

Indickí vedci zistili že Wu-chanský koronavírus obsahuje jedinečné genómové sekvencie vírusu HIV, aké nebolo možné nájsť vo vzorkách získaných z netopierov. Kde sa tam nabrali?

- CZ24 News | 5. února 2020

INDIA: Skupina biológov z University of New Delhi našla prvky vírusu HIV v rozhodujúcich miestach nového koronavírusu. Tieto miesta sú dôležité pre infekčnosť vírusu

Genómové sekvencie nového koronavírusu sa skúmajú na mnohých inštitútoch po celom svete. Skupina biológov z University of New Delhi poukázala na jedinečné zložky nového vírusu vo svojej štúdiu uverejnenej na bioRxiv. Tieto zložky, ktoré vedci označujú ako „inserts“ (inzerty) boli doposiaľ známe iba z vírusu HIV. Štúdia čaká po jej uverejnení ešte na peer review (recenzné hodnotenie).

Vedci sú členmi Kusuma School of biological sciences, Indian institute of technology (New Delhi-110016) a Acharya Narendra Dev College, University of Delhi (New Delhi-110019) v Indii.

Vedci mali ako základ pre ich prácu k dispozícii viacero vzoriek génov koronavírusov z Číny. Tieto boli získané od ľudí a netopierov. Na porovnanie použili aj rozsiahle databázy, ktoré sú dostupné po celom svete pre iné typy koronavírusu. Na ich štúdiu použili metódy na analýzu genómovej sekvencie a 3D modelovanie vírusov.

Najdôležitejším výsledkom štúdie je zistenie, že v miestach vírusu, ktoré sú zodpovedné za dokovanie a prenikanie do hostiteľskej bunky, boli nájdené sekvencie, ktoré sú v tejto forme známe doposiaľ len u vírusu HIV; presnejšie povedané u mutácií HIV, ktoré sú rozšírené v Ázii a Afrike. Tieto sekvencie nebolo možné nájsť vo vzorkách získaných z netopierov.

Vedci poukázali na to, že sekvencie HIV boli iba „fragmentmi“ pôvodných sekvencií, ale ich špeciálnym usporiadaním by fungovali spolu. Tým by získal vírus jeho schopnosť byť vysoko nákazlivý a využívať ako hostiteľa rôzne bunky.

Nový koronavírus je najviac podobný vírusu SARS, vykazuje však určité odchýlky.

Otázka, či existuje mutácia alebo manipulácia, zostáva otvorená.

Výskumný tím sa výslovne nezaobrá otázkou, ako mohol tento variant koronavírusu vzniknúť. Poukazujú na to, že výmena genetického materiálu medzi nepříbuznými vírusovými kmeňmi je síce možná, ale nie je to pravidlom.

Najmä veľmi špeciálny druh, ktorý tento vírus predstavuje, sa im podľa predchádzajúcich skúseností zdá veľmi nepravdepodobný. Nemajú tiež k dispozícii žiadne série mutácií koronavírusu, ktoré by smerovali týmto smerom.

Objasnenie, ako mohol tento vírus vzniknúť je otázkou, ktorú je potrebné naliehavo vyriešiť.