

Pátranie po pôvode SARS-CoV-2

ZLOŽITÝ PRÍBEH VEDECKEJ DETEKTÍVKY SA ROZUZĽUJE

Epidémia ochorenia covid-19, ktorá vypukla v čínskom meste Wu-chan v decembri 2019, za tri mesiace prerástla do celosvetovej pandémie. Rýchle šírenie pandémie po celom svete zákonite vyvoláva tlak na zodpovedanie naliehavých otázok: Aký je pôvod vírusu SARS-CoV-2? Vznikol prirodzeným vývojom, alebo unikol z laboratória? A nie je to len samoučelná zvedavosť. Keď budeme poznať pôvod vírusu, možno nám to pomôže predchádzať budúcim koronavírusovým epidémiám a pandemiám.

text **ŠTEFAN VILČEK**

PROCES HLADANIA kvalifikovaných odpovedí na nastolené otázky sa podobá práci detektívov pátrajúcich po páchatelovi. V úlohe detektívov sa tu ocitli vedci, v úlohe páchatela nový koronavírus. Pozrime sa, v akom štádiu je pátranie po viac ako dvoch rokoch od objavu vírusu.

PO AKOM VÍRUSE SA PÁTRA? Veľa pacientov z Wu-chanu malo vzťah k preľudnenému mokrému trhu Chua-nan, kde sa predávali domáce a voľne žijúce zvieratá a potravinové produkty z nich. Čínski vedci už v priebehu 2-3 týždňov zistili, že epidémiu spôsobil nový koronavírus, ktorý neskôr dostal pomenovanie SARS-CoV-2. Začiatkom januára 2020 vedci prečítali vírusovú genetickú informáciu, ktorá pomohla poodhaliť jeho genetické tajomstvo.

Genetická informácia nového koronavírusu je zakódovaná v molekule RNA s dĺžkou asi 30 000 nukleotidov. Z viacerých vírusových

génov najväčšiu pozornosť upútava S-gén, ktorý kóduje S-proteín (spike proteín). Ten tvorí na povrchu vírusového proteínového obalu hroty viditeľné elektrónovým mikroskopom. S-proteín tvorí reťazec 1273 aminokyselín a obsahuje doménu RBD (receptor binding domain), ktorá pozostáva z približne 200 aminokyselín. Vírus sa pomocou tejto domény viaže na ACE2 receptor ľudských buniek, s následným prienikom patogénu do bunky, kde sa množí. V RBD bolo zistených šesť kľúčových aminokyselín, veľmi dôležitých pre väzbu vírusu na bunku. Ďalšou dôležitou oblasťou S-proteínu je štiepne miesto pre furínovú proteázu. Tvoria ho štyri aminokyseliny (RRAR - arginín, arginín, alanín, arginín) ako výsledok inzercie dvojnásť nukleotidov do genómu SARS-CoV-2. Tento bunkový enzým štiepi S-proteín na dve časti, čím zabezpečuje podmienky infekčnosti a patogenity vírusu, a teda jeho rýchle šírenie v ľudskej populácii.

VO WU-CHANE, meste s jedenásť miliónmi obyvateľov, sa prelína história s modernou súčasnosťou. Okrem iného sa tu pravidelne konajú „mokré trhy“ a sídli tu aj významný virologický ústav. Pri pátraní po pôvode vírusu SARS-CoV-2 padlo podozrenie nielen na trh Chua-nan, ale aj na výskumný ústav. Doterajšie poznatky naznačujú, že vírus môže mať pôvod na tomto trhu.



Snímka Ilya Nesterenko, iStock.com

„Vedeckí detektívi“ dostali presne vymedzené zadanie: Pátrať po pôvode koronavírusu, ktorý má v S-proteíne špecifickú RBD doménu obsahujúcu šesť kľúčových aminokyselín s väzbou na ľudské bunky. Okrem toho má štiepne miesto furínovej proteázy. Nový vírus by mal byť na 99-100 % identický so SARS-CoV-2.

PÁTRANIE ZAČALO PRIAMO V EPICENTRE

Až 55 % prípadov ochorenia na covid-19 v decembri 2019 malo aspoň nejaký vzťah k mokrému trhu Chua-nan vo Wu-chane. Pacienti na ňom pracovali, navštívili ho, alebo prišli do styku s osobou z mokrého trhu. Podobne to bolo v prípade epidémie SARS, ktorá vypukla v Číne v roku 2003, tiež mala vzťah k miestnemu mokrému trhu. Prehustený 11miliónový Wu-chan a úzky kontakt so zvieratami na mokrom trhu vytvorili predpoklady na

masívne šírenie koronavírusovej epidémie. Nezanedbateľný je fakt, že v roku 2019 sa v Číne vyskytol africký mor ošípaných, v dôsledku čoho utratili 150 miliónov prasiat. Potreba konzumného mäsa sa kompenzovala dodávaním potravinových produktov z voľne žijúcich zvierat, čím sa výrazne zvýšilo riziko kontaktu ľudí s nimi. Medzinárodná komisia WHO, ktorá pracovala spolu s čínskymi vedcami vo Wu-chane v prvej polovici roku 2020, zistila, že z 923 environmentálnych vzoriek a sterov odobratých na mokrom trhu Chua-nan bolo 73 pozitívnych na SARS-CoV-2, čo potvrdzovalo, že sa tam uvedený vírus výrazne množil. Naproti tomu, vzorky kostí a mäsa zvierat z trhu, ako aj 80 000 analyzovaných vzoriek z divých zvierat, dobytká a hydiny z 31 provincií bolo negatívnych, podobne ďalšie vzorky z 5000 prasiat, 131 kráv, 368 oviec a 6593 kusov hydiny. Toto množstvo vzoriek je však pomerne malé a stále je tu priestor na analýzu oveľa väčšieho súboru.

PÁTRANIE MEDZI KORONAVÍRUSMI NETOPIEROV

Už po objave nového koronavírusu epidemiológovia a virológovia vychádzali z predpokladu, že SARS-CoV-2 by mohol pochádzať z netopierich vírusov, teda je zoonotického pôvodu (Vesmír 99, 348, 2020/6). Veď aj koronavírusová epidémia SARS mala pôvod u netopierov, rovnako epidémia MERS z rokov 2012-2013 na Blízkom východe. Hneď po osekvenovaní genómu SARS-CoV-2 boli genetické údaje porovnané so sekvenciami netopierich koronavírusov a fylogenetický strom jasne ukázal blízky vzťah medzi nimi. Všetko naznačovalo, že koronavírus netopierov by mohol byť predchodcom SARS-CoV-2. Krátko nato vedci z virologického ústavu vo

Wu-chane získali pri analýze netopierich koronavírusov sekvenciu celého genómu jedného zaujímavého koronavírusu s označením RaTG13. Mal až 96,1 % identických sekvencií s genómom SARS-CoV-2. Napriek vysokej identite, netopierí vírus neobsahoval RBD podobnú pandemickému koronavírusu a nemal ani štiepne miesto pre furínovú proteázu. Genóm RaTG13 sa líšil od SARS-CoV-2 až v 1200 nukleotidoch, takže by mu trvalo okolo 40 rokov, než by sa vyvinul na ľudský koronavírus.

Pátranie po príbuzných koronavírusoch pri netopieroch pokračovalo ďalej. Rôzne vedecké skupiny analyzovali vzorky z netopierov nielen v Číne, ale aj v okolitých krajinách. Analýza vzoriek z Thajska, Kambodže a Japonska odhalila, že netopierie koronavírusy identické viac ako na 90 % so SARS-CoV-2 nie sú na ázijskom kontinente vzácné, ale ani jeden z nich nemal identitu, aká bola zistená v prípade RaTG13. Viac nádeje priniesla nedávna analýza netopierich vzoriek z Laosu. Medzi koronavírusmi vedci našli vírus Banal-52, ktorý bol na úrovni celého genómu až na 96,8 % identický so SARS-CoV-2, pričom v S-géne to bolo 94,6 %, asi o dve percentá viac ako pozorovali pri RaTG13. Obzvlášť zaujímavé je, že všetkých šesť kľúčových aminokyselín v RBD bolo identických so SARS-CoV-2. Tento netopierí koronavírus sa viazal na ľudské bunky a v laboratórnych podmienkach väzba bola blokována ľudskými špecifickými protilátkami. Ale ani v tomto prípade nemožno konštatovať, že SARS-CoV-2 pochádza priamo z Banal-52, lebo evolučná vzdialenosť je stále pomerne veľká. A chýbalo mu aj štiepne miesto pre furínovú proteázu.

Z vedeckých výskumov vírusov je známe, že štiepne miesto pre furínovú proteázu sa

môže v S-proteíne vyvinúť v priebehu evolúcie, či už pri infekcii zvierat, alebo ľudí, aby vírus zvýšil svoju infekčnosť, a tým sa rýchlejšie množil v infikovaných bunkách. V ríši netopierich koronavírusov, ale aj iných vírusov, sú známe vírusy s týmto miestom, ktoré je dokonca efektívnejšie ako pri SARS-CoV-2. Aj v prípade niektorých vysoko virulentných kmeňov vírusu chrípky sa vyvinulo takéto miesto. Prečo by sa to nemohlo stať aj v prípade SARS-CoV-2?

Z pátrania medzi netopierimi koronavírusmi vyplynulo, že dôležité komponenty pozorované v S-proteíne SARS-CoV-2, ako sú špecifická doména RBD, jej kľúčové aminokyseliny, schopnosť vírusu viazať sa na ľudský receptor, štiepne miesto pre furínovú proteázu, sa nachádzajú aj pri niektorých iných koronavírusoch. To všetko sú dôležité mílniky na ceste k hľadaniu pôvodu SARS-CoV-2.

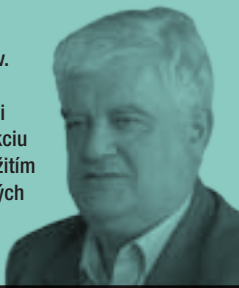
PÁTRANIE PO MEDZIHOSITELŤOVI

Na svojej evolučnej ceste mohol predchodca SARS-CoV-2 využiť medzihostiteľské zviera. Takýto scenár je známy pri epidémiách SARS a MERS. Netopierí koronavírus, ktorý sa podieľal na epidémii SARS, najprv infikoval cibetky, v nich sa evolučne adaptoval a výsledný koronavírus SARS-CoV následne infikoval ľudí. Aj epidémia MERS bola vyvolaná koronavírusom (MERS-CoV) s pôvodom v netopieroch. Ten sa cez ťavy adaptoval do formy schopnej smrteľne infikovať ľudí. V prípade iného koronavírusu pochádzajúceho z hlodavcov bol medzihostiteľom hovädzí dobytok a adaptovaný vírus bol potom schopný infikovať ľudí.

Niektoré koronavírusy využívajú na svoje šírenie ďalšiu schopnosť - výmenu časti genetickej informácie medzi dvoma koronavírusmi, ktoré súčasne infikujú bunku. Tomuto javu, v prírode vôbec nie vzácnemu, hovoríme rekombinácia. Vznikajú tak akési mozaikovití koronavírusy zložené z častí dvoch, niekedy aj viacerých vírusov.

Vo svetle uvedených poznatkov sa ponúkajú ďalšie možnosti vzniku SARS-CoV-2 na prírodnej báze. Jedna z nich je existencia medzihostiteľa, t. j. zvieratá, kde sa netopierí koronavírus môže adaptovať do podoby nebezpečnej pre človeka. Už na začiatku takto zameraného výskumu sa zistilo, že niektoré koronavírusy infikujúce šupinavce (zvieratá žijúce sa mravcami, český luskuoni) majú S-proteín s RBD doménou, v ktorej je všetkých šesť kľúčových aminokyselín zodpovedných za väzbu vírusu na bunku identických so SARS-CoV-2. To ihneď viedlo k úvahe, že SARS-CoV-2 by mohol byť výsledkom rekombinácie v S-géne medzi netopierim koronavírusom a koronavírusom šupinavcov, pričom adaptovaný rekombinantný vírus potom infikoval človeka.

Prof. Ing. ŠTEFAN VILČEK, DrSc., (*1950) vyštudoval chémiu na ČVUT v Prahe. Na Univerzite veterinárskeho lekárstva a farmácie v Košiciach dlhodobo pracuje v oblasti veterinárnej virológie a molekulej epizootológie. Vyvinul viaceré PCR testy na diagnostiku infekčných chorôb hospodárskych zvierat, rozvíja molekulovú epizootológiu vírusových nákaz zvierat, analyzuje genómy živočíšnych vírusov. V súčasnosti sa podieľa aj na vývoji PCR testu na detekciu SARS-CoV-2 s využitím nových magnetických častíc.



Nesporne prítlačlivú úvahu však neprija-
la významná časť vedcov. Argumentovali
tým, že poznatky pochádzajú z výskumu
na limitovanom súbore vzoriek, šupinavce
môžu ochoriť po koronavírusovej infekcii,
čo sa v prípade medzihostiteľa nestáva, ako
aj tým, že koronavírus šupinavcov je len na
90 % identický so SARS-CoV-2. Jeho S-proteín
a RBD majú tieto hodnoty ešte nižšie. Chýba
mu aj štiepne miesto pre furínovú proteázu.
Výskum pokračuje a za možných medzihos-
titeľov sa považujú norky, psíky medvedíko-
vité, cibetky a iné zvieratá.

PÁTRANIE PO ÚNIKU Z LABORATÓRIA

Časť laickej, ale aj minoritná časť vedec-
kej komunity verí, že laboratórne upra-
vený vírus unikol z virologického ústavu
vo Wu-chane. Pomohli tomu aj politické
vyhlásenia amerického prezidenta Trum-
pa, zapojenie amerických spravodajských
služieb do vyšetrovania možného úniku
vírusu a podpora časti médií. Prehodnotme
z vedeckého pohľadu argumenty tohto názo-
rového spektra.

Krátko po vypuknutí epidémie vo Wu-
chane sa vynorila zaujímavá informácia.
V roku 2013 ochorelo šesť baníkov, ktorí
zbierali netopierie exkrementy v medenej
bani Mo-tiang v provincii Jün-nan vzdiale-
nej asi 1500 km od Wu-chanu, pričom traja
zomreli na atypickú pľúcnu pneumóniu. Na
zistenie pôvodu možného patogénu vedci
z Wu-chanu odobrali vzorky, no pôvod ochor-
renia baníkov nezistili. V exkrementoch
netopierov však zistili rôzne koronavírusy.
Neskôr v jednej vzorke identifikovali už spo-
mínaný koronavírus RaTG13, ktorý, ako sa
ukázalo, mal 96,1 % identitu so SARS-CoV-2.
Začalo sa špekulovať, že baníci v roku 2013
zomreli na infekciu SARS-CoV-2.

Zástancom tejto úvahy neprekážalo,
že RaTG13 bol dosť evolučne vzdialený od
SARS-CoV-2. Na preklenutie tejto medzery
vznikla teória o zrýchlenej evolúcii RaTG13
na SARS-CoV-2, ktorý seriózni vedci nikdy ne-
prijali. Špekulovalo sa aj o tom, že s vírusom
sa v laboratóriu intenzívne pracovalo, pričom
úmyselne alebo neúmyselne unikol z tých-
to priestorov. Zdôraznime, že únik vírusu
z laboratória je teoreticky možný v prípade,
keď ho je dostatočné množstvo, teda keď ho
vedci v laboratória pomnožia na bunkových
kultúrach. Doterajšie fakty ukazujú na
to, že RaTG13 nikdy vo wu-chanskom ústave
nekultivovali. Laboratórium síce kultivo-
valo niekoľko koronavírusov, ale tie neboli
geneticky príbuzné so SARS-CoV-2. Nápad, že
prírodný vírus vo vzorke odobratej vedcami
vo vzdialenej časti Číny bol nechtiac vyne-
sený z laboratória do mesta infikovaným
vedeckým pracovníkom, kde sa nekontrolo-
vane šíril, nemá racionálne vedecké jadro.
Veď infekcia sa nerozšírila medzi obyvateľmi



Snímka BDphoto, iStock.com

TAKZVANÉ „MOKRÉ TRHY“ s čerstvým mäsom a ďalšími potravinami, ktoré sa rýchlo kazia, sú v Ázii veľmi obľúbené (obrázok z trhu v Hongkongu). Na mnohých sa často predávajú aj živé zvieratá odchytené v prírode. Vzhľadom na vysokú koncentráciu ľudí hrozí na týchto miestach vysoké nebezpečenstvo prenosu vírusov zo zvieratá na človeka.

v oblasti medenej bane, ktorí boli v kontakte
s netopiermi a ich exkrementmi. Dodajme,
že podľa správy komisie WHO z marca 2020
žiaden pracovník virologického laboratória
vo Wu-chane, vedeného Š' Ceng-li, nemal
v krvi protilátky proti SARS-CoV-2, teda nebol
ním infikovaný.

Ďalšie úvahy boli založené na predpo-
klade cieľených analýz a umelých modifi-
kácií vírusového genómu (gain-of-function
výskum), hlavne RBD domény, v laboratóriu,
aby sa zistilo, ako sa koronavírus viaže na
ľudské bunky. Nedokázalo sa, a ani indície
to nenaznačujú, že by laboratórium vo Wu-
chane robilo takýto výskum na koronavírus-
se geneticky veľmi príbuznom SARS-CoV-2.

NEPOTVRDENÉ HYPOTÉZY

Zdanlivý dôkaz indických vedcov, že genóm
SARS-CoV-2 kóduje krátke úseky amino-
kyselín v S-proteíne, ktoré tam zostali pri
genetickej príprave vakcíny proti aidsu, bol
na prvý pohľad dosť znepokojujúci. Túto
teóriu podporil aj laureát Nobelovej ceny Luc
Montagnier, objaviteľ vírusu HIV. Uvedená
informácia bola vyvrátená počítačovou ana-
lýzou genómov koronavírusov, ako aj iných
vírusov, v ktorých sa našli podobné sekvenc-
cie, čo naznačuje, že sú prírodného pôvodu.

Štiepne miesto furínovej proteázy v S-gé-
ne SARS-CoV-2 má dva pomerne vzácne
triplety CGG, ktoré kódujú dve molekuly
aminokyseliny arginín. Podľa niektorých
vedcov vrátane Davida Baltimora, laureá-
ta Nobelovej ceny, to mohol byť indikátor
umelého zásahu do vírusového genómu.
Opäť, z hlbších genetických analýz vyply-
nulo, že tento triplet sa nachádza aj v iných

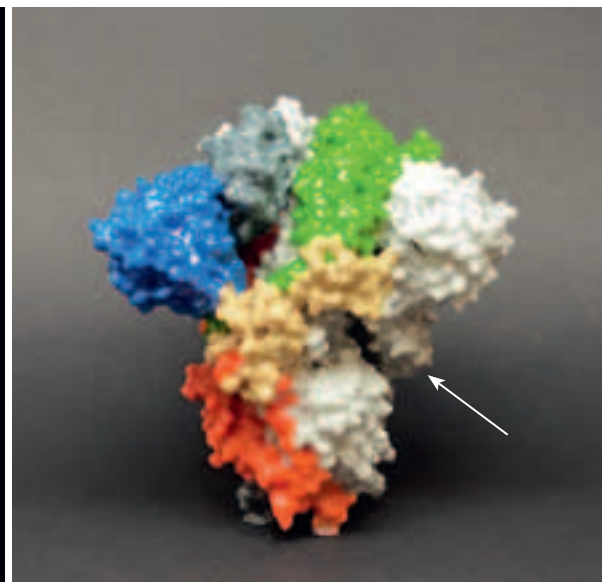
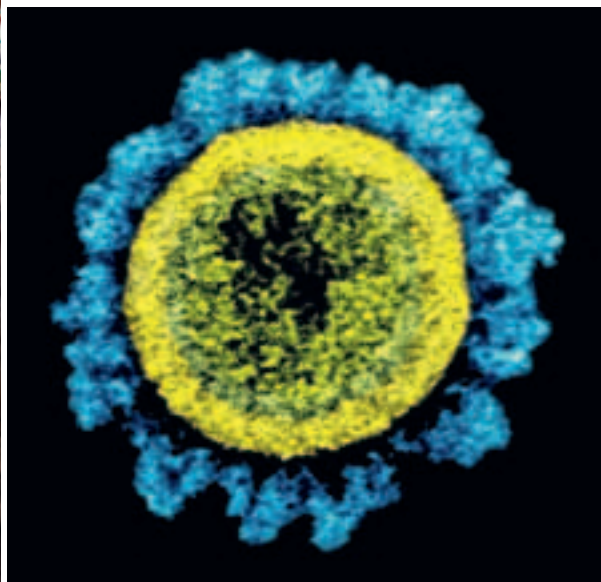
prírodných vírusoch vrátane niektorých
koronavírusov. Prípadné umelé vsunutie tri-
pletov do vírusového genómu je pod silným
evolučným tlakom, takže v priebehu množe-
nia vírusu sa vsunutá informácia zvyčajne
stráca. Doteraz osekvenované SARS-CoV-2
izoláty, a je ich viac ako dva milióny, majú
tieto triplety na rovnakom mieste, čo potvr-
dzuje ich prirodzený pôvod.

Jaroslav Flegr, český parazitológ a evoluč-
ný biológ, tiež podporuje teóriu neúmysel-
ného úniku vírusu z laboratória. Predpokla-
dá, že medzi stovkami koronavírusových
vzoriek, ktoré laboratórium vo Wu-chane
doteraz zozbieralo, bol aj SARS-CoV-2. Táto
kontroverzná úvaha má ďaleko od vedecké-
ho faktu, je len na úrovni osobnej hypotézy.
Otázne je, či by mal vedec vo verejných
médiách prezentovať laickej komunite svoje
nepodložené názory diskutabilnej povahy.

Soňa Peková, česká genetička, sa hneď na
začiatku epidémie covidu-19 poponáhľala
s konštatovaním, že v nekódujúcej oblasti
genómu (podľa nej vo „velíne“) nového kor-
navírusu, ktorá riadi množenie vírusu, našla
dovtedy nepozorované sekvencie odlišné od
SARS-CoV, pôvodu epidémie z roku 2003.
Nuž, každý, kto pracuje s nukleotidovými
sekvenciami, pozoroval, že vzdialené vírusy,
ako sú SARS-CoV a SARS-CoV-2, sa musia líšiť
aj v tejto oblasti genómu. Výroky o uvoľňova-
ní mutantov SARS-CoV-2 z „nejakej jaskyne“
sú už za červenou čiarou vedeckých debát.

VEDECKÁ SÚVAHA TEÓRIÍ O PÔVODE SARS-CoV-2

Zoonotický pôvod SARS-CoV-2 podporuje po-
znanie, že všetky doterajšie koronavírusové



**KORONAVÍRUS
SARS-CoV-2 so
„svätožiarou“
tvorenou hrotmi
S (spike) proteínu
a detail jeho
štruktúry. Zelenou
farbou je vyznačená
RBD doména, šípka
ukazuje na miesto,
kde furínová proteáza
štiepi S-proteín na
dve časti, čím ho
aktivuje.**

Snímka vľavo NIAID, snímka
S-proteínu NIH, CC BY 2.0

a iné vírusové epidémie, ktoré sužovali
ľudstvo, akými sú napr. SARS, MERS, ebola,
besnota (česky vzteklika), chrípka, Nipah
infekcia a iné, sú primárne zvieracieho
pôvodu. Prečo by to nemohlo byť aj v prípade
covidu-19, keď už sedem rôznych korona-
vírusov predtým infikovalo ľudí? Viaceré
z nich pochádzajú z netopierich koronavi-
rusov. Ako sa ukazuje, niektoré koronavi-
rusy netopierov majú v S-proteíne aj veľmi
podobnú doménu RBD alebo štiepne miesto
furínovej proteázy.

Na druhej strane, doteraz sa nenašiel
prírodný koronavírus, ktorý by bol identický
so SARS-CoV-2, lebo všetky identifikované
koronavírusy sú vzdialené desiatky rokov
evolúcie. Môže to byť spôsobené aj tým,
že doteraz sa analyzovali iba malé súbory
zvieracích vzoriek. Zatiaľ nepoznáme ani
prípadného medzihostiteľa koronavírusu,
ktorý by „upravil“ vírus do podoby schopnej
infikovať ľudí. Prekvapuje aj to, že nepozo-
rujeme nové vlny infekcie u ľudí spôsobené
opätovnou infekciou z medzihostiteľa. Možno
je to preto, že SARS-CoV-2 sa dostatočne
adaptoval a nepotrebuje, dokonca konku-
renčne potláča ďalšiu „podporu“ vírusu
z medzihostiteľa. Významní vedci sa posta-
vili za teóriu o zoonotickom pôvode vírusu.
Túto teóriu podporuje aj autor článku. Podľa
komisie WHO zoonotický pôvod SARS-CoV-2
je možný až pravdepodobný a vývoj vírusu
cez zvieracieho medzihostiteľa je pravde-
podobný alebo až vysoko pravdepodobný.
Niektorí čínski vedci presadzujú teóriu, že
SARS-CoV-2 nemá pôvod v Číne, ale mohol
sa tam dostať s importovaným mrazeným
mäsom. Medzinárodná vedecká komunita je
k tejto teórii pomerne skeptická.

Vzhľadom na to, že pandémia vznikla
vo Wu-chane, kde je známy virologický
ústav, v ktorom sa skúmajú koronavírusy,
teória o úniku vírusu z laboratória sa priam
ponúka. Tým skôr, že viaceré úniky vírusov

zo svetových laboratórií už boli vedecky
dokázané, napr. SARS-CoV, MERS-CoV
a aj vírus chrípky pri výrobe vakcíny. Ale
všetky úniky boli spojené s tým, že vírus
bol kultivovaný v laboratóriu na veľké
množstvá, čo v prípade SARS-CoV-2 nie je
známe. Neexistujú dôkazy ani indície, že
by ústav vo Wu-chane s týmto alebo veľmi
podobným vírusom niekedy pracoval.
Špekulácie o postupnej zmene geneticky
bližšieho koronavírusu na SARS-CoV-2 počas
mnohonásobného množenia na bunkových
kultúrach, t. j. pasážovaní vírusu, zostávajú
v rýdzo teoretickej rovine. Veď vedci už našli
prírodné koronavírusy, pri ktorých evolúcia
vygenerovala genetické komponenty, ako
je RBD s kľúčovými aminokyselinami alebo
aj furínové štiepne miesto, značne podobné
ako v prípade SARS-CoV-2.

Menšia časť vedcov má však stále podo-
zrenie, zdôraznime, že bez exaktných
dôkazov, o možnom úniku SARS-CoV-2 z la-
boratória. Túto teóriu nepriamo podporoval
aj fakt, že prvý pacient (pacient „0“), ktorý
ochorel na covid-19 vo Wu-chane, bol úrad-
ník, ktorý nemal žiadny vzťah k mestskému
mokrému trhu. Avšak v polovici novembra
2021 sa v časopise Science objavila správa,
že pacientom „0“ nie je zmienený úrad-
ník, ale žena, ktorá pracovala na mokrom
trhu Chua-nan, čo silne otriaslo teóriou
o úniku vírusu z laboratória.¹ Prekvapujúco,
výsledok šetrenia publikoval vedec, ktorý
odhovoril uvedenú teóriu, ale pod tlakom
vlastných zistení svoj názor zmenil.

Podrobnejšie analýzy genetických sek-
vencií SARS-CoV-2 z prvého ohniska nákazy
vo Wu-chane v decembri 2019 odhalili, že
tvorili dve fylogenetické vetvy A a B, líšiacie
sa len v dvoch nukleotidoch. Vírusové vari-
anty vetvy B sa vyskytovali na mokrom trhu
Chua-nan, varianty z vetvy A boli identifikov-
vané na inom mokrom trhu. Kým varianty
z vetvy A cirkulovali len v Číne, varianty
z vetvy B sa rozšírili do celého sveta. Možno

špekulovať, či sa varianty z vetvy B vyví-
nuli z vetvy A, alebo opačne, ale namieste
je aj úvaha, že ide o dva nezávislé prírodné
prieniky vírusu do ľudskej populácie, čo
by značne oslabovalo špekulácie o úniku
vírusu z laboratória. Komisia WHO vo svojej
správe uzavrela, že umelý pôvod alebo
únik SARS-CoV-2 z laboratória je vysoko
nepravdepodobný.

Niektorí dobieďzaví odborníci tento
záver spochybňujú tým, že komisia napr.
nekontrolovala laboratórne záznamy vo
wu-chanskom laboratóriu a čínski politici
neboli až takí ústretoví k práci komisie
WHO, čo len vyvolalo zbytočné pochybnosti.
Pracovníci spravodajských služieb, ktorých
poveril prezident Biden vyšetrením pôvodu
pandemického koronavírusu, uzavreli, že
vírus nie je biologickou zbraňou, asi nie je
výsledkom genetických manipulácií a je
najskôr prírodného pôvodu. Zatiaľ jedno-
značne nedokázali jeho únik z laboratória.
WHO už formuje novú komisiu SAGO (Scien-
tific Advisory Group for Origins of Novel
Pathogens - vedecká poradná komisia na
získovanie pôvodu nových patogénov), ktorá
má vycestovať do Wu-chanu, aby podrobnej-
šie preskúmala možný únik vírusu z labo-
ratória. Čínske authority argumentujú, že je
to totálna ignorácia doterajších vedeckých
poznatkov o víruse.

PREDBEŽNÝ ZÁVER PÁTRANIA

Doterajšie vedecké poznatky silne naklá-
ňajú misky pomyselných váh o pôvode
SARS-CoV-2 na stranu zoonotického pôvodu
vírusu. Úvaha o úniku vírusu z laboratória
je vo vedeckej obci v minoritnom zastúpení
a nové dôkazy nepríbúdajú, skôr stále ub-
údajú. Niet pochýb o tom, že pôvod vírusu
je výsostne odborným problémom a keď
necháme vedcov pokojne pracovať a dáme
im potrebný časový priestor na hľadanie ob-
jektívnej pravdy, zložitá vedecká detektívka
sa úplne rozuzlí... ●

1) Worobey M.: Science, 2021,
DOI: 10.1126/science.abm4454.