

DT 挖掘机团队出品：11 篇挖掘之 2：为什么说 SARS-CoV-2 不可能源于自然而必然产生于实验室

在得到神秘科学家的帮助梳理清楚科学上 SARS-CoV-2? 新冠病毒、SARS 冠状病毒、SARS 相关冠状病毒它们之间的关系后，这位科学家帮助我们进一步说明了新冠病毒不可能源于自然而必然产生于实验室制造的结论的依据。为此我们展开讨论，在谈论的过程中，他对 DT 挖掘到和冠状病毒相关的公共新闻资料的关键点同样进行了解读。同时也把文章中关键的词语标注出来。

以下为详细内容：

02 为什么说 SARS-CoV-2 不可能源于自然而必然产生于实验室？

回顾：

DT：在展开讨论之前，我们还是回顾一下上一篇文章里的关键词语和基本概念：

- 1 新冠病毒和 SARS 冠状病毒属于同一个病毒种，即 SARS 相关冠状病毒。
- 2 确定新冠病毒与 SARS 冠状病毒同属 SARS 相关冠状病毒这一个种，并将新冠病毒定名为 SARS 冠状病毒-2。

新冠病毒和 SARS 病毒的全长基因组序列相似度也只有 80%左右。

而新冠病毒和 SARS 病毒的 S 基因序列相似度仅为 73%。

新冠病毒的致病力和 SARS 病毒相比只能是个弟弟，发展为重症的比率和致死率远低于 SARS，但传播能力却强过 SARS。而且新冠病毒比 SARS 病毒更狡猾，潜伏期更长。

新冠病毒和 SARS 病毒是不同的病毒。

新冠病毒不是 SARS 冠状病毒的进化版或者变异版，不是 SARS 2.0，而是和 SARS 冠状病毒是平行的关系。

分类学上他们属于同一个冠状病毒种，但是它们是两个不同的病毒，是 SARS 相关冠状病毒这个小家族里的两兄弟。

Bat_CoV_RaTG13 是石正丽上传的人工修改的病毒序列。因为石声称这个序列是在 2013 年的病毒中检测到，但是石并没有这个病毒的实物！

因此，和中共病毒最相似的病毒，就是 ZXC21 和 ZC45，也就是路德节目最早在 1 月 19 日爆出的那两株舟山蝙蝠病毒。

结论：新冠病毒最相似的病毒就是 ZXC21 和 ZC45 也就是路德节目最早在 2020 年 1 月 19 日爆出的那两株舟山蝙蝠病毒。Bat_CoV_RaTG13 是石正丽上传的人工修改的病毒序列。因为石声称这个序列是在 2013 年的病毒中检测到，但是石并没有这个病毒的实物！也就是说 2013 年石正丽检测到的病毒是人工修改的病毒序列，换句话说，新冠病毒不是 2013 年检测到的所谓的自然产生在蝙蝠身上的病毒。

那么在结论新冠病毒不可能自然产生之前两个基础的工作要做：

- 1 到底有多少可以导致生物染病的冠状病毒，重点是能够传染人的冠状病毒？
- 2 这些病毒的被发现时间和来源都是什么？

这张表格已经在第一篇文章的挖掘中被完善了：

分类	名称	传染源	可能来源	发现时间	发现地点	传染人
α 10 种	1 人冠状病毒 229E			1965	美國	*
	2 猪流行性腹泻病毒 SADS-CoV		蝙蝠	2016	中國廣東	
	3 貓冠状病毒		貓科動物	1970	美國	
	4 人冠状病毒 NL63			2004	荷蘭	*
	5 犬冠状病毒		犬科動物	1971	德國	
	6 蝙蝠冠状病毒 HKU8		蝙蝠	2006	香港	
	7 蝙蝠冠状病毒 1		蝙蝠	2006	香港	
	8 蝙蝠冠状病毒 HKU2		蝙蝠	2007	香港	
	9 蝙蝠冠状病毒 512		蝙蝠	2012	中國	
	10 猪傳染性腸胃炎病毒		豬	1968	美國	
β 9 种	1 鼠肝炎病毒		老鼠	1949	加拿大	
	2 蝙蝠冠状病毒 HKU9		蝙蝠	2006	中國	
	3 严重急性呼吸综合征 (SARS)			2003	中國	*
	4 中东呼吸综合征冠状病毒(MERS)	单峰骆驼	冠状病毒进化	2012	沙特阿拉伯	*
	5 武汉新冠病毒		蝙蝠 實驗室改造	2019	中國武漢	*
	6 人冠状病毒 OC43			1967	美國	*
	7 蝙蝠冠状病毒 HKU4		蝙蝠	2006	香港	
	8 蝙蝠冠状病毒 HKU5		蝙蝠	2006	香港	
	9 人冠状病毒 HKU1			2005	香港	*
γ 2 种	禽冠状病毒		雞	1931	日本	
	白鲸冠状病毒 SW1		白鯨	2008	美國	

在这些病毒中我们重点研讨一下 2016 年的“SADS-CoV”的冠状病毒，这个病毒于 2016 年 10 月 28 日起，在广东清远的一处养猪场开始暴发。值得注意的是 2016 年 8 月 17 日也就是 2 个月前中国科学院生物物理所生物大分子国家重点实验室研究员赵永芳，意外死亡，这两个公共事件之间的关系在以后的挖掘中会揭示。

我们先看一则报道和新闻：

我国科学家发现新型冠状病毒

曾造成广东2万余头猪死亡 无证据显示可跨种感染人

2018年04月07日10:39 来源：新民晚报

原标题：[我国科学家发现新型冠状病毒 曾造成广东 2 万余头猪死亡 无证据显示可跨种感染人](#)

2016 年造成广东省四个养猪场 24693 头猪死亡的“罪魁祸首”找到了！我国科学家发现，导致乳猪急性腹泻症的致命疾病的病毒来源于蝙蝠。这项研究成果在昨天的《自然》杂志上在线发表。

中国科学院武汉病毒研究所研究员石正丽介绍，研究团队在爆发疫情的猪场不远处的一个山洞里找到了疾病源头——一种新发现的名为“SADS-CoV”的冠状病毒。这种病毒由蝙蝠携带，研究团队发现，该冠状病毒的基因组与 2016 年从菊头蝠中分离出来的冠状病毒基因组的相似度达到 98.48%。“这些猪场感觉是比较新的，旁边就是一个小山丘，我们认为这个小山丘附近是有蝙蝠栖息地的。所以传播途径就是通过粪便污染猪场的环境，最后感染到猪。”石正丽表示，“根据对和病猪有密切接触的猪场工作人员的血清学调查结果，目前还没有证据显示该冠状病毒可进一步跨种感染人。”

值得关注的是，该病毒和 2003 年爆发的严重急性呼吸综合征（SARS）具有诸多相似之处——两者发生地点相同，都由新发冠状病毒引起，且源头都是菊头蝠，这也表明了中国南方作为新兴疾病出现的热点地区的特殊性。

华南农业大学动物科学学院副教授马静云表示，团队尝试了三次致病性实验，证明了该病毒确实是造成猪死亡的“元凶”。目前已经能够防控该类病毒，也没有再感染的病例出现。“得益于此前十余年的 SARS 研究，该成果前后只花了 2 个多月的时间。”杜克-新加坡国立大学医学院新发突发传染病研究所所长王林发教授介绍，“此次成功找到源头，依赖于各方的合作和技术上的互补。青年一代科学家在此次研究中也发挥了重要作用。”

石正丽表示，包括蝙蝠在内的野生动物携带各种病毒是自然进化的结果，属于正常现象。“通过这项研究想提示一下，无论是养殖业还是公共卫生，我们都要提前去预防由这些野生动物传到人类社会的这些病原。其实这些病原在自然界是长期存在的，只要我们进行早期的隔离、预防或是诊断，是可以避免这样的传染病大规模爆发的。”

科学家发现一种源自蝙蝠的新型冠状病毒

2018-04-05 08:38:01 来源：新华网

新华社北京 4 月 5 日电（记者董瑞丰、李伟）中国科学院武汉病毒研究所牵头的科研团队近日确定，一年多前曾在广东导致大量猪死亡的流行性腹泻，“罪魁祸首”是一种源自蝙蝠的新型冠状病毒。该研究表明，人类需要积极监控蝙蝠及其它野生动物中的病毒性感染。相关成果于北京时间 4 月 5 日在线发表于国际权威学术期刊《自然》。

2016 年 10 月至 2017 年 5 月，广东清远 4 个猪场接连暴发仔猪致死性疾病，表现为严重急性腹泻、呕吐、体重迅速下降，最终导致 2.4 万多头仔猪死亡。研究人员对病猪样本进行病毒检测后发现，这是一种新发疾病。

研究人员随后证实，该疾病的病原是一种冠状病毒，将其命名为猪急性腹泻综合征冠状病毒，简称 SADS 病毒。这种病毒的基因组，与 2016 年染疫猪场附近的菊头蝠样本分离出来的冠状病毒基因组对比，相似度达到 98%。

武汉病毒研究所研究员周鹏表示，可以证实新发现 SADS 冠状病毒来源于蝙蝠相关冠状病毒的跨种传播。同时，根据对和病猪有密切接触的猪场工作人员的血清学调查结果，尚无证据显示 SADS 冠状病毒可进一步跨种感染人。

“蝙蝠是多种冠状病毒的自然储存宿主。”武汉病毒研究所研究员石正丽说，SADS 冠状病毒的发现与溯源研究证实，蝙蝠携带的某些冠状病毒可跨种传播至家畜并造成严重疾病。针对蝙蝠持续开展冠状病毒的监测，发现、鉴定对人畜健康构成潜在威胁的蝙蝠冠状病毒，对于防控新发传染病、保障畜牧业生产安全具有重要意义。

那么 SADS 冠状病毒是不是新冠病毒？是不是路德节目中介绍的舟山蝙蝠病毒呢，我们再看一篇论文：



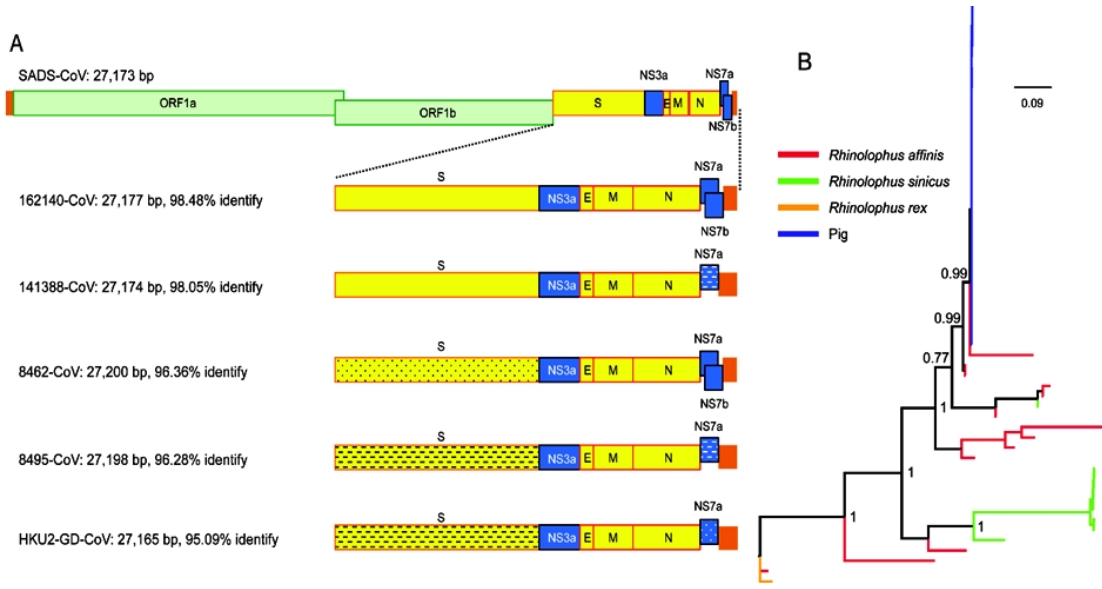
Nature: 科学家揭示源于蝙蝠的新型冠状病毒是引起仔猪致死性腹泻疫情的真凶

Nature: 科学家揭示源于蝙蝠的新型冠状病毒是引起仔猪致死性腹泻疫情的真凶

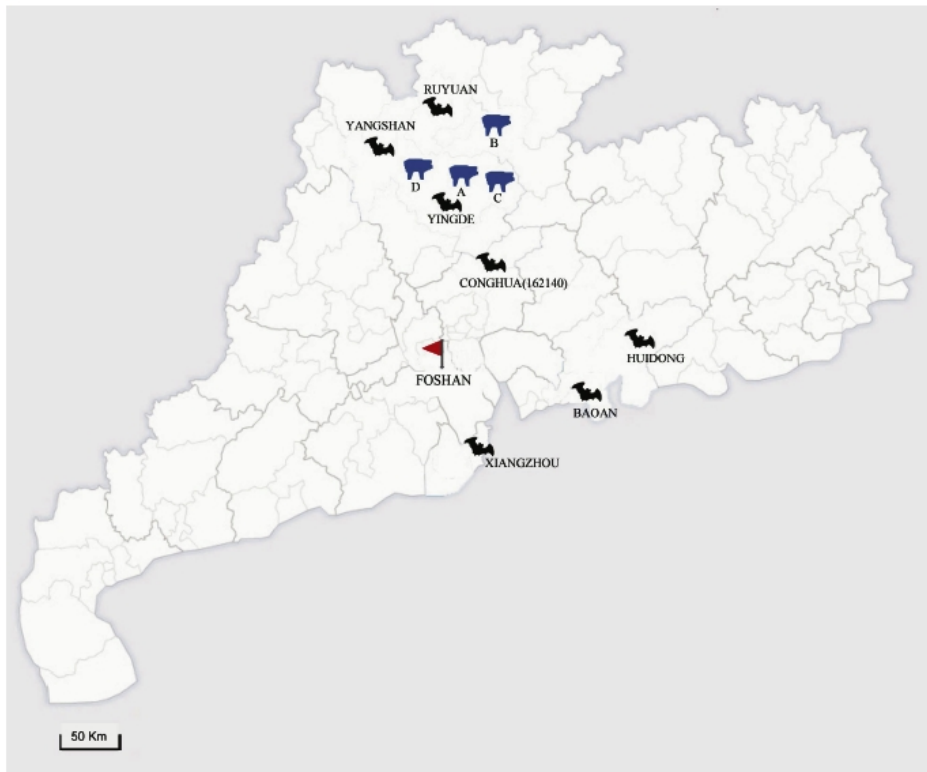
4月4日，中国科学院武汉病毒研究所联合军事科学院军事医学研究院微生物流行病学研究所、华南农业大学、新加坡 DUKE-NUS 新发传染病研究所和美国生态联盟（Ecohealth Alliance），确定了 2016-2017 年造成广东仔猪场发生仔猪急性致死性腹泻的病原为一种蝙蝠来源的新型冠状病毒。研究成果在线发表于 Nature，原文题为“Fatal Swine Acute Diarrhea Syndrome Caused by an HKU2-related Coronavirus of Bat Origin”。

2016 年 10 月底，广东清远一种猪场暴发仔猪致死性疾病，发病仔猪表现为严重急性腹泻、呕吐、体重迅速下降，5 日龄以下的仔猪死亡率高达 90%。其他三个猪场随后也出现了疫情。截至 2017 年 5 月，共造成 24693 头仔猪死亡。根据临床症状，研究人员对病猪样本进行了猪流行性腹泻病毒、传染性胃肠炎病毒等已知猪腹泻相关病毒的检测。然而在疾病暴发高峰期，所有病毒检测结果均为阴性，表明该疾病是一种新发疾病。随后，对病猪肠道样本的高通量测序结果、病毒分离和感染实验证实，该疾病的病原是一种冠状病毒，将其命名为猪急性腹泻综合征冠状病毒，简称 SADS 冠状病毒（swine acute diarrhea syndrome coronavirus, SADS-CoV）。

接下来，科学家对 SADS 冠状病毒的基因组序列分析为寻找病毒的来源提供了线索：SADS 病毒与 2007 年香港大学首次发现的蝙蝠冠状病毒 HKU2 基因组序列高度相似，全长序列一致性达 95%，但囊膜蛋白（S 蛋白）的氨基酸序列一致性只有 86%。这表明 HKU2 虽不是 SADS 冠状病毒的直接祖先，但两者在遗传进化上关系相近，暗示 SADS 冠状病毒来源于蝙蝠。研究团队随即对 2013-2016 年期间在广东采集的 591 份蝙蝠样品进行了 SADS 冠状病毒特异性定量 PCR 检测，共有 58 份结果为阳性，大部分阳性样品来自菊头蝠。其中一株在发生疫情猪场附近的蝙蝠洞穴中发现的冠状病毒与 SADS 病毒的全基因组序列一致性高达 98.48%，其 S 蛋白氨基酸序列一致性在 98% 以上。结果进一步表明引起这次仔猪腹泻疫情的 SADS 冠状病毒来源于蝙蝠 HKU2 相关冠状病毒的跨种传播（图一）。根据对和病猪有密切接触的猪场工作人员的血清学调查结果，尚无证据显示 SADS 冠状病毒可进一步跨种感染人。



图一 SADS 冠状病毒与蝙蝠 HKU2 相关冠状病毒的基因组比较 (A) 和囊膜蛋白 S1 基因进化分析 (B) SADS 和 2002-2003 年暴发的严重急性呼吸综合症 (SARS) 具有诸多相似之处: 两者都发生于广东, 均由新型冠状病毒引起, 源头都是菊头蝠。蝙蝠是多种冠状病毒的自然储存宿主。SADS 冠状病毒的发现与溯源研究证实了蝙蝠携带的某些冠状病毒可跨种传播至家畜并造成严重疾病。针对蝙蝠持续开展冠状病毒的监测, 发现、鉴定对人畜健康构成潜在威胁的蝙蝠冠状病毒, 对于防控新发传染病、保障畜牧业生产安全具有重要意义。



图二 此次广东省爆发疫情的养猪场 (A-D) 和蝙蝠取样点 (黑色蝙蝠) 的地理位置。其中, 在 CONGHUA 取样点发现的一株蝙蝠冠状病毒与引起此次猪场疫情的 SADS-CoV 全基因组序列一致性高达 98.48%。红色小旗标识的佛山市是 2002 年 SARS 疫情首例确诊者所在地。该研究得到了中国科学院先导 B 科技专项、国家自然科学基金、美国国立卫生研究院等项目资助。武汉病

毒研究所周鹏青年研究员、军事科学院军事医学研究院范航助理研究员、华南农业大学蓝天副教授为文章并列第一作者，武汉病毒研究所石正丽研究员、军事科学院军事医学研究院童贻刚教授、华南农业大学马静云教授、新加坡 DUKE-NUS 新发传染病研究所王林发院士和美国生态联盟（Ecohealth Alliance）Peter Daszak 为共同通讯作者。参加单位还包括泰山医学院、广东生物资源应用研究所、武汉大学公共卫生学院、广东实验动物监测所和河北理工大学。

Abstract: Cross-species transmission of viruses from wildlife animal reservoirs poses a marked threat to human and animal health¹. Bats have been recognized as one of the most important reservoirs for emerging viruses and the transmission of a coronavirus that originated in bats to humans via intermediate hosts was responsible for the high-impact emerging zoonosis, severe acute respiratory syndrome (SARS)^{2–10}. Here we provide virological, epidemiological, evolutionary and experimental evidence that a novel HKU2-related bat coronavirus, swine acute diarrhoeal syndrome coronavirus (SADS-CoV), is the aetiological agent that was responsible for a large-scale outbreak of fatal disease in pigs in China that has caused the death of 24,693 piglets across four farms. Notably, the outbreak began in Guangdong province in the vicinity of the origin of the SARS pandemic. Furthermore, we identified SADS-related CoVs with 96–98% sequence identity in 9.8% (58 out of 591) of anal swabs collected from bats in Guangdong province during 2013–2016, predominantly in horseshoe bats (*Rhinolophus* spp.) that are known reservoirs of SARS-related CoVs. We found that there were striking similarities between the SADS and SARS outbreaks in geographical, temporal, ecological and aetiological settings. This study highlights the importance of identifying coronavirus diversity and distribution in bats to mitigate future outbreaks that could threaten livestock, public health and economic growth.

原文链接:

<http://nature.com/articles/doi:10.1038/s41586-018-0010-9>

通过可查询的查阅相关资料，我们给出的结论是：

- 1、从现有资料上看这个病毒虽然也是冠状病毒 但它和 CCP 新冠病毒以及舟山蝙蝠病毒不一样，是另外一类冠状病毒病毒。
- 2、这个病毒很可能来源于实验室。中共实验室一直在蝙蝠中分离各种蝙蝠病毒。蝙蝠中的病毒天然传染到猪上概率是非常小的。中共声称他们在猪疫情爆发后在蝙蝠中找到了和感染猪病毒相似度 98% 的蝙蝠病毒，事实更可能是中共先用实验室分离出来的蝙蝠病毒投毒，然后说在蝙蝠中发现了类似的病毒。值得注意的是，无论是 2019 年感染人的冠状病毒，还是 2018 年感染猪的冠状病毒，中共都声称在蝙蝠里找到类似的病毒。如果蝙蝠真的那么危险，且不提中共分离蝙蝠的人，那些研究蝙蝠的动物学家，经常进洞抓蝙蝠，为什么从未听说过他们感染任何蝙蝠病毒呢？
- 3、这个病毒有没有经过改造是不清楚的。因为根据已有的资料，这个冠状病毒 S 蛋白的受体未知。而在受体未知的情况下 无法对 S 蛋白进行定向改造。但无法排除此病毒是经过改造的可能性。

所以会有两个可能

A 不知道 S 蛋白的受体（倾向于）

中共直接把蝙蝠中分离出来的病毒对猪进行投毒测试

相比 2019 中共冠状病毒，此病毒是另外一个冠状病毒生物武器系统

B 刻意隐瞒 S 蛋白的受体

中共已经知道 S 蛋白受体是什么但是没有发表论文报道，对 S 蛋白进行定向改造使得病毒可以感染猪（人）。

可能和 CCP 病毒的用的是一样的改造方法。

但是，无论是哪种可能，我们都可以得出结论，2016-2017 年造成广东仔猪场发生仔猪急性致死性腹泻的这场和冠状病毒相关的猪瘟疫病毒更可能来源于实验室分离的蝙蝠病毒，而不是蝙蝠通过自然界传染给猪。

这应该是一次由武汉病毒研究所、军事科学院军事医学研究院范航助理研究员、华南农业大学、新加坡 DUKE-NUS 新发传染病研究所、美国生态联盟、泰山医学院、广东生物资源应用研究所、武汉大学公共卫生学院、广东实验动物监测所和河北理工大学等多家团队（包括国际）参与的一次人工合成病毒在动物（畜）身上进行的一次病毒传播实验和相关研究，至于这次实验是否传染人，我们没有挖掘到相关的信息，所以不做结论。

2018 年 4 月 5 日，《自然》在线发表了最新相关研究。石正丽、童贻刚、马静云、王林发及研究团队发现了导致这种猪急性腹泻综合症 (SADS) 疫情的源头——一种新型的 HKU2 相关冠状病毒，它的基因组与一种蝙蝠携带的冠状病毒的基因组相似。这篇论文对于我们的结论是个有力的科学证据。

借此，一个和石正丽一样关键的人物浮出水面，他就是王林发！

在展开后面的解读之前，2020 年 3 月 18 日的一篇报道引起 DT 挖掘机的注意：

清华等团队从蝙蝠身上找答案：发现新冠病毒抑制剂

2020年03月31日 12:10 澎湃新闻

新浪财经APP | A | A+

清华大学结构生物学高精尖创新中心谭旭研究员和杜克-新加坡国立大学医学院王林发教授为论文的共同通讯作者。清华大学药学院博士生崔进、博士后叶倩、杜克-新加坡国立大学医学院Danielle Anderson、中国疾控中心黄保英博士为论文的并列第一作者。该研究还得到了中国疾控中心谭文杰研究员、中科院动物所周旭明研究员、美国Duke大学的So Young Kim教授的帮助。

在这里出现了王林发的名字和一个新的名词：新冠病毒抑制剂。关于王林发和新冠病毒抑制剂的详细内容我们将会在后面的文章中详细讨论，在这里 DT 只是提醒注意，新冠病毒抑制剂就可以和 2016 年 8 月意外死亡的赵永芳产生某种联系（我们将在后面文章中揭示）。

我们再来看看那张已经完善的表格，把所有动物来源不是蝙蝠的都过滤掉：

分类	名称	传染源	可能来源	发现时间	发现地点	传染人	
α 10 种	1						
	2	猪流行性腹泻病毒 SADS-CoV		蝙蝠	2016	中国广东	
	3						
	4						
	5						
	6	蝙蝠冠状病毒 HKU8		蝙蝠	2006	香港	
	7	蝙蝠冠状病毒 1		蝙蝠	2006	香港	
	8	蝙蝠冠状病毒 HKU2		蝙蝠	2007	香港	
	9	蝙蝠冠状病毒 512		蝙蝠	2012	中国	
	10						
β 9 种	1						
	2	蝙蝠冠状病毒 HKU9		蝙蝠	2006	中国	

3						*
4	中东呼吸综合征冠状病毒(MERS)	单峰骆驼	冠状病毒进化	2012	沙特阿拉伯	*
5	武汉新冠病毒		蝙蝠 實驗室改造	2019	中國武漢	*
6						
7	蝙蝠冠状病毒 HKU4		蝙蝠	2006	香港	
8	蝙蝠冠状病毒 HKU5		蝙蝠	2006	香港	
9	人冠状病毒 HKU1			2005	香港	*

在这张精简的表格中你会发现，除了（MERS）几乎所有的来源于蝙蝠的冠状病毒检测到和宿主发现都是在中国，而香港检测到的最多，达到 6 例，而中科院系统包括武汉病毒研究所则只有 3 例，那么这张表格完整吗？绝对不完整，事实应该是：**这是一次完美的合作分工**，武汉病毒研究所的抓蝙蝠团队负责全世界的抓蝙蝠，然后送到武汉病毒所的实验室里进行病毒分离，部分送到香港团队进行检测，正是分离了大量的蝙蝠病毒，并且在分离病毒中找到了研制基因武器的完美原型，才导致大量被发现和分离的冠状病毒的被刻意隐瞒。至此，另一个关键人物也就是这些病毒的发现者确切的说是检测者和终南山院士齐名的著名香港科学家袁国勇浮出水面。**袁国勇**就是病毒来源于野生动物观点的另一个代表人物，和石正丽的蝙蝠说不同的是，他是果子狸派。他真的相信病毒来源于果子狸吗，和那次著名的 SARS 的早期来源说一样？不同的是这一次他用一种模糊的语义暗示来源于食用野生动物，石正丽明确地说是蝙蝠，历史惊人的相似。

好了，让我们开始确定 CCP 病毒一定来自实验室的结论吧：

确定 CCP 病毒产生于实验室，只要理清它的产生过程即可，经过挖掘，正好有一篇战友的文章详细说明了这个问题(<https://nerdhaspower.weebly.com/>)，而战友冠军的亲爹为这篇学术文章写了一篇通俗的解读 我们摘录如下：

文章地址：<https://gnews.org/zh-hans/169331/>

【科学解读】

武汉冠状病毒是人造

在网络上有一篇文章《从科学和逻辑的角度解释为什么武汉冠状病毒是人造的》这篇文章(<https://nerdhaspower.weebly.com/>链接见上，下文简称《冠状病毒是人造》)用事实与证据，从科学的角度系统地分析了为什么说中共冠状病毒是人造的。这篇文章应该是把病毒来源这个问题分析的最专业、最准确的一篇文章。由于这篇文章中用到的专业知识比较多，缺少生物医学背景的读者难以读懂。在本文中，我们尽量用更为通俗的语言来解读上面的这篇文章。

首先，让我们先来了解一下冠状病毒是什么？打一个比方，你可以认为冠状病毒是一个很小的稳定的肥皂泡。肥皂泡的表面镶嵌着一些蛋白，肥皂泡里面装的是病毒的 RNA 基因组。而人体细胞可以想像成是一个大肥皂泡。病毒感染细胞的过程，就是小肥皂泡和大肥皂泡融合，使得病毒的 RNA 基因组可以进入细胞。但是这个融合的过程不是随机的，需要病毒表面的 S 蛋白和细胞表面的 ACE-2 受体蛋白结合，就像钥匙插到锁里才能开门一样。

一旦病毒的 RNA 基因组进入细胞，病毒会干三件事：

- 1、以 RNA 基因组为模版生产病毒蛋白；
- 2、以 RNA 基因组为模版复制新的 RNA 基因组；

3、把新的 RNA 基因组和新的病毒蛋白组装成成百上千的新病毒去感染其他细胞。

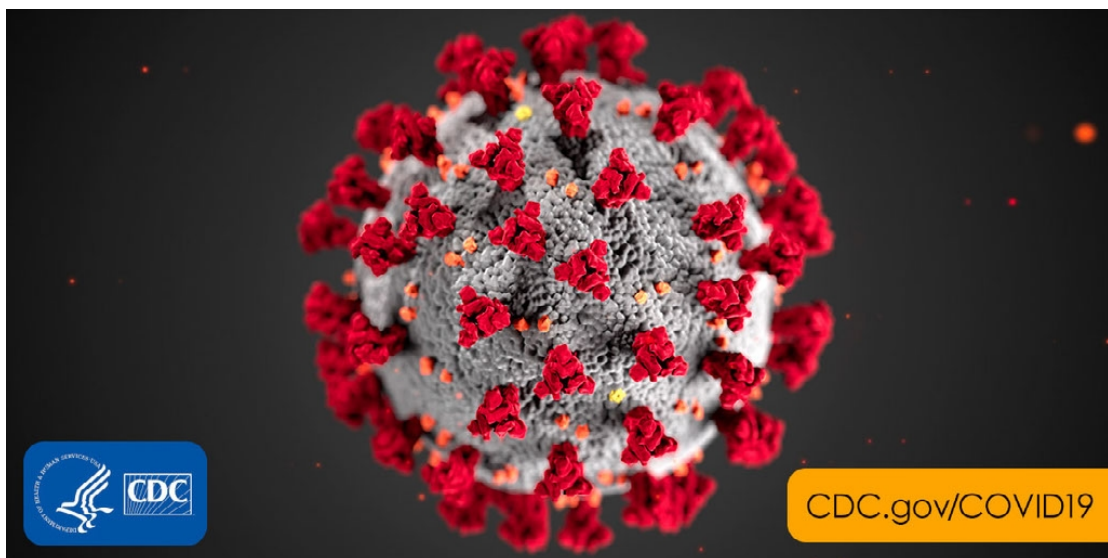
而上面所说的三步，病毒都必须借助宿主细胞来完成。这也是为什么病毒在脱离宿主细胞的情况下，无法自我完成复制。

为什么大家会说这个病毒是人造的？但凡有点医学常识的人都知道这是因为序列分析。简单来说，把一个新病毒的序列和已知病毒的序列做比较，就可以得到该病毒来源的大致资讯。可以比较 RNA 的序列，也可以比较蛋白质的序列，二者没有本质的分别。《冠状病毒是人造》的作者，比较了中共病毒的蛋白质序列发现：中共冠状病毒和 2003 年的 SARS 病毒在蛋白水准上的相似度是 86%。这足以说明这两种中共病毒是一类。但，中共冠状病毒并不是从 SARS 病毒进化来的。和中共冠状病毒最相似的病毒是舟山蝙蝠病毒(ZC45 和 ZXC21)，这也是路德社，在 1 月 19 日把内部战友提供的资讯最早向世界公开的。在 RNA 水准，中共冠状病毒和舟山蝙蝠病毒的相似度达到了 89%，而在蛋白质(所有蛋白一起比较)水平，两个病毒的相似度居然达到了 95%。

如果把每个蛋白单独拿出来比较的话，《冠状病毒是人造》作者在文中提到：“对于序列里的绝大多数蛋白来说，这个一致性是普遍的，有的甚至更高，比如 E 蛋白的一致性 100%。Nucleocapsid 蛋白是 94%，membrane 蛋白(膜蛋白)是 98.6%，S2 蛋白(spike 蛋白的后半部分) 是 95%。然而，非常诡异的是，S1 蛋白，也就是 S 蛋白的前半部分，非常与众不同。在这里，两个病毒序列的一致性突然降到了 69%。这种一致性的分布(所有其他部位 95%，而仅一个特定蛋白 69%)，从遗传进化的角度来讲是极其诡异的。”

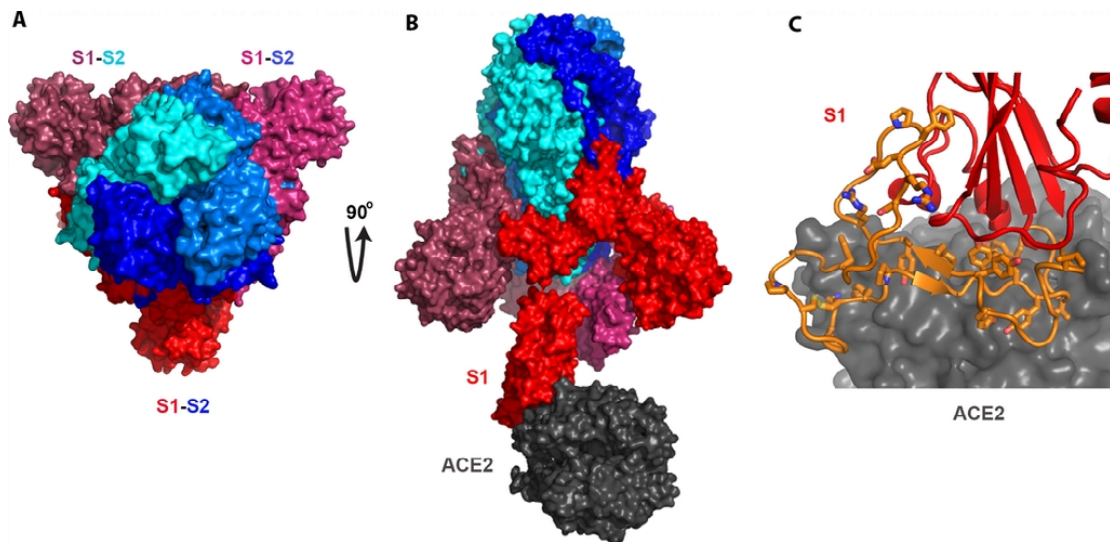
其实，这里的逻辑很简单，如果中共冠状病毒是由舟山蝙蝠病毒随机突变产生的，那么，各个蛋白中的突变率应该是较为相似的，基本会呈现均匀分布，不会出现 S1 蛋白如此与众不同的情况。而中共冠状病毒的情况是，只有 S 蛋白的 S1 部分和舟山蝙蝠病毒相似性低(69%)，而其他蛋白和舟山蝙蝠蛋白的相似性都在 95%左右。因此我们基本可以排除随机突变这种可能性。

如果不是随机突变产生，那么，产生这种病毒的方式就是基因重组。中共冠状病毒的基因重组是不是自然发生的呢？在回答这个问题之前，我们先来看一下 S 蛋白的功能和机构：



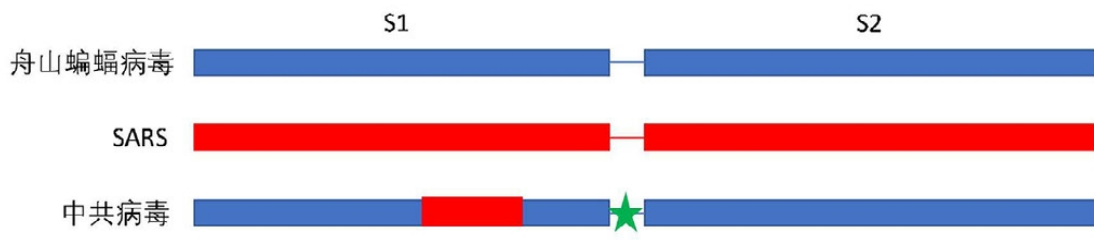
冠状病毒的模拟图。红色的就是 spike 蛋白。图片来源于美国疾病控制中心 (CDC)

《冠状病毒是人造》的作者接下来详细分析了 S 蛋白。就像本文开头所写到的，S 蛋白是介导病毒进入细胞的关键蛋白，它分为两部分，S1 和 S2。该文作者在文中的一句话很好的概括了 S1 和 S2：



SARS 病毒 spike 蛋白的结构,以及它如何结合人体细胞上的受体 ACE2。此图的制作是基于已发表的结构 PDB ID: 6acj (2)。A) 三个 spike 蛋白形成三聚体,每个 spike 蛋白都由两个基本等长的部分组成, S1 和 S2。B) S2 部分(蓝色)负责三聚体的形成,而 S1 部分决定和细胞受体的结合。在 SARS 这里,受体是人体细胞的 ACE2。C) 此图进一步揭示 S1 和 ACE2 结合的具体细节。橙色部分就是 S1 中和 ACE2 结合最关键的一段肽链。此橙色部分囊括了所有和 ACE2 结合的细节。其中最关键的氨基酸以棍状结构做了标识。此段橙色序列就是后文中提到的,如同被从 SARS 的 spike 蛋白中“复制”出来,然后“插入”舟山蝙蝠病毒的 spike 蛋白中去的关键肽段。这一“操作”直接可以导致一个新的,能感染人的病毒的产生。

“S1 就是和细胞的受体结合的最关键的部分。你可以把 S1 想像成一把“钥匙”中真正进入“锁”的那部分。它必须和“锁”(细胞受体)的内部的精细结构严丝合缝,才能把细胞的“门”打开。一个“锁”能不能被一个特定的 spike“钥匙”开启,必须完完全全取决于这个 S1。换句话说, S1 决定了一个冠状病毒会感染哪个宿主、哪种细胞。而 S2 蛋白,则可以被认为是一个“钥匙”中用手抓着的那个部分。它不进入“锁”里,但对“钥匙”来说又不可或缺。”接下来作者对 S 蛋白进行了详细的序列分析,这一部分对于没有专业知识背景的读者比较难看懂,但是基本上来说可以用下图概括:



在这个示意图中,颜色代表序列相似度。舟山蝙蝠病毒是蓝色, SARS 病毒是红色, 中共冠状病毒的 S 蛋白绝大多数都和舟山蝙蝠病毒更相似。唯独在和细胞表面受体 ACE-2 结合的那部分,与 SARS 病毒更相似(红色部分),而且保留了和 SARS 病毒以及 ACE-2 结合的关键几个氨基酸的化学特征。而这部分的重组是决定中共冠状病毒可以感染人的关键!因为舟山蝙蝠病毒是不太可能直接感染人的。作者对这部分序列特征的评价是:“SARS 中这个最关键的片段被”“复制”然后“粘贴”进了舟山蝙蝠病毒中,从而制造出了武汉冠状病毒。

如果我们拿钥匙做类比的话,中共冠状病毒的 S 蛋白就是钥匙的把手没变,但是插入锁心的那部分被换成了开人细胞锁的钥匙。

细心的读者可能还发现了，在图中，中共冠状病毒的 S1 和 S2 中间，多了一个绿色五角星，这就是中共冠状病毒的第二个魔术了。在 S1 和 S2 蛋白之间加了一个 furin 酶切位点。而对于这个酶切位点，《冠状病毒是人造》的作者是如此评价的：“有了这个独特的序列后，武汉冠状病毒的 S 蛋白就能够在这个位置被人体的 furin 蛋白酶剪切。而这种剪切是被证明可以增强流感病毒(包含类似的 spike 蛋白) 的感染力。需要注意的一点是，除了武汉冠状病毒之外，自然界中还没有发现任何处于同一谱系(lineageB)中，别的 beta 类冠状病毒有这样的 furin 酶切位点。”也就是说，这个酶切位点很可能增强了中共冠状病毒的感染力。同样拿钥匙来比喻，这个 furin 酶切位点，可以理解成，它很可能让这个钥匙拿着更顺手。

那么，这个重组的过程，到底可不可能是自然过程中发生的呢？做这个分析，我们需要假设，如果这是天然重组，需要具备什么条件。

简单来说，只需要重组两次。一个舟山蝙蝠病毒和一个类似 SARS 的病毒在同一个细胞，先重组出来 S1 蛋白精确插入的一小段(图 1 中共病毒红色插入片段)。然后，这个改良的病毒需要再和另一个有 furin 酶切位点的病毒共存于同一个细胞，并且把 furin 位点精确的替换出来。而我还想再补充一点，即使两个病毒在同一个细胞里，病毒间发生基因重组的概率也是很小的。因为病毒基因重组原理是在 RNA 复制的时候发生错误，这本身又是一个小概率事件，更别说还要精确复制那一小片段了。

作者是这样评价的，“那么好，让这两个几乎不可能的事都发生的可能性是多少？笔者的答案是没门儿，现实中没有可能！因此，武汉冠状病毒绝对不可能来自于自然。”我也绝对同意这一结论。

接下来，作者分析了为什么在分析病毒来源的时候，某些文献必须要被排除在外。因为，这些所谓的证据，很可能是伪造的。

在中共冠状病毒全面爆发后，特别是路德社，在 1 月 19 日揭露冠状病毒来源后，石正丽才出来说，在 2013 年就发现了一个和中共冠状病毒极为相似的蝙蝠病毒 RaTG13。如果只分析序列，中共冠状病毒看上去就是从 RaTG13 进化来的。但是，《冠状病毒是人造》的作者在文中提到，“石正丽跟几个人分别承认过，她手中并没有真正的 RaTG13 的毒株。也就是说，这个所谓的 RaTG13 病毒，只是一些在电脑上由 ATCG 组成的序列罢了。而要伪造这个序列实在是太容易不过了。

再整理总结一下逻辑链：首先，路德社爆出了中共冠状病毒来源于实验室改造的舟山蝙蝠病毒，随后，石正丽被怀疑是病毒制造者。在这个大背景下，石正丽不得已出来公布了一个“尘封了 7 年的病毒序列”，而她也并没有这个病毒的实物。基于这些证据，我们有足够的理由怀疑，RaTG13 的序列是石正丽通过修改已有病毒序列伪造的。因此，RaTG13 绝对不能作为分析病毒来源的科学依据。同理，相似的质疑也适用于穿山甲病毒。

依据以上事实证据，作者运用科学和逻辑的角度和方法，推理得出如下结论：“这次中共冠状病毒就是在实验室制造出来的。”

至此，可以结论了，CCP 病毒就是在实验室里合成的。

那么具备什么样的条件能够制作这种中共冠状病毒呢？SO EASY!

下回分解。