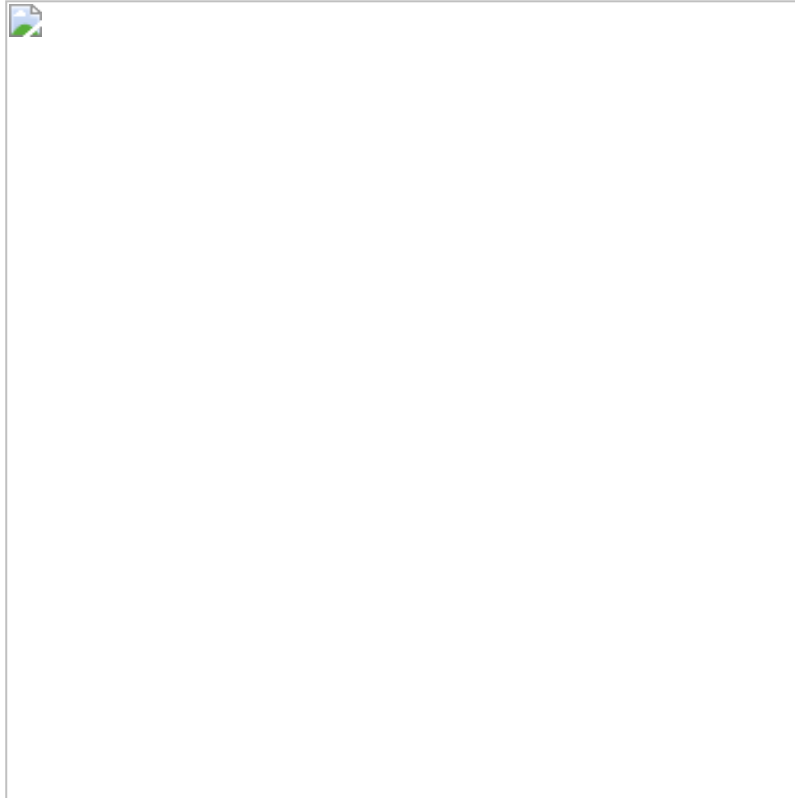


Nepřirozený původ Covidu a jeho variant, Paul Craig Roberts – The Unz Review

unz.com/proberts/unnatural-origins-of-covid-and-its-variants

Paul Craig Roberts

September 15, 2023



4. září jsem oznámil, že japonští vědci zkoumali Covid a jeho varianty a zjistili, že všechny jsou výtvořiny Laboratoře.

<https://www.paulcraigroberts.org/2023/09/04/japanese-scientists-find-that-covid-19-and-all-of-the-variants-are-laboratory-creations/>

Tento objev vyvolává nebezpečné a znepokojivá otázka, proč laboratoř produkuje viry, kterými infikuje lidi.

Kontaktoval jsem vědce, který se podílel na studiu původního SARS, aby vyhodnotil a vysvětlil zprávu japonských vědců. Jeho vysvětlení je níže. Pro neprofesionály je to náročné sledovat, ale méně než samotná japonská studie. Jak chápu zjištění, je to absence synonymních mutací ve variantách, která odhaluje, že Covid a jeho varianty jsou výtvořiny laboratoře.

Mám podezření, že japonská studie bude potlačena a že každý americký nebo západní vědec, který by se pustil do tohoto šetření, by byl odříznut od výzkumných fondů a jeho kariéra by byla

ukončena.

Nepřirozený původ Covidu a jeho variant

Marc G. Wathelet, Ph.D.

Původ SARS-CoV-2, etiologického agens COVID-19, zůstává kontroverzní i více než 3 roky po jeho identifikaci. Je tento virus produktem přirozené zoonotické události na masném trhu ve Wu-chanu nebo pochází z laboratoře pracující na koronavirech? Tyto dvě hypotézy jsou v současné době nevyřešené, ale nedávná předtisková příprava vrhá na problém mnoho světla a vyvolává některé znepokojivé otázky.

Tento předtisk „Nepřirozenost v evolučním procesu variant SARS-CoV-2 a možnost záměrného přírodního výběru“ (<https://zenodo.org/record/8216373>), od Atsushi Tanaky a Takayuki Miyazawy z lékařské a farmaceutické univerzity v Osace a z Kjótské univerzity, byl napsán pro vědce. Zde je pokus o zpřístupnění jejich zjištění širšímu publiku.

Jejich analýza variant Omicron je vedla k závěru, že „formace části izolátů Omicron BA.1, BA.1.1 a BA.2 nebyly produkty evoluce genomu, jak je běžně pozorováno v přírodě“. Jak došli k tak překvapivému závěru? Svou práci zahájili analýzou sekvence proteinu Spike z řady izolátů viru.

Protein je řetězec aminokyselin, který se skládá do 3D struktury a je to sekvence aminokyselin v tomto řetězci a tvar této struktury, které určují biologickou aktivitu proteinu. V případě Spika jsou hlavní biologické aktivity navázání na receptor na buněčném povrchu a umožnění fúze buněčné a virionové membrány, což vede ke vstupu virové RNA do buňky.

Sekvence aminokyselin v proteinu je určena sekvencí mRNA, která jej kóduje. Tento řetězec aminokyselin je produkován specializovaným mechanismem v našich buňkách, ribozomem, který převádí genetickou informaci obsaženou v nukleotidové sekvenci mRNA do sekvence aminokyselin.

V sekvenci mRNA jsou čtyři nukleotidy, A, C, G a U, a v proteinech je 20 aminokyselin. Jak se dostaneme ze 4 nukleotidů na 20 aminokyselin? Vstupuje do genetického kódu, objasněného na počátku šedesátých let. Sekvence mRNA se čte v tripletech nukleotidů, nazývaných kodony. Protože všechny 3 pozice tripletu mohou být kterékoli ze 4 nukleotidů, existuje $4 \times 4 \times 4$ možných kodonů, tedy celkem 64 kodonů.

V genetickém kódu je určitá degenerace, daná aminokyselina může být kódována 1, 2, 3, 4 nebo 6 kodony. Například aminokyselina glycin může být kódována těmito čtyřmi kodony: GGA, GGC, GGG a GGU, což nás přivádí ke klíčovému konceptu, synonymní a nesynonymní mutace. Genetické sekvence se přirozeně mění v průběhu času, specifické nukleotidy se mění, nebo jsou deletovány nebo vkládány, nazývají se mutace vzhledem k původní sekvenci. Zejména RNA viry jsou náchylné k rychlým mutacím.

Když je 3. nukleotid v tripletu kódujícím glycin nahrazen jakýmkoli jiným nukleotidem, kódovaná aminokyselina bude stále glycin, nazývá se to synonymní mutace. Pokud je však kterýkoli z prvních dvou nukleotidů modifikován, produkovaná aminokyselina bude odlišná, jedná se tedy o nesynonymní mutaci. Vzhledem ke genetickému kódu bude o něco méně než čtvrtina náhodných mutací synonyma.

Když je mutace synonymní, aminokyselina se nezmění a tím není ovlivněna aktivita proteinu. U nesynonymních mutací může být efekt změněné aminokyseliny pro funkci proteinu nepříznivý, neutrální nebo příznivý. Většina nesynonymních mutací negativně ovlivňuje výkonnost proteinu, protože proteinová sekvence je již produktem dlouhé evoluce selekcí vhodných aminokyselin.

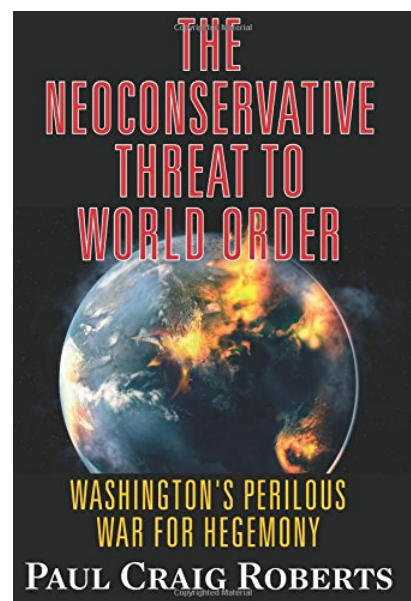
V případě viru jsou nepříznivé mutace znevýhodněny a rychle eliminovány, jedná se o negativní selekci, naopak příznivé mutace mají konkurenční výhodu oproti žádným nebo neutrálním mutacím. Například mutace, které by zvýšily afinitu Spika k jeho buněčnému

receptoru, jsou příznivé a jsou pozitivně selektovány. Po tomto základním úvodu do molekulární biologie jsme nyní schopni porozumět datům prezentovaným japonskými výzkumníky. Zkoumali 3 linie Omicron, BA.1, BA1.1 a BA.2. Ve srovnání s původním kmenem Wuhan má BA.1 50 změn aminokyselin, z nichž 39 bylo nalezeno u Spikea, což je protein dlouhý 1 273 aminokyselin, ze 14 149 aminokyselin kódovaných virem. Očekává se, že u Spika je ve srovnání se zbytkem genomu nalezeno více mutací, a to kvůli omezením proti změně zachování funkce replikačního aparátu (11 501 aminokyselin) a selektivnímu tlaku na Spikea, aby lépe interagoval s jeho receptorem.

Omicron BA.2, identifikovaný méně než 2 týdny po BA.1, má 31 aminokyselinových změn ve srovnání s kmenem Wuhan v Spike, z nichž 14 je sdíleno s BA.1. Je podivné, že tyto rané sekvence Omega Spike mají jednu synonymní mutaci a 39 nebo 31 nesynonymních mutací pro linie BA.1 a BA.2, v daném pořadí. Tento poměr synonymní a nesynonymní mutace je jasně abnormální, protože se očekává, že ~24 % náhodných mutací bude synonymních a obecně neexistuje žádný selektivní tlak pro nebo proti synonymní mutaci.

Naproti tomu bezprostřední potomci BA.1, jako je BA.1.1, BA.1-0.1 a BA.1-0.2 mají 23 synonymních mutací a BA.2-01, bezprostřední potomek BA.2, má 21 synonymních mutací. mutace, ale žádné nové nesynonymní mutace. Je známo, že synonymní mutace se pravidelně hromadí v průběhu času a poskytují jakési evoluční hodiny, zatímco akumulace nesynonymních mutací je funkcí jejich přínosu pro replikaci viru.

Linie BA.1 a BA.2 musí sdílet společného předka vzhledem k jejich 14 identickým nesynonymním mutacím a jedné synonymní mutaci v Spikovi a od



doby jejich divergence musí uplynout mnoho měsíců, aby se nashromáždilo dalších 25 resp. 17 nesynonymních mutací, resp. Přesto se během té doby, asi 8-10 měsíců, nevyskytla ani jedna synonymní mutace v žádné linii, což je jasně neslučitelné s přirozenou evolucí a s pozorováním, že jejich bezprostřední potomci ukrývali přes dvacet synonymních mutací ve své Spike sekvenci. A co dřívější varianty? Ve srovnání s původním kmenem Wuhan měla varianta Alpha 10 nesynonymních mutací u Spika, Beta měla 10, Gamma měla 12, Delta měla 11 a Mu měla 9, ale překvapivě žádná z těchto variant neměla u Spika žádnou synonymní mutaci. Taková pozorování jsou v historii přirozené evoluce virového genomu bezprecedentní.

Zpátky k liniím Omicron výzkumníci zkoumali databáze a hledali bezprostřední předchůdce BA.1 a BA.2. Aby toho dosáhli, začali tím, že vrátili jednu z každé změněné aminokyseliny zpět na původní v sekvenci Wuhan a použili program pro srovnání, aby našli dokonalé shody v databázích. Podle evoluční teorie by se dalo očekávat, že najdeme varianty, kde jedna, dvě, tři a více změněných aminokyselin odpovídá původní sekvenci Wuhan.

Takové lezení zpět z evolučního stromu by identifikovalo cestu od společného předka k BA.1 a BA.2, přičemž by postupně narůstaly další změny v jejich aminokyselinové sekvenci, ale to není to, co pozorovali. Překvapivě našli 100% shodu pro 38 z 39 jednotlivých reverzních aminokyselin linie BA.1. Podobně našli perfektní shodu pro 29 z 31 reverzí nalezených v linii BA.2.

Tyto výsledky nemohou být více neslučitelné s evoluční teorií, kde očekáváme progresivní akumulaci změn v aminokyselinových sekvencích, a ne to, co je zde pozorováno, 38 a 29 kandidátů jako bezprostředních prekurzorů linií BA.1 a BA.2, v tomto pořadí.

Je možné, že některé z těchto sekvencí by mohly být tím, co je známé jako přirozené revertanty, kde nová mutace obnoví mutovanou aminokyselinu zpět do její původní identity. Nicméně, takové vzácné reverzní události by vyžadovaly astronomický počet

sekvencí, které by byly sondovány, aby je všechny detekovaly, a omezený počet sekvencí přítomných v databázích tuto možnost vylučuje.

Jak tedy vysvětlíme tato pozorování? Molekulární biolog rozpozná tento vzor mutantů jako vzor klasického experimentu, kde je účinek specifických mutací systémově analyzován, jedna po druhé.

Alternativní hypotézy, založené na přirozeném vývoji, nepřicházejí v úvahu.

Nejšetrnější hypotéza, která zodpovídá za pozorování uváděná Tanakou a Miyazawou, je ta, že linie Omicron BA.1 a BA.2, stejně jako všechny jejich jednotlivé aminokyselinové revertanty nalezené v databázích, jsou speciálně navrženy a vytvořeny laboratorními produkty.

Navíc hrubě abnormální nerovnováha mezi synonymními a nesynonymními mutacemi nalezenými v liniích Omicron BA.1 a BA.2 je také nalezena ve variantách Alpha, Beta, Gamma, Delta a Mu, z nichž každá má asi 10 nesynonymních mutací. ale žádné synonymní změny v nukleotidové sekvenci. Protože pravděpodobnost takového mutačního vzoru je mimořádně nízká, je obtížné uniknout závěru, že tyto varianty jsou s největší pravděpodobností také laboratorními výtvary.

Důsledky těchto zjištění na původ SARS-CoV-2 budou jistě hluboce znepokojivé.