowiska, nie wykazano wpływu (cyt.) „szczepienia przeciw COVID-19, na zdrowie reprodukcyjne kobiet”.

Nie jest to prawda, gdyż badania przeprowadzono tylko u szczurów, przy czym nie ma opublikowanej pracy w impaktowanym czasopiśmie na ten temat. Jest jedynie krótka notka w ulotce produktu mRNA. U człowieka nie prowadzono takich badań, zatem nie wiadomo jak produkt mRNA wpływa na ciążę. Należy dodać, że

z zasady nie zaleca się podawania mRNA kobietom w ciąży. Dodatkowo w I ulotce dla UK, nie zalecano zachodzenia w ciążę w ciągu 2 miesięcy od podania mRNA.

W kolejnych ulotkach ten zapis usunięto (REG 174, Charakterystyka 2021). Należy też dodać, że szlaki sygnałowe w komórce z udziałem syncytyny są bardzo słabo poznane. Dlatego obawy o ewentualny wpływ szczepionki na zdrowie reprodukcyjne ludzi są w pełni uzasadnione, tym bardziej, że syncytyna uczestniczy zarówno w procesie prokreacji, jak i jest obecna w plemnikach. Jestem uprawniony do wypowiedzania się w zakresie proteomiki ponieważ moje kwalifikacje zostały potwierdzone w przyznanym mi grantie sieci badawczej COST (FA 0603).

Recenzja naukowa wypowiedzi publicystycznych

Absolutnym kuriozum w odniesieniu do wywiadu dla Stolika Wolności jest stwierdzenie Autorów Stanowiska (cyt.), że „powszechnym obyczajem w nauce jest poddawanie wszelkich wyników badań recenzji zewnętrznej, dokonywanej przez niezależnych specjalistów będących autorytetami z danej dziedziny. Tezy z omawianych wywiadów takiego procesu nigdy nie przeszły. Członkowie Komitetu, jako profesjonaliści, mogliby takiej recenzji dokonać, jednak najpierw tezy takie musiałyby zostać sformułowane w sposób właściwy dla prac naukowych, a nie funkcjonować jedynie w postaci bezkrytycznie publikowanych enuncjacji medialnych”.

Pisząc to zdanie Autorzy Stanowiska udowodnili jedynie sprawne posługiwanie się erystyką stosując ignoratio elenchi. Ten błąd logiczny polega na zboczeniu z właściwego tematu i skierowanie dyskusji na inne tory.

Tak też Autorzy uczynili przykładając do wywiadu prasowego komentującego dane zawarte w literaturze naukowej miary oryginalnej pracy badawczej, w której przedstawia się własne

wyniki. W związku ze swoją własną logiką grupa pod przewodnictwem prof. dr hab. med. Michała Witta powinna najpierw wydrukować swoje wypowiedzi w czasopiśmie medycznym, zanim zaczniesz je rozpowszechniać w mediach. Wreszcie mamy klasyczny argumentum ad verecundiam, w którym coś jest prawdą tylko dlatego, że tak twierdzi jakiś autorytet.

Ten błąd został popełniony w dwóch formach. Pierwsza polega na powołaniu się na konsensus 34 utytułowanych osób, który nie jest recenzowaną (peerreviewed), opublikowaną naukowo (published) wypowiedzią. Druga forma błędu polegająca na powołaniu się na niekompetentny autorytet ma miejsce w odniesieniach do Konkret24, który jest kanałem informacyjnym, a nie publikacją naukową.

Dodatkowo chciałem zwrócić uwagę na to, że zarzuty zawarte w Stanowisku są w istocie luźnymi przemyśleniami Autorów Stanowiska, które nie mają żadnego potwierdzenia w najnowszej literaturze. Niektóre z tych przemyśleń Autorów Stanowiska, jak na przykład brak endogennej odwrotnej transkryptazy w komórkach ludzkich, są łatwe do zweryfikowania nawet w tak pospolitym źródle jak anglojęzyczna Wikipedia (Reverse_transcriptase 2021).

Z tej wiedzy korzystają na co dzień internauci, w tym studenci, uczniowie szkół średnich oraz inne osoby nie związane z medycyną. I zadają pytania, o możliwość przekopiowania mRNA ze szczepionki na cDNA i jego włączenie się do genomu. Możliwość taką wykluczają jedynie luminarze polskiej genetyki medycznej, ponieważ według ich stanu wiedzy w komórkach ludzkich nie ma odwrotnej transkryptazy.

Na zakończenie pragnę zwrócić uwagę, że wywiad ten nie był kierowany do Nature, lecz do Stolika Wolności, dla szerokiej publiczności i nie zawiera on żadnych błędów rzeczowych. Stanowi on kompilację informacji zawartych w literaturze naukowej. Nie jest oryginalną pracą badawczą przedstawiającą jakiegokolwiek wyniki moich własnych badań. Przykładanie do tego

artykułu metodologii prac badawczych i zarzucanie mi błędów metodologicznych jest nieetyczne.

Obowiązkiem każdego gremium jest przykładanie właściwej wagi do formy publikacji. Stosując logikę Autorów Stanowiska, dane przedstawione w nim też można uznać za niepotwierdzone hipotezy, gdyż Stanowisko nie zostało poprawnie przygotowane pod względem formy pracy badawczej. Podobnie jak Autorzy Stanowiska, również ja mógłbym się podjąć recenzji wyników przedstawionych w Stanowisku, ale najpierw powinno ono być zaprezentowane w postaci pracy naukowej.

Wywiad dla Stolika Wolności miał zwrócić uwagę przede wszystkim na kontrowersję jaka powstała pomiędzy informacją zawartą w ulotce Pfizera dotyczącą budowy szczepionki mRNA, według której zawiera ona niereplikujący się konstrukt mRNA, a stanowiskiem Ministra Zdrowia z dnia 16.12.2020 r., według którego jest to replikująca się cząsteczka mRNA. Ta fundamentalna kwestia dotycząca bezpieczeństwa tej szczepionki nie doczekała się żadnego wyjaśnienia ze strony Ministerstwa Zdrowia, jak również nie została podjęta przez autorów Stanowiska.

Ponadto zgodnie z opinią wybitnych polskich prawników, powołujących się na przepisy Komisji Europejskiej, szczepionka mRNA jest organizmem zmodyfikowanym genetycznie. Autorzy Stanowiska również nie wypowiedzieli się w tej fundamentalnej kwestii.

Konstrukt mRNA jako jedyna możliwość walki z pandemią

„Członkowie Komitetu z całą mocą podkreślają, że jedyną naukowo umocowaną metodą kontrolowanego przerwania epidemii SARS-CoV-2 jest zaszczepienie się szczepionką przeciw COVID19”. No cóż, mamy argumentum ad numerum. Słuszność poglądu wynika z faktu, że wielu specjalistów się pod nim

podpisało. Niestety, jest to mocno nienaukowe stwierdzenie! Nie uważają tak bowiem ani twórcy szczepionki (Polack i inni 2020) ani CDC (V-safe 2020; Requirement 2021).

Zakończenie

Na zakończenie chciałbym powiedzieć, że liczba 34 wybitnych naukowców, którzy podpisali się pod Stanowiskiem oraz wspomagających ich, a wymienionych w Stanowisku innych instytucji, nie musi automatycznie oznaczać, że to gremium ma rację. Autorzy Stanowiska popełnili wszelkie możliwe błędy logiczne jakie zazwyczaj spotyka się w sposobie argumentowania osób, które chcą zdezwuować dany pogląd wbrew istniejącym faktom.

Podobną argumentację stosują ateści walcząc z teistami, politycy walcząc z opozycją. Jednakże na takie zabiegi nie powinno być miejsca w dyskursie naukowym i to w odniesieniu do tak istotnej społecznie sprawy jak COVID 19.

Mój niepokój wywołuje fakt, że zewsząd dowiaduję się o utytułowanych naukowcach, w tym zajmujących wysokie stanowiska, twierdzących że przepływ informacji genetycznej jest wyłącznie jednokierunkowy. Jak jeden mąż, jednym tchem bezlitośnie krytykują oni powszechnie znane i powszechnie obowiązujące, przynajmniej dotąd, podstawy genetyki i biologii molekularnej. Wyśmiewają Centralny Dogmat Biologii Molekularnej, twierdząc bezpodstawnie, że F. Crick jedynie „żartował”. Wracają czasy łysenkizmu, kiedy to nauka zaprzedała się bieżącej polityce.

Jako niezależny naukowiec nie mogę milczeć i dlatego powtarzam, że w komórkach człowieka i innych Eukariota może podlegać ekspresji endogennej, retrotranspozonowego pochodzenia enzym, odwrotna transkryptaza. Stwarza to potencjalną możliwość (choć nie pewność), że mRNA ze szczepionki mógłby być przekopiowany na cDNA, w genomie człowieka i każdego organizmu eukariotycznego.

Obecnie aktywnych jest około 100 transpozonów LINE, które odpowiadają za 5% insercji u nowych urodzeń. O roli i ekspresji retrotranspozonów, w tym u człowieka, jest mnóstwo literatury naukowej. Ignorowanie tego faktu i nie dopuszczanie do dyskusji innych osób, wyśmiewanie ich i pokazywanie ich jako oszołomów, nie jest godne naukowca. Tytuł zobowiązuje, przede wszystkim do działania na rzecz społeczeństwa i informowania go, a nie zamykania pod dywan głosów, które są odmienne od głównego nurtu.

Szczególnie bulwersujące jest, że wśród osób, które podpisały Stanowisko, znajdują wychowankowie Prof. W. Gajewskiego, który był jednym z nielicznych naukowców w Polsce, który przeciwstawili się łysenkizmowi. Za to zabrano mu katedrę i zabroniono nauczania. W stanie wojennym działał w podziemiu, w imię pomocy naukowcom i dostarczania wiedzy młodzieży. Dzisiaj jego wychowankowie zachowują się jak jego prześladowcy, nie pomni na tę Jego chwalebną kartę. Trzeba pamiętać, że szczepionka mRNA jest cały czas w fazach testów, o czym pisze sam producent.

Dopuszczona jest do użycia jedynie wyjątkowo, o czym można przeczytać w ulotce producenta, dokumentach UE i FDA. W takiej sytuacji nachalna reklama i brak dyskusji stanowią zagrożenie dla istnienia narodu i jego samostanowienia. Milczenie w takiej sytuacji jest wysoce nieetyczne. Istnieje duża grupa naukowców, zarówno w Polsce jak i na świecie, czego przykładem jest Petycja dr. W. Wodarga, która ma inne zdanie.

Ośmieszanie ich i nie dopuszczanie ich do głosu, odmawianie im prawa do wypowiedzi, szykanowanie, jest działaniem niegodnym naukowca i wpisuje się w koncepcję łysenkizmu. Naukowiec powinien wątpić, a nie wierzyć bezrefleksyjnie w przekaz firmy farmaceutycznej.

Społeczeństwo oczekuje uczciwej debaty, dopuszczającej wszystkie głosy. Do tej pory takiej debaty nie było. W związku z tym pozostaje wypowiadanie się jedynie w mediach

społecznościowych. Dzieje się to w obliczu rosnącej liczby publikacji, pokazujących, że dotychczasowa polityka przynosi więcej strat niż korzyści. Dlatego inicjatywa jaką podjął Stolik Wolności jest bardziej cenna niż tysiąc stanowisk uczonych gremiów.

Pokazuje potrzebę wiedzy, debaty a nade wszystko potrzebę „wzięcia sprawy w swoje ręce”. Nawet najbardziej prowokujące stanowisko nie jest tak niebezpieczne dla społeczeństwa jak krytykowanie i ośmieszanie tych co zadają pytania oraz oddolnych inicjatyw jak Stolik Wolności. W trudnych czasach COVID okazuje się, że społeczeństwo zostało pozostawione samo sobie przez naukowców, z których wielu nie wypowiada się lub paternalistycznie powtarza slogany firm farmaceutycznych.

Autorzy Stanowiska bezpodstawnie zarzucają mi dezinformację na temat wirusa SARS-CoV-2 i szczepionek przeciw COVID-19, które ich zdaniem pozostają w sprzeczności z aktualnym stanem wiedzy w zakresie genetyki medycznej i diagnostyki laboratoryjnej. Ponadto są oni zaniepokojeni brakiem podstaw naukowych takich wypowiedzi i ich ewidentną szkodliwością społeczną. Na ten zarzut można jedynie odpowiedzieć „witamy w świecie Łysenki”.

W swojej odpowiedzi odrzuciłem wszystkie stawiane mi zarzuty. Zadaniem sądu będzie rozstrzygnięcie, czy autorzy powyższego Stanowiska naruszyli moje dobra osobiste, na straży których stoją art. 23 i 24 Kodeksu cywilnego.

Z poważaniem: Roman Zieliński

Źródło: StolikWolnosci.pl

Literatura

1. Bannert i Kurth. 2004. Retroelements and the human genome. New perspectives on an old relations. PNAS 101: 14572-14579, www.pnas.org/content/101/suppl_2/14572
2. Borger i inni. 2020. Review report Corman-Drosten et al.

Eurosurveillance 2020. External peer review of the RTPCR test to detect SARS-CoV-2 reveals 10 major scientific flaws at the molecular and methodological level: consequences for false positive results. cormandrostenreview.com/report/

3. CDBM 2021. Central Dogma of Molecular Biology. en.wikipedia.org/wiki/Central_dogma_of_molecular_biology

4. Charakterystyka 2021. Charakterystyka produktu leczniczego Comirnaty. Charakterystyka produktu leczniczego Moderna. www.urpl.gov.pl/pl/informacja-prezesa-urzedu-z-dnia-09012021-r-opublikacji-w-językach-narodowych-ue-decyzji-komisji

5. Complementary DNA 2020. en.wikipedia.org/wiki/Complementary_DNA

6. Crick F. 1956. Ideas on protein synthesis. search.wellcomelibrary.org/iii/encore/record/C__Rb1817413

7. Gallaher B. 2020. [Response to nCoV2019 Against Backdrop of Endogenous Retroviruses](#)” w Wodarg W., Yeadon M. 2020. Petition to EMA.

8. Georgoiu i inni. 2019. Retrotransposon RNA expression and evidence for retrotransposiotion events in human oocytes. Human Molecular Genetics, 18. [doi:10.1093/hmg/ddp022](https://doi.org/10.1093/hmg/ddp022)

9. Grandi N., Tramontano E. 2018. Human Endogenous Retroviruses are ancient acquired alements still shaping innate immune Rresponses. Frontiers in Immunology 9. [doi:10.3389/fimmu.2018.02039](https://doi.org/10.3389/fimmu.2018.02039)

10. Hanks i Kazazian 2016. Roles of retrotranspozon insertions in human disease. Mobile DNA 7: [9. DOI 10.1186/s13100-016-0065-9.](https://doi.org/10.1186/s13100-016-0065-9)

11. Harris 2020. What zebra mussels can tellu s about errors in coronavirus tests. 2020. [dostęp: 17 stycznia 2021]. NPR. www.npr.org/sections/health-shots/2020/06/15/871186164/what-zebra-musselcan-tell-us-about-errors-in-coronavirus-tests

12. Lyons-Weiler 2020. Pathogenic priming likely contributes to serious and critical illness and mortality in COVID-19 via autoimmunity. Journal of Translational Autoimmunity 3, doi.org/10.1016/j.jtauto.2020.100051
13. Nesse RM, Bergstrom CT, Ellison PT, Flier JS, Gluckman P, Govindaraju DR, Niethammer D i inni. 2010. Making evolutionary biology a basic science for medicine. PNAS 207. www.pnas.org/cgi/doi/10.1073/pnas.0906224106
14. Panel CDC 2020. WHO information notice for IVD users. 7 grudzień 2020. www.who.int/news/item/14-12-2020-who-information-notice-for-ivd-users
15. Polack i inni, 2020. Safety and efficacy of BNT162b2 mRNA COVID vaccine. NEJM 27, [DOI:10.1056/NEJMoa2034577](https://doi.org/10.1056/NEJMoa2034577)
16. Polok K., Zielinski R. 2011. Mutagenic treatment induces high transposon variation in barley (Hordeum vulgare L.). Acta Agriculturae Slovenica, 97:179-188. [DOI: 10.2478/v10014-011-0012-x](https://doi.org/10.2478/v10014-011-0012-x)
17. REA 2020 (Research Executive Agency). MSCA-IF evaluation step by step manual for evaluators 2020. vdocuments.mx/msca-if-evaluation-step-by-step-european-commission-manual-forevaluators-2018.html
18. Requirement 2021. Requirement for Proof of Negative COVID-19 Test or Recovery from COVID-19 for All Air Passengers Arriving in the United States | CDC
19. [REG 174 information for UK healthcare professionals. V. I, v.II.](#)
20. Reverse transcriptase 2021. en.wikipedia.org/wiki/Reverse_transcriptase#In_cellular_life
21. Uğur Şahin 2020. Wikipedia (dostęp: 17 styczeń 2021). en.wikipedia.org/wiki/U%C4%9Fur_%C5%9Eahin

22. V-safe 2020. V-safe active surveillance for COVID-19 vaccine.

www.cdc.gov/vaccines/acip/meetings/downloads/slides-2020-12/slides-12-19/05-COVIDCLARK.pdf

23. WHO 2020. WHO information notice for IVD users. 7 grudzień 2020.

www.who.int/news/item/14-12-2020-who-information-notice-for-ivd-users

24. Zhang L, Richards A, Khalil A, Wogram E, Ma H, Young RA, Jaenish. 2020. SARS-CoV-2 RNA reversetranscribed and integrated into the human genome. bioRxiv, doi.org/10.1101/2020.12.12.422516

25. Zielinski R, Polok K. 2020. PCR-ym czyli o prawdziwej roli testów PCR. W (ed) Błochowiak M. Fałszywa pandemia. Krytyka naukowców i lekarzy. Fundacja Osuchowa.