

W ramach operacji „PROPHECY” agencji DARPA w 2010 r. sfinansowano sieć UNC Ralpa Barica, która miała na celu stworzenie genetycznego planu przyszłych koronawirusów pandemicznych

Niedawno odkryte dokumenty wskazują, że armia amerykańska starała się poznać historię genetyczną koronawirusów mogących wywołać pandemię na wiele lat przed pojawieniem się COVID-19.

[Jon Fleetwood](http://JonFleetwood.com) 8 lipca 2026

DARPA Prophecy Grant

PI: M...
\$1,700,000

04/01/11
25% FTE

DARPA

Broad Agency Announcement
Prophecy
Defense Sciences Office (DSO)
DARPA-BAA-10-93
SEPTEMBER 23, 2010

Molecular, At...
acterize the co...
e population u...
e pressures inc...
e the evolution...
which viral s...
ding to the rec...
ovide an algorithm for predicting routes of coron...

onal Prospecti...
es using next...
conditions and...
ntibody neutra...
t in the popul...
give rise to no...
body or both.

Jak wynika z dokumentów rządowych i zapisów projektu dotyczącego koronawirusa finansowanego przez DARPA, prowadzonego w laboratorium Ralpha Barica, badacza koronawirusa z Uniwersytetu Karoliny Północnej, Agencja Zaawansowanych Projektów Badawczych w Obszarze Obronności (DARPA) uruchomiła w 2010 r. mało znany program, którego celem było ustalenie przyszłego składu genetycznego wirusów, zanim się pojawią, w tym mutacji, cech genomicznych i ścieżek ewolucyjnych populacji wirusowych, które jeszcze nie istniały.

Nowo reaktywowany program DARPA, znany jako [PROPHECY](#), został ogłoszony we wrześniu 2010 r. w ramach [szerokiego komunikatu agencji DARPA-BAA-10-93](#) i był zarządzany przez Biuro Nauk Obronnych DARPA.

PROPHECY potwierdza, że armia amerykańska opracowywała historię genetyczną koronawirusów pandemicznych prawie dekadę przed pojawieniem się SARS-CoV-2.

Odkrycie to przesuwaa udokumentowane zaangażowanie DARPA w predykcijną genomikę koronawirusa wstecz do 2010 r., czyli osiem lat przed propozycją DARPA/DEFUSE, w którą zaangażowani byli Ralph Baric, EcoHealth Alliance i Wuhan Institute of Virology, [która udokumentowała](#) wszystkie trzy definiujące cechy strukturalne białka kolca SARS-CoV-2 przed pandemią.

Powiązanie z Bariciem jest szczególnie godne uwagi, ponieważ jego laboratorium poświęciło już lata na budowanie technologicznych podstaw dla cyfrowo zaprojektowanych i genetycznie bezszwowe koronawirusów, w tym syntetycznych wirusów „[kozła ofiarnego](#)” zawierających fałszywe odciski palców oraz koronawirusów projektowanych komputerowo, stworzonych [bez wykrywalnych](#) śladów inżynierii.



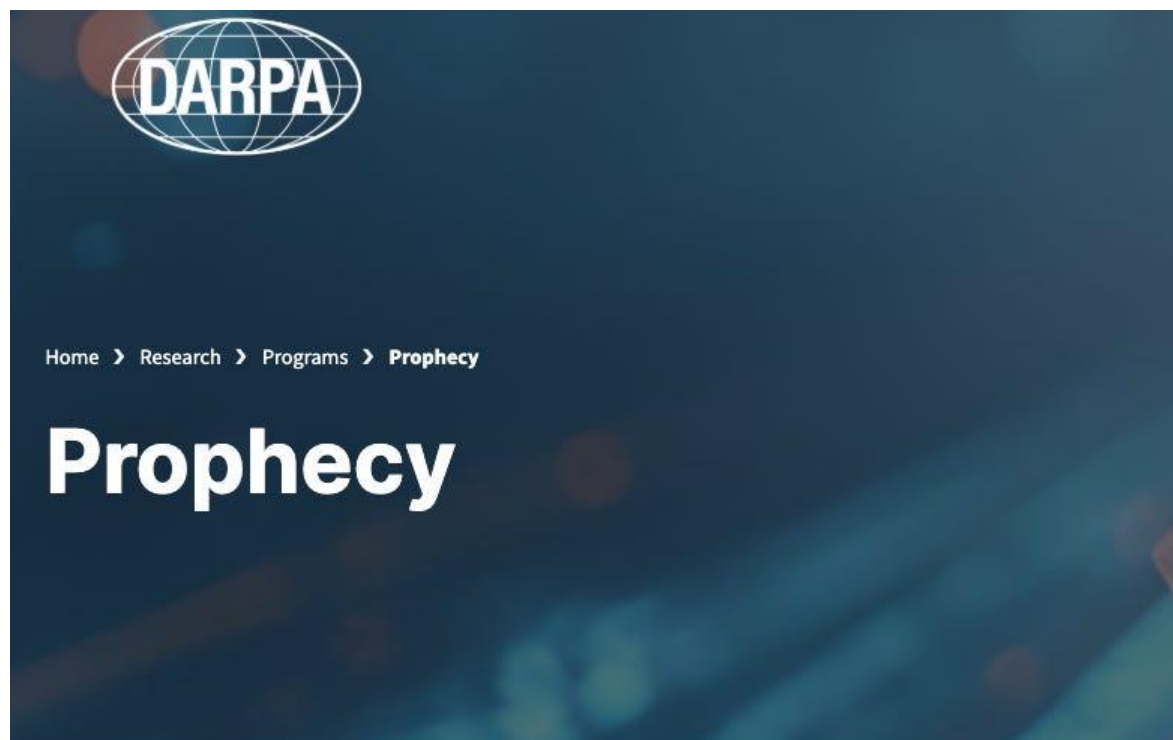
Ogłoszenie szerokiej agencji

Prorocketwo

Biuro Nauk Obronnych (DSO)

DARPA-BAA-10-93

23 WRZEŚNIA 2010



How to Predict Predict Viral Mutations

Military readiness and national security depend on the health and wellbeing of military service members. The Department of Defense's (DoD) cumulative investment in personnel comprises the second-largest share of the total defense budget. As such, DoD seeks advances in healthcare to ensure warfighters can operate at peak performance, and by focusing on prevention DoD may contain costs while enhancing readiness. In this context, the Prophecy (Pathogen Defeat) program will explore the evolution of viruses in the hopes of predicting viral mutations and ultimately developing drugs and vaccines in advance of need.

Pre-Award
Solicitation Details
Classification
Description
Contact Information
Attachments/Links

Prophecy • Inactive

Notice ID DARPA-BAA-10-93	Contract Opportunity Type Presolicitation	Inactive Dates Jan 19, 2011	Response Date Jan 04, 2011 4:00 PM EST
Related Notice (blank)	Inactive Policy 15 days after response date	Published Date Oct 12, 2010 1:44 PM EST	

Department/Ind. Agency DEPT OF DEFENSE	Sub-tier DEFENSE ADVANCED RESEARCH PROJECTS AGENCY (DARPA)	Major Command (blank)	Sub Command 1, 2, 3 (blank)
Office DEF ADVANCED RESEARCH PROJECTS AGCY			

DARPA chciała ustalić, jak wyglądają „przyszłe” wirusy, zanim jeszcze powstały

Cel DARPA był niezwykle jasny.

„DARPA dąży do uzyskania możliwości skutecznego przewidywania naturalnej ewolucji dowolnego wirusa”.

Jednak wymagania techniczne pokazują, że ambicje agencji wykraczają daleko poza proste przewidywanie epidemii i identyfikowanie niebezpiecznych rodzin wirusów.

DARPA chciała systemów zdolnych do określania:

- przyszłe mutacje,
- przyszłe reasortacje,
- przyszłe wydarzenia genetyczne,
- kolejność, w jakiej pojawią się mutacje,
- relacje między genotypem a fenotypem,
- i ostatecznie charakterystykę genomyczną przyszłych populacji wirusów.

Agencja przyznała, że:

„obecnie nie dysponujemy wiarygodną możliwością przewidywania reasortacji wirusa lub mutacji odpowiedzialnych za powstawanie nowych szczepów wirusa”.

Według DARPA rozwiązanie było następujące:

„Platforma badawcza umożliwiająca przewidywanie mutacji i ewentualnych reasortacji przed ich wystąpieniem”.

Określanie genetycznego planu przyszłych populacji wirusów

Program wielokrotnie powracał do jednego założenia: określenia przyszłego składu genetycznego wirusów, zanim jeszcze powstaną te populacje.

DARPA poleciła wykonawcom opracowanie:

„predykcyjne algorytmy ewolucji wirusów, które są informowane i weryfikowane eksperymentalnie przy użyciu platform biologicznych o wysokiej przepustowości”.

Agencja stwierdziła ponadto:

„Ten cel prawdopodobnie zostanie osiągnięty poprzez integrację platformy ewolucji wirusów z algorytmem przewidującym mutacje zapewniające ewolucyjną przewagę populacji wirusów”.

Do formalnych wymagań programu należała umiejętność:

„powtarzalnie przewidywać cechy genomyczne, proteomiczne i/lub funkcjonalne końcowej populacji wirusa”.

DARPA wymagała od badaczy również:

„Opracowanie algorytmów, które mogą znacząco zwiększyć poziom pewności przewidywania wszystkich istotnych zdarzeń genetycznych zachodzących w trakcie ewolucji wirusów”.

Agencja chciała zidentyfikować:

„szybkość i kolejność nabywania mutacji”

jak również:

„korelacja genotypu z fenotypem”.

Dokumenty opisują zatem program, którego celem było stworzenie opisu genetycznego ewoluujących populacji wirusów przed pojawieniem się fizycznej biologii.

DARPA chciała walidacji biologicznej, a nie tylko modeli komputerowych

PROPHECY nie zostało zaprojektowane jako czysto obliczeniowe ćwiczenie.

DARPA zażądała od wykonawców zbudowania czegoś, co nazwała:

„zamknięta platforma ewolucji wirusów”

zdolny do reprodukcji:

„naturalne interakcje wirus-gospodarz”.

Agencja chciała, aby naukowcy poddali domniemane wirusy naciskom selekcyjnym, zaobserwowali wynikające z tego trajektorie ewolucyjne i porównali rzeczywiste wyniki genetyczne z przewidywanymi.

Program wymagał:

„dokładna analiza wszystkich istotnych zdarzeń genetycznych skutkujących zmianą fenotypu wirusa w ramach platformy ewolucji wirusów”.

DARPA przewidywała ciągle sekwencjonowanie i udoskonalanie algorytmów, obejmujące dane:

„być może przekazując informacje zwrotne do algorytmu w czasie rzeczywistym”.

Związek Ralpha Barica z koronawirusem

Dowody na to, że projekt PROPHECY rozszerzył się o prace dotyczące konkretnie koronawirusa, pojawiły się w [życiorysie](#) ([archiwum](#)) Erica Donaldsona, badacza koronawirusa z Uniwersytetu Karoliny Północnej.

710272645 CV1 (1)

37,6 KB · Plik PDF

[Pobierać](#)

Donaldson przedstawił się jako:

„Kierownik zespołu sekwencjonowania w ramach grantu DARPA Prophecy Grant”.

W projekcie brało udział dwunastu głównych badaczy, a nagroda DARPA w wysokości 1,76 mln dolarów była przyznawana od kwietnia 2011 r. do marca 2014 r.

Jego tytuł brzmiał:

„Badania ewolucji koronawirusa z perspektywy molekularnej, atomowej i obliczeniowej”.

Projekt zakładał:

„scharakteryzować quasi-gatunek koronawirusa za pomocą sekwencjonowania nowej generacji”

przed narażeniem tych populacji na:

„różne naciski selekcyjne, w tym neutralizacja przeciwciał monoklonalnych i przełączanie receptorów ortologicznych”.

Następnie badacze określają:

„które genotypy genów kolca wirusowego dają początek nowym fenotypom”.

Ostateczny cel projektu odzwierciedlał szersze ambicje DARPA:

„Ostatecznym celem tego grantu obarczonego wysokim ryzykiem jest opracowanie algorytmu, który w przyszłości pozwoli przewidywać trasy ewolucji koronawirusa”.

Życiorys

Eric F. Donaldson, dr

eric_donaldson@med.unc.edu

A. ADRESY

Adres służbowy:	Numery telefonów:
Uniwersytet Karoliny Północnej Katedra Epidemiologii Numer CB#7435 Chapel Hill, Karolina Północna 27599	Telefon laboratoryjny: 919-966-3881 Telefon komórkowy: 919-599-8850

B. EDUKACJA

1. Uniwersytet Karoliny Północnej, Chapel Hill, Karolina Północna
Doktorat 2008 Mikrobiologia/Immunologia
2. Uniwersytet Stanowy Montany, Bozeman, MT 2001
BS Mikrobiologia
3. Flathead Valley Community College, Kalispell, MT Nauka
AA/AS 1999

C. ZAJMOWANE STANOWISKA

1. Uniwersytet Karoliny Północnej, Chapel Hill, Karolina Północna
a. Katedra Epidemiologii Asystent naukowy, adiunkt naukowy sierpień 2009 – obecnie
(post doc) b. Katedra Mikrobiologii i kwiecień 2008 – lipiec 2009
Immunologii, asystent naukowy (student) 2003-2008
2. Uniwersytet Stanowy Montany, Bozeman, MT a. Wydział
Mikrobiologii b. Wydział Literatury i Bioinformatyk II (technik badawczy) 2000-2003
Nauk c. Wydział Genetyki Doradca ds. bioinformatyki 2002-2003
Asystent laboratoryjny 1999-2000
3. Bozeman Daily Chronicle a. Dział
Sportu Dziennikarz sportowy 2000-2001
4. Flathead Valley Community College a. Dział
administracyjny Nauka poprzez służbę/ 1998-1999
Koordynator AmeriCorps

c. Lider zespołu sekwencjonowania w ramach grantu DARPA Prophecy Grant, trzyletni grant współpracy (12 głównych badaczy)
Projektów Badawczych Obrony Marasco/Donaldson 1 760 000 dolarów

PI: Agencja Zaawansowanych

04/01/11 – 03/31/14

25% etatu

Badania ewolucji koronawirusa z perspektywy molekularnej, atomowej i obliczeniowej.

Głównymi celami wniosku jest scharakteryzowanie quasi-gatunku koronawirusa za pomocą sekwencjonowania nowej generacji w celu określenia zmienności populacji w normalnych warunkach in vitro i in vivo, a następnie pod wpływem różnych presji selekcyjnych, w tym neutralizacji przeciwciałami monoklonalnymi i ortologicznej zmiany receptora, w celu określenia dynamiki ewolucyjnej obecnej w populacji. Obserwacje te zostaną następnie wykorzystane do określenia, które genotypy genów kolca wirusa dają początek nowym fenotypom, które można wykorzystać do pomiaru wiązania z receptorem i/lub przeciwciałem, lub z obydwojema. Ostatecznym celem tego grantu wysokiego ryzyka jest opracowanie algorytmu do przewidywania dróg ewolucji koronawirusa w przyszłości.

Praca odbywała się w laboratorium Barica

W CV Donaldsona podano, że był zatrudniony:

„pracuję w laboratorium dr. Ralpha Barica”.

W tym samym dokumencie stwierdzono, że jednocześnie:

„współpracujemy z dr. Baricem nad wskrzeszeniem koronawirusów nietoperzy, aby określić potencjał transmisji międzygatunkowej różnych nowych koronawirusów zidentyfikowanych u nietoperzy”.

D. DOŚWIADCZENIE BADAWCZE

1. Adiunkt naukowy Obecnie pracuję jako

adiunkt naukowy w Katedrze Epidemiologii w laboratorium dr. Ralpha Barica. Otrzymuję dofinansowanie od NIAID na prowadzenie badań nad wirusami u nietoperzy i badanie, w jaki sposób wirusy przekraczają barierę gatunkową, tworząc nowe populacje. Ponadto współpracuję z dr. Baricem nad wskrzeszeniem koronawirusów nietoperzy w celu określenia potencjału transmisji międzygatunkowej różnych nowych koronawirusów zidentyfikowanych u nietoperzy. Otrzymuję również dofinansowanie jako Gillings Innovative Lab od Gillings School of Global Public Health na prowadzenie badań nad ewolucją norowirusa, analizując różne genogrupy i genotypy tego wirusa, aby określić, w jaki sposób wirus ten utrzymuje się w populacjach ludzkich; wykorzystuję bioinformatykę strukturalną i ewolucję do kierowania projektowaniem obliczeniowym kandydatów na szczepy szczepionkowe.

2. Adiunkt naukowy/Student podoktorski Pracowałem w

laboratorium dr. Ralpha Barica od kwietnia 2008 do lipca 2009 roku jako adiunkt naukowy, badając ewolucję wirusów i strukturę białek oraz racjonalne projektowanie potencjalnych szczepów szczepionkowych. Opiekun: dr Ralph S. Barowy.

3. Praca doktorska na stanowisku asystenta

naukowego: Podejście do replikacji i patogenezы wirusów z wykorzystaniem metod obliczeniowych i biologii molekularnej. Moja praca koncentrowała się na integracji bioinformatyki i biologii molekularnej w celu generowania uzasadnionych hipotez dotyczących replikacji koronawirusa i patogenezы norowirusa, które zostały przetestowane empirycznie w laboratorium. Czas trwania: jesień 2003 – wiosna 2008. Promotor: dr Ralph S. Baric.

W innym miejscu CV Donaldson opisał plany:

„syntetycznie wskrzesić te koronawirusy, stosując biologię in silico”

a potem:

„ocenić zdolność tych wirusów do przedostania się do organizmu ludzkiego”.

b. Dotacja R01 dla Narodowych Instytutów Zdrowia Typ wniosku R01 PI:
Donaldson 1 850 000 USD NIH

07.01.11 – 06.30.16
25% etatu

Międzygatunkowe pojawienie się koronawirusów u nietoperzy.

Niniejsza praca stanowi kontynuację naszego grantu ARRA, który pozwolił nam odkryć nowy koronawirus u nietoperzy, blisko spokrewniony z ludzkim patogenem, koronawirusem ludzkim 229E. Głównymi celami wniosku są: scharakteryzowanie koronawirusów występujących u gatunków nietoperzy w północno-wschodnich Stanach Zjednoczonych poprzez sekwencjonowanie kilku próbek kału nietoperzy w celu określenia kompletnych sekwencji genomowych, wyizolowanie i/lub syntetyczne wskrzeszenie tych koronawirusów metodą biologii in silico oraz ocena zdolności tych wirusów do przedostania się do organizmu gospodarza ludzkiego za pomocą receptorów ortologicznych i homologicznych czynników odporności wrodzonej, takich jak antagoniści interferonu.

Dlatego też finansowane przez DARPA prace nad sekwencjonowaniem odbywały się nie tylko na orbicie Baric, ale także w samym laboratorium Baric.

Test „realnego świata”

Ostatnia faza PROPHECY wyszła poza przewidywania i wkroczyła w fazę walidacji.

DARPA wymaga:

„Przeprowadź test w warunkach rzeczywistych algorytmu predykcyjnego i systemu walidacji biologicznej”.

Celem tego ćwiczenia było ustalenie, czy badacze mogą:

„powtarzalnie przewidywać genomiczne, proteomiczne i/lub funkcjonalne cechy końcowej populacji wirusa”.

DARPA dodatkowo sprecyzowała, że:

„System ten będzie testowany wielokrotnie na każdej populacji początkowej w celu wykazania powtarzalności”.

Podsumowanie

Przez lata uwaga opinii publicznej skupiała się na późniejszych programach dotyczących koronawirusa, takich jak DEFUSE, platformy mRNA do badań nad pandemią i operacja Warp Speed.

Niedawno opublikowane dokumenty PROPHECY wskazują na wcześniejszy rozdział.

Do 2010 r. DARPA otwarcie poszukiwała systemów, które byłyby w stanie określić skład genetyczny domniemanych populacji wirusów, zanim się pojawią, identyfikować ich mutacje, obliczać kolejność, w jakiej te mutacje się pojawią, i eksperymentalnie weryfikować te prognozy.

W 2011 roku jedna z takich inicjatyw miała miejsce w laboratorium Ralpha Barica w Chapel Hill.

Oczywistym pytaniem nie jest to, czy armia amerykańska była zainteresowana genomami przyszłych koronawirusów pandemicznych.

Dokumenty pokazują, że tak było — a kolejnym znanym rozdziałem jest DEFUSE, w którym Baric, EcoHealth Alliance i Wuhan Institute of Virology udokumentowali wszystkie trzy charakterystyczne cechy szczytowe, które później pojawiły się w centrum tajemnicy SARS-CoV-2, zanim rozpoczęła się pandemia.