19. března 2020

**Vědci zjistili, že nový koronavirus (SARS-CoV-2) způsobující onemocnění COVID-19, má přirozený původ!**

**Analýza genomů SARS-CoV-2 a příbuzných koronavirů nepřinesla žádný důkaz, že by byl virus vyroben v laboratoři nebo byl jinak uměle upraven.**

*Nový koronavirus SARS-CoV-2, který se objevil v čínském městě Wuhan v loňském roce a od té doby způsobil rozsáhlou epidemii onemocnění COVID-19 ve více než 70 zemích po celém světě, je podle vědeckých výsledků produktem přirozené evoluce. Tyto výsledky byly zveřejněny 17. března 2020 týmem vědců z USA, Velké Británie a Austrálie v časopise Nature Medicine.*

„*Porovnáním genomových sekvencí různých dostupných kmenů koronavirů jsme zjistili, že SARS-CoV-2 je výsledkem přirozených evolučních procesů*,“ uvedl docent Kristian Andersen, imunolog a mikrobiolog z institutu Scripps Research z USA a rovněž hlavní autor publikace.

Koronaviry jsou velká rodina obalených RNA virů, které mohou způsobovat závažná onemocnění člověka. Prvním nebezpečným onemocněním způsobeným koronaviry byl SARS (z [angl](https://cs.wikipedia.org/wiki/Angličtina). *Severe Acute Respiratory Syndrome,* česky těžký akutní respirační syndrom), který se objevil v roce 2002 v Číně. Druhým onemocněním byl MERS (odborně MERS-CoV – *Middle East Respiratory Syndrome Coronavirus),* který se objevil v roce 2012 v Saúdské Arábii.

31. prosince 2019 čínské úřady upozornily Světovou zdravotnickou organizaci na propuknutí nové epidemie způsobené koronaviry. Jednalo se o vážné onemocnění dýchacích cest, které bylo následně pojmenováno COVID-19 a jehož původcem byl nový koronavirus pojmenovaný SARS-CoV-2. Ke dni 20. února 2020 bylo zdokumentováno téměř 167 500 případů onemocnění COVID-19, ačkoli mnoho dalších mírných případů pravděpodobně nebylo diagnostikováno. Virus doposud zabil přes 6 600 lidí.

Krátce po zahájení epidemie čínští vědci sekvenovali genom SARS-CoV-2 a zpřístupnili data vědcům po celém světě. Epidemii se podařilo odhalit hned zpočátku, bylo zjištěno, že počet případů COVID-19 se rapidně zvyšuje díky přenosu z člověka na člověka. Dále zmapovali, že zdrojem nákazy bylo jediné zavlečení viru do lidské populace, tedy nešlo o opakovanou nákazu z více zdrojů.

Vědci vedení doc. Andersenem analyzovali tato data, aby zjistili původ a evoluci SARS-CoV-2. V analýzách se vědci zaměřili především na dvě specifická místa v ve virovém S proteinu, který umožňuje úspěšný průnik do hostitelské buňky. Za prvé šlo o receptor vážící doménu (RBD) odpovědnou za vazbu viru na receptor cílových buněk. Za druhé pak o „místo štěpení“, které musí být rozpoznáno a štěpeno enzymy hostitele, čímž je virový protein aktivován ke vstupu do buněk.

**Důkazy o přirozené evoluci**

**Na základě analýz genomových sekvencí dosud známých koronavirů je zřejmé, že nový koronavirus je nejvíce příbuzný s koronavirem z netopýrů (CoV RaTG13). I přes příbuznost k netopýřímu viru se RBD nového koronaviru velmi účinně váže na lidskou formu receptoru ACE2, který se nachází na vnější straně plicních buněk. Oproti tomu ostatní dosud známé koronaviry patogenní pro člověka, využívají k vazbě na lidský ACE2 odlišnou RBD. „Nová“ RDB SARS-CoV-2 je zjevně unikátním výsledkem přirozené selekce, ke které došlo u původně netopýřího viru, a to buď v lidském hostiteli nebo ve zvířecím hostiteli s ACE2 receptorem podobným tomu lidskému. Podobné znaky vykazuje také druhá zkoumaná struktura – místo štěpení. Očividně tedy SARS-CoV-2 není produktem genetického inženýrství, ale výsledkem spontánních evolučních procesů.**

**Vědci dále argumentují, že pokud by byl SARS-CoV-2 záměrně vytvořen, byl by odvozen od dobře charakterizovaných a v laboratořích běžně pěstovaných koronavirů (tj. vykazoval by celogenomovou příbuznost např. k lidskému SARS-CoV). K účinnému vstupu do lidské buňky by pak byla použita známá funkční řešení (např. RBD koronavirů patogenních pro člověka s příp. jednoduchými zásahy pro zvýšení účinnosti).**

„*Tyto dva rysy viru, tedy specifické mutace v RBD části bílkoviny a odlišná molekulární struktura, vylučují laboratorní manipulaci jako potenciální původ onemocnění COVID-19,*“ dodává Andersen.

Možný původ viru

**Na základě genomových analýz došel Andersen a jeho spolupracovníci k závěru, že na stole leží dva pravděpodobné scénáře o původu viru...**

V prvním scénáři se virus vyvinul do svého současného patogenního stavu přirozenou selekcí ve zvířecím hostiteli a poté „přeskočil“ na člověka. Takto se objevila předchozí ohniska koronavirů, kdy se lidé nakazili po přímé expozici pravděpodobně cibetkám (onemocnění SARS) a velbloudům (MERS). Vědci jako nejpravděpodobnější rezervoár SARS-CoV-2 označili netopýry, protože genom těchto koronavirů je mu nejpodobnější. Nicméně neexistují žádné zdokumentované případy přímého přenosu z netopýrů na člověka, což naznačuje, že mezi netopýry a lidmi byl pravděpodobně další mezihostitel. V tomto scénáři by se oba charakteristické rysy SARS-CoV-2 (tedy RBD, která se váže na buňky a místo štěpení, jehož prostřednictvím je virus aktivován), vyvinuly do svého současného stavu před překonáním mezidruhové bariéry, tj. před vstupem do člověka. V tomto případě by se současná epidemie pravděpodobně objevila velmi rychle, jakmile by se virus dostal k lidem, protože virus by již měl hotový klíč, díky kterému je patogenní a může se rychle mezi lidmi šířit.

V dalším navrhovaném scénáři nepatogenní verze viru nejprve „přeskočila“ ze zvířecího hostitele na člověka a teprve poté se přizpůsobila do jeho současného patogenního stavu v lidské populaci. Například některé koronaviry z luskounů a jiných savců z Asii a Afriky, mají strukturu RBD velmi podobnou struktuře SARS-CoV-2. Koronavirus by tak z luskounů mohl být pravděpodobně přenesen na člověka, buď přímo, nebo prostřednictvím mezihostitele, jako jsou cibetky nebo fretky. Poté by se další specifické struktury pro SARS-CoV-2, vyvinuly přímo v lidech, pravděpodobně během omezeného nedetekovaného oběhu v lidské populaci těsně před začátkem epidemie. Vědci rovněž zjistili, že místo štěpení SARS-CoV-2 se zdá být podobné místům štěpení kmenů ptačí chřipky, u kterých bylo prokázáno, že se snadno přenášejí mezi lidmi. COVID-19 se tak mohl vyvinout v lidských buňkách a pak se mohl začít rychle šířit a zahájit tak současnou pandemii.

Spoluautor studie Andrew Rambaut z Univerzity v Edinburghu vysvětluje, že je obtížné, ne-li nemožné zjistit, který ze dvou scénářů je pravděpodobnější. Upozorňuje však, že pokud by SARS-CoV-2 vstoupil do člověka v jeho současné patogenní formě ze zvířecího zdroje, zvyšuje se pravděpodobnost budoucích ohnisek, protože kmen viru způsobující nemoc by stále mohl cirkulovat v populaci zvířat a mohl by znovu „přeskočit“ na lidi. Šance na to, že nepatogenní koronavirus znovu vstoupí do lidské populace, kde se vyvinou vlastnosti podobné SARS-CoV-2, jsou nižší.

Financování výzkumu poskytly americké národní zdravotnické ústavy, charitativní společnosti Pew, Wellcome Trust, Evropská rada pro výzkum a australské laureátské stipendium ARC.

**Překlad a úprava ze zdroje:**

ScrippsResearch Institute. "COVID-19 coronavirusepidemic has a natural origin." ScienceDaily. ScienceDaily, 17 March 2020. <www.sciencedaily.com/releases/2020/03/200317175442.htm>.

**Originální publikace:**

Kristian G. Andersen, Andrew Rambaut, W. Ian Lipkin, Edward C. Holmes, Robert F. Garry. **The proximal origin of SARS-CoV-2**. *Nature Medicine*, 2020; DOI: [10.1038/s41591-020-0820-9](http://dx.doi.org/10.1038/s41591-020-0820-9)

Zhou, P., Yang, X., Wang, X. *et al.* **A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin.** *Nature,* 2020; <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2012-7>

***Kontakty:***

*Český překlad a úpravu textu zpracovali vědci z* ***Ústavu biologie obratlovců AV ČR, v. v. i.*** *(níže jsou uvedeni dle abecedního pořadí):*

* **Mgr. Dagmar Čížková, Ph.D**., detašované pracoviště Studenec, molekulární biologie a genetika, [dejsha@seznam.cz](mailto:dejsha@seznam.cz),
* **Mgr. Alena Fornůsková, Ph.D.**, detašované pracoviště Studenec, koevoluce patogenů s hostiteli, [fornuskova@ivb.cz](mailto:fornuskova@ivb.cz),
* **Dr. Joëlle Goüy de Bellocq**, detašované pracoviště Studenec, koevoluce patogenů s hostiteli, [joellegouy@gmail.com](mailto:joellegouy@gmail.com),
* **Mgr. Klára J. Petrželková, Ph.D.**, pracoviště Brno, primatologie a ekologie infekčních onemocnění, [petrzelkova@ivb.cz](mailto:petrzelkova@ivb.cz), 608 560 733
* **doc. RNDr., Ivo Rudolf, Ph.D.**, vedoucí pracoviště Valtice, zoonózy a emergentní nákazy, [rudolf@ivb.cz](mailto:rudolf@ivb.cz), 605 530 593
* **doc. Mgr. Jan Zukal, DR. MBA**, ředitel ústavu, ekologie netopýrů, [zukal@ivb.cz](mailto:zukal@ivb.cz), 777 201 776