

Происхождение инфекций и соматических заболеваний: COVID-19

Владыко Александр Станиславович, доктор медицинских наук, профессор
Республиканский научно-практический центр эпидемиологии и микробиологии, Минск, Беларусь

Резюме. Главным геномом в эволюционном или адаптационном процессе всего живого на планете является геном бактерий (прокариот, включая архей), который быстро реагирует генетическими изменениями на изменяющиеся экологические факторы и с использованием ретровирусоподобных механизмов, включая систему спейсерной адаптации CRISPR/Cas, редактирует иммунную и гормональную системы макроорганизмов (включая человека) к данным экологическим условиям. Коронавирус COVID-19 является хрестоматийным примером формирования из адаптогенов (непатогенных молекулярных мотивов или спейсеров коронавируса) под действием экологических факторов нового коронавируса - с патогенными свойствами.

Ключевые слова: главный геном, адаптогены, вирусы, эволюция, COVID-19.

DOI: 10.5281/zenodo.3725689

С развитием методов диагностики инфекционных заболеваний количество и разнообразие видов нозологических форм растет пропорционально открываемым возбудителям. Международный комитет по таксономии и классификации инфекционных агентов не успевает разбираться с новыми резидентами. В результате, число классифицированных только вирусов значительно меньше, чем список ожидающих быть отнесенными к определенной таксономической группе. К примеру, открытие в 2019 году сразу 827 000 «видов» вирусов животных [1]. Что дальше? Что выявляют исследователи - возбудителей инфекций или что-то другое? На данном этапе развития науки это другое называется молекулярными мотивами или спейсерами [2-4], которые являются своего рода адаптогенами для всех биологических видов растений и животных, включая человека.

Механизм появления новых и вновь возникающих инфекций был описан нами ранее [4-6]. В этих публикациях была представлена и изображена схема, демонстрирующая большое разнообразие молекулярных мотивов (спейсеров), то есть небольших фрагментов генетической информации, циркулирующих в биологическом мире и участвующих в формировании под действием физико-химических факторов окружающей среды (составная часть экологии) крупных полинуклеотидных образований, призванных обеспечивать адаптацию (приспособляемость) микро- и макроорганизмов (включая человека) к изменяющимся условиям окружающей среды [7,8]. В случае, когда адаптогены не в состоянии обеспечить адаптацию, появляются вирусы - свидетели неблагоприятия или вредных изменений в окружающей среде. В этом случае можно поменять место жизни или устранить причину, приведшую к ухудшению условий обитания. К сожалению, с развитием технического прогресса таких мест на земле становится все меньше, а космос в ближайшем будущем, если и станет обитаем, лишь усугубит это существование.

Исходя из того, что первыми из живых существ на земле появились бактерии (3,5 млрд. лет тому назад), а затем, в процессе длительной эволюции появилось большое разнообразие одно- и многоклеточных организмов, включая человека (2,6 миллионов лет

назад), следует, что человек является продуктом взаимодействия (взаимосвязи и взаимозависимости) между бактериями и окружающей средой. Вторым аргументом в пользу этого утверждения служит информация о том, что на 1 ген человека приходится примерно 1 млн. генов бактерий, живущих в организме человека и окружающей среде. При этом, митохондриальный аппарат клеток человека имеет генетический код бактерий и примерно 300 генов бактерий содержатся в хромосомах соматических клеток [9,10]. В-третьих, цикл репродукции бактерий составляет минуты и они моментально генетически изменяются под действием экологических факторов, выживая, при этом, в различных средах обитания [10]. В четвертых, бактерии, морально и материалистически патронирующие человека, постоянно генетически передают приобретенные изменения в его (человека) генетический аппарат. Для этого у них сформирован ретровирусоподобный механизм - "вырежь и вставь". Одним из таких примеров может служить система спейсерной адаптации CRISPR/Cas - инструмент бактерий и архей по редактированию геномов макроорганизмов [2,3].

Как появляются инфекции и соматические заболевания? В процессе редактирования геномов посредством, например, спейсерной адаптации, бактерии совершают это действие незаметно для человека. Усовершенствованные или адаптированные к внешним факторам бактериальные молекулярные мотивы (спейсеры) в виде адаптогенов (комплексов, похожих на вирусы) по ретровирусоподобному механизму передаются человеку, который в свою очередь делится этим приобретением с другими людьми (аэрозольно, алиментарно, через контакты и т.д.). Вся эта механика и есть нормальное человеческое существование и его развитие (акселерация). Вирусы, как возбудители инфекций, появляются только тогда, когда у реципиента (человека), которому бактерии стремятся внести коррекцию в его геном (т.е. готовность человека противостоять неблагоприятным экологическим факторам), изменена или нарушена иммунная и гормональная системы жизнедеятельности. В этом случае адаптогены становятся вирусами - возбудителями инфекционных заболеваний. В данном случае болеют

только те, кто имеет аналогичные нарушения в функционировании иммунной и гормональной систем. Как правило, это популяции людей, проживающих в одинаковых или похожих экологических условиях. Последним примером такого рода зависимости может служить вспышка 2019 года китайского коронавируса COVID-19 в Ухане [11]. В этом случае сложились уникальные условия: в регионе проживала совсем небольшая, восприимчивая к данному вирусу группа людей, и уникальные, искусственно созданные, в природе несовместимые для совместного проживания, группы животных, адаптация которых на совместное проживание ничего хорошего дать не могла – появился вирус с новыми свойствами [12]. В истории человека уже накоплено много опыта о необходимости обдуманного поведения в отношении преодоления межвидового барьера возбудителями инфекционных заболеваний. Одним из таких примеров может служить завоз в послевоенные годы в сибирские леса ондатр в охотничьих целях. В результате проявился возбудитель Омской геморрагической лихорадки [13]. Циркуляция в норме (как и у всех жителей планеты) обычного коронавирусаподобного адаптогена в этом регионе не смогла обеспечить части людей перекрестную защиту от нового возбудителя, тогда как для подавляющего большинства жителей адаптация прошла или с трудом, или совсем незаметно [14]. Главным геном (геном бактерий) справился со своей задачей, не смотря на то, что человек использовал антибактериальные и антисептические средства (после чего люди стали заражаться не десятками, а сотнями – наблюдения автора). Примером отдаленной друг от друга вспышки вирусной инфекции является синхронно возникшая в 1999 году в США и России вирусная лихорадка Западного Нила [15]. Вирусы в этом эволюционном процессе являются своего рода маркерами, свидетельствующими об экологических факторах, действующих отрицательно на адаптацию органов и систем макроорганизмов (включая человека) к изменяющимся условиям окружающей среды [5-7]. Например, если человек заболел острой респираторной вирусной инфекцией (ОРВИ), это означает, что из циркулирующих в природе (в бактериях, археях и т.д.) молекулярных мотивов (спейсеров) в организме сформировался полинуклеотидный комплекс – вирус, способный распространяться на других людей с аналогичными патологическими изменениями со стороны иммунной и гормональной систем. Аналогичным образом происходит появление вирусов, сигнализирующих об изменениях со стороны желудочно-кишечного тракта, нервной, сердечно-сосудистой, гормональной, иммунной и т.д. систем организма. На самом деле, когда появляется вирус, то в большинстве случаев наблюдаются нарушения со стороны всех органов и систем с преобладанием одной или нескольких групп симптомов. Участие молекулярных мотивов в формировании соматической патологии описано в работе Тилсона с соавторами, показавшими, что сыворотка крови больного аневризмой аорты реагирует в иммунном блоттинге с матричным (М-белком) особо опасного вируса Эбола [16]. Таким образом, вирус – это индикатор неблагополучия экологии в определенном регионе или

местности, а человек или другой микро- и макроорганизм (бактерия, растение, животное), является биологической мишенью с преимущественным поражением верхних дыхательных путей, желудочно-кишечного тракта, сердечно-сосудистой, нервной, иммунной, гормональной и т.д. систем организма.

Таким образом, главным геномом в этом эволюционном или адаптационном процессе всего живого является геном бактерий (прокариот, включая архей), который быстро реагирует генетическими изменениями на изменяющиеся экологические факторы и с использованием ретровирусоподобных механизмов, включая систему спейсерной адаптации CRISPR/Cas, редактирует иммунную и гормональную системы макроорганизмов (включая человека) к данным экологическим условиям.

Спейсерная адаптация иммунной системы человека происходит по принципу стимулирования нужных (чужеродных для организма) клонов антител, т.е. своего рода индивидуальная вакцинация или персонализированная иммунокоррекция. Соматическая спейсерная адаптация призвана исключать из макроорганизма возможность появления аутоантител (ревматоидный артрит, болезнь Альцгеймера, системная красная волчанка и др.), аллергических реакций, опухолей, сахарного диабета и т.д. Но все это происходит, когда в эволюционном процессе отсутствует неблагоприятное воздействие на главный геном (геном бактерий) и производных от него – геномы растений, животных и человека со стороны главным образом самого человека (через экологию). Стихийные бедствия, техногенные катастрофы, космическая материя и т.д., являются лишь дополнением к числу нежелательных элементов в этом процессе, поскольку носят, либо локальный характер, тогда происходит то, что наблюдается в настоящий этап эволюции, либо всеобъемлющий, заканчивающийся исчезновением цивилизаций.

В список неблагоприятных факторов, действующих на главный геном – геном бактерий со стороны человека, можно отнести использование антибактериальных препаратов, осушение болот, вырубку лесов, добычу полезных ископаемых, существующую систему вакцинации, стрессовые длительные реакции, неполноценное питание, чрезмерные физические нагрузки, экзотические традиции и обычаи, связанные с погибшими, урбанизация и т.д.

Что касается существующей методологии вакцинации, профилактическое действие которой направлено на элиминацию возбудителей инфекций из окружающей среды, то, на самом деле, происходит формирование экологических (адаптогены) или эпидемиологических (вирусы) ниш, заполняемых возбудителями «болезней X» [17]. Новый адаптоген или вирус, в этом случае, формируется под влиянием множества экологических или эпидемиологических ниш [18], а это, как указывалось выше, является своего рода индикатором неблагополучной экологической обстановки, своего рода сигналом для системы здравоохранения стран.

Стадия адаптации, наступающая после адаптогенного или поствирусного этапа – это период бактерий и архей. Этот этап, как упоминалось выше,

призван произвести коррекцию иммунной и гормональной систем у микро- (самых бактерий) и макроорганизмов (включая человека). Возникающая бактериальная инфекция – это своего рода штамм бактерий с измененной генетической структурой молекулярных мотивов, предназначенный для элиминации из биотопов нежизнеспособных как самих бактерий, так и человека. Этот процесс, как известно, заканчивается по-разному и в подавляющем большинстве случаев благоприятно. Большую роль здесь играет медицина. Если представить, что человек использует антибактериальные или антисептические препараты, убивающие бактерий (на самом деле производит их антибиотикорезистентные формы), то становится очевидным, почему главный геном планеты (геном бактерий, архей и др. одноклеточных быстроразмножающихся микроорганизмов в сочетании с макроорганизмами) реагирует не так, как бы нам этого хотелось. Множественная антибиотикорезистентность при туберкулезе – классический пример невозможности применения антибиотиков для лечения заболевания. Чума, холера, туберкулез, пневмо-, стафило-, стрепто-, гонококки и др. бактериальные инфекции – это природный механизм отсеивания слабых и выживания адаптированных. Познавая смысл противоречий между биологией и медициной, хотелось бы, используя биологические (природные) механизмы, поставить их на службу медицине.

Что касается диагностики вирусных и бактериальных инфекций, описанный механизм адаптации человека и другой флоры и фауны к разным экологическим условиям, как нельзя лучше подходит к не только констатации факта с каким типом возбудителя инфекции приходится «бороться» микро- и макроорганизму, но его (механизм) можно использовать для прогнозирования появления новых и вновь появляющихся инфекционных агентов, а также соматических заболеваний (включая опухолевые и аутоиммунные) [19,20]. Для этого подходят уже разработанные и широко используемые молекулярно-генетические и иммунобиологические методы анализа. К ним можно отнести полимеразную цепную реакцию, а также иммуноферментный анализ. Эти методы,

Литература:

1. Zoe Grange, Tracey Goldstein, Christine K. Johnson, et al., (2019) “SpillOver - new web tool to assess spillover risk of wildlife viruses” https://wda2019.ucdavis.edu/sites/g/files/dgvnks4756/files/files/page/WDA_2019_Proceedings_Final.pdf
2. Ishino Y, Shinagawa H, Makino K, Amemura M, Nakata A (1987) Nucleotide sequence of the *iap* gene, responsible for alkaline phosphatase isozyme conversion in *Escherichia coli*, and identification of the gene product. - *J. Bacteriol.*, No.169 (12), P. 5429–33. DOI: 10.1128/jb.169.12.5429-5433.1987. PMC213968. PMID 3316184.
3. Mojica, F.J., Juez, G. & Rodríguez-Valera, F. (1993) Transcription at different salinities of *Haloflex mediterranei* sequences adjacent to partially modified PstI sites. - *Molecular Microbiology*, Vol. 9, No. 3, P. 613–621.
4. Владыко А.С., Петкевич А.С. (1997) Проблемы и перспективы диагностики новых и вновь появляющихся инфекций. Сб.: «Принципы и перспективы диагностики новых и вновь появляющихся инфекционных заболеваний». Под ред. А.С. Владыко, Смолевичи, 27–28 февраля, С.23–31.
5. Владыко А.С. (2019) Биологическое оружие и окружающая среда. - Школа Науки, №8 (19), С.4–8.
6. Vladyko A. (2019) Biological Weapon or Biological Threat? - *Journal of Environmental Science and Engineering Technology*, No.7, P.54–59. DOI: <https://doi.org/10.12974/2311-8741.2019.07.07>
7. Владыко А.С. (2019) Главный геном и экология. – Материалы Межвузовского научного конгресса (г.Москва, 18 декабря 2019г.). – Москва: Издательство Инфинити, 2019.–140с. С. 94–99. DOI: 10.34660/INF.2019.9. 43956.
8. Vladyko A.C. (2020) The main genome. - “Process Management and Scientific Developments” (Birmingham, United Kingdom, January 16, 2020) P. 51–55. DOI:10.34660/INF.2020.4.52920

предполагающие возможность использования каскадных (поливалентных) антигенов (комплексов молекулярных мотивов или спейсеров) и сориентированных на построение индивидуальных (персональных) и региональных (определенной местности) иммуноантигенограмм (ИАГ), послужат предметным основанием для коррекции условий, исключающих неблагоприятное воздействие на гены главного генома – бактерий и архей. Тем более, что, например, существующая система адаптации CRISPR/Cas располагает возможностью применения праймеров на полиндромные повторы этой системы и экспрессию спейсеров-пептидов в виде поливалентных антигенных блоков, экспонирующих конкретные и нужные для адаптации белки.

В случае, если человек не сможет понять и произвести коррекцию своего поведения по отношению к главному геному, его породившему, то процесс эволюции продолжится в сторону превращения человека в качественно другого млекопитающего, живущего в нарастающем страхе к окружающей его среде. Вместе с тем, хочется надеяться, что со временем на смену *Homo sapiens* придет *Homo adpcticus*, человек адаптированный – не убивающий природу и самого себя. В настоящее же время это трудно представить, поскольку у человека, как и любого другого низшего млекопитающего, в генетическом аппарате заложены механизмы – быть выше, сильнее, лучше, богаче, главнее, успешнее и т.д., что проявляется на взаимоотношениях не только между людьми, но и между странами. Оптимистическим выводом в этой ситуации может стать только восприятие человеком веками накопленных религиозных ценностей, что отдалит человека от времени смены этой цивилизации, что уже неоднократно случалось на земле в прошлом.

Автор выражает благодарность сотрудникам лаборатории биотехнологии и иммунодиагностики особо опасных инфекций центра Семизжону П.А., Счесленок Е.П., Фоминой Е.Г., Ткачеву С.В., Григорьевой Е.Е., за поддержку отдельных высказываний при подготовке данного сообщения и критику при обсуждении отдельных предлагаемых утверждений.

9. Ryan F. (2014) "Viroolution". Translation from English into Russian. <https://www.e-reading.club/bookreader.php/1053546/Rayan-Violyuciya.html>
10. Фальковски Пол (2016) Кн.: «Двигатели жизни. Как бактерии сделали наш мир обитаемым». – Изд-во: «Питер». – Пер. с англ. – 272с.
11. A ProMED-mail post. Undiagnosed pneumonia – China (Hubei): request for information. Archive Number: 20191230.6864153. <https://finance.sina.cn/2019-12-31/detail-iihnzakh1074832.d.html?from=wap>
12. Wan Y, Shang J, Graham R, et al. Receptor recognition by novel coronavirus from Wuhan: An analysis based on decade-long structural studies of SARS. *J Virol.* 2020. pii: JVI.00127-20. doi: 10.1128/JVI.00127-20.
13. Ястребов В.К., Якименко В.В. (2014) Омская геморрагическая лихорадка: итоги исследований (1946–2013 гг.). – Вопросы вирусологии, №.59 (6), С.5–11. <https://cyberleninka.ru/article/n/omskaya-gemorragicheskaya-lihoradka-itogi-issledovaniy-1946-2013/viewer>
14. Владыко А.С., Петкевич А.С. (2003) Возбудитель тяжелого острого респираторного синдрома: механизмы появления и последствия. – Наука и инновации, № 3-4, С. 99–103.
15. Petrov VA. [Dissertation abstract "West Nile fever (clinic, epidemiology, diagnostics, pathomorphology, treatment)". Moscow 2004; 47 pp.] [Cited 2019 Oct 01]: Available from: <http://medical-diss.com/medicina/lihoradka-zapadnogo-nila>. In Russian.
16. Tilson M., Ozsvath K., Hirose H., et al. (1997) A Novel Hypothesis to Explain the Hemorrhagic and Connective Tissue Manifestations of Ebola Virus Infection. – *Clinical Immunology and Immunopathology*, Vol. 81, No.3, P.303–306.
17. World Health Organization. (2018) Scientists put on alert for deadly new pathogen – 'Disease X': <https://www.telegraph.co.uk/news/2018/03/09/world-health-organization-issues-alert-disease-x/>
18. Zapata J.C., Salvato M.S. (2013) Arenavirus variations due to hostspecific adaptation. – *Viruses*, No. 5(1), P. 241–78. DOI: 10.3390/v5010241. <https://doi.org/10.3390/v5010241>
19. Владыко А.С., Петкевич А.С. (2002) Проблемы и перспективы индивидуальной вакцинации. – Медицинские новости, №4, С.3–6.
20. Владыко А.С., Фомина Е.Г., Счесленок Е.П., Семижон П.А., Лущик А.Я., Дормешкин Д.О., Гилеп А.А. (2017) Пути оптимизации стратегии создания иммунобиологических препаратов на основе программно-целевого планирования. – *Лабораторная диагностика. Восточная Европа*, Т.6, № 2, – С. 213–217.