

2019新型冠狀病毒和SARS一樣，對人體的親和力很強。圖為北京軍事醫學科學院和中科院1月21日發表的該病毒刺突蛋白（S蛋白）與人ACE2結合的預測模型。（圖：中科院《中國科學：生命科學》期刊）

【美麗日報2020年01月29日訊】2019新型冠狀病毒給全世界帶來空前的公共健康危機，中共官方公佈的全國確診和死亡人數也陡然上升。本月18日路德社首次爆料，指中共直接把Sars的刺突蛋白重組給軍方的蝙蝠病毒，使之獲得入侵人體的通行證；隨後「郭媒體」連發報導，其中包括一份「證據摘要」（中譯文附後）。

中共官方專家鍾南山20日首次公開承認病毒人傳人，此後官方宣傳著力於武漢「華南海鮮市場」，然而，32公里外的武漢P4實驗室已無可避免地處於輿論的漩渦。它是新型冠狀病毒的真正源頭嗎？如果回答是肯定的，這是洩露事故，還是生物戰？海外病毒學家的研究解讀還在深入。

在郭媒體之外，澳洲、希臘的專家近日相繼公佈基因比對的發現。希臘研究指，新病毒序列中有一部分與已知的所有冠狀病毒「不協調」。美國哈佛大學資深流行病專家費格丁（Eric Feigl-Ding）博士日前說，「海鮮市場不是故事的全部」；同時強調，「新型病毒變異性高，控制難度很大。」

## 郭媒體：新型冠狀病毒是實驗室重組的軍方蝙蝠病毒

### 1. 新型冠狀病毒v.s.軍方舟山蝙蝠病毒，「包膜蛋白」序列100%一致，自然演化幾乎不可能。

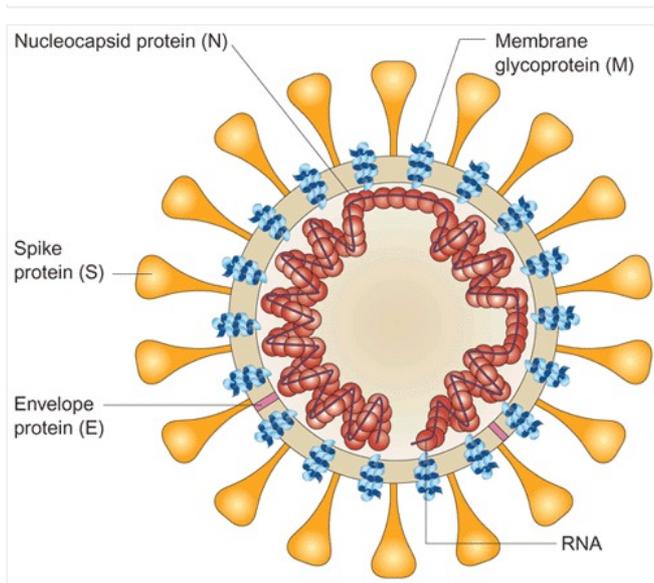
爆料革命發起人郭文貴的郭媒體25日發表的「證據摘要」指，以南京軍區軍事醫學研究所為主的學者於2017至2019年間先後發表中英文論文，宣佈在舟山蝙蝠身上發現2019新型冠狀病毒——舟山蝙蝠類SARS冠狀病毒（下簡稱舟山蝙蝠病毒；該病毒屬南京軍方，又稱南京病毒）。

中國疾病控制中心（CDC）本月三次向美國國立衛生院（NIH）上傳2019新型冠狀病毒的基因組測序，前兩次數據均有錯誤。病毒專家對中共12日第三次提交的基因組序列進行基因比對（BLAST），發現2019新型冠狀病毒和舟山蝙蝠病毒整體相似度超高，包膜蛋白（envelop protein，簡稱E蛋白）序列更是100%一致。

摘要引述病毒專家觀點，包膜蛋白雖然結構穩定，但兩種跨物種的冠狀病毒要經過自然演化保持包膜蛋白完全相同，可能性幾乎為零。

### 2. 新型冠狀病毒與SARS病毒「刺突蛋白」3D結構相同，人際轉播力很強，僅4個關鍵蛋白被替換。

本月21和23日，北京軍事醫學科學院藥理毒理研究所和中國科學院，及武漢病毒研究所P4實驗室石正麗研究團隊先後發表論文，提出了相似的「重大突破」，即新型冠狀病毒表面的刺突蛋白與人體親和力很強，這點跟SARS病毒非常像。（SARS病毒的結構可用下圖說明。）



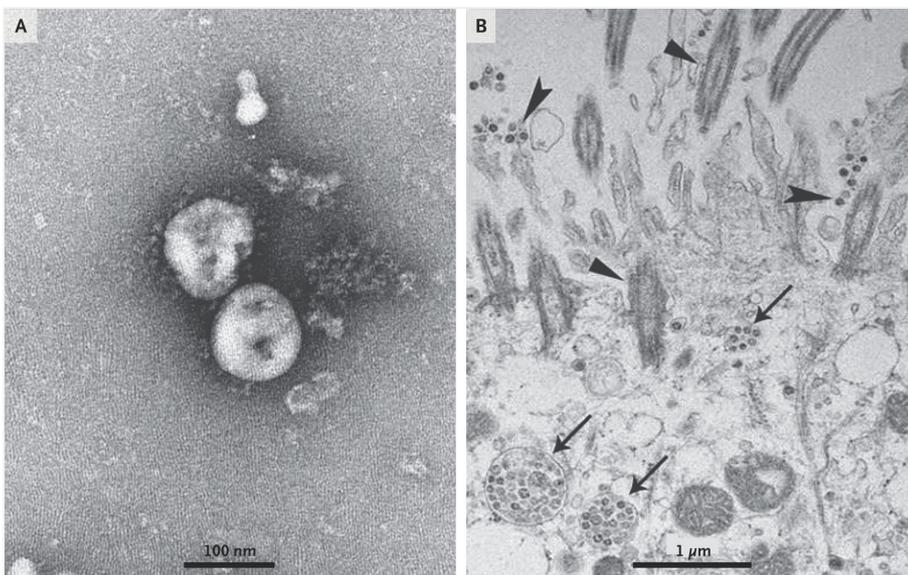
刺突蛋白（spike protein，又稱棘突蛋白、棘蛋白或S蛋白）是病毒包膜的醣蛋白，病毒就是借此構造來感染人體。研究提出，新型冠狀病毒通過刺突蛋白的受體結合域（RBD）進入宿主細胞，可與人類受體「血管緊張素轉換酶2」（ACE2）穩定結合，使病毒融入人體。新型冠狀病毒與SARS病毒RBD的3D結構幾乎相同，使之具備類似SARS的強大人際傳播力。

而新型冠狀病毒也替換掉了SARS病毒中刺突蛋白5個位點的氨基酸殘基中的4個，這5個位點正是決定SARS病毒跨物種和人際傳播的關鍵。

「證據摘要」認為，蝙蝠冠狀病毒無法傳給人，更不是人傳人的病毒，新型冠狀病毒以此為基礎，結合Sars病毒中刺突蛋白的3D結構，又對其決定人際傳染力的關鍵蛋白進行「精準替換」，這種「突變」要通過自然變異發生，幾乎不可能。香港蝙蝠生態學專家艾加里（Gary Ades）博士近日受訪時也呼應了這種觀點。

**3. 新病毒測序時間超短。**中國CDC於1月17日間上傳對2019新型冠狀病毒的第三個完整測序，距去年12月8日報導武漢首例未知病毒引起的肺炎僅過了一個月，比起2002—2003年SARS病毒測序用5個月、2014年埃博拉病毒測序用半年，時間短得驚人。且2019新型冠狀病毒的基因組有29,903個鹼基，多於SARS的29,727個。

**4. 病毒樣本有較新的共同祖先。**美國健康類新聞網站STAT 24日報導，任職於加州病毒基因組研究機構「斯克里普斯研究所」（Scripps Research）的分子生物學家克里斯蒂安·安德森（Kristian Andersen）提示，中共提交的來自武漢、泰國、深圳等地24個樣本的基因組非常一致，「顯示出非常有限的遺傳變異」，「表明所有這些病毒株都具有相對較新的共同祖先」。



電子顯微照片，左：分離出的2019新型冠狀病毒（2019-nCoV）粒子，右：人體呼吸道細胞中的2019新型冠狀病毒（標有箭頭）。（圖：THE NEW ENGLAND JOURNAL OF MEDICINE）

希臘流行病專家：新型冠狀病毒與所有冠狀病毒「不協調」

就在本週二（26日），生物學論文預印本服務器BioRxiv也發表希臘的最新研究，作者是雅典大學醫學院及國家公共衛生組織的5位學者。美國哈佛大學資深流行病專家費格丁（Eric Feigl-Ding）博士28日連發多條推文進行了歸納。

1) 從24日《柳葉刀》發表對武漢最初41例確診肺炎患者的觀察報告來看，「華南海鮮市場」顯然不是「故事的全部」。(該報告由中國、香港學者聯合提交，顯示最初兩天確診的4位病人中，包括第1位在內，有3位未接觸過海鮮市場。)

2) 該病毒不是由冠狀病毒經過近期隨機結合而產生的，有些部分與所有冠狀病毒都「不協調」。其基因組的序列中段是以往冠狀病毒中從未見過的，可對侵入宿主細胞的刺突蛋白進行編碼。

3) 新型冠狀病毒屬於RNA(核糖核酸)病毒，變異非常快，費格丁說，「從深圳同一家庭6位患者中分離出的冠狀病毒的RNA序列彼此都不同，表明病毒正在變異。這聽上去不好，暗示了控制這種病毒的難度。」

(中科院21日的論文稱，2019新型冠狀病毒屬於β屬冠狀病毒，是有包膜的單鏈RNA病毒，因此以無明顯症狀的感染更為常見。其高傳播速度和高突變率，提升了冠狀病毒跨物種和人際傳播的風險。)

費格丁強調，他不是在主張「陰謀論」——這需要證據來支持，但病毒源頭確實是懸而未決的問題；他也呼籲進行更多的調查研究。

### 澳洲分子生物學者：新型冠狀病毒的主要蛋白酶與SARS病毒最接近

此外，澳洲昆士蘭大學分子生物科學研究院研究員史多默(Martin Stoermer)19日在化學論文預印本服務器ChemRxiv上也發表論文，題目是「2019新型冠狀病毒3C樣蛋白酶的同源性模型」。他發現，雖然2019新型冠狀病毒的完整病毒基因組與蝙蝠冠狀病毒關係最密切，但就主要蛋白酶來說，關聯最密切的是SARS病毒，具96%同源性。

(據北京軍事醫學科學院與安徽醫科大學2016年論文，他們首次發現冠狀病毒3C樣蛋白酶普遍有誘導自噬的效應，這對研究人體天然免疫、開發抗病毒藥物有重要意義。)

### 附：2019新型冠狀病毒由實驗室製造的證據摘要

(英文原文刊於gnews.org，圖片請點上方超鏈接下載PDF觀看)

以南京軍區疾病預防控制中心(注：對外稱南京軍區軍事醫學研究所)為主的學者，於2017、2018和2019年先後發表中英文論文，宣布在舟山蝙蝠身上發現一種新的冠狀病毒，即舟山蝙蝠類SARS冠狀病毒(下簡稱舟山蝙蝠病毒)。

這意味著舟山蝙蝠病毒僅為中共軍方的實驗室所有。這些論文闡明，舟山蝙蝠病毒具有潛在的跨物種傳播能力，包括傳人的能力，還強調這對公共衛生具有重要意義。由南京軍區提供的某些舟山蝙蝠病毒菌株的全部基因組序列，發布在美國國立衛生院(NIH)的基因庫(Genbank)中(編號MG772844至MG772934)。(圖4、5)

2020年1月11日，中國疾病預防控制中心(CDC)發布了2019新型冠狀病毒的完整基因組序列，並於12日上傳到NIH的基因庫(編號MN908947.1)。14日，CDC未做通知而替換了該序列(編號MN908947.2)。17日，第二個版本又不知何故被替換為第三個版本(編號MN908947.3)。(圖6-7)

專家利用NIH提供的序列比對工具BLAST，對MN908947.2和MN908947.3完整基因組進行比對，結果顯示，舟山蝙蝠病毒是已知冠狀病毒中與新型冠狀病毒最為接近的病毒(和MG772933.1和MG772934.1樣本比對出的序列同源性分別為89.12%和88.65%，圖8)。

對病毒系統發生樹的分析表明，舟山蝙蝠病毒是2019新型冠狀病毒的「最近親」

(<https://nextstrain.org/groups/blab/sars-like-cov>，圖9)。在比對中共提交的2019新型冠狀病毒的第一個版本(MN908947.1)時，其序列中存在錯誤，影響了結果。

就最關鍵的蛋白質和片段，專家對2019新型冠狀病毒和基因庫中所有已知冠狀病毒進行了進一步的序列比對，結果仍然顯示新型冠狀病毒與舟山蝙蝠病毒具有最為顯著的同源性(相似度)。

• 刺突蛋白(spike protein，即S蛋白)，與兩株舟山蝙蝠病毒菌株(MG772934.1和MG772933.1)的同源性分別為80.32%和81.00%(圖10-12)。

- 核衣殼磷酸蛋白（Nucleocapsid Protein，簡稱NP），同源性為94.03%（圖13-15）。
- 包膜蛋白（Envelope protein，即E蛋白），同源性為100%（圖16-18）。
- ORF8片段（MG772933.1），同源性為94.21%（圖19-20）。
- 膜糖蛋白（Membrane glycoprotein），同源性為98.65%（圖21-22，MG77234.1）。
- RdRp聚合酶（或稱RNA複製酶）基因，同源性為95.75%（圖23-24）。

如南京軍方2018年發表的英文論文（註1）所述，對不同ORF的同源性分析顯示，蝙蝠冠狀病毒中的ORF8片段顯示出最低的同源性，與它的最近親只有60%的同源性（與2019新型冠狀病毒比對，則為94.21%，圖25）。

同樣，比對RdRp聚合酶（RdRp）基因的序列，採自世界各地的蝙蝠冠狀病毒樣本，彼此間有80%~90%的同源性，其與從人或靈貓身上提取的SARS病毒有87%~92%的同源性（與2019新型冠狀病毒比對，則為95.75%）。

與突變性很高的刺突蛋白相比，包膜蛋白更為穩定（註2）。然而，跨物種的2019新型冠狀病毒和舟山蝙蝠冠狀病毒，經過自然演化而保持100%相同的包膜蛋白，其可能性幾乎為零。

運用另一種工具Clustal Omega（註：歐洲生物信息研究所開發的「在線多序列比對排列工具」）來證實，結果表明，一株舟山蝙蝠冠狀病毒（MG772933.1）的包膜蛋白與2019新型冠狀病毒的同源性，比它和另一株舟山蝙蝠冠狀病毒（MG772934.1）的同源性更高，達到100%（圖26）。

1月21日，關於2019新型冠狀病毒的首篇論文發表在中國科學院一本期刊上（《中國科學：生命科學》，註3），作者來自北京藥理毒理研究所（屬於軍方）和中國科學院。論文提到，新型冠狀病毒的天然宿主可能是某些蝙蝠（未直接提及舟山蝙蝠冠狀病毒）。

論文摘要中強調研究獲得了「令人驚訝」的結果：與SARS冠狀病毒相比，新型冠狀病毒中刺突蛋白的受體結合域（RBD）5個位點的氨基酸殘基（442、472、479、487和491）中，有4個發生了變化（只有491和SARS一樣），但仍維持了原來的3D結構（構象），「非常完美的」支持與人類受體ACE2分子很強的互作。這意味著新型冠狀病毒可以與SARS冠狀病毒相同的方式感染人體呼吸道的上皮細胞（圖27）。

《中國科學：生命科學》1月21日刊發的論文截圖。（原文圖27）

值得注意的是，1月23日，另一篇內容相似的論文被上傳到生物學論文預印本服務器BioRxiv，該論文來自武漢病毒研究所的蝙蝠和SARS冠狀病毒著名專家石正麗的團隊（註4）。

從去年12月底以來，很多官方新聞和低質量學術文章都提示，沒有證據表明華南海鮮市場的野生動物是2019新型冠狀病毒的中間宿主（稍後將有詳細解釋）。因此可以假設，實驗室製造的新型冠狀病毒，是以舟山蝙蝠冠狀病毒（特別是MG772933.1）為基礎，針對人體ACE2基因，與SARS冠狀病毒中刺突蛋白的受體結合域（RBD）重組而來。

該病毒在實驗室的有限範圍內經過了體外和體內的適應與擴增，產生了具有有效受體結合域（RBD）的理想菌株——2019新型冠狀病毒，而其它可比對的保守序列則變化不大，甚至沒有任何變化（包膜蛋白）。

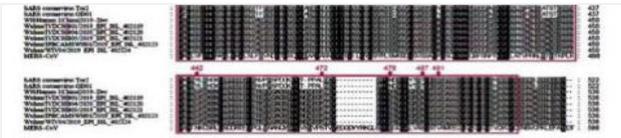
由於原種病毒在-80°C下保存在培養基中，在冰上緩慢融化可以更好地將病毒釋放到環境中。

根據郭文貴先生的說法，胸腺肽（Thymosin）在中國市場上已斷貨。胸腺肽在治療重症SARS和MERS冠狀病毒感染的治療中具有潛在的效用（註5）。

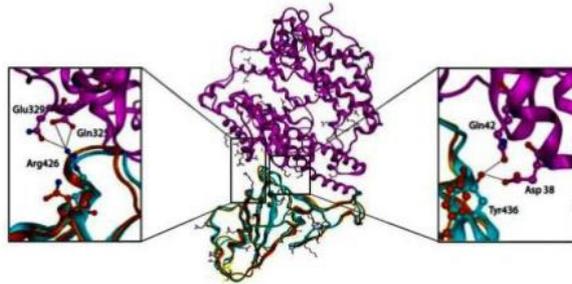
從疫情爆發之後的官方媒體報導及政府回應中獲得的更多證據，沒有寫在這份摘要中。

原文註釋：

1. Hu D, Zhu C, Ai L, He T, Wang Y, Ye F, et al. Genomic characterization and infectivity of a novel SARS-like coronavirus in Chinese bats. *Emerg Microbes Infect.* 2018;7(1):154.



为了分析清楚这个问题，文章作者利用分子结构模拟的计算方法，对武汉冠状病毒S-蛋白和人ACE2蛋白进行了结构对接研究，获得了令人惊讶的结果。虽然武汉冠状病毒S-蛋白中与ACE2蛋白结合的5个关键氨基酸有4个发生了变化，但变化后的氨基酸，却整体性上非常完美的维持了SARS病毒S-蛋白与ACE2蛋白互作的原结构构象。尽管武汉新型冠状病毒的新结构与ACE2蛋白互作能力，由于丢失的少数氢键有所下降（相比SARS病毒S-蛋白与ACE2的作用有所下降），但仍然达到很强的结合自由能（-50.6 kcal/mol）。这一结果说明武汉冠状病毒是通过S-蛋白与人ACE2互作的分子机制，来感染人的呼吸道上皮细胞。研究成果预测了武汉冠状病毒有很强的对人感染能力，为科学防控，制定防控策略和开发检测/干预技术手段奠定了科学理论基础。



2. Schoeman D, Fielding BC. Coronavirus envelope protein: current knowledge. *Virology journal*. 2019;16(1):69.
3. Xu X, Chen, P., Wang, J., Feng, J., Zhou, H., Li, X., Zhong, W., and Hao, P. . Evolution of the novel coronavirus from the ongoing Wuhan outbreak and modeling of its spike protein for risk of human transmission. *Sci China Life Sci*. 2020.
4. Zhou P, Yang X-L, Wang X-G, Hu B, Zhang L, Zhang W, et al. Discovery of a novel coronavirus associated with the recent pneumonia outbreak in humans and its potential bat origin. *bioRxiv*. 2020:2020.01.22.914952.
5. Song Z, Xu Y, Bao L, Zhang L, Yu P, Qu Y, et al. From SARS to MERS, Thrusting Coronaviruses into the Spotlight. *Viruses*. 2019;11(1).

責任編輯：松林

AddThis Sharing Buttons

Share to Facebook 770

Share to Twitter Share to Reddit

Share to Pinterest

Share to Flipboard Share to Email

Share to Print

◆ 标签:武汉肺炎 新型冠狀病毒 武漢疫情

📁 分類:中國 國際 新聞

eMagazine

⌂  
Loading...