SARS нерукотворный? Генеалогия уханьского коронавируса

Научно-популярное, Биотехнологии, Здоровье



Не, ну какая рукотворность? Что за бред? Думал я, когда впервые услышал гипотезу о том, что Ковид-19 вызван то ли лабораторной утечкой, то ли вообще целенаправленной биоатакой. И каждый раз просто отмахивался от этих домыслов, когда они в очередной раз доплывали до меня в бурном потоке коронавирусного инфошума. Ну подумаешь, есть в Ухане институт вирусологии, мало ли.

сторонники рукотворности начали обосновывать свои тезисы о возможной искусственной природе вируса доводами из молекулярной биологии, и тут уже хотелось в пух и прах разбить их конспирологию холодными научными фактами. Уж если не как авторы статьи в Nature (казалось мне), то хотя бы как уважаемый мной Панчин.

И вот тут, в погоне за доводами против рукотворности вируса, меня и заразил вирус

В какой-то момент отмахиваться уже пришлось аргументированно, потому что

сомнений. В чём, собственно, причина сомнений? В том, что чем глубже погружаешься в деятельность коронавирусологов за последние 15-20 лет, тем лучше понимаешь, что создание ровно таких химер как CoV2 у них было обыденным делом. А CoV2 — это очевидная химера, основанная на летучемышином штамме RaTG13, у которого в шиповидном белке место связывания с рецептором (RBM) заменено с летучемышиного на панголиний, и вдобавок врезан особый участок из 4-х аминокислот, создавший furin cleavage site, который, как ранее выяснили вирусологи, значительно расширяет «репертуар» вируса в плане того, в чьи клетки он может проникать. Скорее всего, именно благодаря этому новому фуриновому сайту, новый мутант и сумел перескочить с исходных носителей на людей.

С учётом тех высот, которых сегодня достигла генная инженерия, синтетически собрать CoV2 по вышеописанной методике не составило бы труда даже начинающему специалисту. Ведь вирусологи, включая руководителя коронавирусного направления в Уханьском институте вирусологии Ши Чжэнли, такими вещами уже неоднократно занимались — как заменой RBM у одного вида вируса на RBM из другого (вот работа группы Ши Чжэнли от 2007 года), так и добавлением нового фуринового сайта, способного дать специфичному к одному виду животных коронавирусу возможность начать использовать рецептор АСЕ2 других видов.



Минутка заботы от НЛО

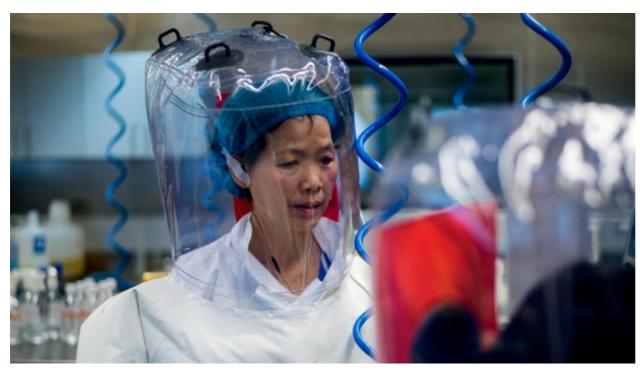
В мире официально объявлена пандемия COVID-19 — потенциально тяжёлой острой респираторной инфекции, вызываемой коронавирусом SARS-CoV-2 (2019-nCoV). На Хабре много информации по этой теме — всегда помните о том, что она может быть как достоверной/полезной, так и наоборот.

Мы призываем вас критично относиться к любой публикуемой информации

▶ Официальные источники

Мойте руки, берегите близких, по возможности оставайтесь дома и работайте удалённо.

Читать публикации про: коронавирус | удалённую работу

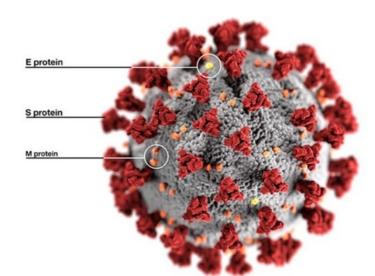


Ши Чжэнли в своей лаборатории в Уханьском институте вирусологии

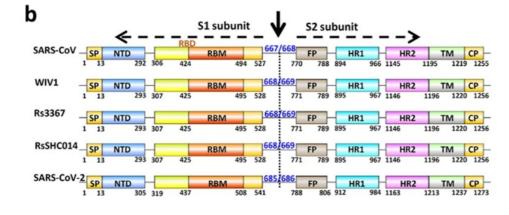
Но прежде чем разводить тут конспирологию, давайте сначала окунёмся в **био**логию.

Биология

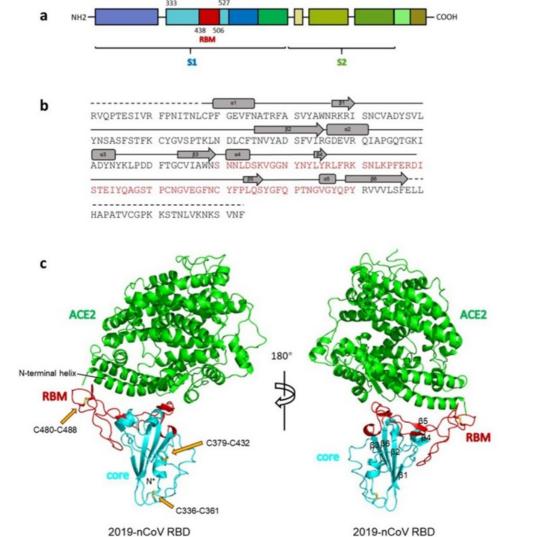
Итак, начнём от печки. Что за фуриновый сайт, что за RBM, что вообще за шиповидный белок? На самом деле, если продраться сквозь дебри терминологии, то концептуально всё просто. Вот, например, шиповидный белок — это та самая торчащая из вирусной частицы штука (S protein), за которую эти вирусы и "короновали":



Именно с помощью этих белков вирион цепляется за рецептор клетки-жертвы (АСЕ2 в нашем случае), чтобы затем проникнуть внутрь. Поэтому можно сказать, что это самая важная часть вируса, ведь именно она определяет каких животных тот может поражать, а каких нет — АСЕ2 рецепторы у разных видов немного структурно отличаются. При этом из всего огромного по вирусным меркам 30-килобазного генома, ген этого белка составляет лишь 12-13%, то есть около 1300 аминокислот. Вот так структурирован шиповидный белок у CoV2 и его близких родственников:



Как видно из рисунка выше, S белок состоит из двух субъединиц: S1 и S2. Именно S1 взаимодействует с рецептором ACE2, и то место, которым он это делает, называется Receptor Binding Domain (RBD), а область непосредственного контакта, святая святых, называется Receptor Binding Motif (RBM). Вот красивая иллюстрация из не менее красивой работы:



Общая структура RBD CoV2, связанного с ACE2. (а) Общая топология мономера шиповидного белка 20

(а) Общая топология мономера шиповидного белка 2019-nCov. NTD, N-терминальный домен. RBD, рецептор-связывающий домен. RBM, рецептор-связывающий мотив. SD1, поддомен 1. SD2, поддомен 2. FP, пептид слияния. HR1, гептадный повтор 1. HR2, гептадный повтор 2. TM, трансмембранная область. IC, внутриклеточный домен.
(б) Последовательность и вторичные структуры RBD 2019-nCov. RBM окрашен в красный цвет.

Реклама

Ваш компьютер больше не принадлежит вам Q

22,7k 181

ЧИТАЮТ СЕЙЧАС

ВИЧ — нулевой пациент мировой пандемии

386k 213

Deutsche Bank предложил 5% налог на людей, которые после пандемии продолжат работать из дома

13,9k

Релокейт-обзор: 10 стран для переезда ИТ-специалиста

гереезда **и** 2,4k 1

Первые вакцины от COVID-19. Сравнение российской «Спутник V» и BNT162b2 от Pfizer

877

Хождение по рукам или грустные реалии рынка услуг восстановления данных

23.2k 8

Тест для самых внимательных: догадайся, что прячется за Ультрамарином

Мегатест

Редакторский дайджест Присылаем лучшие статьи раз в месяц

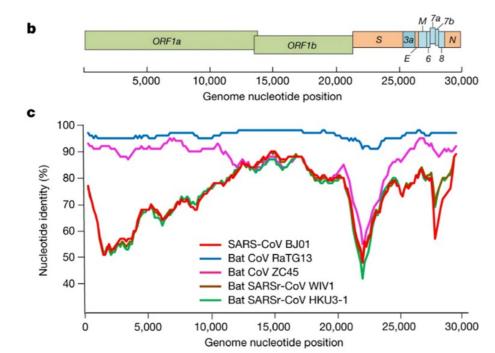
Электропочта

(c) Общая структура RBD 2019-nCov, связанного с ACE2. ACE2 окрашен в зеленый цвет. Ядро RBD 2019-nCoV окрашено в голубой цвет, а RBM — в красный. Дисульфидные связи в RBD 2019-nCov показаны в виде линии и обозначены желтыми стрелками. N-концевая спираль ACE2, ответственная за связывание, помечена.

Мсходный текст

Так вот. Когда геном CoV2 только расшифровали, то сначала не было известно каких-то прям близкородственных ему штаммов. Но уже 23 января 2020 года Ши Чжэнли выпустила работу, в которой объявила, что CoV2 на 96% совпадает со штаммом RaTG13, который её лаборатория в 2013 году выделила из Юньнаньских летучих мышей. Правда, вне её лаборатории до января 2020 года об этом штамме не было известно никому.

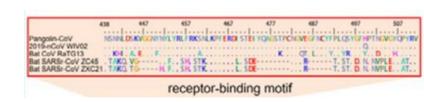
Было сразу понятно, что RaTG13 — мальчик особенный. Взгляните на график:



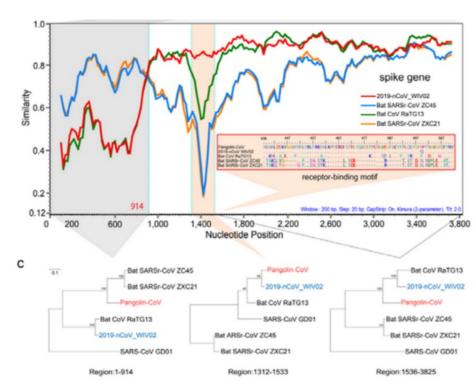
Это график схожести CoV2 с другими известными штаммами. Чем выше кривая, тем выше процент совпадения нуклеотидов. Как видим, в районе гена того самого шиповидного белка (S) только RaTG13 более-менее близок к CoV2, а все остальные штаммы в этом месте уходят в пике — как штаммы вирусов из других летучих мышей, так и первый SARS-CoV (красная кривая). Но тут пока нет ничего подозрительного — мало ли ещё неизвестных науке штаммов таят в себе неизведанные Юньнаньские пещеры? Ну да, не очень понятно как именно вирус оттуда добрался до Уханя, но чего не бывает.

Панголины

Далее на сцене появляются панголины: в феврале другая группа китайских учёных обнаружила в своих закромах штамм панголиньего коронавируса, который, хоть в целом и хуже чем RaTG13 был похож на CoV2 (на 90%), в том самом RBM шиповидного белка был почти идентичен — отличался лишь на 1 аминокислоту (см. два верхних сиквенса, точки означают совпадение с первым сиквенсом):



При этом в первой четверти S белка панголиний штамм на CoV2 не похож, а последовательность после RBM у всех троих штаммов (CoV2, Pangolin, RaTG13) болееменее совпадает. Но вот сам RBM у RaTG13 весьма отличается от CoV2, что видно по крутому провалу зелёного графика RaTG13 по сравнению с красным графиком CoV2 в районе RBM (вертикальная розовая полоса) на следующем графике:



Эту разницу подтверждает и филогенетический анализ этих трёх областей, выделенных на графике выше — по RBM штамм панголина ближе к CoV2, чем RaTG13, а вот слева и справа от RBM к CoV2 ближе именно RaTG13. То есть налицо явная рекомбинация, о чем упоминают и сами авторы, и некоторые другие работы.

Кстати, откуда взялись у исследователей эти самые панголины? А вот отсюда:



Их конфисковала у контрабандистов китайская таможня и передала в реабилитационный центр в Гуандуне, где они скончались при выраженной коронавирусной симптоматике. Это, конечно, не могло не заинтересовать местных вирусологов, которые и выделили у них различный биоматериал:

Панголины, использованные в исследовании, были конфискованы таможней и Департаментом лесного хозяйства провинции Гуандун в марте-декабре 2019 года. В их число входят четыре китайских панголина (Manis pentadactyla) и 25 малайских панголинов (Manis javanica). Эти животные были отправлены в центр спасения диких животных; в основном они были неактивны и задыхались, и в конечном итоге умерли, несмотря на обширные усилия по их спасению. Образцы тканей были взяты из легких, лимфатических узлов, печени, селезенки, мышц, почек и других тканей у только что умерших панголинов, для гистопатологических и вирусологических исследований.

Исходный текст

Кстати, и не только местных, потому что другие китайские исследователи (гонконгские в данном случае) тоже получали образцы конфискованных панголинов и в феврале 2020 тоже выпустили схожую работу, отметив явные признаки рекомбинации в шиповидном белке CoV2:

Мы получили образцы замороженных тканей (легких, кишечника, крови), которые были взяты у 18 малайских панголинов (Manis javanica) в течение августа 2017 года — января 2018 года. Эти панголины были получены в ходе операций по борьбе с контрабандой таможней Гуанси. Поразительно, что высокопроизводительное секвенирование их РНК выявило присутствие коронавирусов в шести (два легких, два кишечника, одна смесь легких и кишечника, одна кровь) из 43 образцов.

Более заметным, однако, было наблюдение предполагаемых сигналов рекомбинации между коронавирусами панголинов, коронавирусами летучих мышей RaTG13 и 2019-CoV2 человека (Рис. 1с, d). В частности, 2019-CoV2 демонстрирует очень высокое сходство последовательностей с коронавирусами панголина из провинции Гуандун в рецептор-связывающем домене (RBD; сходство аминокислот 97,4%; обозначено красной стрелкой на рис. 1с и рис. 2а), хотя в оставшейся части вирусного генома 2019-CoV2 ближе всего к RaTG13. В то же время RaTG13 и 2019-CoV2 имеют только 89,2% сходства аминокислот в RBD. Коронавирусы панголинов из Гуандуна и 2019-CoV2 содержат идентичные аминокислоты в пяти критических остатках RBD, тогда как RaTG13 имеет только одну общую аминокислоту с 2019-CoV2 из этих пяти (остаток 442, нумерация SARS-CoV человека).

▶ Исходный текст

№ Исходный текст

аминокислоты):

шиповидного белка CoV2:

Интересно, что филогенетический анализ только синонимичных сайтов в RBD

Кстати, авторы этой статьи тоже выделили явную филогенетическую мозаичность

показал, что филогенетическое положение гуандунского панголина согласуется с положением по остальной части вирусного генома, а именно, что он не является ближайшим родственником 2019-CoV2 (Figure 2b). Следовательно, возможно, что сходство аминокислот в RBD коронавирусов панголина и 2019-CoV2 обусловлено селективно-опосредованной конвергентной эволюцией, а не рекомбинацией, хотя на имеющихся данных трудно выбрать между этими сценариями.

МСХОДНЫЙ ТЕКСТ

В переводе с научного, слова авторов означают, что если проанализировать весь RBD трёх штаммов, отбросив явные различия (несинонимичные замены) между ними, которые, в основном, приходятся на RB**M** (который, напомню, идентичен между CoV2 и Pangolin), и построить филогенетическое древо по синонимичным заменам, то CoV2 таки ближе к RaTG13, а не к панголиньему штамму. Что довольно странно в свете того, что у панголиньего с CoV2 идентичный RBM (то есть отрезок внутри RBD).

построить филогенетическое древо по синонимичным заменам, то CoV2 таки ближе к RaTG13, а не к панголиньему штамму. Что довольно странно в свете того, что у панголиньего с CoV2 идентичный RBM (то есть отрезок внутри RBD).

Далее авторы теоретизируют, что это может быть следствием конвергентной эволюции, то есть, иначе говоря, что штаммы CoV2 и панголинов пришли к идентичному RBM каждый своей дорогой, а не через совместную рекомбинацию общих предков. Потому что

действительно уж очень странная должна была произойти рекомбинация— как будто кто-то просто взял кусок RBM из панголиньего штамма и заменил им RBM в RaTG13. А это

уже смахивает не на эволюцию, а на, прости Дарвин, Intelligent Design.

Генеалогия коронованных особ

Для того чтобы получше понять происхождение CoV2, давайте ещё раз взглянем на

последовательности шиповидного белка у нашей троицы: CoV2, RaTG13 и панголина — сравним попарную разницу между ними (точками отмечены идентичные аминокислоты, красные буквы показывают разницу, а прочерки обозначают удалённые/добавленные

hCoV-19/pangollin/China/MP789/2019 EPI_ISL_412860 Sequence ID: Query 10193 Length: 1263 Number of Matches: 1				spike glycoprotein [Bat coronavirus RaTG13] Sequence III: QHR63300.2 (Length: 1269 Number of Natches: 1					unnamed protein product Seasonce ID: Owery 16500 Length: 1263 Number of Matches: 1				
	. ,-								uery_14360 (engin: 1263 Number of Matches: 1	▼ Next			
core 312 bibs(5)	Expect Nethod Identities Positives 992) 0.0 Compositional matrix adjust. 1130/1269(89%) 1189/1269	93%) 6/1269(0%	5core 2565 b	its(664	Expect Method Dentities Positives 8) 0.0 Compositional matrix adjust, 1240/1273(97%) 1252/1273(98	Gaps %) 4/127	Score 2336	oits(605	Expect Herhod Identities (3) 0.0 Compositional matrix adjust, 1145/1273(90%)	Positives 1197/1273(94)	Gaps 96) 10/1273(0%)		
ery 1	MPVFLVLLPLVSSQCVMLTTRTQLPPAYTNSSTRSV/YPDKVFRSSVLHLTQDLFLPI LF.FUHFA.N.G.AAIO.SF.O.TI.TN.CSX.GY	FS 60	Query Shict	1	MFVFLVLLPLVSSQCVNLTTRTQLPPAYTNSFTROVYYPOKVFRSSVLHSTQOLFLPFFS		Query	1	HEVELVLLPLVSSQCVNLTTRTQLPPAYTNSFTRGVYYPDKVFRSSN LEF, FLHFA N G. AAIO. SE SO II. Th	UHSTQDLFLPFFS	68 68		
ery 61	NVTHFHAIHVSGTHGIKRFDNPVLPFHDGVYFASTEKSNIIRGHIFGTLDSKTQSL .S.YY.LTKTNS-AE.V.D.K.I.A.V.NTS	IV 128	Query	61 61	NVTNFHAIHVSGTNGTKRFDNPVLPFNDOVYFASTEKSNIIRGNIFGTTLDSKTQSLLIN	120 120	Query	61 61	NVTHFHAIHVSGTHGTKRFONPVLPFHDGVYFASTEKSNIIRGHIFG	TTLDSKTQSLLIV	120 119		
ery 121 dct 120			Query Sbjct	121 121	MIATMYLKYCEFQFCHOPFLOVYHKNIKSHMESEFRVYSSANICTFEYVSQPFUIDLE		Query	121 128	MIATINAVIKYCEFQFCNDPFLGVYYHKMIKSWESEFRVYSSANICT	FEYVSQPFLMDLE	180 178		
ery 181 dct 179		QT 248 R. 238	Query Sbjct	181 181	GKQQNFKNLREFVFKNIDGYFKIYSKHTPINLVRDLPQGFSALEPLVDLPIGINITRFQT	248 248	Query	181 179	GKOGNEKNILREFVEKNIDGYFKIYSKHTPINLVROLPOGESALEPLV	OLPIGINITRFOT	248 238		
ery 241 jct 239	LLALHRSYLTPODSSSQUTAGAAAYYVOYLQPRTFLLKYNENGTITOW/DCALDPLS: .TIGDPM.NNVFS. A. N.N.	TX 300 A. 295	Query Sbjct	241 241	LLALHRSYLTPGDSSSGHTAGAAAYYVGYLQPRTFLLKYNENGTITDAVDCALDPLSETH	300 300	Query	241 239	LLALHRSYLTPGDSSSGHTAGAAAYYVGYLQPRTFLLKYNENGTITO	AVDCALDPLSETK	300 295		
ery 301 1ct 296			Query	301 301	CTLKSFTVEKGIYQTSNFRVQPTESIVRFPNITNLCPFGEVFNATRFASVYAMNRKRISN	360 368	Query	381 296	CTLKSFTVEKGIYQTSNFRVQPTESIVRFPNITNLCPFGEVFNATRF	ASVYAHNRKRISN	360 355		
ery 361 jct 356				361 361	CVADYSVLYNSASFSTFKCYGVSPTKLNDLCFTNVYADSFVIRGDEVRQIAPGQTGKIAL		Query	361 356	CVADYSVLYNSASFSTFKCYGVSPTKLNDLCFTNVYADSPVIRGDEN				
ry 421 ct 416			Query	421 421	YNYKLPDOFTGCVIANISNNLDSKYGGNYNYLYRLFRKSNLKPFERDISTEIYQAGSTPC KHI.A.E.F.A.K.K.	499 488	Query Sbjct	421 416	YNYKLPOOFTGCVIANNSNNLOSKVGGNYNYLYRLFRKSNLKPFERD				
ry 481 ct 476		W 540 535	Query	481 481	MOVEGENCYFPLQSYGFQPTHOVGYQPYRVVVLSFELLHAPATVCGPKKSTNLVKNKCVN QT.L.Y.WRY.D.H.N	548 548	Query	481 476	NOVESFNCYFPLQSYGFQPTNSVSYQPYRVVVLSFELLHAPATVCGF	KKSTNLVKNKCVN	548 535		
ry 541 ct 536			Query Sbjct	541 541	FNFNGLTGTGVLTESNKKFLPFQQFGRDIAOTTDAVROPQTLEILDITPCSFGGVSVITF	600 600	Query	541 536	FNFNGLTGTGVLTESNKXFLPFQQFGRDIADTTDAVRDPQTLEILDI				
ry 601 ct 596	GTNASNQVAVLYQDVNCTEVPVAIHADQLTPTNRVYSTGSNVFQTRAGCLIGAEHVNI T S	ISY 668	Query	681 681	GTNTSNQVAVLYQDVNCTEVPVAIHADQLTPTVRVYSTGSNVFQTRAGCLIGAEHVNNSY	668 669	Query	681 596	GTNTSNQVAVLYQOVNCTEVPVAIHADQLTPTNRVYSTGSNVFQTRA	GCLIGAEHMINSY	668 655		
ery 661 jct 656		TT 728		661 661	ECDIPIGAGICASYQTQTHS <mark>PRIM</mark> ASYASQSIIAYTHSLGAENSVAYSNHSIAIPTHFTI	728 716	Query		ECDIPIGAGICASYQTQTNS <mark>VIDE</mark> RSVASQSIIAYTMSLGAENSVAN	SMNSIAIPTNFTI	728 711		
ery 721 jct 716	EILPVSHTKTSVDCTHYICODSTECSNLLLQYGSPCTQLNRALTGIAVEQOKHTQEV	AQ 788	Query Sbjct	721 717	SVTTEILPVSMTKTSVDCTMYICGOSTECSNLLLQYGSFCTQLNRALTGIAVEQDKNTQE		Query	721 712	SVTTEILPVSNTKTSVDCTHYICGDSTECSHLLLQYGSFCTQLNRAL				
ry 781 ct 776			Query Sbjct	781 777	VFAQWKQIYKTPPIKDFSGFNFSQILPDPSKPSKRSFIEDLLFNKVTLADAGFIKQYSDC		Query Sbjct	781 772	VFAQVKQIYKTPPIKDFGGFNFSQILPDPSKPSKRSFIEDLLFNKVT				
ery 841 jct 836	AARDLICAQKFNGLTVLPPLLTDEMIAQYTSALLAGTITSGNTFQAGAALQIPFAMQ		Query Sbjct	841 837	LGDIAARDLICAQKFNSLTVLPPLLTDEHIAQYTSALLAGTITSGNTFGAGAALQIPFAF		Query		LGDIAARDLICAQKFNGLTVLPPLLTDEMIAQYTSALLAGTITSGNT				
ery 901 jct 896	RFNGIGVTQNVLYENQKLIANQFNSAIGKIQDSLSSTASALGKLQDVVNQNAQALNT	VK 968	Query Sbjct		QMAYRFNSIGNTQNNLYENQKLIANQFNSAIGKIQDSLSSTASALGKLQDN/NQNAQALN	968 956	Query		QMAYRFMSIGVTQMVLYENQKLIANQFMSAIGKIQDSLSSTASALGH				
ery 961 jct 956	QLSSNFGAISSVLNDILSRLDKVEAEVQIDRLITGRLQSLQTYVTQQLIRAAEIRAS	NL 1020	Query Sbjct	961 957	TLVKQLSSNFGAISSVLNDILSRLDKVEAEVQIDRLITGRLQSLQTYVTQQLIRAAEIRA	1020 1016	Query	961 952	TLVKQLSSNFGAISSVLNDILSRLDKVEAEVQIDRLITGRLQSLQTN	VTQQLIRAAEIRA	1028 1011		
ery 102 jct 101	AATKHSECVLOQSKRVDFCGKGYHLHSFPQSAPHGVVFLHVTYPAQGKHFTTAPAI 6 .S. T.	HD 1000 .E 1075	Query Sbjct		SANLAATKINSECVLGQSKRVOFCGKGYHLHSFPQSAPHGVVFLHVTYVPAQEKNFTTAPA				SANLAATKHSECVLOQSKRVDFCGKSYHLHSFPQSAPHSVVFLHVTV				
ery 105; jct 107	1 GKAHFPREGVFVSNGTHNFVTQRNFYEPQIITTDNTFVSGSCDVVIGIVNNTVYDPLI	Pt 1140 1135			ICHDGKAHFPREGVPVSNGTHUFVTQRHFYEPQIITTDNTFVSGNCDVVIGIVNNTVYDF				ICHDSKAHFPRESVFVSNGTHNFVTQRNFYEPQIITTDNTFVSGNCD				
ery 114 jet 113	1 LDSFKEELDKYFKHHTSPOVDLGDISGINASVANIQKEIDRLAEVAKNINESLIDLQ 6	LG 1200 1195	Query Sbjct	1141 1137	LQPELDSFKEELDKYFKNHTSPDVOLQDISGINASVANIQKEIDRLNEVAKNINESLIDL		Query Sbjct		LQPELDSPKEELOKYFKHHTSPOVDLGDISGINASVANIQKEIDRLA				
	1 KYEQYIKHPWYIHLGFIAGLIAIIPWTIMLCCHTSCCSCLXGCCSCGSCCKPDEDOSI		Query Sbjct	1201 1197	$ \begin{array}{l} {\tt QELGKYEQYIKHPHYIHLGFIAGLIAIWWTIPLCCNTSCCSCLKGCCSCGSCCKFDEDC} \\ {\tt I} \end{array} $	1260 1256	Query	1201 1192	QELGKYEQYIKHPHYIHLGFIAGLIAIVMYIHLCCHTSCCSCLKGC	CSCGSCCKFDEDD	1260 1251		
ery 1260	1 LKOVKLHYT 1269 6 1263		Query	1261	58PVLKGVKLHYT 1273 1269		Query	1261	SEPVLXOVKLHYT 1273 1263				

Невооружённым глазом видно, что в первой четверти сиквенса панголиний штамм далёк от CoV2 и RaTG13. Ну а RaTG13, если бы не участок в районе RBM (красный прямоугольник), был бы ооочень близок к CoV2. Но, как я уже говорил, тот самый участок у CoV2 ближе всего к панголиньему штамму.

Кстати, а что там у других панголиньих штаммов? Давайте посмотрим. Ведь пока что мы анализировали только вирус, выделенный из панголинов, конфискованных таможней в 2019 году. А ещё была партия панголинов, конфискованных в 2017-ом, и у них тоже был выделен похожий штамм. Если сравнить RaTG13 с геномами вирусов из панголинов 2017 и 2019 годов, то тут тоже всё интересно:

bCall to	nan	olin/China/MP789/2019/EPI ISL 412860			mike	·lucac-	otein (Bat coronavirus RaTG13)			bcer	19/01-	golin/China/MP789/2019/EPI ISL 412860		
		ry_30907 Length: 1263 Number of Matches: 12					R63300.2 Length: 1269 Number of Matches: 10					ery_10193 Length: 1263 Number of Natches: 1		
		NG Gaphia				1: 1 to 1	260 GenPark Graphics		od Match: A Provious Ma		1: 1 to 1			Match A Previo
Score 2223 bits)		Expect Method Identities Positiv 0.0 Compositional matrix adjust. 1104/1269(87%) 1164			2402 b	ts(6226	Expect Method Identities O.O Compositional matrix adjust. 1182/1269(93%)	Positives 1220/1269(1	0aps Fr 96%) 2/1269(0%) +			2) 0.0 Compositional matrix adjust. 1130/1269(89%) 1		
Ouery 21 Rojet 1	522	NPVFLFVLPLVSSQCVMLTTRTGIPPGYTNSSTRGVYYPOKYFRSSILHLT .LF.FLMFAN. G.AA.Q.SF Q TI TH.CSX	QULFLPFFS GYY.	21781 60	Query Sbjct	21548 1	HFVFLPVLPLVSSQCVNLTTRTGIPPGYTNSSTRGVYYPDKVFRSS	ILHLTQOLFLP	FFS 21719 68	Query Sbjct	1	MPUPLVLLPLVSSQCVNLTTRTQLPPAYTNSSTROVYPDKVPRSSVLH .LF.FLHFANG.AAIQ.SFQTITH.C	X.GYY.	60
Duery 21 Rojet 61	702	NYTHINTIHLINYQOGFKKFONPVLPXXXXXYTASTEKSXXIRGHIFGTTLD .S.YYAL-TKTNSAE.RV. DFK. I. A. V.	ARTQSLLIV NTS	21881 119	Query Sbjct	21728 61	NVTHFNTINYGG-GFKKFDNPVLPFNDGYYFASTEKSNIIRGHIF HA.HVS.TN.I.R	GTTLDARTQSL	LIV 21893 120	Ouery Sbjct	61 61	NYTHFHAIN'SGTNGIKEFDNPVLPFNDGVYFASTEKSNIIRGHIFGTTS.YY.LTKTNS-AEVD.KIAV	.NTS	120 119
ouery 21 Opjet 12	882 1	MMATHAVIKVCEPQFCTDPFLGVYYHMMKTMVENEFRYYSSANMCTFEYI	SOPFLADLE .KS.PL.EA	22061 178	Query Sbjct	21894 121	MATMY/IXYCEFQFCTDFFL6VYHMMKTW/ENEFRYYSSAMIC	TFEYISQPFLH	DLE 22073 180	Ouery Sbjct	121 128	NWATNAVIKYCEFQFCNDPFLØYYYHKNWKSWMESEFRYYSSANWCTFEI.N.Y.Y.SGT.STR.AYA	NSQPFLMDLE	188 178
ouery 22 orict 17	962	GKOGNEKNILREEVEKNWOGYEKIYSKHTPIOLVRDLPRGEAALEPLVOLPI S.L.OT R Y WWW.SN I S EI A	GIMITREOT	22241 238	Query	22874 181	GKQSMPKMLREFYFKMYDSYFKIYSKHTPIDLYRDLPRGFAALEPL	VOLPIGINITR	FQT 22253 248	Query Sbjct	181 179	GKOGNFKNLREPVFKNIDGYFKIYSKHTPINLVRDLPPGFSALEPLVDL S.L.OT. R.V. Y.V.VNSN. I. EI	PIGINITRFQT	248 238
ouery 22 bict 23	242	LLALHRSYLTPGKLESGHTTGAAAYYVGYLQQRTFLLSYNDNSTITDAVDC	SLOPLSETK	22421 295	Query	22254 241	LLALHRSYLTPSKLESSHTTSAAAYYVSYLGGRTFLLSYNGNSTET	DAVOCSLOPES	ETK 22433	Query Sbjct	241 239	LLALHRSYLTPGOSSSGNTAGAAAYYVGYLQPRTFLLKYNENSTITDAV	CALOPLSETK	300 295
outry 22 bict 25	422 (CTLKSLTVEKSIYQTSNFRVQPTISIVRFPNITNLCPFGEVFNISKFASVK	AMMICRISM	22681 355	Query	22434 301	CTLKSLTVEKGIYQTSNFRVQPTISIVRFPNITNLCPFGEVFNASA	EASVYAINIRKR	ISN 22613 360	Query Sbjct		CTLKSFTVEKBIYQTSNFRVQFTOSIVRFPNITNLCPFGEVFNATTFAS		
Outry 23 Brict 35	602 (CVADYSVLYNISTSFSTFKCYBVSPTKLNDLCFTNVYADSFVVKGDEVRQIA	PGOTGVIAD	22781			CVADYSVLYNSTSFSTFXCYGVSPTXLNDLCFTNVYADSFVVXXDE			Query Sbjct	361 356	CVADYSVLYNSTSFSTFXCYGVSPTKLNDLCFTNYVADSFVITGDEVRQ VI	EAPOQTOKIAD	420 415
Outry 22 Rajet 41	782	YMYKLPDOFTOCVZAMISYKQDALTGGMYGYLYRLFRKSKLKPFERDISTE NRK. SKV . N. N.	TYDAGSTPC	22961	Query Sbjct	22794 421	YMYKLPODPTÖCVÍAMISYKQDALTÖÖMYGYLYRLFRKSKLKPPER	DISTEIYQAGS	TPC 22973 K 480	Query Sbjct	421 416	VNYKLPODFTGCVIANNSKHIDAKEGGNFNYLVRLFRKANLKPFERDIS NNL.S.VYS	TETYQUESKPC	490 475
Ouery 22 Brict 42	962 1	NOQUALINCYYPLERYOFHPTTOWNYQPFRWYVLSXELLINGPATVCOPKLST .WE.F. F. QSN. G. Y. F. (A.) Q. (Terroscovii	23141 535	Query	22974 481	NEQUELICYYPLERYOFHPTTOWNYDFRWVULSFELLIGDATUCE	PKLSTPETERS	CVN 23153	Ouery Sbjct	481 476	NGQTGLNCYYPLYRYGFYPTDGVGHQPYRVVVLSFELLHAPATVCGPKK	STNLVKOKCVN	548 535
Duery 23 Bajet 53		FINFINGLTGTGVLTTSKKGFLPFQQFGRDISDTTDW/RDPQTLEILDITPCS			Query Sbjct	23154 541	PMPNOLTOTOVLTTSKKQFLPPQQFGRDISDTTDW/RDPQTLEILD	ITPCSFGGVSV	ITP 23333 600	Query Sbjct	541 536	FNFNSLTGTGVLTESNXXFLFFQQFGRDIADTTDAVRDPQTLEILDITF	SFGSVSVITP	600 595
ouery 23 bict 59	322 (GTNTSNQVAVLYQDVNCTEVPHAIHAEQLTPANRVYSAGANVFQTRAGCLV	GAEHVMISY	23501 655	Query Sbjct	23334 601	GTHTSHQVAVLYQDVHCTEVPHATHAEQLTPHHRVYSAGANVFQTR	AGCLVGAEHVN	NSY 23513 660	Query Sbjct	601 596	GTNASNQVAVLYQOVNCTEVPVAZHADQLTPTHRVYSTGSNVFQTRAGC	LIGAEHVINISY	668 655
Duery 23 Brict 65	502 1	ECDIPVGAGICAS VHSMSSFRSVNIQRSIIAYTMSLGAENSVAYSMISIAIP	THETTSUTT	23601	Query	23514 661	ECDIPUGAGICASYHSMSSFRSVNQRSIIAYTMSLGAENSVAYSM	SIAIPTNFTIS	VTT 23693 720	Query Sbjct		ECDIPIDADICA VQTQTNSR WASQSIIAVTNSLDAENSVAVSNNSIA		
outry 23	682	EILPVSMTKTSVDCTMYICGDSIECSNLLLQYGSFCTQLNRALTGIAVEQD	KNTOEVFAO	23861	Query	23694 721	EILPVSHTKTSVOCTHVICKOSIECSHLLLQVGSFCTQLARALTGI	AVEQUANTQEV	FAQ 23873 780	Query Sbjct	721 716	EILPVSMTKTSVOCTMVICGOSTECSMLLLQVGSFCTQLNRALTGIAVE	QUANT Q EV FAQ	780 775
outry 23	862 1	VKQIYKTPPIKDF66FNFLQILPDPSKPSKRSFIEDLLFNKVTLADA6FIK			Query Sbjct		VKQEYKTPPIKDFGGFNFSQILPOPSKPSKRSFIEDLLFNKYTLAD			Query Sbjct	781 776	VKQIYKTPPIKDFGGFNFSQILPOPSKPSKRSFIEDLLFNKVTLADAGF	TKÖNEDC FEDI	848 835
Query 24 Shict 83	042	AARDLICAQKFNOLTVLPPLLTDEMIAQYTSALLAGTITSGWTFGAGAALQ	IPFANGNAY	24221 895	Query Sbjct		AAROLICAQKFNGLTVLPPLLTDEMIAQVTSALLAGTITSGNTFGA			Query Sbjct	841 836	AAROLICAQKFNSLTVLPPLLTDEMIAQYTSALLAGTITSGHTFGAGAA	LQIPFAMQMAY	908 895
Duery 24	222 1	RPNGIOVTQNVLYENGKLIANQPNSAIGKIQOSLSSTASALGKLQOVVNQN	AGALINTLYK	24401	Query Sbjct	24234 901	RFNGIGVTQNVLYENQKLIANQFNSAIGKIQOSLSSTASALGKLQC	V/ngmgaLNT	LVK 24413	Query Sbjct		RFNSIGVTQNVLYENÇKLIANQFNSAIGKIQDSLSSTASALGKLQDVVN		
Duery 24	402 (QLSSNFGAISSVLNDILSRLDKVEAEVQIDRLITGRLQSLQTYVTQQLIRA	ATTRASANL	24581	Query Sbjct	24414 961	QLSSMFGAISSVLNDILSRLDKVEAEVQIDRLITGRLQSLQT/VTQ	QLIRAMEIRAS	ANL 24593 1020	Query Sbjct	961 956	QLSSNPGAISSVLMDILSRLDKVEAEVQIDRLITGRLQSLQTYVTQQLI	RAAEIRASANL	1020 1015
ouery 24 bict 16	582	AATKHSECVLGQSKRVOFCGKGYHLHSFPQSAPHØYVFLHVTYVPAQEKHF	TTAPAICHE	24761 1875	Query Sbjct	24594 1021	AATKHSECVLGQSKRVDFCGKGYHLHSFPQSAPHGVVFLHVTYVPA	QEKNIFTTAPAI	CHE 24773			AATKIISBCVLEQSKRYDFCGKEYHLIISFPQSAPHEVIFLHVTYVPAQEK		
	762 (GKAHFPREGVFVSNGTHWFITQRNFYEPQIITTDNTFVSGSCDVVIGIVNN	TVVDPLOPE	24941	Query Sbjct	24774 1081	GKAHFPREGIFVSNGTHIFITQRIFYEPQIITTDNTFVSGSCDVVI	GIVWTVVDPL	QPE 24953	Query Sbict	1081 1076	GKAHFPREGYFYSNGTHUFYTQRNFYEPQIITTDNTFYSGSCDVVIGIV	WITWIDPLQPE	1140 1135
	942	LDSFKEELDKYFKNHTSPOVDLGDISGINASVVNIQKEIDRLNEVAKNLNE	SLIDLQELG	25121	Query Sbjct	24954 1141	LDSFKEELDKYFKNHTSPDVOLGOISGINASVVAIQKEIDRLNEVA	KNUNESLIDLQ	ELG 25133	Overy	1141	LOSFKEELDKYFKNHTSPOWOLGOISGINASVAWIQKEIDRLNEVAKNL	NESLIDLOELG	1200
ouery 25	122	KYEQYIXWPWYIWL6FIAGLIAIDPWTImlcomtsccsclkgccscgscck	FDEDOSEPV	25381	Query Sbjct	25134 1201	KYEQYIKHPHYIHLGFIAGLIAIIPWTImlcomtsccsclkgccso	gscckF0E00S	EPV 25313 1260	Query Sbjct	1281 1196	KYEQYIXWPWYIMGFIAGLIAIIWYTIMLCCHTSCCSCLKGCCSCGSC	CKFDEDOSEPV	1260 1255
mery 25	302	LKBWKLHYT 25328			Query Sbict	25314 1261	LKGVKLHYT 25348 1269			Query	1261	LKSVKLHYT 1269 1263		

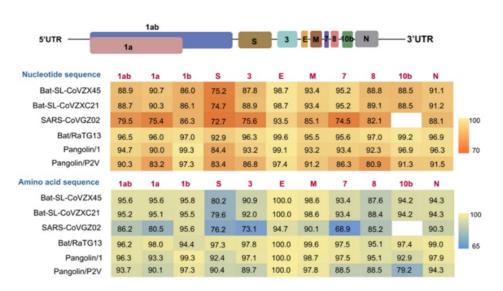
В первой четверти S белка панголиньи штаммы от 2017 года ближе к RaTG13 (и CoV2) чем их панголиний собрат от 2019-го (МР789). При этом, у всех трёх явный недавний общий предок в областях, выделенных зелёными прямоугольниками, и в этих областях RaTG13 и панголин-19 (МР789) к нему ближе, чем панголин-17, так как у него с RaTG13 несколько общих мутаций (обведены красными и синими эллипсами), которых не наблюдается у легенды-17. При этом RBM у всех трёх разный, и разный примерно в одинаковой пропорции, и в схожих местах.

Возможно, уже после того как предки RaTG13 и MP789 разошлись, у MP789 произошла замена большого участка в первой четверти S белка (которой не произошло у RaTG13 и панголина-17), а остальная часть S белка у всех троих осталась общей. А потом пути генофондов RaTG13 и MP789 сошлись опять и в порыве страсти породили CoV2. Также вполне возможно, что предок RaTG13 является результатом рекомбинации предков панголиньих штаммов.

Ещё любопытно видеть довольно уникальную одинаковую мутацию (QTQTNS) у RaTG13 и панголина-19 прямо перед тем местом, где у CoV2 находится новый furin cleavage site, возникший из-за врезки 4-х новых аминокислот в этом месте (PRRA). Если посмотреть на нуклеотидную последовательность вокруг этой одинаковой мутации, то видно, что RaTG13 и CoV2 по ней ближе друг к другу, чем к панголину-19, так как успели накопить несколько общих мутаций (выделены синим):

```
I C A S Y Q T Q T N S P R R A R S V A S Q S I I ata tgc got agt tat cag act cag act cat tot cot ogg gog goa ogt agt gta got agt caa toc atc att
 of BaTG13 and CoV2 from M789
```

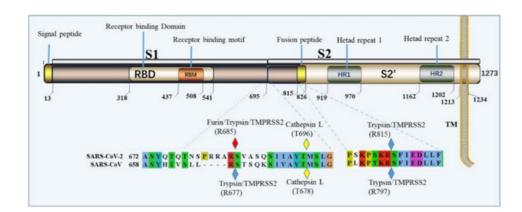
Кстати, с Orf1ab у CoV2 тоже филогенетическая чехарда: 1a ближе к RaTG13, a вот 1b — к панголину-19:



То есть получается, что предок CoV2 согрешил с общим предком панголина-19, как минимум, дважды? Впервые — когда он (вместе с общим предком с RaTG13) унаследовал Orflab и вторую часть шиповидного белка с QTQTNS мутацией, а вторично — когда приобрёл 1b вместе с RBM, уже отличающимся от RaTG13-шных. Нет, конечно, такое возможно и само по себе не особо примечательно — ведь эти вирусы мутируют и рекомбинируют постоянно. Другой вопрос, где именно летучемышиные и панголиньи вирусы могут друг с другом встречаться для таких оргий — в горных пещерах, "мокрых рынках", приютах для конфискованных животных, или даже в лабораториях. Но давайте повременим с этими вопросами. Сначала рассмотрим самый бросающийся в глаза аспект нового вируса — врезку из 4-х аминокислот, превратившую его в супер-убийцу.

Врежу аккуратно, но сильно

Совершенно невозможно игнорировать эту врезку PRRA между S1 и S2. Как заноза торчит она в геноме нашего нового CoV2. Врезка эта не простая, а золотая. Она создаёт тот самый furin cleavage site, о котором я упомянул в самом начале. Что это за зверь? Попытаюсь вкратце объяснить. Помните структуру нашего шиповидного белка? Вот наглядная диаграмма:



Белок состоит из двух частей, S1 и S2, из которых S1 отвечает за первичный контакт с рецептором (тот самый Receptor Binding Domain/Motif), а S2 отвечает уже за слияние с клеточной мембраной и проникновение в клетку. Запускает процесс слияния отмеченный жёлтым fusion peptide, но для того чтобы он начал своё грязное дело, кто-то должен разрезать S белок в одном из сайтов, выделенных ромбиками на диаграмме выше. Своих таких "резальщиков" у вируса нет (есть другие, но это к делу не относится), поэтому он полагается на различные протеазы своих жертв, благо таких протеаз, как можно понять по обилию цветов тех самых ромбиков, существует несколько видов. Но не все они равны, и не во всех типах клеток есть нужные вирусу протеазы. А фурин как раз один из самых эффективных, да ещё и обитает он не только на поверхности клеток, но и внутри. Нагляднее всего опасность нового фуринового сайта демонстрирует разница между CoV2 и его "предтечей" SARS-CoV:

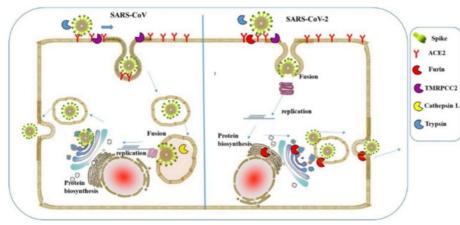


Figure 3.A schematic diagram of the process of SARS-CoV and SARS-CoV-2 infecting host cells. Those protease are presented by sector in different colors. Furin can cleaveSpike in the process of viral maturation.

Как видно из диаграммы, в случае CoV2, благодаря фуриновому сайту, разрезать его S белок вне клетки могут не два, а три класса протеаз (три разноцветных пакмэна). Но, быть может, самая важная разница состоит в том, что фурин присутствует и внутри клетки, поэтому он может разрезать S белок сразу после сборки вириона, тем самым повышая способность новых вирионов сливаться с другими клетками — так сказать, не отходя от кассы.

Кстати, существует вероятность, что именно новый фуриновый сайт играет важную роль в выраженной возрастозависимой морбидности и летальности CoV2:

По неизвестным причинам, пациенты с гипертонией, диабетом, ишемической болезнью сердца, цереброваскулярными заболеваниями, хронической обструктивной болезнью легких и почечной дисфункцией имеют худшие клинические исходы при инфицировании SARS-CoV-2. Целью данного обзора является обобщение доказательств существования повышенного плазмин(оген)а у пациентов с COVID-19 с этими коморбидными состояниями. Плазмин и другие протеазы могут расщеплять новый фуриновый сайт в шиповидном белке SARS-CoV-2 внеклеточно, что увеличивает его инфекционность и вирулентность. ▶ Исходный текст

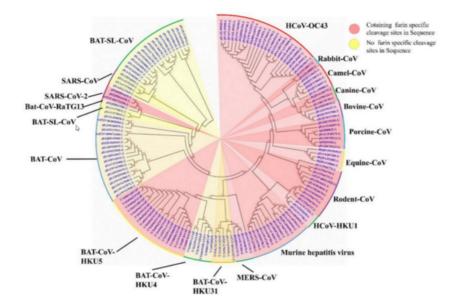
Ах, да, разрезает фурин белки в строго определённых местах, а именно после последовательности RxxR (то есть Arg-X-X-Arg, где X может быть любой аминокислотой). При этом если на втором или третьем месте тоже аргинин (то есть RRxR или RxRR), то эффективность расщепления этого сайта существенно возрастает.

Поэтому появление нового furin cleavage site специалистами было замечено сразу. Ещё бы! Ведь такого сайта нет ни у кого из ближайших или даже дальних родственников Cov2 — те коронавирусы, у которых он есть, лишь на 40% близки к Cov2 по геному:

Было обнаружено, что все шиповидные белки с гомологией белку SARS-CoV-2, превышающей 40%, не имели сайта расщепления фурином (рисунок 1, таблица 1), включая Bat-CoV RaTG13 и SARS-CoV (с идентичностью последовательности как 97,4 % и 78,6% соответственно). Фуриновый сайт «RRAR» в SARS-CoV-2 является уникальным в своем семействе, благодаря уникальной вставке «PRRA». Этот сайт в SARS-CoV-2 вряд ли мог эволюционировать из MERS, HCoV-HKU1 и т.д. Из имеющихся в настоящее время последовательностей в базах данных нам трудно найти источник. Возможно, есть еще много эволюционных промежуточных

последовательностей, ожидающих открытия. ▶ Исходный текст

Вот наглядная иллюстрация из той же статьи, что и вышеприведённая цитата (розовым отмечены коронавирусы с фуриновым сайтом, на 10 часах приведены 3 разных штамма Cov2):



Ближайший родственник с фуриновым сайтом — это штамм НКU5, выделенный командой Ши Чжэнли в 2014 году в Гуанчжоу из летучих мышей рода *Pipistrellus* (добавлен в GenBank в 2018-ом). Но родственник он весьма дальний — их шиповидные белки совпадают лишь на 36%.

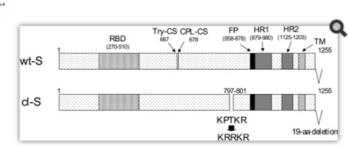
В общем, учёные в замешательстве. Откуда взялась эта вставка из 12 нуклеотидов? Может ли она быть рукотворной? Вполне. Ведь такими вставками вирусологи занимались многократно, причём издавна. Например, американцы вставляли RRSRR в шиповидный белок первого SARS-CoV ещё в 2006-ом:

Чтобы исследовать, может ли протеолитическое расщепление в месте последовательсти основных аминокислотных остатков способствовать клеточной активности слияния, мы мутировали шиповидный белок SARS-CoV, чтобы создать сайт узнавания фурином (RRSRR) в одном из двух мест. ▶ Исходный текст

> STSQKSIVAYTMSLGADSSIAYSNNTIAIPTNFSISITTEVMPVS wild-type PIGAGICASYHTVSLLR PIGAGICASYHT<u>RRSRR</u> PIGAGICASYHTV<u>RRSRR</u> STSQKSIVAYTMSLGADSSIAYSNNTIAIPTNFSISITTEVMPVS STSQKSIVAYTMSLGADSSIAYSNNTIAIPTNFSISITTEVMPVS RR SIVAYTMSLGADSSIAYSNNTIAIPTNFSISITTEVMPVS

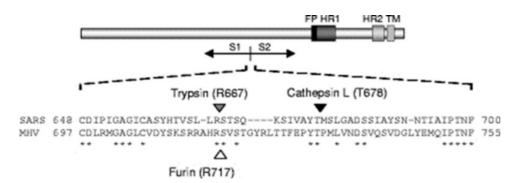
А японцы вставили такой сайт (RRKR) в белок SARS-CoV в 2008 году, правда немного ниже по течению:

FIG. 1.



Schematic illustration of SARS-CoV wt-S protein and its mutant (cl-S). S proteins are shown in the box, in which the RBD, putative fusion peptide (FP), two HRs, and transmembrane region (TM) are indicated. Cleavage sites by trypsin (Try-CS) and CPL (CPL-CS) are also shown. Amino acid positions 798 and 799 are changed into arginine to make the recognition sequence of furin-like protease, KRRKR. Nineteen C-terminal amino acids (aa) are deleted for the efficient pseudotype formation of VSV.

В том же 2008-ом году их голландские коллеги тоже изучали эти протеазные сайты у SARS-CoV и сравнивали их с мышиным коронавирусом MHV, у которого этот сайт есть (SRRAHR|SV), причём похожий на сайт нашего CoV2 (SPRRAR|SV):

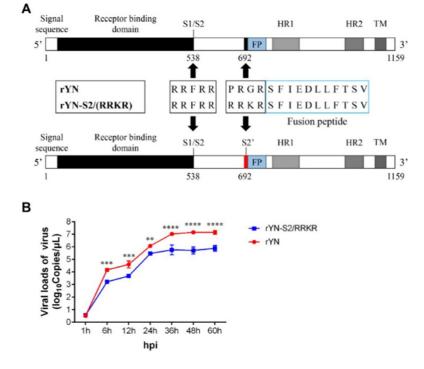


В 2009 году другая американская группа тоже решила поупражняться над "улучшением" SARS-CoV и, не изменяя американской традиции не мелочиться с аргининами, они вставили RRSRR:

Чтобы исследовать потенциальное использование SARS-CoV S1-S2 и S2 'положений в качестве сайтов для протеолитического расщепления, мы сначала ввели сайты распознавания расщепления фурином в этих местах, сделав следующие мутации 664-SLLRSTSQSI — SLL**RRSRR**SI-671 (S1-S2) и 792-LKPTKRSF-LKRTKRSF-799 (S2 '). ▶ Исходный текст

Пекин-2019

Но самой недавней подобной работой, которую я видел, была работа октября 2019 года учёных из Пекина, где новый фуриновый сайт RRKR вставили не в какой-то псевдовирус, а в самый настоящий куриный коронавирус, infectious bronchitis virus (IBV):



Кстати, интересно упоминание авторов, что добавление фуринового сайта позволяет вирусу-мутанту поражать нервные клетки. Быть может, именно фуриновый сайт CoV2 является причиной того, что некоторые пациенты с CoV2 демонстрируют неврологическую симптоматику, включая потерю обоняния:

Мутация сайта S2' шиповидного белка рекомбинантного вируса генотипа QX приводит к более высокой патогенности, выраженным нервным симптомам и нейротропизму по сравнению с цыплятами, инфицированными вурусом дикого типа IBV (WT-IBV). В этом исследовании мы представляем доказательства того, что рекомбинантный IBV с мутантным сайтом S2 (фуриновый сайт-S2) приводит к более высокой смертности. Заражение мутантом IBV вызывает тяжелый энцефалит и разрушает гематоэнцефалический барьер.

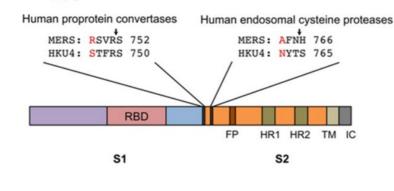
Таким образом, наши результаты демонстрируют, что фуриновый сайт перед FP в шиповидном белке является важным сайтом для CoV, модулирующим проникновение, слияние клеток с вирусом, адаптацию к клетке-хозяину, клеточный тропизм и патогенность, но не антигенность. ▶ Исходный текст

При этом у многих коронавирусов фуриновые сайты, конечно же, встречаются в природе,

и они весьма разнообразны. Да и появляться они могут и в результате случайных мутаций. Именно это произошло в случае с MERS-ом, о чем в 2015 нам поведал международный коллектив авторов, среди которых были и Ши Чжэнли, и Ральф Барик две звезды синтетической коронавирусологии. О них мы ещё неоднократно вспомним, а пока пару слов о той статье. Собственно в ней авторы показали две ключевые мутации, которые позволили MERS перескочить с летучих мышей на человека. И одна из этих мутаций привела к возникновению фуринового сайта. Правда это была не врезка новых

аминокислот, а мутации ранее существующих (отмеченных красным ниже):

FIG 1



Авторы не просто показали, а привязали эти мутации обратно к исходному летучемышиному шиповидному белку, создав в нём те же самые мутации (то есть, и фуриновый сайт), и показав, что это придаёт ему способность заражать человеческие клетки:

Чтобы оценить потенциальные генетические изменения, необходимые для HKU4 для заражения клеток человека, мы изменили шиповидный белок HKU4, стремясь повысить его способность опосредовать проникновение вируса в клетки человека. С этой целью мы ввели две одиночные мутации, S746R и N762A, в белок HKU4.

Следовательно, реинжинирированные мотивы hPPC и hECP позволили активировать спайк НКU4 человеческими эндогенными протеазами и тем самым позволили псевдовирусам HKU4 обойти необходимость проникновения экзогенных протеаз в клетки человека. Эти результаты показывают, что спайку НКИ4 нужны только две одиночные мутации на границе S1/S2, чтобы получить полную способность опосредовать проникновение вируса в клетки человека. ▶ Исходный текст

Кстати, то как они это сделали может людей далёких от современных биотехнологий напугать само по себе — потому что авторы вставили этот коронавирусный шиповидный белок в инактивированный ретровирус (ВИЧ):

репортерный ген люциферазы, были получены путем котрансфекции клеток НЕК293Т плазмидой, несущей геном ВИЧ-1, дефектный по Env, экспрессирующий люциферазу (pNL4-3.luc.RE-) и плазмидой, кодирующей MERS-CoV шиповидный белок. ▶ Исходный текст

Вкратце, псевдотипированные ретровирусы MERS-CoV-spike, экспрессирующие

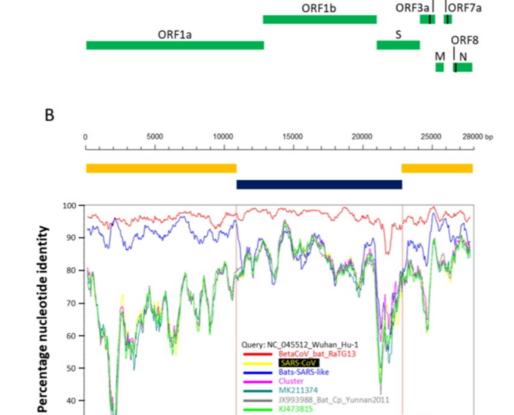
Быть может, именно это подвигло индийских исследователей на поиск схожих у ВИЧ и CoV2 последовательностей в геноме (но их препринт быстро раскритиковали за неудачную методологию и ошибочные выводы). На самом деле такие псевдовирусы

специалисты используют регулярно, и вообще, не стоит огульно бояться ретровирусов

(панель В):

как класс — их подвид лентивирусы используется для генной терапии уже много лет. Откуда взялся RaTG13 Вообще, RaTG13 — феноменальный штамм. Странно, что все эти годы группа Ши Чжэнли о нём молчала. Ведь он совсем не похож на остальных своих собратьев, особенно в

последовательности шиповидного белка, а это, напомню, именно то место, которое определяет к каким типам клеток (и каких видов) данный вирус сможет цепляться. Вот график схожести генома CoV2 в сравнении с другими летучемышиными коронавирусами



15000

ORF6

25000

Figure 1

Α

RaTG13 — это красная кривая, а синяя — это наиболее близкие к RaTG13 штаммы (ZXC21 и ZC45). Эти штаммы были выделены из Китайских подковоносов (*Rhinolophus sinicus*) в Чжоушане в 2015 (ZXC21) и 2017 (ZC45) годах. Как видно из графика, даже они очень сильно расходятся с RaTG13 (красная кривая) в районе S белка. При этом график выше не так хорошо передаёт масштаб пропасти между ними как прямое сравнение сиквенсов:

15000

Genome nucleotide position

10000

5000

	RaTG13 vs. ZXC21				RaTG13 vs. ZC45	i				ZXC21 vs. ZC	C45	
	in [Bat SARS-like coronavirus] NPT8042.1 Length: 1245 Number of Natches: 1				n [Bat SARS-like coronavirus] VP78031.1 Length: 1246 Number of Matches: 1					n [Bat SARS-like coronavirus] /P78031.1 Length: 1246 Number of Matches: 1	1	
Range 1: 12	to 1245 GenPect Graphics	▼ Next Match: A Provious I	Range	1: 12 t	o 1246 GenPect Grechics	▼ Next	Match A Previous Mar	Range	1: 1 to	1246 GenPest Greekica	V Ned I	Match A Presid
Score 2100 bits(54	Expect Method Identities Positive 41) 0.0 Compositional matrix adjust. 1011/1261(80%) 1118/1	s Gaps 1261(88%) 29/1261(2%)	Score 2085 8	its(\$40	Expect Method Identities 12) 0.0 Compositional matrix adjust. 1016/1259(81*	Pesitives 6) 1119/1259(88*	Gaps No) 24/1259(1%)	Score 2547 b	its(660	Expect Method Identiti 1) 0.0 Compositional matrix adjust. 1229/3	es Positives 1246(99%) 1236/1246(99%	Gaps No) 1/1246(0*
Ouery 11 Objet 12	VSSQCVILLTTRTQLPPAYTNSSTRØYYYPOKVFRSSVLHLTQDLFLPFFSNVTI .N0G. P.N.NQTIYOT.V.S.GYYS	FHAIRV 70 YYSL-T 69	Sujet	11 12	VSSQCVNLTTRTQLPPAYTHSSTRGVYYPOKVFRSSVLHLTQDLF .NGP.N.NQTIY .DT.V.S.GY.	LPFFSNVTHFHAIHV	70 70	Query Sbjct	1	MLFFLFLQFALVNSQC-DLTGRTPLNPNYTNSSQRGVN	YPOTIVRSOTLVLSQSYFLPFY	59 68
Query 71 Sbjct 78	SGTWSIKRFONPVLPFNDSVYFASTEKSMIIRSWIFGTTLDSKTQSLLIVMWATTMAAT. T. I.D.K. I. A. H. V. NTS.	TNAVIKV 138		71 71	SGTNGIKRFONPVLPFNDGVYFASTEKSNIIRGNIFGTTLDSKTQ TNNAAT.T.I.D.K.I.A.HNTS.	SLLTVMATNVTKV	130 130	Query	68 61	SNVSNYYSLTTMNAATKRTDNPILDFKDGIYFAATEHS		
Ouery 131 Objet 130	CEFQFCIDPFLGVYYHKINIKSIMESEFRYYSSAMICTFEYYSQPFLHOLEGKQ N.O., Y., Y.SG., T.SIR., A., FYA., KS.MLNIS, NG	DAFKNUR 198 L.NT., 188	Query		CEFQFCNDPFLGVYYHKNINKSHMESEFRVYSSAHNCTFEYVSQPF .N.OYY.SGT.SIRAYAKS .	LPIDLEGKOGNFKNLR MLNIS.NG.L.NT	190 189		120 121	NWATHVIIXVCMFOFCYDPYLSGYYMNWKTWSIREFAW	VYSFYANCTFEYVSKSFMLNISG	179 180
Query 191 Sbjct 189	EFVFKHIDGYFKIYSKHTPINLVRDLPPGFSALEPLVOLPIGINITRFQTLLA R.V.H. F.V.N.G.T.L.V.Q. E.VS. K.R. T.	LHRSYLT 258	Query	191 198	EFVFKNIDSYFKIYSKHTPINLVROLPPGFSALEPLVDLPIGINIR.V.HF.V.N.G.T.L.V.Q.E.VS	TREQTILIALHRSYLT	250 249		188 181	NSSLENTLREFVERMVDGHEKIYSKETEVNLNRGLETG	SLSVLQPLVELPVSINITXFRTL	239 240
Duery 251 Sbjct 245	PGDSSSGHTAGAAAYYVGYLQPRTFLLKYNENGTITDAVDCALDPLSETKC		Query	251 250	PGDSSSGHTAGAAAYYVGYLQPRTFLLKYNENGTITDAVDCALDP			Query		LTIHRGOPHSNINGHTAFSAAYFVGYLKPRTFMLKYNEN		
Query 389 Sbjct 384	EXGLYQTSNFRVQPTDSIVRFPNITNLCPFGEVFNATTFASVYAMRKRISNC Q V MK R.P. E.TK.D.	/ADYSVL 368 LT.F 363	Query	311 307	GIYQTSNFRVQPTDSIVRFPNITNLCPFGEVFNATTFASVYAHNR	KRISNCVADYSVLYN	370 366	Query	388	SLSVQKSIYQTSNFRVQPTQSIVRFPNITNVCPFHKVF	NATREPSVYAHERTKISOCIAD	359 360
Query 369 Sbjct 364	YHSTSFSTFKCYGYSPTKLHDLCFTHVYADSFYITGDEVRQIAPGQTGKIADYI	WKLPDD 428	Query Sbjct	371 367	STSFSTFKCYGVSPTKLNDLCFTNVYADSFVITGDEVRQIAPGQT	GKIADYNYKLPOOFT	430 426	Query Sbjct	369 361	YTVFYNSTSFSTFKCYØVSPSKLIDLCFTSVYADTFLI	IRFSEVRQVAPGQTGVIADYNYK	419 420
Query 429 Sbjct 424	FTGCVIAMNSKHIDAKEGGNFMYLVRLFRKANLKPFERDISTEIYQAGSKPCM TAKQ_TGM.F.SH.STKL.SD	90TGLNC 488 -EN.VRT 467	Query Sbjct	431 427	GCVIANNSKHIDAKEGGNFRYLYRLFRKANLKPFERDISTEIYQA	65KPCN6QT6LNCYY	490 465	Query Sbjct	428 421	LPCOFTSCVIAMITAKQOTGHYFYRSHRSTKLKPFERD	DLSSDENSVRTLSTYDFNPNVPL	479 480
Query 489 bjct 468	YYPLYRYGFYPTDGVGHQPYRWVVLSFELLNAPATVCGPKKSTNLWMKCWIFT ST.D.N.NVPLEY.AT	NFNGLTG 548	Query	491 469	PLYRYGFYPTDGVGHQPYRVVVLSFELLNAPATVCGPKXSTNLVK ST.D.N.NVPLEY.AT	NKCVNFNFNGLTGTG	550 527	Query Sbjct	489 481	EYQATRYAYLSFELLINAPATYCGPKLSTQLVKNQCVNF	NFNGLKGTGVLTDSSKRFQSFQ	539 540
Query 549 Sbjct 525	TOVLTESMKKFLPFQQFGRDIADTTDAVRDPQTLEILDITPCSFG8VSVITPG D.S.R.QSK.AS.FI.S	TNASNQV 688 T.SE. 584	Query	551 528	VLTESNKX:FLPFQQFGRDIADTTDAVRDPQTLEILDITPCSF66V .D.S.R.QSK.AS.FI.S.	SVITPGTNASNOVAV	610 587	Query	548 541	QF6KDASDFIDSVRDPQTLEILDITPCSF66VSVITP6	STNTSSEVAVLYQOVICTOVPTT	599 680
Ouery 609 Sbjct 585	AVLYQOVICTEVPVATHAQQLTPTHRVYSTGSNVPQTRAGCLIGAEHMNISYE	OIPIGA 668	Query	611 588	LYQDVICTEVPVAIHADQLTPTHRVYSTGSNVFQTRAGCLIGAEH	VMNSYECDIPIGAGI	670 647	Query Sbjct	600 601	IHAOQLTPAHRIYAIGTSVPQTQAGCLIGAEHVNASYE	COIPIGAGICASYHTASILRST	659 660
Query 669 Sbjct 645	GICASYQTQTNSRSVASQSIIAYTHSLGAENSVAYSNNSIAIPTHFTISVTTE	ELPVSMT 728 MA 784	Query	671 648	CASYQTQTNSRSVASQSIIAYTHSLGAENSVAYSMISIAIPTHFTH.ASIL .TSQKA.VI.AS	ISVTTEILPVSNTKT	730 707	Query	660 661	GQKAIVAYTHSLGAENSIAYANNSIAIPTHFSISVTTE	VMPVSMAKTSVDCTMYIC6DSI	719 720
Query 729 Sbjct 785	KTSVOCTHYICGOSTECSNLLLQYGSFCTQLNRALTGIAVEQDXXYQEVFAQVI	QIYKTP 788	Query	731 788	SVDCTHYICGDSTECSHLLLQYGSFCTQLNRALTGIAVEQDKHTQ	EVFAQVKQIYKTPPI	790 767	Query Sbjct	720 721	ECSNLLLQYGSFCTQLNRALSGIAIEQDXNTQEVFAQN	/KQIYKTPPIKDFGGFNFSQILP	779 780
juary 789 bjct 765	PIKDFGGFNFSQILPDPSKPSKRSFIEDLLFNKVTLAGAGFIKQYGDCLGDIA		Query	791 768	KOFGGFNFSQILPOPSKPSKRSFIEDLLFNKVTLADAGFIKQYGD	CLGDIAARDLICAQK	850 827	Query	788 781	DPSKPSKRSFIEDLLFNKVTLADAGFIKQYGDCLGDIS		
Query 849 Sbjct 825	QKFNGLTVLPPLLTDEHIAQYTSALLAGTITSGHTFGAGAALQIPFANQNAYRI A. A. IS. A.A.	FNGISVT 988	Query	851 828	FNGLTVLPPLLTDEMIAQYTSALLASTITSGNTFGAGAALQIPFA	NQMAYRFNGIGVTQN	910 887		840 841	EMIAAYTAALISGTATAGATFGAGAALQIPFAMQMAYR	RFNGIGVTQNVLYENQKLIANQF	899 900
Query 909 Sbjct 885	QNVLYENGKLIANGFNSAIGKIQDSLSSTASALGKLQDV/NQNAQALNTLVKQ	.55NFGA 968	Query	911 888	VLYENÇKLİANQFNSATGKİÇOSLİSSTASALGKLQOVANQNAQAL	NTLVKQLSSNFGAIS	970 947	Query	900	NSAI6KIQESLTSTASAL6KLQOV/NQNAQALNTLVKQ	gLSSNFGAISSVLNDILSRLDKV	959 960
Query 969 Sbjct 945	ISSVLNDILSRLDKVEAEVQIDRLITGRLQSLQTYVTQQLIRAAEIRASANLA		Query Sbjct	971 948	SVLNDILSRLDKVEAEVQIDRLITGRLQSLQTYVTQQLIRAAEIR	ASANLAATKNSECVL	1030 1007	Query Sbjct	960 961	EAEVQIORLITGRLQSLQTYVTQQLIRAAEIRASANLA	MTKHSECVLGQSKRVDFCGKGY	1019 1020
Ouery 1029 Sbjct 1005	VLGQSKRVOFCGKGYHLMSFPQSAPHGWFLHVTYVPAQEKNFTTAPAICHDG				GQSKRVDFCGKGYHLJISFPQSAØHGVVFLHVTYVPAQEXNFTTAP			Ouery	1828	HLMSFPQSAPHOVVFLHVTYIPSQEXNFTTAPAICHEO	SKAHFPREGVEVSNSTHMEVTOR	1079
Query 1889 bjct 1865	GVFVSNSTHUFVTQRNFYEPQIITTDNTFVSGSCDVVIGIVNNTVYDPLQPELI	DSFKEEL 1148	Query	1091 1068	FVSNGTHWFVTQRNFYEPQIITTDNTFVSGSCDVVIGIVMNTVVD	PLQPELDSFKEELDK	1150 1127	Query	1030 1031	NEVEPOIITTONTEVSGNCOVVIGIINNTVVOPLQPEL	DSFKEELDKYFKNHTSPOIDLG	1139 1148
Ouery 1149 Sbjct 1125	DKYFKHHTSPOVDLEDISGINASYVNIQKEIDRLHEVARHLHESLIDLQELGK	regrixu 1208 1184	Query	1151 1128	YFKNHTSPOVOLGDISGINASVVNIQKEIDRLNEVAKNLNESLID	LQELGKYEQYIKNPW	1210 1187	Query	1148 1141	DISGINASVANIQKEIDRLNEVARNUNESLIDLQELGK	YEHYIKUPUMUUSFIAGLIAI	1199 1200
Duery 1209 Objet 1185	PHYTHLGFIAGLIAIIMYTIMLCCHTSCCSCLKGCCSCGSCCKFDEDDSEPVLI	09WLHY 1268	Query	1211 1188	YIHLGFIAGLIAIIMVTIMLCONTSCCSCLKGCCSCGSCCKFDED	DSEPVLKGVKLHYT	1269 1246	Query Sbjct	1200 1201	WWTILLCOMTSCCSCLKGCCSCGFCCKFDEDDSEPVL	KGVKLHYT 1245	
Query 1269 Shict 1265	T 1269											

Как видим, шиповидные белки ZXC21 и ZC45 не только, в целом, на 23-24 аминокислотных остатка короче белка RaTG13, но они короче в самом важном месте — в RBM (см. делеции в красном прямоугольнике, отмеченные красными прочерками).

Так откуда же взялся RaTG13? Как я уже сказал, в 2020 году Ши Чжэнли сообщила, что выделила его у подковоносов (только вида *Rhinolophus affinis*, а не *R. sinicus*) в июле 2013 года в Юньнани. Правда, до конца января 2020 года публично о его существовании не сообщалось, а вот как описывает своё знаменательное открытие о его схожести с CoV2 сама группа Ши Чжэнли:

Затем мы обнаружили, что короткий участок РНК-зависимой РНК-полимеразы (RdRp) от коронавируса летучей мыши (BatCoV RaTG13), который ранее был обнаружен у Rhinolophus affinis из провинции Юньнань, показал высокую идентичность последовательности 2019-CoV2. Мы провели полноразмерное секвенирование на этом образце РНК (регистрационный номер GISAID EPI_ISL_402131). Анализ Simplot показал, что 2019-CoV2 очень похож на RaTG13 (Fig. 1c), с общей идентичностью генома 96,2%.

Негусто: ну был у них этот штамм *«ранее обнаружен»*, и был. Лежал на полке. До 2020 года секвенировали в нём только часть генома, отвечающую за RdRp. Откуда он на полке взялся? В Юньнани в 2013 году выделили. Где именно? Не сказали. В GenBank тоже не было этой информации. Но, к счастью, в базе геномов GISAID была: сообщается, что в городе Пуэр (да, на родине любимого чая Басты) его выделили из fecal swab некого самца:

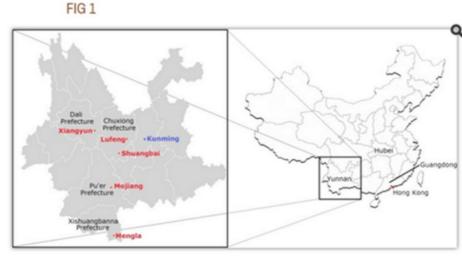
Virus detail Virus name:	hCoV-19/bat/Yunnan/RaTG13/2013
Accession ID:	EPI ISL 402131
Type:	SARS-related coronavirus
Passage	Original
details/history:	
Sample information	
Collection date:	2013-07-24
Location:	Asia / China / Yunnan / Pu'er
Host:	Rhinolophus affinis
Additional location information:	Pu'er City
Gender:	male
Patient age:	unknown
Patient status:	
Specimen source:	Fecal swab
Additional host information:	
Outbreak:	
Last vaccinated:	
Treatment:	
Sequencing technology:	Illumina HiSeq 3000
Assembly method:	CLC Genomics Workbench v12.0
Coverage:	
Comment:	
Institute information	
Originating lab:	Wuhan Institute of Virology, Chinese Academy of Sciences
Address:	44 Xiao Hong Shan, Wuhan, Hubei 430071
Sample ID given by the sample provider:	RaTG13
Submitting lab:	Wuhan Institute of Virology, Chinese Academy of Sciences
Address:	44 Xiao Hong Shan, Wuhan, Hubei 430071
Sample ID given by the submitting laboratory:	RaTG13
Authors:	Yan Zhu, Ping Yu, Bei Li, Ben Hu, Hao-Rui Si, Xing-Lou Yang, Peng Zhou, Zheng-Li Shi
Submitter information	
Submitter:	Zhengli Shi
Submission Date:	2020-01-24
Address:	44 Xiao Hong Shan, Wuhan, Hubei 430071

Это меня немного заинтриговало, потому что в моих блужданиях по Пабмеду, я уже натыкался на экспедицию в Пуэр летом 2013 года:

Летучие мыши были пойманы в различных местах в пяти округах четырех префектур провинции Юньнань, Китай, с мая по июль 2013 года.

▶ Исходный текст

▶ Исходный текст



Map showing five locations of bat sampling in four autonomous prefectures in Yunnan Province, China. Sampling locations in Yunnan are in red. The location of SARSr-Rs-BatCoV strains Rs3367 and RsSHC014, detected in a previous study (42), is in blue.

В той экспедиции ничего особо интересного для нас исследователи не нашли, но, быть может, именно тогда Ши Чжэнли (или кто-то из её группы?) выделил тот самый образец RaTG13? Который они секвенировали лишь частично, но почему-то решили не публиковать, хотя он весьма отличался от всего известного ранее.

Сама Ши Чжэнли вполне могла лично участвовать в той экспедиции, потому что о таких экспедициях она отзывалась весьма тепло — например, в своём TED-like выступлении в 2018 году, где она показывала свои фотографии из таких экспедиций:

Именно серия таких экспедиций и принесла ей мировую славу и прозвище «Бэтвумен»: в 2013 году в статье в Nature группа Ши Чжэнли триумфально объявила о том, что в пещерах Юньнани она обнаружила летучих мышей-носителей штаммов RsSHC014 и Rs3367, которые совпадали с первым SARS-CoV на 85% и 96% соответственно.

Кстати, забавное совпадение, что примерно в то же время, в той же Юньнани группа Ши Чжэнли, оказывается, также обнаружила и штамм RaTG13, который оказался наиболее близок к CoV2, и их геномы тоже совпадают на 96%.

«Ухань-1»

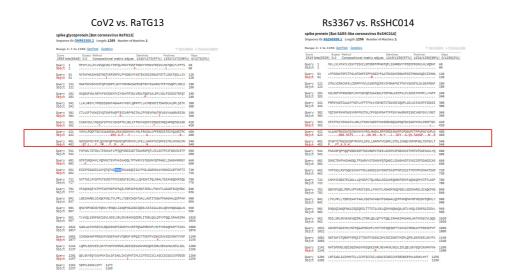
Возвращаясь к той триумфальной статье от 2013 года, в ней же группа Ши Чжэнли ещё рассказала, что с помощью культивирования выделенных образцов в культуре обезьяньих клеток Vero, им удалось выделить живой вирус, который был практически идентичен штамму Rs3367 (наиболее близкому к SARS-CoV). Своё детище авторы окрестили WIV1 (где WIV обозначает Wuhan Institute of Virology):

Что наиболее важно, мы сообщаем о первой изоляции живого вируса SL-CoV (летучемышиный SL-CoV-WIV1) из образцов, выделенных из фекалий летучей мыши, в клетках Vero E6, который имеет типичную морфологию коронавируса, идентичность генома на 99,9% с Rs3367 и использует ACE2 людей, цивет и подковоносов для проникновения в клетку. Предварительное тестирование in vitro показывает, что WIV1 также имеет широкий видовой тропизм.
▶ Исходный текст

у исходный текс

```
Rs3367 vs. RaTG13
                                      RsSHC014 vs. RaTG13
                                                                           Pangolin P2V/2017 vs. RaTG13
```

Как видим, шиповидный белок этих штаммов не только короче RaTG13-шного на 13 аминокислот, но и сильно отличается он него в первой его четверти. Кстати, любопытно, что шиповидные белки у Rs3367 (aka WIV1) и RsSCH014 практически идентичны, и различаются только в районе RBD (правый сиквенс ниже). Почти как CoV2 и RaTG13 (не считая фуриновой врезки):

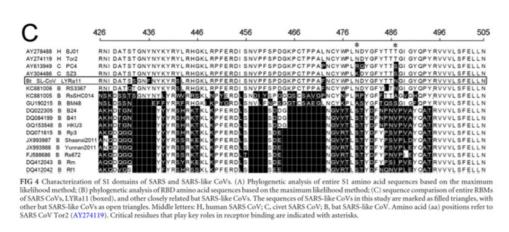


Мог ли какой-нибудь исследователь, получив в марте 2019-го образцы коронавируса из конфискованных таможней панголинов, захотеть проверить, насколько панголиний RBM тропен к человеческому рецептору? А если ещё и с polybasic фуриновым сайтом в самом интересном месте? Вот это будет бомба!

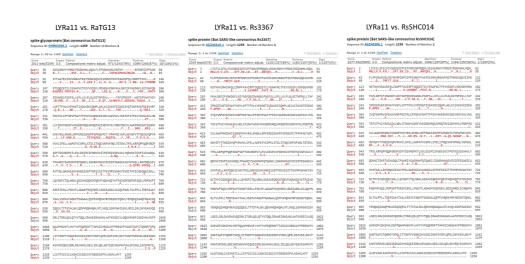
Теоретически, конечно, мог бы. Ничего технически сложного для вирусологов в осуществлении таких экспериментов нет. Резонный вопрос: а зачем им для этого использовать RaTG13 в качестве основы, а не уже опробованный WIV1? Но вполне возможно, что химеру с WIV1 они тоже тестировали. А параллельно решили смоделировать вариант рекомбинации панголиньего вируса с более близким ему летучемышиным — ведь RaTG13 всё же ближе к панголиньим штаммам чем WIV1: его шиповидный белок ближе к ним и филогенетически, и структурно — он с ними даже по длине совпадает, в то время как белки WIV1/Rs3367 и RsSHC014 на 13 аминокислот короче панголиньих. Да и общая для RaTG13 и панголина-19 (MP789) мутация QTQTNS в районе протеазного сайта не может оставить равнодушной специалиста.

Другие юньнаньские штаммы

Кстати, другие исследователи в 2011 году тоже находили образцы коронавирусов у Юньнаньских *Rhinolophus affinis*.Самым интересным мне показался штамм LYRa11:



Но и он весьма далёк от RaTG13, а куда ближе к Rs3367 (это тот штамм, что на 96% совпадает с первым SARS-CoV):



А вот RaTG13, выделенный из тех же летучих мышей Rhinolophus affinis, что и LYRa11, на него похож меньше всего (левый бласт).

Ну и наконец, ещё один Юньнаньский штамм (бесхитростно названный Yunnan2011), выделенный в 2011 году из другого подвида подковоносов, Rhinolophus pusillus, похож на RaTG13 ещё меньше чем LYRa11:

	Yunnan2011 vs	. RaTG13		١	Yur	nnan2011 vs. Rs	3367				Υι	unnan2011 vs. LY	Ra11	
spike glycoprotein [Bat coronavirus RaTG13] Sequence ID: QHR63300.2 Length: 1269 Number of Matches: 1				spike protein [Bat SARS-like coronavirus Rs3367] Sequence ID: AGZ4838. L. Length: 1256 Number of Matches: 1					spike protein [Rhinolophus affinis coronavirus] Sequence (Dr. AHX37558.). Length: 1259 Number of Matches: 1					
	1269 GenPegt Graphics				3 to 1	256 GenPest Graphics		Next Ma			1: 7 to	1259 GenPect Graphics		f Metch A Previous Metch
Score 1949 bits(504	9) 0.0 Compositional matrix adjust. 95			Score 2073 bits						Score 2063 b	its(534	Expect Method 5) 0.0 Compositional matrix adjust		
bjct 1	H.VF.VLLP.VSSQ.VN.TTRT.LPP.YTNT.	SVYYNDDIFRSDVLHLTQDYFLPFHS	64 60	Ouery 1 Sbjct 3	3 1	MKIFLFSLLFSAALAQEGCGLLSFKPQPK LLVLV.AT.V.S-YTI.K.LDFOORTP.A	LAQFSSSKRØVYYNDOIFRSDVLHLTQ	QOYFL I	60 61	Query Sbjct	7	IFLFSLLFSAALAGEGCGLLSFKPQPKLAGF .LSFCVSGOSIDT.ETFODVSP.QQNLV		. 66
bjct 61	NLTQYFSLNVDSDRQV-YFDNPTLNFGDGVYFAX .V.NFHAIH.SGTNGIKRV.P.NS	TEKSNVIRGNIFGSTMONSTQSAIIV	123 120	Query 6 Sbjct 6	52 .	PFHSNLTQYFSLNVDSDRQVYFDNPTLNF DV.RFITFGLNIIP.	GDGVYFAATEKSNVIRGHIFGSTMDNS	STQSA KSV	120 115	Query Sbjct		HSNLTOYFSLINDSDRQVYFDNPTLHFGDGV NVVGLM.F.YRIIP.K	YFAATEKSNVIRGHIFGSTMDNSTQSAI	I 122 . 120
bjct 121	NNSTHIIIRVCNFNLCKEPHFTVSROVHFSSNA.MVV.KE.QF.ND.FLG.YYHOMKRE	SEFR. S. N. FEY. SQP.LM.LE	177 180	Query 1 Sbjct 1	121 1	IIVNNSTHIIIRVCMFNLCKEPMFTVS .MMLV.AEDN.F.V.LK.	RSVHFSSWYYQSAFNCTYDRVEKSFQL WYTQIP.YIFNNFEY.S.D.N.	LOTAP :	178 175	Query Sbjct	123 121	WWISTHIIIRVCNFMLCKEPMFTVSRSVH HMVVAQDN.F.A.I.PTSQQ	FSSWYQSAFNCTYDRVEKSFQLDTAPH IETILFENFEY.SOLH.VGE.	T 188 P 188
uery 178 bjct 181	PKTGNFKDLREYVFKNRDGFLSVYHSYTPVDIIR G.QNFIYFKI.SKHINLV.	GIPVGFSVLKPILKLPIGINITSFKV DL.PA.E.LVDR.QT	237 240	Query 1 Sbjct 1	179 1	KTGNFKDLREYVFKNRDGFLSVYHSYTPV .PF.R.KHSG.Q.I	OIIRGIPVGFSVLKPILKLPIGINITS	SFKVV N.RTL	238 235		181 181	GNFKOLREYVFKNRDGFLSVYHSYTPVDIIR	GIPVGFSVLKPILKLPIGINITSFKVM	T 248 . 248
pery 238 bjct 241	WITHY SQTTSNFLSESAAYYVSNLKYVT LLALPRSYLTPGDSS. GUTAGAY.QPR.	FMFQFMENGTIADAVDCSQNPLAELK	291 300	Query 2 Sbjct 2	239 /	NTHYSOTTSNFLSESAAYYVGNLXYVTFH L.AFPPRPDYWGTSAFYPT	FOFNENSTEADAVOCSQNPLAELKCTL	LXNFN :	298 295	Query Sbjct	241 241	MYSQTTSMFLSESAAYYVGMLKYVTFMFQFN AFIPNIGTNGTSPVFYPTLKYD	ENSTIADAVOCSQNPLAELKCTLKNPNA YVHSV.S.EI	5 300 0 300
uery 292 bjct 301	CTLXNFNVSKGIVQTSNFRVSPSTEVIRFPKITNS.T.EQ.TDSIV	RCPFDRVFNASRFPSVYAHERTKISD LGETT.AN.KRN	351 360	Query 2 Sbjct 2	299 1	VSKGIYQTSNFRVSPSTEVIRFPNITNRC	PFDRVFNASRFPSVYAWERTKISDCV/	ADYTV 5.	358 355	Query Sbjct	301 301	KGIYQTSMFRVSPSTEVIRFPNITMRCPFDR	VFNASRFPSVYAHERTKISDCVADYTVL	Y 360 . 360
bjct 361	CVADYTVLYNSTSFSTFXCYGVSPSKLIDLCFTS	VYADTFLIRFSEVRQIAPGETGVIAD	411 420		959 I	LYNSTSFSTFKCYGVSPSKLIDLCFTSVY	ADTFLIRFSEVRQIAPGETGVIADVNV	YKLPD	418 415	Query	361 361	NSTSFSTFKCYOVSPSKLIDLCFTSVYAOTF	LIRFSEVRQIAPGETGVIADYNYKLPDG	F 428 . 428
bjct 421	YNYKLPDEFTGCVIAWNTANQORGQYYYRD. SKHI_AKEGGAFN.L	SSRKTKLXPFERDLSSD	457 488	Query 4 Sbjct 4	119 E	EFTGCVIAUNTANQDRGQYYYRSS DLR.I.AT.TGNYN.KL	RKTKLKPFERDLSSDE- .HG.RI.ANPFSPDGKPCTPF	PAF.C	468 475		421 421	TGCVIANNTANQORGQYYYRSSRKTK MLR.I.ATSSGNFN.KL.HG.	LKPFEROLSSDENGA .RI.NWPFSPDGKPCTPPAF.CY	R 462 M 488
bjct 481	ENBYRTLSTYDFYPSYPLEYQATRYWVLS NGQT_LNCYYP_YR.GTDGWGH.PY	FELLNAPATVCGPKLSTSLIKNQCVN	512 540	Ouery 4 Sbjct 4	161 Y	VRTLSTYDFYPSVPLEYQATRVVVLSFEL	LNAPATYCGPKLSTSLIXNQCVNFNFI	NGLKG	528 535	Query	463 481	TLSTYDFYPSVPLEYDATRVVVLSFELLNAP P.ND.G. TINGIG .PY	ATVCGPKLSTSLIKNQCVNFNFNSLKST	6 522 . 540
bict 541	FINFINGLKGTGVLTDSSKXFQSFQQFGRDASDFTD	SVRDPQTLQILDISPCSF0GVSVITP	572 600	Query 5 Sbjct 5	521 1	TOVI.TDSSKKPQSPQQFGRDASDFTDSVR	IDPQTLQILDISPCSFG6VSVITPGTNA	ASSEV	588 595		523 541	VLTDSSKKPQSFQQFGRDASDFTDSVRDPQT	LQILDISPCSFGGVSVITPGTNASSEW	V 582 . 600
pery 573 bict 681	GTNASSEVAVLYQD/MCTDVPTAIRADQLTPAHR	NYSAGYNYFQTQAGCLIGAEHMASY	632 660	Query S Strict S	581 A	AVLYQDVNCTDVPTAIRADQLTPAHRVYS	AGVINVFQTQAGCLIGAEHVNASYECDI	IPIGA	648 655	Query		LYQDYNICTOVPTAIRADQLTPAHRVYSAGVII		
bict 661	ECDIPIGAGICASYHTASLLRHTGQKSIVAYTHS	LGAENSIAYAMNSIAIPTNESISVTT	692 720	Query 6 Sbjct 6	541 0 556 .	GICASYHTASLLRNTGQKSIVAYTNSLGA V.S.S.S	ENSIAVANNSIAIPTNESISVTTEVNE	PVSNA	700 715		643 661	CASYMTASLLRNTQQKSIVAYTMSLGAENSI	AYANNSIAIPTNESISVTTEVNEVSMAA	T 702 720
pery 693 bict 721	EVMPVSHAKTSVDCTHYICGDSQECSHLLLQYGS				701	KTSVOCTHYICGDSQECSNLLLQYGSFCT	TQLNRALSGIAVEQDKNTQEVFAQVKQF	MYKTP	768 775		783 721	SVDCTHYZCSDSQECSNLLLQY6SFCTQLNR		
uery 753 bict 781	VKQHYKTPAIKDFGGFNFSQILPDPSKPTKRSFI	EDLLFMKVTLADAGFMKQVGECLGDI	812 840	Query 7 Sbjct 7	761 4	AIXDFGGFNFSQILPDPSKPTKRSFIEDL	LFNKVTLADAGFNKQYGECLGDISARC	DLICA	828 835	Query Sbict	763 781	KDFGGFNFSQILPDPSKPTKRSFIEDLLFNK	VTLADAGFMKQVGECLGDISARDLICAÇ	K 822 848
uery 813 bict 841	SAROLICAQKFNGLTVLPPLLTDEHIAAYTAALV	SGTATAGHTFGAGAALQIPFAMQMAY	872 980	Query 8.		QKFNGLTVLPPLLTDEHTAAYTAALVSGT				Query	823	FINSLTVLPPLLTDERGAAYTAALVSGTATAG	HTF6A6AALQIPFANQMAYRFN6IOVTQ	N 882
uery 873 bict 901	RFNGIGVTQNVLYENQKQIANQFNKAISQIQESL	TTTSTALGKLQDVVNQNAQALNTLVK	932 968	Query & Sbjct B	381 0	QNVLYENGKQIANQFNKAISQIQESLTTT	STALGKLODVANONAGALNTLVKQLSS	SNFGA 1	948	Query Sbict	883	VLYENQKQIANQFNKAISQIQESLTTTSTAL	SKLODVANONAGALNTLVKOLSSNEGAT	5 942
uery 933	QLSSNFGAISSVLNDILSRLDKVEAEVQIDRLIT	GRLOSLOTYVTOOLIRAAEIRASANL	992	Query 9 Spict 9	941	ISSVLNDILSRLDKVEÆEVQIDRLITGRL	OSLOTYVTOOLIRAAEIRASANLAATH	KONSEC :	1000	Query	943	SVLNDILSRLDKVEAEVQIDRLITERLQSLQ	TYYTOOLIRAAEIRASANLAATKHSECV	L 1002
uery 993	AATKINSECVLOQSKRVDFCGKØYHLINSFPQAAPH	GVVFLHVTYVPSQERNFTTAPAICHQ	1052	Ouery 1	1001	VLGQSKRVDFCGKGYHLNSFPQAAPHOV/	FLHVTYVPSOERNFTTAPAICHOGKAY	YFPRE :	1060	Query	1003	GQSKRVDFCGKGYHLNSFPQAAPHGVVFLHV	TYVPSQERNFTTAPAICHQGKAYFPREG	V 1062
uery 1853	GKAYFPREGVFVSNGTSNFITQRNFFSPQIITTD	NTFVS6NCDVVIGIINNTVYDPLOPE	1112	Ouery 1	1061 (GVFVSNSTSWFITQ8WFFSPQIITTDNTF	VSGNCDVVIGIINWTVVDPLOPELDSF	FKEEL :	1120	Ouery	1063	FVSNSTSUFITQBNFFSPQIITTONTFVSGN	COVVIGIINWTVYOPLOPELDSFXEELD	K 1122
uery 1113	LOSFKEELDKYFKIHTSPOVOLGDISGINASVAN	TOKETORINEVAKNINESITDIOELG	1172	Query 1	1121 0	DKYFKIHTSPOVDLGDISGINASVANIQK	EIDRLNEVAKNUNESLIDLGELGKYEG	gyIKW :	1150	Query	1123	YFKNHTSPOVDLGDISGINASVAWIQKEIDR	LNEVAKNUNESLIDLOELGKYEGYIKUF	W 1182
uery 1173	KYEQYIKHPAYALGFIAGLIAIWATILLCONT	SCCSCLXSACSCSSCCXFDED0SEPV	1232	Ouery 1	1181	PHYMILGFIAGLIAIVMATILLCCMTSCC	SCLX6ACSC6SCCXF0E00SEPVLX6V	WLHY :	1248	Query	1183	YMILEFIAGLIAIVNATILLCCHTSCCSCLK	SACSCGSCCKFDEDDSEPVLKGVKLHYT	1241
uery 1233	LKOVKLHYT 1241 1269			Query 1 Sbjct 1	241 1	T 1241								

Да и между собой Yunnan2011 и LYRa11 (правый бласт выше) не особо похожи, не считая высококонсервативную область S2. Кстати, что за бардак у них с названиями штаммов? То полностью год прописывают, то частично, а то и вовсе нет (Rs3367). То сначала идёт вид носителя ($\it RaTG13$), то потом ($\it LYRa11$). Ещё вот интересно, что обозначают TG, $\it LY$ или SHC? Инициалы расшифровавшего геном?

Ладно, перейдём уже от вирусной археологии к вирусной инженерии, а именно к пересадке ключевых участков шиповидного белка и прочим gain-of-function (GOF) экспериментам.

1999: Первый химерный коронавирус

Если вы думаете, что вся эта GOF-движуха с анализом того, что именно позволяет коронавирусам перепрыгивать с одного вида на другой началась в ответ на эпидемию первого SARS-а в 2002 году, вы ошибаетесь. Вирусологи экспериментировали с химерными коронавирусами задолго до этого. Вот, например, показательная статья от 1999 года от голландской группы Питера Роттиера из Утрехта с говорящим названием "Ретаргетинг коронавируса путем замены эктодомена в шиповидном белке: пересечение видового барьера":

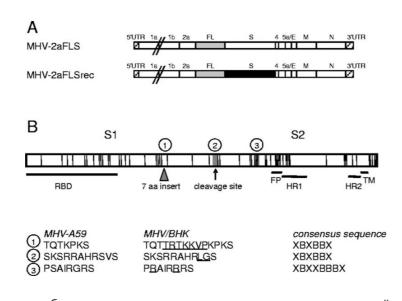
Используя направленную РНК-рекомбинацию, мы сконструировали мутант вируса коронавирусного мышиного гепатита (MHV), в котором эктодомен шиповидного белка был заменен высоко дивергентным эктодоменом белка вируса инфекционного перитонита кошек. Полученный в результате химерный вирус, обозначенный fMHV, приобрел способность инфицировать клетки кошачьих и одновременно утратил способность заражать мышиные клетки в культуре. ▶ Исходный текст

Кстати, похоже, что Ши Чжэнли стажировалось под руководством Питера Роттиера в Утрехте. По крайней мере, в 2005-ом она была в соавторах совместной статьи, где Утрехт был указан в качестве её аффилиации (но текущий адрес был уже указан в Шанхайском институте). Кстати, сама статья тоже весьма любопытна — в ней авторы исследовали что именно позволяет вирусам расширять свой видовой тропизм:

Лишь небольшое количество мутаций в его шиповидном белке позволяет мышиному коронавирусу переходить от мышино-ограниченного тропизма к расширенному диапазону хозяев путем пассирования in vitro. Один такой вирус, который мы изучали, приобрел два предполагаемых гепарансульфатсвязывающих сайта, сохранив при этом фуриновый сайт в другом месте.

▶ Исходный текст

Во-первых, любопытно, что фуриновый сайт в том вирусе (SRRAHR|SV) похож на сайт в CoV2 (SPRRAR|SV), хотя у CoV2 он режется более эффективно из-за сдвоенных аргининов (это и делает его polybasic сайтом, то есть у него в последовательности RxxR несколько основных аминокислот подряд):



Но особенно статья любопытна тем, что мутации, позволившие вирусу "расширить свой кругозор", произошли даже не в лабораторных животных, а в пробирке (by being passaged *in vitro*). Причем, похоже, происходили они довольно быстро:

MHV/pi23 — вирус, полученный после 23 из 600 пассажей, приведших к MHV/BHK, также содержит предполагаемый HS-связывающий сайт в домене S1 в том же положении, что и в MHV/BHK, хотя и в виде меньшей вставки, в то время как у него отсутствует предполагаемый HS-связывающий сайт непосредственно перед пептидом слияния. MHV/pi23 способен инфицировать не мышиные клетки, хотя и менее эффективно, чем MHV/BHK. В дополнение ко множественным HS-связывающим сайтам, однако, мутации, обнаруженные в других частях белка S, таких как домен HR1 и предполагаемый пептид слияния (Fig. 1), также могут способствовать эффективному проникновению в немуринные клетки. В настоящее время мы находимся в процессе определения мутаций белка S, которые необходимы для фенотипа расширенного диапазона хозяев.

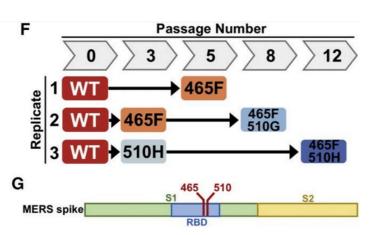
▶ Исходный текст

Чтобы лучше понять адаптивность видов MERS-CoV, мы использовали субоптимальный вариант DPP4 для изучения вирусной адаптации. Пассирование вируса на клетках, экспрессирующих этот вариант DPP4, приводило к накоплению мутаций в вирусном шиповидном белке, которые увеличивали репликацию. ▶ Исходный текст

Забегая вперёд, упомяну, что были и другие группы, которые пытались мутациями в

пробирке увеличить вирулентность коронавируса, например MERS-a:

Причём у них мутации возникали уже через несколько пассажей (раундов размножения клеточных культур):



(F) Схема появления одиночных и двойных мутаций в шиповидном белке MERS-CoV в разных пассажах.

(G) Расположение мутаций в шиповидном белке MERS-CoV.

▶ Исходный текст

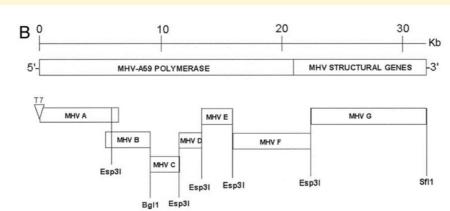
Но это всё будет гораздо позже. А пока давайте вернёмся в 2002 год — ещё ДО вспышки первого SARS-CoV.

Как Барик всем путь озарил

Ральф Барик — это человек-легенда в коронавирусологии. Настоящий первопроходец синтетических методик манипуляции вирусных геномов. Ещё в 2002 году он опубликовал прорывную работу, открывшую новую веху как в изучении различных механизмов природных вирусов, так и в gain-of-function (GOF) исследованиях. В своей работе группа Барика синтетически воссоздала клон природного мышиного коронавируса:

Был разработан новый метод сборки полноразмерной инфекционной кДНК штамма вируса гепатита мыши коронавируса II группы А59 (MHV-А59). Были выделены семь сегментов кДНК, которые охватывали весь геном MHV размером 31,5 тысяч пар нуклеотидов. Концы кДНК были сконструированы с уникальными стыками и собраны только с соседними субклонами кДНК, в результате чего была получена интактная конструкция кДНК MHV-A59 длиной ~ 31,5 т.п.н. Сайты рестриктаз в местах стыков, которые располагались на концах каждого сегмента кДНК, систематически удалялись во время сборки полного полноразмерного продукта кДНК, что позволяет проводить повторную сборку без внесения нуклеотидных изменений... Этот метод потенциально может быть использован для конструирования вирусных, микробных или эукариотических геномов, достигающих нескольких миллионов пар оснований в длину и использоваться для вставки сайтов рестрикции в любом заданном месте в микробном геноме.

▶ Исходный текст

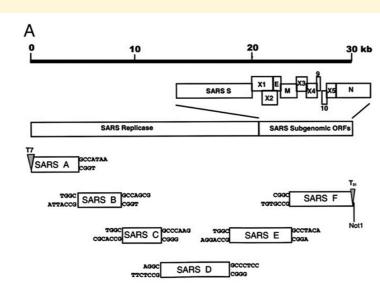


То есть авторы, по сути, перевели РНК-вирус на язык ДНК (с помощью обратной транскриптазы), для того чтобы затем им было удобно манипулировать его геномом с помощью имеющихся инструментов генной инженерии. Создав 7 таких cDNA сегментов провируса, авторы затем их сшили, причем «бесшовно» (не оставляя следов), после чего перевели свою конструкцию обратно в РНК, из которой затем в других клетках сформировались вирусные частицы.

SARS-2003

Буквально спустя несколько недель после публикации той работы группы Барика грянула эпидемия SARS-CoV, и Ральф Барик не терял времени даром. Уже летом 2003 его группа отправила в печать работу по созданию синтетического клона SARS-CoV:

Используя набор смежных сегментов кДНК, которые охватывают весь геном, мы собрали полноразмерную кДНК штамма SARS-CoV Urbani и выделили синтетические клоны вирусы SARS (инфекционный клон SARS-CoV), которые содержали ожидаемые маркерные мутации, вставленные в клоны. Рекомбинантные вирусы реплицировались так же эффективно, как вирус дикого типа, и оба были ингибированы обработкой ингибитором цистеинпротеиназы... Наличие полноразмерной кДНК SARS-CoV создаёт инструмент для манипулирования вирусным геномом, позволяя быстро и рационально разрабатывать и тестировать кандидаты вакцин и терапевтических средств против этого важного человеческого патогена. ▶ Исходный текст



Скорость группы Барика позволяет понять, как быстро квалифицированная команда вирусологов может создать синтетический клон из природного вируса, а значит и вносить в него генетические модификации. Причём это было в 2003 году. Сегодня всё то же самое квалифицированная лаборатория может повторить за считанные недели.

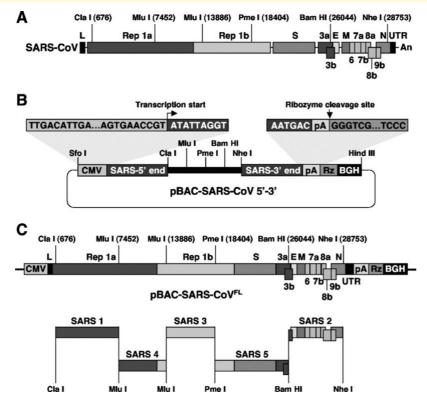
SARS-2006

Барик был первым, но далеко не последним. Генная инженерия развивалась семимильными шагами, создавая всё новые и новые инструменты. Другие группы отрабатывали альтернативные технологии синтетической вирусологии. Например, в 2006 испанские исследователи повторили достижения Барика, тоже создав синтетический клон SARS, но с помощью другой технологии (искусственной бактериальной хромосомы):

В данном исследовании описана разработка полноразмерного инфекционного клона кДНК и функционального репликона штамма Urbani коронавируса SARS-CoV с помощью бактериальных искусственных хромосом (ВАС). В этой системе вирусная РНК экспрессировалась в ядре клетки под контролем промотора цитомегаловируса и затем амплифицировалась в цитоплазме вирусной репликазой. И инфекционный клон, и репликон были полностью стабильны в Escherichia coli.

Собранный инфекционный клон кДНК SARS-CoV был полностью стабилен при размножении в клетках E.coli DH10B в течение более 200 поколений, что значительно облегчало генетические манипуляции с вирусным геномом (данные не показаны). Подробная стратегия клонирования и плазмидные последовательности доступны по запросу.

*▶ Исходный текс*т



Правда, сделали они это не так элегантно как Барик, так как в финальной сборке синтетического вируса у них остались добавленные сайты рестриктаз, в то время как Барик научился соединять фрагменты «бесшовно». Но это мелочи, подход испанцев тоже вполне рабочий — в 2013 году с его помощью они создали синтетический клон MERS-a, а в 2015 году их методика вошла в учебник-справочник по коронавирусам (глава 13):

Chapter 13

Engineering Infectious cDNAs of Coronavirus as Bacterial Artificial Chromosomes

Fernando Almazán, Silvia Márquez-Jurado, Aitor Nogales, and Luis Enjuanes

Abstract

The large size of the coronavirus (CoV) genome (around 30 kb) and the instability in bacteria of plasmids carrying CoV replicase sequences represent serious restrictions for the development of CoV infectious clones using reverse genetic systems similar to those used for smaller positive sense RNA viruses. To overcome these problems, several approaches have been established in the last 13 years. Here we describe the engineering of CoV full-length cDNA clones as bacterial artificial chromosomes (BACs), using the Middle East respiratory syndrome CoV (MERS-CoV) as a model.

Key words Coronavirus, MERS, Reverse genetics, Infectious clones, Bacterial artificial chromosomes

Ухань-2007

Но вернёмся в 2007 год. Тогда в гонку синтетической вирусологии включилась и группа Ши Чжэнли с работой, изучавшей шиповидный белок человеческого и летучемышиного коронавирусов, пытаясь определить, что именно в нём отвечает за способность

перескакивать с вида на вид: Ряд химерных шиповидных белков был сконструирован путем вставки различных

последовательностей шиповидного белка SARS-CoV в основу из белка SL-CoV. ▶ Исходный текст

То есть авторы вставляли разные отрезки из белка человеческого SARS-CoV в белок

Из этих результатов было установлено, что область от 310 до 518 в шиповидном

▶ Исходный текст

летучемышиного вируса. Вот их вывод:

белке ВЈ01 была необходимой и достаточной для получения шиповидным белком Rp3 способности связывания с человеческим АСЕ2.

При этом они пробовали заменять и более короткие фрагменты, включая только RBM:

кодирующая область от 424 до 494 аминокислоты в шиповидном белке ВЈ01 для

Для вставки RBM из SARS-CoV в шиповидный белок SL-CoV, использовалась

замены соответствующих областей в белке Rp3, в результате чего был получен химерный ген шиповидного белка (CS), обозначенный как CS424-494.

• Исходный текст

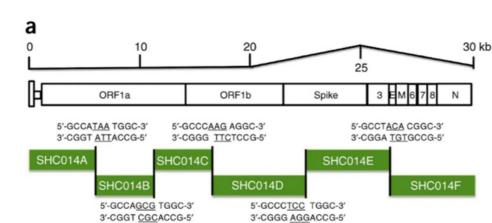
С учётом того, что это было написано в 2007 году, думаю, сегодня произвести замену RBM одного вируса на другой не составит труда даже начинающему вирусологу.

Химера-2015

В свете вышеописанных экспериментов, не очень понятно, чем именно был вызван тот фурор, которая произвела, наверное, самая нашумевшая gain-of-function публикация. Речь, конечно же, о совместной работе Ши Чжэнли и Ральфа Барика, в которой они создали синтетический химерный вирус:

Используя систему обратной генетики SARS-CoV, мы создали и охарактеризовали химерный вирус, экспрессирующий шиповидный белок коронавируса летучей мыши SHC014 в мышиноадаптированной основе SARS-CoV. Результаты показывают, что вирусы группы 2b, кодирующие шиповидный белок SHC014 в основе дикого типа, могут эффективно использовать несколько ортологов человеческого рецептора SARS (ACE2), эффективно реплицироваться в первичных клетках дыхательных путей человека и достигать титров in vitro, эквивалентных эпидемическим штаммам SARS-CoV. Кроме того, эксперименты in vivo демонстрируют репликацию химерного вируса в легких мыши с заметным патогенезом. Оценка доступных иммунотерапевтических и профилактических методов на основе атипичной пневмонии показала низкую эффективность; подходы как к моноклональным антителам, так и к вакцинам не смогли нейтрализовать и защитить от инфицирования CoV с новым шиповидным белком. На основании этих результатов мы синтетически воспроизвели инфекционный полноразмерный рекомбинантный вирус SHC014 и продемонстрировали репликацию вируса как in vitro, так и in vivo. ▶ Исходный текст

То есть, по сути, исследователи шли уже проторённой дорогой: взяли шиповидный белок из RsSHC014, который Ши Чжэнли выделила из юньнаньских летучих мышей в 2011 году, и вставили его в SARS-CoV, специально адаптированный под рождённых ползать мышей, для последующих *in vivo* экспериментов на этих самых мышах. Ну и на человеческих клетках новую конструкцию проверили. А заодно поупражнялись в создании рекомбинантного клона того же самого RsSHC014 — ну а почему бы и нет? Ведь, вопервых, это красиво:



смежных сегментов кДНК (обозначенных как SHC014A, SHC014B, SHC014C, SHC014D, SHC014E и SHC014F), фланкированных уникальными рестриктазными сайтами Bgll, которые обеспечили направленную сборку полноразмерной экспрессии кДНК (для 1a, 1b, спайка, 3, конверт, матрица, 6-8 и нуклеокапсид). Подчеркнутые нуклеотиды представляют собой выступающие последовательности, образованные после расщепления рестриктазой.

• Исходный текст

(a) Схема молекулярного клона SHC014-CoV, который был синтезирован в виде шести

А во-вторых, исследователи поняли, что не только тропностью шиповидного белка к рецептору определяется потенциал вируса к переходу из одного вида животных на другой — потому что химера SHC014-MA15 была более вирулентной чем сам SHC014, даже в человеческих клетках:

Примечательно, что дифференциальный тропизм в легких по сравнению с таковым у SARS-MA15 и ослабление полноразмерного SHC014-CoV в культурах [эпителиальных дыхательных путей человека] относительно SARS-CoV Urbani позволяют предположить, что помимо связывания с ACE2 и другие факторы — включая процессивность шиповидного белка, биодоступность рецептора или антагонизм иммунных ответов хозяина — могут способствовать вирулентности.

Мсходный текст

Особо хочу выделить процессивность шиповидного белка в цитате, потому что это далеко не первый раз когда исследователи писали, что способность шиповидного белка к расщеплению протеазами (включая фурин) оказывает значительное влияние на вирулентность.

В заключение темы— совместное фото Ральфа Барика и Ши Чжэнли. Фото сделано в Ухане, в октябре 2018-го:



Мышиный SARS-2007

Тут не могу не упомянуть, что это был за "мышиный вирус MA15" в предыдущей работе. Это вовсе не какой-то природный мышиный коронавирус, как можно было бы предположить. А это лабораторно модифицированный человеческий SARS-CoV, который ещё в 2007-ом та же группа Барика — видимо соревнуясь с группой Ши Чжэнли (помните их статью от 2007 года) – превратила в настоящего мышиного убийцу. Для этого они его сначала итеративно "улучшали" на мышах, а когда он через несколько итераций стал максимально "эффективным", они воспроизвели возникшие в мышах мутации в синтетическом клоне нового вируса, и ещё раз проверили, что он действительно обладает повышенной инфективностью:

Мы адаптировали SARS-CoV (штамм Urbani) путем серийного пассирования в дыхательных путях молодых мышей BALB/c. Пятнадцать пассажей привели к вирусу (МА15), который является летальным для мышей после интраназальной инокуляции. Смертельности предшествует быстрая репликация вируса с высоким титром в легких, виремия и распространение вируса на внелёгочные участки, сопровождающиеся лимфопенией, нейтрофилией и патологическими изменениями в легких. Обильный вирусный антиген широко распространен в эпителиальных клетках бронхов и альвеолярных пневмоцитах, а некротический клеточный дебрис присутствует в дыхательных путях и альвеолах с легким и очаговым пневмонитом. Эти наблюдения показывают, что мыши, инфицированные МА15, умирают от подавляющей вирусной инфекции с обширным, опосредованным вирусом разрушением пневмоцитов и реснитчатых эпителиальных клеток. Вирус МА15 имеет шесть кодирующих мутаций, связанных с адаптацией и повышенной вирулентностью; при введении в рекомбинантный SARS-CoV эти мутации приводят к высоковирулентному и летальному вирусу (rMA15), дублирующему фенотип биологически полученного вируса МА15. Интраназальная инокуляция МА15 воспроизводит многие аспекты заболевания, наблюдаемые в тяжелых случаях SARS у человека. Исходный текст

Барик-2008

Кстати, о соперничестве Барика и Ши Чжэнли. Параллельно с пересадкой RBD от человеческого SARS-CoV в мышиный, его группа создавала такие же химеры и с летучемышиными штаммами. В 2008 году группа Барика взяла летучемышиный штамм Bat-SCoV и заменила в нём RBD в шиповидном белке на RBD из человеческого SARS-а. То есть, по сути, повторила работу Ши Чжэнли от 2007 года, только не ограничившись псевдо-вирусами, а создав самый настоящий химерный коронавирус — причём не какойто мышиный как в работе 2015 года, а самый что ни на есть человеческий. Своим достижением авторы явно гордились:

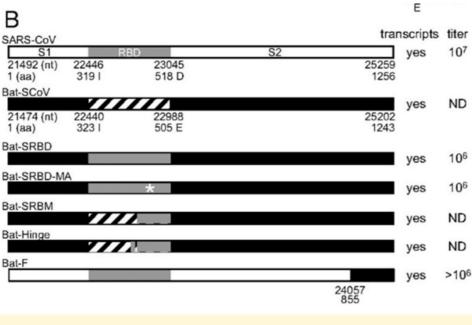
Здесь мы сообщаем о разработке, синтезе и выделению самой крупной синтетической реплицирующейся жизненной формы размером 29,7 килобаз — коронавируса летучей мыши (Bat-SCoV), подобного тяжелому острому респираторному синдрому (SARS), вероятного предшественника эпидемии SARS-CoV.

Чтобы проверить, являются ли RBDs Bat-SCoV и SARS-CoV взаимозаменяемыми, мы заменили RBD Bat-SCoV (аминокислоты 323–505) на RBD SARS-CoV (аминокислоты 319–518) (27, 28) (GenBank регистрационный номер FJ211860), имитирующий теоретическую рекомбинацию, которая может произойти во время смешанной инфекции in vivo (Fig. 1B).

▶ Исходный текст

исходный тек

▶ Исходный текст



(В) Схематическое изображение, показывающее организацию шиповидных белков SARS-CoV и Bat-SCoV. Спроектированные белки изображены ниже с названием вируса слева. Вat-SRBD включает всю последовательность шиповидного белка Bat-SCoV, за исключением того, что RBD Bat-SCoV (аминокислоты Bat-SCoV 323–505) заменен на RBD SARS-CoV (аминокислоты 319–518) (инвентарный номер GenBank FJ211860). Bat-SRBD-MA включает изменение RBD в шиповидном белке MA15 на SARS-CoV Y436H. Bat-SRBM включает минимальные 13 остатков SARS-CoV, критических для контакта с АСЕ2, что приводит к химерному RBD с аминокислотами 323I-429T Bat-SCoV и аминокислотами 426R-518D SARS-CoV. Bat-Hinge представляет собой последовательность Bat-SRBM, где аминокислоты Bat-SCoV 392L-397E заменены на аминокислоты SARS-CoV 388V-393D. Bat-F включает нуклеотидную последовательность 1-24057 SARS-CoV (до аминокислоты 855 в шиповидном белке) с оставшейся 3'-последовательностью из Bat-SCoV. Справа от схематических

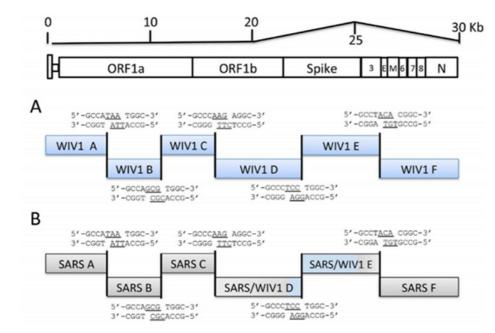
изображений указаны наблюдаемые данные по транскрипционной активности и приблизительные титры на 1-м пассаже (P1). ND указывает, что инфекционный вирус не обнаружен.

Барик-2016

В творчестве Барика вообще много римейков. Например, в 2016-ом году он практически повторил ту самую совместную работу с Ши Чжэнли от 2015 года по созданию химерного вируса, только на этот раз он вставил в мышиноадаптированный SARS кусок шиповидного белка не из RsSCH014, а из другого найденного Ши Чжэнли в Юньнани его близкого родственника — Rs3367. Ну или, если быть совсем точным, то из штамма WIV1 лабораторного клона Rs3367, выращенного в клеточной культуре в Уханьском институте вирусологии в 2013 году. Вот что именно сделала в 2016 году группа Барика:

Используя инфекционный клон SARS-CoV в качестве матрицы (7), мы разработали и синтезировали полноразмерный инфекционный клон WIV1-CoV, состоящий из шести плазмид, которые можно было бы ферментативно разрезать, лигировать вместе и электропорировать в клетки, для получения репликационно компетентных вирионов (рис. S1A). В дополнение к полноразмерному клону мы также создали химерный вирус WIV1-CoV, который заменил шиповидный белок в SARS на белок из WIV1 в адаптированной для мыши основе (WIV1-MA15, рис. S1B). ... Для подтверждения кинетики роста и репликации клетки Vero были инфицированы SARS-CoV Urbani, WIV1-MA15 u WIV1-CoV.

▶ Исходный текст



То есть, по большому счёту, в 2016 году Барик клонировал свою статью от 2015 года. Более того, её смысл мне не очень понятен: ведь WIV1/Rs3367, если помните, и так на 96% совпадал с SARS-CoV (за это Ши Чжэнли и получила известность). Поэтому зачем обратно в SARS-CoV вставлять шиповидный белок из его ближайшего родственника мне не очень ясно. Быть может, просто из любви к искусству. В этом свете заголовок его статьи приобретает некую двойственность: "SARS-подобный WIV1-CoV готов к **переходу на человека"**. Почему-то в голову сразу приходит этот кадр:



Ещё мне не понятно как в 2015 году Барик сумел получить патент на создание «химерных коронавирусных шиповидных белков», с учётом того, что всё это и он, и Ши Чжэнли

Барик-1990

публиковали задолго до 2015-го.

Ладно, последний штрих к портрету Ральфа Барика. Он не просто старожил этой области, а занимался дизайном рекомбинантных коронавирусов ещё до всяких сиквенаторов и прочих современных инструментов генной инженерии. Вот его статья по созданию "температурных мутантов" из мышиного коронавируса от аж 1990-го года:

На протяжении всего этого исследования использовали штамм вируса гепатита мыши A59 (MHV-A59). Вирус размножали и клонировали три раза в непрерывной клеточной линии астроцитомы мыши (DBT).

Различные комбинации температурно-чувствительных мутантов смешивали и инокулировали в клетки при множественности заражения, равной 10. ▶ Исходный текст

Так что созданием различных вирусных мутантов Барик занимается уже более 30 лет.

Барик-2019

И, к слову сказать, даже сейчас темпов не снижает. В конце октября 2019-го его группа подала на публикацию очередную статью о важной роли фуринового сайта в шиповидном белке для преодоления коронавирусами «барьера для зоонозной инфекции»:

Вместе эти результаты демонстрируют, что протеазное расщепление также является основным барьером для инфекции клеток Vero с помощью HKU5-CoV. Рассматривая далее, мы сравнили предсказанное расщепление на границе S1/S2, S2' и сайте эндосомной цистеиновой протеазы в шиповидных белках MERS, PDF2180 и HKU5 (Fig. 6D) (26). В сайте S1/S2 MERS, Uganda и HKU5 поддерживают сайт расщепления RXXR, хотя различные внутренние аминокислоты могут влиять на его эффективность. Для последовательности S2' MERS и HKU5 также сохраняют мотив RXXR; однако в шипах штамма Uganda отсутствует первый аргинин (SNAR), что потенциально влияет на его расщепление.

▶ Исходный текст

Памятуя о соревновательном духе между группами Барика и Ши Чжэнли, интересно, какова вероятность, что в Ухане в конце 2019 года кто-то тоже занимался подобными

исследованиями? Gain-of-Function: «Запретить нельзя продолжить»

Многие, кто впервые слышит о вышеописанных исследованиях, задаются резонным вопросом: «А нафига?» Зачем учёные создают химерные вирусы-убийцы? Политкорректный ответ: для разработки превентивной защиты (вакцин и препаратов) от возможных природных химер и для понимания рисков их возникновения. Вот, собственно, что сами Барик и Ши Чжэнли с соавторами писали на эту тему в той самой статье 2015 года:

В дополнение к подготовке против будущих появляющихся вирусов, этот подход должен быть рассмотрен в контексте предписанной правительством США паузы в исследованиях усиления функции (GOF). На основании предыдущих моделей (Fig. 4a, b) создание химерных вирусов, таких как SHC014-MA15, не ожидалось, что увеличится его патогенность. Хотя SHC014-MA15 аттенуирован по сравнению с его родительским мышиноадаптированным SARS-CoV, аналогичные исследования, изучавщие патогенность CoV с шипом Urbani дикого типа в основе MA15, не показали потери веса у мышей, показали сниженную репликацию вируса. Таким образом, по отношению к шиповидному белку Urbani-MA15 CoV, SHC014-MA15 демонстрирует усиление патогенеза (рис. 1). На основании этих результатов надзорные научные комитеты могут посчитать подобные исследования с созданием химерных вирусов, основанных на циркулирующих штаммах, слишком рискованными, поскольку нельзя исключать повышение патогенности в млекопитающих. В сочетании с ограничениями на адаптированные к мышам штаммы и разработкой моноклональных антител с использованием побочных мутантов, исследования появления новых коронавирусов и терапевтической эффективности могут быть серьезно ограничены в будущем. Вместе эти данные и ограничения представляют собой перекресток озабоченности GOF; потенциал для подготовки к будущим вспышкам и смягчения их последствий должен быть сопоставлен с риском создания более опасных патогенных микроорганизмов. При разработке политики в будущем важно учитывать ценность данных, полученных в результате этих исследований, и то, заслуживают ли эти типы исследований химерных вирусов продолжения в сравнении с присущими им рисками. ▶ Исходный текст

Были ли эти слова пророческими? В конце 2014-го года США ввели мораторий на государственное финансирование таких gain-of-function исследований, но почти сразу (в 2017-ом) отменили. А в Китае никакого моратория на такие исследования не вводили, а даже наоборот открывали новые «супер(без)опасные лаборатории» уровня BSL-4, как в 2017 году в Ухане:



На всякий случай, поясню, что до 2017 года лаборатория в Уханьском институте вирусологии была класса BSL-3, которого было достаточно для работы с коронавирусами. Приведу пару цитат из вышеприведённой заметки о создании уханьской BSL-4 лаборатории:

В планах на будущее — изучение патогена, вызывающего атипичную пневмонию, для которого также не требуется лаборатория BSL-4, прежде чем перейти к изучению вируса Эбола и западноафриканского вируса Ласса. Около миллиона китайцев работают в Африке; страна должна быть готова к любой ситуации, говорит Юань. «Вирусы не знают границ».

План по расширению сети усиливает такие опасения. Одна лаборатория BSL-4 в Харбине уже ожидает аккредитации; следующие две, как ожидают, будут в Пекине и Куньмине, последняя сосредоточился на использовании обезьян для изучения

болезней. Лина говорит, что размер Китая оправдывает такой размах, и что возможность объединить исследования BSL-4 с обилием исследовательских обезьян — китайские исследователи сталкиваются с гораздо меньшим количеством бюрократических

проволочек, чем на Западе, когда дело доходит до исследований на приматах —

может быть мощной. «Если вы хотите протестировать вакцины или противовирусные препараты, вам нужна модель приматов, отличных от человека», — говорит Лина. Но Эбрайт не убежден в необходимости более одной лаборатории BSL-4 в материковом Китае. Он подозревает, что расширение там является реакцией на сети лабораторий в Соединенных Штатах и Европе, что, по его словам, также неоправданно. Он добавляет, что правительства будут предполагать, что такая

избыточная мощность предназначена для потенциального развития биологического

оружия.

«Эти объекты по своей сути предназначены для двойного использования», — говорит он. Перспектива расширения возможностей для введения обезьянам патогенных микроорганизмов также беспокоит, а не вдохновляет его: «Они могут бегать, они могут царапать, они могут кусать».

Треван говорит, что инвестиции Китая в лабораторию BSL-4 могут, прежде всего, стать способом доказать миру, что страна конкурентоспособна. «Это большой статусный символ в биологии, — говорит он, — вне зависимости от того, нужны они или нет».

▶ Исходный текст

Интересно, что помимо Уханя, новую BSL-4 лабораторию планировали открыть в Куньмине, причём с прицелом на тестирование вакцин на приматах. Куньмин, напомню, это столица Юньнани. Именно в близлежащих пещерах Ши Чжэнли обнаружила те самые штаммы Rs3367 и RsSHC014. Кстати, тестирование на приматах упоминалось в качестве возможных дальнейших шагов для разработки превентивных вакцин против потенциальных будущих вспышек коронавируса в «той самой» (сколько раз я её уже так назвал?) статье Барика и Ши Чжэнли:

Тем не менее, требуется дальнейшее тестирование на нечеловеческих приматах, чтобы перевести эти находки в патогенный потенциал у людей. Важно отметить, что недостаток доступных терапевтических средств определяет критическую необходимость дальнейшего изучения и разработки методов лечения. Обладая этими знаниями, можно разработать программы эпиднадзора, диагностические реагенты и эффективные методы лечения, которые могут защитить от появления коронавирусов, специфичных для группы 2b, таких как SHC014, и могут применяться к другим коронавирусным ветвям, которые поддерживают аналогичные гетерогенные пулы.

▶ Исходный текст

Вполне возможно, что к 2019 году создание и тестирование потенциальных вакцин от различных SARS-like коронавирусов уже шло полным ходом.

О сколько эпидемий чудных готовит просвещенья дух...

Ну что ж, давайте уже рассмотрим версию о лабораторной утечке. Для начала приведу краткую историческую справку о других утечках. Потому что побеги вирусов из лабораторий в прошлом случались неоднократно. В первую очередь, того же SARS-CoV: впервые он сбежал летом 2003 года в Сингапуре, потом в декабре 2003 на Тайване, а весной 2004 дважды утекал в Пекине.

Были тревожные звоночки и в Европе и США, хотя там обошлось без заражений. Например, во Франции лаборатория как-то потеряла пробирки с SARS-ом, а в США BSL-4 лаборатория в Техасе недосчитались пробирки с вирусом венесуэльской геморрагической лихорадки:

Только один ученый работал с вирусом, и Рейес сказал, что лаборатория подозревает, что ученый случайно выбросил пробирку в ноябре.

В Галвестонской биолаборатории самые строгие меры безопасности, потому что она изучает материалы уровня биологической безопасности BSL-4, то есть опасные инфекционные заболевания, которые не имеют вакцин или лекарств. Материалы BSL-4 включают Guanarito, Эболу и оспу. ▶ Исходный текст

История знает и другие, куда более широкомасштабные утечки. Например, «воскрешение» вируса гриппа H1N1 в 1977 году, который до этого считался исчезнувшим. Да, это вирус той самой «испанки»:

Вирусы человеческого гриппа H1N1 появились с пандемией 1918 года и сохранялись, накапливая небольшие изменения в геноме (с серьезными изменениями в 1947 году), пока в 1957 году не появился «азиатский» грипп H2N2, вызвавший всемирную пандемию. Вирус гриппа H1N1, по-видимому, вымер, и не выделялся в течение 20 лет. В 1969 году вирус H3N2 в Гонконге заменил вирус H2N2 и продолжает циркулировать.

В сентябре 1977 г. вирус гриппа H1N1 был выделен из больных в дальневосточном регионе Советского Союза, а в начале 1978 г. китайцы сообщили, что в мае 1977 г. они выделили вирус H1N1 на северо-востоке Китая, в регионе, прилегающем к месту советской вспышки. Используя ранние генетические инструменты, доступные в то время, было обнаружено, что вирус Н1N1 1977 года тесно связан с вирусами человеческого гриппа H1N1, циркулировавшими в 1949-1950 годах, но не с теми, которые циркулировали раньше или позже.

Только начиная с 2009-2010 гг. в научных работах стало прямо указываться, что появление гриппа H1N1 в 1977 году было лабораторной утечкой: «Наиболее известный случай утечки лабораторного штамма — это вновь возникший вирус гриппа A H1N1, который впервые был обнаружен в Китае в мае 1977 года и вскоре после этого в России».

Предположение о том, что утечка 1977 г. могла быть связана с исследованиями вакцин против H1N1, подтверждается наблюдением, что в начальных вспышках в Китае девять из десяти вирусных изолятов выражали «температурную чувствительность» (Kung 1978). Чувствительность к температуре, как правило, необычная черта, но в 1970-х годах она была (и всё ещё остается) фундаментальной чертой для создания ослабленных живых вакцин против гриппа. Чувствительность к температуре обычно возникает только после серии существенных лабораторных манипуляций и отборов.

1977-78 гг. часто состояли из смешанных температурно-чувствительных и нормальных компонентов, и что чувствительность к температуре, по-видимому, быстро исчезла из штамма H1N1 после 1978 г. Утечка штамма H1N1, проходящего лабораторное ослабление путём создания чувствительных к температуре мутантов, могла обеспечить как раз такую смешанную популяцию. В 1976-77 годах лабораторный персонал младше 20 лет не был знаком со штаммами гриппа H1N1 до 1957, поэтому мог быть подвержен инфицированию в лаборатории. Низкая тяжесть пандемии 1977 года может быть отчасти обусловлена чувствительностью вируса к температуре, что ограничивает репликацию вируса в легочных тканях. ▶ Исходный текст

Интересно, что дальнейшие исследования показали, что циркулирующие штаммы в

Похоже, создание температурно-чувствительных вирусных мутантов для разработки

потенциальных «ослабленных» вакцин было широко распространено в конце XX века. Если помните, в 1990-м Барик тоже экспериментировал с созданием температурночувствительных штаммов.

Могло ли что-то подобное стать причиной коронавирусной пандемии 2019-го? Почему

нет? Тут возможно несколько вариантов — от разработки потенциальной вакцины до просто исследовательских работ по лабораторной рекомбинации летучемышиного и панголиньего вирусов. Какой-нибудь особо амбициозный исследователь мог даже просто по личной инициативе решить объединить две «модные темы» — добавление фуринового сайта и пересадку RBM из штамма одного вида (панголины) в другой (летучие мыши), чтобы потом, подтвердив повышенную вирулентность новой химерной конструкции, выпустить очередную грозную статью о том, какая опасность поджидает человечество в юньнаньских пещерах или на мокрых рынках. А если ещё и вакцину против такого опасного штамма удалось бы превентивно создать, то почёт и уважение такому исследователю были бы гарантированы.

доказательства такого сценария отсутствуют. Есть только череда странных совпадений — например, что вспышка юньнаньского коронавируса произошла за тысячи километров от Юньнани именно на том рынке, который ближе всего к Уханьскому институту вирусологии. А может, и не на рынке, так как из первых 4-х заболевших пациентов, трое на рынке не бывали. Ну и совпадения по структурным особенностям генома вируса, которые напоминают те манипуляции, которые вирусологи не раз проводили с такими вирусами в лаборатории. Но совпадения — это ещё не доказательства.

Более того, совпадения случаются, и, конечно же, в природе такой штамм тоже вполне

Утверждаю ли я, что так всё и было? Конечно же, нет. Потому что на сегодняшний день

мог возникнуть. Пока не очень ясно как именно — для этого летучемышиный и панголиний штаммы должны были встретиться в одной клетке (клетке чьего-то организма, а не металлической), причём в Ухане, так как вспышка произошла именно там (иначе мы бы видели другие очаги Ковида по пути следования первого зооносителя в Ухань). С учётом того, что летучие мыши на уханьском рынке не продавались, и вообще в это время года в спячке, такой вариант всё ещё остаётся неразгаданной тайной.

специалисты проводили инспекцию Уханьского института вирусологи, и даже общались с Ши Чжэнли. Результатом их «экскурсии» стали две дипломатических телеграммы в Вашингтон, в которых они отметили ряд слабых мест в обеспечении безопасности лаборатории:

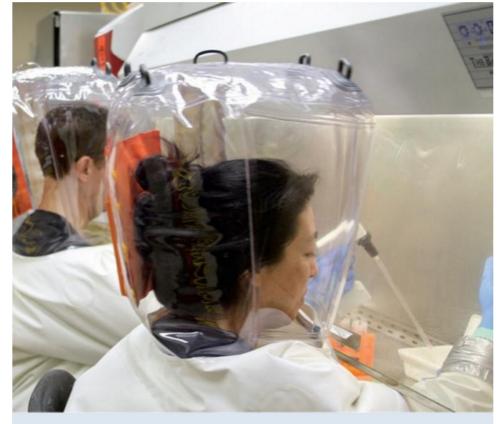
Кстати, совсем недавно появилась новость, что в 2018-ом году американские

тревогу по поводу серьезных проблем безопасности в лаборатории WIV, особенно в отношении её работы с коронавирусами летучих мышей. Сотрудники посольства призывали к тому, чтобы США уделяли больше внимания этой лаборатории и оказывали ей дополнительную поддержку. «Во время взаимодействия с учеными из лаборатории WIV они отметили, что в новой

Источники, знакомые с телеграммами, сказали, что они должны были поднять

лаборатории существует серьезная нехватка надлежащим образом подготовленных технических специалистов и исследователей, необходимых для безопасной эксплуатации этой лаборатории с высоким уровнем защиты», — говорится в телеграмме от 19 января 2018 года, которую подготовили два сотрудника отдела охраны окружающей среды, науки и здравоохранения посольства, лично встречавшиеся с учеными из WIV. (Государственный департамент отказался комментировать эту и другие детали истории.) Китайские исследователи в WIV получали помощь от Галвестонской Национальной лаборатории в Медицинском отделении Университета Техаса и других организаций в США, но китайцы обратились за дополнительной помощью. В телеграммах утверждается, что Соединенные Штаты должны оказать дальнейшую поддержку лаборатории в Ухане, главным образом потому, что их исследование коронавирусов летучих мышей было важным, но также и опасным. ▶ Исходный текст

Забавно, что уханьцам помогала та самая техасская лаборатория в Галвестоне, которая в своё время сама потеряла пробирку с венесуэльским вирусом. Причём помогала она не только на словах, там действительно проходили обучение уханьские специалисты, о чём даже писал «уханьский вестник» (правда, сейчас публикацию с сайта удалили, но на вебархиве она пока доступна):



A training session in Galveston National Laboratory CREDIT: COURTESY OF GNL/UTMB

Последний штрих к семейному портрету лабораторных утечек: в ноябре 2019-го в Ланьчжоу сразу в двух исследовательских центрах произошла вспышка бруцеллёза (бактериальной инфекции), поразившая более 100 работавших там исследователей.

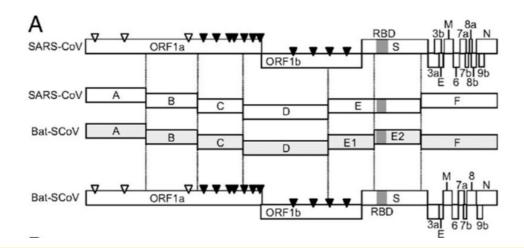
Возможные следы рукотворности

Засим оставим вирусологов в покое и обратим наш взор опять на сам вирус. Есть ли в нём какие-то явные признаки рукотворности? Для начала пару слов о том, что значит «явные». Понятно, что в природе могут произойти любые мутации совершенно случайно. Даже если бы врезка, создавшая фуриновый сайт в CoV2 была не "PRRA", а "MADEINWVHANPRRA", то всё равно оставался бы ненулевой шанс, что она могла возникнуть случайно. Но для нас, да и для любого суда, думаю, этого было бы достаточно, чтобы доказать рукотворное происхождение beyond a reasonable doubt.

Главная проблема с такими доказательствами состоит в том, что даже в рукотворном вирусе их попросту может не быть. Грубо говоря, хороший генный инженер может создать синтетический вирус «идентичный натуральному». Более того, часто исследователи намеренно привносят в свои конструкции какие-нибудь синонимичные мутации для того, чтобы потом можно было различить их штамм и природный. Но если создатель вируса эти маркеры рукотворности сам не раскрывает, отличить их от природных мутаций невозможно.

Но иногда следы могут и оставаться, особенно если создатели не пытаются скрыть рукотворность своей конструкции. В первую очередь, речь о местах разрезов ДНК (напомню, что манипуляции с РНК-вирусами проводятся именно в комплементарных им ДНК-конструкциях), необходимых создателям для сшивания разных сегментов генома или для вырезания старых и вставки новых участков. Ведь ДНК можно разрезать не в произвольных местах (Криспер не в счёт), а только там, где последовательность нуклеотидов (обычно 4-6 «букв») совпадает с той последовательностью, которую распознаёт та или иная рестриктаза, то есть фермент, расщепляющий цепочки нуклеотидов. При этом такой анализ осложняет то, что существуют сотни различных типов рестриктаз, используемых в генной инженерии. Но давайте попробуем провести такой анализ для CoV2.

Для начала — пример работы группы Барика от 2008 года, где они взяли Bat-SCoV и заменили RBD в его шиповидном белке на RBD из человеческого SARS-а. Вот как они описывают создание своей химеры:



Схематическое представление вариантов SARS-CoV и Bat-SCoV.

(A) Схематическое представление геномов SARS-CoV и Bat-SCoV (инвентарный номер GenBank FJ211859) и системы обратной генетики. (Вверху) стрелки указывают сайты процессинга вирусной протеазы пѕр внутри полипротеина ORF1ab (открытые стрелки, папаин-подобная протеаза; закрашенные стрелки, пѕр5 [3С-подобная протеаза]). Сразу ниже приведены фрагменты, использованные в системе обратной генетики, обозначенные от А до F. Фрагменты, синтезированные для создания Bat-SCoV, точно воспроизводят соединения фрагментов SARS-CoV, за исключением того, что Bat-SCoV имеет 2 фрагмента, Bat-E1 и Bat-E2, которые соответствуют фрагменту SARS-E.

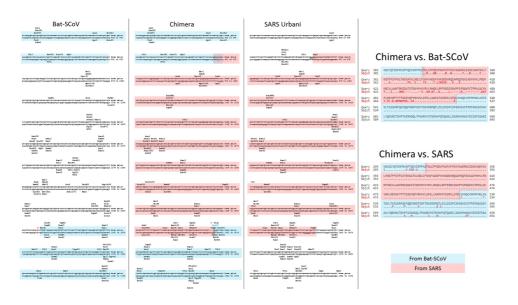
УИСХОДНЫЙ ТЕКСТ № ИСХОДНЫЙ ТЕКСТ

Как видим, сначала группа Барика создала синтетический клон летучемышиного Bat-SCoV, причём «по лекалам» уже созданного ими ранее синтетического клона SARS-CoV. То есть для летучемышиного клона они использовали те же 6 сегментов с теми же сайтами рестриктаз, которые ранее они использовали для SARS-CoV, что позволило им менять местами сегменты вируса между разными штаммами как куски Лего. Вот подробное описание создания химерного мутанта:

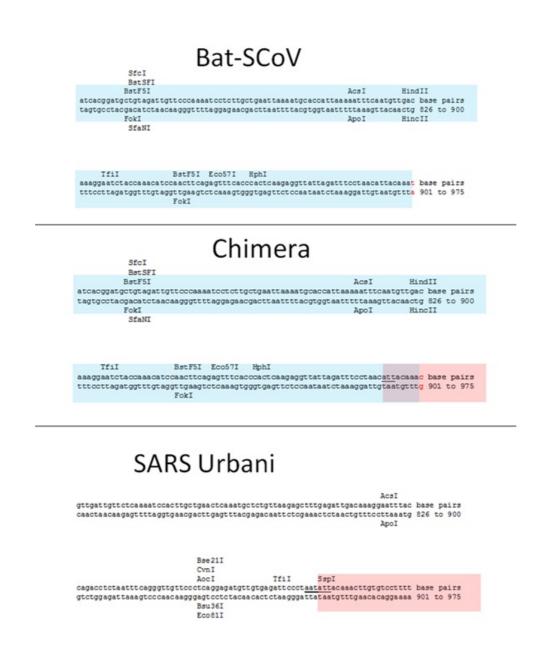
Вирусы, содержащие ПЦР-генерированные вставки в вирусный геном, были получены с использованием стратегии сборки SARS-CoV (24, 33, 53) со следующими модификациями. Вкратце, для вируса Bat-F кДНК полной длины конструировали путем лигирования продуктов рестрикции из фрагментов A-E SARS-CoV и фрагмента F Bat-SCoV, что требовало расщепления Bgl-Notl. Для Bat-SCoV и Bat-SRBD, Bat-SRBM и Bat-Hinge плазмиды, содержащие 7 фрагментов кДНК генома Bat-SCoV, были расщеплены с использованием Bgll для Bat-A, Bat-B, Bat-C и Bat -D, Bgll и AflII для Bat-E1 и Bat-E2 и Bgll и Notl для Bat-F. Расщепленные, очищенные фрагменты одновременно лигировали вместе. Транскрипция осуществлялась с использованием набора m7Message mMachine (Ambion), затем РНК электропорировали в клетки Vero (24, 53).

№ Исходный текст

Все эти трёхбуквенные аббревиатуры (Bgll, Aflll, Notl и т.д.) в выделенном выше предложении и являются различными типами рестриктаз. Давайте посмотрим, будут ли заметны какие-то различия в сайтах рестриктаз в геноме (шиповидного белка) химеры в сравнении с геномом исходного SARS-CoV:



Как видно, сайты рестриктаз у химеры практически идентичны тем кускам исходных последовательностей в Bat-SCoV или SARS, откуда они были взяты. Единственные различия заметны в местах сшивания вставленного куска из SARS. Вот, например левый (5'-) край вставки:



Здесь у Bat-SCoV и SARS оказалась общая идентичная область нуклеотидов (пересечение бирюзовой и розовой областей), и в месте сшивки двух последовательностей никаких новых сайтов рестриктаз нет, а наоборот пропал сайт Sspl из SARS-а. А вот правый (3'-) край вставки:

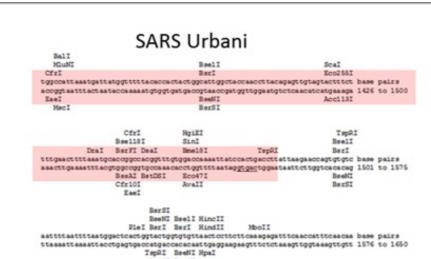
Bat-SCoV HgiEI SinI Bmel8I $\tt qtagcatatcaggctactagggttqttgtactctcttttqaacttcttaatqcacctqctacagtttgtqqacct\ base\ pairs$ catogtatagtccgatgatcccaacaacatgagagaaaacttgaagaattacgtggacgatgtcaaac octoga 1426 to 1500

AvaII

TapRI BaelI BerI BerI asattatocacag Pfl23II

MboII TfiI Tsp45I Tfil BeiWI BarSI PapLI BrakI Chimera

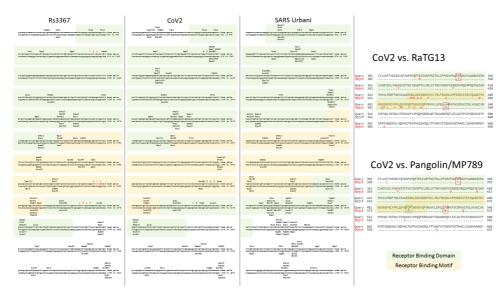
CfrI cttasttgttattggccsttasstgsttatggtttttacsccsctactggcsttggctaccssccttacagagtt base pairs oggtaatttactaataccaaaaatgtggtgatga ogtaacogatggttggaatgtctcaa 1426 to 1500 Bsel18I TapRI Bat2UI Eco255I DraI BerFI Deal Bme 18I ctonttaag base pairs Tsp2I BeelI Bee 1I BarI MboII TfiI BarS1



Тут в месте склеивания наоборот остались все старые рестриктазные сайты, и даже появились новые, например, EcoRII. Если бы я не знал, что химерный геном является следствием рукотворных манипуляций, смог бы я это понять, глядя на эти 3 сиквенса? Вряд ли, даже если бы у меня и закрались какие-то подозрения, то точно не beyond a reasonable doubt. Быть может, специалистам в генной инженерии это было бы видно по каким-то другим признакам, утверждать не берусь — здесь буду рад любому ликбезу.

Но в любом случае, давайте сравним шиповидный белок у RaTG13, CoV2 и панголина-19. Вдруг там что-нибудь на нас как выскочит, как выпрыгнет!

Вот так выглядит RBD (выделен салатовым) и RBM (жёлтым) у всех троих:

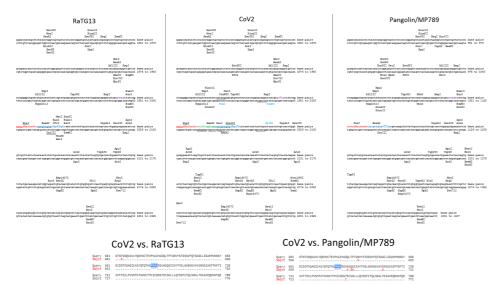


Что тут интересного? Любопытно было видеть сайт *EcoR*I на 5'-крае RBM у всех троих (первый стык между салатовой и жёлтой областями) — весьма удобно. Интересно, насколько это распространённая фича у других штаммов? Беглый анализ показал, что наша троица — рекордсмены по количеству таких сайтов в геноме, у других летучемышиных штаммов их всего по 5:

	EcoRI sites
RaTG13	10
CoV2	9
Pangolin 2019	8
Pangolin 2017	6
Rs3367	5
WIV1	5
RsSHC014	5
LYRa11	5
Yunnan2011	5

Возвращаясь к анализу RBD, из особенностей CoV2 можно отметить новые сайты рестриктаз, выделенные красными прямоугольниками — они совпадают с уникальными мутациями в аминокислотной последовательности (тоже отмечены красными прямоугольниками на аминокислотных сиквенсах в крайней правой колонке). На всякий случай я выделил ещё несколько новых сайтов: голубые прямоугольники и зелёный прямоугольник, который находится в районе единственной аминокислоты, различающейся между RBM CoV2 и панголина-19.

Давайте ещё сравним у всех троих штаммов место врезки PRRA, создавшей в CoV2 фуриновый сайт:



Тут тоже появилось несколько новых сайтов (выделены голубым) по обе стороны от новой вставки. Могли ли они быть использованы для создания фуринового сайта? Теоретически да. Но вставку можно было сделать и используя имеющиеся сайты, или даже создав сегменты с новыми сайтами, которые затем соединить «бесшовно», то есть не создавая новых сайтов на стыке. Если помните, Барик ещё в 2002 году применил эту технологию для создания синтетического клона мышиного коронавируса:

Места соединения сайтов рестрикции, которые расположены на концах каждой кДНК, систематически удаляются во время сборки полного полноразмерного продукта кДНК, что позволяет проводить повторную сборку без внесения изменений нуклеотидов.

▶ Исходный текст

А в 2003 повторил на синтетическом клоне SARS-CoV:

Чтобы быстро собрать консенсусные клоны, мы использовали рестрикционные эндонуклеазы класса IIS, которые разрезают в асимметричных участках и оставляют асимметричные концы. Эти ферменты генерируют специфичные уникальные оверхенги, которые обеспечивают бесшовное лигирование двух кДНК с последующей потерей рестриктазного сайта.

▶ Исходный текст

Сегодня технология жонглирования генными последовательностями уже настолько автоматизирована и поставлена на поток, что в китайской статье от октября 2019 года про врезку нового фуринового сайта в куриный коронавирус её описанию отведено лишь пару предложений:

2.2. Создание рекомбинантного вируса Рекомбинантный вирус rYN-S2/RRKR, содержащий шиповидный белок с фуриновым

рестрикции, лигирования или рекомбинации

сайтом 52', был получен путем vaccinia рекомбинации, как описано ранее [20, 28]. Вкратце, плазмиду с фуриновым сайтом 5 'генерировали с использованием набора для бесшовной сборки Seamless Assembly kit (Invitrogen, Carlsbad, CA, USA) и трансфицировали в клетки CV-1, инфицированные вирусом vaccinia, содержащим геном YN-?S-GPT. Сайт Furin-S2 был введен в кДНК YN путем гомологичной рекомбинации с использованием системы временной доминантной селекции [25].

▶ Исходный текст

Невозможно не восхищаться тем, до чего дошел прогресс! Вот описание вышеупомянутого набора для бесшовной сборки Seamless Assembly kit:

Набор для бесшовного клонирования и сборки GeneArt позволяет одновременно и направленно клонировать от 1 до 4 фрагментов ПЦР, состоящих из любой последовательности, в любой линеаризованный вектор с помощью одной 30минутной реакции при комнатной температуре. Набор содержит всё необходимое для сборки фрагментов ДНК и их трансформации в E.coli для отбора и роста рекомбинантных векторов.

- Скорость и простота клонируйте до 4 фрагментов ДНК с выбранной последовательностью одновременно в одном векторе (до 13 Кб); не требуются сайты
- Точность и эффективность предназначен для клонирования того, что вы хотите, где вы хотите, в нужной ориентации и достижения до 90% правильных клонов без лишних последовательностей.
- Гибкость вектора используйте наш линейный вектор или вектор по вашему

• Бесплатные инструменты — Создавайте ДНК-олиго и многое другое с помощью

- нашего бесплатного веб-интерфейса, который шаг за шагом проведет вас через ваш • Разнообразные приложения — Оптимизируйте многие методы синтетической
- биологии и молекулярной биологии с помощью быстрой комбинации, добавления, удаления или обмена сегментов ДНК. ▶ Исходный текст

До 4-х фрагментов ДНК можно склеить в нужной последовательности за каких-то

полчаса, причём без головной боли с рестриктазами или лигацией. И загрузить своё творение в E. coli для размножения полученной конструкции. Подводя черту под анализом рестриктазных сайтов, необходимо признать, что никаких однозначных выводов по его итогам сделать нельзя. Разве что в очередной раз можно

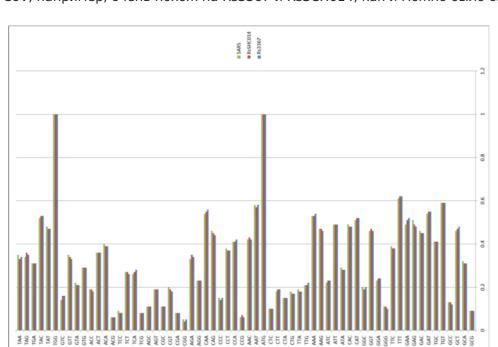
было убедиться, что не только CoV2 уникален, но и сам RaTG13 очень необычный товарищ, и что стоит дальше изучать его биографию.

Кодоновые предпочтения

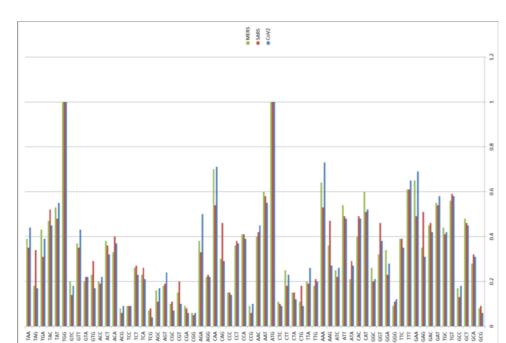
В этих целях я ещё решил взглянуть на codon usage bias, чтобы посмотреть на какие штаммы других вирусов похожи CoV2 и RaTG13. Не секрет, что вирусы склонны

подстраиваться по своей кодоновой сигнатуре под предпочтения их хозяев, поэтому я ожидал увидеть у RaTG13 схожий паттерн с другими лечучемышиными вирусами, а также надеялся увидеть отличие от панголиньих штаммов.

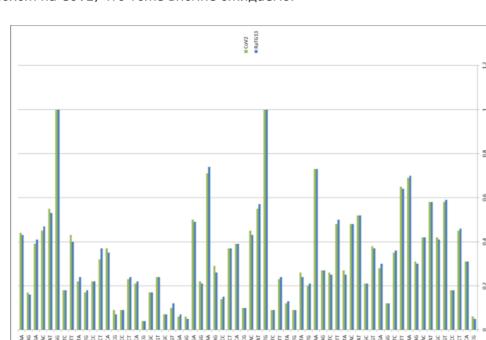
Вот SARS-CoV, например, очень похож на Rs3367 и RsSCH014, как и можно было ожидать:



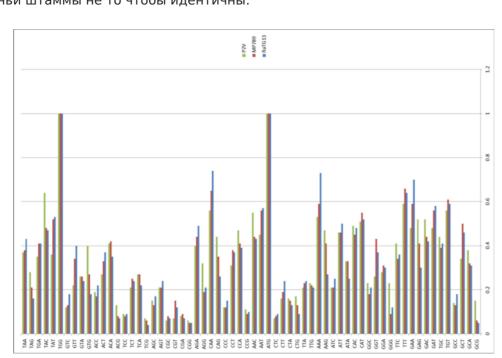
Между собой, кстати, SARS, MERS и CoV2 различаются:



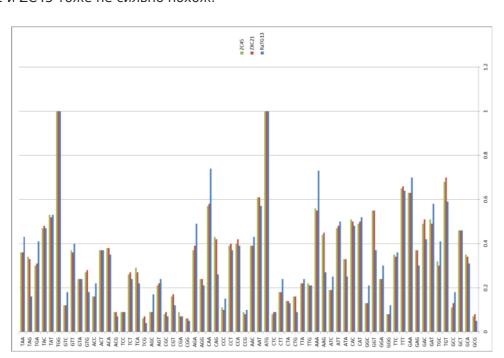
RaTG13 похож на CoV2, что тоже вполне ожидаемо:



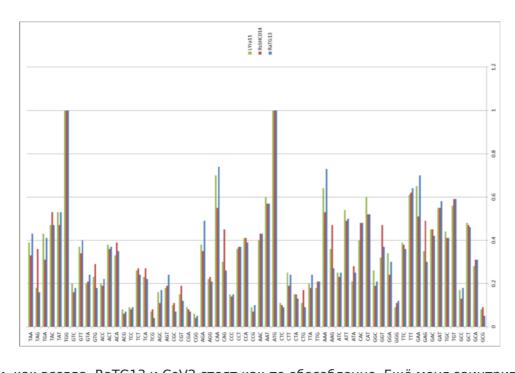
А вот на панголиньи штаммы RaTG13 действительно не супер похож, да и между собой панголиньи штаммы не то чтобы идентичны:



На ZXC21 и ZC45 тоже не сильно похож:



Из юньнаньских штаммов RaTG13 от Rs3367 и RsSCH014 довольно далёк, а ближе всего к LYRa11, но тоже с заметными различиями:



В общем, как всегда, RaTG13 и CoV2 стоят как-то обособленно. Ещё меня заинтриговал ААА кодон — он у них используется намного чаще, чем у соплеменников:

	Ly	/S
	AAA	AAG
CoV2	0.73	0.27
RaTG13	0.73	0.27
LYRa11	0.64	0.36
MERS	0.64	0.36
SARS	0.53	0.47
RsSHC014	0.53	0.47
Rs3367	0.54	0.46
ZXC21	0.55	0.45
ZC45	0.56	0.44
Pangolin 2019	0.59	0.41
Pangolin 2017	0.53	0.47

Вероятно, это просто очередное совпадение, но схожая пропорция между ААА и ААG наблюдается у *E. coli*. Может ли меняться кодоновая сигнатура у cDNA по мере её длительной культивации в клеточной культуре? В теории, да, но я пока глубоко эту тему не копал.

Что ж, кодоновый анализ тоже не выявил каких-то явных признаков рукотворности, но в очередной раз подтвердил уникальность CoV2 и RaTG13. Что у нас есть в сухом отстатке? Пока что лишь некий набор странных совпадений, который, как любят выражаться учёные, taken together, то есть, в совокупности, заставляет очень сильно задуматься. И уж точно не позволяет отвергнуть гипотезу о рукотворной природе CoV2.

А как же опровержение рукотворности в Nature?

никакого **опровержения** рукотворности в той статье нет. Есть только громкое «нам так не кажется», базирующееся на весьма зыбком фундаменте. Сами посудите — вот основные тезисы авторов в поддержку нерукотворности:

Как не позволяет? А почему авторам той статьи в Nature позволяет? На самом деле

Хотя приведенный выше анализ предполагает, что SARS-CoV-2 может связываться с человеческим ACE2 с высокой аффинностью, вычислительный анализ предсказывает, что его взаимодействие не является идеальным, и что его последовательность RBD отличается от показанной оптимальной последовательности для SARS-CoV [первый SARS — Ю.Д.] для связывания с рецептором. Таким образом, высокоаффинное связывание шиповидного белка SARS-CoV-2 с человеческим ACE2, скорее всего, является результатом естественного отбора на человеческом или подобном человеку ACE2, который позволил возникнуть другому оптимальному решению для связывания. Это убедительное доказательство того, что SARS-CoV-2 не является продуктом целенаправленных манипуляций.

Мсходный текст

является результатом естественного отбора на человеческом или подобном человеку ACE2, который позволил возникнуть другому оптимальному решению для связывания. Это убедительное доказательство того, что SARS-CoV-2 не является продуктом целенаправленных манипуляций.

▶ Исходный текст

Эта цитата в статье приведена прямо под диаграммой, на которой показаны идентичные RBM у CoV2 и панголина-19. Погодите, тогда при чём тут «компьютерное моделирование»? Наиболее вероятный сценарий рукотворности — перенос RBM из штамма одного животного в штамм другого — что вирусологи уже делали многократно.

можно было и круче вирус сдизайнить, значит CoV2 — результат естественного отбора. О, значит это и есть весомое доказательство того, что CoV2 нерукотворен!» Видимо, плохо с логикой у авторов. Дальнейшие их тезисы это подтверждают:

Кроме того, если бы была проведена генетическая манипуляция, вероятно, была бы использована одна из нескольких обратных генетических систем, доступных для

бета-коронавирусов. Тем не менее, генетические данные неопровержимо показывают, что SARS-CoV-2 не получен из какой-либо ранее использованной

Поэтому логическая цепочка авторов не выдерживает никакой критики: «на компьютере

Опять та же логическая ошибка, завуалированная громкими оборотами: «генетический анализ неопровержимо доказывает, что CoV2 абсолютно точно не был создан на основе ранее известных вирусов!» Ну спасибо, Капитан Очевидность. И что, неужели создатели вируса не могли сделать cDNA backbone из ранее не публиковавшегося штамма вируса например, из того же RaTG13? Да легко. Также им не составило бы труда затем туда вставить панголиний RBM и фуриновый сайт. Вирусологи этим занимаются 20 лет, а современный инструментарий генной инженерии делает такие манипуляции доступными даже студенту.

Насчёт возникновения фуринового сайта в клеточной культуре авторы тоже высказывают странные тезисы:

Приобретение как фуринового сайта расщепления, так и предсказанных О-связанных гликанов также противоречит сценариям возникновения в клеточной культуре. Новые фуриновые сайты расщепления наблюдались только после длительного пассирования вируса птичьего гриппа с низкой патогенностью in vitro или in vivo. Кроме того, гипотетическая генерация SARS-CoV-2 в клеточной культуре или пассировании в животных потребовала бы предварительного выделения вирусапредшественника с очень высоким генетическим сходством, которое не было описано. Последующее образование фуринового сайта потребовало бы повторного пассирования в клеточной культуре или у животных с рецепторами АСЕ2, сходными с таковыми у людей, но такая работа также ранее не была описана. ▶ Исходный текст

Во-первых, сами же авторы ранее приводят ссылки на работы, где фуриновый сайт возникал по мере культивирования вирусов в клетках. А во-вторых, что значит, не описан близкий штамм вируса — а как же RaTG13? Если в нём синтетически заменить RBM на панголиний, а затем культивировать химерный штамм в клеточной культуре, то фуриновый сайт вполне мог возникнуть и таким образом, и вдобавок, таким же путём новый штамм мог приобрести и другие мутации, отличающие CoV2 от RaTG13 и панголина-19.

Но в плане именно рукотворного варианта возникновения фуринового сайта мне более вероятным видится вариант с целенаправленной врезкой — как в другой китайской работе от октября 2019 года с куриным коронавирусом. А уже затем созданный штамм мог приобрести новые мутации по мере его культивирования in vitro или in vivo — как мышиный штамм МА15 в 2007 году, например.

Ши Чжэнли-2020

Пока я писал эту статью, вышла работа большого коллектива китайских вирусологов, включая Ши Чжэнли, в которой они ещё в феврале протестировали против CoV2 свою многолетнюю разработку от многих видов коронавирусов — некий пептид, который призван блокировать слияние шиповидного белка с клеточной мембраной. Авторы, конечно же, упоминают новый фуриновый сайт CoV2, и предполагают, что он может играть важную роль в гораздо более эффективном проникновении CoV2 в клетку:

В этом исследовании мы показали, что SARS-CoV-2 демонстрирует гораздо более высокую способность слияния с мембраной, чем SARS-CoV, что позволяет предположить, что механизм слияния SARS-CoV-2 является важной мишенью для разработки ингибиторов слияния коронавируса.

Как правило, в β-В коронавирусах отсутствует фуриновый сайт 51/52, а их шиповидные белки в нативном состоянии не расщеплены. Например, SARS-CoV проникает в клетку главным образом через эндосомальный путь слияния с мембраной, где его шиповидный белок расщепляется эндосомным катепсином L и активируется. Приобретение фуринового сайта S1/S2 может значительно увеличить способность шиповидного белка SARS-CoV проникать через клеточную мембрану. ▶ Исходный текст

В этом контексте становится интересно, а не проводили ли авторы ранее какие-то эксперименты по тому, как на эффективность их пептида может влиять добавление новых фуриновых сайтов в различные коронавирусы? Но не будем строить лишние догадки, позволим времени расставить всё по своим местам.

Кстати, Барик, видимо, решил не отставать от Ши Чжэнли, и тоже присоединился к гонке по поиску средств от CoV2. Как я понял, он и соавторы взяли уже имевшиеся у них данные об эффективности своего нуклеозидного аналога (β-D-N4-hydroxycytidine, NHC) против SARS-CoV и MERS, добавили in vitro данные по CoV2, и отправили в печать. Нуклеозидные аналоги (как, например, знаменитый ремдесивир) — это принципиально другой подход, чем у Ши Чжэнли и соавторов: тут авторы пытаются помешать репликации вируса, подсовывая ему «дефективные» буквы генетического алфавита, а Ши Чжэнли и соавторы пытаются не дать вирусу проникнуть в клетку. Теоретически, эти подходы можно будет комбинировать.

This is the end, beautiful friend

Ох, надеюсь до этого момента хоть кто-то дочитает. Простите, если утомил вас. Сам в шоке: кроличья нора оказалась целым подземным царством. Ещё надеюсь, что вам было интересно погрузиться в мир вирусологии и непредвзято рассмотреть гипотезу рукотворной природы CoV2. На мой взгляд, приведённый мной массив данных, в совокупности, не позволяет отвергнуть эту гипотезу.

На всякий случаю, поясню: это HE означает, что CoV2 точно был синтезирован в лаборатории. Да, чисто технически, создать такой штамм современному вирусологу не составило бы труда. Но прямых доказательств тому, что кто-либо это сделал, нет. А странные совпадения пока не могут служить даже косвенными доказательствами.

Но и обратная гипотеза об исключительно натуральной природе вируса тоже ещё вескими доказательствами не подкреплена. Пока не обнаружено промежуточных предков между RaTG13, панголином-19 и CoV2, в которых бы можно было проследить ту селективную рекомбинацию, которую мы наблюдаем у CoV2, вопрос о его происхождении остаётся открытым. Пожалуй, лучше самого Ральфа Барика на эту тему не выскажется никто:

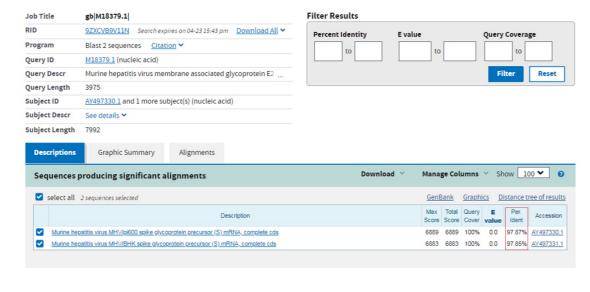
Какие животные являются зоонозными носителями SARS-CoV-2? Такие животные пока не найдены. Есть сведения, что панголины потенциально могут быть промежуточным хозяином, но вирусы панголина лишь на 88-98% идентичны SARS-CoV-2. Для сравнения, штаммы цивет и енотовидных коронавирусов первого SARS были на 99,8% идентичны штаммам SARS-CoV 2003 года. Другими словами, мы говорим о нескольких мутациях между штаммами цивет, енотовидных и людей в 2003 году. Панголиньи [штаммы CoV2] имеют более 3000 нуклеотидных изменений, поэтому панголины никоим образом не могут быть резервуарным видом. Абсолютно без шансов. ▶ Исходный текст

Такие дела.

UPD: о 4% разницы между геномами RaTG13 и Cov2

Некоторые критики лабораторной гипотезы утверждают, что наблюдаемое ~ 4% генетическое различие между RaTG13 и CoV2 слишком велико, чтобы это могло произойти в лаборатории, если сам RaTG13 использовался в качестве основы. Наблюдаемые скорости мутаций для РНК-вирусов варьируются в широких пределах — от 10^{-6} до 10^{-4} нуклеотидов на репликацию *in vitro*, а у людей CoV2, по-видимому, мутирует со скоростью 25 мутаций в год. Таким образом, по логике критиков, потребовались бы годы, если не десятилетия, чтобы эти два штамма разошлись на 4%. Несмотря на то, что это резонное возражение, я вижу несколько проблем с ним.

Во-первых, скорости мутаций *in vitro* намного выше чем *in vivo*, поскольку вы можете пассировать клетки гораздо чаще, чем заражать новых животных. Как показали эксперименты с SARS и MERS in vitro, существенные мутации могут наблюдаться уже после нескольких пассажей. Например, в статье 2004 года сообщалось, что после 600 пассажей уже наблюдалось 2,1% различий в геномных последовательностях шиповидный белков между исходным штаммом и его потомством:



Более того, в присутствии некоторых противовирусных препаратов, например, тех же нуклеозидных аналогов (рибавирина или ремдесивира), частота мутаций в РНК-вирусах может увеличиваться втрое:

Мы получили оценку частоты спонтанных мутаций ок. 10-4 замены на сайт или ниже, что находится в пределах общепринятого диапазона для РНК-вирусов. Примерно трехкратное увеличение частоты мутаций и значительное смещение мутационного спектра наблюдались в образцах пациентов, получавших лечение интерфероном и рибавирином в течение 6 месяцев. Этот результат согласуется с известным мутагенным действием рибавирина in vitro и предполагает, что противовирусный эффект лечения рибавирином и интерфероном, по крайней мере, частично проявляется в результате летального мутагенеза. ▶ Исходный текст

Таким образом, если лабораторный предок CoV2 тестировался для оценки того, как его мутагенез может менять эффективность потенциальных вакцин или противовирусных препаратов против него, он вполне мог достаточно быстро накопить существенные различия.

Но, возможно, самая большая проблема с аргументом о 4% -ной разнице заключается в

том, что он основан на том, что штамм RaTG13 является именно тем, чем его объявил WIV, и что других, более близких штаммов в их коллекции нет. Если мы хотим непредвзято рассмотреть гипотезу о лабораторной утечке, мы должны признать, что не можем полностью доверять данным от той самой лаборатории, которая подозревается в утечке. Если утечка все-таки произошла, как предполагает гипотеза, то WIV уже пытается ее скрыть, и предоставляемые ими данные вполне могут следовать той же цели.

Ещё раз хочу подчеркнуть, что я не утверждаю со 100%-ой уверенностью, что именно это произошло. Всё, что я говорю, это то, что, несмотря на заявления некоторых уважаемых учёных об обратном, утечка всё же *могла* произойти, и нам нужно гораздо больше доказательств, прежде чем мы сможем прийти к окончательному выводу. Но — и это важный момент — даже если CoV2

действительно был случайной утечкой, сами ученые в этом не виноваты, так как они работали в рамках общепринятых международных законов, и ничего криминального в том, что они делали не было, и нет. У меня нет никакой антипатии к самим вирусологам, наоборот, я восхищаюсь тем, каких высот достигла фундаментальная биология и генная инженерия. А вот к тем, кто, если утечка произошла, пытается её скрыть, совсем другой разговор. Кстати, есть кое-что, что могло бы помочь поверить утверждениям WIV о природе RaTG13

- если они согласятся передать независимым лабораториям свои юньнаньские образцы от 2013 года, из которых Ши Чжэнли извлекла RaTG13. У них они всё ещё должны быть, если они в 2020 году повторно из них секвенировали полный геном RaTG13.

UPD2: RaTG13 — тот же штамм, что и RaBtCoV/4991?

После того, как я опубликовал этот пост, мне указали на препринт, в котором утверждается, что RaTG13 на самом деле может являться штаммом RaBtCoV/4991 (КР876546), об обнаружении которого в 2013 году в заброшенной Юньнаньской шахте группа Ши Чжэнли сообщала в 2016 году. Есть несколько причин так считать. Прежде всего, единственная опубликованная последовательность из RaBtCoV/4991 на 100% идентична последовательности RaTG13 на уровне **нуклеотидов**, хоть это всего лишь и 370 нуклеотидов из гена RdRp:

Bat coronavirus RaTG13, complete genome Sequence ID: MN996532.1 Length: 29855 Number of Matches: 1

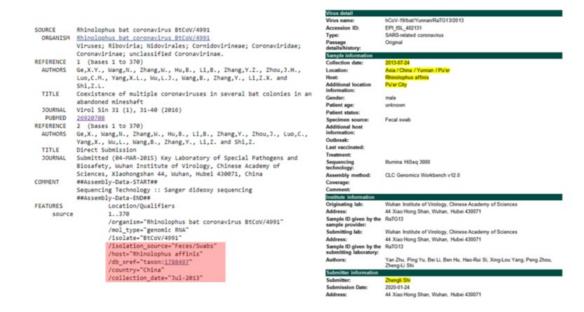
Range 1: 15322 to 15691 GenBank Graphics

Query 361 TCAATGATGA 370 Sbjct 15682 15691

Score 684 bit	ts(370)	Expect 0.0	Identities 370/370(100%)	Gaps 0/370(0%)	Strand Plus/Plus	
Query Sbjct	1 15322	GCCTCACTTGTT	CTTGCTCGCAAACATACAAC	GTGCTGTAGCTTGTCACA	ACCGTTTCTAT	60 15381
Query Sbjct	61 15382	AGATTAGCTAATO	GAGTGTGCTCAAGTATTGAG	TGAAATGGTCATGTGTGG		120 15441
Query	121 15442	TATGTTAAACCAG	GGTGGAACCTCATCAGGAGA	TGCCACAACTGCTTATGC	TAATAGTGTC	180 15501
uery bjct	181 15502	TTTAACATTTGT	CAAGCTGTTACGGCCAATGT	TAATGCACTTTTATCTAC	TGATGGTAAC	240 15561
uery bjct	241 15562	AAAATTGCCGATA	AAGCACGTCCGCAATTTACA	ACACAGACTTTATGAGTG	TCTCTATAGA	300 15621
Query Sbjct	301 15622	AATAGAGATGTT	GACACAGACTTTGTGAATGA	GTTTTACGCATATTTGCG	TAAACATTTC	360 15681

▼ Next Match ▲ Previo

Во-вторых, данные о сборе материала, из которых были выделены эти штаммы, практически идентичны: оба были собраны в июле 2013 года из мазка летучих мышей *R. affinis*:

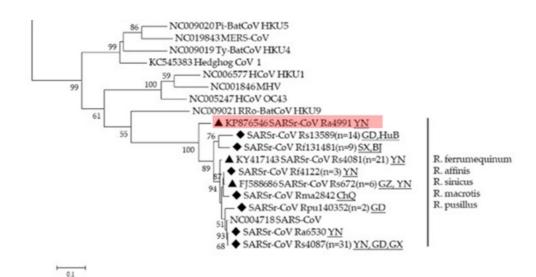


Образец с RaBtCoV/4991 был собран на шахте, расположенной в округе Мудзян, который находится под юрисдикцией города Пуэр:

Автономный округ Мудзян является автономным округом под юрисдикцией города Пуэр, на юге провинции Юньнань, Китай. Wikipedia

А город Пуэр указан как место сбора RaTG13 в базе данных GISAID, что вполне может быть приблизительным указанием местоположения шахты в Мудзян.

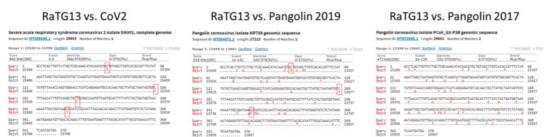
Странно, что в своей статье от 2020 года о RaTG13 Ши Чжэнли не упоминает RaBtCoV/4991 и не цитирует свою статью 2016 года о его открытии, в которой она указана как «разработавшая и координировавшая исследование». При этом, вряд ли RaBtCoV/4991 был совсем забыт, так как он упоминается в статье группы Ши Чжэнли от 2019 года, где он включен в филогенетическое древо других коронавирусов:



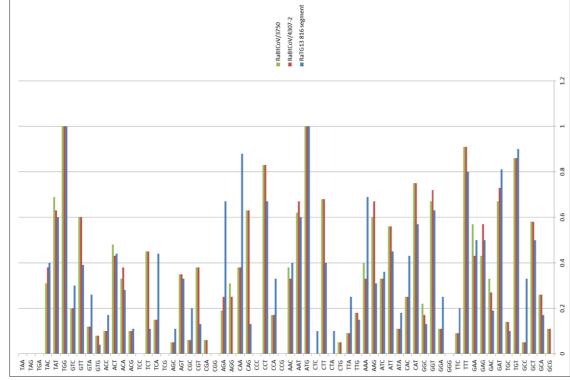
Sampling map (A) and phylogenetic analysis of CoVs detected in Rhinolophus bats (B). A total of 19 provinces (indicated in gray) in China were involved. 1. Beijing (BJ); 2. Chongqing (CA); 3. Fujian (FJ); 4. Gansu (GS); 5. Guangdong (GD); 6. Guangxi (GX); 7. Guizhou (GZ); 8. Hainan (HaN); 9. Hebei (HeB); 10. Henan (HeN); 11. Hubei (HuB); 12. Hunan (HuN); 13. Jiangsu (JS); 14. Shandong (SD); 15. Shanxi (SX); 16. Sichuan (SC). 17. Tibet (T); 18. Yunnan (YN); and 19. Zhejiang (ZJ). The partial sequences of RdRp gene (327-bp) of CoVs detected in Rhinolophus bats were aligned with those of published representative CoV strains. The tree was constructed by the maximum-likelihood method with bootstrap values determined with 1000 replicates. The scale bar indicates the estimated number of substitutions per 10 nucleotides. Filled triangles indicate the CoVs published previously by our lab (KU343197, KP876536, KP876544, MF094687, KP876546, KY417143, FJ588686) [15.18,40,41], filled diamonds indicate CoVs detected in this study. Putative novel alphaCoVs are labeled in green. BtCoV/Rh/YN2012 detected in Guangdong and Yunnan province in this study are in bold. FIPV, Feline infectious peritonitis virus; PEDV, porcine epidemic diarrhea virus; MHV, mouse hepatitis virus. Other abbreviations are defined as those in the text. Numbers in parentheses indicate numbers of sequences sharing >97% identity.

Я сомневаюсь, что место RaBtCoV/4991 в этом дереве было определено исключительно на основе фрагмента в 370 нуклеотидов, поэтому я думаю, что к началу 2019 года группа Ши Чжэнли уже секвенировала его геном.

Кстати, интересно, что геномы панголина-2017 и панголина-2019 также очень близки к RaTG13 и CoV2 в этом участке гена RdRp, а CoV2 и панголин-2019 имеют несколько общих мутаций, не наблюдаемых в RaTG13:



Я также решил сравнить кодоновый профиль между RaTG13 и другими штаммами из *R. affinis*, живших в той же заброшенной шахте. К сожалению, для других штаммов Ra были опубликованы только 816-нуклеотидные сегменты из гена RdRp (RaBtCoV/3750 и RaBtCoV/4307-2), поэтому для сравнения кодоновых предпочтений я извлек соответствующий 816-нуклеотидный сегмент из RaTG13. В итоге, RaTG13 опять заметно отличается, в то время как два других штамма довольно близки:



Теги:

коронавирус, SARS, MERS, covid-19, Ухань, вирусология, Ши Чжэнли, Ральф Барик, WIV,

Хабы: Научно-популярное,

RaTG13

Биотехнологии, Здоровье

+341 334 205.0 Юрий Дейгин @YuriDeigin Борец со старением Сайт Сайт Сайт ПОХОЖИЕ ПУБЛИКАЦИИ 23 июля 2020 в 09:50 Роспотребнадзор запустил портал научных публикаций COVID-19 PREPRINTS +8 920 1 2 8 июля 2020 в Samsung представила портативный стерилизатор для смартфонов — COVID-19 он, скорее всего, не уничтожает +7 2,9k 3 5 23 июня 2020 в Строительный сектор вымирает. Кризис COVID-19, растущие проблемы и

Строительный секто новые возможности

+2 9k 14 40

СРЕДНЯЯ ЗАРПЛАТА В ІТ

110 000 ₽/мес.

Средняя зарплата по всем IT-специализациям на основании 7 991 анкеты, за 2-ое пол. 2020 года

Узнать свою зарплату

hjornson 20 апреля 2020 в 02:16

+30

краткая выжимка из всего сказанного: общий уровень исследователей примерно одинаков и вирус мог быть сделан кем угодно.

DGN 20 апреля 2020 в 04:21

+34

Я понял так. Для доказательства естественности надо найти все промежуточные виды вируса. Для доказательства искуственности надо найти лабораторные записи.

20 апреля 2020 в 14:39 **Amistad**

+5

Да нате вам, лабораторные видеозаписи:

Сейчас Вчера Неделя

Как AliExpress помогает обманывать покупателей

86,8k 570

ЧТО ОБСУЖДАЮТ

Deutsche Bank предложил 5% налог на людей, которые после пандемии продолжат работать из дома

13,9k 85

SDR DVB-T2 receiver на C++

7,4k 16

Как устроен билд АРК файла внутри

1,6k

Что, если айтишник сможет менять проекты, роли и даже департаменты

Мегапост

DrGii 20 апреля 2020 в 16:09

-1 Можно и фотки глянуть.

Ухань, тряпичные офисные стулья

Ухань, примотаем пластырем

Ухань, делаем ремонт

+4

arheops

Это вы в типичном российском НИИ давно не были. Что такого в «примотаем пластырем?» Или надо все поломки тут же заменять на

20 апреля 2020 в 18:26

новые, даже если ручка треснула?

gecube 20 апреля 2020 в 18:32

Ну, Вы просто увидели негативный эмоциальный окрас в сообщении уважаемого @ DrGii хотя его сообщение абсолютно нейтральное.

Давайте еще про лабораторию Вектор вспомним. Ту самую, которая тест-системы производит. https://ria.ru/20040820/658993.html

И еще много всяких приключений с этой лабораторией было

keydet 21 апреля 2020 в 10:55

0

Подозреваю, что здесь речь про якобы Biosafety level 4, на который претендуют не самые типичные российские НИИ, а скорее некоторые российские военные лаборатории.

https://ru.m.wikipedia.org/wiki/Эпидемия сибирской язвы в Свердловске

Balling 22 апреля 2020 в 04:13

А вам всё шуточки. А тем временем США открыли в эту теорию расследование, и соответственно в Википедии это уже не конспирологическая теория, а теория. Но консенсус, что это НЕ химерный вирус.

ru.wikipedia.org/wiki/%D0%A3%D1%85%D0%B0%D0%BD%D1%8C%D1%81%D0%BA%D0%B89 en.wikipedia.org/wiki/Wuhan_Institute_of_Virology

barbalion 20 апреля 2020 в 16:00

+45 На самом деле статья вредная! Потому что опять без каких-либо доказательств на ученое

сообщество бросается тень в глазах массового читателя. Обвинение очень уважаемых ученых, работающих на переднем крае науке, на основании «что-то слишком много совпадений» со стороны дилетантов (а все читатели этой статьи именно дилетанты, т.к. профессионалы такие статьи читать не станут, ибо у них есть более аргументированное мнение), может иметь очень опасные последствия. Основываясь на логике типа «компьютерные вирусы пишут антивирусные компании, пожары организуют пожарники, а врачи убивают потому что в больницах люди чаще умирают» не далек тот час, когда «пролетарии» пойдут с вилами на ученых, не особо разбираясь, кто там чем занимается. Вспомните, что сейчас происходит в развивающихся странах, где объявили карантин там нападают на всех «белых» людей, потому что им из телевизора сказали, что вирус привезли туристы. И даже если это правда, она, попавшая в неправильную голову, приводит совсем к не тем результатам, которых вам хотелось бы.

понимают в этой теме. Однако «серьезный вид», изобилие графиков и натянутое на глобус частное мнение производят магический эффект — люди верят. А если задуматься, то уровень аргументации ровно такой же, как у креационистов и уфологов: «Ведь это возможно!». Да, блин, возможно. Как и «чайник Рассела». Но есть понятие презумпции невиновности, которая для ученых должна действовать до самого конца. И даже, когда ученый правда виноват, — это должно обсуждаться в среде профессионалов, а не в телевизоре и интернет-порталах.

Вот из всех, проголосовавших за эту статью тут, возможно всего пара человек реально

Исследования происхождения этого вируса будут продолжаться еще долго. И делать это будут те же ученые вирусологи и генетики, которых вы сейчас ставите под удар своими «подозрениями». Любые прорывные исследования сопряжены с риском. Вспомните начало исследования

атомной энергии. Стоило ли после первой аварии/утечки все свалить на то, что «у вас лаборатория не безопасная, вам надо все запретить», и предать всех ученых остракизму? Задавать вопросы - можно и полезно, но не стоит этого делать в «популярной» форме для неквалифицированных масс.

Возвращаясь к высказанным доводам, позволю себе их покритиковать. Уровень аналитики

сродни биржевому анализу. Это тот, который замечательно описывает все, что уже произошло, но не в состоянии предсказать будущее ни с какой разумной точностью. Когда вы сравниваете CoV2 с ранее известными штаммами, вы УЖЕ ЗНАЕТЕ, что именно этот вирус стал причиной эпидемии, поэтому ставите ЕГО в качестве референса. Поэтому ваши графики поддерживают вашу теорию. Предположим на секунду, что вы вирусолог, создающий новый штамм. У вас есть в качестве референса SARS и MERS, и получается, что создавать штамм структуры CoV2 вам нет смысла - он слишком от них отличается, значит скорее всего вы ту сторону даже копать не будете.

CoV2 пришел оттуда, откуда не ждали (имеется в виду совсем не тот штамм, которого опасались, а регион и переносчик всегда были под подозрением). Да, это все те же летучие мыши, в которых живут десятки или сотни тысяч различных штаммов, и каждый год появляется еще тысяча. Мы за 20 лет активных исследований смогли более-менее изучить сотню-другую. А сколько мы еще не нашли?

«Отсутствующие звенья» — это не причина кричать о божьем/злом замысле.

Neuromantix 20 апреля 2020 в 16:54

На ученое сообщество бросает тень прежде всего оно само, которое не может дать

-14

однозначных ответов на простые вопросы о способах распространении вируса как минимум. Бесконечная перетасовка методичек ВОЗ, вплоть до взаимоисключающих пунктов — это, видимо, тень не бросает.

gecube 20 апреля 2020 в 17:03

+16

ВОЗ — это не ученые, а, извините, чиновники от медицины

Neuromantix 20 апреля 2020 в 17:17

Хорошо, вопрос к ученым — почему есть т.н. «бессимптомные» и каков их процент? Не являются ли эти «бессимптомные» глюками тест-систем, дающих ложноположительные результаты? Если нет, то почему одни «бессимптомные», а вторые умирают? Есть ли примеры подобного у других болезней? (Варианты условных патогенов не рассматриваем). Каков вообще механизм этих «бессимптомных»? Вопрос второй — какими конкретно способами передается вирус? Вот прям

списком, а не «возможно», «гипотетически» и тд и тп.

Am0ralist 20 апреля 2020 в 17:21 +16

Грипп вас не устраивает?

почему есть т.н. «бессимптомные» и каков их процент?

Потому что у всех разных иммунитет? Ах да, я забыл:

На ученое сообщество бросает тень прежде всего оно само, которое не может дать однозначных ответов на простые вопросы

при этом вы задаёте вопросы по уровню где-то начальной биологии и утверждаете, что вам ответов не завезли?



-1

Не являются ли эти «бессимптомные» глюками тест-систем, дающих ложноположительные результаты?

для ПЦР? Ложноположительный? Про один из вариантов анализа можете почитать

https://helix.ru/kb/item/09-185

Вопрос второй — какими конкретно способами передается вирус? Вот прям списком, а не «возможно», «гипотетически» и тд и тп.

так все уже обсудили — воздушно-капельный. Контактный — под вопросом. Но есть ощущение, что вся эта дезинфекция в РФ — это все действия на публику, чтобы успокоить народ, а заодно и немного попилить в традиционно русском стиле бюджетные средства

Neuromantix 20 апреля 2020 в 17:42

-1

В соседней статье мне ответили «контактный, воздушно-капельный под вопросом». Пруфов нет ни там, ни тут. Я их тоже найти не могу (кроме методичек ВОЗ и «гипотетически», «под вопросом» и «возможно»). ПЦР, насколько я знаю, делается по нескольким точкам, а не по сходству всего целльного генома с образцом. Как в этой статье показано, отличие в S-участке вируса делает его сильно разным (один мышиный, другой человеческий). Я тут ниже спросил, захватывают ли стандартные тесты на ков-2 именно эти критические точки, и возможны ли положительные срабатывания на вирусы кошек и прочих панголинов? По поводу бессимптомного гриппа я ничего внятного не нагуглил. Есть упоминание о тяжести течения заболевания — от очень легкой (тем не менее с симптомами в виде головной боли и ломоты) до очень тяжелых. А вот чтоб вообще без симптомов — такого не нашел. Ну и распределение тяжести скорее всего выражается стандартной гауссианой, т.е. есть некая «средняя тяжесть» в пике, и по краям тяжелые и

гауссианой, т.е. есть некая «средняя тяжесть» в пике, и по краям тяжелые и бессимптомные. Но озвученные сейчас 70-90% «бессимптомных» в гауссиану не лезут никак.

0].

vectorplus 20 апреля 2020 в 19:20

+3

У sars-2 хитрый метод проникновения в клетку через рецептор ангиотензин превращающего фермента. Эти рецепторы у всех немного разные, может это влиять. Есть данные, не очень проверенные, но похожие на правду, что интенсивность заболевания также зависит от дозы вируса. Тяжелее болеют медработники и прочие сильно обсеменённые граждане. И надо помнить про мутации и естественный отбор. Это характерно практически для всех инфекций — они ослабляются в процессе циркуляции. Механизм тут простой — сильно злые штаммы убивают носителя или как минимум заставляют окружающих заняться дезинфекцией и изоляцией. Бессимптомные вирусы имеют больше шансов передаться дальше.

arheops 20 апреля 2020 в 19:38

+2

Просто путаница с терминами.

Передача точно droplet(каплями в выдохе), возможно контактный(руками), очень маловероятно airborn(в воздухе на большие расстояния).

Грипп очень часто бывает бессимптомным(ну не считать же симптомом повышение количества Т-лимфоцитов на 2%). Просто его не диагностирует никто с тяжестью меньше ломоты. Кому это надо?

С какого перепугу тяжесть будет гаусианной? Там точно будет перегибы вида «неспецифически имунитет начал работать» и «выработан специфический иммунитет».

907 23 апреля 2020 в 11:16

0

Американский доктор, который непосредственно работает с коронавирусными больными с самого начала, утверждает что на 99% этот вирус распространяется контактно...

sko-online.ru/stat/post/dejv-prajs-kak-snizit-opasnost-zarazheniya-covid-19-na-99

BigBeaver 23 апреля 2020 в 11:32

0

Совершенно очевидно, что это зависит от паттернов поведения. Если соблюдать социальную дистанцию — то контактно. Если дышать другдругу в лицо, то капельно.

Neuromantix 23 апреля 2020 в 14:42

-1

Но ведь выше мне сказали, что он распространяется капельно? А еще чуть выше мне сказали, что ученые уже дали однозначные ответы, а я задаю тупые вопросы, и мне нужно читать учебник школьной биологии. Как же так? Кому верить?

Virtu-Ghazi 2 мая 2020 в 21:22

+2

Учебник в любом случае прочитать, всегда полезно) Вирусу по большому счёту пофиг, на капле слюны он прилетел, или человек его подобрал рукой с поверхности и потрогал лицо — в итоге он попал на слизистую дыхательных путей, связался с подходящим рецептором в какой-нибудь клетке и вперёд. Просто по воздуху, не на «пушечном ядре» капельки или чего-то вроде вирусные частицы летят плохо, и как минимум в этом вроде все сходятся. Так что я бы

согласился с тем, что от паттернов поведения должно зависеть.

Neuromantix 2 мая 2020 в 22:41

0

Я этих учебников в свое время начитался до 2 места во всероссийской по биологии 3 года подряд. Вопрос в том, насколько долго вирус сохраняет опасность на поверхностях. Т.к. от этого радикально зависит паттерн поведения, чтобы избежать заражения. Причем речь о сохраняемости активного вируса, а не ПЦР-следов.

gec

gecube 2 мая 2020 в 22:51

+3 я не вижу в этом проблемы — мыть руки перед едой, мыть

продукты, не трогать лишний раз лицо — стандартная гигиена. А вот эти вот меры с помывкой улиц, детских площадок и поверхностей — это, извините, скорее показуха, чем реально работающая движуха

gecube

gecube 20 апреля 2020 в 17:06

-6 ет

Знаете в чем проблема... Есть больные на голову люди. И среди ученых они тоже попадаются. Помните такую штуку, как Геростратова слава? А как насчет того, чтобы убедить людей в выделении бюджета и в опасности чего-либо сделать демонстрацию этого? Вот был буквально недавно классный фильм на NG про Эболу, рестонский вариант. https://www.kinopoisk.ru/series/1227497/

Очень милый сериальчик. Рекомендую к просмотру. И там один из главных героев, действительно крутой специалист, раздувает проблему существенно больше, чем она есть на самом деле. Только лишь из благих побуждений. Чтобы человечество задумалось и начало в этом направлении работать. Кошмар.

barbalion 20 апреля 2020 в 17:40

+3

Ну все же это художественный вымысел. «Больные» люди встречаются, но среди

ученых их меньше. Это только в комиксах злобный маньяк-профессор стремится уничтожить мир. В реальности все скучнее.

ardraeiss 20 апреля 2020 в 18:29

-1

но среди ученых их меньше.

И чем подтвердите? Для "больной на голову" вовсе не требуется хотеть уничтожить мир. Какой-нибудь

структурированной воды уже достаточно для подозрения в. Да, могут быть куда более банальные варианты, вроде борьбы за бабло, но и вариант болезни не исключается.

```
Virtu-Ghazi 2 мая 2020 в 22:18
```

0

В реальности всё куда прозаичнее: врач, ангажированный производителями вакцин и кем-то там ещё, провёл некорректное исследование и убедил многих людей, что вакцины вызывают аутизм. Учёный, никем (возможно) не ангажированный (а может и да, я не знаю), поставил некорректный эксперимент, из-за которого многие теперь думают, что ГМО-продукты канцерогенны и т.п. В 90-е годы одна научная группа претендовала на выделение «пара-» и «орто-» воды

(сонаправленные/противонаправленные спины атомов водорода в молекуле), причём пропихивалось это под соусом «живой/мёртвой» воды, отчаявшиеся люди за большие деньги это покупали (безрезультатно, да и позже опровергли возможность

разделения). Про Петрика и всякие «Электрические витамины» я вообще промолчу.



+9

И даже, когда ученый правда виноват, — это должно обсуждаться в среде профессионалов, а не в телевизоре и интернет-порталах.

Дискуссия с опровержениями — правильный путь.

Снобизм и враньё «вирус мог быть только естественным», когда правильный ответ учёного-скептика звучит как «пока данных мало, есть только гипотезы» не делают

чести. Я понимаю for greater good, чтобы не оставлять поле дебилам-конспирологам, но давайте не будем думать, что все в публике тупые (как BO3/CDC с их «маски не работают» на деле оказалось «лишь бы не скупили толпы, а то медперсоналу не хватит, а по маскам информация разная есть»).

Далее, 20 лет грантов и исследований. С кучи вспышек. Почему уже 4 месяца люди методом проб и ошибок ищут лекарства, и нет вакцин опробованных? Зато куча исследований синтеза тех или иных вирусов?

Наймите пиар-менеджеров, спецы по коронавирусам уважаемые. Я знаю про решение для Эболы, которое распиарили. Напишите, как за 20 лет создали вакцины или лекарства от, не знаю, кошачьих коронавирусов, или там спасли миллионы жизней домашнего скота. Где выхлоп?

Cord 20 апреля 2020 в 17:45

+7

и, кстати, если это вдруг утечка (хотя я склоняюсь к причудам природы, слишком уж часто и без лаборатории вирусы преодолевают межвидовой барьер), то учёные тут

Скорее, спонсоры исследований, ответственные за безопасность и менеджмент лаборатории

А найти причину очень важно Ибо если он прыгнул со зверей — может быть там, и повторная вспышка неизбежна

А если утечка — надо менять стандарты и миром всем вырабатывать новые механизмы предотвращения

Для куда меньших мировых проблем делаются комиссии, которые разбирают все до мелочей. Будь то 9/11, авиакатастрофы, утечки в области атомной энергетики и тд

А тут — пандемия, грядущая рецессия и тд

Это нельзя оставить просто так. Нужно выявить причину, устранить ее и минимизировать вероятность повторения + повысить готовность мира к новым пандемиям

Так что да, мы все, обыватели, имеем в этом интерес и будем плотно следить и интересоваться



+2

надо менять стандарты

Стандарты нормальные, просто в странах второго мира им не следуют так строго, как положено. Тут в комментариях запостили матерчатый стул в лабе, в Универе Калгари например такое просто невозможно, никогда и никак.

грядущая рецессия

Я не экономист, но насколько я знаю, рецессия происходит как раз сейчас, а после отмены карантинов и открытия границ нас наоборот ждёт отложенный рост.

Alexey2005 20 апреля 2020 в 19:29

Да потому что никто из политиков не заинтересован в выявлении и тем более устранении причин. Скорее всего по итогу эпидемии Китай в ультимативной форме назначат виновным, проведут серию показательных международных судилищ и будут лет 30 стрясать компенсации. И это ещё в лучшем случае, а то как бы и в страны-изгои не записали...

Тут вон дело сбитого малазийского боинга уже шесть лет тянется, и конца-края не видно, а вы про вирус с сотнями тысяч погибших и в край разрушенной мировой экономикой. Тут если кто и виновен, он очевидно насмерть стоять будет, даже когда к стенке припрут.

vakhnenko 22 апреля 2020 в 20:32

+1

> если утечка — надо менять стандарты и миром всем вырабатывать новые механизмы предотвращения

Стандарты есть, погуглите BSL-3. Просто если им не следовать, будут утечки. И сделать биологические исследования с опасными микроорганизмами полностью защищенными от дурака/лентяя — нереально.

```
afilei
         23 апреля 2020 в 05:21
```

0

«Будь то 9/11» — т.е. вы точно знаете причину падения Building 7?



0

Она утонула оно упало.

Oserg 23 апреля 2020 в 09:51

0

Оно выгорело, как и WTC 1/2. Стальной несущий каркас типа tube-frame оказался уязвимым к огню

```
afilei 25 апреля 2020 в 04:19
```

0

В 1-2 горели тысячи нефти — ну ОК. В 7 врезался горящий шкаф — не помогли системы пожаротушения, ничего не спасло. Kapkac tube-frame оказался не готов к незатушеному окурку. Здание сложилось не хуже 1-2. Ну вы конспиролог :)

```
0serg 25 апреля 2020 в 09:40
```

+5

Системы пожаротушения там бы как раз здание спасли. Но к сожалению падение башен снесло и электричество и водопровод. Имевшиеся системы немножко не умели работать в такой ситуации, плюс требовали ручной авторизации на их применение, а персонал из здания свалил задолго до начала пожара. Даже пожарные которые попытались подать воду с земли не нашли к чему подключиться (впрочем у них на тот момент хватало других проблем по спасению оказавшихся под завалами, так что они не очень старались). Ну а дальше несколько часов разгорался никем не контролируемый пожар, который в итоге охватил целые этажи и большую часть здания в котором хватало горючих материалов. Три с половиной часа — и здание стало крениться и потрескивать. Пять часов — и пожарные поняли что пора валить подальше от здания которое явно начало разваливаться. Семь часов — и здание наконец рухнуло, почти через 4 часа после появления первых признаков проблем и через 2 часа после того как

стало очевидным что оно не только горит, но и разваливается. Похожий пожар по тем же причинам, к слову, был в WTC 5. Там здание не сложилось, но было повреждено пожаром достаточно для того чтобы было

```
Oserg 25 апреля 2020 в 12:24
```

+2

Вот кстати как выглядело WTC 5 после пожара, просто для лучшего понимания

▶ Снаружи

принято решение о его сносе.

По-моему до крайности наглядно. В 9-этажке это не привело к

▶ и внутри

фатальным последствиям, а вот в небоскребах закончилось печально.

```
kometakot 24 апреля 2020 в 11:23
   +1
Посмотрите на
на это фото
и ответьте — почему бы оно не могло упасть?
```

ardraeiss 20 апреля 2020 в 18:33

+1

чтобы не оставлять поле дебилам-конспирологам

Но ведь они и без всяких статей будут и будут верить хоть обопровергайся, хоть молчи наглухо.

Yuuri 21 апреля 2020 в 09:56

0

А так им будет проще завлечь в свои ряды сомневающихся мимокрокодилов.

ardraeiss 21 апреля 2020 в 10:03

0

Не уверен. Когда молчат — "значит точно что-то скрывают!".

elCreator 22 апреля 2020 в 16:22

Публикации — это ведь не приватная беседа, где ученый может сказать то, что думает. Опубликуют политкорректную версию, а если ученый сам решится выступить с чем-то, что может негативно отразиться на отношении к какому-то государству или расе — это в лучшем случае будет стоить ему карьеры.

PerlPower 20 апреля 2020 в 17:52

+4

0

Вот из всех, проголосовавших за эту статью тут, возможно всего пара человек реально понимают в этой теме.

Вот кстати да. Да даже те кто могут понять, должны потратить немало часов на проверку всего этого. Поэтому даже если вы лично подслушали решение совета иллюминатов о создании этого вируса, имея доказательства уровня тех, что в статье, вы не сможете доказать широкой публике что вирус рукотворный. Очень большой порог входа, который люди не осилят даже при желании.

Так что в принципе нет разницы рукотворный вирус или нет. Через пару десятилетий синтез вирусов будет доступен даже не самым богатым террористам. И штуки подобные ковиду будут появляться на регулярной основе. Вопрос заключается в том, что с этим делать.

И на мой взгляд наоборот хорошо, что все началось с относительно безобидного вируса, потому что это позволит привлечь внимание общественности к нормальному финансированию биотеха. Что в него нужно сейчас вливать столько же сколько в космическую и ядерную гонку прошлого века, иначе будет очень печально, независимо от того получится ли убойный вирус от случайной рекомбинации или создан намеренно.

ClearAirTurbulence 23 апреля 2020 в 02:26

+3

Да тут не надо все досконально понимать, чтобы прийти к информированному предположению о том, что по совокупности аргументов вирус таки может быть искуственным. Основная позиция OL ведь какая была (с которой я до прочтения этой статьи из нелюбви к рен-тв и т.п. автоматически и не задумываясь соглашался) вирус не искуственный, мы в такое пока не умеем.

А если вдуматься, и почитать исследования, хотя бы abstract'ы, то таки умеем. Неидеально, без конструкторов «Юный атомщик» и «Вырасти вирус» для скрипткидди, но не совсем уж никак. А раз тут неувязочка, то нужно смотреть внимательнее. Что автор и сделал. Без каких-либо громогласных необоснованных выводов, как и подобает сдержанному мужу.

admin_admin 20 апреля 2020 в 18:13

Не-не товарищ, у нас есть своя голова на плечах Как неоднократно доказано Шерлоком Холмсом преимущества мозгов важнее вашей

Программеры могут разобраться во всем — если будет необходимость! И тут надо доказывать ОБРАТНОЕ — что этот вирус не утечка (спецом или по

разгильдяйству) из лаборатории Пока что все доказательства — прямые. Более того — достаточно одного совпадения местоположения интститута, чем там занимаются, кто приезжает. Пока все очевидно как белый день.

Теперь ваши доказательства что вирус не из лаборатории!

ardraeiss 20 апреля 2020 в 18:36

+2

Пока что доказательства только о физической возможности того, что вирус можно получить в лаборатории. И что конкретная лаборатория вполне могла. И что конкретные люди в ней — могли. И делали похожее. То есть косвенные. Прямых то нет. Прямой — это пробирка с, отчёт о создании, заметка об утечке. Такого нет.

Потому вывод пока один "возможно и искусственное происхождение, нужно тоже проверить. И пофиксить варианты утечки, ежели таковые/возможные найдутся вне зависимости от происхождения вируса".

gecube 20 апреля 2020 в 18:38

0

Прямой — это пробирка с, отчёт о создании, заметка об утечке

если сотрудники лаборатории не идиоты, то вы этих прямых док-в никогда не найдете. Разве что у них есть журнал прошитый о проведении работ. Но и из него мистическим образом могут пропадать целые листы

arheops 20 апреля 2020 в 20:03

0 Так вы бы и похожий вирус от них тогда никогда бы не увидели

DGN 22 апреля 2020 в 06:01

+2

Очень сложно замести следы. Если будет некое серьезное расследование международного сообщества, будут подняты все лабораторные журналы, все видеозаписи, опрошены работники. Даже если видеозаписи стерты (а это само по себе улика), журналы переписаны (а это очень сложно фальсифицировать), есть склад образцов и реактивов, счета заказов у сторонних организаций и их банковский след, есть счетчики наработки у лабораторного оборудования. Я уж и не говорю о том, что работники не шпионы, подготовки противостоять современным способам допроса не имеют (я совсем не о паяльнике и даже не о сыворотке правды).

GeasMuire 22 апреля 2020 в 17:44

+2

виноваты... пфффф.

Есть небольшая проблема. Какое серьзеное международное расследование в Китае? Хм. ДАвайте на секундочку представим, что вирус таки рукотворный и случайно убежал из лаборатории (Если он убежал специально тут вообще не о чем думать, если вы собираетесь совершить убийство первым делом создайте алиби) При таком сценарии первое, что будет сделано уханьской лабораторией, — тщательно заметены все следы. Если конечно официальный Китай не проведет максимально срочно и полно расследование с изъятием архивов видеонаблюдения, журналов, реактивов и всего всего. ВОт только официальный Китай даже в мыслях делать этого не будет. Для него главное — жена Цезаря должна быть вне подозрений. Любое расследование в адрес лаборатории будет подрывом имиджа Китая и послужит основанием для спекуляций на эту тему/ А после и реальных пертензий. ПОтому Китай в любом случае, рукотворного\нерукотворного строения не будет проводить тщательного расследования. ТОЛько если заставит международное

сообщество, но и в этом случае, он затянет следствие по максимому, так, чтобы все возможные улики были бы заметены под ковер. Предположить что посреди этого процесса кто-то встанет и заявит да мы

Простите но тут нужен свой Сноуден. Много бы мы знали о тотальной слежке спецслужб США если бы не обнародованные им данные? Я уверен что на тогдашних форумах на подобные предположения ответом сторонников Вашей точки зрения было что-то вроде, нет прямых доказателсьтв. Нет пробирок. Нет свидетельств что они так делают. никто не встал и не сказал да мы следим. А как насчет операции Аякс и им подобных? Правда либо всплывает через несколько десятилетий в виде рассекречивания архивов, либо если информация будет слита сотрудником. Теперь задумайтесь сколько подобных историй мы не знаем просто потому, что никто ничего не

слил, а архивы не были рассекречены? Я думаю соменний в том, что Китай архивы скорее сожжет чем рассекретит ни у кого нет.

При этом лично я скорее склоняюсь к версии природной химеры, но я не упускаю возможность рукотворного создания со случайной утечкой. Но просто в данном случае считать единственным доказательством ркуотворности пробирку, это все равно что заявить вирус природен потому, что обратное вы никогда не сможете доказать. А это все ранво что обратной возможности вроде как бы и нет.

```
DGN 22 апреля 2020 в 20:45
```

0

Думаю, в ситуации природной химеры, Китай сам будет очень заинтересован в полноценном международном расследовании. Если это утечка, скрыть это не получиться. По крайней мере не убивая всех причастных (что в принципе возможно, из серии фанатик из мести взорвал автобус/самолет). Потому как перекрестного допроса с участием специалистов в том числе по вирусологии персонал гражданской лаборатории не выдержит. Так что скорее всего свалят на умершего, правда это не освободит Китай от выплат мировому сообществу и в

частности США. Иски кстати уже поданы.

vvs_zel 22 апреля 2020 в 19:51

-1

Идиотов в научной среде тоже достаточно, но главный документ сам вирус. В нем хранится информации намного больше, чем кое-кому хотелось. Но вынуть её не так просто. то-то власти Китая центрируют исследование по этой теме.

НЛО прилетело и опубликовало эту надпись здесь

MahMahoritos 22 апреля 2020 в 06:40

0

А этот патент имеет отношение именно к Covid-19 или у них из общего только названия «коронавирус» и «sras»?

НЛО прилетело и опубликовало эту надпись здесь

MahMahoritos 22 апреля 2020 в 13:49

+2

Все серийные убийцы являются людьми. IgorVasil является человеком. Как вы думаете, имеет IgorVasil отношение к серийным убийцам или нет?



gecube 22 апреля 2020 в 14:02

0

/ sarcasm / как минимум он является серийным проводником одной идеи, которая сквозит в каждом его сообщении (прямо как под копирку)

Nick Shl 22 апреля 2020 в 18:52

0

Наличие среди людей серийных убий показывает, что IgorVasil может оказаться серийным убийцей. Патент на короновирус точно так же показывает, что короновирус COVID-19 может быть создан искусственно.

Вопрос именно в возможности.

Am0ralist

22 апреля 2020 в 19:10

+2

Ну то есть пора судить мужиков поголовно за изнасилования.

Наличие патента ничего не значит, если что. Значит наличие в патенте описания технологий, которые позволили бы создать подобный ковиду вирус беспалева и без возможности различить природный от собранного. А тут нюанс, что наличие патентов на вечный двигатель не означают

их существования и патентуется много что.

НЛО прилетело и опубликовало эту надпись здесь

MahMahoritos 29 апреля 2020 в 12:34

означает что разработки вирусов уже ведутся

да (но патент никак не ограничивает характер разработки — она может быть и еще «на бумаге», и уже «в пробирке»)

что по крайней мере один искусственный вирус уже создали

нет, для оформления патента образец предъявлять не надо, ОБЫЧНО его вообще не существует на момент оформления патента. Не веришь, посмотри патенты Apple/Samsung и прочих — много ты видел вундервафель, которые в патентах заявлены были?

isden 26 апреля 2020 в 10:18

+1

> COVID-19 является короновирусом.

COVID-19 не является коронавирусом. COVID-19 это «coronavirus disease 2019». Сабжевый коронавирус называется SARS-CoV-2.

Virtu-Ghazi 2 мая 2020 в 22:28

0

Проблема ещё в том, что люди не понимают, что вирусологи и их лаборатории могут, а что — не могут. Так вот, собрать ДНК/РНК из нуклеотидов, а уж тем более просто взять и сконструировать геном так, чтобы у вируса были заданные свойства — не могут. Взять вирус и заставить его «эволюционировать» в лабораторных условиях — могут (и делают, потому что как-то изучать это всё надо), но в случае утечки во втором варианте по секвенированному геному ничего не будет видно. А вот полную «рукотворность» как раз расшифровка генов и белков исключает.

KonkovVladimir 3 мая 2020 в 08:11

-1

чтобы у вируса были заданные свойства — не могут.

Если «заданные свойства» — «быть **более** заразным для человека», то почем сразу категорично «не могут»? А если «заданные свойства» — «быть менее заразным для человека», то опять «не могут»?

Объединяя два вышеприведенный высказывания, получается ученые вообще ничего не могут — приходим к противоречию.

iDm1

20 апреля 2020 в 20:19

+9

Программеры могут разобраться во всем — если будет необходимость! Вот это огромное заблуждение часто встречается среди здешней аудитории. Нет,

могут конечно, но чтобы разобраться должным образом «программеры» потратят на это плюс-минус столько же времени, как пришлось потратить текущим специалистам.

Считать, что вы вершина человеческого интеллекта по той причине, что работаете в IT — абсолютно необоснованно. Во многих других профессиях интеллект нужен и применяется в той же степени, даже если оплачивается при этом хуже.

kryvichh 20 апреля 2020 в 22:01

-1

Всё же не совсем так. Специалисты не просто разбираются в своей области, они ещё и проводят исследования, опыты, генерируют знания в этой области. Но зато не каждый специалист, даже обладая соответствующими знаниями, способен писать увлекательный научпоп, коим данная статья является.

DrGii 20 апреля 2020 в 18:38

Ну вот например утечки вирусов из лабораторий УЖЕ становились причиной локальных вспышек. То, что именно вирус-утечка — доказывали на основании исследования его генетики. Сравнивали последовательности по базам данных геномов. Так и здесь нашли ближайших родственников.

Предположим на секунду, что вы вирусолог, создающий новый штамм. У вас есть в качестве референса SARS и MERS, и получается, что создавать штамм структуры CoV2 вам нет смысла

Как нет смысла, если в уханьском институте создавали химеры, значит все-таки есть смысл. Для этого разработали специальную технику. Делали еще в 2015-м году.

Using the reverse genetics technique we previously developed for WIV1 [23], we constructed a group of infectious bacterial artificial chromosome (BAC) clones with the backbone of WIV1 and variants of S genes from 8 different bat SARSr-CoVs. Only the infectious clones for Rs4231 and Rs7327 led to cytopathic effects in Vero E6 cells after transfection (S7 Fig). The other six strains with deletions in the RBD region, Rf4075, Rs4081, Rs4085, Rs4235, As6526 and Rp3 (S1 Fig) failed to be rescued, as no cytopathic effects was observed and viral replication cannot be detected by immunofluorescence assay in Vero E6 cells (S7 Fig). In contrast, when Vero E6 cells were respectively infected with the two successfully rescued chimeric SARSr-CoVs, WIV1-Rs4231S and WIV1-Rs7327S, and the newly isolated Rs4874, efficient virus replication was detected in all infections (Fig 7). To assess whether the three novel SARSr-CoVs can use human ACE2 as a cellular entry receptor, we conducted virus infectivity studies using HeLa cells with or without the expression of human ACE2. All viruses replicated efficiently in the human ACE2-expressing cells. The results were further confirmed by quantification of viral RNA using real-time RT-PCR (Fig 8).

Все это — в публичном доступе, хотите — изучайте.

CoV2 пришел оттуда, откуда не ждали

А вы как будто точно на 100% знаете откуда он пришел. Как же.

«Отсутствующие звенья» — это не причина кричать о божьем/злом замысле.

Проблема в том, что звенья — как раз присутствуют. В том числе слабое звено в безопасности лабораторий, которые уже становились причиной локальных вспышек.

Darlock_Ahe 20 апреля 2020 в 22:21

+3

Эту статью уже растаскивают по сети, с комментариями «А вирус то из лаборатории!!!»

kryvichh 20 апреля 2020 в 23:17

+5

Учёный изнасиловал журналиста? Что делать, если публика активнее клюёт на кликбейтные заголовки. Вот и стараются.

Автор нигде не утверждал это. Зато собрал ценную информацию о состоянии дел в исследованиях коронавирусов в целом и современном развитии биотеха вообще. И изложил в формате научпопа. В этом ценность статьи.

Darlock Ahe 21 апреля 2020 в 00:13

+1

Автор не утверждал, но другие утверждают. А так как читать дальше заголовка сейчас не модно, результат предсказуем.

НЛО прилетело и опубликовало эту надпись здесь

red75prim 23 апреля 2020 в 04:21

+1

Ситуация, конечно, подозрительная. Но это не доказательства. Доказательствами будут природный штамм вируса близкого к SARS-CoV-2 или лабораторный журнал.

Virtu-Ghazi 4 мая 2020 в 02:25

+1

природный штамм вируса близкого к SARS-CoV-2

1) штамм найденный у летучих мышей 2) штамм найденный у панголинов

red75prim 4 мая 2020 в 17:35

Различий слишком много. Здесь где-то упоминали, что для естественной эволюции из какого-то из них в SARS-CoV-2 потребуется 50 лет.

justserega 4 мая 2020 в 19:07

+1

А сколько там прошло с сотворения Земли? По самой низкой оценке 3000 лет В чем вы видите противоречие?

red75prim 4 мая 2020 в 21:26

0

Сотворение Земли? Вы о чём? Возникновение жизни на Земле — 4миллиарда лет назад. Ну и по такой логике искусственных вирусов вообще быть не может.

Я говорю о том, что не найдено ни животное переносчик, ни штамм вируса, которые должны были быть где-то рядом с нулевым пациентом. И, естественно, этот не найденный штамм не может эволюционно отстоять от SARS-CoV-2 на 50 лет.

justserega 5 мая 2020 в 12:18

+1

Это был юмор) Разве открыли все вирусы, которые есть на Земле? Вирус мог обитать и эволюционировать на животных и в какой-то момент перекинуться на человека

Spaceoddity 20 апреля 2020 в 23:29

+10

Что-то вы слишком возвеличиваете учёных-вирусологов в своём комментарии. Небожители прямо какие-то. Дескать, кто вы такие, обыватели, чтобы сметь свои подозрения вслух высказывать. Но есть одна проблема...

Что я вынес из этой статьи? Что часть упомянутых в ней «учёных» таковыми назвать нельзя. Это просто дубоголовые дегенераты, которым нельзя доверить даже лопату. По той причине, что они просто-напросто не осознают угроз и рисков той деятельности, которой они занимаются. Профдеформация такая что ли? Безотносительно происхождения Covid-19, скажите мне на милость — как можно умудриться потерять пробирки с подобным материалом?

В таких лабораториях должны быть приняты беспрецедентные меры безопасности. Потому что по потенциальной угрозе человечеству они сопоставимы с ядерным оружием. И да, ядерное оружие тоже теряли. И бомбардировщики тонули с ядерными зарядами на борту и т.п. Но случайных подрывов (да ещё с человеческими жертвами) я что-то не припомню в истории. Потому что строжайшим образом соблюдается протокол подрыва. На любой испытательный подрыв требуется специальное разрешение главнокомандующего.

А тут пробирки с заразой, способной выкосить добрую половину популяции... просто теряются... Подумаешь! Да после таких эксцессов, эти лаборатории надо в срочном порядке было закрывать, а все непосредственное руководство под суд. Но это же учёные-вирусологи, да? Кто мы такие, обычные смертные, чтобы их осуждать...

LonelyDeveloper97 20 апреля 2020 в 23:36

+1 Блин. Криво прочитал ваш комментарий, сначала подумал что вы хаете всех ученых-

вирусологов, а не только некоторых) Первую половину переписать бы — слишком экспрессивно читается. Случайно поставил минус, и не могу отменить. Поправлю плюсом в карму.

```
Starche 21 апреля 2020 в 00:10
```

0

Исправил за вас

20 апреля 2020 в 23:39 ardraeiss

+5

как можно умудриться потерять пробирки с подобным материалом?

Легко. Достаточно быть человеком и рано или поздно это произойдёт. Потому что эмоции, мозг, организм и зависимость от внешних условия. Впрочем, если заменить человеков на машины — тоже произойдёт, рано или поздно. Потому что их проектируют и монтируют те самые человеки, и, снова, внешние условия.

21 апреля 2020 в 10:11 tretyakovpe

+3

На этот случай давным-давно придуман принцип двойного контроля. Один делает, другой проверяет, третий проверяет проверяющего. Всё реально, было бы желание.

Anton-V-K 22 апреля 2020 в 16:37

0

С «проверяющими» у нас всё ОК :)

surVrus 22 апреля 2020 в 16:46

0

третий проверяет проверяющего.

Четвертый проверяет третьего проверяющего. Рекурсия тут может быть до бесконечности. Важно кто устанавливает правили для таких проверяющих. Для высшей власти, политиков, давно придуман иной вариант: всегда две силы, две партии. Если одни сильно «накосячили» — то другие их заменят. Криво косо — но работает пока.

tretyakovpe 24 апреля 2020 в 10:48

Это просто уменьшение вероятности. Когда вероятность ошибки уменьшена до достаточного значения, там и останавливаются. По своему опыту, даже два проверяющих создают огромные проблемы для злоумышленника и радикально повышают обнаружение несоответствий в процессах. Элементарный вопрос «почему так?» покажет, действительно ли должно так быть или что-то тут нечисто. Аудиты не так просто проводят, несмотря на то, что нам всем кажется, что

это просто растрата денег.

JerleShannara 23 апреля 2020 в 17:40

0

А потом проверяющий проверяющего решает помочь, в бумаги пишет то, что можно двояко прочитать, либо что-то в общих чертах. И в результате все забывают про какие-то болты и винты, после чего самолёт помогает пассажирам понять, есть ли жизнь после смерти.

24 апреля 2020 в 08:48 rPman

Все работает, пока не начинаются оптимизации!

Это и есть тот самый человеческий фактор — т.е. рабочая и надежная схема существует с адекватным 99.99...9% успеха (т.е. вам подойдет шанс выпустить заразу раз в тысячу лет?) до тех пор пока ее не начнет ломать человек, желая например украсть средства, выделяемые на казалось бы бесполезные проверки.

DGN 22 апреля 2020 в 06:08

+6

Ядерный заряд очень сложно вынести с завода случайно.

А пробирку даже не надо выносить, достаточно самому заразиться. Никакой детектор это не определит. Даже сам человек в лаборатории может не заметить что порвал перчатку. Или заметить, но не захотеть в карантин, мол быстро поднятое с полу не считается упавшим. Человеческий фактор неизбежен, а до полностью роботизированных лабораторий человечество еще не дожило.

Kunis 23 апреля 2020 в 12:50

+4

На такой случай тоже есть возможное решение. Лаборатория должна находиться в закрытом городке посреди пустыни, а не в центре 8-ми миллионного города. Если кто-то из работников заразился, городок перекрывается и зараза не выходит за пределы. Сдается мне, уровень опасности работ таков, что это вполне разумный вариант.

gecube

23 апреля 2020 в 13:55

+3

Меня за такие же мысли ниже по треду предали остракизму... Ну, что поделать, если для людей опасные предприятия рядом с жилыми домами гражданского

Kunis 23 апреля 2020 в 16:40

населения — это норма

+1

У меня заряд кончился стрелочку вверх нажимать. Так что отвечу по станинке, текстом: Совершенно с вами согласен. То есть, атомные станции мы выносим подальше от больших городов, а вирусные лабы нет. При том, что по большому счету, даже рванувшая атомная станция это куда легче чем утекший вирус, если он достаточно зловредный.

KonkovVladimir 23 апреля 2020 в 14:11

А под лабораторий должен быть заложен ядерный заряд — «Штамм Андромеда. Крайтон.»

Kunis 23 апреля 2020 в 16:35

0

Мне нравится ход вашей мысли. :)

vikarti 2 мая 2020 в 17:15

А если вспомнить что у Крайтона: — Достаточно быстро выяснилось что как раз дезинфекция ядерным зарядом в конкретно том случае — ОЧЕНЬ глупое решение — чтобы вырубить этот заряд когда система решила что утечка — пришлось вообще нарушить герметичность комплекса и устроить утечку в атмосферу (эффективные подрядчики оказались такими эффективными), обходя систему безопасности, причем персонал смог это сделать без особых проблем

KonkovVladimir 2 мая 2020 в 17:28

0

А если вспомнить что у Крайтона

Если вспомнить, то там была внеземная форма жизни.

red75prim 2 мая 2020 в 19:13

0

И не только внеземная, но и не на химической основе, похоже. Никакие химические связи не перенесут нагрев до десятков тысяч градусов.

DGN 24 апреля 2020 в 12:40

Наверное, ученые не хотят жить в закрытом городе в пустыне.

gecube 24 апреля 2020 в 13:09

0

+1

В советское время их не спрашивали. И вполне были закрытые города. Где нужно — хоть в пустыне.

24 апреля 2020 в 13:19

И вполне были закрытые города.

и не только города.

Kunis 24 апреля 2020 в 15:50

0

Логично. :)

third112 5 мая 2020 в 01:36

0

За хорошие деньги в НИИ с отличным оборудованием и извесными спецами многие поедут. (Кто заработать, а кто сделать карьеру в науке). Даже, если этот город будет окружен периметром с колючей проволокой и военной охраной. Конечно каждому нужно выделять по хорошей квартире, а не комнату в общаге. И для семей нужны детские учреждения. И снабжение должно быть без проблем: любой товар заказывается по Инету. Одно условие в контракте: каждый, кто желает насовсем или временно покинуть этот город проходит карантин 1 месяц в спец. зоне — 5ти зведочный отель, окруженный колючей проволокой с охраной. Т.е. курорт в золотой клетке. Хочешь развлекайся, а хочешь научную статью пиши по материалам недавних исследований. Товары в зоны завозить либо с помощью строительных кранов, которые переправляют их через стену, либо с помощью шлюза. Забрав контейнер с товаром работники зоны включают сильную дезинфекцию этого шлюза. Можно, нпр., заливать его хромовой смесью: конц. серная кислота и хромпик — за секунды обуглит любую органику. Стенки шлюза должны в этом случае быть керамические. Карантин-курорт работники оплачивают за свой счет: из ЗП вычитается треть, пока не накопится необходимых денег. Заезд в карантин группами 1 числа каждого месяца — по заявлению работника его включают в состав ближайшей группы. В карантин можно приглашать и артистов с воли на месяц до окончания — за хорошие деньги многие согласятся на курорт, а если им еще и студию

vakhnenko 22 апреля 2020 в 19:51

0

В таких лабораториях должны быть приняты беспрецедентные меры безопасности

предоставят, то они и диск между делом запишут.

vakhnenko 22 апреля 2020 в 20:37

> Безотносительно происхождения Covid-19, скажите мне на милость — как можно умудриться потерять пробирки с подобным материалом?

Очень легко, на деле. Забыл занести в журнал запись, или смахнул при уборке кабинета биозащиты пробирки в мусор — и всё.

> В таких лабораториях должны быть приняты беспрецедентные меры безопасности

Одних лабораторий BSL-3 (уровень, на котором исследуют коронавирус, и прочие туберкулезы и восточные нилы) в одних только США две тысячи штук. Совершенно нереально иметь там безопсность как на ядерных предприятиях.

pamyatnih 25 апреля 2020 в 18:41

+5

Я не знаю есть ли русское слово которым можно назвать процесс потери осторожности при работе с опасными материалами. Лет 20 назад, я работал в одном химическом институте и там химики с долголетним стажем довольно часто пренебрегали основами техники безопасности. Потому что привыкли. Везти в ногах пассажирского сиденья 5тилитровую банку с 40% перекисью водорода — запросто. Ну и что что сломалась и подожгла тебе штаны — нога же цела. Резать болгаркой жестянку в которой 20 кило бихромата амония? А что такого потом 15 минут в раене шел черный снег. Если ты 30 лет работаешь с вирусами то вероятнее всего ты давно не чувствуешь страх, а осторожность в тебе просто вопрос привычки. А потом... рано или поздно приходит время Милы Йовович.

BigBeaver 26 апреля 2020 в 15:19

+1

Самоуверенность же.

lamkaant 29 апреля 2020 в 10:31

+3

Ядерные материалы и вирусы - вещи несравнимые. Первые сами не размножаются, требуют специальных условий для бабаха и ещё фонят, что облегчает обнаружение. И для серьезных последствий их надо потерять побольше весом, чем вирусов. А по поводу «дубоголовых дегенератов» - абсолютно все так или иначе игнорируют какие-то правила ТБ, последствия зависят от характера работы.

LonelyDeveloper97 20 апреля 2020 в 23:32

+18

Мы кажется разные статьи читали.

Мне казалось что автор везде утверждал, что у него не получилось быстро фальсифицировать гипотезу «вирус рукотворный».

То, что у него не получалось — не доказывает, что вирус рукотворный, но он провел неплохой и весьма интересный анализ. И весьма обоснованно докопался до сторонников теории «вирус естественный», опять же, потому что они не смогли внятно фальсифицировать теорию о «рукотворности вируса».

По моему все четко.

Правда, чтобы читать статью так, нужен некий уровень критического мышления. Но даже если читатель им не обладает — это намного лучше, чем читать то, что сейчас в

Virtu-Ghazi 4 мая 2020 в 02:36

0

Всё верно, это разумный байесов подход, в целом. В строгой логике: нет доказательств наличия Х != отсутсвие Х. А вот по-байесовски отсутствие свидетельства №1 наличия X = *слабое* снижение вероятности наличия X, а отсутствие свидетельств №№1-N = уже более серьёзное снижение вероятности наличия Х.

(в перевёрнутой логике конспирологов: нет доказательств/свидетельств наличия X == caмое сильное подтверждения, что X истинно)

не смогли внятно фальсифицировать теорию о «рукотворности вируса

То, что он вписывается в эволюционное древо известных вирусов семейства (по удельному количеству отличий) — не оно ли? Или это считается, наоборот, верификацией?

Ну и другой вопрос, а надо ли фальсифицировать теорию о рукотворности вируса бремя доказательства тут скорее ложится на её сторонников (по аналогии с теорией разумного замысла).

LonelyDeveloper97 4 мая 2020 в 12:46

+1

Момент с рукотворностью — сложный. Иногда «естественность» усложняет гипотезу, и делает ее менее вероятной. Я предпочитаю сразу рассматривать ситуацию, в формате «есть два варианта мира, какой из них более вероятный».

Например, мы нашли на марсе склад с бластерами.

Мир в котором склад с бластерами появился «естественным путем», намного менее вероятен, чем мир, в котором этот склад создали разумные существа. В таком варианте штраф за введение сущности «разумное существо создавшее бластеры», меньше штрафа за сложность возникновения бластеров «случайно, без разумного вмешательства».

Здесь похожая схема — есть участок вируса, который в целом мог появиться случайно. Но у нас есть куча примеров, что любой студент мог добавить его туда специально. И вопрос в том, усложняет ли введение горе-экспериментатора в схему или нет. При том, что мы уже знаем что живем в мире, где достаточно кандидатов на роль «создателя». Добавление нужной последовательности генов в вирус — весьма вероятное событие, продалбывание пробирки — весьма вероятное событие. И я вот так сходу не смогу сказать, что вероятнее — потеря пробирки или естественная мутация в нужную сторону. И потому не могу просто переложить бремя доказательства на один из вариантов.

Ну а рас так, остается только пытаться фальсифицировать две гипотезы, и смотреть куда качнутся весы вероятностей.

Касательно разумного замысла. Если бы у меня дома был комп, который успешно моделирующий большую часть

процессов в солнечной системе, и выдающий результаты так, что при сравнении я не могу отличить результаты симуляции от наблюдаемой реальности, я бы серьезно повысил вероятность гипотезы «вселенная — модель, обсчитываемая на огромном серваке». Возможно не настолько, чтобы делать ее основной, но все же)

scorpy27 14 мая 2020 в 14:38

0

в сериале «Доктоор кто» была такая серия — пришельцы моделировали землю и исключали катастофические события

+4

Статья «огульно охаивает научное сообщество»))

Мне кажется здесь важны всего 2 вещи:

1. Какова вероятность случайного естественного эволюционирования короновируса в интервале последних 7 (кажется) лет, когда стали искусственно создавать

короновирусы? 2. Какова вероятность возникновения такого короновируса в окрестности одного из 2 основных центров в 7-летнем интервале?

admin_admin 21 апреля 2020 в 22:53

-1

Давайте доказательства, что это природный вирус! Пока что доказательства, что это утечка из лаборатории искусственно созданного вируса налицо. Все сошлось на 100% — и положение, и предущие 20 лет работы, и все методы — указывают: вирус оттуда!

Китайцы должны будут репарации платить за такое лет 10))

Balling 22 апреля 2020 в 04:38

0

Но там же и институт Северной Каролины США был замешан как бы. Не все так просто.

KonkovVladimir 22 апреля 2020 в 05:15

+1

Замешан в чем? Вопрос чей сотрудник «не вымыл руки» — из института Уханя или Северной Каролины.

Balling 22 апреля 2020 в 05:18

«не вымыл руки» — а это конечно институт Уханя)) Но химерный вирус был создан вместе с the University of North Carolina. Другой вопрос, что CIVID-19 не имеет к нему отношения...

Am0ralist 22 апреля 2020 в 10:33

-3

Давайте доказательства, что это природный вирус!

А чайники по орбитам всё активнее летают, я смотрю...

red75prim 22 апреля 2020 в 12:12

+1

Тут больше похоже на: "рядом с лабораторией по разработке чайников, был обнаружен странный чайник, производитель которого пока неизвестен".

GeasMuire 22 апреля 2020 в 16:07

+2

Но есть понятие презумпции невиновности, которая для ученых должна действовать до самого конца. И даже, когда ученый правда виноват, — это должно обсуждаться в среде профессионалов, а не в телевизоре и интернет-порталах.

Вгипотетическом идеальном мире, ге все ученые честные и справедливые, не совершающие ошибок и не гоняющиеся за результатами — безусловно. Но я что что-то пропустил и мы уже живем в таком мире?

Запрос со стороны общества на контроль должен быть. Всегда и во всем, и в том числе к ученым. Потому что без контроля и без боязни что общество,\ начнет обсуждать и осуждать непраивльную деятельность и ошибки ученых приведшие к фатальным последствиям, — для многих настнет время безнаказанности.

Вообще тезис критиковать могут только профессионалы сплошь и рядом звучит не как призыв привести сюда профессионалов и обсудить вопрос с ними, а как предложение замлочать и не рассуждать о чем вы не в курсе. В вирусологии разбираются только вирусологи — всем остальным молчать, в дизайне дизайнеры, в президенствтве президенты, а в новостных репортажах журналисты. Я конечно довожу до гротеска, но смысл думаю понятен.

Обсуждать нужно. Обсуждать всем и всегда. Большей части населения для

возбуждения ненависти и нападения на белых туристов вообще не нужны ни публикации, ни статьи. Им достаточно слухов, которые возникнут в любом случае. И тех людей что на этом будут паразитировать. Если гипотетически предположить, что призыв перестать постить подобное достингет цели, это приведет лишь к тому, что число более-менее адекватной и интересной информации станет меньше, а ее место займут самые дикие слухи и слпетни, они то никуда не исчезнут, и проблема вил, и битья белых туристов только усилиться, но никак не исчезнет.

А критиковать ученых надо и еще как. Большинство ученых далеко не ангелы. и зачастую они очень очень от них далеки. Наука хороша тем, что верные, с точки зрения науки результаты будут получены и перепроверены еще не раз и не два. НО неверные результаты, да и просто откровенные глупости печатаются и будут печататься в научных журналах. Даже самых строгих.

Вам привести в пример статью о том, что прививки могут вызвать аутизм? Сколько раз она была подтверждена? 0. Сколько раз на нее ссылались все кому не лень? сотни тысяч. Если мы с вами, и с наиболее адекватной чатсью человеческтва не будем судить о том что пишут ученые а предоставим этот спор только ученым, возникнет следующая проблема, — мы молчим, — ученые утверждают что нет это не так, а необразованная часть человечества, и паразитирующие на них получат широкий просто для деятельности.

Есть факты, ученые опубликовавшие статью в найчур допустили несколько логических ошибок и на основании в том числе чвно ошибочных суждений строят выводы. Почему же нам не покритиковать их, если их ошибки -очевидны? не вижу здесь криминала.

Есть еще пара претензий, например к этому

У вас есть в качестве референса SARS и MERS, и получается, что создавать штамм структуры CoV2 вам нет смысла - он слишком от них отличается, значит скорее всего вы ту сторону даже копать не будете.

Вообще всю нижнюю часть статьи занимает как раз создание химер где именно в коронавирусы различных типов не SARS и MERS как раз вставляются лишь маленькие участки от Cov. совполне понятной целью понять и изучить мезанизмы передачи вирусов, понять что как и почему работает. И с этой точки зрения, вставить в RATG13 в s протеин ген другого вируса, вполне ложиться в эту канву.

ЗЫ я не считаю COV2 творением человека. Просто мне не нарвится тезис нельяз критиковать это могут делать толкьо специалисты, да и с вопросом по синтезу ковоподобных вирусов есть вопросы

Kunis 23 апреля 2020 в 12:59

+1

ученые опубликовавшие статью в найчур допустили несколько логических ошибок и на основании в том числе чвно ошибочных суждений строят выводы

Сдается мне, эти логические ошибки не случайны. Общество обратило взоры на вирусологов с удивленный вопросом «что это они там такое в своих лабах варят?», соответственно, ученым очень нужно отвести от себя подозрения. Увы, уровень аргументации наоборот укрепляет подозрения.

third112 5 мая 2020 в 00:44

+1 Запрос со стороны общества на контроль должен быть. Всегда и во всем, и в том

числе к ученым. Проработав в фндаментальной науке (химия) не один десяток лет — утверждаю

вопрос не так формулируется: можно или нельзя контролировать/критиковать. Факт, что контролируют и критикуют не спецы. И никуда от этого не деться :) Не важно кому это не нравиться -его не спросят, а проконтролируют и м.б. раскритикуют. Это как закон природы — нет смысла с ним спорить.

Korona1957 22 апреля 2020 в 19:51

Анатолий Баскаков

+3

С интересом прочитал статью. Изложено доходчиво. Главное не терять нить

изложенного при прочтении. В свете сегодняшних выступлений американских и не только политиков о виновности Китая, в том числе в создании вируса и его неумышленного распространения хочу высказать свое мнение. Если действительно в настоящее время невозможно установить природу происхождения вируса, то доказывать это американцы и западные политики не будут, так как это долго и результат неизвестен. Пойдут по другому пути-будут смотреть нарушил ли Китай процедуру взаимодействия с ВОЗ на начальном этапе вспышки болезни. В интернете утверждают, что на начальном этапе развития болезни Китай не допустил в Ухань специалистов ВОЗ и утверждал, что эта болезнь не так опасна и не Китаем, то больше и не надо для Запада что-то искать в виновности Китая. Каждая страна-член ВОЗ при вступлении подписывает соответствующие документы о своем

передается от человека к человеку. Если эти действия действительно были совершены членстве с кучей обязанностей, которые должна соблюдать. Если найдут несоответствие действий Китая уставу ВОЗ, то дальше можно не искать как появился вирус, а смело идти в суд с исками об ущербе, мотивируя их нарушением международных норм Китаем по ликвидации вспышки болезни. Это ме мнение как юриста.

Kunis 23 апреля 2020 в 13:06

Сам ВОЗ не является белым и пушистым в данной ситуации. Тайвань писал в ВОЗ что вирус передается от человека человеку, но ВОЗ их сообщение проигнорировал. Тут нужно вспомнить, что материковый Китай считает Тайвань не отдельным государством, а своей территорией, временно захваченной повстанцами. Казалось бы, международной организации типа ВОЗ на такие закидоны должно быть плевать. Тем не менее, когда одного из высших функционеров ВОЗ спросили про Тайвань, он сначала сделал вид что не расслышал вопроса, а потом ответил, что Китайцы молодцы. То есть. ВОЗ является марионеткой Китая и всячески его выгораживает в нынешней ситуации. Я к тому, что собрать доказательства вины Китая будет сложно. ВОЗ в этом не помошник.

Korona1957 23 апреля 2020 в 14:11

+2

Мнение функционеров ВОЗ в данном случае не будет определяющим в установлении виновности Китая. Сама ВОЗ по данному факту вела себя непоследовательно. ЕЕ рекомендации носят не обязательный характер. Только что прочитал интервью Помпео, который заявил, что обращались к Китаю за помощью в расследовании с просьбой предоставить доступ специалистов в Уханьскую лабораторию и получили отказ, что при определенных ситуациях можно истолковать, что Китай уклоняется от установления истины по делу со всеми вытекающими последствиями для него. На него ополчатся все. Вспомним случай с "Новичком" два года назад, когда все требовали от нас отчета по химическому оружию с предоставлением доступа в конкретные лаборатории. Сделать из Китая виновного никаких проблем нет. Что дальше то. Если начать конфисковывать имущество, то это серьезный конфликт. Надо это Трампу или нет. Ему нужен второй срок, пока у него дела не очень идут в этом направлении. Если при этом в качестве вице-президента в паре с Байденом пойдет жена Обамы, то дела у него совсем швах и вот тогда ему будет нужно что-то, что поднимет его рейтинг. Пока я вижу два варианта его действий (причем действий срочных, так как до выборов осталось совсем немного)- борьба с Китаем на всех фронтах (экономическом и политическом), ну и Иран. С последним все непросто. Конгресс запретил ему начинать войну с Ираном без его ведома. Остается Китай. Значит в самое ближайшее время начнется давление на Китай с различными угрозами. Из каждого утюга в США будет звучать голос Трампа, что он разберется с Китаем по жесткому варианту и защитит их от Китайской экономической экспансии. Будут идти различные расследования в этом направлении. Пока суть да дело, республиканцы в поддержку Трампа примут пакет незначительный санкций по Китаю и вот на этой волне Трамп выйдет на окончательное голосование в ноябре. Если он будет проигрывать по опросам Байдену перед голосованием, можно будет затеять небольшой инцидент с Ираном в Ормузском проливе, чтобы Иран закрыл его и тем самым напугал сообщество. Цены на нефть скакнут вверх. Трамп на коне. Вообщем все будет очень интересно.

ardraeiss 23 апреля 2020 в 15:38

0

Вспомним случай с "Новичком" два года назад

Который случился как раз совсем рядом с лабораторий, именно таким и занимавшемся и подобное синтезировавшей.

Что очень напоминает обсуждение в этой теме. Только бяка там давно(десятилетия уже как) известная была.

KonkovVladimir 23 апреля 2020 в 15:52

del

0

Kunis 23 апреля 2020 в 16:48

+1

Мне тогда это тоже было очень подозрительно. Только вот британцы таки предъявили петрова с васечкиным, ездивших любоваться солсберецкими шпилями.

ardraeiss 23 апреля 2020 в 17:24

0

Вопрос именно в "какое совпадение, происшествие с бякой прям там, где исследователи бяки есть". Да, такое вот совпадение. Если уж требовать логики — то и подходы должны быть одинаковые и там, и там.

В смысле, если до завершения расследования бочку катить на лабораторию "ну прибор то есть, значит у них и утекло, а потом скрывать будут и стрелки переводить!" — то в обоих случаях. Или же в обоих случаях не катить.

Kunis 23 апреля 2020 в 18:29

Я лично так и делал. Потом пришлось признавать что был не прав и британская лаба не при делах.

Nick_Shl 23 апреля 2020 в 15:49

0

Разница только в том, что химоружие и лаборатории находящиеся под патронажем военных — это оборонка и отказ от предоставления доступа, даже если там ничем таким не занимались, вполне ожидаем. А вот Уханьская лаборатория не заявляется как часть оборонной системы Китая, это научная

организация и отказ в предоставлении доступа выглядит очень подозрительно.

KonkovVladimir 23 апреля 2020 в 15:57

+1

Новичек это коронавирус такой, который вызвал массовую гибель населения близлежаего к лаборатории городка, из-за случайной утечки размером в пару тонн?

Если мы предполагаем случайную утечку из ближайшей лаборатории, то должна быть массовая гибель случайных людей, со Скрипалями я этого совсем не заметил.

Kunis 23 апреля 2020 в 16:45

0

Я не склонен переводить дискуссию на политические рельсы. Отмечу лишь, что согласен с вами, что вопрос доказательств вторичен, а первичен ПР и политическая воля основных игроков. При этом, лично я очень даже буду рад, если Китай запинают. Мне кажется, есть за что. Если заодно попадет под раздачу ВОЗ, я тоже ни разу не расстроюсь.

Korona1957 23 апреля 2020 в 18:48

-2

Поддержу Вас в части наказания Китая. Два года назад он поддержал санкции Запада за "Новичок" и не только, против нас. Понять Китай можно, зачем ссориться с США, если это государство закупает в огромном количестве его продукцию и тем самым поддерживает нормальный уровень жизни граждан. Однако всему есть своя цена. При введении санкций против нас, Китай, промолчав по факту несправедливости данных санкций из-за боязни потерять рынки Запада, фактически проявил свою слабость, трусость. Наверное думали, что они не такие глупые как эти русские и у них не будет никогда жесткого противостояния с Западом. И получилось с ними как в поговорке про человека, который за копейку мать родную продаст, лишь бы была выгода. Руководство Китая еще лет пять назад заявляло, что они не воины, а торгаши. Но если живешь с такими волками как в целом коллективный Запад, то ничего хорошего от такой дружбы-взаимодействия не получится. Китайцы не учат историю. СССР тому пример. Теперь китайцам будет наука. Если они будут упираться, то их постараются сделать страной изгоем. России это выгодно. Пусть они воочию увидят хищный оскал капитализма.

Ankoroid 23 апреля 2020 в 19:03

0 Скажите, а что для Вас означает «справедливость»? Вот Вы пишие про

«несправедливость данных санкций» — это вообще о чем? К примеру то, что Вы хорошо поели сегодня, а в Африке умерло 100 детей,

это справедливо с точки зрения этих детей?

Korona1957 23 апреля 2020 в 19:52

Под несправедливостью санкций я имею ввиду, что когда назначили тебя виновным, просто потому, что так кому-то это захотелось в силу разных причин. Ведь не зря же Германия и Франция в течении нескольких дней после того, как Великобритания заявила, что нападение на Скрипалей совершили русские, не хотели поддерживать эти выводы. И не зря же в это же время в интернете со ссылкой на разные источники гуляло выражение, приписываемое должностным лицам королевства. Смысл его сводился к тому, что когда Франция и Германия попросили представить доказательства виновности, то англичане невозмутимо заявили, что почему они должны представлять какие-то доказательства, ведь джентельменам верят на слово. Точно такая же раскладка и по сбитому Боингу, когда на полном серьезе утверждают, что установка Бук прибыла с Курской области. Я сам из Курской области. Да действительно, у нас в области есть множество

действующих атомных реакторов и других важных стратегических объектов, которые прикрываются с воздуха соответствующей боевой

техникой. И спрашивается зачем тащить Бук за тысячу километров на Украину, если с местом трагедии соседствует Ростовская область, на территории которой имеются такие же объекты как у нас, с таким же прикрытием с воздуха. Я когда читал в то время в интернете про буки с Курской области нахохотался вдоволь. По поводу голодающих детей Африки я не думаю и не думал никогда. Это все очень отвлеченно и далеко. Я стараюсь на улице или переходах, если есть такая возможность дать людям немного денег.

DreamingKitten 24 апреля 2020 в 13:29

+3

просто потому, что так кому-то это захотелось

не, не просто потому. был обнаружен ряд довольно существенных улик в пользу этой версии. в пользу других версий улик было или меньше, или нет.

И не зря же в это же время

а это не улика, даже не косвенная, это спекуляция из неизвестного источника.

Точно такая же раскладка и по сбитому Боингу, когда на полном серьезе утверждают, что установка Бук прибыла с Курской области.

Так там тоже были обнаружены существенные улики, причём несколькими независимыми группами следователей. Маршрут движения восстановлен, сама установка опознана по уникальным для неё деталям на корпусе.

зачем тащить Бук за тысячу километров на Украину, если с местом трагедии соседствует Ростовская область

Для этого могло существовать десятки различных причин, но сам по себе вопрос вторичный. Важно, что она приехала из РФ.

Wesha

1 мая 2020 в 05:55

-3

материковый Китай считает Тайвань не отдельным государством, а своей территорией, временно захваченной повстанцами.

Кстати, об унифицикации подходов: есть тут одно недалеко расположенное относительно молодое государство, которое тоже говорит, что у него парочка территорий, временно захваченных терро повстанцами...

Tolomuco 1 мая 2020 в 06:07

0 А что, Китай признал «Крымнаш» и оба НРа?

Wesha 1 мая 2020 в 07:02

А при чём тут Китай? Я не мнением Китая интересуюсь, а мнением @ Kunis но могу и Вашим тоже. Так вот — я про унификацию подходов. И та и другие — отторгнутые территории; с точки зрения формальной логики все отторгнутые территории одинаковы; следовательно, либо все надо возвращать, либо не надо. (удобно уселся в кресле и приготовился выслушивать разглагольствования на тему, что "эта нога — того, кого надо нога, а те две ноги — вовсе и не ноги даже")

DreamingKitten 1 мая 2020 в 07:08

-1

Извините, я тут исключительно чтобы формально придраться, но остров Тайвань никогда в своей истории не был под фактическим контролем КНР. Напротив, правительство Чан Кайши ранее контролировало материковую часть. Так что аналогия — так себе.

Tolomuco 1 мая 2020 в 07:33

0

А при чём тут Китай?

Ну как же, вы же хотели проговорить про Китай, который считает Тайвань не отдельным государством, а своей территорией, временно захваченной повстанцами, одно недалеко расположенное относительно молодое государство, которое тоже говорит, что у него парочка территорий, временно захваченных террористами (это же вы про Украину, я вас правильно понял?) и про унификацию подходов.

Ну, раз уж вы интересуетесь, то вот вам моё мнение — унификация в наличии. Китай, если я не ошибаюсь, и Тайвань и НРы с «Крымнашем» одинаково не признаёт.

Но вообще, я за этой темой не слежу, и допускаю, что я ошибаюсь и если Китай таки признаёт НРы, то тогда да, с унификацией подходов беда :(

Kunis 1 мая 2020 в 09:41

Разборки Китая и некоего

молодого государства

это дело житейское и мое мнение по поводу оных разборок никак не относится к делу. Мне, например, гораздо интересней разборки в наших палестинах. Я имел в виду, что международной организации, особенно врачебной, на эти дела должно быть наплевать. То что они так явно следуют китайской оффициальной линии говорит, что они китайские марионетки.

Dron11 23 апреля 2020 в 10:32

Странная реакция на нейтральную статью. Автор не потрудился и перелопатил кучу материала (кстати доступного любому), понимая что и где надо лопатить, пусть и не на уровне узкоспециализированного вирусолога-молбиолога, но на уровне весьма высоком именно в этой области. За что ему огромное спасибо. Абсолютно уверен что тонкости, которые всплывут уже на более высоком уровне, можно будет повернуть и так и эдак. И выводы сделанные здесь вообще не зависят от того что сравнивалось, можно было привести историю манипуляции с любой другой разновидностью вирусов. Резюме же довольно простое. 1 - Те кто заявляют что: «Это точно создала природа», скорее всего лукавят, поскольку точного ответа на это они знать не могут. Но и сказать это точно создано искусственно — нельзя. Может быть вообще третий, комбинированный вариант.

2 — Какого бы уровня ни была бы защита подобных лабораторных исследований, вероятность утечки всегда есть (это заложено в спецификации), даже если исключить человеческую халатность. Но, считаю, это не повод останавливать подобные исследования.

Ну и как ЗЫ — ответьте себе на вопрос, что произойдет с учеными, лабораторией, страной, в которой всего один человек скажет — да этот вирус сделал я, как произошла утечка не знаю (выполнял все требования ТБ). ???? Особенно пока Трампы у руля? Наш мир построен на глобальном вранье и поиске крайних. И результатом такого заявления будет не анализ сопутствующих материалов, или пересмотр норм защиты и проведения подобных исследований, точнее они будут, но сильно позже, а сперва будут санкции санкции... против людей, ученых(во всем мире), страны.

Kunis 23 апреля 2020 в 13:40

+2

Какого бы уровня ни была бы защита подобных лабораторных исследований, вероятность утечки всегда есть

Лаборатории могут располагаться не посредине 8 миллионного города, а в отдельных закрытых городках, которые можно если что блокировать на карантин. Да, дорого. Но опасность предмета такова, что лучше так чем как сейчас. Собственно санкции и призваны «объяснить» принимающим решения, что все-таки дешевле вложиться в безопасность, чем понадеяться на авось. Я добавлю, что как тут было в статье указано

Кстати, совсем недавно появилась новость, что в 2018-ом году американские специалисты проводили инспекцию Уханьского института вирусологи, и даже общались с Ши Чжэнли. Результатом их «экскурсии» стали две дипломатических телеграммы в Вашингтон, в которых они отметили ряд слабых мест в обеспечении безопасности лаборатории

Как тут без санкций заставить людей ответственно подойти к вопросу?

Dron11 24 апреля 2020 в 14:44

Полностью согласен с вашей логикой, кроме того момента, что санкции кого-то могут вразумить. Вряд ли «принимающие решения» отреагируют так как вы описываете. Может я не прав, может просто пессимист.

НЛО прилетело и опубликовало эту надпись здесь

DrMugu 6 мая 2020 в 10:19

+2

SARS-CoV-2 просто не вписывается в рамки классических схем(штампов) мышления "уважаемых учёных", от которых кстати так и не слышно никаких внятных аргументированных обьяснений, кроме очередных академических околесиц типа лечить гелием(что чиновники системы здравоохранения начинают анонсировать по принципу испорченного телефона — они придают более эффектную популистскую форму — лечить ОКСИДОМ гелия -))) — это как бы к пониманию уровня образования тех, чье мнение навязывают как экспертное, истину в последней инстанции). Этот вирус, поскольку не вписывается в ваши привычные схемы, ставит тех кого вы называете дилетантами в равные условия с академиками. Он так сказать ОБНУЛИЛ ваши сроки, заслуги, звания и тд. Вы — не-дилетанты(как себя позиционируете) уже пятый месяц "льёте воду", придумывая очередные вариации лапши на уши на тему природного происхождения — мутации в геномах учёные могут делать точечно, а не устраивать пассажи. Вы всячески стараетесь увести внимание от такого момента как создание и использование так называемых онколитических вирусов. Кстати спайкбелок SARS вирусов представляет для создания таковых огромный интерес и уже создавали химеры в этом плане. И ранее мелькали сообщения в сети о получении китайскими учёными разрешения на проведение испытаний таких вирусов на людях больных раком на последней безнадежной стадии.

KonkovVladimir 6 мая 2020 в 16:07

```
лечить ОКСИДОМ гелия
         Там, гелиокс, имелся ввиду — ученые опять насилуют журналиста.
            DrMugu 7 мая 2020 в 05:47
              -1
           Имелся в виду гелиокс, но поначалу наши чиновники от здравоохранения с "самым
           лучшим" в мире образованием от совка написали оксид гелия.
              jenki 11 мая 2020 в 22:04
                 +2
             Если бы писали только. Федеральный канал Росс.1, прайм тайм, вечерние
             новости. Сюжет о очередном прорыве родимой науки: пожилой дядечка в белом
             халате и белой шапочке (якобы один из разработчиков) рассказывает об
             аппарате заменителе ИСЛ на основе гелия, который оказывается захватывает
             кислород, доставляет его поражённым клеткам и вдобавок (дословно) «гелий
             убивает все вирусы».
     Vladimir009 21 апреля 2020 в 11:48
        +1
    Да вы это отлично подытожили, без расследования с изъятием всей документации из
    лабы, причем из обоих лаб, и Вуханьской и СеверноКаролинской ничего определенно
    А вот получив доступ к их документации и заказам праймеров и генов... я бы в два счета
    доказал бы их причастность или непричастность. Это элементарно делается. Главное
    чтоб не успели уничтожить, но как можно уничтожить записи о заказах ДНК? Их только
    компания которая синтезом занимается сама может потерять, только по доброй воле
    своей.
     uzverkms 21 апреля 2020 в 11:56
        +2
    С учетом того, что мы знаем не все промежуточные виды человека, тоже стоит
    задуматься над естественностью происхождения.
    Опять же вот, Пасха недавно была. Есть над чем подумать.
       ardraeiss 21 апреля 2020 в 11:59
      И каких именно промежуточных видов не хватает?
         uzverkms 21 апреля 2020 в 13:02
         За этим вам на antropogenez.ru к Добышевскому
            MahMahoritos 21 апреля 2020 в 14:16
               +3
           А еще к 6 сезону 9 серии Футурамы, где наглядно показана абсурдость задачи
           поиска BCEX-BCEX промежуточных видов
       DGN 22 апреля 2020 в 06:20
          +1
      К счастью, пока бритва Оккама отсекает другие гипотезы. И периодически находятся
      различные ископаемые люди. Как только будет найдена био лаборатория возрастом
      150000 лет, можно будет начать говорить и об искуственном происхождении.
      В случае вируса COVID-19, обе версии +- равнозначны.
   vesper-bot 20 апреля 2020 в 10:45
  Если у него будет доступ к "частям" результата, пойманного у заболевших. Без него не
  получится, потому как без исходного сегмента РНК рабочие вирусы пока никто крафтить не
  умеет.
   shasoft 20 апреля 2020 в 12:05
     -11
  Что значит «кем угодно»?! США уже собрались простить Китаю долги, которые они им
  должны, потому что Китай якобы виноват.
     mithdradates 20 апреля 2020 в 12:30
        +2
    Никто ещё ничего не собирался, там об этом говорят только всевозможные клоуны и
    популисты от политики, которым лишь бы забить эфирное время да получить лайков в
    Твиттере. Такой шаг от США будет им самим в минус, поскольку у любой адекватной
    страны после этого резко пропадет какое-либо доверие к Штатам, а также приведет к
    тому, что все начнут скрывать вспышки болезней. Что может из этого выйти додумайте
    сами — мировые правительства даже с запасом по времени в 1-2 месяца и информацией
    не смогли (или не захотели) ничего сделать для предотвращения распространения
    болезни, если же такой зверек вылезет внезапно и массово, то нам нынешняя пандемия
    покажется детским лепетом.
UncleAndy 20 апреля 2020 в 04:01
   +21
Поразительное исследование!!! Спасибо! Читал как детективный роман. :)
   YuriDeigin 20 апреля 2020 в 08:57
     +11
  Спасибо)
     admin_admin 20 апреля 2020 в 13:08
        -6
    А если еще внести в список как замечательно китаезы его «победили», скупили обратно
    на дне акции своих компаний, и еще много-много положительных моментов от вируса —
    то теория почти обычный факт)))
```

+5 А если еще внести в список как замечательно китаезы его «победили», скупили обратно на дне акции своих компаний да-да, сколько раз читал этот текст про Россию в кризисы, столько раз пускал скупую слезу об умных китайцах русских, нае... х америкосов!

907 23 апреля 2020 в 12:01

Am0ralist 20 апреля 2020 в 13:25

Во первых еще не победили... Вчера было сообщение что в Шанхае повторная вспышка и город полностью заблокирован... Во вторых, ежели акции сильно упали, тог почему бы не скупить их, тем более что денег у китайцев много... Закон рынка — скупать акции на минимуме и продавать на максимуме...

20 апреля 2020 в 04:37

знает накакого и зауем это все))

+1

KonstantinSpb

-5

Ну что ж, давайте уже рассмотрим версию о лабораторной утечке. Для начала приведу краткую историческую справку о других утечках. Потому что побеги вирусов из лабораторий в прошлом случались неоднократно. В первую очередь, того же SARS-CoV: впервые он сбежал летом 2003 года в Сингапуре, потом в декабре 2003 на Тайване, а весной 2004 в дважды утекал в Пекине.

тут стоит отложить учебник по биологии и взять учебник по... детективам)). И спросить себя «кому это выгодно?», и «какова цель?». Я не про научные цели, тут понятно. А про то что все эти годы ученые работают за чьи-то бабки. Т.е. отчитываются, т.е. кто-то точно

Т.е. вирусы вдруг оживились, у них выросли ноги/крылья и они сбежали из неволи, чтобы подышать воздухом свободы? Это я к тому, что это попытка снять ответственность с тех, кто контролирует лаборатории. Всё равно, что сказать масло подорожало, масло взяло и само подорожало, это процесс присущий маслу, оно дорожает. А если без этих уловок перевода стрелок, то масло подорожало означает, что владелец магазина повысил цену на масло. Так и с утечкой вирусов, ответственный за безопасную работу лаборатории допустил ситуацию, при которой вирус смог пережить все этапы дезинфекции и нейтрализации при переходе из шлюза в шлюз, которые обязаны быть в подобных лабораториях. Что в конечном итоге означает ответственность владельца лаборатории, а это как правило государство или аффилированные с ним компании/структуры/университеты.

Не, ну какая рукотворность? Что за бред? Думал я, когда впервые услышал гипотезу о том, что Ковид-19 вызван то ли лабораторной утечкой, то ли вообще целенаправленной биоатакой. И каждый раз просто отмахивался от этих домыслов, когда они в очередной раз доплывали до меня в бурном потоке коронавирусного инфошума. Ну подумаешь, есть в Ухане институт вирусологии, мало ли.

Ну действительно, какая рукотворность во времена CRISPR-CAS13? Бред какой-то! (сарказм)

burzooom 20 апреля 2020 в 10:40

+5

Владелец магазина? А может так: Повысилась цена на электроэнергию, на топливо (из-за конфликта Саудов и России, так как нужно компенсировать потери в бюджете из-за снижения поступления акцизов на бензин), из-за этого повысилась доставка молока от фермеров на завод и стоимость работы центрифуги для взбивания масла. И по цепочке пошло — повысил завод, поставщик, магазин. А у вас «владелец виноват». Расттрэлят!

KonstantinSpb 21 апреля 2020 в 04:49

-1

О, снова цена сама по себе поднялась в отрыве от действий людских :) Я где-то писал, что владелец магазина виноват и его нужно «растрелять»? Вы видать не уловили главную мысль, что описывая процессы как самобытные, как бы снимается ответственность с субъекта, который повысил цену на объект(масло). Да, разумеется, цена на масло это интегральная величина, поэтому в ответе за повышение цены на масло не только владелец магазина, а вся цепочка.

Так же и с «утечкой» вирусов, утечка эти типа самобытный процесс изначально присущий вирусам, ну вот свойство у них такое утекать.

burzooom 21 апреля 2020 в 11:13

+3

означает, что владелец магазина повысил цену на масло

Все как в старой доброй Венесуелле, где обязали не повышать цены именно магазины. ответе за повышение цены на масло не только владелец магазина,

Например, у меня, в Украине, в феврале продали маски Китаю из госрезерва. Из-за чего, при вводе карантина через 14 дней, внезапно маски взлетели с 2 до 30-50 гривен, и это если их еще удавалось найти. Продал депутат от партии президента, и с ведома самого президента (раскупорка госрезерва как бы не банку с вареньем открыть) и ему до сих пор даже бровями сердито не сделали. Голосовали за президента и депутатов 73% избирателей. Перовопричина подорожания масок — избиратели, так как при предыдущем президенте такой фигни точно не было бы.

Alexufo 22 апреля 2020 в 18:20

масло подорожало

Генерал Петров детектед.

НЛО прилетело и опубликовало эту надпись здесь

kick_starter 20 апреля 2020 в 16:46

Как будто китайцы этого не заслужили.

BalinTomsk 20 апреля 2020 в 05:29

Нобелевский лауреат из Франции Люк Монтанье, получивший международную премию за открытие ВИЧ, заявил, что коронавирус был создан в лаборатории.

Профессор считает, что SARS-CoV-2 разработали молекулярные биологи, добавив в него частицы ВИЧ. Говоря о цели разработчиков вируса, он отметил, что, возможно, они хотели создать вакцину против СПИДа. Также, по мнению, Монтанье, новый коронавирус вышел из лаборатории китайского Уханя.

www.leparisien.fr/societe/coronavirus-et-vih-pourquoi-la-theorie-du-pr-luc-montagnier-estinvraisemblable-17-04-2020-8301387.php

MahMahoritos 20 апреля 2020 в 08:05

+53

Наличие нобелевки не дает защиты от деменции. Коллеги-генетики уже разобрали это заявление, что оно бредово, т.к. в SARS попросту нет последовательностей из ВИЧ, способность проникать в лимфоциты построена на другом механизме. Вообще у Монтанье в последние годы идут странные и неоднозначные заявления, что дает повод подозревать у него подтекание крыши.

SelenIT3 20 апреля 2020 в 08:23

+23

Увы, похоже, печальный факт:(. Одна «квантовая телепортация ДНК» в пробирку с чистой водой «под действием электромагнитных волн» чего стоит (Монтанье заявлял о таком «открытии» на полном серьезе лет 8 назад...)

homocomputeris 20 апреля 2020 в 12:11

+2

Дядька первым увидел туннелирование макромолекулы, а вы с ним вот так...

Murimonai 20 апреля 2020 в 12:28

+7

первым увидел туннелирование макромолекулы ... невооруженным глазом

fireSparrow 20 апреля 2020 в 14:21

+1

Прямо как в «Детстве Шелдона», когда профессор Стерджис во время очередного обострения шизофрении ощущал, как сквозь его тело проходят нейтрино.

kryvichh 20 апреля 2020 в 12:29

Даже гении могут ошибаться. Учёные всё время выдвигают предположения, спорят, опровергают, подтверждают. Когда эта внутренняя кухня выплёскивается в СМИ, (не)сложно предположить, как это отзовётся.

mithdradates 20 апреля 2020 в 12:32

+10

Одно дело ошибаться, другое дело нести псевдонаучный бред вроде квантовой телепортации на макроуровне.

Jef239 20 апреля 2020 в 14:34

+2

Когда я читаю «Волшебник своим именем убил компьютер», мне тоже не верится. Но когда выясняется, что его звали "Robert`); DROP TABLE Ssudents;--" всё становится довольно банально.

Ну нашли они очередной ложноположительный баг в ПЦР-машине. Ну завязан он на радиоблучение. И что? Может и впрямь есть такой баг. А может и нету.

Пиар, конечно, уровня «Бог». Но не более того.

▶ Короче, ученый опять изнасиловал журналиста.

playermet 20 апреля 2020 в 17:48

+2

Вообще у Монтанье в последние годы идут странные и неоднозначные заявления, что дает повод подозревать у него подтекание крыши.

Прям Лайнус Полинг v2.0. У того тоже нобелевка была, а потом он угорел по витамину C, наплодив кучу мифов.

mSnus 20 апреля 2020 в 18:34

а что там с витамином С не так?

gecube 20 апреля 2020 в 18:39

+1

То что это не универсальное лекарство, а если его пить слишком много, то будет гипервитаминоз (тоже неприятное и опасное болезненное состояние)

Spaceoddity 21 апреля 2020 в 13:42

0

Не будет. В спорте давно практикуется стимуляция очень большими дозами витамина С (несколько грамм). На себе проверял — на удивление резко увеличивается выносливость.

BigBeaver 21 апреля 2020 в 19:17

+2

Плацебо же. Ну и да, несколько грамм это не очень большая доза.

JerleShannara 20 апреля 2020 в 18:42

+2

А то, что Л.П. ошизел чуть ли не до того, что уверовал и начал пропагандировать всякую чушь типа «Гипердозы витамина С лечат спид, рак и даруют долголетие» (натуральная брехня).

playermet

21 апреля 2020 в 15:11

То, что он ничего не лечит и ничего не укрепляет. Существуют доказательства его эффективности только в двух случаях. Первый — гиповитаминоз витамина С, т.е. Цинга. Второй — длительность простуды немного снижается если заболеть непосредственно в период потребления витамина С в больших дозах. Если нажраться витамина С до отвала, а заболеть через недельку — никакого эффекта не будет. Если заболеть, а потом нажраться витамина С до отвала — тоже не будет.

И это только верхушка айсберга. Потом Лайнусу начало мерешиться что он лечит рак и увеличивает продолжительность жизни. Ну т.е. совсем фантастика.

lexan 21 апреля 2020 в 11:49

0

Я в микробилогии не разбираюсь, но я полностью смотрел передачу, в которой участвовал Люк Монтанье, отвечая на вопросы по данной теме. Во-первых, в свои 87 он выглядит и говорит абсолютно адекватно. Во-вторых, он говорит, что поскольку основа вирусу именно CoV, то работает он как CoV, а на ВИЧ. В-третьих, он говорит, что вставки ВИЧ очень маленькие, потому это многие исследователи и на замечают. Ну и, кроме всего прочего, он не указывает на китайскую лабораторию, как ему приписывают, а наоборот всячески подчеркивает, что ни на кого конкретно не указывает (хотя, конечно, указание на именно китайскую лабораторию можно логически вывести из его слов, но это не его слова). И вообще это всего лишь его мнение. Также, заодно, он считает, что SARS-CoV2 в силу своих мутаций скоро потеряет свою силу.

Anton-V-К 22 апреля 2020 в 16:54

0

вставки ВИЧ очень маленькие

Вставки? Возможно, имелось в виду «последовательности, совпадающие с таковыми у ВИЧ, маленькие/короткие»? Интересно, как обстоят дела с «похожестью на ВИЧ» у вирусов гриппа и прочей живности:)

lexan 22 апреля 2020 в 17:26

0

да, последовательности, которые он считает искусственно включенными в SARS-CoV-

Anton-V-К 26 апреля 2020 в 13:30

Про Люка Монтанье есть такое мнение: Монтанье уже много лет считается то ли сошедшим с ума, то ли полностью

офричевшимся ученым, с которым никто порядочный за один стол не сядет. У него там ДНК телепортируется, воду заряжает отрицательной энергией и прочий бред.

lexan 27 апреля 2020 в 19:55

-1 Спасибо. Я еще раз подчеркну, что я не придерживаюсь и тем более не отстаиваю

какую-либо точку зрения на sars-cov2. Своим комментарием я всего лишь хотел уточнить реальные слова Люка Монтанье, а не приписываемые ему, и помочь избежать диспута по испорченному телефону. Данное мнение некоего Егора Воронина скорее напоминает такой испорченный телефон.

НЛО прилетело и опубликовало эту надпись здесь

MahMahoritos 22 апреля 2020 в 13:54

Ты понимаешь разницу между мнением отдельного человека и консенсусом

сообщества? Заявления Монтанье не поддерживаются научным сообществом, это значит, что что-то в этих заявлениях не то.

surVrus 22 апреля 2020 в 14:25

Заявления Монтанье не поддерживаются научным сообществом, это значит, что

что-то в этих заявлениях не то.

Вообще-то это значит, что таково мнение большинства. Верно или нет что-то в

самой информации, правильные заявления или нет — никак от консенсуса не зависит. А зависит от достоверности, полноты и своевременности информации в заявлении. Причем такой анализ делает «сообщество» на основании неполной, противоречивой, старой информации. Например, если будут найдена новая информация, то мнение большинства может измениться. Ну и консенсус в научном сообществе далеко не всегда ранее соответствовал

реальности и фактам. Достаточно, что большинство один раз ошиблось, поэтому возможность ошибки в будущем уже доказана. Мне кажется, стоит оценивать некую информацию на основе методов Проверка фактов или факт-чекинг. И только потом делать «взвешенную экспертную оценку» — то есть прислушаться к мнению каждого существенного человека из научного

MahMahoritos 22 апреля 2020 в 15:30

0

сообщества.

Вообще-то это значит, что таково мнение большинства.

Это и есть консенсус

то есть прислушаться к мнению каждого существенного человека из научного сообшества

Наука не так делается. Прислушиваются к каждому существенному мнению, а существенности ему придает конкретика и факты. EmDrive взяли на изучение и опробование несмотря на явную стремность идеи, потому что автор показал факты, которые он наблюдал, которые другие тоже смогли пронаблюдать. Монтанье же выдает идеи без существенных фактов. Сами заявления по фрагментам ВИЧ в КОВИДе даже на уровне дилетантам звучат стремно: «фрагменты есть, просто их не замечают».

Ага, Х-лучи (или как их там называли) их автор тоже видел, даже несмотря на откровенную нерабоспособность установки, которая должна была их показывать — один из свидетелей попросту вытащил из неё одну из ключевых деталей.

surVrus 22 апреля 2020 в 16:44

+1

Это и есть консенсус

Верно, я неправильно выразился. Хотел немного иной смысл подчеркнуть. Если существует консенсус по какому-то вопросу, то не значит, что этот консенсус отражает истину в данной ситуации. То есть оценка большинством — может быть ошибочная, например из-за влияния когнитивных искажений. Или по политическим мотивам, или по иным каким-то мотивам. То есть сам критерий «консенсус» — не является существенно значимым при оценке. Особенно в научной среде, и уж тем более по хайповой теме, при постоянном изменении ситуации.

Прислушиваются к каждому существенному мнению, а существенности ему придает конкретика и факты.

Согласен, но примите во внимание и предыдущее предложение из моего

Обычно делается какой-то анализ, причем вполне конкретным человеком. Или несколько таких анализов. Получается набор субъективных оценок, частных моделей, с разных точек зрения для разных целей. Потом данные из этих анализов подвергаются взвешенной экспертной оценке. И тут важна не только информация, но и личность аналитика. Причина: оценки в анализе всегда только субъективные, всегда есть вероятность что эксперт зависим от какой-то группы интересов, всегда есть вероятность когнитивных ошибок. Теоретически всего этого не должно бы быть, теоретически считается, что аналитики независимые, что они разумные и обладают профессиональными знаниями. Но на практике, чтобы получить лучшие результаты стоит учитывать личности экспертов и методологию анализа, тогда обычно получается лучше результат.

Примеров масса, от того же Лайнуса Полинга с витамином С, и до анализов безопасности про генетически модифицированные организмы. Есть и более простые: оценки и предсказания финансистов из Fortune 500 на будущий год. Множество примеров приведено в книгах Канемана и Талеба. Что же касается ученых в естественных науках — то там тоже все весело. Например, в химии существует вроде как консенсус про ионную модель разных взаимодействий, используется понятие «ионов» как неких реальных частиц, неких реальных объектов. Причем одновременно существует тоже малый такой «консенсусик», что ионы — не более чем модель, что само понятие «ионы» не особо верное и его не стоит использовать для процессов электрохимии. Подробности в книге «Герц Г. Электрохимия. Новые воззрения». Это один пример, но часто у некоторых знакомых химиков возникает ступор после знакомства с этой книгой. Типа нечто совсем иное, и все вроде правильно. Самое интересное, что обе модели «с ионами» и «без ионов» — правильные и применимые. Поэтому консенсусы и единственно верная точка зрения — не особо важны в реальности. Важнее существование сейчас множества частных моделей, частично верных, чем стремление получить одну очень верную модель когда-то в необозримом «потом».

Am0ralist 22 апреля 2020 в 17:07

0 Если у вас завтра потечёт крыша, означаете ли, что всё сделанное вами до завтра делал сумасшедший?

gecube 22 апреля 2020 в 17:12

0

По вашей логике — да.

Если человек сошел с ума сейчас, то был ли он сумасшедшим вчера? Нет ответа на этот вопрос. А как его называть тогда в прошедшем времени? "На момент вчера, когда подозреваемый Н. еще находился в состоянии здравого ума и ясной памяти, он сделал великое открытие"...?

Am0ralist 22 апреля 2020 в 17:17

А вчера у него могла быть акцентуация, которая после известных событий развилась в откровенное отклонение. С учётом, что с момента открытия прошло много времени, а люди не молодеют, то как-то стрёмно натыкаться на логику, когда люди проецируют старые заслуги на новое или готовы из-за новых ошибок девальвировать старые заслуги.

DGN 25 апреля 2020 в 06:30

0

Предположительно, даже не находясь в здравом уме можно сделать великое открытие. Открытие не перестанет быть великим от этого. С другой стороны, великое открытие достаточный повод считать человека гениальным, но недостаточный чтобы считать все последующие и предыдущие заявления этого человека гениальными верными.

a1mir 20 апреля 2020 в 08:53

+1

По вашей же ссылке (на основе перевода deepl): Основываясь на исследовании, опубликованном «его» математиком Жан-Клодом Пересом, который «вник в мельчайшие детали последовательности» вируса, профессор Монтанье предполагает, что SARS-CoV-2 содержит «последовательности другого вируса, которым является ВИЧ, вирус СПИДа». Он добавил, что «группа индийских исследователей пыталась опубликовать анализ» того же типа и что он был отозван «под огромным давлением».

Но «исследование индийских биоматематиков было быстро опровергнуто другой работой, которая, взглянув на компьютерное исследование генома, доказала, что в нём нет последовательности ВИЧ», — вспоминает Энн Гоффард, вирусолог и профессор фармацевтического факультета в Лилле. Исследование, о котором идет речь, было отозвано самими авторами после «комментариев, полученных от научного сообщества об их техническом подходе и интерпретации результатов»

Переведено с помощью www.DeepL.com/Translator (бесплатная версия)

mithdradates 20 апреля 2020 в 08:59

+1

Это действительно чисто DeepL без каких-либо правок? Качество очень хорошее.

almir 20 апреля 2020 в 11:10

+1

Исправил буквально три слова, сам крайне удивился

Lennonenko 20 апреля 2020 в 17:27

+1

«когда у тебя в руках молоток, все проблемы кажутся гвоздями» был уже один нобелевский лауреат, который аскорбинкой всё лечил

Lirein 20 апреля 2020 в 06:15

+10

Отличная статья, прочитал на одном дыхании. Хабр — торт, плюсанул в карму. Начало затягивает, в середине кажется что стоило разбить на три статьи, но к концу понимаешь что иначе будет не читабельно, т.к. мысль потеряется. Спасибо.

YuriDeigin 20 апреля 2020 в 08:59

+9 Спасибо! Да, именно по этим же соображениям я не стал разбивать на части.

vsb 20 апреля 2020 в 09:57

+5

+3

Я обычно не читаю большие статьи по совсем далёким от меня темам, но у вас действительно получилось удержать моё внимание от начала до конца, я сам удивился, посмотрев по скролл-бару, сколько я уже прочитал, когда дошёл до конца. Читается действительно на одном дыхании, большое спасибо за статью. Ответ на исходный вопрос мне, лично, не очень важен, я бы даже сказал, что если это действительно искусственный вирус, то обнародование этого факта может быть вредно, т.к. может вызвать охоту на ведьм от дурного населения и не слишком соображающих политиков, но за само "погружение" в современную вирусологию большое спасибо. Думаю, именно так научнопопулярные статьи и должны работать, на примере разбора практического и актуального вопроса.

НЛО прилетело и опубликовало эту надпись здесь

MahMahoritos 22 апреля 2020 в 06:52

Это патент на КАКОЙ-ТО коронавирус. От того, что в патенте содержится название СЕМЕЙСТВА, не означает, что он имеет отношения к COVID-19. Это аналитика уже уровня бабок подъездных — нашел знакомое слово и только из этого сделал вывод.



+1

А вы не заметили, что большинство аргументов здесь того же левела? У в духе, что раз человек верит, что вирус создан, то это очевидно как белый день

НЛО прилетело и опубликовало эту надпись здесь

surVrus 22 апреля 2020 в 14:43

0

что вирусы уже создаются в лабораториях. Ответьте-COVID-19 чисто теоретически могли создать в лаборатории?

Попробую я ответить, не возражаете? В самой постановке вопроса Вы упустили часть информации.

1. Есть информация, что какие-то вирусы создаются в лаборатории.

2. Есть информация, что какие-то вирусы возникают, как мутации в природе. Из 1 и 2 вместе следует неопределенность. Может быть и так и так. Из 1 следует, что вирус SARS-COV-2 **может** иметь искусственное происхождение. Проверить это несложно: можно синтезировать этот вирус в лаборатории сейчас. Просто повторить его структуру из исходных элементов. Рано или поздно кто-то это сделает. Но даже это не доказывает, что

именно текущий штамм SARS-COV-2 был создан в 2019 году в какой-то

лаборатории. Почему? Потому, что из 2 следует, что вирус SARS-COV-2 **может** иметь природное происхождение. Пока в природе не будет найден ни один носитель очень похожего вируса, то на основе доказательства пункта 1 можно считать, что вирус создан искусственно. Важно: как только будет найден носитель — то сразу все меняется. Тогда возвращаемся к началу. Снова возникает

Важно не то, что мы видим и знаем, а еще и то, что мы не видим, но что существует. Поэтому скорее всего вопрос о происхождении вируса SARS-COV-2 вряд ли когда-то будет решен. Скорее всего будет куча доказательств с одной стороны и не меньшая куча доказательств с другой стороны. Хотя может быть и иной вариант: некие «бандерлоги» признаются, что это они создали вирус и представят все доказательства для этого. Именно такой сценарий лучше всего подходит всем заинтересованным сторонам сейчас. И руководители США, и Китая и Европы — всех из устроит вполне история про каких-то «бандерлогов». Обычно политикам важно не кто виноват, а кого назначить «крайним». Вариантов немало, прецедентов масса.

Как будет в реальности — будем поглядеть...



неопределенность.

22 апреля 2020 в 15:06

gecube

Важно: как только будет найден носитель — то сразу все меняется. Тогда возвращаемся к началу

не так. Если мы сейчас найдем носителя — это уже ничего не значит. Потому что он мог получить этот вирус вторично, уже в результате пандемии. Если мы эту вероятность нивелируем — все ок, можно утверждать, что вирус взялся из природы

Хотя может быть и иной вариант: некие «бандерлоги» признаются, что это они создали вирус и представят все доказательства для этого.

ничего не означает. Все мы помним, как всякие террористические организации брали на себя ответственность за мероприятия, в которых они в принципе не могли принимать участия



Lofer 22 апреля 2020 в 15:15

0

Если мы сейчас найдем носителя — это уже ничего не значит.

Возможно увидим другую ветку мутации, сможем оценить скорость мутации, близость к иным веткам мутации и это как-то прояснит «место рождения». Если уж «заметать следы шапочкой из фольги», то нужно сделать похожий вирус, не такой опасный, выпустить в прородную популяцию и потом «случайно найти» сказав «не виноватая я, оно само».

В любом случае — больше информации полезнее для анализа.

surVrus 22 апреля 2020 в 16:51

0

Все мы помним, как всякие террористические организации брали на себя ответственность за мероприятия, в которых они в принципе не могли принимать участия

Помним, знаем. И что? Для большинства людей «назначение крайнего» снимает эмоциональную нагрузку. Виновный найден — все будет быстро забыто. Тут используется известная особенность разума: люди лучше понимают и принимают связный текст и связанную информацию (нарратив). Даже если связей в реальности нет, это не важно. Важно придумать и составить более-менее красивые причинно-следственные связи между событиями. Как только это сделано — людям становится понятнее, уютнее и лучше.

Подробности как всегда все у того же Канемана «Думай медленно решай быстро».



Am0ralist 22 апреля 2020 в 17:10

0

Вы уже перестали употреблять коньяк по утрам, ответьте только: да или нет! Извините, уровень демагогичности ваших вопросов не позволяет вам ответить так, чтоб разрушить верования, сложенные в вашей голове. Но, хотелось бы уточнить, что умение пришивать обратно палец у хирургов не означает, что книжки про Франкенштейна — правда, а ученые типа скрывают и отрицают.

```
tvr 22 апреля 2020 в 17:16
```

0

Но, хотелось бы уточнить, что умение пришивать обратно палец у хирургов не означает

Но ведь и не отрицает же!!!/irony

НЛО прилетело и опубликовало эту надпись здесь

НЛО прилетело и опубликовало эту надпись здесь

Am0ralist 22 апреля 2020 в 17:15

и это доказывает что вирусы уже создаются в лабораториях, не так-ли? И это доказывает что COVID-19 тоже МОГ БЫТЬ СОЗДАН в лаборатории.

Нет, не так. Это ложная последовательность высказывание, которая никак не доказывает ничего, даже если вы их написали подряд. Наличие патента на рацию не означает, что айфон создали те же люди. Патент означает, что работы над созданием и модификацией — ведутся. Так я больше скажу, генномодифицированные вирусу уже используются при лечении.

Означает ли это, что ученые создали ВИЧ? Если нет, то почему?

red75prim 22 апреля 2020 в 18:19

0

Означает ли это, что ученые создали ВИЧ? Если нет, то почему?

Потому что нет публикаций о GOF модификации лентивирусов в 1970-х годах. Тогда и методики только в проекте были.

Tolomuco 22 апреля 2020 в 18:59

Обратите, пожалуйста, внимание на слова МОГ БЫТЬ СОЗДАН в лаборатории

Вы отрицаете именно это?

Другими словами, вы утверждаете, что COVID-19 абсолютно точно не мог быть создан искуственно? А то создаётся впечатление, что вы оспариваете не то, что утверждает ваш

оппонент.

Am0ralist

22 апреля 2020 в 19:15

-1 Я утверждаю, что наличие патента на вечный двигатель (которые ухитряются

периодически получать) не означает возможность его создания. Наличие патента на какой-то созданный вирус (в эпоху, когда вообще-то уже генная терапия проводится с помощью спец.вирусов) не означает, что можно создать любой вирус при желании. Причём так, чтоб изучающие спецы ещё этого сразу не заметили однозначно. Так что да, между существованием патента и утверждением, что данный мог

быть создан — невозможно сделать никаких логических заключений не перейдя на уровень встречи с динозавром как 50/50. Этот момент могут обсуждать только специалисты, которые понимают

текущий уровень развития и какие задачи нужно было бы решить при создании. Патент вообще ни о чем не говорит.

НЛО прилетело и опубликовало эту надпись здесь

DreamingKitten 29 апреля 2020 в 09:12

+3

Вы ошибаетесь. Как человек, имеющий около десятка патентов в технической отрасли и хорошо знакомый с теми, у кого их сотни, могу сказать, что ни один патент на что бы то ни было (не только вирус) не подразумевает не то, что факт создания, но даже и то, что объект патентования в принципе возможно создать указанным в патенте способом. В компетенцию патентного ведомства не входит такая проверка. Там просто следят за тем, чтобы указанные в патенте идеи, способы, методы не были похожи на указанные в ранее поданных заявках, и всё.

MahMahoritos 29 апреля 2020 в 12:38

+1

Патент говорит о том что некий вирус создали искусственно и запатентовали

Патентование происходит в обратном порядке. Ты сначала придумываешь фигню, оформляешь на нее патент, а потом пытаешься реализовать. Обычно нифига не получается, а патент остается бумажкой. Потому что патент нужен для защиты от копирования идей ты сначала её защищаешь, а потом тратишь время/деньги на реализацию.

third112

5 мая 2020 в 02:39

-1 Кто и когда в настоящее время

ухитряются периодически получать

патенты на вечный двигатель? В вики читаем:

Патенты и авторские свидетельства на вечный двигатель

В 1775 году Парижская академия наук приняла решение не рассматривать проекты вечного двигателя из-за очевидной невозможности их создания[17]. Патентное ведомство США не выдаёт патенты на perpetuum mobile уже более ста лет[18]. Тем не менее, в Международной патентной классификации сохраняются разделы для гидродинамических (раздел F03B 17/04) и электродинамических (раздел Н02К 53/00) вечных двигателей.

Если в классификации что-то устарело — это не значит, что «ухитряются».

JerleShannara 23 апреля 2020 в 18:12

0

Исходя из вашего ника и комментария дам похожую фразу: Исходя из наличия полового члена IgorVasil мог изнасиловать [вставьте имя жертвы в вашем городе].

justserega 20 апреля 2020 в 06:45

+44

Я не биолог и очевидно не знаю как читать эти таблицы и графики — но их качество такое, что мне кажется никто не сможет — там же ничего не разобрать. Поэтому когда я вижу мутный скриншот и после этого фраза

Как видим, шиповидные белки ZXC21 и ZC45 не только, в целом, на 23-24 аминокислотных остатка короче белка RaTG13

Извините, нет — не вижу и даже не понимаю куда смотреть чтобы увидеть. Мы же вроде не на вирусологическом форуме, чтобы это всем было очевидно.

Так как на хабре уже было большое количество срывов покровов про статистику по COVID-19 с огромным количеством ошибок и натягиваний, а вашу аргументацию я не могу проверить по вышеозвученным причинам — то лучше подожду к чему придет консенсус в научном сообществе по этому поводу.

YuriDeigin 20 апреля 2020 в 09:02

Я перезалил изображения сиквенсов, должны быть не мутными. Длину белка можно легко понять по номеру последней аминокислоты в приведённых сравнениях.

docadept 20 апреля 2020 в 16:30

+6

Большие изображениея лучше делать кликабельными, обрачивая в тег «a href» со ссылкой на оригинальное изображение. Вставится сжатое хабром, а кому нужно — кликнут и посмотрят большое. Хабр еще советует приписку делать, что картинка кликабельна, но это опциально, многие и так догадаются, наверное.

vesper-bot 20 апреля 2020 в 13:25

Если всё ещё просмотреть не можете, открывайте картинку-сравнение в новом окне и масштабируйте на 100% оригинала.

alstutor 20 апреля 2020 в 19:42

+5

Я тоже не биолог, но как человек, не очень далекий от науки, вижу несколько методологических... ну, не ошибок, а замечаний, сильно сбивающих градус статьи:

- 1. Мнение специалиста (именно специалиста, а не человека, объявившего себя таковым, к счастью, автор статьи себя таковым и не считает) в какой-то области более значимо в общем случае, чем мнение дилетанта.
- 2. Человек, который задалася целью найти подтверждение своим подозрениям, уверенности, мыслям, чему угодно, всегда их найдет. Всегда найдутся загадочные совпадения, кажущиеся неестественными случайности, и так далее. Искать нужно не подтверждения, а опровержения своим мыслям. Ну например, а были ли столь же интересные совпадения раньше? И если событие, которое мы исследуем, уникально, тогда это повод сомневаться. Пока — только сомневаться.
- 3. Я не биолог, и по представленным в статье графикам/диаграммам ничего не вижу. Даже не знаю, куда смотреть, да. По ним выводы должен делать специалист, нес па?

Ни в коем случае не подвергаю сомнениям проделанную работу, но призываю относиться к ней, как к интересной игре ума, не более того.

Позволю себе процитировать замечательный анализ книги А. Бушкова "Россия, которой не было", выполненный Г. Елисеевым:

Бушков пишет: «Параллели меж Римской империей и Китаем порой удивительны. Начало III в. нашей эры:

Римская империя прекращает свое существование в междоусобных войнах. Настало время " солдатских императоров". В те же годы в Китае... в междоусобных войнах гибнет империя Х ань. "к власти пришли безграмотные, морально разложившиеся солдаты"... Начало IV в. н. э.: Римская империя делится на Восточную и Западную. В те же годы в Китае империя Цзинь д елится на две части - Восточную и Западную. Римская империя воюет с гуннами. Китай в те же годы - с хунну. V в. н. э.: Западная римская империя завоевана германцами и гуннами. Ки тайская Западная Лян завоевана хунну. И в Риме, и в Китае на престоле в это время "очень юный император".» (с. 192-193).

Для человека, впервые в жизни взявшего в руки книгу по истории, все абсолютно ясно: Рим и Китай одно и то же. За исключением маленькой неувязки. Рим находится в Италии, а Кита й в Азии, оба великих народа оставили уйму археологических доказательств своего раздель ного существования, богатые литературы соответственно на китайском и латинском языках, исторические хроники, а главное - народы-наследники современных жителей Китая и Итали и, которые легко могут проследить свою родословную. Хочется спросить Бушкова: а осчастл ивить современных римлян, у которых на каждом древнем булыжнике в центре города у Кол изея написано: «Народ и Сенат Рима решили...», неожиданным родством с китайцами он не пробовал?

mithdradates 21 апреля 2020 в 00:58

0 Вот здесь абсолютно согласен. Не стоит принижать затраченный автором труд, но и

считать статью чем-то большим нежели упражнением для мозга, не следует.

pavnen 22 апреля 2020 в 19:50

-2

Ну вот, например, когда появились и стали активно распространяться труды авторов «новой хронологии», профессиональные астрономы и историки не погнушались написать критические отзывы, где по косточкам разобрали все натяжки и нестыковки. А по данной теме пока что все возражения в духе «вирусологам виднее» и для дилетанта не выглядят убедительными.

VIPDC 20 апреля 2020 в 07:07

В удивительное время живем, когда на земле появились возможности нескольким людям фактически истребить/откатить в каменный век всё человечество. Один синтезировать может, другой вирус написать и вызвать техногенную катастрофу, третий спровоцировать ядерный апокалипсис.

teecat 20 апреля 2020 в 09:40 +3 Стругацкие, КомКон-2 **pwl** 22 апреля 2020 в 05:30 0 Скорее «Далекая Радуга» **teecat** 22 апреля 2020 в 12:09 Диалог в музее в Жуке в муравейнике о допустимости любых экспериментов 20 апреля 2020 в 10:46 burzooom +5 Испанцы завезли новые вирусы\инфекции индейцам Америки, что сильно подкосило их популяцию. А теперь представте, что у майя была бы «ответочка», в виде малоактивной инфекции, от которой иммунитета не было уже у европейцев с азиатами. Два континента в ауте, африканцы становятся доминирующей цивилизацией, не прилагая никаких усилий сиди себе в набедренной повязке, сбивай бананы палками. И виноват в этом амбиции лично гражданина Колумба **Neuromantix** 20 апреля 2020 в 12:19 +4 Так испанцы завезли сифилис в Европу (по одной из версий), только вот ничего фатального не произошло. Как раз инфекция малоактивная, смертельная в долгосроке, передающаяся разными путями, в том числе бытовым. Может дело не в «злых белых колонизаторах», а просто Африка, имея миллион лет форы, «не шмогла»? 20 апреля 2020 в 13:24 burzooom +2 Вы сравниваете оспу (и ветрянку), которая передается бытовым путем, убивает относительно быстро, что бы заразились окружающие, делает заразными предметы и тем более труп. И сифилис, который 1) убивает очень медленно, практически представляя из себя хроническую болезнь 2) заражает только половым путем. Может, представим, что испанцы принесли оспу, а взамен получили наш любимый ковид-19 (точнее, ковид-1505) Как вам такой расклад? **Skigh** 20 апреля 2020 в 14:47 +7 а взамен получили наш любимый ковид-19 (точнее, ковид-1505) В 1505 году нынешний ковид, со смертностью в пару процентов максимум (добавим за уровень медицины, убавим за средний возраст и мобильность населения) никто просто не заметил бы. **burzooom** 20 апреля 2020 в 14:52 А вы учитываете, что текущие пара процентов это с учетом современного питания и доступности, и главное понимания гигиены. Мобильность населения низкая? А почти все население по воскресеньям собирается в тесные церкви? Было село, и нет села **Tarson** 20 апреля 2020 в 15:49 +3

Ну так от чумы и дохли селами и городами...

Neuromantix 20 апреля 2020 в 17:02

yeswell 20 апреля 2020 в 21:49

Сифилис вполне успешно распространяется бытовым путем. В конце 19 века в российской провинции около 98% заражений были бытовыми, и только 2% —

половыми.

А может быть мы просто не до конца знаем реалии жизни российской провинции конца 19 века?

gecube 20 апреля 2020 в 22:11

Однозначно. Я все больше и больше в этом убеждаюсь на собственном опыте, раскапывая информацию о жизни предков.

Neuromantix 20 апреля 2020 в 22:34

0

Тем не менее бытовой путь существует, просто в современности люди не запускают болезнь до образования язв и кожных высыпаний, когда больной (изза отделяемого из язв) становится крайне заразен. Я б скинул книжку с пруфами, когда, например, трактирщик заражал всех посетителей заведения, но она весит 400мб, увы. (за это я и не люблю книги в пдф)

Starche 21 апреля 2020 в 00:16 +2

для того, чтобы сложить представление о сифилисе и способах его передачи на начало 20го века.

Можно почитать «Записки юного врача» Булгакова. Будет вполне достаточно

Знакомый лежавший в больнице (в 80-х) рассказывал о случае внутрибольничного бытового заражении сифилисом. Увы. Больной был недостаточно изолирован.

shurricken 20 апреля 2020 в 17:34

правда.

помнится пытался я читать на эту тему. Осталось в памяти что это больше пиар, чем

burzooom 20 апреля 2020 в 20:46

Daddy_Cool 22 апреля 2020 в 00:37

Странно, зачем это делать. Никто не отрицает, что испанцы, и прочие европейцы конкретно подкосили население Америки. И уже не играет роли, помогала ли им в этом ветрянка или нет. В чем смысл такого пиара

shurricken 21 апреля 2020 в 20:21

ничего не понял. Если ветрянка не помогала, зачем рассказывать об этой сказке?

ashed 20 апреля 2020 в 07:31

+18 В общем, доказательств ни за рукотворность породившего пандемию вируса, ни против оной Материал шикарный, читал не отрываясь.

Автору — жирный плюс в репутацию.

```
YuriDeigin 20 апреля 2020 в 09:02
     +6
  Спасибо)
                     26 апреля 2020 в 06:53
   androidovshchik
     0
  Посмотрим, что будет дальше, история покажет. Если он был рукотворный и не ошибкой, то
  явно были/есть какие-то еще цели, которые должны будут открыться в скором будущем
Headballz 20 апреля 2020 в 07:52
   +2
Огромное спасибо за статью, отбила последнюю надежду на сон. Вроде недавно была
информация, что нулевым пациентом мог быть сотрудник Уханьского института.
   YuriDeigin 20 апреля 2020 в 09:05
  Такие слухи ходили изначально (про студентку Huang Yanling), но достоверного
  подтверждения пока не было.
     wmgeek 20 апреля 2020 в 20:15
        -3
    Публикация в foxnews о том что пациент ноль — сотрудник лаборатории Ухань
    https://www.foxnews.com/politics/coronavirus-wuhan-lab-china-compete-us-sources
       Wesha 20 апреля 2020 в 20:28
          +4
       О да, там не могут врать — это же Fox News, верные продолжатели дела Рен-ТВ (или
       наоборот)!
          wmgeek 20 апреля 2020 в 20:37
         Один из основных информационных каналов США с ежедневной аудиторией 1,2млн
         человек, информацию с которого перепечатали и New York Post и Russia Tooday и
         многие другие информ агенства, конечно, можно сравнить с желтой прессой, но что
         тогда для вас достоверный источник?
            apanasenko 20 апреля 2020 в 21:53
               0
           Fox news, чистая пропаганда и рен тв.
                      20 апреля 2020 в 22:28
            Wesha
               +3
             с ежедневной аудиторией 1,2млн человек,
           "сто миллионов леммингов не могут быть неправы"?
            но что тогда для вас достоверный источник?
           Вы прямо как в Википедии никогда не были. Тот, который не занимается
           оригинальными исследованиями, и даёт ссылки на первоисточники (т.е.
           возможность перепроверить себя). В противном случае получается та или иная
           версия "учёный изнасиловал журналиста".
           Я здесь (в США), между прочим, живу. И, к сожалению, Fox News здесь отчётливо
           воспринимается как проводник курса Путина политики республиканцев —
           электорат которых — в значительной части малообразованные (= легко
           внушаемые, предрассудочные, малообразованные) люди из преимущественно
           сельских районов. Методичками, похоже, тоже не гнушаются (судите сами)
           P.S. Но с достоверностью источников иногда происходит вообще полный трындец
           — это когда даже непосредственные участники событий в разных интервью сами
           себе противоречат.)
                      21 апреля 2020 в 00:12
               Cord
                 0
             [удалено]
                 mithdradates
                                 21 апреля 2020 в 00:56
                    +2
                Сложно найти какой-то универсальный, не ангажированный источник
                информации. Поэтому остается лишь читать как можно больше мнений с
                обоих сторон баррикад и критически размышлять над ними, что отнимает
                прилично времени. Ну или искать некоторые независимые, не мейнстримные
                источники. Я так лично для себя открыл Grayzone, но, конечно же, тут тоже
                без критического взгляда — никуда.
                             21 апреля 2020 в 08:31
                   Wesha
                      0
                    Сложно найти какой-то универсальный, не ангажированный источник
                    информации.
                  А кто обещал, что будет легко? :) Жизнь — она <del>как у жёлудя — кругом одни</del>
                  дубы, и каждая свинья съесть норовит штука тяжёлая.
               wmgeek 21 апреля 2020 в 07:24
                 -1
             Я читаю NYP сегодня, чтобы предположить что может случиться в Москве через
             пару недель. Вляпался в желтизну без умысла. В вики был и на цитату оттуда
             вы ответили тем, чего в ней нет. Теперь буду знать.
              tairsu 22 апреля 2020 в 19:50
                 0
             Историю создания Fox News великолепно рассказывает короткий сериал The
             Loudest Voice с Расселом Кроу в главной роли.
             Там очень наглядно показано, что правдивость для успеха в массах абсолютно
             не нужна. Секрет в том, чтобы говорить то, что люди хотят слышать.
            dsemenyuk 20 апреля 2020 в 22:37
               0
           Fox News, New York Post и то медиа, которое вы упомянули, и фраза "достоверный
           источник" не могут находиться в одном предложении.
            Phil_itch 20 апреля 2020 в 23:05
               0
           миллионы мух не могут ошибаться!
scorpy27 20 апреля 2020 в 08:54
   +1
мутацыя шредингера просто)
спасибо за содержательный анализ.
3Dvideo 20 апреля 2020 в 09:18
```

+4
После вашей статьи почитал про эпидемию сибирской язвы в Свердловске. Что интересно, там тоже люди умирали от пневмонии. Интересно было бы посмотреть всю эту хронологию эпидемий целиком

Отличная глубокая аналитическая работа! Юрий, спасибо, было крайне интересно прочитать!

Ares_ekb 20 апреля 2020 в 09:22

ra3vdx 20 апреля 2020 в 19:25

-2

И там бациллу спроектировали? Вот мерзавцы! А скажите, «Испанка» H1N1 столетней давности сбежала из лабораторий? Что интересно, там тоже люди умирали от пневмонии.

vakhnenko 22 апреля 2020 в 20:42

+1

> И там бациллу спроектировали?

Не так давно секвенировали тамошний штамм сибирской язвы, отличия от встречающегося в природе варианта минимальны — всего шесть пар оснований, которые вроде ни на что особо не влияли.

У меня вообще сложилось впечатление, что советская программа бактериологического оружия была довольно примитивной. Что, на деле, немудерено, с учетом того, как громили биологию при Сталине.

ra3vdx 22 апреля 2020 в 21:06

-1

Вы абсолютно правы.

maremman 21 апреля 2020 в 11:51

+2

В 1988 году, под Нижним Тагилом, полк РВСН, в котором я служил выдвигался к месту дислокации, на время учений. Ночью, на плановой остановке, один из офицеров отойдя от колонны «покурить», с грубой нецензурной бранью провалился в стандартный городской колодец коллектора, у которого был снят люк! Дорога пролегала через густой лес, до ближайшего населённого пункта было более 25 километров. Мы достали офицера из колодца, осмотрелись. В темноте увидели нечто похожее на курган. Пара бойцов быстро поднялась на него Оказалось, что наверху «кургана» находится стальная, крепко приваренная, крышка. В этот момент, старший колонны отдал приказ: «По машинам», и мы рванули вперёд. На расспросы о том, что за место мы проехали, командир ответил, так:

«Там был скотомогильник, больше ничего не знаю».

Andrey_Dolg 20 апреля 2020 в 09:44

Ну пока ситуация так себе, имеем известную возможную лабораторию для искусственного выведения CoV-2, где точно хранился предок нынешнего вируса и полное отсутствие понимания где искать естественную лабораторию для такого смешения вирусов RatTG13 и

Вообщем-то в статье даёт понимание того, что доказать, что это была утечка, по сути не возможно даже если бы она была. Без записей о выведении такого вируса и данных о его потери всё, что остаётся это косвенные улики, а не доказательства. Даже утечка H1N1 не имеет по сути доказательств.

Предположение о том, что утечка 1977 г. могла быть связана с исследованиями вакцин против H1N1, подтверждается наблюдением, что в начальных вспышках в Китае девять из десяти вирусных изолятов выражали «температурную чувствительность» (Kung 1978). Чувствительность к температуре, как правило, необычная черта, но в 1970-х годах она была (и всё ещё остается) фундаментальной чертой для создания ослабленных живых вакцин против гриппа. Чувствительность к температуре обычно возникает только после серии существенных лабораторных манипуляций и отборов.

Интересно, что дальнейшие исследования показали, что циркулирующие штаммы в 1977-78 гг. часто состояли из смешанных температурно-чувствительных и нормальных компонентов, и что чувствительность к температуре, по-видимому, быстро исчезла из штамма H1N1 после 1978 г. Утечка штамма H1N1, проходящего лабораторное ослабление путём создания чувствительных к температуре мутантов, могла обеспечить как раз такую смешанную популяцию. В 1976-77 годах лабораторный персонал младше 20 лет не был знаком со штаммами гриппа H1N1 до 1957, поэтому мог быть подвержен инфицированию в лаборатории. Низкая тяжесть пандемии 1977 года может быть отчасти обусловлена чувствительностью вируса к температуре, что ограничивает репликацию вируса в легочных тканях.

И такой весьма существенный намёк на утечку тоже не является явным доказательством.

Σίσ **DrGii** 20 апреля 2020 в 16:20

0

Без записей о выведении такого вируса

Есть записи о создании подобных химер

In the current study, we successfully cultured an additional novel SARSr-CoV Rs4874 from a single fecal sample using an optimized protocol and Vero E6 cells [17]. Its S protein shared 99.9% aa sequence identity with that of previously isolated WIV16 and it was identical to WIV16 in RBD. Using the reverse genetics technique we previously developed for WIV1 [23], we constructed a group of infectious bacterial artificial chromosome (BAC) clones with the backbone of WIV1 and variants of S genes from 8 different bat SARSr-CoVs. Only the infectious clones for Rs4231 and Rs7327 led to cytopathic effects in Vero E6 cells after transfection (S7 Fig). The other six strains with deletions in the RBD region, Rf4075, Rs4081, Rs4085, Rs4235, As6526 and Rp3 (S1 Fig) failed to be rescued, as no cytopathic effects was observed and viral replication cannot be detected by immunofluorescence assay in Vero E6 cells (S7 Fig). In contrast, when Vero E6 cells were respectively infected with the two successfully rescued chimeric SARSr-CoVs, WIV1-Rs4231S and WIV1-Rs7327S, and the newly isolated Rs4874, efficient virus replication was detected in all infections (Fig 7). To assess whether the three novel SARSr-CoVs can use human ACE2 as a cellular entry receptor, we conducted virus infectivity studies using HeLa cells with or without the expression of human ACE2. All viruses replicated efficiently in the human ACE2expressing cells. The results were further confirmed by quantification of viral RNA using real-time RT-PCR

Danilin78 20 апреля 2020 в 09:45

случайно забыта статья

https://www.nature.com/news/engineered-bat-virus-stirs-debate-over-risky-research-1.18787

Инженерный вирус летучей мыши вызывает споры по поводу рискованных исследований Лабораторный коронавирус, связанный с атипичной пневмонией, может поражать человеческие клетки. Примечание редакции, март 2020 года: мы знаем, что эта история используется в качестве основы для непроверенных теорий о том, что новый коронавирус, вызывающий COVID-19, был

спроектирован. Нет никаких доказательств, что это правда; ученые считают, что наиболее

вероятным источником коронавируса является животное. Engineered bat virus stirs debate over risky research Lab-made coronavirus related to SARS can infect human cells. Editors' note, March 2020: We are aware that this story is being used as the basis for unverified theories that the novel coronavirus causing COVID-19 was engineered. There is no evidence that this

is true; scientists believe that an animal is the most likely source of the coronavirus. https://www.nature.com/news/engineered-bat-virus-stirs-debate-over-risky-research-1.18787

Вирус и карты и главное ГРАФИКИ coronavirus-monitor.ru/coronavirus-v-rossii worldometers.info/coronavirus/country/russia

... Подробности в моих темах разных форумов...

Falseclock 20 апреля 2020 в 09:50

+2

Удивительно! Большую часть не понимаешь, но все равно читаешь с интересом!

sim2q 21 апреля 2020 в 09:04

0

По космологии так ещё интересней и с картинками тоже:) Но что бы как тут — давно не читал.

Alsandr7 20 апреля 2020 в 09:53

0

Как хрупок этот мир, и как много глупцов не думают о последствиях...

Frolush 20 апреля 2020 в 09:55

+2

Спасибо за статью. Как заголовок увидел, думаю, о опять конспиралогия, пойду комменты почитаю. Но залип на статье.

P.s почти ничего не понял, но как видеооператор думаю, а отличный сюжет для фильма однако...

Oserg 20 апреля 2020 в 12:14

+2

Да это и есть конспирология. В конце конечно автор написал дисклеймер, но в начале-то он вполне недвусмысленно пишет

CoV2 — это очевидная химера, основанная на летучемышином штамме RaTG13, у которого в шиповидном белке место связывания с рецептором (RBM) заменено с летучемышиного на панголиний, и вдобавок врезан особый участок из 4-х аминокислот, создавший furin cleavage site, который, как ранее выяснили вирусологи, значительно расширяет «репертуар» вируса в плане того, в чьи клетки он может проникать

Ну и натягивает дальше сову на глобус.

Посмотрите на его другие статьи — там весьма показательная подборка. Жалко что этот бред получает столько плюсов и дальше разойдется по Сети уже с ссылкой на Хабр как относительно авторитетный источник.

mithdradates 20 апреля 2020 в 12:39

+3

Ну тут согласен — возникает ощущение, что у автора уже есть сформировавшееся мнение, что вирус рукотворный и он под это подгоняет различные факты. Так, противоположная точка зрения практически не раскрыта, парочка дисклеймеров аля «вот 10 фактов в пользу рукотворности, но это не значит, что он рукотворный» — не в счет, ибо они скорее выполняют противоположную задачу — в пользу одной точки зрения приводится множество аргументов (хотя очень многие из них спорные и весьма натянуты), а в пользу другой — нет (хотя их тоже достаточно много, взять ту же статью в Nature, где приводятся доводу в пользу того, почему рукотворность вируса под вопросом).

Также, приводится утверждение, что «создать подобный вирус технически современным вирусологами не составит труда», но не уверен, что для такого громкого заявления в статье было проведено достаточно исследований.

Однако, про плюсы не совсем согласен — такой обширный обзор литературы похвален сам по себе, плюс от него можно построить и свои собственные выводы, а также покопать в данном направлении, если эта тема заинтересовала.

kryvichh 20 апреля 2020 в 13:21

+4

Для меня лично естесственное происхождения вируса всё ещё остаётся основным предположением. Но статья очень хороша: показывает, чего достигли учёные в этой области, и что на сегодня создать такой вирус уже не является неразрешимой проблемой.

DrGii 20 апреля 2020 в 14:07

+1

Также, приводится утверждение, что «создать подобный вирус технически современным вирусологами не составит труда», но не уверен, что для такого громкого заявления в статье было проведено достаточно исследований.

Это заявление сделано на основе работы по созданию вирусов-мутантов в Уханьском институте вирусологии, вот эта работа: Bat Severe Acute Respiratory Syndrome-Like Coronavirus WIV1 Encodes an Extra Accessory Protein, ORFX, Involved in **Modulation of the Host Immune Response** Автор Lei-Ping Zeng

Kunis 23 апреля 2020 в 13:50

0

Слово «конспирология» подразумевает наличие за происходящим чьего-то намериения, чьей-то недоброй воли. Когда что-то объясняется глупостью, жадностью и безответственностью, это ни разу не конспирология. Наоборот, это вполне вероятный вариант.

Novikofff 20 апреля 2020 в 12:43

+2

Конспирология — то что люди уже на протяжении 30 лет выводят короновирусных химер в пробирках? Или то что лаборатории с поразительной стабильностью выпускают свои наработки в свет? Или конспирология — то что эти химеры генетически поразительно похожи на тот вирус который гуляет по планете?

YuriDeigin 20 апреля 2020 в 14:23

+5

To, что CoV2 химера — это факт. Вопрос лишь в (pardon the pun) природе возникновения этой химеры — лабораторной или природной. Я привёл свидетельства того, что в лаборатории созданием схожих химер занимались многократно. Поэтому тезис «учёные пока не достигли таких высот, чтобы они могли создать CoV2», который я не раз слышал, явно ложен.

А вот уже варианты того, что именно произошло каждый волен предлагать сам, как и оценивать их вероятность на основании доступных фактов. Вот пока я не погрузился в Пабмед, я многих фактов о таких исследованиях не знал — сначала думал, что работа 2015 года была чем-то из ряда вон выходящим. Оказалось, что нет.

DrGii 20 апреля 2020 в 16:24

0

— сначала думал, что работа 2015 года была чем-то из ряда вон выходящим. Оказалось, что нет.

Вот пока я не погрузился в Пабмед, я многих фактов о таких исследованиях не знал

Именно по коронавирусам — она была прорывной. И соавтором указана госпожа Ши. А значит именно этим занималась уханьская лаборатория. Затем у них вышел еще ряд работ, посвященных созданию химерных коронавирусов. Например вот эта: journals.plos.org/plospathogens/article?id=10.1371/journal.ppat.1006698

ElenaStPb 21 апреля 2020 в 11:52

-1

Извините за оффтопик — а давайте Вы вместо «сайт» будете писать «участок»?

ClearAirTurbulence 23 апреля 2020 в 11:15

Даваяте вместо байт писать кусок. Терминология устоялась, извините, следующий!

ElenaStPb 23 апреля 2020 в 11:58

Следующий: устоялась где? У «наших ребят»? Сайт массово употребляется в

значении website, причем тут это мало-мальски обоснованно. А зачем лишний раз засорять русский язык? Попугаям легче жить?

anton19286 23 апреля 2020 в 13:37

+1

ru.wikipedia.org/wiki/Список_генетических_терминов#С

KonkovVladimir 20 апреля 2020 в 10:13

+1

По поводу вирусной археологии — есть интересный пост на virology.blog The sequence KP876546 in NCBI is very short (only 370 bp) and is defined as Rhinolophus bat

coronavirus BtCoV/4991 partial RNA-dependent RNA polymerase. This sequence is also analysed in the article Characterization of a New Member of Alphacoronavirus with Unique Genomic Features in Rhinolophus Bats doi.org/10.3390/v11040379. I blasted the KP876546 sequence in NCBI and I got 100% identities with RaTG13

vesper-bot 20 апреля 2020 в 10:49

Полимеразы, по идее, мутировать и не должны, потому как ошибка в полимеразе разрушит

0

жизнеспособность вируса как такового. И то, что такая же есть в RaTG13, доказывает мало что, помимо жизнеспособности самого RaTG13.

KonkovVladimir 20 апреля 2020 в 11:09

vesper-bot 20 апреля 2020 в 11:59

+1

Ну вы же понимаете, что тройка нуклеотидов может иметь 64 варианта, а аминокислот всего 21, поэтому кодирование избыточно! Синонимические или "молчащие" мутации изменяют нуклеотидные последовательности

генов, но не аминокислотные последовательности кодируемых ими белков.

Если 100% совпадает последовательность нуклеотидов, то это о чем то говорит.

0

А, там 100% совпадение нуклеотидов, а не аминокислот? Это немного меняет дело, но не полностью — нужно сравнить с полимеразами в доступных геномах остальных штаммов коронавирусов летучих мышей, да и человеческих тоже, вроде как полимераза куда более фундаментальный код, чем домен связывания, и исполняется корректно едва ли не в любой клетке, в которой есть механизм создания РНК. Может, там тоже сто процентов, или замена пары нуклеотидов с нулевым результатом в последовательности кодируемых аминокислот.

```
YuriDeigin 27 апреля 2020 в 18:27
```

Спасибо! Да, очень похоже, что RaTG13 и KP876546 — это один и тот же штамм. Подробности в UPD2 к этой статье.

+1

kryvichh

Юрий, ваша статья — бомба. Теперь понятно, что

20 апреля 2020 в 10:16

1) Наука достигла такого уровня развития, что она способна без особых усилий манипулировать вирусами на генетическом уровне.

2) Китай активно развивает эти исследования, биолаборатории растут как грибы после дождя. И с учётом того, что в США они не поощряются, даже запрещались, китайцы скоро обгонят всю планету в этой области (если уже не).

3) Запретить генетические исследования невозможно. Страна, которая введёт запреты, незамедлительно попадёт в лагерь отстающих.

Почти любую продвинутую науку можно использовать как во вред (для войны и получения геополитического преимущества), так и во благо (для лечения известных и неизвестных вирусных заболеваний, для создания вакцин, для генного улучшения с/х растений и животных). Я думаю, все страны в ближайшей перспективе, после завершения пандемии коронавируса, будут активно вкладываться в эту область. А значит и вероятность появления генно-модифицированных вирусов и бактерий за стенами лабораторий возрастёт многократно. Билл Гейтс — гений, и предвидел это уже давно. А Илон Маск — другой гений, не только предвидел, но и активно начал искать убежище от этого на других планетах, чтобы в час Х спасти хотя бы часть человечества.

Р. S. Юрий, у вас есть профильное образование? Или вы ещё один программист со сверхширокими интересами и познаниями в других областях. Просто в последние годы я вижу много программистов, которые в свободное время активно интересуются и обладают широкими познаниями, скажем, в физике, экономике или лингвистике.

Andrey_Epifantsev 20 апреля 2020 в 10:58

+1

Я думаю, все страны в ближайшей перспективе, после завершения пандемии коронавируса, будут активно вкладываться в эту область. А значит и вероятность появления генно-модифицированных вирусов и бактерий за стенами лабораторий возрастёт многократно.

Похоже пора присматривать остров где-нибудь в океане и переезжать туда. Нет желающих скинуться и совместно купить остров?

alexsOff 20 апреля 2020 в 11:01

0

остров

Так лучше на другую планету, птицы так вполне себе могут быть переносчиками вирусов.

sim2q 21 апреля 2020 в 09:08

и тело на др физической основе желательно:)

Peter_Riviera 20 апреля 2020 в 14:11

0

Надо покупать не остров, а средства передвижения пригодные для перемещения п человек на какой-нибудь остров. Ну и оружие, запасы еды на начальный период и средства производства. А платить кому-то за филькину грамоту о праве на кусок территории — глупость.

Andrey_Epifantsev 20 апреля 2020 в 14:34

0

Предполагается не просто купить остров, а поселится на нём и создать инфраструктуру для жизни. И организовать возможность автономного существования хотя бы в течение года. Так, чтобы уже жить там, когда начнётся следующая эпидемия.

JerleShannara 20 апреля 2020 в 16:52

0

Пессимист учит китайский, оптимист — английский, а реалист — автомат калашникова.

d-stream 21 апреля 2020 в 00:48

Очень заманчивое место для опытов над изолированной популяцией)

Gannet 21 апреля 2020 в 11:52

+2

>Билл Гейтс — гений

Чё? Если он гений, то только в том, что его компании удалось успешно продавать мусор. А насчёт «предвидел», так у меня возле парадного бабки на лавочке предвидят каждый день.

Neuromantix 20 апреля 2020 в 10:19

А вот такой вопрос — на что именно нацелены тесты на коронавирус (ков-2), кроме тстов с полной расшифровкой генома, там все ясно. Они анализируют именно S-белок, или какие-то ключевые точки, или что-то еще? Не могут они срабатывать на всякие кошачьи и прочие вирусы? «Бессимптомные» — это реально инфицированные люди. которые не болеют (почему?) или это глюки тестов или же это «переменная для манипуляций со статистикой»?

TiesP 20 апреля 2020 в 11:05

0 В одном интервью читал, что есть несколько вариантов тестов. Каждый из которых может

сверять какие-то разные ключевые последовательности. Поэтому у них и точность отличается (если вирус мутировал, то могла немного измениться и ключевая последовательность для теста). Интервью изложено намного проще, чем данная статья и в нём говорят о разделении на «структурные гены» и «регулирующую область».

Было бы интересно у автора поста узнать, что соответствует этим областям в терминах статьи (какие участки последовательности).

sheknitrtch 20 апреля 2020 в 10:47

+10 В статье на N+1 "Сам ты искусственный" есть примеры утечек вируса сибирской язвы в 79-м и

SARS-COV в 2003. Такие утечки обычно быстро локализуют, а виновных вычисляют. Я не исключаю версию утечки, но считаю её маловероятной.

участки по 2-3 нуклеотида, которые объяснить простой склейкой не получается. Это результаты мутации.

И ещё в статье приводится сравнение геномов RaTG13 и SARS-CoV-2. Есть отличающиеся

SHC014 QIGVIADYNYKLPDDFIGCVIAWNTNSKDSSTSGNYNYLYRWVRRSKLNPYERDISNDIY QTGvIADYNYKLPDDFmGCVlAWNtrNiDAtstGNhNYkYRylRhgKLRPFERDISNvpf MA15 SARS_CoV2 QAGstPCNgveGfNCYfPLqsYGFqPTnGVGyQPYRVVVLSFELLhAPATVCGPKkSTnL QAGsKPCNgqtG1NCYyPLyrYGFYPTdGVGHQPYRVVVLSFELLNAPATVCGPKkSTnL RaTG13 SHC014 spGGQsCsav-GpNCYnPLrpYGFFtTaGVGHQPYRVVVLSFELLNAPATVCGPK1STDL spdGKPCtpp-alNCYwPLndYGFYtTtGiGyQPYRVVVLSFELLNAPATVCGPK1STDL MA15 VKNKCVNFNFNGLTGTGVLTESNKKF1PFQQFGRDIADtTDAVRDPqT1EILDItPCSFG SARS_CoV2 RaTG13 VKNKCVNFNFNGLTGTGVLTESNKKF1PFQQFGRDIADtTDAVRDPqT1EILDItPCSFG SHC014 IKNqCVNFNFNGLTGTGVLTpSsKrFqPFQQFGRDvsDFTDsVRDPKTsEILDISPCSFG IKNqCVNFNFNGLTGTGVLTpSsKrFqPFQQFGRDvsDFTDsVRDPKTsEILDISPCSFG MA15 SARS_CoV2 GVSVITPGTNtSNqVAVLYQDVNCTeVPVAIHADQLTPTWRVYSTGsNVFQTrAGCLIGA RaTG13 GVSVITPGTNASNqVAVLYQDVNCTeVPVAIHADQLTPTWRVYSTGsNVFQTrAGCLIGA SHC014 GVSVITPGTNtSsEVAVLYQDVNCTDVP<mark>V</mark>AIHADQLTPsWRVYSTG<mark>N</mark>NVFQT<mark>Q</mark>AGCLIGA MA15 GVSVITPGTNASsEVAVLYQDVNCTDVstAIHADQLTPaWRiYSTGNNVFQTQAGCLIGA EHVnNSYECDIPIGAGICASYqTqtnsprraRSvAsqSIIAYTMSLGAeNSvAYSNNSIA SARS_CoV2

EHVnNSYECDIPIGAGICASYqTqtns----RSvAsqSIIAYTMSLGAeNSvAYSNNSIA

SHC014 EHVDtSYECDIPIGAGICASYHTvSsl----RSTsQKSIvAYTMSLGADsSIAYSNNtIA EHVDtSYECDIPIGAGICASYHTvS11----RSTsQKSIvAYTMSLGADsSIAYSNNtIA

SvSh123 20 апреля 2020 в 12:05

MA15

RaTG13

+7

Ну, начнем с того, что возбудитель сибирской язвы — ни разу не вирус...:)

Pangolin coronavirus isolate PCoV_GX-P5L, complete genome

0

Это получается объяснить мутацией самого SARS-CoV-2.

Ведь не факт, что тот штамм, который расшифровали в Ухане — был изначальным у нулевого пациента. Как вы знаете, вирус может передаваться бессимптомно, и мутировать.

Посмотрите на различия штаммов SARS-CoV-2 между собой.

```
52665 52796 98% 0.0 99.62% <u>MT259284.1</u>
Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 isolate SARS-CoV-2/human/USA/WA-UW294/2020, complete genome
Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 isolate SARS-CoV-2/human/USA/WA-UW387/2020, partial genome
                                                                                                                                   52355 52905 98% 0.0 99.60% MT263466.1
    Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 isolate SARS-CoV-2/human/USA/WA-UW381/2020_partial genome
                                                                                                                                   52303 52879 98% 0.0 99.63% MT263460.1
Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 isolate SARS-CoV-2/human/USA/WA-UW250/2020, partial genome
                                                                                                                              52018 52148 97% 0.0 99.44% MT259242.1
Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 isolate SARS-CoV-2/human/USA/WA-UW293/2020, partial genome
                                                                                                                                   52015 52145 97% 0.0 99.41% MT259283.1
                                                                                                                                  51846 51976 98% 0.0 98.82% MT263393.1
Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 isolate SARS-CoV-2/human/USA/WA-UW312/2020, partial genome
Severe acute respiratory, syndrome coronavirus 2 isolate SARS-CoV-2/human/USA/VA-DCLS-0033/2020_complete genome 49652 53855 99% 0.0 99.97% MT322414.1
                                                                                                                                   48640 48729 <u>99% 0.0 96.12% MN996532.1</u>
✓ Bat coronavirus RaTG13, complete genome
                                                                                                                                   47943 52502 98% 0.0 99.51% MT259279.1
    Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 isolate SARS-CoV-2/human/USA/WA-UW289/2020, partial genome
Severe acute respiratory, syndrome coronavirus 2 isolate SARS-CoV-2/human/ESP/Valencia18/2020 ORF1ab polyprotein (ORF1ab), ORF1<sub>8</sub> 46139 53307 98% 0.0 99.99% MT292576.1
Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 isolate SARS-CoV-2/human/ESP/Valencia19/2020 ORF1ab polyprotein (ORF1ab), ORF1g 46135 53299 98% 0.0 99.98% MT292577.1
                                                                                                                                     46127 53295 98% 0.0 99.98% <u>MT233521.1</u>
     Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 isolate SARS-CoV-2/human/ESP/Valencia6/2020, partial genome
                                                                                                                                  43971 50810 97% 0.0 98.25% <u>MT263389.1</u>
Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 isolate SARS-CoV-2/human/USA/WA-UW306/2020, partial genome
Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 isolate SARS-CoV-2/human/USA/WA-UW226/2020_partial_genome
                                                                                                                                   42566 53095 98% 0.0 99.60% MT246483.1
                                                                                                                                   41169 53518 99% 0.0 99.79% <u>MT246463.1</u>
    Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 isolate SARS-CoV-2/human/USA/WA-UW206/2020, partial genome
Severe acute respiratory, syndrome coronavirus 2 isolate SARS-CoV-2/human/ESP/Valencia20/2020 ORF1ab polyprotein (ORF1ab), ORF1; 41133 52796 97% 0.0 99.97% MT292578.1
Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 isolate SARS-CoV-2/human/USAWA-UW327/2020_partial_genome 41096 52685 97% 0.0 99.78% MT263407.1
                                                                                                                                   41039 52910 99% 0.0 99.56% <u>MT246465.1</u>
    Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 isolate SARS-CoV-2/human/USA/WA-UW208/2020, partial_genome

        ✓
        Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 isolate SARS-CoV-2/human/USAWA-UW208/2020_partial_genome
        41039 52910
        99%
        0.0
        99.56%
        MT246465.1

        Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 isolate SARS-CoV-2/human/USAWA-UW415/2020_complete genome
        41024 52675
        98%
        0.0
        99.88%
        MT293180.1

        Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 isolate SARS-CoV-2/human/ESP/Valencia4/2020_partial genome
        40767 52948
        98%
        0.0
        99.53%
        MT233520.1

        Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 isolate SARS-CoV-2/human/ESP/Valencia001/2020_partial genome
        40137 53106
        98%
        0.0
        99.97%
        MT198653.1

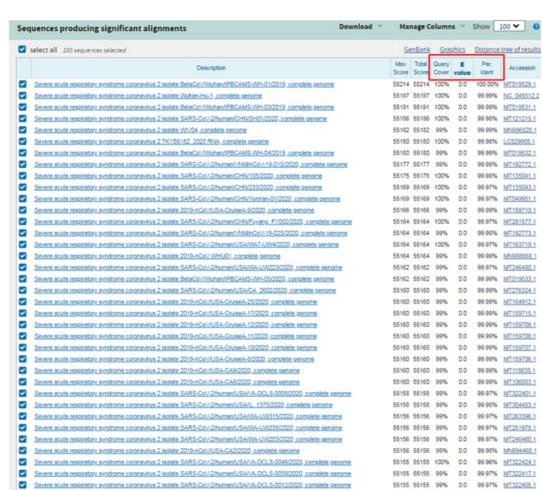
                                                                                                                                   40137 53106 98% 0.0 99.97% <u>MT198653.1</u>
     Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 isolate SARS-CoV-2/human/ESP/Valencia001/2020, partial genome
Severe acute respiratory, syndrome coronavirus 2 isolate SARS-CoV-2/human/USACT-UW428/2020 ORF1ab polyprotein (ORF1ab) and OR 38190 51837 97% 0.0 99.55% MT293193.1
     Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 isolate SARS-CoV-2/human/USAWA-UW276/2020_partial genome 37119 51894 97% 0.0 99.64% MT259270.1
    Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 isolate SARS-CoV-2/human/USA/WA-UW280/2020_partial_genome
                                                                                                                                     36630 52138 97% 0.0 99.74% MT259272.1
Severe acute respiratory, syndrome coronavirus 2 isolate SARS-CoV-2/human/IRN/HGRC-01-IPI-8206/2020 ORF1ab polyprotein (ORF1ab), 35196 51456 95% 0.0 99.96% MT281530.1
    Severe acute respiratory, syndrome coronavirus 2 isolate SARS-CoV-2/human/USA/WA-UW263/2020, partial genome 34802 51858 97% 0.0 99.58% MT259255.1
    Severe acute respiratory_syndrome coronavirus 2 isolate SARS-CoV-2/human/USA/VA-DCLS-0007/2020, complete genome
                                                                                                                                     34738 53693 99% 0.0 99.97% MT322400.1
Severe acute respiratory, syndrome coronavirus 2 isolate SARS-CoV-2/human/USA/VA-DCLS-0006/2020 ORF1ab polyprotein (ORF1ab), OI 34689 53453 98% 0.0 99.97% MT322399.1
     Severe acute respiratory, syndrome coronavirus 2 isolate SARS-CoV-2/human/USA/MI-SC2-0002/2020 ORF1ab polyprotein (ORF1ab), surf; 34478 53093 98% 0.0 99.70% MT308693.1
```

YuriDeigin 20 апреля 2020 в 13:23

34178 34217 <u>99% 0.0 85.46</u>% <u>MT040335.1</u>

Вы точно на ту колонку смотрите? Первая колонка — это не совпадение, а покрытие поиска. Какие-то штаммы могут быть не на 100% секвенированы, да и ошибки случаются.

А вот уже вторая колонка — совпадение с искомой последовательностью. И в вашем примере посередине тот самый RaTG13 с 96% совпадения.



20 апреля 2020 в 13:46 **DrGii**

Почему не на ту колонку, как раз на ту — на вторую. Повторюсь: SARS-COV-2 различаются между собой и даже между ними нет полного совпадения из-за внутренних мутаций. Отсюда и участки с различием по 2-3 нуклеотида.

Вы же говорите:

CoV2 — это очевидная химера, основанная на летучемышином штамме RaTG13, у которого в шиповидном белке место связывания с рецептором (RBM) заменено с летучемышиного на панголиний, и вдобавок врезан особый участок из 4-х аминокислот, создавший furin cleavage site

Вот это и объясняет 96%.

Ну вот предположим:

в лаборатории создают химерный вирус из известного образца RaTG13, он каким-то образом выходит за ее пределы и будет циркулировать некоторое время в популяции ДО ТОГО как его заметят медики и за это время сумеет набрать мутации (которые и видны на вашей картинке и на моей). Когда же его обнаруживают и секвенируют, то получают 96% с RaTG13 и единичные отличающиеся участки по 2-3 нуклеотида. Потому что они успели мутировать до обнаружения, так как секвенированы не с нулевого пациента. Это и объясняет некоторые единичные различия участков.

довольно долго, может быть недели. Ведь за это время он даже обнаружился в Японии. А как мы знаем, он в большинстве своем вообще протекает бессимптомно.

Сколько вирус циркулировал в популяции до того, как его заметили? Я думаю, что

sheknitrtch 20 апреля 2020 в 13:46

0

Вопрос в том, сколько лет нужно, чтобы получить такое количество мутаций? В лабораториях удаётся получить несколько десятков мутаций в год. Это меньше 0.01% от всего генома (Я опираюсь на ту же статью из N+1). Если люди заразились при контакте, у них не может быть разница в 1-2% в геноме возбудителя.

DreamingKitten 20 апреля 2020 в 14:18

Почему лет? Продолжительность жизни «поколения» вируса — первые десятки часов всего.

KonkovVladimir 20 апреля 2020 в 14:25

+1

Был статья о том что время эволюции RaTG13 и SARS-COV-2 от общего предка ∼50 лет, оценено по трем консервативным регионам генома. www.biorxiv.org/content/10.1101/2020.03.30.015008v1

We estimate that RaTG13 and SARS-CoV-2 diverged 40 to 70 years ago. There is a diverse unsampled reservoir of generalist viruses established in horseshoe bats.

DrGii 20 апреля 2020 в 14:32

0 Вот оценили скорость мутаций.

Model	Marginal likelihood	Evolutionary rate (subs/site/year)	TMRCA
SC heterochronous	-41028.38	1.23×10 ⁻³ (HPD: 5.63×10 ⁻⁴ – 1.98×10 ⁻³)	2019.89 (HPD: 2019.81 – 2019.95)
UCLN heterochronous	-41034.21	1.29×10 ⁻³ (HPD: 5.35×10 ⁻⁴ – 2.15×10 ⁻³)	2019.87 (HPD: 2019.74 – 2019.95)
UCLN isochronous	-41053.57	-	-
SC isochronous	-41053.70	-	-
0 1 .			

Conclusions Our Bayesian analyses using the SC and UCLN clock models suggest that the 47 2019 n-CoV

infer that nCoV-2019 is evolving at a rate of around 1.26×10-3 subs/site/year (average over the SC and UCLN model), similar to those of other human coronaviruses, and that it originated in late 2019, which is in agreement with earlier estimates by @arambaut in an earlier thread. As more data are collected, there may be stronger among-lineage rate variation as to warrant using a relaxed clock model, but we anticipate that evolutionary rates and times will be broadly similar to those estimated here.

genomes available the 2nd of February of 2019 may have sufficient temporal signal. Accordingly, we

Importantly, the molecular clock method should be carefully considered because its choice has an impact on the estimates and on the detection of temporal signal. In this situation, we found Bayesian approaches to be more powerful than LSD, probably because LSD requires more informative data (our alignment has 52 site patterns). We expect both methods to converge to similar estimates when more genomes are sequenced.

errors can have a considerable impact on estimates of evolutionary rates and timescales, and which can sometimes be inspected via a root-to-tip regression. Here we have taken a several precautions to mask potential sequencing errors, but these might have less of an impact when the virus accumulates more substitutions (https://bit.ly/2ROCrfU 63).

Because the outbreak recently emerged, the number of substitutions is still small, such that sequencing

1. To T-H, Jung M, Lycett S, Gascuel O. Fast dating using least-squares criteria and algorithms. Syst Biol. Oxford University Press; 2016;65:82-97.

anton19286 22 апреля 2020 в 07:21

А какая скорость набора мутаций при ПЦР ДНК и при выработке РНК в е.коли? И какова вероятность случайно получить фуриновый сайт в нужном месте?

DrGii 20 апреля 2020 в 14:34

0 Если предположить, что вирус химерный, то наличие подобных единичных мутаций в геномах внутри SARS-COV-2 уже вычислили: nCoV-2019 is evolving at a rate of around 1.26×10-3subs/site/year (average over the SC and UCLN model), similar to those of other human coronaviruses, and that it originated in late 2019

hbrmdc 20 апреля 2020 в 17:09

0

а возможно ли что дополнительные мутации произошли за время распространения вируса?

middle 20 апреля 2020 в 10:57

+7

чисто технически, создать такой штамм современному вирусологу не составило бы труда.

А вирусологи говорят, что составило. Кому верить?

Pokolo 20 апреля 2020 в 13:06

+1

С оценкой трудозатрат со стороны часто так: Да чего тут чинить, детальку одну заменил. Сделайте пожалуйста копию этого сайта за неделю. Взял пробирки взболтал и готово!

Сложно, но они это делали это.

middle 20 апреля 2020 в 13:09

0 Извините, я предпочитаю обсуждать факты, а не аналогии. Вирусологи говорят, что столь

тонкая работа на современном развитии науки невозможна.

YuriDeigin 20 апреля 2020 в 13:24

+5

А что в ней тонкого? Чем она тоньше других химерных штаммов или полностью пересобранных синтетически 30-килобазных вирусов?

1

Lofer 20 апреля 2020 в 13:30

+1

Вирусологи говорят, что столь тонкая работа на современном развитии науки невозможна.

Если сказать «возможно», тогда однозначно возникают два вопроса — а кто это мог сделать? кто сделал и у кого такая наука есть? Если «можно», то это фактически публичная демонстрация «термоядерного» оружия в планетарном масштабе со всеми вытекающими последствиями для страны, такое допустившее.

DrGii 20 апреля 2020 в 14:30

+2

Читайте журнал вирусологии, там не только «кто» это делает, а даже написано «как это делают». jvi.asm.org/content/90/14/6573

1

Lofer 20 апреля 2020 в 15:04

0

Из соображений безопастности\«паранои» проще допустить что такое возможно и рассматривать худший вариант (это нормальная психологическая стратегия выживания). Уж слишком много ощущения «не правильно» во всем происходящем, каких-то «киноляпов». Понятно что это можно все списать на «глупых журналистов», разные политические системы и стратегии государств, вирус в процессе исследования и сказать «не стоит искать злой умысел там, где можно объяснить человеской глупостью».

До этой статьи полагал, что «искуственный злой вирус» — это пока что-то из разряда фантастики желтой прессы, а оказывается вполне себе реальность как последние лет 10..15.

Если принять за гипотезу «сделали намеренно» и поставить мотив «просто любопытно было» в самом конце (не исключая), вопросы «Кто именно это сделал ?» и «Зачем сделал?» остаются все равно. Одно дело «тот парень умеет делать ножики», другое дело «некто сделал ножик и убил».

DrGii

20 апреля 2020 в 13:17

-2

Так труд везде нужен. Вот пример работы, где создавали:

However, despite the fact that a large number of genetically diverse SL-CoV sequences have been detected in bats, only two strains (named WIV1 and WIV16) have been successfully cultured in vitro. These two strains differ from SARS-CoV only in containing an extra open reading frame (ORF) (named ORFX), between ORF6 and ORF7, which has no homology to any known protein sequences. In this study, we constructed a full-length cDNA clone of SL-CoV WIV1 (rWIV1), an ORFX deletion mutant (rWIV1-ΔX), and a green fluorescent protein (GFP)-expressing mutant (rWIV1-GFP- ΔX).

То есть с трудом, но все же в этой работе есть замечательное слово:

Construction of WIV1 mutants. To delete ORFX, the fragment F was PCR amplified with primers FF (5'-ACCTGTGCCCTTTTGGCGAGGTTTTTAATGCTACTAC-3') and RFox (5'-GCCTCTAGGGCTCAAGGATAATCTATCTCCATAGG-3'). Fragment G was PCR amplified with FGox (5'-GCCCTAGAGGCAACGAACATGAAAATTATTCTCTTCC-3') and RG (5'-was named Gox. These two products were then cloned into pGEM-T Easy. The two fragments

were inserted into the BAC along with the other fragments as described above. The rescued mutant was named as rWIV1- ΔX .

Догадайтесь, какого института эта работа и кто писал это слово «легко».

vesper-bot 20 апреля 2020 в 13:29

+2

Как я понимаю, "pGEM-T Easy" это некий объект или система для выполнения ПЦР или чего-то подобного. Т.е. "easy" в этом месте совсем не значит "легко".

DrGii 20 апреля 2020 в 13:53

0

Да-да, точно. Тут я конечно немножечко затролил (сам себя). Извините. The amplicons were cloned into pGEM-T Easy (Promega).

НЛО прилетело и опубликовало эту надпись здесь

Am0ralist 22 апреля 2020 в 17:19

+2

О господи, по вашему в мире уже и квантовый компьютеры во всю работают у любого жителя земли, если работы над этим ведутся?

Вы правда не понимаете разницу между «работы по изучению процесса ведутся» и «патент доказывает, что могут создать»?

22 апреля 2020 в 19:09 **Tolomuco**

Возможно ли сейчас создание квантового компьютера? Вообще, а не

во всю работают у любого жителя земли

Поймите же, наконец, что утверждение мог быть создан не равняется утверждению был создан.

Скажем, на текущий момент я думаю (на основании мнения авторитетных для меня специалистов), что вирус имеет естественное происхождение, но отрицать, что он мог быть создан, на мой взгляд, попросту глупо.

MahMahoritos 22 апреля 2020 в 19:11

Пойми же, наконец, что IgorVasil через возможность убеждается на 100% в факте

создания, для него это вообще не вопрос

Tolomuco 22 апреля 2020 в 19:50

0

И именно для того, что-бы IgorVasil не делал такого вывода вы должны упереться в очевидно ложное утверждение и выглядеть при этом крайне глупо? Может лучше напирать на то, почему вы считаете, что именно в данном случае вирус не является искуственным?

Am0ralist 22 апреля 2020 в 19:19

Ну то есть вы верите, что можете встретить динозавра, ведь «можете» не означает однозначно «встретите»?

Человек просто раз за разом пытается использовать:

Когнитивное искажение «Каскад доступной информации (эффект мнимой правды)/Illusory truth effect»:

правды)/Illusory truth effect»:
Самоусиливающийся процесс, в ходе которого коллективная вера во что-то становится всё более убедительной за счёт нарастающего публичного повторения («повторяйте это долго и это станет правдой»).

Нет, патент никак не говорит могли или нет в текущей ситуации. Он означает, что на этом пути были достигнуты какие-то успехи, но с момент изобретения колеса прошло сколько веков до автомобиля? А что там, колеса же есть, значит ещё фараоны могли рассекать.

ardraeiss 22 апреля 2020 в 19:27

0

Справедливости ради — фараоны как раз рассекали! С мощЁй в одну-две-четыре лошадиных силы. В крайнем случае, в несколько рабских сил.

Тоlomuco 22 апреля 2020 в 20:16

Ну то есть вы верите, что можете встретить динозавра

Если вероятность отлична от 0, то да, я допускаю такую возможность. :) А вы абсолютно уверены в обратном?

Что же касается «повторяйте это долго и это станет правдой», то со стороны ваше поведение не отличается от поведения IgorVasil. Вы же тоже стараетесь «повторять долго» для того, что-бы нивелировать воздействие вашего оппонента :), но, при этом, вы, на мой взгляд, сделали упор на неверное утверждение и, как следствие, ваши усилия тратятся впустую.

Или стоп, вы что, доказываете, что «только наличие патента, самого по себе, в

Или стоп, вы что, доказываете, что «только наличие патента, самого по себе, в отрыве от всего бэкграунда, не доказывает возможность искуственного создания конкретно COVID-19», Если так, то вы, конечно, правы.

Am0ralist 23 апреля 2020 в 10:50

0

Именно, в патенте может быть описано что угодно. Сейчас даже определенные генетические последовательности вроде как патентуют (для использования в медицине).

То есть решает не наличие патента на вирус вообще. А что он подразумевает и какие технические возможности были использованы. Насколько там продвинутый техпроцесс, так сказать. Потому что если они там зачаточные, то аргументом данный патент быть не может в принципе.

Так-то ученые недавно создали новый генетический код (основания назвали Z, P, S и B), означает ли это, что мы теперь можем создать искусственных людей?

noname2019 22 апреля 2020 в 19:49

0

Видите ли, компетентные вирусологи давали соответствующую подписку и будут говорить то, что нужно. А некомпетентные вирусологи говорят по-всякому.

SeregaSA73 20 апреля 2020 в 11:11

-14

У меня возникло ощущение что США чужими руками в чужой стране делают двойные исследования под контролем же США, и в случае какого либо происшествия они не пострадают и попытаются свалить всю вину на эту страну. Очень странно что в такие лаборатории допускают американских специалистов.

SeregaSA73 20 апреля 2020 в 17:03

0

Минусы налепили а почему не пояснили.

JerleShannara 20 апреля 2020 в 18:47

+6

Потому, что ваш коммент очень сильно пахнет темой «правительства скрывают» и «теория заговора». А писать такое без очень прямых и сильных доказательств (а не по принципу книжки одного австрийского художника и его тусовки, которые очень качественно эксплуатировали планомерное подмешивание откровенной чуши в общеизвестные факты (начинаем с того, что физкультура полезна для здоровья и через десяток посылок переходим к тому, что во всём плохом виноваты несколько народностей)) весьма глупо.

НЛО прилетело и опубликовало эту надпись здесь

Am0ralist 22 апреля 2020 в 17:20

+2

Нет, это подтверждает, что нами управляют рептилоиды с плоской планеты Ниберу, однозначно, вокруг которой на самом деле вращается солнце!

А главное доказательство: что немцы готовились к эпидемии очередного коронавируса заранее! Они знали!

tvr 22 апреля 2020 в 17:23

+2

▶ Всё намного хуже.

Am0ralist 22 a

Am0ralist 22 апреля 2020 в 17:27

+1

Да куда уже хуже... » Я так скоро аватаром стану

JerleShannara 23 апреля 2020 в 18:20

0

После 9/11 я натыкался на сайт, который в духе чайника Рассела объяснял, что «вывсёврёти ничигонебыло». После бройлера в Казани я на схожем сайте находил опять всё в духе этой фразы (да, пускай она появилась после 2013 года, пускай она дичайше воняет политотой, но она очень хорошо описывает конспиролухов). Как говорится «Корова сдохла этим летом, спасибо партии за это!». Пы.Сы. Если чо — я с Нибиру и рептилоид.

Tolomuco 20 апреля 2020 в 19:24

+2

За конспирологию без пруфов и выкладок же. Кстати, а что США не пострадали? О_о

DreamingKitten 20 апреля 2020 в 19:51

+**2** тья

Статья о вирусологии. Влезать сюда с геополитической повесткой, без намёков на пруфы — это вот то самое, что называется «жопой вперёд». Вне зависимости от того, какая страна упоминается.

SeregaSA73 20 апреля 2020 в 21:27

+1 уж

Вы уж извините но такие выводы у меня получились после прочтения статьи, и ссылки я могу только на нее же и привести. И кстати я не утверждал что виновато правительство США а написал что такое у меня возникло ощущение. Вот надергал вырезки из статьи:

Кстати, похоже, что Ши Чжэнли стажировалось под руководством Питера Роттиера в Утрехте. По крайней мере, в 2005-ом она была в соавторах совместной статьи, где Утрехт был указан в качестве её аффилиации (но текущий адрес был уже указан в Шанхайском институте).

Химера-2015. В свете вышеописанных экспериментов, не очень понятно, чем именно был вызван тот фурор, которая произвела, наверное, самая нашумевшая gain-of-function публикация. Речь, конечно же, о совместной работе Ши Чжэнли и Ральфа Барика, в которой они создали синтетический химерный виру.

В заключение темы — совместное фото Ральфа Барика и Ши Чжэнли. Фото сделано в Ухане, в октябре 2018-го.

А это лабораторно модифицированный человеческий SARS-CoV, который ещё в 2007-ом та же группа Барика — видимо соревнуясь с группой Ши Чжэнли (помните их статью от 2007 года) – превратила в настоящего мышиного убийцу.

человеческого SARS-CoV в мышиный, его группа создавала такие же химеры и с летучемышиными штаммами. В 2008 году группа Барика взяла летучемышиный штамм Bat-SCoV и заменила в нём RBD в шиповидном белке на RBD из человеческого SARS-а.

Кстати, о соперничестве Барика и Ши Чжэнли. Параллельно с пересадкой RBD от

Ещё мне не понятно как в 2015 году Барик сумел получить патент на создание «химерных коронавирусных шиповидных белков», с учётом того, что всё это и он, и Ши

Чжэнли публиковали задолго до 2015-го.

В конце 2014-го года США ввели мораторий на государственное финансирование таких gain-of-function исследований, но почти сразу (в 2017-ом) отменили. А в Китае никакого моратория на такие исследования не вводили, а даже наоборот открывали новые «супер(без)опасные лаборатории» уровня BSL-4, как в 2017 году в Ухане.

Забавно, что уханьцам помогала та самая техасская лаборатория в Галвестоне, которая в своё время сама потеряла пробирку с венесуэльским вирусом. Причём помогала она не только на словах, там действительно проходили обучение уханьские специалисты, о чём даже писал «уханьский вестник» (правда, сейчас публикацию с сайта удалили, но на вебархиве она пока доступна).

НЛО прилетело и опубликовало эту надпись здесь

20 апреля 2020 в 11:21 KonkovVladimir

+1

Тем не менее, требуется дальнейшее тестирование на нечеловеческих приматах

Есть мнение, что можно заменить на

Тем не менее, требуется дальнейшее тестирование на обезьянах

maxim_ge 20 апреля 2020 в 11:29

+3

Интересная подборка материалов с переводом, за одно это большой плюс.

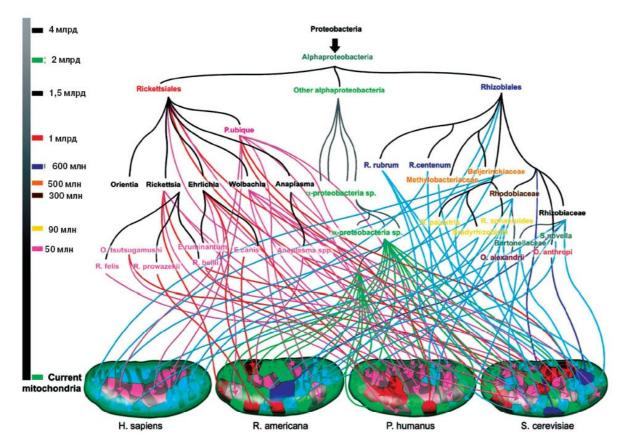
Отдельное спасибо за логику — это обычно то, что скрыто, хотя ключевые умозаключения часто достаточно просты и понятны.

Но прямых доказательств тому, что кто-либо это сделал, нет. А странные совпадения пока не могут служить даже косвенными доказательствами.

Но и обратная гипотеза об исключительно натуральной природе вируса тоже ещё вескими доказательствами не подкреплена. Пока не обнаружено промежуточных предков между RaTG13, панголином-19 и CoV2, в которых бы можно было проследить ту селективную рекомбинацию, которую мы наблюдаем у CoV2, вопрос о его происхождении остаётся открытым.

Все это несколько напоминает дискуссию «эволюция vs дизайн», и, что характерно, как и в аналоге, появился аргумент про пресловутые «промежуточные формы» :)

В свое время, размышляя в эволюционной парадигме, однозначно рисовали деревья, а потом оказалось, что есть такой феномен, как горизонтальный перенос, и, например, у коловратки выявлены сотни генов, с большой вероятностью заимствованных у представителей других царств живой природы. Ну и всякие такие штуки:



Французский микробиолог Дидье Рауль считает устаревшим понятие о «древе жизни». Более точные образ эволюции — сеть, ризома, отражающая интенсивный перенос генов между организмами. Это наглядно подтверждает эволюция митохондрий. На рисунке из статьи Рауля и соавтора H. sapiens — человек разумный, R. americana одноклеточный жгутиконосец, P. humanus — человеческая вошь, S. cerevisiae — пекарские дрожжи. Разноцветные нити обозначают передачу генов разного происхождения от предков к потомкам. Современные митохондрии тоже изображены разноцветными — это отражает мозаичность их генома

Возможно, теперь откроют перенос фрагментов генов... :)

Xobotun 20 апреля 2020 в 11:47

0

Мне непонятен механизм переноса генов междупредставителями разных видов. Можете сказать, где почитать простым языком?

К тому же смущает временная шкала - десятки миллионов лет минимум, а дальше логарифмическая. Мне кажется, что если эта картина дана для ДНК, то для РНК должны быть сопоставимые сроки, но никак не годы-десятки лет. А между обнаружением Pangolin-2017 и SARS-CoV2 прошло два-три года. Точно ли здесь был механизм горизонтального переноса?

maxim_ge 20 апреля 2020 в 11:59



As we watch, a tendril snakes forth from one of the bacterium, harpooning a piece of DNA and carrying it back to its body.

That appendage is called a pilus, and the process whereby the bacteria incorporates the new genetic material from a different organism into its own DNA to expedite its evolution is called horizontal gene transfer.

When bacteria die, they split open and release their DNA, whereupon other bacteria can snare and incorporate it. If the dead bacterium had an antibiotic resistance, the bacterium that caught the dead fellow's DNA also develops that resistance — and spreads it to its own offspring.

For The First Time, Scientists Have Seen Bacteria «Fishing» For DNA From Dead Friends

Xobotun 20 апреля 2020 в 12:06

0

Интересно, спасибо. Написано, что один из вариантов получения устойчивости к антибиотикам. Жаль, что непонятно, в реальном времени ли это видео - впрочем, я слабо представляю себе скорость бактерий, тем более, простите, пилосов. :D

shadrap 20 апреля 2020 в 13:26

Скорость работы бактериальной Днк полимеразы около 600 п.о в секунду. Плазмиды, с помощью которых бактерии обмениваются генами — в среднем 100-200 п.о Трансфекция через мембрану или захват плазмиды -секунды.

Xobotun 20 апреля 2020 в 17:31

0

А можете, пожалуйста, пояснить «п.о. в секунду»? Видимо, операций, но каких? Пунктов операций? Оно не гуглится так просто, как хотелось бы. Явно весьма нишевая единица измерения, как а.е.м. и а.е.

KonkovVladimir 20 апреля 2020 в 17:35

0

пар оснований нуклеотидов

vakhnenko 22 апреля 2020 в 20:17

0

> непонятно, в реальном времени ли это видео Сьемка шла пять минут, время между кадрами — 10 секунд. См. «Методы»:

www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6582970

DrGii 20 апреля 2020 в 12:38

-3

Все это несколько напоминает дискуссию «эволюция vs дизайн»

Именно! Есть сторонники дизайна: нобелевский лауреат, автор этой статьи...

А есть эволюции: Панчин, китайское правительство.

20 апреля 2020 в 12:58 mithdradates

+3

I see what you did here, но нобелевский лауреат — это про Монтанье? Если так, то не уверен, что оно сильно значимо. Создание кумиров на основе предыдущих заслуг в науке — глупость, нужно смотреть на конкретные аргументы, которых у Монтанье, увы, нет. Его слова не были поддержаны коллегами-вирусологами, а некоторые его прошлые утверждения вроде квантовой телепортации макрочастицы (это уровень банальной псевдонауки, к сожалению) или же бред про память воды и э\м излучение ДНК (такая же псевдонаука), заставляют усомниться в том, что его ум настолько же остр как и раньше. Ещё один довод против его утверждения — в заключении он приводит вывод про то, что «модификации» к вирусу можно будет удалить при помощи т.н. волновой генетики, основывающейся на теории «волнового генома», которая также признана псевдонаучной. Учитывая сколько красных флагов расставлено вокруг данного персонажа, я бы относился к его словам с долей скептицизма.

Ну и стоит записать в «сторонники эволюции» также авторов статьи в Nature; всех подписавшихся в данном заявлении

(https://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736(20)30418-9/fulltext); авторов статей, на которых ссылаются в заявлении выше; ещё одна статья (https://www.tandfonline.com/doi/full/10.1080/22221751.2020.1733440) и др.

DrGii 20 апреля 2020 в 13:27

+1

Монтанье залез на сайт NCBI и провел сравнение геномов SARS-COV-2 и ВИЧ. Получил совпадение в 28 последовательностей в поверхностном гликопротеине и на этом решил сделать заявление.

♣ Download ➤ GenBank Graphics ▼ Next ▲ Previous ≪ Descriptions HIV-1 isolate JACH1853_A5 from USA envelope glycoprotein (env) gene, complete cds; and vpu protein (vpu), rev protein (rev), and tat protein (tat) genes, partial cds

Sequence ID: <u>HQ217329.1</u> Length: 2598 Number of Matches: 1 Range 1: 2115 to 2143 GenBank Graphics ▼ Next Match ▲ Previous Match 3.8 28/30(93%) 1/30(3%) Query 20426 TTCCTATGGACAGTACAGTTAAAAACTATT 20455 Sbjct 2143 TTACTATGGACAGTACAG-TAAAAACTATT 2115

Можете сами это сделать.

Ну а авторы статьи в Nature вообще как-то «забыли» упомянуть создателей вирусовмутантов из уханьской лаборатории и их методики с искусственной бактериальной хромосомой. Как будто их и не было. А они — были.

mithdradates 20 апреля 2020 в 14:26

+1

Ну а авторы статьи в Nature вообще как-то «забыли» упомянуть создателей вирусов-мутантов из уханьской лаборатории и их методики с искусственной бактериальной хромосомой. Как будто их и не было. А они — были.

Ну, потому что это наблюдение имеет весьма косвенное отношение к прямому утверждению, что вирус рукотворный? С такой логикой можно сказать, что периодически возникающие вспышки вроде SARS, MERS, H1N1, H5N1 и т.д. рукотворные, ибо их изучением занимались и занимаются лаборатории по всему миру. Странный вектор атаки на статью.

Монтанье залез на сайт NCBI и провел сравнение геномов SARS-COV-2 и ВИЧ. Получил совпадение в 28 последовательностей в поверхностном гликопротеине и на этом решил сделать заявление.

Ну, начнем с того, что геном SARS-CoV-2 доступен и желающие могут сравнить его с HIV-1, о котором говорил Монтанье. В частности, можно сравнить геномы этих двух вирусов, что можно сделать при помощи BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) и некоторые это уже проделали. Результаты: ▶ NIH MegaBLAST

Как видно, между геномами двух вирусов нет существенных совпадений, которые могли бы говорить в пользу того, что SARS-CoV-2 и HIV-1 связаны. Source: europeanscientist.com. Можете попробовать самостоятельно.

Про гликопротеин там тоже затрагивается, в частности подобная «схожесть» есть и в других разновидностях коронавируса, которые гуляют по миру уже давно: ▶ Human Coronavirus 229E (Common cold)

Вы же не станете утверждать, что была произведена модификация и этого вируса, особенно когда первые разновидности его были обнаружены аж в 50-60х гг.? Вообще рекомендую прочитать этот очерк по ссылке, там приведены все необходимые сурсы, чтобы проделать всё это самому.

Также, Монтанье в своих словах ссылался на статью индийских ученых (doi: 10.1101/2020.01.30.927871), которую якобы убрали под давлением. Это неправда она опубликована и на неё вышли опровержения от других исследователей, в частности есть следующая статья (doi: 10.1080/22221751.2020.1727299). Цитирую:

Current report conducted careful examination of the sequences of 2019-nCoV, other CoV viruses and HIV-1 as well as GenBank database. Our results demonstrated no evidence that the sequences of these four inserts are HIV-1 specific or the 2019-nCoV viruses obtain these insertions from HIV-1.

В самой статье, разумеется, приведено более полное описание почему конкретно утверждается, что между 2019-nCoV (SARS-CoV-2) и HIV-1 не связаны. Зато в статье подтверждается связь между SARS-CoV-2 и упомянутым в данной новости вирусом:

These results clearly show that three out of four of these inserts naturally exist in three bat CoV viruses before 2019-nCoV was identified. This undoubtedly refutes the possibility that 2019-nCoV is generated through obtaining gene fragments from the HIV-1 genome. Instead, it is much more likely that 2019-nCoV originated from RaTG13-like CoV viruses.

Статья в открытом доступе, поэтому можете ознакомиться при желании. Поэтому я все-таки настаиваю на том, чтобы слова господина Монтанье воспринимать с большой долей скептицизма и то, что он делает настолько громогласные заявления исходя из спорных находок также говорит не в его пользу. Причем, как специалист он этого не может не знать, поэтому возникают мысли что он либо ангажирован, либо, увы, специалистом не является.

mithdradates 20 апреля 2020 в 14:59

+1

В конце должно быть «либо, увы, **уже** специалистом не является.» — упустил както из виду, вроде мелочь, а меняет смысл довольно сильно. То, что он заслуженно получил Нобелевскую премию в свое время оспаривать я ни в коем случае не пытаюсь.

DrGii 20 апреля 2020 в 15:19

С такой логикой можно сказать, что периодически возникающие вспышки вроде SARS, MERS, H1N1, H5N1 и т.д. — рукотворные

Эти вспышки изучались именно в Уханьском институте, почему же на него не дать ссылку? Более того, этот институт наиболее известен своим изучением именно

и некоторые это уже проделали

коронавирусов.

Если хотите проверить и найти совпадения, нужно выставлять Somewhat similar sequences (blastn)

Вы не так поняли, я и говорил, что у Монтенье — весьма голословные заявления. Основанные только лишь на совпадении по гликопротеину.

Получил совпадение в 28 последовательностей в поверхностном гликопротеине и на этом решил сделать заявление.

Конечно же, я это все проверил, картинка выше, можно было не стараться и разжевывать. Ну да ладно, может другие прочитают.

А что касаемо статьи в Nature с «однозначными» выводами, то с ней большие проблемы. Вот их основной стейтмент:

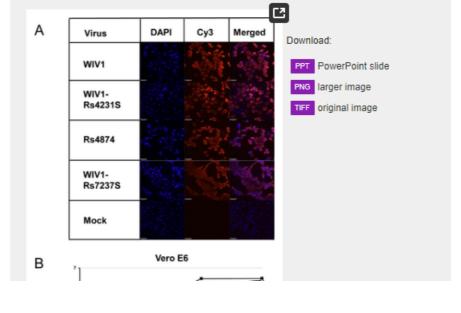
Thus, the high-affinity binding of the SARS-CoV-2 spike protein to human ACE2 is most likely the result of natural selection on a human or human-like ACE2 that permits another optimal binding solution to arise. This is strong evidence that SARS-

А вот работа из уханьской лаборатории, где создавали химеры, тропные к человеческим АСЕ2. Конечно же, они забыли об этом рассказать. Зачем вам это знать, раз сказали природа сделала, значит так и есть. Эволюция именно так и работает: повторяет все за этими вашими учеными с китайскими фамилиями.

Rescue of bat SARSr-CoVs and virus infectivity experiments In the current study, we successfully cultured an additional novel SARSr-CoV Rs4874 from a

CoV-2 is not the product of purposeful manipulation.

single fecal sample using an optimized protocol and Vero E6 cells [17]. Its S protein shared 99.9% aa sequence identity with that of previously isolated WIV16 and it was identical to WIV16 in RBD. Using the reverse genetics technique we previously developed for WIV1 [23], we constructed a group of infectious bacterial artificial chromosome (BAC) clones with the backbone of WIV1 and variants of S genes from 8 different bat SARSr-CoVs. Only the infectious clones for Rs4231 and Rs7327 led to cytopathic effects in Vero E6 cells after transfection (S7 Fig). The other six strains with deletions in the RBD region, Rf4075, Rs4081, Rs4085, Rs4235, As6526 and Rp3 (S1 Fig) failed to be rescued, as no cytopathic effects was observed and viral replication cannot be detected by immunofluorescence assay in Vero E6 cells (S7 Fig). In contrast, when Vero E6 cells were respectively infected with the two successfully rescued chimeric SARSr-CoVs, WIV1-Rs4231S and WIV1-Rs7327S, and the newly isolated Rs4874, efficient virus replication was detected in all infections (Fig 7). To assess whether the three novel SARSr-CoVs can use human ACE2 as a cellular entry receptor, we conducted virus infectivity studies using HeLa cells with or without the expression of human ACE2. All viruses replicated efficiently in the human ACE2-expressing cells. The results were further confirmed by quantification of viral RNA using real-time RT-PCR (Fig. 8).



+4

Вы не так поняли, я и говорил, что у Монтенье — весьма голословные заявления.

Основанные только лишь на совпадении по гликопротеину.

Тогда к чему Вы вообще приводили его слова или записывали в лагерь «за дизайн», если сами говорите, что он чушь сморозил? Попытка манипуляции дескать, смотрите, нашу точку зрения аж Нобелевский лауреат поддерживает? Некрасиво. У автора, кстати, в самой статье тоже подобное наблюдается. Хм.

А вот работа из уханьской лаборатории, где создавали химеры, тропные к человеческим АСЕ2. Конечно же, они забыли об этом рассказать. Зачем вам это знать, раз сказали природа сделала, значит так и есть. Эволюция именно так и работает: повторяет все за этими вашими учеными с китайскими фамилиями.

Вы из раза в раз повторяете одно и тоже — сделали в институте, потому что он рядом и там изучали коронавирусы. Если это с Вашей точки зрения достаточный повод чтобы обвинять кого-то в создании рукотворного вируса и его утечки, то отлично, только для научного сообщества — нет.

Однако, это не главное, главное, что и у Вас, и у автора претензия к статье из Nature заключается в том, что они не побежали строить конспирологию увидев, что там рядом находится исследовательский институт. Учитывая насколько манипулятивно написана сама статья (не Nature, а в комментариях которой мы сидим), то возникают вопросы в ангажированности, поскольку если не приглядываться и не вчитываться, то действительно возникает мнение, что вирус рукотворный, однако на деле здесь просто приводятся некоторые графики и автор постулирует свои собственные выводы, и пытается их навязать читателю как некий факт. Взять тот же факт про 96% сходство с RaTG13 — увидишь цифру и действительно кажется, будто ученые поменяли немного геном и вышел SARS-CoV-2, да и интерпретация весьма недвусмысленно намекает, что якобы так и есть на самом деле (несмотря на постоянный детский лепет о «я никого не обвиняю»). На деле — присмотритесь к графику и заметьте, что различия +- равномерно распределены по всему графику, что как раз таки говорит в пользу естественных мутаций в противоположность примерам рукотворного изменения секвенции вируса в этой же статье. Однако, автор этот момент опускает. Возникает вопрос — почему?

У меня не особенно много времени, чтобы досконально разбираться в этом вопросе, что требуется для того, чтобы высказать уже конкретное мнение с солидными аргументами, однако к этой статье я бы рекомендовал относиться весьма настороженно. Даже поверхностное прочтение помимо хорошего лит. обзора (за это плюс), говорит о том, что цель статьи именно протолкнуть идею, что коронавирус рукотворен, несмотря на увещевания самого автора, что это лишь «для ознакомления», ибо тон статьи **не** нейтральный, изучена лишь одна сторона вопроса («за дизайн»), аргументы другой стороны весьма спорно отброшены «из логики» (но при этом в самой статьей не мало натягивания совы на глобус) и т.д. И, как я вижу, достаточно много юзеров также согласны в этом плане и даже приводят весьма интересные наблюдения и вопросы к автору (например, комментарий JojoMcEve).

А вообще, наблюдается наглядная иллюстрация такого явления как «confirmation bias».



+1

Я упомянул Монтенье, как одну из сторон, у которой свои доводы. И указал на чем эти доводы конкретно основаны. Более того, намекнул, что его доводы скорее всего голословны. Ничего тут красивого или некрасивого не предполагалось. И даже так: он нобелевский лауреат и может проконсультироваться в этих вопросах, а мои доводы про голословность (и ваши) могут оказаться безосновательными, ведь он гораздо больший специалист.

И я вообще не повторял, а указал слабое место статьи Nature, где они утверждают, что раз есть тропность к рецепторам АПФ2, то это уже должно быть наверняка эволюцией и скорее всего по-другому быть не может. Однако, в уханьском институте изучали и синтезировали химер тропных к АСЕ2. Читайте внимательно, если не разобрались. Вот это и есть ангажированность.

На деле — присмотритесь к графику и заметьте, что различия +равномерно распределены по всему графику,

Какой-то бред пошел. При чем тут график и присматривание? Есть же работа с анализом:

Our analysis suggests that the 2019-nCoV although closely related to BatCoV RaTG13 sequence throughout the genome (sequence similarity 96.3%), shows discordant clustering with the Bat-SARS-like coronavirus sequences. Specifically, in the 5'-part spanning the first 11,498 nucleotides and the last 3'part spanning 24,341-30,696 positions, 2019-nCoV and RaTG13 formed a single cluster with Bat-SARS-like coronavirus sequences, whereas in the middle region spanning the 3'-end of ORF1a, the ORF1b and almost half of the spike regions, 2019-nCoV and RaTG13 grouped in a separate distant lineage within the sarbecovirus branch.

Это не говорит в пользу «естественности мутаций». Вы это сами придумали, далеко уйдя от нейтрального взгляда, потому что вам захотелось это придумать. Это лишь говорит о том, что были мутации именно в указанных местах, и мутации скорее всего с панголиньим коронавирусом, а не то, искусственные они или естественные. Другой вопрос, можно ли сделать такую искусственную мутацию. Ответ — да, можно, уже подобное делали. А вот про фуриновую вставку, тут уже большой вопрос к «естественному мутагенезу».

Если же определять на глаз «присматриванием», то внезапно окажется, что между различными выделенными в разных местах штаммами SARS-COV-2 будут «равномерно распределенные различия».

Про совы и глобус, ага.

anton19286 22 апреля 2020 в 11:54

+3

Мне кажется, если какой-нибудь ученый возьмёт вероятности всех этих совпадений по отдельности, выделит независимые и перемножит, некоторым другим ученым не поздоровится.

Оттуда и публикации с most likely => вжух => strong evidence. Какой шанс, что эпидемия начнётся в городе, где есть институт вирусологии? Просто делим население мира на население городов с институтами, получаем, скажем, 100 к 1.

Какая вероятность что новый опасный вирус окажется химерным с чистым куском из вот только недавно оцифрованного? Ну, пусть 1 к 4. Сколько там уже, 99.8% в пользу искусственного? Ну не 100 же, игнорируем.

С другой стороны можно поиграть в криминалистов, поискать мотив, средство и возможность. В принципе, в статье всё есть.

```
22 апреля 2020 в 17:43
```

0

Какой шанс, что эпидемия начнётся в городе, где есть институт вирусологии?

Просто делим население мира на население городов с институтами, получаем, скажем, 100 к 1.

Оно так не работает. Там штука явно эндемичная для юга Китая, следовательно все остальные области можно сразу выкидывать, вероятность естественной эпидемии там равна 0. Далее любая вспышка эпидемии — это почти всегда город. Тупо потому что там условия для распространения вируса лучше а медики быстрее заметят «новинку». Съездил дядя Ваня из деревни на ярмарку — а эпидемия в городе. Дальше начинаем смотреть: окей, а если брать только города только в южном Китае, то сколько из них имеют лабораторию а сколько нет? Ах там этих лабораторий сотни (они при крупных ВУЗах создаются) и чем крупнее город тем более вероятно что в нем хотя бы одна есть? Если Вы все это аккуратно посчитаете то там не будет «1 к 100». Хорошо если «1 к 4» будет.

Какая вероятность что новый опасный вирус окажется химерным с чистым куском из вот только недавно оцифрованного? Ну, пусть 1 к 4.

Это вообще бред. Вирус не обязательно химерный — раз и в нем нет чистого куска из недавно оцифрованного — это два. Автор тут пишет полную хню.

```
anton19286 23 апреля 2020 в 03:40
```

0

Ну он эндемический, конечно. Но для института, не для Уханя. Летучие мыши спят зимой и живут далеко. А почему эпидемия должна начаться в городе? С такими параметрами заражения она гарантировано выйдет с любой деревни.

```
Oserg 23 апреля 2020 в 09:54
```

Вирус не напрямую от мышей людям достался, там был промежуточный хост. И тут мы вспоминаем про тот самый уханьский рынок, где этих возможных хостов был миллион.

Эпидемия может начаться где угодно, но ЗАМЕТЯТ ее скорее всего когда она попадет в город.

```
KonkovVladimir 23 апреля 2020 в 10:06
```

+2

Эпидемия может начаться где угодно, но ЗАМЕТЯТ ее скорее всего когда она попадет в город.

Она может начаться в лаборатории, а ЗАМЕТЯТ ее на рынке — о чем мы тут который день и говорим. Поэтому и нужно искать то место где она началась!

23 апреля 2020 в 12:11

+2

Вирус не напрямую от мышей людям достался, там был промежуточный хост. И тут мы вспоминаем про тот самый уханьский рынок, где этих возможных хостов был миллион.

Эпидемия может начаться где угодно, но ЗАМЕТЯТ ее скорее всего когда она попадет в город.

Вроде с рынком есть одна проблема — китайцы «перевернули» рынок и... ничего там не нашли, вернее нашли часть пазла. Зато были зараженые, которые на рынке не появлялись.

И если учесть декларацию «мутации такого вируса это долго и муторно», а тут уже нашли пару-тройку штаммов...

ПЕКИН, 23 февраля. /ТАСС/. Источник коронавируса нового типа не имел отношения к рынку морепродуктов 'Хуанань' в Ухане, который считается эпицентром вспышки заболевания. К такому выводу пришли ученые ботанического сада при Китайской академии наук.

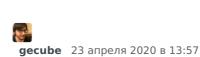
ardraeiss 23 апреля 2020 в 09:55

0

В городе, как понимаю, плотность контактов выше. И врачей больше и до них добираться легче. Во всех странах.



0И врачи есть, лучше даже сказать. А иногда даже специалисты.



Я соглашусь.

Но комментарий будет какой — выявляемость болезней в городе выше. Просто потому что действительно врачей больше, квалификация выше, оборудование лучше. Вот представим, что пациент ноль был в отдаленной деревушке Китая. Ну, преставился он. Никто и не заметил бы. А вот в городе... Несколько однотипных *странных* случаев и понеслось.



0

Если так, то не уверен, что оно сильно значимо. Создание кумиров на основе предыдущих заслуг в науке — глупость, нужно смотреть на конкретные аргументы, которых у Монтанье, увы, нет.

Согласен, это очень хорошая логика. Интересно, каковы же главные аргументы, с Вашей точки зрения, в пользу эволюции/ID?

mithdradates 20 апреля 2020 в 14:55

0

Я не специалист, поэтому утверждать что-либо не берусь, но мне не совсем понятно, почему некоторые так просто отбрасывают аргументы из статьи в Nature, а также ряда других статей, но при этом готовы верить тому же Монтанье? В частности, для себя я увидел там следующие аргументы в пользу эволюции:

1) были обнаружены уникальные мутации — в частности, способность цепляться к

белку ACE2; 2) метод заражения схож с природными вирусами встречающимися у панголинов (это, кстати, одна из причин почему от детучих мышей так быстро перешли к

(это, кстати, одна из причин почему от летучих мышей так быстро перешли к панголинами, в качестве «виновников» сего торжества);
3) не из статьи, чисто мои домыслы, если вирус «сбежал» из их лаборатории, то зачем им самим было публиковать расшифровку генома, а также указывать на схожесть с ещё одним представителем семейства коронавирусов — RaTG13, обнаруженного у летучих мышей? Если он рукотворен, то при тщательном изучении скорее всего можно обнаружить искусственные вставки, пользуясь опытом предыдущих исследований, особенно если этим заинтересуются специалисты уровня того же Барика.

Третий пункт принимайте со скепсисом, это чисто мои измышления. Но я почему-то не увидел опровержения первых двух пунктов у автора этой статьи, так основной его довод в пользу того, что логика в статье из Nature нарушена состоит в том, что «даже студенты легко могут задизайнить подобный вирус» — а подтверждения данного тезиса НЕ наблюдается.

Ещё одним моим доводом в пользу некоторой ангажированности статьи состоит в том, что не проведено какое-либо исследование второй точки зрения, причем статей-то больше, чем эта самая «из Nature», в частности выше я приводил статью, опровергающую связь HIV-1 и SARS-CoV-2, которая продвигается некоторыми представителями лагеря «рукотворного вируса» — тем же Монтанье. Также опущен тот факт, что геном RaTG13 был выделен в 2013-м, но не секвенирован, что важно, если вы собираетесь говорить о том, что SARS-CoV-2 был получен на основе RaTG13 и что эту разновидность держали «в загашнике».

```
gecube 20 апреля 2020 в 15:35
```

0

Да хватит цепляться за HIV-1. Это не аргумент ни за искусственное происхождение, ни за естественное этого вируса. Касательно громкого заголовка — ну, да, было такое, но мало ли людей, которые хотят попиариться?

```
anton19286 22 апреля 2020 в 12:02
```

0

Любую публикацию, появившуюся после начала 20-го года надо воспринимать с осторожностью, то есть считать частью «операции прикрытия задницы», причем, ей не обязательно быть за авторством уханьцев. Новые статьи как бы все стали потенциально инфицированными.

anton19286 22 апреля 2020 в 11:23

• Меня от той статьи в нейче потряхивало. Тезисы не то, чтобы эмоциональные, но просто нелогичные. Здесь в комменатриях тоже веселуха, высказыания «ты не специалист, значит твоя аргументация неверна априори» и «нобелевские лауреаты все маразматики» чередуются на голубом глазу.



0

и, что характерно, как и в аналоге, появился аргумент про пресловутые «промежуточные формы» :)

как будто в макромире эти переходные промежуточные формы не находили))))

```
maxim_ge 20 апреля 2020 в 11:44
```

0

Если посмотреть на нуклеотидную последовательность вокруг этой одинаковой мутации, то видно, что RaTG13 и CoV2 по ней ближе друг к другу, чем к панголину-19, так как успели накопить несколько общих мутаций (выделены синим):

А как получен вывод что «успели накопить несколько общих мутаций»? На подписи к картинке несколько иные слова: common differences of RaTG13 and CoV2 from M789

```
YuriDeigin 20 апреля 2020 в 13:28

+1

А поллись же переводится как «общие для BaTG13 и CoV2 отличия от MP789». То есть синим
```

А подпись же переводится как «общие для RaTG13 и CoV2 отличия от MP789». То есть синим отмечены те мутации, которые есть в RaTG13 и CoV2, но нет в MP789.

maxim_ge 20 апреля 2020 в 13:56

0

То есть синим отмечены те мутации, которые есть в RaTG13 и CoV2, но нет в MP789.

Я бы сказал, что сниним отмечены схожие последовательности. Сходство, конечно, может быть следствием конвергентного мутагенеза (т.е. последовательности отличались, а потом стали похожими), но непонятна основа для именно такой интерпретации.

```
Lofer 20 апреля 2020 в 11:53
```

Понятно, что долговременные пока сложно обсуждать, но неужели за несколько месяцев не

накопилось достаточно тканей\образцов, нет никаких наблюдений и выводов? Есть какие-то сравнения по CoV & Co c CoV2 по поражениям?

ukmsz 20 апреля 2020 в 11:53

+9

осталось ощущение, что несмотря на объем статьи очень многое осталось за кадром, а сам стиль изложения очень смахивает на конспирологический. рискну предположить, что если читателя бомбардируют графиками и таблицами, без их анализа, разбора как они работают и как применяются, это выглядит сомнительно. сразу возникает подозрение, что если начинать такой разбор — окажется, что приведенные в статье выводы не очень получается сделать. к тому же, если автор не пытается сам с собой спорить и придумывать еще и противоположные выводы это совсем не упрочает его расследование.

возможно вы зря не разделили статью на несколько, думаю тема нуждается в подробной, но сухой подаче, без вот этого конспирологического налета. тогда вы смогли бы научить читателя анализировать представленную вами информацию и дать ему возможность сделать самостоятельные выводы.

20 апреля 2020 в 13:14 aon24

+7

Присоединяюсь и советую прислушаться к рекомендации НЛО: «Мы призываем вас критично относиться к любой публикуемой информации». При всем уважении к автору он не вирусолог.

DrGii 20 апреля 2020 в 15:51

-2 В конспирологии можно обвинить кого угодно. Но в статье много интересных наблюдений, которые будут полезны профессионалам. И проделан большой труд по подбору ссылок на статьи и препринты. Более того, автор привел ссылки и на противоположные доводы, а в конце подвел итоги. Вы же обращаете внимание только на конспирологию, потому что она не согласуется с вашим мировоззрением.

Σίσ **DrGii**

20 апреля 2020 в 12:31

+1

Прочитал на одном дыхании, спасибо за труд! Просидел на NCBI не один час, а тут полное и объемное исследование.

Есть, правда, несколько замечаний. А именно, госпожа Ши руководила отделом лаборатории, но принимала лишь опосредованное участие в написании работ главного создателя вирусовмутантов Lei-Ping Zeng. То есть была научным руководителем, а не главным исследователем. Как создавались вирусы-мутанты? Вот отрывок из работы, может вы поясните подробнее:

Construction of WIV1 mutants. To delete ORFX, the fragment F was PCR amplified with primers FF (5'-ACCTGTGCCCTTTTGGCGAGGTTTTTAATGCTACTAC-3') and RFox (5'-GCCTCTAGGGCTCAAGGATAATCTATCTCCATAGG-3'). Fragment G was PCR amplified with FGox (5'-GCCCTAGAGGCAACGAACATGAAAATTATTCTCTTCC-3') and RG (5'-named Gox. These two products were then cloned into pGEM-T Easy. The two fragments were inserted into the BAC along with the other fragments as described above. The rescued mutant was named as rWIV1-ΔX. To place GFP into the open reading frame of ORFX, the F fragment was amplified with primers FF and RFoeGFP (5'-GCTCACCATAGTGGTTCGTTTATCAAGGATAATCTATCTCC-3'). The GFP gene was amplified with primers 5'-CCTTGATAAACGAACCACTATGGTGAGCAAGGGCGAGGAGC-3' and 5'-TGCCTCTAGGGCTTACTTGTACAGCTCGTCCATGCC-3'. The two PCR products were ligated by OE-PCR,

and the product was inserted into pGEM-T Easy. The rescued mutant was named rWIV1-GFP-ΔX.

jvi.asm.org/content/90/14/6573

Our results demonstrate for the first time that the unique ORFX in the WIV1 strain is a functional gene involving modulation of the host immune response but is not essential for in vitro viral replication.

Автор — работник лаборатории Lei-Ping Zeng, Ши имеет лишь опосредованное отношение. Именно он автор большинства публикаций по синтезу коронавирусов в Уханьском институте вирусологии. А фактически — и во всем научном мире.

С 2015-го года там создавали химерные вирусы с помощью искусственной бактериальной хромосомы (ВАС) и значительно в этом продвинулись.

Ну и зацените фото прямо из лабы:



YuriDeigin 20 апреля 2020 в 13:57

Спасибо, почитаю! Да, думаю своими руками Ши Чжэнли, да как и Ральф Барик, мало что делали. Для этого и есть рабы постдоки)

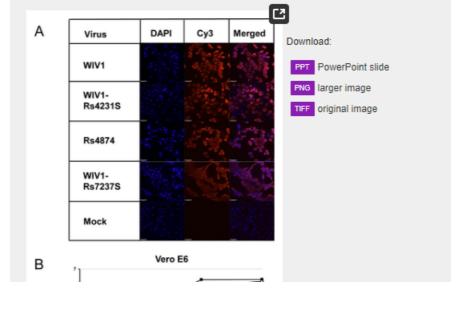
ВАС, если я правильно понимаю, особенно на Е.coli налегает, может таким образом к ААА кодону предпочтение со временем и повышается... Есть куда копать, в общем.

DrGii 20 апреля 2020 в 15:35

Вот еще одна работа по химерным вирусам и их воздействию на человеческие ткани.

Rescue of bat SARSr-CoVs and virus infectivity experiments

In the current study, we successfully cultured an additional novel SARSr-CoV Rs4874 from a single fecal sample using an optimized protocol and Vero E6 cells [17]. Its S protein shared 99.9% aa sequence identity with that of previously isolated WIV16 and it was identical to WIV16 in RBD. Using the reverse genetics technique we previously developed for WIV1 [23], we constructed a group of infectious bacterial artificial chromosome (BAC) clones with the backbone of WIV1 and variants of S genes from 8 different bat SARSr-CoVs. Only the infectious clones for Rs4231 and Rs7327 led to cytopathic effects in Vero E6 cells after transfection (ST Fig). The other six strains with deletions in the RBD region, Rf4075, Rs4081, Rs4085, Rs4235, As6526 and Rp3 (S1 Fig) failed to be rescued, as no cytopathic effects was observed and viral replication cannot be detected by immunofluorescence assay in Vero E6 cells (S7 Fig). In contrast, when Vero E6 cells were respectively infected with the two successfully rescued chimeric SARSr-CoVs, WIV1-Rs4231S and WIV1-Rs7327S, and the newly isolated Rs4874, efficient virus replication was detected in all infections (Fig 7). To assess whether the three novel SARSr-CoVs can use human ACE2 as a cellular entry receptor, we conducted virus infectivity studies using HeLa cells with or without the expression of human ACE2. All viruses replicated efficiently in the human ACE2-expressing cells. The results were further confirmed by quantification of viral RNA using real-time RT-PCR (Fig. 8).



0

gecube 20 апреля 2020 в 12:38

Отличная статья, спасибо. Действительно — очень странный набор совпадений в сумме. С другой стороны, если поддерживать теорию заговора — наверное, не очень сложно предъявить зараженного панголина якобы предком SARS-CoV2. В лаборатории ведь можно синтезировать все!

shadrap 20 апреля 2020 в 12:53

+2 Масштабная работа! Респект автору за такой анализ. Единственно — сиквенсы не

кликабельны, или это только у меня? Не смог найти на ncbi сиквенсов Pangolin-CoV, никаких, что странно. По Pholidota много всего, но относящегося к самому животному. Хотелось бы покрутить в

бласте.

YuriDeigin 20 апреля 2020 в 13:34

Пардон, кликабельными я изображения делать не стал, но если открыть их в отдельном окне, их разрешения должно быть достаточно, чтобы рассмореть все детали.

Да, панголиньих сиквенсов я GenBank тоже не нашёл, скачивал из GISAID.

shadrap 20 апреля 2020 в 13:41

0

да, я то ж так делаю, но потом тяжко искать место где читаешь. тот что панголиньий как раз и не увеличивается. Я правильно понял, что нумерация в нем относительная именно сначала S гликопротеина? Гистидин-Аргинин.

YuriDeigin 20 апреля 2020 в 13:51

В Хроме чтобы не терять место где читаешь, есть удобная фича если нажать на

картинку правой кнопкой: «открыть изображение в новой вкладке».

А какой именно сиквенс не увеличивается? Этот? hsto.org/webt/wp/_2/g9/wp_2g9z0flpa3oxfojossayyf9o.png

shadrap 20 апреля 2020 в 13:57

0

так и делаю, RBM(маленький) не открывается, эти то ж не открываются, может перегруз

silenceman 20 апреля 2020 в 13:06

-2 титанический труд!

после прочтения приходят на ум слова Сары Коннор из терминатора-2 «Fucking men like you built the hydrogen bomb. Men like you thought it up.»

НЛО прилетело и опубликовало эту надпись здесь

907 20 апреля 2020 в 14:52

+1

Да, в результате этой пандемии я стал понимать как хрупок наш мир... Может быть это поймут власть имущие, и наконец начнут предпринимать хоть какие-то усилия по сбережению Земли и человечества... Хотелось бы в это верить...

8

YoppShkun 20 апреля 2020 в 15:57

Автор, спасибо за статью, действительно похоже на искусственно выведенный вирус, уже некоторые вирусологи признаются, что он очень аномальный и не стандартный

morr 20 апреля 2020 в 16:24

+3

Множество каких-то графиков и картинок, которые якобы что-то показывают и доказывают, на деле они непонятны подавляющему большинству читателей, не имеющих никаких познаний по молекулярной биологии. А так же множество домыслов и апелляций к произошедшим событиям, большая часть из которых весьма сомнительна.

На фоне того, как множество видных учёных и докторов уже ранее заявляли, что в рукотворность вируса они не верят, всё это описывается одним словом ёмким словом конспирология.



rg_software 20 апреля 2020 в 17:51

Подождите, вы говорите, что доказательства тут так себе, и в противовес им предлагаете "веру" (пусть даже специалистов)?

В приведённых автором ссылках меня больше всего смущает именно слабая аргументация в статье про естественное происхождение вируса. Независимо от того, кто прав, всё-таки хорошо бы апеллировать не к вере и не к авторитетам, а к каким-то более основательным соображениям.



20 апреля 2020 в 19:01

-3

Краткий ответ на вопрос — да.

«Чем больше я разбираюсь в этой области, тем сильнее осознаю собственную некомпетентность».

Мы все в большинстве случаев полагаемся на веру в определённые авторитеты. Если задуматься, то это распространено буквально на все сферы жизни, начиная с той же физики и заканчивая экономикой, политикой и историей. Собственноручно проверить можно лишь ничтожнейшее число фактов, достоверность всего остального мы, во-первых, определяем для себя «авторитетностью» источника сведений, а во-вторых, пропускаем полученную информацию через призму собственного мировозрения, принимая или отбрасывая информацию исходя из собственных знаний и убеждений.

Я чётко осознаю для себя, что никаких самостоятельных выводов из приведённых графиков и доказательств, предложенных автором, сделать не могу. Остаётся лишь поверить интерпретации автора. И для меня это явный критерий того, что либо читателем намеренно пытаются манипулировать, либо автор не от мира сего, раз не в состоянии поставить себя на место читателя и пишет подобные статьи.

Лично мне из двух вариантов:

1) Картинка-ничего-непонятно-но-много-букв-и-терминов + интерпретация автора и

2) Множество учёных/докторов заявляют противоположное;

Более достоверным кажется второй вариант.

ardraeiss 20 апреля 2020 в 19:08

+1

Сколько там времени "множество учёных/докторов" самой что ни на есть Европы прямо рассказывало что антисептика зло и враньё?



gecube 20 апреля 2020 в 19:28

Точно! Не просто же так Земмельвайса до гроба довели.

20 апреля 2020 в 19:32

ardraeiss

0

Совершенно верно, про про него и речь. Если считать "в лоб" по "множеству учёных/докторов заявлявших противоположное" — то кругом неправильный

доктор был. Если по фактам — то уйму людей спас, донеся всё же мысль, что есть такая проблема и указав путь к решению.



Am0ralist 21 апреля 2020 в 11:14

0

Извините, но этот аргумент особенно любят люди, отрицающие науку (антивакцинаторы, антигмошники и прочие). Сознательно путая время, когда научное воззрение ещё только становилось и не было выработано много практик научного подхода и сейчас, когда вы можете общаться со всем миром с помощью компьютера, что по тем временам можно было бы счесть магией.

rg_software 20 апреля 2020 в 20:02

Ну давайте голосованием определять — какое множество больше. Кстати, я не уверен, если вот сейчас опросить учёных, какая точка зрения перевесит и с каким счётом. Ведь на эту тему статистики у нас нет, и на каких основаниях учёные «верят», мы тоже не знаем, потому что исследований мало.

Впрочем, здесь у нас и вправду досужий трёп, каждый верит во что хочет и почему хочет. А вот за Nature, который принимает статьи с такими формулировками, крайне обидно, они всё-таки должны держать марку. Наверно, порог требований к статьям там пониже, чем мне казалось.



20 апреля 2020 в 20:03

Вы посмотрите на порог требований к статьям по МL. Там вообще мрак.

0

Повторяемость результатов нулевая. Но... всем пофиг https://habr.com/ru/post/480348/

kauri_39 20 апреля 2020 в 17:10 0

Спасибо за статью. Погрузился в атмосферу вирусологии. Она усилила мои подозрения о рукотворности коронавируса, оно возможно.

Если оценивают природные условия для естественного происхождения этого вируса, то надо оценивать и политические условия для его искусственного происхождения. Они этому очень

благоприятствуют, потому что среди них есть «конспирологическое» условие. Оно выражается в необходимости перехода человечества от прежнего экспоненциального развития к устойчивому развитию, о чём давно говорилось в докладах Римскому клубу. А нынешняя пандемия как раз затормозила рост мировой экономики. Кто знает, не хотят ли человечество избавить от будущей масштабной катастрофы, неминуемой при экспоненциальном развитии и ограниченных природных ресурсов, серией малых рукотворных катастроф?

aon24 20 апреля 2020 в 17:51

shurricken 20 апреля 2020 в 18:20

То была версия, что нулевым носителем был американский десантник, охранявший до Ухани американскую лабораторию

— на днях видел сюжет из программы Время о взрыве осенью19 в новосибирской лаборатории Вектор(да-да той самой). и в комментах там о вспышке пневмонии в Новосибирске в ноябре-

теперь вот уханьские вирусологи.

без комментариев спеца по «ГМО» тяжеловато понять достоверности этих версий.

gecube 20 апреля 2020 в 18:22

0

на днях видел сюжет из программы Время о взрыве осенью19 в новосибирской лаборатории Вектор(да-да той самой). и в комментах там о вспышке пневмонии в Новосибирске в ноябре-декабре.

причем на федеральном российском канале!

ra3vdx 20 апреля 2020 в 19:02

Ну ясно, Спасибо, автор, за то, что плодишь конспирологов.

Я так понял, что и ВИЧ создали элые гении — Уотсон с Криком, наверное. Правда, объясни пожалуйста — а откуда у нас свои, родные коронавирусы (4 штуки) в составе сезонных ОРВИ уже сотни, наверное, лет? И кто тот чёртов гений, запустивший «Испанку» 100 лет назад?

Инопланетяне или жидорептилоиды?

gecube 20 апреля 2020 в 19:06

+2

Я так понял, что и ВИЧ создали злые гении — Уотсон с Криком, наверное. Правда, объясни пожалуйста — а откуда у нас свои, родные коронавирусы (4 штуки) в составе сезонных ОРВИ уже сотни, наверное, лет? И кто тот чёртов гений, запустивший «Испанку» 100 лет назад?

Инопланетяне или жидорептилоиды?

из статьи эти выводы (?), если их можно так назвать, никак не следуют (!?)

ra3vdx 20 апреля 2020 в 19:14

Ещё раз.

Кто же поселил в нас 4 наших коронавидуса и 2 сотни прочих в составе ОРВИ? Откуда взялась «Испанка»? Откуда ВИЧ?

Из статьи я вообще не увидел этих ответов, а объяснить как-то надо. Иначе данная версия выглядит крайне противоречивой. Как и любая конспирологическая теория.

О боже мой! Да неужели эволюция умеет делать то же самое уже миллиарды лет? Не надо искать злого умысла там, где его нет.

gecube

20 апреля 2020 в 19:24

+2

Не надо искать злого умысла там, где его нет.

не так. не надо искать злого умысла там, где нечто можно объяснить человеческой тупостью. Например, разгильдяйским отношением к биобезопасности.

Кто же поселил в нас 4 наших коронавидуса и 2 сотни прочих в составе ОРВИ? Откуда взялась «Испанка»? Откуда ВИЧ?

ЛОЛ. Разница в том, что сто лет назад наше понимание природы было существенно более ограниченным, чем сейчас. И максимум что мы могли — селекция. Ну, там зерновые культуры, домашние животные. А сейчас мы можем синтезировать такие организмы, которых в природе не было и не может появиться. Об этом красноречиво говорят результаты исследований — вау, глядите, мы тут новый коронавирус синтезировали. Вау, он опасный. Человечеству грозит опасность. Давайте, правительства, выделяйте мультимиллиарды, мы тут придумаем как вакцину сделать

ra3vdx 20 апреля 2020 в 19:28

0

Так откуда взялся грипп A(H1N1) «Испанка», не подскажете? Невзирая на разницу в том, что сто лет назад наше понимание природы было существенно более ограниченным, чем сейчас?

Tolomuco 20 апреля 2020 в 19:40

0

А как вы относитесь к идее «глобального потепления» по вине человека? Вы сторонник? Противник?

Alexey2005 20 апреля 2020 в 19:44

0

Похоже, нам благодаря коронавирусу представится возможность экспериментальной проверки этой гипотезы. Сейчас из-за массовых карантинов выбросы СО2 снизились очень заметно, вот и посмотрим, как это отразится на температурных аномалиях.

ra3vdx 20 апреля 2020 в 19:51

+3 Я плохо отношусь к полемическому приёму «галоп Гиша».

И не предполагаю в рамках ответа устраивать луносрач, пирамидосрач, вопросы по ГМО и вакцинации.

Tolomuco 20 апреля 2020 в 20:05

Ну зачем же срач устраивать:) Вопрос простой, а ответ на него позволит понять имеет ли смысл дискутировать с вами, или не имеет.

ra3vdx 20 апреля 2020 в 20:07

Не имеет.

0

Tolomuco 20 апреля 2020 в 20:19

Понятно :)

0

DrGii 20 апреля 2020 в 19:57

+2

Кто же поселил в нас 4 наших коронавидуса и 2 сотни прочих в составе ОРВИ? Откуда взялась «Испанка»? Откуда ВИЧ?

Эволюция и миллиарды лет.

А откуда была пневмония у сотрудников пекинской вирусологической лаборатории со смертельными исходами? Халатность и проблемы финансирования, устаревшее оборудование. Кстати, вообще без злого умысла.

ra3vdx 20 апреля 2020 в 20:04

-1 Правильно! А как работает эволюция? Через силу случайности, закон больших чисел и тупой

перебор. Кстати, может, автор напомнит — сколько нуклеотидов нужно было поменять в Spike,

чтобы белок стал тропен к некоторым рецепторам человека? 12? А сколько миллиардов копий вируса живёт в одной летучей мышке? Плюс, промежуточные хозяева (панголин пока кандидат, хотя и самый вероятный). Люди недооценивают силу случайности и закон больших чисел. Отсюда и все беды с конспирологами. Они цепляются за одно, простое, неправильное решение.

DrGii 21 апреля 2020 в 05:02

0

Кстати, может, автор напомнит — сколько нуклеотидов нужно было поменять в Spike, чтобы белок стал тропен к некоторым рецепторам человека? 12?

Я за него напомню, что тропность к рецепторам АПФ2 уже тестировали на синтезированных химерах в уханьской лаборатории. В том числе тестировали токсичность этих химер. Construction of WIV1 mutants. To delete ORFX, the fragment F was PCR amplified with

primers FF (5'-ACCTGTGCCCTTTTGGCGAGGTTTTTAATGCTACTAC-3') and RFox (5'-GCCTCTAGGGCTCAAGGATAATCTATCTCCATAGG-3′). Fragment G was PCR amplified with FGox (5'-GCCCTAGAGGCAACGAACATGAAAATTATTCTCTTCC-3') and RG (5'-fragment was named Gox. These two products were then cloned into pGEM-T Easy. The two fragments were inserted into the BAC along with the other fragments as described above. The rescued mutant was named as rWIV1- ΔX .

Люди переоценивают законы больших чисел. А иногда в эти самые большие числа случайностей можно записать банальную больную обезьяну, которая порвала защитный костюм.

ra3vdx 21 апреля 2020 в 05:22

Панчин уже разобрал вчера всю клинику конспирологов, угомонитесь.

ardraeiss 21 апреля 2020 в 08:43

-5

Мда, прекрасно. Реально используемую современную технологию обзывать "клиникой конспирологов".

Изучите уже разницу между "в принципе, такой вирус возможно собрать в лаборатории, потому что так уже делали, вот отчёты" от конспирологии. "Естественно произошёл и заброшен конкурентами через больных животных" — это тоже конспирология, например.

justserega 20 апреля 2020 в 19:49

+1

Еще меня поражает как легко у автора получается сделать новый вирус. Все специалисты говорят, что это близко к невозможному. А автор говорит — да они сто раз такое делали. Может быть все же не такое же, а что-то другое делали? Может быть есть какая-то разница между тем, что делали и отличия covid-19 от ratg13?

Ну и аргументация из разряда — инструмент имеется значит мог изнасиловать

ra3vdx 20 апреля 2020 в 19:59

0

К тому же, профильные специалисты — М.С. Гельфанд, К.В. Северинов, Алексей Кондрашов в один голос говорят, что «филогения вируса никак не выводится из лаборатории».

А вот на естественное происхождение — очень похоже.

И да, создать на основе простой последовательности РНК (ДНК) вирус с предсказуемыми свойствами — это сегодня пока фантастика. Пока мы, человечество, умеем только ломать — выключать гены, делать точечные мутации, вставлять готовые гены и прочее. Делать такое тупым перебором — извините.

В этом пока гораздо сильнее преуспела эволюция.

DrGii 21 апреля 2020 в 05:06

+1

создать на основе простой последовательности РНК (ДНК) вирус с предсказуемыми свойствами

Кто сказал, что свойства химер заранее известны? Их же исследуют уже после получения мутантов.

умеем только ломать — выключать гены, делать точечные мутации, вставлять готовые гены и прочее.

Странное заявление, ведь выключать, делать мутации, вставлять — это далеко не ломать.

Делать такое тупым перебором — извините.

Так делали же, и весьма с изощренными техниками. Все ссылки на работы — в комментариях есть. В этом и преуспела уханьская лаборатория.

ra3vdx 21 апреля 2020 в 05:26

-1

Лол.

У эволюции больше ресурсов — триллионы вирусов, море времени и нулевая стоимость лаборатории «планета Земля». Никаких изощрённых техник не нужно.

DrGii 21 апреля 2020 в 22:57

Так где эти триллионы? Триллионы видов летучих мышей? Нет Их сотни, и, кстати, многие изучены довольно неплохо. В том числе и их вирусы. Из той тысячи геномов, которые были секвенированы — приблизился только 1. Не десять, не пять, а только -1. С остальными совпадения гораздо меньше. Если у вас в голове триллионы — изучите лучше таксономию.

Таксономия вирусов и новые вирусы (Международный таксономический комитет)

1999 год

2002 год

3 порядка, 56 семейств, 9 субсемейств, 233 рода, 1550 видов.

3 порядка, 73 семейства, 9 субсемейств, 287 рода, 1938 видов. 2008 год

5 порядков, 82 семейства, 11 субсемейств, 307 родов, 2083 видов.

gecube 21 апреля 2020 в 23:10

+1

Ну, я так предполагаю, что количество с 1999 до 2008 года выявленных видов растет не потому что они появляются в природе, а потому что были отдельно классифицированы и описаны. Ну, и нельзя отрицать того, что как минимум в макробиологии было, когда нечто было описано как один вид, а потом переквалифицировано как несколько. Но как некий ориентир такая табличка годится. Спасибо.

ra3vdx 21 апреля 2020 в 23:58

Да, примерно так, вы правы. Плюс «вид», «подвид», «штамм» — это чисто договорные понятия. И нам не хватит никаких слов, чтобы классифицировать «побуквенно»

каждую SNP (однонуклеотидную замену) в геноме длиной хотя бы в 1 мегабазу (небольшой для бактерий). И да, эволюция идёт непрерывно, хотя это и дискретный процесс на уровне нуклеотидов, но «аналоговый» уже на уровне от десятков тысяч.

Кстати, немного оффтопа к комментарию, для размышления об

Можно вспомнить «испанку», которая унесла миллионы жизней. Когда

«искусственном происхождении» чего-то:

сравнили тысячи последовательностей ДНК этого вируса и нашего гриппа, оказалось, что в них произошло всего 3-4 замены. Кто может заранее сказать, что именно эти 3-4 замены способны привести к миллионам

Тыц.

ra3vdx 21 апреля 2020 в 23:15

0 А я о таксонах ничего не говорил. Я о количестве (на русском, простите, источник «так себе», но оценка примерно такова) и только морских — 10^30 штук, по оценкам (на английском). Опять всплывает Confirmation Bias.

Опять всплывает сопштиации віаз.
Опять люди выдают желаемое за действительное. Понятно, почему — им ближе доступное, чем реальное.

Кстати, в 1980-х годах тоже ходили слухи об искусственном происхождении

None_of_your_business 21 апреля 2020 в 12:02

ВИЧ. Я хоть и маленьким был, но прекрасно помню.

+1

Что будет, если кто-то из российских ученых выскажет неполиткорректную точку зрения, что вирус утек из лаборатории китайских союзников?



0

Если будут иметься научные данные, уверен, они так и сделают. Высказывали же они неполиткорректную точку зрения, что «блокатор вирусов», который купил Песков и нацепил на грудь — это фуфло. Что Арбидол — это фуфло и прочее.

«Мой комментарий: Песков – м***к, а блокатор – шарлатанство», – сказал корреспонденту Настоящего Времени доктор биологических и кандидат физикоматематических наук Михаил Гельфанд.

математических наук михаил гельфанд.
Профессор Ратгерского университета, доктор биологических наук Константин
Северинов заявил, что в вопросе корреспондента нет предмета для комментария.
«Это вообще туфта какая-то. Не хочу ее комментировать. Извините», - сказал он.



20 апреля 2020 в 20:01

+2

Вы вопросики-то правильные задайте. Их будет как минимум два.

1. возможно ли в принципе искусственным путем создать вирус подобный SARS и

2. действительно ли было осмысленно получать sars-ncov2 из ratg13? Или какова разница между ними (в любых условных единицах).

Вот на федеральном канале был, к примеру, репортаж о лаборатории Вектор. И ее руководитель очень уклончиво ушел от ответа на вопрос COVID-19 имеет естественное или искусственное происхождение, но он подтвердил, что, да, аналогичные химеры умеют делать, что в РФ, что зарубежом. И таких свидетельств не одно.



0

1. специалисты говорят, что нет.

2. вопрос вообще не понял. Про разницу в комментарии ниже ответили habr.com/ru/post/497956/#comment_21519972 (спойлер: довольно большая и разбросана по геному)



0

1. специалисты говорят, что нет.

Т.е. Вы утверждаете, что эксперименты по коронавирусам не проводились, коронавирусы в рамках исследования их свойств не наделялись новыми свойствами и далее по списку?



0

Это не я утверждаю) А вы как думаете вот люди, которые в этом варятся и которое утверджают это — они не читали этих статей и не знают, что эксперименты проводились? Пока что возможности редактирования ограничены и самое серьезное ограничение: никто толком не понимает как это все вместе работает. Добавить последовательность для генерации конкретного белка — можно, убрать последовательность — которая понятно за что отвечает — можно. Создать новый вирус — еще и с заданными свойствами пока нет. Можно конечно подбирать наугад комбинации — но это будет невероятно медленно, а главное зачем ученым подбирать? Тупой подбор и природа регулярно подкидывает им, понимания это не добавит.



+1

Я думаю, что для специалиста в медицине, но неспециалиста в генетике — это все может звучать как фантастика и технологии инопланетян.

Создать новый вирус — еще и с заданными свойствами пока нет.

ну, так многие направления так работают) Вы еще алхимиков вспомните — сколько там было попыток получить философский камень (неудачных) и сколько при этом было найдено закономерностей и сделано открытий.) Ну, и никто не мешает двигаться от известного к неизвестному маленькими шагами .



0

На счет алхимии есть все-таки разницы между перебором взаимодействий между веществами и перебором в цепочке РНК/ДНК... Во-первых количество вариантов отличается невероятно, во-вторых от того, что два вещества прореагировали вы получаете знание, а от того, что переставлены последовательности — ну переставлены — переставлены случайно и в куче мест, и что? Можно 1000 лет безрезультатно подбирать, а можно в экспедицию сэъездить пару раз к летучим мышам и парочку новых геномов привезти.



+4

Да вот беда в том, что эти люди на самом деле не особенно-то и высказываются. Ну то есть, конечно, есть реплики вида «моё экспертное мнение, что нельзя потому-то то и потому-то», но когда дело доходит до серьёзной научной дискуссии (типа цитируемой в посте статьи из Nature), аргументы почему-то приводятся невыдающегося качества. Может, кто-то получше статью напишет, ждём.



0

А вот в этой работе тупой подбор или создание с заданными свойствами?

Это создание вирусов-мутантов, тропных к человеческим рецепторам АПФ2, что предсказуемо увеличило их токсичность.

```
justserega 21 апреля 2020 в 05:32
```

о 1 пр

Мы прямо по кругу ходим — вы приводите пример где четко указано, что именно поменяли. Указаны конкретные фрагменты и что с ними сделано, никто не спорит, что можно поменять и свойства изменятся. Насколько я знаю менять можно не в произвольном месте, а только там где есть маркерная последовательность — соответственно это тоже признак искусственности. Вот если бы в статье было указано, что SARS-COV-2 отличается от RATG-13 всего в трех конкретных местах и там их реально можно поменять современными методами — это был бы совсем другой разговор. И еще раз напомню, что специалисты в курсе этих экспериментов и продолжают настаивать на естественном происхождении...

```
KonkovVladimir 21 апреля 2020 в 06:11
```

+2

«Специалисты» приводят прямые доказательстве естественного происхождения?

Найденная на рынке условна «панголина» с положительными анализами на вирус, нулевой пациент заразившийся от «пангалины», сородичи панголины в чьей популяции циркулируют предшеІственики вируса SARS-COV-2?

COV-2? На чем из всего этого «настаивают» специалисты? **justserega** 21 апреля 2020 в 07:57

-1

В ситуации когда новые вирусы регулярно передаются от животных к человеку разумно считать это дефолтным вариантом и доказывать нужно искусственное происхождение, а не наоборот. Прямые доказательства — похожий вирус у летучих мышей и панголинов. Первый очаг — рынок где торгуют мясом животных. Косвенное — предыдущие вспышки SARS, MERS, EBOLA... у которых летучие мыши как источник и различные животные как промежуточный хозяин. Или там тоже биологическое оружие? Чем по вашему SARS-COV-2 такой особенный? Тем что сейчас не повезло и не удалось остановить эпидемию?

KonkovVladimir 21 апреля 2020 в 08:19

+2

То что N вирусов когда-то передались людям от животный не является прямым доказательство передачи N+1 вируса от животных, иначе по индукции мы доказываем, что все последующие вирусы тоже будут переданы от животных.

По крайней мере вы считаете это разумным предполагать.

Прямые доказательства — похожий вирус у летучих мышей и панголинов.

Похожий вирус из лабы — это тоже «прямое доказательство» по вашему?

Ну раз так то у теории «вирус из лабы» есть «прямые

justserega 21 апреля 2020 в 08:34

0

доказательства»!

Я не говорил, что «это доказывает», внимательно перечитайте. Я говорю, что разумно доказывать искуственность, а не наоборот.

А есть «похожий вирус» из лаборатории? Зачем выдумывать какието новые обстроятельства? Если бы он был — да это можно было бы использовать как доказательство.

KonkovVladimir 21 апреля 2020 в 09:17

+1

Прямые доказательства — **похожий вирус** у летучих мышей и панголинов.

Это ваши слова?
Похожий вирус из лаборатории Уханьского института это — RaTG13, он есть — я ничего не выдумываю, и он «самый похожий» из всех.
Вопрос в том какой из двух вариантов случился: мыши -> лаба -> люди

мыши -> носитель Х -> люди

justserega 21 апреля 2020 в 09:23

0

Так это и есть тот самый вирус из летучей мыши... А эти варианты прям одинаково вероятны?

— какая вероятность встретить динозавра?
— 50/50 либо встречу либо нет...

KonkovVladimir

+1

А эти варианты прям одинаково вероятны?

Если мы говорим о прямых доказательствах, то они по определению 100% вероятны! Вы сам написали

21 апреля 2020 в 10:54

Прямые доказательства — похожий вирус

вот я вам и привел!

Независимые исследователи не находили в природе RaTG13, а вот в лаборатории он есть и хранился там при -80С 7 лет, если китайцы нам не врут.

Mad_Max 22 апреля 2020 в 09:28

0

Чем по вашему SARS-COV-2 такой особенный? Тем что сейчас не повезло и не удалось остановить эпидемию?

Тем что у первого SARS и MERS почти сразу же нашли природные аналоги, совпадающие с ним по геному на 99.х %. Причем из них «нужных» (за исключением ни на что не влияющих) отличий в этих десятых процента — считанные штуки единичных замен в генетической последовательности. Полностью укладывается в естественное происхождение — вирус долго «вызревал» в природных очагах циркуляции, потом еще несколько мутаций в ключевых точках — и смог перескочить на человека.

А у SARS-COV-2 самое ближайшее что могли найти(хотя ОЧЕНЬ активно сейчас ищут — намного активнее чем с SARS и MERS по понятным причинам) это вирус летучей мыши совпадающий только примерно на 96% (с вирусами панголинов только на 80 с чем-то %). Причем нашли его «задним числом» — геном этого вируса появился только уже после начала пандемии и из этой самой лаборатории, до этого он никому известен не был.

И естественным путем (случайными мутациями) это такое большое различие (в \sim 4% генома) преодолевать очень долго — выше оценки выкладывали, естественным путем на это ушло бы порядка 50 лет, при этом осталось бы в природных образцах много промежуточных/родственных им вариантов. Их тоже ищут, но пока ничего не нашли. Совсем ничего.

Так что единственная более-менее правдоподобная теория это «скрещивание» разных вирусов от разных животных (летучей мыши и панголина как наиболее вероятный на данный момент). И вопрос случился ли такой «гибрид» случайно в природе (такое тоже возможно) или ему «помогли» в лаборатории.

Mad_Max 22 апреля 2020 в 09:14

0

Извиняюсь, а вы статью то вообще читали? В в ней-то как раз это и сказано и показано, что надо взять вот эти 2 фрагмента (из других уже известных природных вирусов) и вставить их в гемом RATG-13 и получится что-то максимально близкое к SARS-COV-2, отличающееся за исключением этих двух больших вставок буквально считанными единичными случайными мутациями, которые уже могли произойти естественным путем при многократной репликации вируса.

Места где эти вставки могли быть сделаны тоже обозначены и показаны. И даже «маркеры» есть — только 1 — эти маркеры бывают и природного происхождения, и в данном вирусе

1 — эти маркеры бывают и природного происхождения, и в данном вирус такие есть в подходящих местах. При наличии естественных необходимости делать искусственные нет, в принципе можно «воспользоваться готовым»

2 — уже существуют технологии (в статье ссылка на соответствующие научные статьи есть), позволяющие «прибрать за собой» — «склеивать без швов», когда таких маркеров после склейки уже не остается.

ardraeiss 20 апреля 2020 в 20:14

+1

1. специалисты говорят, что нет.

Другие специалисты прямо пишут как же это в современной практике делается: https://jvi.asm.org/content/90/14/6573 "Construction of WIV1 mutants. **To delete** ORFX, the fragment F was PCR amplified with

primers... "
"The two fragments **were inserted** into the BAC along with the other fragments as described above. The rescued mutant was named as $rWIV1-\Delta X$. To place GFP into the open

reading frame of ORFX, the F fragment was amplified with primers FF and RFoeGFP ..."
"The two PCR products were ligated by OE-PCR, and **the product was inserted into** pGEM-T Easy."

justserega 20 апреля 2020 в 20:24

+**1** ве н

Разве кто-то спорит что можно убрать или добавить какой-то ген? Погуглите ГМО — там в организмах ДНК меняют — и о ужас свойства меняются. Только добавить ген, кодирующий белок в бактерию, чтобы она вырабатывала инсулин — не то же самое, что сделать новую бактерию (жду ссылку на синтию)

ardraeiss 20 апреля 2020 в 20:45

+1

Разве кто-то спорит что можно убрать или добавить какой-то ген?

Вы. Вы говорите что все(sic!) специалисты говорят что такое в принципе нельзя сделать.

По факту — и "в принципе" можно, и делается, "вот отчёт". Только сложно. А "сложно"(и "очень сложно") и "в принципе нельзя" — принципиально разные вещи. 20 апреля 2020 в 20:45 justserega 0 Такое это какое? Я говорил «все»? ardraeiss 20 апреля 2020 в 20:47

+1 Позвольте Вам напомнить цепочку, с ссылками на посты: 1. "Все специалисты говорят, что это близко к невозможному." 2. "Вы вопросики-то правильные задайте. Их будет как минимум два. возможно ли в принципе искусственным путем создать вирус подобный SARS" 3. "1. специалисты говорят, что нет."

justserega 20 апреля 2020 в 20:51

Ух и правда, это я поговорячился про всех — извините.

ardraeiss 20 апреля 2020 в 20:54

+2

0

То есть что оно сложно — согласны, кажется, все в этом обсуждении. Удивление вызывает что это хоть и сложная — но реально "вот она, в наше время" технология из научфантастики какой.

Ну а дальше уже обычные диванные обсуждения "каковы шансы что и правда соорудлили? и что убежало?". Ибо что шансы убежать у лабораторной заразы ненулевые — увы, исторический факт... Фактов за и против конкретного случая ковидлы всё одно пока нет, потому только кофе по вкусу заваривать и остаётся.

justserega 20 апреля 2020 в 21:00

0

Плохо, что статья создает впечатление, что это легко и сто раз так делали. Это все равно, что показать американцев на Луне, как SpaceX сажает первые ступени, показать Хабл — а потом заявить да мы и к звездам можем махнуть... нет, не можем. Хотя развитие в генной инженерии — это будущее, я за обеими руками и прогресс там невероятный!

ardraeiss 20 апреля 2020 в 21:05

+1

Я бы сказал, тот отчёт тоже такое впечатление создаёт. Чтение неспециалиста вполне создаёт ощущение "тут удаляем, тут выделяем, тут рекомбинируем обратно, чистим и — вуаля готово!".

И только вспоминая, что и свой код можно так описать, а по факту под капотом запрятана куча ещё действий, проб и ошибок, соображаешь что и там наверняка не просто всё. И что оно пока может вообще быть на уровне кустарно-алхимического с кучей отброшенных неудачных экспериментов, в отчёт не угодивших.

НЛО прилетело и опубликовало эту надпись здесь

ra3vdx 20 апреля 2020 в 20:14

-1

1. «Подобный» — возможно. Невозможно будет предсказать его оооочень многие параметры. Эволюция этот перебор делает в миллионы раз быстрее и тестирует многие варианты бесплатно и без строительства лабораторий.

2. COVID-19 — это не вирус, а болезнь. Бессмысленный вопрос.

Вот на федеральном уровне эту болезнь предлагали лечить Арбидолом. О чём это говорит? А у нас в РБ целы Президент «никакого вируса не видел». Так что подобные апелляции смешны, но бессмысленны.

Не думаю, что при данном уровне дискуссии вы сможете чем-то переубедить меня, а я — вас. Давайте экономить наше время.

20 апреля 2020 в 20:20 gecube

0

. COVID-19 — это не вирус, а болезнь. Бессмысленный вопрос.

да, прошу прощения — написал, потом подумал, что это бессмыслица, примерно как ВИЧ путать со СПИДом. К сожалению, неспециалисты этим грешат) неудачная копипаста из сообщения @justserega

1. «Подобный» — возможно. Невозможно будет предсказать его оооочень многие параметры. Эволюция этот перебор делает в миллионы раз быстрее и тестирует многие варианты бесплатно и без строительства лабораторий.

это чушь. Потому что можно чего-то получить, потом по факту выяснить, что оно обладает некими свойствами, принять это и продолжить работу дальше

Знаете ли, породы домашних животных люди тоже целенаправленно выводили

ra3vdx 21 апреля 2020 в 05:32

+1Каким образом выводили, напомните?

В геном вмешивались? А вы в курсе, что наломали в геномах, когда туда вмешивались, не понимая, что именно ломают там? Про мутагенез радиационный и химический в с/х культурах рассказать? Вы там ничего не путаете в своём воображении, любезный?

DrGii 21 апреля 2020 в 05:19

0

А у нас в РБ целы Президент «никакого вируса не видел».

Все ясно, политота.

В РБ есть целый институт, который первый получил геномные последовательности и создал на их основе свои тесты, контакты им и проверяли с контролем тестами других стран.

Когда кто-то шутит из политиков, не надо воспринимать это как чистую монету.

НЛО прилетело и опубликовало эту надпись здесь

Alexey2005 20 апреля 2020 в 19:39

А вот кстати, как обеспечивается безопасность при генной терапии? Получается, в ходе этой процедуры людей заражают сконструированным вирусом, который мало того, что специально разработан для преодоления иммунитета, так ещё и вносит дополнительные модификации в Что случится, если такие вирусы утекут? А ведь с ростом доступности генной терапии это

лишь вопрос времени.

Mad_Max 22 апреля 2020 в 10:11

0 Обычно такие вирусы очень специфичны. Им нужно «найти» определенный

0

участок(последовательность генетического кода) в ДНК и удалить/вставить кусок отмеченный этой последовательностью. Пока все такие вирусы и разработки ген. терапии направлены на лечение болезней

обусловленными какими-то генетическими дефектами. На этот самый дефект вирус и «настраивают». При его отсутствии(у всех здоровых людей без соответствующего ген. дефекта) вирус просто «не срабатывает», т.к. не «находит» нужного участка в ДНК, где нужно произвести замену.

Like_fa 20 апреля 2020 в 19:43

0 У меня интереса к биологии, а уж тем более к вирусологии, не было никогда. Но статью читал с таким увлечением, как будто всю жизнь изучал это. Спасибо за огромное исследование.

р.ѕ. Но все же сейчас более важным считаю то, что нужно искать как этот вирус грамотно побороть, а затем уже разбираться и строить теории откуда он взялся.

ЈојоМсЕve 20 апреля 2020 в 19:43

неподготовленного читателя. Разумеется ни RaTG13 ни панголин не были «строительными блоками для COVID». Это очевидно из Figure 1 автора, где показано, что сходство у RaTG13 с COVID ~ 96% и эти различия более-менее равномерно распределены по геному. Таким образом в среднем каждая 25я буква у COVID различается от RaTG13, это довольно много.

Правильна последняя фраза:

«Какие животные являются зоонозными носителями SARS-CoV-2? Такие животные пока не найдены. [...] Панголиньи [штаммы CoV2] имеют более 3000 нуклеотидных изменений, поэтому панголины никоим образом не могут быть резервуарным видом.»

В статье (не делая далеко идущих заключений) говорится, что «с вирусами много чего умеют делать», а разные части последовательности COVID очень похожи на части последовательностей вирусов разных животных. Из этого неподготовленный читатель сделает (неправильный) вывод, что COVID сделан из кусков вирусов других животных, что не верно, поскольку сходство хоть и большое, но различия тоже велики. Но в этом многие не захотят разбираться, а (правильное) утверждение в конце принадлежит Барику, про которого создается впечателение, что он сам «ученый-убийца, разработчик вирусов». И ему могут не поверить. И вся ответственность будет на не очень образованном читателе, которого ловко подвели к неправильному логическому заключению.

Nick_Shl 20 апреля 2020 в 20:11

+1

Многие, кто впервые слышит о вышеописанных исследованиях, задаются резонным вопросом: «А нафига?» Зачем учёные создают химерные вирусы-убийцы? Политкорректный ответ: для разработки превентивной защиты (вакцин и препаратов) от возможных природных химер и для понимания рисков их возникновения.

Она предсказывает войну, мы начинаем войну, чтобы предотвратить ее. Предсказывает эпидемию — мы провоцируем эпидемию. Машина предсказывает будущее — мы его создаем.

Художественный фильм "Час расплаты".

solariserj 20 апреля 2020 в 21:44

0 вы тоже его вспомнили, как мне помнится было даже: Она предсказывает войну, мы наносим упреждающий удар начинающий войну. Предсказывает эпидемию — мы сбиваемся в кучу и провоцируем эпидемию.

fivehouse 20 апреля 2020 в 22:17

+1

Такой большой труд хорошо бы организовать иерархически с названием каждого раздела и с выводом в конце каждого раздела на каждом уровне. Тогда точно прочитают полностью и можно будет читать разделы выборочно и со смыслом. И хорошо убрать дешевые восклицания уровня пропагадны первого тв канала. В таком виде работа немного похожа на бесконечный поток пропаганды (с текстом «вы мне верте»), а исследование проведено немалое. Жалко его терять просто за счет оформления... Часть картинок имеет малое разрешение и текст в них плохо читаем, что еще больше усиливает ощущение пропаганды.

apkotelnikov 21 апреля 2020 в 01:50

+1

Скажу сразу — я в генетике совсем не специалист. Прочитал статью, комментарии. Первый вывод неутешительный — судя по комментариям большую часть, оставивших комментарии, все таки «заразили» теориями заговора и подобным. Половина комментариев — попытка обвинить автора чуть ли не во всех смертных грехах разом. Вы меня конечно извините, но если бы эта статья вышла во время той же эпидемии гриппа 2017-2018 года (по данным ВОЗ количество заболевших 45 миллионов, только «втихую») врядли был такой перевес в комментариях в сторону «автор пытается склонить...»

Второй вывод — статья явно не окончена (по хаьровским «стандартам») нужна вторая часть про то как настроить среду разработки и третья «собираем и отлаживаем свой первый вирус». Хоть и не разбираюсь, но с удовольствием бы почитал. Автору спасибо за подробный анализ, было интересно и познавательно.

ardraeiss 21 апреля 2020 в 08:48

Полагаю, вторая часть отложена по технической причине — автор собирает минимально потребную лабораторию и изучает все необходимые шаги. Лет через 10-30, думаю, выйдет.

apkotelnikov 21 апреля 2020 в 12:08

0

Если что, все пентесты, проводимые без согласия заказчика, так же приводят к «изоленке» на некоторое время.

mithdradates 26 апреля 2020 в 12:14

-1

Так по утверждению автора с созданием вируса может справиться любой студентвирусолог. Уверен, что у автора все это получится быстро проделать.

 \Box

Mike-M 21 апреля 2020 в 02:13

0

«Я водопроводчик не профессиональный, но мнение имею» (с)

Дикий народ, эти китайцы — мясо панголинов едят)

Учитывая, что понятие «китайское качество» давно стало нарицательным, думаю, эти товарищи снова накосячили. Только на этот раз в области биотехнологий.

Один из моих близких друзей несколько лет назад вернулся из туристической поездки в Китай. На мой вопрос «Ну как там?», ответил тревожно и коротко: «Они будут править миром!». Если предположить, что биологическое оружие дешевле ядерного, то становится понятно...

Я и раньше недолюбливал товары из этой страны за их низкое качество. А теперь уж и подавно постараюсь приложить максимум усилий к тому, чтобы не приобретать изделия с лейблом «Made in China». Дабы не спонсировать, так сказать. Пардон за оффтоп.

Alexey2005 21 апреля 2020 в 03:00

0

Проблема лишь в том, что в современном мире большинство товаров с другим лейблом получается путём переклеивания лейбла. А оставшаяся часть — сборкой из отдельных компонент с этим лейблом.

rombell 21 апреля 2020 в 18:01

+1

По слухам, почти сотню лет назад «германское качество» было клеймом днища. Потом клеймом стало «японское качество» — это я уже застал краешком. Потом, в 90e, «китайское качество». Оно примерно так всегда при рывке: сначала делается плохо, дёшево, но много — и на этом набивается рука, набирается опыт и осваиваются технологии. А затем — опа, и внезапно почти всё делается в Китае.

ardraeiss 21 апреля 2020 в 18:44

0

США в той же области некогда были. После революции они развивали своё производство под защитой высоких заградительных пошлин, и результат изначально был неизбежно хуже британского. Что, в числе прочего, было одной из причин тамошней Гражданской Войны, победитель продолжил развитие. И к 20-му веку это была страна сильной индустрии.

Am0ralist 21 апреля 2020 в 20:42

Победителем, что характерно, стали именно промышленные штаты. Ну просто потому, что победить промышленность, обладая лишь деньгами проблематично.

ardraeiss 22 апреля 2020 в 00:31

0

Ну, там были всё же ненулевые шансы вмешательства бывшей метрополии, которым южане были выгоднее — как желавшие покупать дешевле их продукцию. В остальном да, более промышленно сильные "всё правильно сделали" и, фактически, обеспечили будущее промышленное господство страны.

---Mike-M 22 апреля 2020 в 00:27

0

Потом, в 90e, «китайское качество».

Так ведь больше 20-ти лет уже прошло, а воз и ныне там. ОК, подождем еще, время покажет. Но я сильно сомневаюсь...

Am0ralist 22 апреля 2020 в 10:40

+1Эм, а в чём вас не устраивает качество производства большинства фирменных вещей, которые до сих пор чаще всего в Китае собираются? А все недостатки чаше всего обусловлены именно ошибками разработки (которая не китайская)...

```
\Box
 Mike-M 22 апреля 2020 в 14:04
```

0

Я не желаю поддерживать экономику страны, которая является родиной низкосортной (не фирменной) продукции, украденных патентов, контрафакта, спама, а теперь еще и коронавируса.

Как инициатор этого оффтопа, еще раз извиняюсь, и односторонним решением его прекращаю (пока не прилетело НЛО).

```
ardraeiss
             23 апреля 2020 в 19:22
```

0

Но Вы же уже поддерживаете США и Корею, пользуясь телеком, интернетами и электроникой. Вышеперечисленным в своей истории они тоже занимались. Если есть японские или сингапурские товары — эти тоже отметились. Британские? Немецкие? Французские? Вовсю.

Что Вам стоит поддерживать *ещё одну* такую же страну? Кстати, Вы же *и так уже* это делаете, если у Вас есть электроника.

JerleShannara 23 апреля 2020 в 19:04

0 Ещё десять лет назад в дальневосточных областях китайское качество делилось на северный и южный китай. Северный был тем самым «китайские товары — полное гумно, у них одна лишь прелесть — стоимость фуфло»(ц) Красная Плесень, а вот южный был очень даже ничего. А сейчас львиная доля вашей техники сделана великим мастером МадиИнЧи. И эта техника вполне себе нормально работает.



ra3vdx 21 апреля 2020 в 05:44

-2 Ну вот.

Саша Панчин (упомянутый в начале статьи) по многочисленным просьбам отвлёкся от своих дел и набросал вам, дорогие конспирологи, отличный текст. А вы переживали вместе с автором данного поста.

По моему личному мнению, Хабр перестаёт быть критичным в вопросах естественных наук. Данный пост полоскали сегодня и в группе КЛН РАН. Так что объективно — автор несёт псевдонаучную чушь только ради того, чтобы участвовать в программе ППА и зарабатывать деньги на невежестве. @ deniskin, на мой взгляд, это

KonkovVladimir 21 апреля 2020 в 06:25

подрывает репутацию ресурса.

Данный пост полоскали сегодня и в группе КЛН РАН.

Почитал комментарии — вполне лестные отзывы.

Лариса Цедик Вообще Дейгин сделал очень хороший анализ. Текст — пример/шаблон хорошего (любого) анализа. Но взаимодействие эритроцитов с белками вируса не изучено, что не исключает любой вариант.

Алексей Аверьков Печально, что паблик отстаивающий принципы научности (Комиссия по борьбе с лженаукой прим ред.), по этой теме говорит два основных довода: ахинея, чепуха. Нет смысла — это гораздо лучше — это некий отказ обсуждать.

Юрий Дейгин, кстати там достойно и в научном стиле ответил.

ra3vdx 21 апреля 2020 в 06:29

Типичный Confirmation Bias.

KonkovVladimir 21 апреля 2020 в 07:37

Это ненаучно если не сказать лженаучно.

+3

Ну так вы опровергайте, коллега. Напишите на Хабр такую же по уровню научной аргументации статью с опровержениями. Я а пока слышу от комиссии по лженауки только два основных довода: ахинея, чепуха.

surVrus 21 апреля 2020 в 16:39

-1

Я а пока слышу от комиссии по лженауки только два основных довода: ахинея, чепуха.

Это естественно. Сама проблема «научности — антинаучности» не существует уже много лет. А комиссия такая есть. Их работа с эпистемологической точки зрения не имеет смысла. Но наверное нужна для оценки проектов для финансирования. Или еще для чего-то, из их поведения и их документов я так и не понял, какова цель их деятельности.

Am0ralist 21 апреля 2020 в 16:44

Проблема не существует, а вот засилие псевдонаучных работ во всех уровнях —

Причём этими работами потом пытаются отмахаться, когда обосновывают что эта неотличимые от прочей гомеопатии лекарства работают. Ну вот они по мере сил, как понимаю, анализируют подобное и добиваются исключения таких работ и против выдавания таких людей за учёных.

21 апреля 2020 в 20:12 surVrus

-1

засилие псевдонаучных работ во всех уровнях

В том то и дело, что есть какие-то статьи. научные они или не научные — уже давно не имеет значения. Некий единый критерий «научности» уже давно не актуальный, поэтому и не имеет смысла разделять на «научные» или «псевдонаучные». Проблема демаркации научного и ненаучного знания перестала существовать в реальном мире. В части мира, для некоторых старых или малограмотных ученых — она типа осталась. Может они привыкли к ее существованию, может этот критерий используется для оценки проектов для гос. финансирования, может быть они еще как-то используют этот критерий.

Если статья кому-то интересна, построена более — менее логично, более-менее по критериям Лакатоса — то пусть публикуют, зачем их исключать? Если же статья удовлетворяет критериям Поппера — то еще лучше!

Am0ralist

21 апреля 2020 в 20:45

0

тщательном изучении. С учетом, что проверкой статей занимаются из рук вон плохо и поверхностно, то подобное прокатывает. Собственно, снимают не потому что «это лажа», а потому что понимающие люди при внимательном рассмотрении находят все недочёты и пишут в издательства соответствующие письма. Те публикации снимают. Bcë.

Ещё вариант, что находят конфликт интересов, хотя публикующие его не объявил. Это тоже параметр, который позволяет маркировать недобросовестного писателя статей.

Статьи не проходят проверку на условия использование мат.стата при

BigBeaver 21 апреля 2020 в 21:11

0

Научность в терминах постпозитивизма эквивалентна наличию прогностической силы. Таким образом знание о научности работы важно для того чтобы понимать, можно ли делать на ее основе практические выводы.

surVrus 22 апреля 2020 в 00:18

в терминах постпозитивизма

Да, все верно. Позитивизм — только один возможный взгляд на «научность». Достаточно старый, уже мало применимый. Более корректный подход Поппера. Или Лакатоса. С другой стороны, часть ученого сообщества еще применяют позитивизм для оценки «научности Но ни тот или иной метод важны, а тот факт, что большинство специалистов в мире по «теории науки» (эпистемология? наукознание? философия науки?) пришли к точке зрения, что "... отклонили эту идею разграничения как псевдопроблему". Хотя «В настоящее время в философии науки существует намного больше согласия по частным критериям, чем по общему критерию демаркации между наукой и

ненаукой». Поэтому Вы правы, постпозитивизм, как частный критерий для российской науки вполне применим. На нем де-факто и строит работу «Комиссия по лженауке». Если получать гранты или бабло от государства на

исследования — то их работа имеет смысл. Если использовать иные источники финансирования — то они не нужны.

```
surVrus 22 апреля 2020 в 00:23
```

0

Научность в терминах постпозитивизма эквивалентна наличию прогностической силы.

Только для естественных наук это еще более-менее применимо. Для экономики — уже нет. А она вроде считается наукой (видимо по ошибке).

Кое-где даже экология считается отдельной наукой. Уупс...

BigBeaver 22 апреля 2020 в 11:54

0

Неверно применять понятие научности по Попперу к отрасли. Оно формулируется только для конкретных гипотез.

@ surVrus если вы просто хотите сказать, что за свои деньги человек может заниматься совершенно чем угодно, то это самоочевидный факт. Но важность вопроса это не отменяет.

surVrus 22 апреля 2020 в 14:15

0

угодно,

что за свои деньги человек может заниматься совершенно чем

Не только за свои.

И я хочу обратить внимание на иной факт: для получения финансирования критерий «научность» может вообще не

эмпирике — то проект можно финансировать.

применяться. Например, более важный критерий «практическая применимость». Если обоснование построено на принципах «не научных», а на

Требование научности для ограничения публикаций, для получения грантов — не должно быть обязательным. Есть более важные параметры, чем «научность». Например, требование обоснования размера выборки для исследований, построенных на статистических данных. Или требование соответствия формальной логике для статьи. Не соответствует требованиям формальной логики — то публикуется с

таким тэгом. Еще неплохо было бы указывать, что в статье речь идет о «гипотетической модели», если статья о «зеленых дырах» в космосе. Обычно ученые достаточно корректно все пишут, но отнюдь не всегда. Если бы вместе с тэгами на ключевые слова были бы использованы тэги для оценки по параметрам «научности» — то тоже было бы неплохо. Причем не бинарный критерий, а в виде значения на основе нечеткой логики.

Неверно применять понятие научности по Попперу к отрасли.

Согласен, ибо сама отрасль — только абстрактное понятие. В реальности же существуют некие утверждения, сборы утверждений и информации в виде статей, книжек и т. п. В общем более или мене структурированная информация. Для такой информации и можно применять критерии «научности» по Попперу, Фойерабенду, причем делать многомерную классификацию, сразу по множеству параметров. Не сводить все к одному или паре параметров, а дать возможность явной взвешенной экспертной оценке для каждого желающего. То есть всегда будет видно, кто и как сформировал оценку статьи. На хабре и на иных сайтах есть такие оценки, но одномерные. В Плюс или минус, ну еще карма. А может быть по набору параметров, и для научных статей. Конечно что-то подобное уже есть, в виде разных «индексов цитируемости», но тут сделать именно экспертную оценку, общедоступную. Можно как что-то похожее на системы аннотации типа hypothes.is.

Но важность вопроса это не отменяет.

Какого вопроса? Важности для кого? Научности публикаций? Может и не отменяет, но для многих знакомых мне ученых такой вопрос просто не существует. Для меня лично он тоже не существенный. Про большинство ученых сказать не могу, не владею информацией. Философия науки (методология научного познания) — сейчас практически нигде не известна, студенты обычно даже не понимают о чем речь. Профессура считает более важным получить гранты: «не мытьем, так катаньем» или «не нытьем, так карканьем».

BigBeaver 22 апреля 2020 в 15:21

0

Если обоснование построено на принципах «не научных», а на эмпирике — то проект можно финансировать.

Пример пожалуйста. Любая эмпирика либо научна либо не практична, кмк. Другое дело, что научность сама по себе не является гарантией практичности.

Какого вопроса? Важности для кого?

Научности. Для принимающих решения. Ненаучность означает отсутствие прогностической силы. На основе не научных утверждений нельзя делать практические выводы.

gecube 22 апреля 2020 в 15:22

0

. На основе не научных утверждений нельзя делать практические выводы.

зато можно грести бабло лопатой (гомеопатия? БАДы? блокаторы коронавируса ?)

Am0ralist 22 апреля 2020 в 17:25

+1

Да, но ровно поэтому и нужны комиссии по борьбе с оным, чтоб эти вещи не становились основным способом *лечения*.

Кстати, бады вы зря привели. Они вполне себе могут содержать лекарственные средства в произвольной концентрации. Или даже иногда так регистрировали лекарства, не желая проходить мед.исследования у нас, например...

red75prim 22 апреля 2020 в 15:46

0

На основе не научных утверждений нельзя делать практические выводы.

А какую границу для р-критерия брать? 0.05? А почему?

BigBeaver 22 апреля 2020 в 15:50

0

А при чем тут это вообще?

surVrus 22 апреля 2020 в 17:04

0

Ненаучность означает отсутствие прогностической силы.

Вовсе нет. Экономика формально считается наукой. Хотя научные теории экономики не имеют прогнозной силы. Совсем не имеют.
Опять же, Вы правы только по одному критерию «научности», от

неопозитивизма. Приняты в философии науки еще как минимум критерии Поппера, Лакатоса, Фойерабенда. И там вовсе не обязательна прогнозная сила науки. Если некое собрание идей и теорий построено по принципам Лакатоса, но не имеет предсказательной силы — все равно это формально считается наукой.

На основе не научных утверждений нельзя делать практические выводы.

опыта и фактов. Не обязательно существование на этот момент каких-то научных утверждений относительно этих фактов. Пример: электричество времен Эдисона и Теслы или раньше. Сначала не было никакой вменяемой теории, никаких научных представлений, но электричество практически применяли. Например, архитектура и строительство. Очень долго, до средних веков, в архитектуре и строительстве вообще не использовали научный подход, геометрию и математику. Только практические визуальные или эмпирические правила, которые вовсе не были построены на научных методах. Потом уже ученые объяснили эти правила и эмпирику научными теориями и методами.

Можно. Практические выводы делаются на основе практического

Более подробно смотрите у Николаса Талеба «Черный лебедь», «Одураченные случайностью» в общем цикл Инсерто. Ну и совсем классика Томас Кун «Структура научных революций»

22 апреля 2020 в 17:28

0

BigBeaver

0 Вы че-то все смешали.

Практические выводы делаются на основе практического опыта и фактов. Не обязательно существование на этот

момент каких-то научных утверждений относительно этих фактов.

Но не на основании ненаучного утверждения.

«научности», от неопозитивизма.

Так я только по нему и дискутирую. Остальные-то критерии совсем бесполезны.

Опять же, Вы правы только по одному критерию

surVrus 22 апреля 2020 в 18:50

0

Сравните сами:

На основе не научных утверждений нельзя делать практические выводы.

Но не на основании ненаучного утверждения.

На основании не научных утверждений можно сделать практические выводы. Я про это говорю. Также можно сделать практические выводы на иных основаниях, на основе опыта. Опыт может быть ненаучным.

Остальные-то критерии совсем бесполезны.

Смотря кому. Мне они не бесполезны. Для финансирования проектов у Европейской Унии — тоже небесполезны. Для разработки экономической теории «Технодинамика» в академии Плеханова в Москве — тоже не бесполезны. Лично для Вас — может быть полезны, может быть бесполезны. Я этого не могу знать. Поэтому привожу примеры которые касаются меня лично.

BigBeaver 22 апреля 2020 в 19:47

0

На основании не научных утверждений можно сделать практические выводы.

Пример в студию.

surVrus 23 апреля 2020 в 17:53

+1

Пример в студию.

Их много, начну с самого веселого (но не точного). 1. Колесо. В момент открытия колеса не существовало понятие наука. Поэтому все утвержеления можно считать ненаучными. Были какие-то утверждения или не были тоже неведомо.

2. Музыка. У меня лично была музыкальная студия, и практически все музыканты утверждали не научно. Но практические выводы из их утвержлений — это практическое исполнение интересной и популярной (потом) музыки. :) 3. Пенициллин. Открыт случайно, на основе «ненаучного

утверждения», что «сегодня лень мыть чашки Петри». 4. «В 1965 году двое радиоастрономов в лаборатории компании «Белл» в Нью-Джерси, устанавливая большую антенну, постоянно слышали фоновый шум, шипение, подобное статическим помехам при плохом приеме. Им не удавалось избавиться от шума — даже после того, как они счистили с тарелки птичьи экскременты (они были уверены, что в шуме повинен именно помет). Астрономы не сразу догадались, что слышат отзвуки рождения Вселенной, космическое микроволновое фоновое излучение.» Жирным выделено их «ненаучное предположение».

5. Ферроцен. Случайность не является научным утверждением. Синтезирован ферроцен был случайно, считалось, что такие соединения невозможны (валентность железа там вроде как 10).

6. Магнитотвердый материала, интерметаллический сплав MnAl марки 70ГЮ. Исходное не научное утверждение: «А давай попробуем соединить два немагнитных материала (не ферромагнетиков)». Получили магнитотвердый материал. Кстати, пока нет даже предположений, почему этот сплав обладает такими свойствами.

7. Большинство утверждений, на которых построена макроэкономика. Начать можно, что «экономический субъект ведет себя рационально». Практический вывод это полная фигня, теории макроэкономики не стоит применять в системах ERP для моделирования состояния рынка.

Есть еще масса примеров в книге «Будущее настоящего прошлого» — Нюхтилин В.А. И в книгах Талеба. И у Томаса Куна.

Суть: множество технологических, практических решений находятся исходы из совершенно ненаучных предположений или случайно. Целенаправленный научный поиск дает очень малый результат во многих отраслях. Пример у Талеба с лекарствами, количество случайно найденных лекарств на порядки больше целенаправленно разработанных.

Наука вроде бы не очень жалует случайность события в разработке. Вроде бы важно опираться на факты и научные методы исследований. В реальности, чтобы получить устойчивую дисперсию из 12 компонентов, причем два из них — сложные многокомпонентные нестабильные эмульсии, я реально пользуюсь совершенно ненаучными утверждениями. Например, «вода может работать, как посредник», или «вода — это пыльный мешок, из которого можно вытрясти пыль, если его хорошо ударить железякой», или

«количество диспергатора должно быть на уровне 1 члена ряда Фиббоначи при общем количестве смеси на уровне 8 члена этого ряда», или «если крутить смеситель против часовой стрелки, то эмульсия должна выйти лучше», или «соотношения количества добавок должно соответствовать ряду Фиббоначи». Все эти утверждения построены на интуиции или на некоей аналогии. Все эти соображения можно потом обосновать научно Но изначально они строятся совсем на не научных утверждениях.

BigBeaver 23 апреля 2020 в 21:02

Вас не смущает, что вы распространили концепцию за пределы области применения, о которой мы с вами уже договорились парой коментов ранее?

Вы же сами прекрасно понимаете, что фраза «колесо ненаучно в терминах постпозитивизма» не имеет смысла. Соответственно, это не в кассу, как и остальные примеры. С вами в некотором смысле интересно разговаривать, но это больше похоже на тролинг. Ну то есть, мне трудно поверить, что вы правда не понимаете, о чем я говорю.

surVrus 23 апреля 2020 в 21:33

0

но это больше похоже на тролинг. Ну то есть, мне трудно поверить, что вы правда не понимаете, о чем я говорю.

Извините, если ненароком обидел. Я не троль, просто пробую смотреть и говорить с иной точки зрения. Вы правы, классическое представление о науке, как о некоем предсказательном инструменте, мне тоже нравится. Я вижу такой подход, как здравый и правильный. Но кроме этого подхода, есть и иные. Которые может быть менее привычны, но тоже позволяют получать интересные результаты. Есть и не строго «позитивизм», а нечто более размытое и

может менее логичное. Но не менее эффективное, чем строго «научные по позитивизму» методы. Мне кажется, что такие методы позволяют учитывать и психологические аспекты именно реального творения чегото нового. Лично мне так проще увидеть границы применимости научных методов (по позитивизму), проще и лучше видны ошибки в применяемых методах.

Опять же, как инженеру-конструктору мне больше приходится работать на стыке «наука-технология». И тут с реально применимыми научными методами не очень все гладко. У меня часто складывается впечатление, что реальные

расчеты и модели приходится делать по весьма примитивным не совсем научным принципам. Например, при проектировании устройств с использованием сильных ЭМ полей. Методы моделирования, в том же CST EM Studio весьма продвинутые в научном плане. Но практически ценный результат получить без некоторых ненаучных, произвольно введенных «штучек» не выходит. Можно конечно «уточнять» модель, но тогда это все тот же метод тыка получается. Или разработка смеси растворителей для красок. Нет там

никакой теории, никакой «науки», все только тыком и на «основе анекдотов и сказок».

Еще хуже ситуация в магнетохимии и электрохимии. Вроде какая-то теория есть, но большие результат приносят подходы Герца из книги «Электрохимия. Новые воззрения». А они лучше подходят под оценку Фойерабенда, как некие теории «ad hoc», чем под классический позитивизм. С другой стороны, если же не играть в игры с сектой «классических ученых» по их принципам, то труднее получить бабло на некоторые исследовательские проекты. Вот и приходится в реальном проекте использовать эмпирику, ad hoc какие-то выдумки. А потом приводить реальность к виду некоей белиберды на научном языке. Ибо отчет не примут, если написать как есть, а не как привыкли видеть отцы-профессора. Это отнимает много сил и времени, поэтому пробую искать некие компромиссы.

anton19286 22 апреля 2020 в 12:20

0

BigBeaver 22 апреля 2020 в 12:47

0

Да что вы говорите? Это, вроде, не новость. Как и не секрет, что у нас нет ничего, работающего на теории струн.

anton19286 23 апреля 2020 в 03:53

0

О том и речь. Теория ненаучная, по вашему критерию, а зарплату люди получают. И лженаучная комиссия их не беспокоит.

BigBeaver 23 апреля 2020 в 08:31

В чем проблема-то?

axe_chita 21 апреля 2020 в 06:47

Статья понравилась — хорошая, взвешенная. Ярлыки не глядя не вешают, проводится подробный анализ, на сколько возможно на этом уровне. Выводы сугубо предварительные и достаточно открытые.

Кстати статья вызвала определенные ассоциации с старым Н/Ф рассказом про «сбежавший» вирус «СУД НА ТАНТАЛУСОМ», поскольку в нем поднимаются подобные вопросы.

Kordamon 21 апреля 2020 в 07:10

+5 Автор, спасибо!

На мой взгляд, в статье ясно показано (без доказательств, но их бы тут все равно никто не понял), что Институт вирусологии в Ухане точно мог создать такой вирус как COVID19, в также занимался профильными исследованиями по теме... Но неясно, создавал ли он он это вирус, даже если и мог.

Знаете что? Если в городе есть химзавод, и полгорода потравилось какой то химией, которая является профильной для этого завода, но также могла зародиться случайно в соседнем болоте... то основной версией следствия в уголовном деле (которое обязательно откроется) будет сами знаете что.

Alex_1982 21 апреля 2020 в 09:35

+3

Да фактически он мог быть создан в любой лаборатории. Ну и вариант естественного происхождения тоже никто не исключён. С одной стороны, очень удобно подкинуть вирус в район, где есть подобные лаборатории, чтоб потом громко орать, что Китай виноват и должен за всё заплатить. Но с другой — врядли кто-то это будет делать, потому как неизвестно, каким бумерангом всё это вернётся. И если бы тут действительно были бы замешаны американцы, они бы ввели у себя жесточайшие карантинные меры, как только Китай бы объявил о первых случаях заражения.

Поэтому тут два варианта. Либо всё-таки из уханьской лаборатории, либо сам по себе.

Kordamon 21 апреля 2020 в 09:45

+2

Про «сам по себе» — аналогия с химзаводом все еще кажется мне очень актуальной.

Про то, кто это сделал, если не «оно само по себе» — мне это не очень интересно, потому что вот тут точно ничего сказать нельзя, и даже результатам расследования (если такое будет) тоже верить не стоит, ибо политика.

Гораздо важнее тот факт, что апокалипсис по варианту «генетические лаборатории заигрались с вирусами» гораздо ближе чем казалось еще в пролом году...

justserega 21 апреля 2020 в 09:54

-3

Не очень хорошая аналогия, более правильная — это институт по изучению вулканов, которые расположен рядом со спящим вулканом. Тут вулкан просыпается и виноват институт — кто знает как они его там изучали, доизучались.

Вы не думали, что институт там находится потому что там ореал обитания летучих мышей — природных реакторов по производству новых вирусов.

gecube 21 апреля 2020 в 09:57

+1

Ну, т.е. если эти учёные вулканологи сбросят в жерло вулкана атомный заряд (фантазирую — это, конечно, маловероятно) и вулкан извергается — они не виноваты? :-)

Kordamon 21 апреля 2020 в 09:58

+2

ИМХО данная статья ясно показывает что институт в Ухане работал над модификациями вирусов и в частности пытался сделать их транс-видовыми.

Не думаю, что институт по изучению вулканов может разбудить вулкан или пытаться это сделать, публиковать статьи в научных журналах на тему «Опыт пробуждения вулкана Йеллоустон» и т т.д. :)

ТАк что мне моя аналогия нравится больше.

justserega 21 апреля 2020 в 10:05

-1

Плохая аналогия — потому что игнорирует тот факт, что вирус может появиться и без всякого института (постоянно такое происходит). В вашей аналогии неоткуда взяться химии кроме как не от завода, а в случае с вирусом такой вариант есть.

Kordamon 21 апреля 2020 в 10:09

+3

Нет, в моей аналогии есть место соседнему болоту :)

Я же не говорю обязательно про утечку боевого ОВ. Пусть это будет какойнибудь сероводород. Он может зарождаться в болотах.

И вот, есть химзавод, использующий сероводород, и болото. И тут пол-города накрывает облако сероводорода, и никто не может понять, откуда оно взялось.

Какая будет первая версия следствия, бригады МЧС и мэрии?

Напоминаю, я не говорю о финальном заключении по итогам детального расследования (нам это заключение не интересно, потому что мы его не прочитаем)...

gecube 21 апреля 2020 в 10:23

ну, и коллеги, конечно, не считают нужным верить в то, что прямо сейчас создаются боевые отравляющие вещества и биологическое оружие

(понимайте как хотите)

0

justserega 21 апреля 2020 в 10:44

Изначально у вас не было болота. Разовьем с болотом: делают анализ и выходит, что если бы это был завод — то там должно были бы быть и другие вещества (ну по технологическим цепочкам так выходит) и тогда бы накрыло район рядом с заводом. А накрыло деревню рядом с болотом и в облаке сопутствующие болотные газы. Будете продолжать настаивать на заводе: он же мог теоретически?

gecube 21 апреля 2020 в 10:55

+1

Давайте закончим с неудачными аналогиями (любая аналогия, как и абстракция, рано или поздно — течет)?

justserega 21 апреля 2020 в 11:01

0 Согласен

Kordamon 21 апреля 2020 в 10:59

+2 Болото изначально было. В рамках Вашего уточнения аналогии — пораженный район находится рядом с заводом и болотом.

И, да, все это мелочи. Завод был бы под сильнейшим подозрением даже если бы он стоял на другом конце города.

Michailmi 21 апреля 2020 в 18:26

0

Знаете что? Если в городе есть химзавод, и полгорода потравилось какой то химией, которая является профильной для этого завода, но также могла зародиться случайно в соседнем болоте... то основной версией следствия в уголовном деле (которое обязательно откроется) будет сами знаете что.

Всё верно. Бритва Оккама. Тем более что никакого соседнего болота нет.

Neuromantix 21 апреля 2020 в 10:28

+2

Так даже по карте от Уханя до места обитания тех самых мышей — тысяча километров (в статье об этом тоже говорится)

justserega 21 апреля 2020 в 10:35

На рынок же возили зверей — тоже за тысячу километров? Помимо мышей еще было бы неплохо, чтобы в городе было достаточно высокообразованных людей, которые будут работать в институте и условия для их жизни на постоянной основе... Это просто мои рассуждения, могу сильно ошибаться.

gecube 21 апреля 2020 в 10:48

+1

чтобы в городе было достаточно высокообразованных людей, которые будут работать в институте и условия для их жизни на постоянной основе...

вирусная лаборатория в мультимиллионнике? Вы там, извините, с той ноги встали? Не думаете, что такие предприятия надо делать на выселках, обносить колючей проволокой, приставлять охрану из военных, чтобы не дай Бог какие-нибудь идиоты не проникли и не вынесли случайно биопрепараты. Кстати, внезапно — наш Вектор не в самом Новосибе, а где-то в деревне под ним — все правильно сделали.

Я сам думал, что бедные врачи, медики, сотрудники лабы — они ж наверняка тоже хотят пользоваться благами цивилизации. Ну, там детсадики, школы, университет для своих детей, мед обслуживание... Но тут нужно решить приносишь ли ты свою жизнь на алтарь науки или нет

justserega 21 апреля 2020 в 10:58

0

> вирусная лаборатория в мультимиллионнике? Вы там, извините, с той ноги

я что ли ее там строил? он по факту там находится — без понятия в черте города или на окраине. Новосибирск если что тоже милионник — и если про Вектор будут писать СМИ, они скажут — в Новосибирске.

gecube 21 апреля 2020 в 11:02

0

без понятия в черте города или на окраине

он вовсе не в Новосибе, а под Новосибом. Ну, это как говорить — в СПб есть атомный реактор, а по факту он в Гатчине (что вообще область административно), хотя расстояние ~30 км

justserega 21 апреля 2020 в 11:05

0

Журналистам это расскажите www.kommersant.ru/doc/4292223. 30 км можно на машине каждый день ездить, тысячу маловероятно

Stiger_slan 21 апреля 2020 в 14:13

0

В самом СПб тоже есть реактор и не один. Правда научные, но всё же.

JerleShannara 23 апреля 2020 в 19:06

Да и в Дефолт-Сити тоже были научные реакторы...

rombell 22 апреля 2020 в 00:50

Просто чтобы представляли от академгородка (который часть Нска) до центра 21км, до Кольцово 11км, и от Кольцово до центра Нска 20км. Так что назвать это место «под Новосибирском» несколько неправильно. Юридически — отдельный рабочий посёлок, по факту — такая же часть Нска. ▶ кусок карты для понимания

vakhnenko 22 апреля 2020 в 20:50

0

> вирусная лаборатория в мультимиллионнике?

Такое сплошь и рядом. Большинство BSL-4 лаб в крупных городах, или рядом с ними.

> такие предприятия надо делать на выселках, обносить колючей проволокой

Имеющиеся меры безопасности достаточные, если им следовать. Ваша колючая проволока никак не помешает сотрудникам разгильдяйски относиться к своим обязанностям.

> наш Вектор не в самом Новосибе, а где-то в деревне под ним — все правильно сделали.

Это может спасти от аэрозольного выброса (а-ля Свердловск-19), но никак не

KonkovVladimir 21 апреля 2020 в 11:10

0

Да, причем рынок открыли и продолжают возить зверей! Уханьцы совсем страх потеряли — не боятся 2-й волны эпидемии.

защитит от заразившегося по халатности сотрудника.

Или может не в рынке дело.

Andrey0987 22 апреля 2020 в 19:47

-1

более правильная — это институт по изучению вулканов, которые расположен рядом со спящим вулканом

Вы извините, но это чистая демагогия. Кто-нибудь слышал про институт по изучению вулканов четвертого уровня защиты?

А тут лаборатория по изучению вирусов четвертого уровня защиты. Наверно не просто так это сделано? И не просто абы какая лаборатория, которая например изучала оспу. А лаборатория,

где последние годы изучали именно варианты короновирусов и не раз создавали их

И вот непосредственно рядом с такой лабораторией возникает очаг эпидемии

именно короновируса.

Доказывает это что-то? Конечно нет! Но повод ли это задуматься? Однозначно да!

Например «взрыв на химическом заводе в Сяньшуе, 21 марта 2019 года».

Или «в Китае многоэтажный дом рухнул набок, 2009 год».

Особенно учитывая особенности китайского менталитета.



Oserg 22 апреля 2020 в 20:35

+1

Можно сказать «рядом с лабораторией возникает очаг эпидемии именно вируса X». А можно «лаборатория расположенная там где эндемичен вирус X занималась изучением вируса X». Сюрприз, да? Такое «совпадение» говорило бы что-то лишь если бы оно случилось там где Х в природе не распространен. Тогда да, внезапное появление «пришельца» рядом с лабораторией было бы подозрительно. Но «корова» эндемична для Китая, там уже была вспышка родственного SARS, так что ни появление его именно в Китае не является чем-то необычным, ни то что китайская лаборатория занималась изучением родственников SARS.

23 апреля 2020 в 08:39 Andrey0987

0

0serg, да, логично.

Только всё-таки Китай это не Монако, он довольно велик. Мне кажется, не корректно говорить, что что-то эндемично для Китая в целом. Тут следовало бы говорить, эндемично ли оно для района Уханя. Я в этом не разбираюсь, так что спорить не буду. Но вот тут в комментариях писали, что от Уханя до пещер с летучими мышами где-то 1000км.

А кроме локализации ещё хотелось бы отметить свойства COVID-19, которые его отличают от природных вариантов.

Вот заразность природного SARS-CoV-1 выходит 8098 случаев за всё время (около 20 лет). Заразность природного MERS выходит 2519 случаев за всё время (около 8 лет).

Заразность COVID-19 — на сегодня (это менее полугода) выходит 2628527 случаев.

Сравните это с упомянутым в данной статье искусственным вирусом rMA15 («убийца лабораторных мышей»), которому добавили патогенность и заразность лабораторно — заразность на лабораторных мышах. A COVID-19 демонстрирует необычную для природного вируса заразность на людях. Сравните, как умирали мыши от rMA15, и как умирают люди от COVID-19 (вот буквально вчера на вестях репортаж «Как COVID-19 разрушает органы и убивает человека»).

DreamingKitten 23 апреля 2020 в 09:28

+3

А COVID-19 демонстрирует необычную для природного вируса заразность на людях.

Необычную? Да полно вирусов намного более заразных. Да вот корь хотя бы.

Andrey0987 23 апреля 2020 в 10:07

0

Необычную для короновируса летучих мышей.

Ведь гипотеза естественного происхождения COVID-19 преполагает его происхождение от какого-то природного варианта короновируса летучих мышей, а не от вируса кори.

Китайцы сотнями-тысячами лет жили рядом с этими летучими мышами. Время от времени видимо болели какими-то природными вариантами вроде SARS-CoV-1 и MERS. Малозаразными вариантами. И вот в 2015 в Ухане запускают лабораторию 4-ого уровня защиты (BSL-4). До 2015 это была BSL-3 лаборатория. А в 2019 мы получаем высокозаразный COVID-19 (менее чем за полгода более 2.5 миллиона зараженных по миру).

Совпадение?

ardraeiss 23 апреля 2020 в 11:28

+1

Совпадение?

Да, такие совпадения тоже возможны. В конце концов — жизнь то появилась! И каждый из нас, совпадение совпадений, во-первых зачался, а, во-вторых, дожил до этого общения. Можете прикинуть "на коленке" вероятность каждого из этих событий.

Плюс всегда есть вариант "новая лаборатория занялась новым/замеченным штаммом". А дальше что угодно — от "штамм этот на месте и нашли", "штамм нашли, но он убежал", "штамм привезли исследовать, но он убежал", "штамм там же и изобрели, и он убежал".

Andrey0987 23 апреля 2020 в 11:47

+2

Я с Вами согласен.

Мое личное мнение — как остается гипотеза природного происхождения, так и остается гипотеза искусственного происхождения в лаборатории с последующей утечкой в человеческое общество.

Причем вторая гипотеза не кажется такой уж маловероятной в свете имеющихся фактов.

Мне странно, когда некоторые с пеной у рта доказывают что возможен только природный вариант, в то время как для этого нет никакого железобетонного доказательства.

Ankoroid 23 апреля 2020 в 13:23

0

Откуда Вы знаете, чем болели китайцы? Вообще-то там и чума была и много чего, население вполне успешно умирало. А уж со смертностью в пару текущих процентов (и меньше процента среди молодежи) такую болезнь никто бы не заметил вообще.

MERS — это Ближний Восток, не Китай. Вот там смертность сильно повыше.

EviGL 21 апреля 2020 в 10:58

0 Постарался изучить мнения обеих сторон обсуждения, сделал вот такие выводы:

- Технически, такой вирус может быть создан в лаборатории, а так же может и появиться в природе.
- Версия с природой сильно-сильно более вероятная, просто потому что на каждую сотню экспериментов в лаборатории природа проводит 100 миллионов экспериментов. • Подтверждений версии с лабораторией пока нет, геномы известных опубликованных
- вирусов всё же отличаются кучей мутаций от CoV2. Чтобы подтвердить эту версию, надо искать исходники, из которых могли скомбинировать вирус. Раз они не опубликованы и сейчас все молчат, то в раскопках этой версии будет очень много конспирологии и [власти скрывают].
- Наиболее вероятная базовая версия с природным происхождением тоже пока не имеет подтверждения. Научное сообщество склоняется в её сторону по причине большого преимущества по вероятности. Для её подтверждения необходимо найти животноеносителя CoV2, что очень сложно, потому что животных много и вирусов в них тоже много.
- Из-за того, что в обоих сценариях сложно найти концы, пропагандисты могут начать топить за выгодную им версию.

KonkovVladimir 21 апреля 2020 в 11:26

+3

экспериментов в лаборатории природа проводит 100 миллионов экспериментов.

Версия с природой сильно-сильно более вероятная, просто потому что на каждую сотню

Природа свои эксперименты проводит случайно, а человек целенаправленно. Там миллиарды обезьян на печатной машинке стучат, а у нас Лев Толстой и у кого «Война и Мир» вперед выйдет? Если провести следственный эксперимент, за сколько недель такой вирус можно сварить в

лаборатории, то природа безнадежно отстанет от уханьского биолога, но 50 лет назад расклад был бы другим.



0

Если провести следственный эксперимент, за сколько недель такой вирус можно сварить в лаборатории, то природа безнадежно отстанет от уханьского биолога скорее соглашусь.

KonkovVladimir 21 апреля 2020 в 13:40

+1

Если действительно штамм RaTG13 в 2013 году был выделен из Юньнаньских летучих мышей, то не нужно быть Шерлоком Холмсом чтобы понять, что все родственные этому штамму линии нужно искать не в Москве, Вашингтоне, Лондоне или Париже, а в окрестностях той Юньнаньской пещеры, где нашли RaTG13.

Но почему китайские вирусологи «на всех парах» не несутся собирать какашки летучих мышей в Юннаньские пещеры в поисках близких родственников SARS-COV-2? Возможно все эти семь лет RaTG13 эволюционировал в лаборатории, и никаких близких

родственников в пещере у него нет! Но я уверен китайские вирусологи все же скоро съездят в Юннань и предъявять неопровержимые доказательства природного происхождения вируса. Жду.



Видимо летучие мыши пока успешно сопротивляются заражению. А то бы уже предъявили.

1 Lofer

21 апреля 2020 в 15:43

+1

Но я уверен китайские вирусологи все же скоро съездят в Юннань и предъявять неопровержимые доказательства природного происхождения вируса. Жду.

Еще одно возможное дополнение к теории «раздолбайства и сделанного злого вируса.» и возможного «побега из пробирки»:

«16 февраля государственные СМИ Китая также сообщили о нарушениях. В частности, они утверждали, что исследователи после экспериментов выбрасывали лабораторные материалы в канализацию без специальной обработки, предназначенной для биологических отходов. Они также напомнили о том, что ряд исследователей, желавших подработать, продавали подвергавшихся экспериментам лабораторных животных на рынках Уханя. Но все специалисты сходятся во мнении о том, что крайне важно знать происхождение вируса, в частности, для предотвращения возникновения новой эпидемии», — резюмирует Изабель Лассер.

Как экспортированная Францией в Ухань лаборатория Р4 вышла из-под контроля Comment le laboratoire P4 de Wuhan, exporté par la France, a échappé à tout contrôle В таком случае — найти «промежуточные формы» врядли представлятся возможным. Объясняет ли это «мутации» тем, что в дикой природе зверушка бегала и «убежавший вирус» мутировал в дикой природе, пока него не скушали на рынке? Надеюсь более грамотные люди выскажутся.

Надеюсь не закидают минусами...

EviGL 21 апреля 2020 в 14:24

0

Версию злобного заговора рассматривать не буду, а в версии халатности, как указывают в контраргументах, вирус зарождается очень странной и долгой по времени последовательностью экспериментов. Три опыта одновременно зачем-то, один из которых это два года мутаций, и всё без каких либо промежуточных результатов и публикаций.

Такая последовательность действий может случайно появиться, если этих опытов реально делают очень много и все в тайне. И вот в случае большого количества случайных опытов природа как раз по скорости выигрывает.

Задним числом понятно, именно такой вирус теперь можно воспроизвести довольно быстро. Как и любой другой. Это ничего не доказывает, это вообще постоянно делают: воспроизводят новый вирус для поиска вакцины.

KonkovVladimir 21 апреля 2020 в 14:54

+1

как указывают в контраргументах, вирус зарождается очень странной и долгой по времени последовательностью экспериментов. Три опыта одновременно зачем-то, один из которых это два года мутаций, и всё без каких либо промежуточных результатов и публикаций.

Можно подробнее это место, возможно я пропустил какие-то контраргументы. Геном RaTG13 — выдержал 7 лет без публикаций и ничего.

EviGL 21 апреля 2020 в 17:10

Да, изучал комментарии и мнение вот в этом посте. Вот пара цитат:

Обзор интересный, но теория искусственного создания SARS-CoV-2 из двух природных (панголинского и летучемышиного RaTG13) все равно не вяжется. Даже если у ученых были эти два вируса и они сделали из них химеру, им бы пришлось ещё годами культивировать этот вирус в клеточных культурах (без какой-то внятной цели), чтобы накопить то генетическое различие, которое есть между SARS-CoV-2 и этими вирусами. Сходство человеческого вируса с RaTG13, который по этой теории послужил исходником - 96%. Для сравнения, тот вирус атипичной пневмонии мышей, который ученые «вырастили» из вируса атипичной пневмонии человека, похож на свой исходник больше, чем на 99.8%. Разница – порядки

у SARS-COV-2 есть близкий родственник - RaTG13 из летучих мышей. Однако этот вирус отделен от SARS-COV-2 десятками лет эволюции. Генные инженеры, как правило, работают не с неизвестными вирусами, а с вирусами, геномы которых прочитаны. Иначе не понятно, что там надо менять и зачем. Так было во всех известных историях, когда ученые создавали искусственные вирусы.

Тышковский насчитал 800 дней бессмысленной лабораторной работы) если ускоренная эволюция в условиях пробирок)

Это, конечно, всё тоже ничего не доказывает. Чтобы превратить это всё из спора в науку, надо сформулировать на основании той или иной точки зрения фальсифицируемые гипотезы и идти их подтверждать/опровергать. Но процесс этот будет непростым, как я написал в первом комментарии.

EviGL 21 апреля 2020 в 21:31

И ещё в копилку отсюда

▶ Больше обсуждения

1

21 апреля 2020 в 22:21 Lofer

0

Согласно википедии

С начала вспышки болезни в Китае до марта 2020 года, на основе анализа 103 публично доступных генома SARS-CoV-2 было обнаружено не менее 149 изменений в штамме.

Насколько сильно дают эти отличия «в %»? Верно ли что, что эти 103 мутации прошли «одновременно» по времени, а не последовательно? Это соответствует скорости "То есть за один пассаж получим, в среднем, различие в 0.001%. Чтобы получить 1%, тебе в среднем нужно сделать 1000 пассажей."? Что мешает так же организовать в «пробирках одновременно» под

наблюдением? Но нет ни одной причины, зачем ученым было бы нужно тратить свое время и

Исследование? Например: Мутация А — моргает левый глаз, Мутация Б моргает правый глаз. А мутация АБ — моргают глаза одновременно или нет? Может ушами хлопать будет?

EviGL 21 апреля 2020 в 22:43

ресурсы на такую задачу

0

Там по ссылке в источнике как раз написано, как обычно мутируют коронавирусы. Если вкратце, довольно медленно. Чтобы получить 4% различий, это либо 30-40 лет в природе, либо 800 полных рабочих дней занятия этим делом в лаборатории. На любые предметные вопросы ответить я не смогу, т.к. я в теме не разбираюсь совсем, я просто человек, составляющий своё мнение сопоставляя различные источники.

Эти вопросы, кстати, лучше задать по моим ссылкам, там знающие люди собрались.

Исследование?

Расчёт в 800 дней был просто про то, как наспамить наибольшее количество мутаций. Если каждая из них ещё и исследовалась, то время надо умножить на 10 или на 100. Короче, рассматривать версию с искусственным созданием кучи мутаций хоть

и можно, но очень странно. Видя на улице Петю, вы не думаете "хмм, может быть это Вася после 350 разных пластических операций". Даже автор статьи склоняется в комментариях фэйсбука к мысли, что для

лабораторной гипотезы всё же лучше подходит неизвестный-властискрывают штамм, который якобы уже был у учёных но нигде не публиковался. На что ему парируют, что почему тогда не сразу CoV2 у учёных из природы. Ну и в этом случае все разговоры про RaTG13 были ни о чём, он тогда не причём оказывается.

transcengopher 22 апреля 2020 в 01:25

+1

Расчёт в 800 дней был просто про то, как наспамить наибольшее количество мутаций. Если каждая из них ещё и исследовалась, то время надо умножить на 10 или на 100.

Необязательно. Ведь "спамить" может один сотрудник, а исследовать его выхлоп — другой сотрудник. То есть целью было набрать как можно больше мутаций, и уже потом мутации исследовать. Но по итогу всё равно какое-то сведение всей ситуации к обезьянам и печатным машинкам, не

совсем понятно зачем нужное. В смысле, за чей счёт такой банкет невиданной щедрости — это ведь не сборщики риса, время таких специалистов должно стоить немало.

Есть ещё один вариант (может быть, уже где-то выше в комментариях

было, но я пока не успел все дочитать). Возможно, такое количество мутаций может быть следствием проверки метода повышения скорости мутации у вирусов. Ещё менее вероятный сценарий, чем посадить сотрудников на три года пасти коронавирусы, но уж если носить шапку из фольги — то почему бы и не трёхслойную?

Nick_Shl 21 апреля 2020 в 22:42

+1

А этот самый **RaTG13** вообще существует? В смысле он есть у кого-нибудь кроме китайцев? Кто-нибудь кроме китайцев его секвентировал? Ведь вполне могло быть так:

— Ой, у нас сбежал вирус! Теперь международный скандал, иски, компенсации!

— А давайте возьмем код нашего вируса, "модифицируем" его на бумаге что бы он выглядел предком нашего вируса и выдадим за доселе не публиковавшийся RaTG13 который мы якобы нашли еще в 2013 году!

KonkovVladimir 22 апреля 2020 в 05:23

+1

Очень вероятное событие



+1

Наглядный пример того, как появляются все теории заговоров в народе и что технические специалисты и ІТ-ники в этом плане ничем не отличаются от прочего населения, как бы не стремились себя обособить.



Конечно. А еще Вы же ведь не отрицаете, что утечки биоматериалов происходят из лабораторий, а еще сотрудники умудряются сами себя заражать? (кстати, по здравому размышлению — вероятность проблем такого рода явно выше, чем искусственное происхождение SARS-CoV-2)



+1

Ага, в вариантах:

— естественный вирус заразил человека (привет ВИЧ) в районе, где уже похожие вирусы заражали людей

— естественный вирус заразил ученого при попытке его найти и изучить и распространился в районе, где уже были вспышки аналогичных вирусов и стоит лаборатория

— искусственный вирус заразил ученого или ещё кого при попытке его изучить

— искусственный вирус специально выпустили в район, где похожие встречались, дабы устроить пандемию

Почему-то высказывания, какие же из этих вариантов очевидны, как белый день вызывают некоторое недоумение и перевод взгляда между списком и бритвой в руках.

ardraeiss 22 апреля 2020 в 11:40

+1

И глядя на это очень несложно дойти до мысли "слава роботам"

```
Nick_Shl 22 апреля 2020 в 19:16
```

0

— естественный вирус заразил человека (привет ВИЧ) в районе, где уже похожие вирусы заражали людей

Район где естественный вирус у мышей за 800 км от места где вирус появился.

— естественный вирус заразил ученого при попытке его найти и изучить и распространился в районе, где уже были вспышки аналогичных вирусов и стоит лаборатория

Все тоже самое как и в варианте "искусственный вирус заразил ученого или ещё кого при попытке его изучить" — недостаточные меры защиты в лаборатории, ученые и лаборатория — причина пандемии, страна владелец лаборатории имеет большие проблемы на международной арене.

— искусственный вирус специально выпустили в район, где похожие встречались, дабы устроить пандемию

Если это был ученый-психопат, то 10% смертность маловато как-то. Если уж устраивать целенаправленную пандемию, то со смертностью в 50%-90%, а лучше в 100%. Впрочем, слабая смертность среди молодых и здоровых и большая

среди пенсионеров выгодна правительству — ниже нагрузка на пенсионный фонд и здравоохранение. Но Китай достаточно быстро подавил эпидемию, так что такой вариант выглядит маловероятным.

В общем версии откуда взялся вирус две: или с рынка, или из лаборатории(при этом не важно искусственный он или природный).



0

Район где естественный вирус у мышей за 800 км от места где вирус появился.

По этому поводу на хабре уже был ответ (может даже тут), что лаборатории будут в крупных городах, эти города будут в определённой климатической зоне, и вспышку обнаружат только тоже в крупном городе, плюс то, что в каждом том городе есть по такой же лаборатории, хорошо если одной. Или вы считаете, что такая лаборатория в Китае одна?

Nick_Shl 22 апреля 2020 в 20:51

0

Нет. **Две**. Класса BSL-4. Одна Wuhan Institute of Virology of the Chinese Academy of Sciences и вторая Harbin Veterinary Research Institute of the Chinese Academy of Agricultural Sciences.

Oserg 22 апреля 2020 в 22:49

0

Для исследований коронавирусов достаточно BSL-3, их в Китае довольно много. Та же упоминаемая автором лаборатория University of North Carolina — это BSL-3.

внедрение способности заражать другие виды животных

```
red75prim
              22 апреля 2020 в 23:13
```

или людей производились бы в BSL-3.

Но было бы странно, если бы работы предполагающие

Mad_Max 22 апреля 2020 в 11:48

1 Большую часть этих 4% различий дает как раз «пересадка» готовых кусков от коронавирусов других видов в вирус летучей мыши — соответственно случайных мутаций (чтобы набрались остальные несущественные отличия в ген. коде) надо намного меньше.

2 — Не факт что кроме RaTG13 в этой лаборатории нет/не было еще и других

коронавирусов, с еще более близким к SARS-CoV-2 геномом. Этот то вот тоже найден и выделен из природных образцов был еще 7 лет назад (по крайней мере такова официальная версия), но никто о нем кроме сотрудников этой лаборатории не знал. Пересаживать могли в какой-то другой имеющихся у них вирус с которым шла работа и геном которого до сих пор не опубликован — так как не публиковался в течении 7 лет RaTG13. И теперь возможно уже и не будет опубликован, т.к. такая публикация будет практически признанием вины.

0serg 22 апреля 2020 в 17:51

0

Пересаживать могли в какой-то другой имеющихся у них вирус с которым шла работа и геном которого до сих пор не опубликован

Я наблюдаю в этом высказывании два высказывания которые плохо сочетаются. Обычно о вирусах с которыми идет работа как раз и идет больше всего публикаций. Это геномы вирусов которые лежат на полке не публикуются, т.к. их миллиарды и они особо никому не интересны до момента когда среди них начинается целенаправленный поиск по критерию похожести на что-то интересное.

соответственно случайных мутаций (чтобы набрались остальные несущественные отличия в ген. коде) надо намного меньше.

Это верно, но там грубо говоря будет не 70 лет случайной эволюции (нужные для 4%) а скажем 5-10.

anton19286 23 апреля 2020 в 04:04

А реально, сколько будет различий без PRARR и панголинового куска, есть оценки? Ещё бы на синонимы проверить.

Wesha 22 апреля 2020 в 02:19

0

Природа свои эксперименты проводит случайно, а человек целенаправленно. Там миллиарды обезьян на печатной машинке стучат, а у нас Лев Толстой и у кого «Война и Мир» вперед выйдет?

Там 10^{50} атомов на протяжении 10^{17} секунд друг с другом соединяются, а у нас Бог глину разминает — и у кого человек первым выйдет? :)

quartzx 21 апреля 2020 в 12:39

Рабоче-крестьянский аргумент, без красивых диаграмм: китайцы тысячи лет жрут употребляют в пищу разных мышей, тараканов и мало ли что ещё. И, насколько я понимаю, ничего похожего по результату раньше не случалось.

Ankoroid 21 апреля 2020 в 14:49

Скорее всего — случалось, у нас же ходит в популяции несколько коронавирусов.

tvr 21 апреля 2020 в 14:52

0

И, насколько я понимаю, ничего похожего по результату раньше не случалось.

Всё когда-то случается в первый раз.

vakhnenko 22 апреля 2020 в 20:53

+2

> китайцы тысячи лет жрут употребляют в пищу разных мышей, тараканов и мало ли что ещё. И, насколько я понимаю, ничего похожего по результату раньше не случалось.

«Ничего похожего по результату» — вы всерьез считаете, что раньше не было эпидемий?!:) Словосочетание «Черная смерть» вам что-то говорит? Та тоже, кстати, пришла из континентальной Азии.

Vovan64 21 апреля 2020 в 12:39

0

Благодарю за проделанную кропотливую работу по подбору и систематизации обрывков информации о новой хвори. Научно-популярная форма позволила мне окунуться в дебри вирусологии как в фантастический роман.

Все что я успел узнать про эту хворь до прочтения статьи — вообще ни о чем.

denis_73 21 апреля 2020 в 12:39

+1

Александр Панчин тут в статье упоминался, и в комментах тоже, но его ответ на эту статью вроде не был упомянут: «Коронавирус создан искусственно. Но вы бы никогда не догадались кем!»

Там он среди прочего приводит комментарий биолога Александра Тышковского:

«Обзор интересный, но теория искусственного создания SARS-CoV-2 из двух природных (панголинского и летучемышиного RaTG13) все равно не вяжется. Даже если у ученых были эти два вируса и они сделали из них химеру, им бы пришлось ещё годами культивировать этот вирус в клеточных культурах (без какой-то внятной цели), чтобы накопить то генетическое различие, которое есть между SARS-CoV-2 и этими вирусами. Сходство человеческого вируса с RaTG13, который по этой теории послужил исходником - 96%. Для сравнения, тот вирус атипичной пневмонии мышей, который ученые «вырастили» из вируса атипичной пневмонии человека, похож на свой исходник больше, чем на 99.8%. Разница порядки».

Если кому интересна эта тема, можно также почитать обсуждение статьи Дейгина в группе Комиссии по борьбе с лженаукой.

DrGii 21 апреля 2020 в 15:56

Если быть честными и беспристрастными, то надо признать, что (1) у нас недостаточно данных о скорости мутирования РНК-содержащих вирусов при смене хозяина и, в общем случае, при направленном отборе (при этом заведомо будет наблюдаться ускоренная адаптация, и тут расчёты на основании данных о точности полимеразы, полученных в steady state условиях, едва ли будут корректны); (2) рекомбинация между коронавирусами даже в культуре изучена скверно — не говоря уже о том, как это может происходить в природе или в заражённом индивиде, да ещё после смены хозяина;

А вообще, любой, кто представляет себе, как устроена работа по сбору изолятов вирусов, понимает, что на один опубликованный штамм в любом институте всегда полно неопубликованных и частично просеквенированных (всего лишь на уровне генотипирования), со многими из которых идёт обычная научная работа. Частота накопления замен, тем более в РНК-содержащем вирусе — это не постоянная величина, она очень сильно зависит от условий, а про частоту рекомбинации я вообще молчу — это надо изучать. Но это не означает, что можно произвольно манипулировать этим фактом для объяснения той или иной теории. Кстати, подобные вещи подробно изучались на пикорнавирусах — и там скорости изменений и характер этих изменений поражают (правда, у них нет ДНК-стадии и они меняются совсем быстро)! Так что рекомбинация, наверное, могла произойти и в природе, и в культуре клеток в лабе (случайно), и в пробирке по задумке, с последующим ускоренным накоплением мутаций после адаптации модифицированного вируса. На мой взгляд, достаточных аргументов нет ни в ту, ни в другую, ни в третью пользу — но и ни одна из этих моделей не является заведомо невозможной при нынешнем уровне знаний о вышеописанных вещах.

Тышковский не учитывает мутацию вируса в пробирке после секвенирования генома, саму рекомбинацию, и мутацию вируса после того, как он начал ходить в популяции (ведь взяли

пробу не у нулевого пациента). А это уже не 96%, а спокойно все 99.5%. На уровне мутаций вирусов SARS-CoV-2

IvanP2 22 апреля 2020 в 01:01

0

Панчин поостроумничал, поостроумничал, а потом привел цитату Тышковского: "Есть хорошие основания думать, что вирус имеет природное происхождение"

Учитывая, что сумма вероятностей естественного и искусственного происхождения равна 1, сам Тышковский считает основной версию искусственного происхождения, а Панчин этим подрывает всю свою статью

rombell 23 апреля 2020 в 18:29

0

Тышковский в обсуждении писал, что вероятность естественного происхождения >51%, более чёткого ничего не было.

ClearAirTurbulence 23 апреля 2020 в 12:18

+1

В статье же упоминается, что все может происходить несколько быстрее, и приводятся три фактора:

▶ Вот они

Очень странно критиковать статью по этому направлению, не атакуя конкретно и доказательно эти тезисы. Прямо скажем, выглядит непрофессионально и подозрительно.

Wallhead 21 апреля 2020 в 12:39

+1

https://vk.com/wall187756_261784 хороший пост от Александра Панчина генного инженера про "созданный" вирус. У него же есть и разборы разных теорий. Сама статья ради классов. К виручологии имеет малое отношение.

Ig_B 21 апреля 2020 в 13:00

А кошки моли бы быть промежуточными носителями, в которых смешались вирусы?

gecube 21 апреля 2020 в 13:21

0 кошки моли

```
Ig В 21 апреля 2020 в 14:52
  0
```

:) попытался представить то что я написал...

```
vesper-bot 21 апреля 2020 в 14:23
```

0

Вроде как (сколько слышал, т.е.) вирус ОТ кошек не передается, сами кошки его могут поймать, но не более. То есть не должны мочь.

WhiteWhiteWalker 21 апреля 2020 в 20:27

То есть получается, что предок CoV2 согрешил с общим предком панголина-19, как минимум, дважды?

Вот тут непонятно, как вирусы, кхм, спариваются внутри одного организма и получается третий. Пачка полудохлых панголинов как будто специально нашлась чтобы найти еще один внезапно схожий вирус с covid-19. Но пока нет статистики как часто в Китае находятся пачки полудохлых панголинов, делать выводы действительно рано.



-1

А с чего они должны быть полудохлые? Вирус в носителе вполне может не вызывать особых проблем.

```
WhiteWhiteWalker 21 апреля 2020 в 23:12
```

+1

Не было бы проблем — никто бы и исследовать не стал. Вы бы статью прочитали сначала

```
pronvit 21 апреля 2020 в 23:53
```

Удивительное дело, даже если вирус и не искусственный, но столько лет изучают именно такие вирусы якобы с целью защиты от них и создания вакцин, и в результате — полный провал.

transcengopher 22 апреля 2020 в 01:36

0

Ну просто потому, что с целью защиты они их изучают как-то бессистемно. Если точнее, то, судя по большинству опубликованных работ, выходит, что большинство модификаций вирусов в лабораториях повышали их вирулентность, а не понижали. Это, конечно, позволяет набрать базу "как делать не стоит", но вроде общая заявленная цель другая была? Из чего самый вероятный вывод — пока что даже ведущие специалисты не так много знают, в какую сторону копать.

Ну или властискрывают, и заявленная цель отличается от фактически поставленной. Правда это уже какой-то Resident Evil выходит. Про ту самую мегакорпорацию с бесконечными ресурсами, которая никак не поймёт, чего это Т-вирус поражает не только противника, но и всех остальных заодно.

FloorZ 22 апреля 2020 в 02:22

0

Ох, да ладно!

Это же три белка и кусок РНК.

Вирус будет мутировать от любого внешнего фактора. Будь то УФ, Гамма и другие виды излучений.

У нас клетки с двойной спиралью и различными системами «отказоустойчивости» и «восстановления» умудряются мутировать и выдавать всякие раковые опухоли и раковые клетки по всему организму (почти у всех людей). А тут вы думаете, что какой нибудь вирус с одним куском РНК не мог мутировать?

Просто он мутировал, пока не получилось, методом отбора, что имеем. А именно, заразность на людях, длинный инкубационный период и т.д.

А1054 22 апреля 2020 в 03:53

+1

интересная статья, спасибо.

Но я не очень понимаю, почему такое внимание именно RaTG13? Если RaTG13 обнаружен в 13 году, а узнали за пределами лаборатории об этом в 20, то вопрос, какие еще не опубликованные вирусы были в лаборатории. Может, там сходство не 96%, а поболее. Инфа о RaTG13 может вообще быть вброшенной для заметания следов.

Т.е. общая схема происходящего мне видится такой: 1. В ухани занимались подобными химерами и вполне могли сделать виновника пандемии. Из

какого точно вируса, не знаем. Но могли. 2. Вирус мог появиться и натуральным путем. 3. Если бы эпицентр был где-нибудь в Монголии, я бы поставил на природное происхождение

коронавируса. Но т.к. эпицентр в Ухани, рядом с лабораторией и в 800 км от летучих мышей (впрочем, сколько км уже не так важно, главное, что лаборатория там), то увы --больше верится в искусственное происхождение коронавируса.

Интересно, а отличия RaTG13 от коронавируса может накопиться за 6 лет лабораторных исследований?

```
22 апреля 2020 в 10:36
shadrap
```

+1

Интересно, а отличия RaTG13 от коронавируса может накопиться за 6 лет лабораторных исследований?

Тут либо «исследования», либо накопиться. В принципе, синтетические биологи уже почти полностью создали геном дрожжей, а это 17 хромосом с 5-7 тыс генов. (если не ошибаюсь 11 уже синтезировали)

96% для вируса это так себе сходство, более 1000 п.о изменений в лабораторных условиях (кто-то говорил о минимум 100кратном перекрытии) это 1 000 000 экспериментов. А главное в отличие от дрожжей нужно не просто повторять, а «подгонять» под АСЕ2 и окружающие его факторы.

Природная скорость для РНК вирусов в 0.001 п.о на поколение дадут скорее более высокую

аллельность, чем человек успеет «нашлепать». Но отметать рукотворность целиком, конечно нельзя.

А1054 23 апреля 2020 в 17:44

0

спасибо, за пояснение.

Нет, я интересовался не полностью синтетическим вирусом. Идей была в том, что если опубликованный код RaTG13 относится к 13 году, а за прошедшие 6 лет с вирусом проводили какие-то исследования, то геном мог немного удалиться от исходника. Разница, как говорят, 1000 п.о. Правда, нужно еще вычесть те участки, которые поменяли, и проверить, все ли мутации точечные. Т.е. разница за счет точечных ошибок репликации будет несколько меньше. Скорость мутаций для РНКвирусов от 10**-4 до 10**-6 на пару нуклеотидов на поколение. Ваша цифра несколько меньше, наверное это уже с учетом отбора наиболее нежизнеспособных изменений. Какая скорость у конкретно этого вируса, не понятно.

В целом получается, что сходу и отвергнуть, и назвать возможной мутацию вируса на такую величину за 6 лет невозможно при такой точности данных.

shadrap 23 апреля 2020 в 20:36

0

это точно, концов теперь не вычислить, да же в 99% вероятности 1% остается на

А1054 23 апреля 2020 в 17:44

0

да, и не миллион экспериментов, а миллион поколений) Все-таки разница

pronvit 22 апреля 2020 в 06:25

+1 Я не очень понимаю, почему спорящие с идеей искусственного создания этого вируса сразу

говорят о конспирологии и всем таком. Надо же различать искусственное создание и искусственное заражение. Вот что американцы в китайских лабораториях его создали и выпустили для испытаний — это конспирология. А если по неосторожности он утек — почему бы нет? Кучу очень похожих вирусов значит создали в том же городе, а как конкретно этот, то конспирология, лженаука, ахинея, вы все выдумываете и не может быть?

Kunis 24 апреля 2020 в 09:28

0

Совершенно согласен. Конспирология это когда происходящая задница спланирована. В нашем же случае, рабочая гипотеза состоит в том, что беда является результатом любопытства, безответсвенности и разгильдяйства. На заговор не тянет.

0 Оффтопик. Почему spike protein в русскоязычных статьях назвали шипом. Мы тут общались с

американскими коллегами и пришли к мнению, что «гвозде-образный» более правильно)) -нет?

```
gecube 22 апреля 2020 в 13:25
   0
потому что spike и есть 'шип'. Был бы гвоздь — назвали бы nail'ом, нет?
```

shadrap 22 апреля 2020 в 13:29

0

спайк он и шип и гвоздь особый и костыль

shadrap 22 апреля 2020 в 14:36

Что тут интересного? Любопытно было видеть сайт EcoRI на 5'-крае RBM у всех троих (первый стык между салатовой и жёлтой областями) — весьма удобно. Интересно, насколько это распространённая фича у других штаммов? Беглый анализ показал, что наша троица — рекордсмены по количеству таких сайтов в геноме, у других летучемышиных штаммов их всего по 5:

Сорри, запоздало, уж больно работа большая... И все же — в моем понимании увеличение сайтов рестрикции как раз показывает следствие от естественных мутаций. Не одним EcoRI можно резать) у COV2 в районе RBD я насчитал около 11 сайтов, теоретически 5 могли быть использованы для вставок, зачем туда еще что-то добавлять — смысл? Что б потом всю конформацию пересчитывать? (других штаммов у меня просто нет в источнике, поэтом не могу ничего сказать)

vakhnenko 22 апреля 2020 в 20:53

Спасибо, интересная статья

noname2019 23 апреля 2020 в 09:30

-2

Забавно, может, нобелевские лауреаты всё же в чём-то разбираются? В Ухани таки «скрещивали» вирусы с вирусом СПИДа.

J Nanosci Nanotechnol, 2019 Sep 1;19(9):5510-5516. doi: 10.1166/jnn.2019.16591. Construction of Lentivirus-Based Reference Material for RT-PCR Detection of Middle East Respiratory Syndrome Coronavirus and Its Application in External Quality Assessment. Zhou D1, Li Y2, Li J2, Yu J2, Yang H2, Wei H2. Author information

Ningbo International Travel Healthcare Center, Ningbo 315012, China.

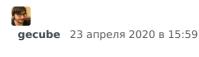
Nucleic acid amplification technology (NAT) has been the most used one for rapid detection of Middle East Respiratory Syndrome coronavirus (MERS-CoV) since MERS-CoV was first detected in 2012. It is important to develop stable and safe reference materials for assessing the quality of NAT kits and performing an external quality assessment (EQA) in different laboratories. In this study, the MERS-CoV RNA fragments including upE, ORF1b, and N were packed within human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1)-like particles. The lyophilized virus-like particles (VLPs) were found to be stable at 37 °C or below and safe to be used not only as the control material for PCR detection of MERS-CoV but also as the reference material for EQA. In an EQA organized by Ningbo International Travel Healthcare Center in China. 49 participating institutions achieved 100% agreement in detecting MERS-CoV using various commercial diagnosis kits and different extraction methods. However, different Ct values reported by different sites for the same sample implied that a need exists to standardize the RNA extraction method and/or the PCR detection conditions between the laboratories.

PMID: 30961704 DOI: 10.1166@nn.2019.16591

ClearAirTurbulence 23 апреля 2020 в 15:55

0

И где тут хоть одно упоминание HIV?



0

HIV-1-like particles?

noname2019 24 апреля 2020 в 09:49

0 Не знаю, как Вам, а мне HIV-1 просто бросается в глаза в тексте.

Oserg 24 апреля 2020 в 11:37

Осталось дочитать до конца: HIV-1 virus-like particle и посмотреть что это это не вирус от слова «совсем» (там плюс-минус ноль генетического материала) en.wikipedia.org/wiki/Virus-like_particle

noname2019 25 апреля 2020 в 11:34

Вы абсолютно правы по сути, но осадочек-то остаётся...

kryvichh 23 апреля 2020 в 11:34

+1

Сегодня прочитал интервью с беларуским специалистом (старший научный сотрудник лаборатории молекулярной зоологии НПЦ по биоресурсам НАН Беларуси), и он на голубом глазу сообщает, что «вирус в любом случае пришел к нам из дикой природы».

Сейчас есть совершенно четкие доказательства с разных сторон, что вирус не создан искусственно. Во-первых, в вирусологических лабораториях такого уровня очень серьезная система безопасности. Во-вторых, у нас есть анализ генома коронавируса (и не только), который показывает, что вирус появился естественным образом. Вирусы всегда будут появляться естественным образом, сами по себе, это чисто вероятностная вещь.

Можете сравнить сами обе эти научно-популярные статьи, и сказать, какая из них более научная. 42.tut.by/681881



0

Во-первых, в вирусологических лабораториях такого уровня очень серьезная система безопасности.

facepalm. Утечек не бывает?

Вирусы всегда будут появляться естественным образом, сами по себе, это чисто вероятностная вещь.

ага, а искусственно мы их выводить не научились? :-)

23 апреля 2020 в 13:39 Hypnotoadd

+1 Спасибо за титанический труд в статье. Не понятно почему версию с утечкой из лаборатории

не по злому умыслу, а по человеческой глупости многие яро называют конспиралогией? И самый главный вопрос который у меня возник, так это какого собвственно хрена строить лабораторию которая работает с самыми опасными вирусами\инфекциями в городе с 21 милионам населения, да еще и не далеко от рынка. Где толпы народа находятся в очень близком контакте друг с другом. Что мешает это сделать где то за 50-100 км от города? Или вообще на судне где то на якоре, или заброшений нефтяной вышке? Считаю что для человечества было бы полезней, чтоб это всё таки было признано утечкой. Чтоб появились международные комисси, и очень жесткие правила в таких лабораториях, вплоть до вахтеных работ. Например лаборатория где то далеко, учёнеые приезжают туда на пол года или пока длится эксперимент, и покидают лабораторию только через карантин. И никаких внешних контактов с миром не осуществлять без того самого карантина. Так как утечки совершаются постоянно, с какой то переодичностью. И сегодня (возможно) утёк более менее безобиный вирус. А завтра это можыть быть оспа\чума или того хуже неизвестная смесь из самых разных вирусов.

```
Kunis 23 апреля 2020 в 14:59
```

У меня ровно та же мысль.

Ankoroid 23 апреля 2020 в 17:46

+1

У нас в СССР заводы по производству биологического оружия стояли в городах, как, к примеру, в Свердловске.

Вообще советую почитать наших корифеев из Биопрепарата: flibusta.is/a/31564

flibusta.is/b/510722

А1054 23 апреля 2020 в 17:50

Не понятно почему версию с утечкой из лаборатории не по злому умыслу, а по человеческой глупости многие яро называют конспиралогией?

Мне это тоже непонятно. КМК, это нелады с логикой и простым здравым смыслом. НО называют, как ни странно, ученые и популяризаторы науки. Не иначе, цеховая аберрация. Очень уж хочется, чтобы было так.

Kunis 24 апреля 2020 в 09:34

0

Мне это тоже непонятно. КМК, это нелады с логикой и простым здравым смыслом. НО называют, как ни странно, ученые и популяризаторы науки. Не иначе, цеховая аберрация. Очень уж хочется, чтобы было так.

Именно! Выглядит, что уважаемые люди отринули логику и честь за ради защиты чести мундира. Хочется только напомнить ключевой посыл из сериала Чернобыль: «Ложь убивает». Так что это все не так уж безобидно.

Andrey0987 24 апреля 2020 в 13:32

0

Не понятно почему версию с утечкой из лаборатории не по злому умыслу, а по человеческой глупости многие яро называют конспиралогией?

Потому что руководство института вирусологии Уханя и власти Китая отрицают этот факт техногенной катастрофы. В этом и состоит их «заговор».

Hypnotoadd 24 апреля 2020 в 15:14

0

Китай изначально максимально пытался всё отрицать, и даже наличие вируса отрицал. Чего стоит только тот факт, что врача который первый обнаружил вирус, заставили опровергать свои слова и извинятся на камеру, и открытие на него дела в полиции. А так же исчезновение видео и постов из соц сетей и т п. В том что правительство стран всегда пытается отнекиваться и минимализировать потери репутации нет ничего нового или удивительного. А тем более в Китае где есть партия и её линия и это правда в последней инстанции и других вариантов быть не может.

donRumatta 23 апреля 2020 в 13:41

+1

Не совсем понял ответ на вопрос «А нафига?». 50 лет лепят супервирусы, повышая их опасность, вроде как для подготовки к возможным эпидемиям. Сейчас самое время эти знания применить. Но нет: ребята, извините, мы не готовы :) Получается, цель у них, в лучшем случае, поиграться?

А1054 23 апреля 2020 в 17:52

0

Наука — способ удовлетворить свое любопытство за государственный счет. Не помню точно автора, кажется Арцимович.

surVrus 23 апреля 2020 в 18:00

0

Арцимович

Да, приписывается ему.

Он интересный человек. По сути — что-то вроде главного инженера-конструктора всех военных атомных систем и методов их получения. Человек, который знал все

практические тонкости получения атомного оружия.

shadrap 23 апреля 2020 в 20:41

+1

ну уж не поиграться — постдокам надо статус подтверждать, а менеджеров над ними нету, вот и увлекаются иногда..)

Kunis 23 апреля 2020 в 14:58

-1

Спасибо! Великолепная работа. Мне с самого начала казались подозрительными аргументы «мы такого не умеем», но без

знания темы приходилось верить специалистам не слово. Я полагаю, ученые склонны защищать честь мундира. Ибо, последстия для вирусологов и вообще ученых могут быть очень значительными. Ничуть не меньше чем для атомной промышленности после Чернобыля. Беда в том, что ложь убивает. Очевидно, эксперименты ставились и продолжают ставиться с недостаточным уровнем безопасности. Утечки неизбежны (вопрос лишь в том, насколько часто это происходит), так что такие лаборатории должны находиться не посередине многомиллионных городов, а где-нибудь в закрытых городках со строгой системой доступа. Чтобы если что, можно было ввести карантин и локализовать утечку. Да, дорого. Но утечка (не важно, случившаяся сейчас или будущая) стоит гораздо дороже.

Sdima1357 23 апреля 2020 в 17:01

Научные исследования. 30 видов рукокрылых и один вид рукожопых. И вот результат.

KonkovVladimir 23 апреля 2020 в 18:21

Последние публикации А. Илларионова по теме Ютьюб убрал интервью Люка Монтанье.

Даниэль Андерсон, блокирующая публикации о происхождении Уханьского вируса, и батвумен Ши Чженли, причастная к появлению этого вируса, являются соавторами.

Главный цензор Фейсбука по вопросам коронавирусной пандемии Д.Андерсон в течение двух лет неоднократно работала в Уханьском институте вирусологии и является соавтором работ с Ши Чженли

И где тут объективность расследования?

Asatur1979 24 апреля 2020 в 09:26

+1

Спасибо, большую часть осилил, было интересно увидеть всё кучей, а не читать какие-то намёки на разные работы в разных местах.

глазом видно», хотя под многими нихрена не видно ни невооружённым, ни вооружённым глазом

Только вот одно но — под картинками постоянно написано «как мы видим», «невооружённым

DrMugu 24 апреля 2020 в 11:24

Возможно пропустил в вашей статье, но есть один примечательный момент. По базе NCBI по

blast, если делать по протеину, то протеин E у SARSCoV2 наиболее сходен с протеином E у вируса SHC014, того самого их которого в 2015 делали химеру. А если blast по гену, то не отображается сходство!

Alex25VL 24 апреля 2020 в 11:24

Конечно хотелось бы узнать про такой момент:

— оценка времени, необходимая для генома вируса чтобы прийти из одного состояние в

другое (когда говорят что вот это от этого набора до этого он должен ходить 20 -30 лет). Когда в лабораториях его выращивают в питательной среде — как быстро там может смена поколений, есть ли какие то условия для повышения/понижения мутагенеза. Может там можно устроить параллельный процесс — куча культур идут разными путями а потом их как нить объединить собрав все мутации вместе. — В рамках вопроса о том откуда взялся и был ли RaTG13 — опять же — а как вообще обстоит

дел у животных — возможно там не один такой штамм есть который просто занесен под номерам, а вагоны. Насколько есть покрытие вообще того что в принципе есть у животных насколько их вирусы известны все — покрытие? 10 процентов? 50? 90? — Известно ли сколько вообще лабораторий работает с вирусами, какими (ясно дело что они не занимаются только коронавирусами, какими еще они занимаются) разрез по странам, как обстоит дело в военными лабами, сколько их — чем они занимаются, есть ли оценки их

дело с изучением вирусов, какие лаборатории их изучают, как собирают текущее положение

деятельности и количества — может есть в открытых данных количество производимого оборудования для подобных лабораторий и оценки сколько уходит обычным лабам а сколько Только кто ж это может делать — у кого времени много все это собирать...

getech 24 апреля 2020 в 11:24

Я не вирусолог, но занимаюсь наукой, поэтому очень хорошо понял данную статью, хоть и трудно было разобраться в некоторых терминах. Добавил статью в закладки. Сейчас на ТВ и в интернете говорят что не было «ножниц» в геноме этого вируса, когда отчетливо понятно, что это были эти странные 12 нуклеотидов, основа вируса взята с RATG13, а в конце в RBD-части белков добавлено от зверька Панголина. Но самым главным 100 % доказательством искуственного происхождения, является даже не то, что n-COV19 на 96 % похож на штамм RATG13, а тот факт, что появился он в г. Ухане, где находится Уханьский институт вирусологии, в котором изучался и исследовался штамм RATG13, а значит им не составило труда его доработать и превратить в то, что мы сейчас наблюдаем. Не нужно быть дураком, чтобы понять, т.к. вспышка нового nCOV-2019 произошла именно в этом городе. И вдруг по случайному совпадению, по теории вероятности новый коронавирус возник естественным путем, но почему-то оказался на 96 % похожим на вирус RaTG13 который изучался в лаборатории именно в этом же городе? Это тоже самое как посадить обезьяну за пишущую машинку и она вам случайно напечатает роман «Война и мир». Вирус 100 % искуственный, и

это неоспоримый факт, доказательства все на лицо, нет абсолютно никаких сомнений! Автор молодец, детально проанализировал, прекрасно иллюстрировал и представил материалы.

s256 24 апреля 2020 в 23:36

+2

Множество логических ошибок в ваших рассуждениях.

> Но самым главным 100 % доказательством искуственного происхождения, является даже не то, что n-COV19 на 96 % похож на штамм RATG13, а тот факт, что появился он в г. Ухане, где находится Уханьский институт вирусологии

Уже приводили контр аргумент: выявить вирус в многомиллионном городе, где есть лаборатория с «вирусным» профилем выше чем в маленькой деревушке.

> а значит им не составило труда его доработать вы являетесь специалистом, чтобы делать такие заключения?

> но почему-то оказался на 96 % похожим выше в комментариях приводятся аргументы, что для вирусов это много. Не являюсь

специалистом и проверить это заявление не могу.

> Вирус 100 % искуственный, и это неоспоримый факт Нет, не неоспоримый

PS Минусанул бы комментарий, если бы мог.

getech 26 апреля 2020 в 12:16

-1

1. Да, приводили аргумент, ну и я привел, так-то имею право;

2. Не являюсь специалистом, но в статье описано, что даже студентам-вирусологам это не составляет труда;

3. В разных источниках приводят по-разному, где-то 97 %, а в других даже 98 %. Для вирусов это много, вот поэтому скорее и взят за основу ratg13; 4. Нет это неоспоримый факт! В статье указано, что эта врезка из 4-х аминокислот ни похожа ни на один коронавирус из этого семейства, вирусологи-разработчики часто не брезговали делать такие врезки и слишком бы много времени заняло в эволюции, что естественным путем появились эти 12 нуклеотидов (а вы вообще внимательно читали

5. Минусанул бы вас, если бы мог!

Sofrony 26 апреля 2020 в 09:36

>> Вирус 100 % искуственный

тут больше бы подошел «термин»: highly likely

getech 26 апреля 2020 в 12:18

0

Возможно, но слишком уж много предположений, что он искуственный. Да, фактических доказательств пока нет, но предположений и догадок слишком много.

JuntaCJ 24 апреля 2020 в 11:24

+1

@ YuriDeigin, хорошая работа!

А слабо перевести на английский и заслать в bioRxiv? Например, в качестве коментария на позорную статью в Nature Medicine.

Противники рукотворной гипотезы в большинстве своём сильно ангажированы. А неангажированные учёные побаиваются обсуждать рукотворную гипотезу публично.

Archey 24 апреля 2020 в 12:08

0

Как-то это все притянуто очень

DrMugu 24 апреля 2020 в 13:56

0

Выше в постах встретилось мнение о презумпции невиновности по отношению к китайским вирусологам.

Имхо, этот принцип в данном случае неуместен. В данном случае чисто с юридической точки зрения действует именно принцип презумпции виновности сотрудников биолаборатории 4-го уровня опасности в г.Ухань.

Во-первых, наличие в месте начала пандемии тАкой лаборатории следует рассматривать с позиций средства повышенной опасности для окружающих(как аналогия с транспортными средствами на дорогах). Соответственно биолаборатория — первый подозреваемый и китайские власти должны были возбудить дело в рамках своего национального законодательства и провести проверку, в том числе допустить в Ухань и в эту лабораторию международных специалистов, и не тех кто в ВОЗ там занимает должности на постоянной основе, а привлечь представителей от различных стран. Они этого не сделали и более того не допускали несмотря на требования. Поскольку эпидемия распространилась за пределы Китая и переросла в пандемию, то это уже не их сугубо внутреннее дело. В действиях китайской стороны можно в таком случае отметить признаки намекающие на преступления против мира и человечности, но они сами получается не дают мировому сообществу опровергнуть это. Во-вторых, неожиданная пост-фактум публикация китайскими учеными информации о вирусе #RaTG13 как о единственном предшественнике #SARSCoV2, более чем на 95% схожим по геному и имевшимся в распоряжении указанной биолаборатории Уханя аж с 2013 г. также свидетельствует о виновности Китая. Это можно назвать формой признания вины получается они тем самым подтверждают свою вину, так как нет другого известного прямого предшественника и единственная страна которая его имела — это Китай и в биолаборатории Уханя, где и началась вспышка. В базе NCBI предоставлена соответствующая информация. В-третьих, единственно могущим быть(могущим быть!) каким-то смягчающим обстоятельством является ошибка, которую допустили судя по всему другие ученые, которые проводили выравнивание(сопоставление) геномов и не найдя в соответствующем месте гена S ключевую аминокислоту(позиция 487 — стандарт для SARS) — треонин — дали в ВОЗ информацию о том, что доказательств заразности не обнаружено. Почему многие страны поздно и среагировали. Видимо в спешке эти ученые не обратили внимание на то, что ген S у SARS-CoV-2 длиннее, чем у других, соответственно позиция ключевой аминокислоты изменилась и она переместилась на 500 позицию. Там в этой позиции и стоит треонин. Надо было вручную, визуально посмотреть — это достаточно хорошо видно(гомологичность). Аналогично и у его предшественника — этого пресловутого RaTG13, по которому в связи с этим тогда резонный вопрос к Китаю — а почему они не предупредили мировое сообщество об этом также смертельно опасном вирусе в 2013 году!?..

В-четвертых, от китайской стороны нет никаких аргументированных опровержений на обвинения в ее адрес. Соответственно юридические выводы.

Так что с юридической точки зрения все эти вышесказанные моменты в статье, а также и ряд других аргументированных доводов — это по сути обоснование предъявления обвинения китайской стороне. Такими вещами должна заниматься ООН и если китайская сторона не вразумляется, то действительно это вполне обоснованно расценивается некоторыми политиками чуть ли объявление третьей мировой. В данном случае объективно противовес сил в пользу Китая — в принципе они могут вполне пожертвовать половиной своего населения, при этом еще и прикрыться дескать сами пострадали.

0

0

fotofan 25 апреля 2020 в 13:15

Извините, а вы не могли бы аргументировано объяснить, зачем Китаю массово уничтожать своё и другое население, если экономика Китая (как и вся мировая) построена на потреблении этим населением?

DrMugu 25 апреля 2020 в 20:58

+1

Ну а вторая мировая почему!? Необходимость расширения жизненного пространства. Тем более обращает внимание на определенную социальную направленность поражающего фактора вируса — в первую очередь пожилые(как ни крути для экономики Китая серьезная обуза), люди с хроническими болезнями(пониженная работоспособность тоже обуза для экономики). И этот момент — «избегание» вирусом детей(в смысле не смертельно для них, ну может за исключением единичных случаев) — будущая рабочая сила. Причем по механизму проникновения вируса и ряду упоминаний китайцами, когда у них был пик — о неврологических проявлениях у части заболевших, можно предполагать, что потенциально(потенциально!) вирус способен вызывать у детей некоторое последующее отставание в умственном развитии. Не сильно естественно, но так чтобы у него меньше было способностей в будущем стать работником умственного труда, а по большей части достаточных чтобы пополнять армию рядовых рабочих. Кроме того! буквально вчера посмотрел информацию по рецепторам АСЕ-2(те самые через которые вирус и заражает клетки) и обнаружил что одной из биохимической функцией этих рецепторов в организме человека является регуляция фертильности способность половозрелого организма производить жизнеспособное потомство. Ранее в начале марта мне встречалось сообщение о том, что в провинции Хубей Китая всех мужчин, переболевших COVID-19, призвали провериться на бесплодие. Так что немало моментов позволяющихся задуматься о потенциальных целях недокументированных, так сказать, функций вируса.

РЅ. Кстати, первым выдвигавшим идеи превосходства немецкой нации над другими европейскими нациями, и особенно над славянами, выдвинул ни кто иной как Карл Маркс — основоположник теории коммунизма. Ницше в то время еще под стол пешком ходил, когда Маркс писал о об этом. -) В его ПСС эти статьи есть. К чему это привело в 20-м веке всем известно.

Hypnotoadd 26 апреля 2020 в 11:31

+1

Тем более обращает внимание на определенную социальную направленность поражающего фактора вируса — в первую очередь пожилые(как ни крути для экономики Китая серьезная обуза), люди с хроническими болезнями(пониженная работоспособность — тоже обуза для экономики).

Вы забываете что львиная часть всех правительств мира состоят именно из этих групп, возврастных и в силу возраста с сопутствующими букетами хронических болячек. Выпускать вирус который потонцеально может свергнуть ваш же режим, это как минимум глупо.

gecube 26 апреля 2020 в 12:31

ну, вы сравнили — простой люд и правителей, у которых спец врачи, спец лечебницы и все такое) И тем более в не очень демократических режимах.

DrMugu 6 мая 2020 в 08:34

-2 Это не просто глупо — это безумие. Поэтому для этого просто вместе с созданием заразы создаётся противоядие против него(для себя конечно). И судя по всему

Китай его имеет — см нынешняя статистика. Даже если бы занижали, то не могла бы быть такая быстрая победа.

rPman 6 мая 2020 в 19:58

0

Статистика по китаю говорит что они просто быстрее получили коллективный иммунитет переболев массово, отстраивая по стахановски больницы!, а вот остальному миру слабо поступить так же а значит будут тянуть 'больной зуб' месяцами, чтобы не перегрузить свои чахлые, местами, системы здравоохранения.

Oserg 6 мая 2020 в 20:11

0

Статистика по Китаю ни о каком коллективном иммунитете не говорит. В частности кроме сравнительно ограниченного по размерам Уханя там никто массово не болел.

DrMugu 7 мая 2020 в 17:25

0

Если бы это было следствие коллективного иммунитета, то там цифры зараженных должны были как минимум в тысячи раз выше официальных. А вообще выработка иммунитета к SARS-CoV-2 под большим вопросом. В том числе и эффективность вакцины. Имеются вполне обоснованные мнения что вакцина в ряде случаев будет только усиливать течение болезни.



fotofan 2 июня 2020 в 16:50

+1

Тогда зачем сразу стали бороться с таким «удобным» заболеванием, гробя свою экономику?

kraidiky 2 июня 2020 в 17:20

+1
В Америке сейчас вообще весело, например, Твиттер заклеймил один из постов Трампа в Твиттере, в котором Трамп процитировал шерифа Маями в 1969-ом году. Тогда Никсон (предыдущий, которому демократы объявляли импичмент) приехал с предвыборной поездкой в Майами и совершенно случайно в этот день случились спровоцированные конечно белыми расистами негритянские волнения. И тот шериф приказал полицейским стрелять в мародёров громящих магазины. Трампу даже пришлось на отдельной прессконференции объяснять что он имел в виду.

Так вот есть такой вариант, что китайцам выгоднее Байден, чем Трамп, который против них войну развязал, а как говорят сами американские эксперты, только один президент в истории США в 1900-ом году сумел переизбраться в ситуации, когда экономика падала за 9 месяцев до выборов. Причём это не моя конспирология и аналитика, а американских выборных экспертов из телевизоров. Трамп, кстати, это отлично знал и пытался саботировать введение карантинных мер.

Как сказал нынешний вице-президент США (перефраз): Трамп построил за три года лучшую и красивейшую экономику в мире, и Китай разрушил её за три месяца.

Совпадение?

fotofan 2 июня 2020 в 17:46

0

Вот что упускают все конспирологи — большинство грандиозных заговоров рано или поздно раскрывается. А если штаты получат доказательство, что это была спланированная вирусная атака, Китаю настанет пушистый полярный лис. Американцы очень трепетно относятся к вмешательству в свои дела а тут такие масштабы. Ну собачятся китайцы периодически с США, ну не устраивают их какието политики, но разве стоит из-за этого рисковать началом третьей мировой или гигантскими санкциями на десятилетия?

kraidiky 2 июня 2020 в 18:50

+1

Идея версии состоит в том, что атакой являлось не заражение вирусом, оно то как раз естественное, а избыточная разрушающая экономику реакция на него. Такая которую, китайская экономика выдержит, а американская нет. Это, кстати, почти точно то же самое, что спрашивал Кеннеди у Джонсона про лунную программу ровно пол века назад.

Учитывая, что данная версия реалистична только при плотнейшей поддержке демократической партии, как на уровне демократических губернаторов, так и в демократической прессе, то о трепетном отношении можно не беспокоиться. :) Стоит вспомнить совсем недавние события: аферу с кражей почты комитета Демпартии, про которую известно, что через интернет её украсть было физически невозможно, и тем не менее три года существовала и потом молча накрылась комиссия по Мюллера. Документы предоставленные Украиной, и вероятно поддельные, против Манафорта. Фальсифицированное и уже прекращённое дело против Генерала Флина. Это я сейчас назвал только те три эпизода, про которые доказано, что они фейки и в двух из трёх фигурирует иностранное вмешательство.

А это даже не половина грандиозных заговоров, которые раскрылись за последние пару тройку лет. Что-то я не вижу гигантский санкций на десятилетия против Украины. Не вижу гигантских санкций на десятилетия против Англии за сфабрикованное досье Стилла, в создании которого. кстати, участвовал Скрипаль. Ничего не слышно о третьей мировой войне против проамериканского правительства Ливии из-за дела посла Стивенса, а ведь на Клинтон тогда даже в суд подавали родственники погибших, опять иностранная операция, да не просто так, а с трупами американских дипломатов.

Не стоит переоценивать трепетное отношение американцев к злоупотреблениям и внешнему вмешательству, если в них соучастниками являются американские политики. На фоне того что стало известно за последние несколько лет сдвигание на более удобные сроки и без того неизбежного экономического кризиса смотрится весьма и весьма ограниченной операцией.

fotofan 3 июня 2020 в 01:57

0

То есть, я правильно понял, что демократы заказали китайцам республиканцев с помощью сверсложного вируса с точно просчитанными биолого-экономическими последствиями в надежде, что в этой схеме из учёных, медиков, политиков, служащих, коммерсантов, силовиков никто не проболтается даже когда станет известно о гибели десятков тысяч граждан США и колоссальных потерях в экономике?

kraidiky 3 июня 2020 в 16:39

-1

Вы это говорите так, как уже будто знаете кто убил Кеннеди. :) И кто убил Мерлин Монро. И почему взорвался броненосец «Мэн», дав начало испано-Американской войне. А так же куда исчезли обломки самолёта врезавшегося в Пентагон, и почему при ударе самолёт не смог разбить стёкла в его окнах. А также кто следил за Хемингуэем, ой, я ошибся, это то мы узнали через 50 лет из рассекреченных документов. :)

Я же вам уже два раза пояснил, что заговором скорее всего не является вирус, который и без всяких заговоров привёл бы к гибели десятков тысяч граждан, просто потому что в США совершенно убитая система здравоохранения для бедных. По статистике негры от короновируса умираю в 6 раз чаще, представляете какой разрыв в доступе к медицине нужен чтобы добиться такого потрясающего результата.

Предполагается что заговор произошёл между верхними 3-5 деятелями Дем.партии и СиЦзиньПином и несколькими его сподвижниками и заключался в том, чтобы с согласия Демократов ввести и популяризовать слишком жёсткие меры карантина, неизбежно приводящие к более раннему началу кризиса. Как думаете, испугается ли товарищ Си, когда узнает о колоссальных экономических потерях в США, гораздо больших, чем в Китае?

fotofan 3 июня 2020 в 17:21

+1Вы это говорите так, как уже будто знаете кто убил Кеннеди. :) И кто

убил Мерлин Монро. И почему взорвался броненосец «Мэн», дав начало испано-Американской войне. А так же куда исчезли обломки самолёта врезавшегося в Пентагон, и почему при ударе самолёт не смог разбить стёкла в его окнах.

если бы и знал, но это не совпало с вашим мнением, вы бы не поверили

Предполагается что заговор произошёл между верхними 3-5 деятелями Дем.партии и СиЦзиньПином и несколькими его сподвижниками и заключался в том, чтобы с согласия Демократов ввести и популяризовать слишком жёсткие меры карантина, неизбежно приводящие к более раннему началу кризиса

толсто, слишком толсто. Из разряда — теракты 11 сентября устроило ЦРУ, а Бил Гейтс нас всех чипирует. Извините, я устал от всей этой конспирологии

¶Ш т≡ **АіМАХ** 29 августа 2020 в 13:20

а Бил Гейтс нас всех чипирует.

MAX 29 aBI yCla 202

0

Тогда уж, чтобы «подогреть» деятельность конспирологов, надо Маска обвинить в чипировании всего живого: Компания Илона Маска успешно протестировала чип на мозге свиньи

Darlock_Ahe 26 апреля 2020 в 15:14

+2

Не сторонник теории заговора (т.е. искуственного происхождения вируса и злово умысла), но в принципе, даже если помножить количество смертей в Китае на 100, это слабо отразится на их демографической ситуации, и вполне вероятно, что это «цена которую можно заплатить» за расширение влияния и прочее.

DrMugu 24 апреля 2020 в 20:45

+2

Re.

Это уже по большей части из области того, чем занимается автор статьи. Наиболее политкорректной версией утечки вируса SARS-CoV-2, имхо, является то, что этот вирус мог быть создан в рамках программы использования вирусов в лечении раковых заболеваний — создание так называемых онколитических вирусов. Еще в начале развития ситуации — события в Ухане — я обратил внимание на озадаченность врачей по поводу того что вирус «избегает» детей. В тоже время удивился сообщениям об использовании китайцами

такого лекарства как хлорохин(помню о его «эффективности» высказывалась эта Чжэн-Ли Ши). Вообще-то он против малярии и вирусам он до лампочки. Я не мог понять с какого потолка они изначально решили использовать именно его. А он оказывается еще имеет и иммуносупрессивные свойства. Не знаю по этой причине они его использовали в данной ситуации или нет, но в принципе это логично — использование его иммуносупрессивных свойств. Ситуация с «избеганием» вирусом детей подтверждает это. У детей до 15 лет только

формируется иммунитет, поэтому логичен вывод — потому вирус и не вызывает такой тяжести проявлений заболевания у них(тех наших «специалистов» от медицины, которые ранее высказывались в СМИ по этому «феномену», говоря о более высоком иммунитете у детей как о причине, надо разжаловать в дворники). Сейчас это подтверждается информацией врачей о цитокиновом шторме при развитии заболевания. То есть как бы ВИЧ-наоборот. Среди схожих по гену S y SARS-CoV-2 в базе NCBI мне попалась на глаза синтетическая конструкция EU249350.1 с около 85% схожести по этому гену. В статье по этой химере было упомянуто о возможностях использования для борьбы с раком. Гугля информацию по этому я встретил упоминания о работе китайских генетиков по созданию таких — онколитических вирусов. Где-то проскакивало о том, что вроде бы даже уже получили разрешения на проведения испытаний на больных раком на последней безнадежной стадии. Суть понятна вирус поражает раковые клетки, как бы вызывая огонь на себя со стороны иммунной системы, адекватный ответ которой блокируется раковыми клетками. Но тут проблема — как его доставлять именно в эти клетки. Шипы вируса SARS оказываются очень эффективным средством такой точечной доставки например при раке легких. Так что есть определенные моменты позволяющие предполагать, что SARS-CoV-2 это неудачный эксперимент по практическому использованию онколитического вируса.

Можно конечно самому посидеть и поанализировать, но мне как не вирусологу понадобится много времени вникать в тему углубленно. Надеюсь автора статьи заинтересует данная информация. Почему-то ее не замечают в сети. Если по RaTG13 хоть какие-то ответные реакции вызывает, то версия онколитических вирусов старательно обходится стороной, по крайней мере я нигде не встречал чтобы кто-то из ученых подымал такой вопрос. Несмотря на то что разработка таких вирусов, по сути являющихся химерами, — это факт.

Ig В 25 апреля 2020 в 13:38

0

Тогда бы хоть один больной раком легких вылечился бы из за коронавируса...

DrMugu 25 апреля 2020 в 18:48

0

Да, если бы вирус получился удачным. Но тогда бы не было и этой пандемии, а Китай бы трезвонил на весь свет об успехе. Имхо. Вполне возможным в таком случае могла случиться или банальная халатность — например перепутали пробирки сырого материала и готового, что не удивительно в стране с коммунистическим режимом(вообще этим режимам присущи такие особенности — бардак, разгильдяйство и тд и тп) или убитый горем по умирающему близкому родственнику работник решил попробовать последнюю

Тут необычная реакция иммунной системы в ответ на вторжение вируса — «цитокиновый шторм» — в результате чего иммунитет начинает убивать здоровые клетки. Как то такое поведение вируса противоречит естественному эволюционному процессу, которому подчиняются и вирусы(природные).Имхо. Все ж таки цель у природных вирусов не убивать организм, а просто паразитировать в нем, нелогично убивать организм который служит для размножения. Некоторые вирусы этого достигли — преспокойно могут существовать в организме ничего не подозревающего человека всю его жизнь. Вот и эти вирусы — SARS — распространены среди летучих мышей. Как говорят ученые природный резервуар этих вирусов. Почему спрашивается !? Имхо, потому что у летучих мышей организм, в силу их образа жизни, очень много соответствующих клеток, которые обеспечивают потребности их организма чтобы летать. Достаточно много энергии для этого необходимо, поэтому имхо, в процессе эволюции эти вирусы приспособились за счет этого размножаться(жить), а летучие мыши тоже получили определенную выгоду — так сказать стимул организма больше иметь клеток, чтобы летать. Мне в связи с этим коронавирусом встречались статьи, где ученые говорят о том, что некоторые вирусы в процессе эволюции приспособились брать почти под полный контроль организмы в которых поселяются. Но такие случаи известно на уровне растений. Они контролируют биохимические процессы таких растений, естественно для поддержания своей популяции и в то же время обеспечивают существование популяции таких растений.

Andrey0987 26 апреля 2020 в 07:46

+1

Тут необычная реакция иммунной системы в ответ на вторжение вируса — «цитокиновый шторм»

Про грипп «Испанка» (1918-1920 годы) тоже есть версия «цитокинового шторма» (проверить трудно за давностью). Цитата:

Наиболее вероятно, что основной причиной высокой смертности стала особенность этого штамма вируса, вызывающая гиперцитокинемию, приводившую к быстрому разрушению воспалённых тканей лёгких и заполнению последних жидкостью, что также объясняет молниеносность и крайне высокую летальность заболевания именно среди молодых больных с крепким и развитым иммунитетом.

В случае с COVID-19 никаких убедительных доказательств нет. Как может быть природное происхождение, так и лабораторное.

Но на мой взгляд для второй версии есть веские аргументы. Во-первых время и место. Природный мог бы возникнуть в любое время — 50 лет назад и 500 лет назад (ну или 500 лет вперед). Но возникает вирус имеено в 2019 году и именно в Ухане. А в Ухане запускают в 2015 вирусную лабораторию уровня защиты BSL-4 (до 2015 это была BSL-3), в которой активно экспериментируют именно с короновирусами.

Во-вторых это повышенная заразность COVID-19 по сравнению с природными коровирусами. SARS-CoV-1 дал 8098 случаев за 20 лет. MERS дал 2519 случаев за 8 лет. COVID-19 дал на сегодня более 2.5 миллиона случаев (менее полугода). А в этой статье упоминалось, что в лаборатории делались именно такие модификации с повышенной заразностью.

gecube

26 апреля 2020 в 11:00

0

Про грипп «Испанка» (1918-1920 годы) тоже есть версия «цитокинового шторма» (проверить трудно за давностью).

либо популярность аспирина?

One hypothesis suggests that many flu deaths could actually be attributed to aspirin poisoning. Medical authorities at the time recommended large doses of aspirin of up to 30 grams per day. Today, about four grams would be considered the maximum safe daily dose. Large doses of aspirin can lead to many of the pandemic's symptoms,

including bleeding. https://www.smithsonianmag.com/history/ten-myths-about-1918-flu-pandemic-180967810/

К сожалению, ни подтвердить, ни опровергнуть мы это уже не сможем. Кстати, это правда — потому что в моей жизни был период, когда я закидывался аспирином... И побочки не заставили себя ждать

Тут необычная реакция иммунной системы в ответ на вторжение вируса — «цитокиновый шторм»

не совсем необычная. Если открыть ту же википедию

Первое появление термина «цитокиновый шторм» в литературе было предположительно в 1993 году при описании реакции трансплантата против хозяина (англ.)русск... В исследованиях инфекций термин начал использоваться с сообщений о цитомегаловирусе в 2000 году, а позже — в сообщениях про связанный с вирусом Эпштейна-Барра гемофагоцитарный лимфогистиоцитоз, стрептококковую инфекция группы А (англ.)русск., вирусы гриппа, натуральную оспу и тяжёлый острый респираторный синдром. В научной литературе термин стал чаще встречаться с 2005 в контексте птичьего гриппа[7].

https://ru.wikipedia.org/wiki/%D0%A2%D1%8F%D0%B6%D1%91%D0%BB%D1%8B%D0%B9

нынешнего, а того — первого)

ТОРС же описывается с 2002 года. Как один из результатов SARS-CoV (не

Andrey0987 26 апреля 2020 в 12:26

+2

gecube, небольшой технический комментарий не по теме, насчёт «страшных» гиперссылок с кирилицей. Чтобы такого не было, я у себя в Firefox копирую ссылку из поля адреса по частям. Сначала выделяю кирилическую часть и копирую её в любой plain text редактор, например в поле Search там же в Firefox. Потом остальную часть ссылки. А потом уже из этого поля Search в клипборд копирую получившуюся ссылку. Тогда в клипборде она будет в нормальном виде с кирилическими символами вместо кодировки со знаком "%".

gecube 26 апреля 2020 в 12:30

шпашипа от шелезяки) буду иметь в виду

Andrey0987 26 апреля 2020 в 13:24

0

Я только что проверил, можно даже проще. Конвертация в Firefox идёт при копировании ссылки целиком. Если в клипборд забрать её любую часть, конвертация не делается. Т.е. можно выделить всё кроме первой «h» в «http/https», скопировать, а потом при вставке вручную эту «h» добавить.

PS: Вот такие танцы с бубном. Довольно часто приходится на форумах давать ссылки на русскую Википедию. Раньше так и давал в «страшном» виде, но было некрасиво.

getech 26 апреля 2020 в 12:22

0

Природное происхождение это вряд ли. Это было бы возможно, если бы он возник в другом городе, а не в том месте, где находится институт вирусологии.

```
Solariserj 3 мая 2020 в 23:39
```

+2

Вначале также думал что его сделали специально: Притом на фоне торговой войны с США, США специально подкинули чтоб ослабить Китай, у которого сразу торговля и производство просело за месяц, Притом направленна на Китай, так как также была версия что заражает преимущественно китайцев. Потом узнал о том что в Ухане была вирусная лаборатория — уже добавилась версия утечки вируса с нее, или хотят замести следы свалив все на китайцев.

Но потом прочитал про другие короновирусы (в середине января еще его не окрестили SARS-Cov2) SARS и MERS. где. откуда и как они появились, то как бы мой внутренний конспиролог не хотел погреть ручки, и одержать верх, не думаю что у него остался шанс.

```
Nick_Shl 3 мая 2020 в 23:53
```

-1

То, что вирус природный, появился сам по себе и человек не приложил руку к его модификации **не исключает** того факта, что он мог "*сбежать*" из лаборатории где изучают такие вирусы.

```
Ankoroid 4 мая 2020 в 01:23
```

-1

" так как также была версия что заражает преимущественно китайцев" — помилуйте, такая версия может быть только у совершенно безграмотных граждан или у российских пропагандонов.
Вирусы легко мутируют и такой вирус, даже если на Земле нашелся гений, который его создал, легко начнет заражать и всех остальных.
Нет между нами особых отличий.

Поэтому и биологическое оружие в США давно не разрабатывают, да и у нас бросили.

НЛО прилетело и опубликовало эту надпись здесь

```
noname2019 6 мая 2020 в 13:07
```

+2

МОСКВА, 6 мая. /ТАСС/. Генеральная прокуратура России признала фейком распространяющиеся в интернете сообщения об искусственном создании коронавируса. Об этом ТАСС сообщили в среду в пресс-службе ведомства. Вот и кончены научные споры. А вы геномы сравниваете...

```
Oserg 6 мая 2020 в 18:02
```

0

Это особенно доставляет в сочетании с тем что Первый канал довольно активно педалирует эту ахинею а за распространение фейков у нас нынче ответственность вплоть до уголовной.

Впрочем вангую что фейком признают только *распространяющиеся в интернете* тезисы. Вон автора статьи, к примеру, вполне привлечь могут.

Вообще от «коровы» есть конечно одна польза — в последние месяцы субъективное ощущение что мы живем в полностью бредовом государстве усилилось настолько сильно что это стало доходить даже «широких народных масс».

```
tvr 7 мая 2020 в 11:10
```

0

Генеральная прокуратура России признала

Чудны дела твои Господи — в вирусологов мутировали не только диванные политологи и усатые режиссёры, но и записные прокурорские :))

```
kraidiky 8 мая 2020 в 23:07
```

+2

К слову об утечках. История, услышанная со слов дочери одной из непосредственных участников. В Векторе, как широко известно, два человека в разное время погибли от Эболы. Оба раза из-за проблем при заботе с иголками и лабораторными мышами. После второй смерти всех контактировавших нафиг заперли на карантин, и тут выяснилось, что одного контактировавшего не хватает и никто не знает где он. Народ занервничал. И тут звонят менты с Алтая в институт и говорят, что мы тут вашего сотрудника мёртвым нашли. Как говорится, и тут отвечавший на звонок чуть не поседел. К счастью выяснилось, что человек погиб в автокатастрофе. Но хоронили, на всякий случай, как положено по регламентам.

```
habroed 10 Mag 2020 B 19:46
```

0

Мне кажется, что автор уже достаточно скомпроментировал себя своей предыдущей титанической работой о Жан Кальман. Тоже очень длинная статья, миллионы доказательств, наделала кучу шума во французской прессе. И в результате каждый пункт оказался или ничего не доказывающим или неверным, а некоторые даже откровенно лживыми.

Так что, перед тем, как делать какие-либо выводы, подождем исследований от кого-нибудь с репутацией получше и желательно с peer review.

```
pavnen 11 мая 2020 в 14:59
```

+2

А можно ссылочку на опровержение по Кальман? Интересно почитать

```
lolmaus 12 мая 2020 в 17:16
```

0

Я просто оставлю это здесь: https://lleo.me/dnevnik/2020/03/21?win_salert

```
nepoman 13 мая 2020 в 16:43
```

0

+1: regnum.ru/news/society/2945578.html

```
KonkovVladimir 17 мая 2020 в 08:07
```

+1Прям гвоздь в крышку гроба теории возникновения вируса на рынке — Посол Китая в России о коронавирусе: однажды все тайное станет явным

коронавирусе: однажды все тайное станет явным

Пять авторитетных научных органов, среди которых Ботанический сад тропических

растений Китайской академии наук Сишуанбаньна-Дайского автономного округа и Центральный ботанический сад Китайской академии наук собрали данные о 93 образцах генома COVID-19, опубликованные во всемирной базе данных и охватывающие 12 стран четырех континентов. Благодаря исследованиям было обнаружено, что самым ранним «предком» вируса был mv1, он эволюционировал в совокупность генов (гаплотипы) H13 и H38, а H13 и H38, в свою очередь, совместно породили гаплотип второго поколения — H3, а H3 снова эволюционировал в гаплотип H1. Простым языком, гаплотип mv1 — это «прадедушка», H13 и H38 — «дедушка» и «бабушка», H3 — «папа», а H1 — «ребенок». Вирус, появившийся в Ухане на рынке морепродуктов, — это вирус совокупности генов H1. Ранее гаплотипа H1 в Ухане был обнаружен лишь гаплотип H3, и данный гаплотип не имеет никакого отношения к рынку морепродуктов в Ухане. Более древние гаплотипы H13 и H38 никогда не были обнаружены в Ухане. Штаммов этих древних гаплотипов тоже не обнаружено, что весьма нелогично. Это говорит о том, что образец гаплотипа H1 был завезен неким инфицированным человеком на рынок морепродуктов, после чего вспыхнула эпидемия.

it is still unclear whether the market in Wuhan linked to the first several dozens of coronavirus cases in China was the actual source of the virus or merely played a role in spreading the disease further.

UN: Live animal market where coronavirus may have started shouldn't be closed

KonkovVladimir 17 мая 2020 в 08:25

0

Cotton: Publicly Available Cell Phone Data Suggests Roads Around Wuhan Lab Were Closed in Mid-October

"Now, we need to go confirm that," Cotton continued. "We need to look at the data carefully. We

also need to try to use other means to verify if there were, in fact, shutdowns of roads around those labs in the middle of October. The Chinese Communist Party could obviously help us with that if they would open up and allow us to investigate what happened in Wuhan. But if it is confirmed that roads around that lab were shut down for a number of days in mid-October, it is highly coincidental that there was a major shutdown of those roads at about the time one might have expected this virus to first get transmitted to humans, whatever the origins may have been. But this would be another piece of circumstantial evidence that there was some kind of accident or outbreak from those labs, not from the seafood market or anywhere else. That's why it's so

```
nepoman 9 июня 2020 в 11:48
```

important we get to the bottom of this data."

0

eadaily. com/ru/news/2020/05/15/gruziya-v-opasnoy-igre-tranzit-virusov-i-prognoz-epidemiy-pod-egidoy-ssha

↓ Lofer 9 июня 2020 в 21:05

+1

Докинем «на вентилятор» разного...

Загруженность парковок намекнула на появление COVID-19 минувшим летом. К такому выводу пришли учёные, изучив данные о трафике около больниц в китайском Ухани.

KonkovVladimir 10 июня 2020 в 05:42

0

не только парковок, если читать первоисточник из гарвардского университета — Analysis of hospital traffic and search engine data in Wuhan China indicates early disease activity in the Fall of 2019, то якобы увеличение поисковых запросов со словом **ДИАРЕЯ**.
Причем пик поисковых запросов совпадает с пиком эпидемии, а увеличение количества поисковых запросов наблюдалось уже в октябре.

Диарея является одним из симптомов коронавирусной инфекции.

kraidiky 10 июня 2020 в 21:32

0

С каких это пор диарея стала симптомом короновирусной инфекции? Да ещё на столько частым, чтобы загрузить парковки у больниц. У меня вся семья короновирусом болела, родители жены и ещё во фредленте человек пять болело. И ни у одного никаких симптомов со стороны ЖКТ не было вообще, не то что диареи.

KonkovVladimir 11 июня 2020 в 04:48

0

С каких это пор диарея стала симптомом короновирусной инфекции?

С самых первых пор — A familial cluster of pneumonia associated with the 2019 novel coronavirus indicating person-to-person transmission: a study of a family cluster И этом январском исследовании диарея отмечена как один из симптомов в семейном кластере.

Теперь достоверно известно, что диарея является одним из симптомов COVID-19 — 9ксперт: тошнота, рвота и диарея могут быть первыми симптомами коронавируса, Diarrhea and Other Confirmed Gastrointestinal Symptoms of COVID-19

Да ещё на столько частым, чтобы загрузить парковки у больниц.

Диарея увеличила количество поисковых запросов со словом ДИАРЕЯ

kraidiky 15 июня 2020 в 17:34

•

Очень неожиданно, но возможно всем нам просто так невероятно повезло с симптомами.

Но и тем, кто искал какое угодно подтверждение, что в это же время в китае могло случиться обострение какого-нибудь ротовируса или просто повар в ресторанчике плохо руки помыл, или ковид сбежал из военной лаборатории на пол года раньше. Такого рода аргументы проверку на «мёртвого лосося» не пройдут никогда, а значит это относится не к области научного знания, а скорее к области «учёный изнасиловал журналиста».

red75prim 15 июня 2020 в 18:36

0

значит это относится не к области научного знания, а скорее к области «учёный изнасиловал журналиста».

Не всё, что не относится к научному знанию, подходит под вторую категорию. Применение научного метода очень проблематично в условиях, когда изучению явления противодействуют или влияют на процесс исследования с целью исказить результат. Здесь больше подойдёт не научный метод, а методы разведывательных управлений. "И если в нашем доме вдруг завоняло серой..." и так далее. Впрочем, всё это делают специально обученные люди, обязанные не делиться своими соображениями с широкой публикой.

KonkovVladimir 15 июня 2020 в 19:07

0

в это же время в Китае могло случиться обострение какого-нибудь ротовируса или просто повар в ресторанчике плохо руки помыл...

или рептилойды направили на Ухань лучи поноса... но Старик Оккам говорит, что не надо придумывать лишние сущности в виде

«какого-нибудь ротовируса, не обнаруженного ни у одного из пациентов» или «никем незамеченного повара, не мывшего руки», когда известных всем сущностей в виде лаборатории в Уханьском Институте вирусологии вполне достаточно для объяснений случившегося.

kraidiky 21 июня 2020 в 22:42

О
 Погуглите про эффект мёртвого лосося. Несколько контринтуитивно, но в

red75prim

эпоху больших данных Оккам немножко устарел, и пришлось вводить понятие статзначимость без которого любое современное исследование — пусня про того самого лосося.

0

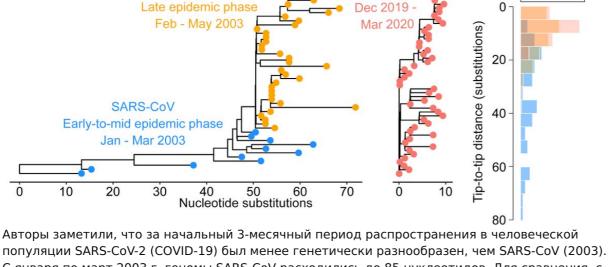
Удалил. Не посмотрел контекст.

22 июня 2020 в 11:14

KonkovVladimir 12 июня 2020 в 08:04

+1Интересное наблюдение сделано в препринте — SARS-CoV-2 is well adapted for humans. What does this mean for re-emergence?

A SARS-CoV SARS-CoV-2 B % pairwise comparisons 0 50



С января по март 2003 г. геномы SARS-CoV расходились до 85 нуклеотидов. Для сравнения, с декабря-марта 2020 года геномы SARS-CoV-2 расходятся на 15-25 нуклеотидов. Обратив внимание на белок «шипа» SARS-CoV, который связывается с рецептором хозяина (ACE2), чтобы обеспечить проникновение в клетку, можно увидеть многочисленные адаптивные мутации, которые развивались и в конечном итоге вирусы с этими мутациями доминировали на поздней фазе эпидемии. Напротив, большинство не синонимичных мутаций белке «шипа» SARS-CoV-2 разбросаны по гену, и, как сообщалось, не дают адаптивного эффекта. Несмотря на то, что на сегодняшний

день инфицировано по меньшей мере 3,3 миллиона человек, нет никаких признаков появления более вирулентного штамма.

В конечном итоге эти наблюдения позволяют предположить, что к тому времени, когда SARS-

CoV-2 (COVID-19) был впервые обнаружен в конце 2019 года, он уже был предварительно адаптирован для передачи от человека к человеку — в большей степени чем ранние штаммы вируса SARS-CoV.

Чтобы извлечь уроки из прошлого и предотвратить повторное появление SARS-CoV-2 из, до сих пор, неопознанного источника, крайне важно рассмотреть все маршруты, по которым SARS2

мог бы адаптироваться к передаче от человека к человеку. Было бы опасно, если бы в природе или лаборатории существовал резервуар адаптированного к человека вируса SARS-COV-2.

- Никакие убедительные доказательства не подтверждают и не исключают какую-либо из следующих причин высокой адаптации вируса:

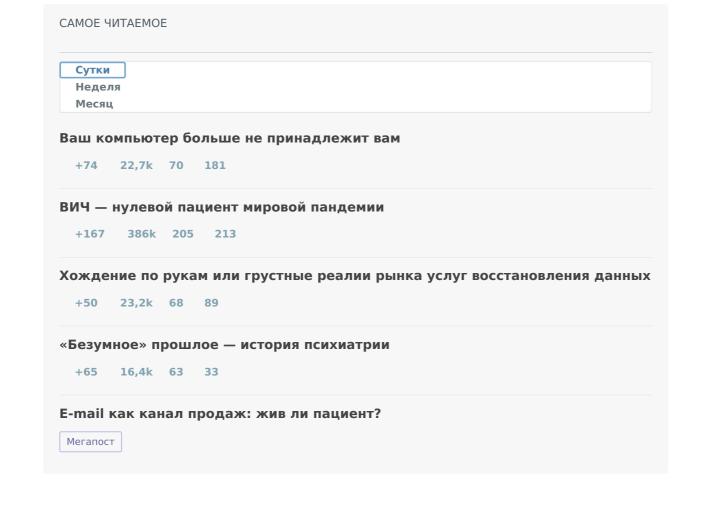
 1. SARS2 проник в человеческую популяцию и циркулировал незамеченным, адаптируясь к
- человеку

 2. SARS2 был адаптирован для человека в популяции другого вида, контактирующего с человеком
- 3. SARS2 был адаптирован в лаборатория на клеточных культурах человека.

людей или в лаборатории, мы должны принять меры предосторожности против каждого сценария, чтобы предотвратить повторную передачу вируса человеку. Особенно, если пул адаптированных к человеку SARS-CoV-2 предшественников все еще существует.

Без доказательств, исключающих адаптацию SARS-CoV-2 у промежуточного хозяина,

Только полноправные пользователи могут оставлять комментарии. Войдите, пожалуйста.



Войти Регистрация Разделы Публикации Новости Хабы Компании Пользователи Песочница Информация Устройство сайта Для авторов Для компаний Документы Соглашение Конфиденциальность Услуги Реклама Тарифы

Ваш аккаунт

Настройка языка
О сайте
Служба поддержки

Мобильная версия

© 2006 – 2020 «**Habr**»

Контент Семинары Мегапроекты

Мерч

