

L'ORIGINE DEL COVID

Le persone o la natura hanno aperto il vaso di Pandora a Wuhan ?

Nicholas Wade

Prefazione

La pandemia COVID-19 ha sconvolto la vita in tutto il mondo per più di un anno. Il bilancio delle vittime raggiungerà presto i tre milioni di persone. Tuttavia l'origine della pandemia rimane incerta: i programmi politici dei governi e degli scienziati hanno generato spesse nubi di offuscamento, che la stampa mainstream sembra incapace di dissipare. In quanto segue selezionerò i fatti scientifici disponibili, che contengono molti indizi su quanto accaduto, e fornirò ai lettori le prove per esprimere i propri giudizi. Cercherò quindi di valutare la complessa questione della colpa, che inizia con, ma si estende ben oltre, il governo cinese. Alla fine di questo articolo, potresti aver imparato molto sulla biologia molecolare dei virus. Cercherò di mantenere questo processo il più indolore possibile. Ma la scienza non può essere evitata perché per ora, e probabilmente per molto tempo, offre l'unico filo sicuro attraverso il labirinto. Il virus che ha causato la pandemia è ufficialmente noto come SARS-CoV-2, ma può essere chiamato SARS2 in breve. Come molte persone sanno, ci sono due teorie principali sulla sua origine. Uno è che è passato naturalmente dalla fauna selvatica alle persone. L'altro è che il virus era in fase di studio in un laboratorio, da cui è scappato. È molto importante che sia il caso se speriamo di prevenire un secondo evento del genere.

Descriverò le due teorie, spiegherò perché ognuna è plausibile e poi chiederò quale fornisce la migliore spiegazione dei fatti disponibili. È importante notare che finora non ci sono *prove dirette* per nessuna delle due teorie. Ciascuno dipende da una serie di congetture ragionevoli, ma finora manca di prove. Quindi ho solo indizi, non conclusioni, da offrire. Ma quegli indizi puntano in una direzione specifica. E avendo dedotto quella direzione, delineerò alcuni dei fili in questa matassa intricata del disastro.

Un racconto di due teorie.

Dopo che la pandemia è scoppiata per la prima volta nel dicembre 2019, le autorità cinesi hanno riferito che molti casi si erano verificati nel mercato umido - un luogo che vende animali selvatici per la carne - a Wuhan. Ciò ha ricordato agli esperti l'epidemia di SARS1 del 2002, in cui un virus del pipistrello si era diffuso prima agli zibetti, un animale venduto nei mercati umidi, e dagli zibetti alle persone. Un virus pipistrello simile ha causato una seconda epidemia, nota come MERS, nel 2012. Questa volta l'animale ospite intermedio erano i cammelli.

La decodifica del genoma del virus ha mostrato che apparteneva a una famiglia virale nota come beta-coronavirus, alla quale appartengono anche i virus SARS1 e MERS. La relazione supportava l'idea che, come loro, fosse un virus naturale che era riuscito a saltare dai pipistrelli, tramite un altro ospite animale, alle persone. La connessione del mercato umido, il principale punto di somiglianza con le epidemie di SARS1 e MERS, è stata presto interrotta: i ricercatori cinesi hanno scoperto casi precedenti a Wuhan senza alcun collegamento con il mercato umido. Ma questo non sembrava avere importanza quando a breve si sarebbero aspettate così tante ulteriori prove a sostegno dell'emergenza naturale.

Wuhan, tuttavia, è sede del **Wuhan Institute of Virology**, uno dei principali centri mondiali per la ricerca sui coronavirus. Quindi la possibilità che il virus SARS2 fosse sfuggito dal laboratorio non poteva essere esclusa. Sul tavolo c'erano due ragionevoli scenari di origine.

Fin dall'inizio, le percezioni del pubblico e dei media sono state modellate a favore dello scenario di emergenza naturale da dichiarazioni forti di due gruppi scientifici. Queste affermazioni non furono inizialmente esaminate criticamente come avrebbero dovuto essere.

"Siamo uniti per condannare fermamente le teorie del complotto che suggeriscono che COVID-19 non ha un'origine naturale", hanno scritto un gruppo di virologi e altri su **Lancet** il 19 febbraio 2020, quando era davvero troppo presto per essere sicuri cosa era successo. Gli scienziati "concludono in modo schiacciante che questo coronavirus ha avuto origine nella fauna selvatica", hanno detto, con un appello convinto ai lettori di stare con i colleghi cinesi in prima linea nella lotta contro la malattia.

Contrariamente a quanto affermano gli scrittori della lettera, l'idea che il virus potesse essere sfuggito da un laboratorio ha evocato un incidente, non un complotto. Sicuramente doveva essere esplorato, non rifiutato a priori. Un segno distintivo dei bravi scienziati è che si danno molto da fare per distinguere tra ciò che sanno e ciò che non sanno. In base a questo criterio, i firmatari della lettera Lancet si comportavano da poveri scienziati: assicuravano al pubblico fatti che non potevano sapere con certezza fossero veri.

Successivamente si è scoperto che la lettera di Lancet era stata **organizzata e redatta** da **Peter Daszak**, presidente della EcoHealth Alliance di New York. L'organizzazione di Daszak ha finanziato la ricerca sul coronavirus presso l'Istituto di virologia di Wuhan. Se il virus SARS2 fosse effettivamente sfuggito alla ricerca da lui finanziata, Daszak sarebbe potenzialmente colpevole. Questo acuto

conflitto di interessi non è stato dichiarato ai lettori di Lancet. Al contrario, la lettera concludeva: "*Non dichiariamo interessi in competizione*".

I virologi come Daszak avevano molto in gioco nell'assegnazione della colpa per la pandemia. Per 20 anni, per lo più sotto l'attenzione del pubblico, avevano giocato a un gioco pericoloso. Nei loro laboratori creavano abitualmente virus più pericolosi di quelli esistenti in natura. Sostenevano che potevano farlo in sicurezza e che, anticipando la natura, potevano prevedere e prevenire gli "spillover" naturali, il passaggio di virus da un ospite animale alle persone. Se SARS2 fosse davvero sfuggita a un simile esperimento di laboratorio, ci si poteva aspettare un selvaggio contraccolpo e la tempesta di indignazione pubblica avrebbe colpito i virologi ovunque, non solo in Cina. "*Andrebbe in frantumi l'edificio scientifico da cima a fondo*", ha detto a marzo 2020 un editore del *MIT Technology Review*, **Antonio Regalado**.

Una seconda dichiarazione che ha avuto un'enorme influenza nel plasmare gli atteggiamenti pubblici è stata una lettera (in altre parole un pezzo d'opinione, non un articolo scientifico) pubblicata il 17 marzo 2020 sulla rivista *Nature Medicine*. I suoi autori erano un gruppo di virologi guidati da **Kristian G. Andersen** dello Scripps Research Institute. "*Le nostre analisi mostrano chiaramente che SARS-CoV-2 non è un costrutto di laboratorio o un virus manipolato di proposito*", hanno dichiarato i cinque virologi nel secondo paragrafo della loro lettera.

Sfortunatamente, questo era un altro caso di scienza povera, nel senso definito sopra. È vero, alcuni metodi più vecchi per tagliare e incollare i genomi virali conservano segni rivelatori di manipolazione. Ma i metodi più recenti, chiamati approcci "no-see-um" o "senza soluzione di continuità", non lasciano segni distintivi. Né lo fanno altri metodi per manipolare i virus come il passaggio seriale, il trasferimento ripetuto di virus da una coltura di cellule a un'altra. Se un virus è stato manipolato, sia con un metodo senza interruzioni che tramite passaggio seriale, non c'è modo di sapere che è così. Andersen e i suoi colleghi stavano assicurando ai loro lettori qualcosa che non potevano sapere.

La parte di discussione della loro lettera inizia: "È improbabile che SARS-CoV-2 sia emerso attraverso la manipolazione di laboratorio di un coronavirus simile a SARS-CoV". Ma aspetta, il responsabile non ha detto che il virus *chiaramente* non era stato manipolato? Il grado di certezza degli autori sembrava scivolare di parecchie tacche quando si trattava di esporre il loro ragionamento.

La ragione dello slittamento è chiara una volta che il linguaggio tecnico è stato penetrato. Le due ragioni addotte dagli autori per supporre che la manipolazione sia improbabile sono decisamente inconcludenti.

In primo luogo, dicono che la proteina spike di SARS2 si lega molto bene al suo bersaglio, il recettore ACE2 umano, ma lo fa in un modo diverso da quello che i calcoli fisici suggeriscono sarebbe la soluzione migliore. Pertanto il virus deve essere derivato dalla selezione naturale, non dalla manipolazione.

Se questo argomento sembra difficile da afferrare, è perché è così teso. L'assunto di base degli autori, non esplicitato, è che chiunque cerchi di legare un virus pipistrello a cellule umane potrebbe farlo in un solo modo. Per prima cosa calcolerebbero l'adattamento più forte possibile tra il recettore ACE2 umano e la proteina spike con cui il virus si attacca ad esso. Quindi progetterebbero la proteina spike di conseguenza (selezionando la stringa giusta di unità di amminoacidi che la compongono). Poiché la proteina spike SARS2 non è di questo design migliore calcolato, afferma il documento Andersen, quindi non può essere stata manipolata.

Ma questo ignora il modo in cui i virologi fanno effettivamente legare le proteine spike ai bersagli scelti, che non è per calcolo ma unendo i geni delle proteine spike da altri virus o per passaggio seriale. Con il passaggio seriale, ogni volta che la progenie del virus viene trasferita a nuove colture cellulari o animali, vengono selezionate le più riuscite fino a quando ne emerge una che crea un legame molto stretto con le cellule umane. La selezione naturale ha fatto tutto il lavoro pesante. La speculazione del documento Andersen sulla progettazione di una proteina spike virale attraverso il calcolo non ha alcuna incidenza sul fatto che il virus sia stato manipolato o meno da uno degli altri due metodi.

Il secondo argomento degli autori contro la manipolazione è ancora più artificioso. Sebbene la maggior parte degli esseri viventi utilizzi il DNA come materiale ereditario, un certo numero di virus utilizza l'RNA, il cugino chimico stretto del DNA. Ma l'RNA è difficile da manipolare, quindi i ricercatori che lavorano sui coronavirus, che sono basati sull'RNA, convertiranno prima il genoma dell'RNA in DNA. Manipolano la versione del DNA, aggiungendo o alterando i geni, e quindi fanno in modo che il genoma del DNA manipolato venga riconvertito in RNA infettivo.

Solo un certo numero di queste spine dorsali del DNA è stato descritto nella letteratura scientifica. Chiunque manipolasse il virus SARS2 "probabilmente" avrebbe utilizzato una di queste spine dorsali note, scrive il gruppo Andersen, e poiché SARS2 non è derivato da nessuna di esse, quindi non è stato manipolato. Ma l'argomento è vistosamente inconcludente. Le spine dorsali del DNA sono abbastanza facili da realizzare, quindi è ovviamente possibile che SARS2 sia stata manipolata utilizzando una spina dorsale del DNA non pubblicata.

E questo è tutto. Queste sono le due argomentazioni avanzate dal gruppo Andersen a sostegno della loro dichiarazione secondo cui il virus SARS2 non è stato chiaramente manipolato. E questa conclusione, fondata su nient'altro che due speculazioni inconcludenti, ha convinto la stampa mondiale che SARS2 non avrebbe potuto sfuggire a un laboratorio. Una critica tecnica alla lettera di Andersen la riduce con parole più dure.

La scienza è presumibilmente una comunità di esperti che si auto-corregge che controllano costantemente il lavoro degli altri. Allora perché altri virologi non hanno sottolineato che l'argomento del gruppo Andersen era pieno di buchi assurdamamente grandi? Forse perché nelle università di oggi il discorso può essere molto costoso. Le carriere possono essere distrutte se si esce dalla linea. Qualsiasi virologo che metta in discussione il punto di vista dichiarato dalla comunità rischia che la sua prossima domanda di sovvenzione venga rifiutata dal gruppo di colleghi virologi che consiglia l'agenzia di distribuzione delle sovvenzioni governative.

Le lettere di **Daszak e Andersen** erano davvero dichiarazioni politiche, non scientifiche, ma erano sorprendentemente efficaci. Articoli sulla stampa tradizionale affermavano ripetutamente che un consenso di esperti aveva stabilito che la fuga di laboratorio era fuori questione o estremamente improbabile. I loro autori hanno fatto affidamento per la maggior parte sulle lettere di Daszak e Andersen, non riuscendo a comprendere le lacune sbadiglianti nei loro argomenti. I giornali tradizionali hanno tutti giornalisti scientifici nel loro staff, così come le principali reti, e questi giornalisti specializzati dovrebbero essere in grado di interrogare gli scienziati e verificare le loro affermazioni. Ma le affermazioni di Daszak e Andersen sono rimaste in gran parte incontrastate.

Dubbi sull'emergenza naturale.

L'emergenza naturale è stata la teoria preferita dai media fino a circa febbraio 2021 e la visita di una commissione dell'Organizzazione mondiale della sanità (OMS) in Cina. La composizione e l'accesso della commissione sono stati pesantemente controllati dalle autorità cinesi. I suoi membri, che includevano l'onnipresente Daszak, continuavano ad affermare prima, durante e dopo la loro visita che la fuga dal laboratorio era estremamente improbabile. Ma questa non era proprio la vittoria propagandistica che le autorità cinesi avrebbero sperato. Ciò che divenne chiaro era che i cinesi non avevano prove da offrire alla commissione a sostegno della teoria dell'emergenza naturale.

Ciò è stato sorprendente perché sia il virus SARS1 che il virus MERS avevano lasciato abbondanti tracce nell'ambiente. La specie ospite intermedia di SARS1 è stata identificata entro quattro mesi dallo scoppio dell'epidemia e l'ospite di MERS entro

nove mesi. Eppure, circa 15 mesi dopo l'inizio della pandemia di SARS2, e dopo una ricerca presumibilmente intensiva, i ricercatori cinesi non erano riusciti a trovare né la popolazione di pipistrelli originale, né le specie intermedie a cui SARS2 avrebbe potuto saltare, né alcuna prova sierologica che qualsiasi popolazione cinese, inclusa quella di Wuhan, era mai stata esposta al virus prima del dicembre 2019. L'emergenza naturale è rimasta una congettura che, per quanto plausibile all'inizio, non aveva ottenuto un brandello di prove a sostegno in oltre un anno.

E finché rimane così, è logico prestare seria attenzione alla congettura alternativa, secondo cui SARS2 è scappato da un laboratorio.

Perché qualcuno dovrebbe voler creare un nuovo virus in grado di provocare una pandemia? Da quando i virologi hanno acquisito gli strumenti per manipolare i geni di un virus, hanno sostenuto di poter anticipare una potenziale pandemia esplorando quanto un determinato virus animale potrebbe essere vicino a fare il salto agli umani. E questo ha giustificato esperimenti di laboratorio per migliorare la capacità di virus animali pericolosi di infettare le persone, hanno affermato i virologi.

Con questa logica, hanno ricreato il virus influenzale del 1918, mostrato come il virus della poliomielite quasi estinto può essere sintetizzato dalla sua sequenza di DNA pubblicata e introdotto un gene del vaiolo in un virus correlato.

Questi miglioramenti delle capacità virali sono noti blandamente come esperimenti di guadagno di funzione. Con i coronavirus, c'era un particolare interesse per le proteine spike, che sporgono tutt'intorno alla superficie sferica del virus e determinano praticamente quale specie di animale prenderà di mira. Nel 2000 i ricercatori olandesi, ad esempio, si sono guadagnati la gratitudine dei roditori di tutto il mondo ingegnerizzando geneticamente la proteina spike di un coronavirus di topo in modo che attaccasse solo i gatti.

I virologi hanno iniziato a studiare seriamente i coronavirus di pipistrello dopo che questi si sono rivelati essere la fonte delle epidemie di SARS1 e MERS. In particolare, i ricercatori volevano capire quali cambiamenti dovevano verificarsi nelle proteine spike di un virus pipistrello prima che potesse infettare le persone.

I ricercatori dell'Istituto di virologia di Wuhan, guidati dal principale esperto cinese di virus dei pipistrelli, **Shi Zheng-li** o "Bat Lady", hanno organizzato frequenti spedizioni nelle grotte infestate da pipistrelli dello Yunnan nel sud della Cina e hanno raccolto circa un centinaio di diversi coronavirus di pipistrello.

Shi ha poi collaborato con **Ralph S. Baric**, un eminente ricercatore sul coronavirus presso l'Università del North Carolina. Il loro lavoro si è concentrato sul potenziamento della capacità dei virus dei pipistrelli di attaccare gli esseri umani in

modo da "esaminare il potenziale di emergenza (cioè il potenziale di infettare gli esseri umani) dei CoV di pipistrello circolanti [coronavirus]". Per perseguire questo obiettivo, nel novembre 2015 hanno creato un nuovo virus prendendo la spina dorsale del virus SARS1 e sostituendo la sua proteina spike con una da un virus pipistrello (noto come SHC014-CoV). Questo virus prodotto è stato in grado di infettare le cellule delle vie aeree umane, almeno se testato contro una coltura di laboratorio di tali cellule.

Il virus SHC014-CoV / SARS1 è noto come chimera perché il suo genoma contiene materiale genetico di due ceppi di virus. Se il virus SARS2 fosse stato inventato nel laboratorio di Shi, il suo prototipo diretto sarebbe stato la chimera SHC014-CoV / SARS1, il cui potenziale pericolo ha riguardato molti osservatori e ha suscitato intense discussioni.

"Se il virus fosse sfuggito, nessuno avrebbe potuto prevedere la traiettoria", ha detto Simon Wain-Hobson, virologo presso l'Istituto Pasteur di Parigi. Baric e Shi hanno fatto riferimento agli ovvi rischi nel loro documento, ma hanno sostenuto che dovrebbero essere valutati rispetto al vantaggio di prefigurare future ricadute. I gruppi di revisione scientifica, hanno scritto, "potrebbero ritenere che studi simili che costruiscono virus chimerici basati su ceppi circolanti siano troppo rischiosi da perseguire". Date le varie restrizioni imposte alla ricerca sul guadagno di funzione (GOF), a loro avviso le questioni erano arrivate a "un crocevia delle preoccupazioni della ricerca GOF; il potenziale per preparare e mitigare future epidemie deve essere valutato rispetto al rischio di creare agenti patogeni più pericolosi. Nello sviluppo di politiche che vanno avanti, è importante considerare il valore dei dati generati da questi studi e se questi tipi di studi sui virus chimerici giustificano ulteriori indagini rispetto ai rischi intrinseci coinvolti".

Tale dichiarazione è stata fatta nel 2015. Dal senno di poi del 2021, si può dire che il valore degli studi sul guadagno di funzione nella prevenzione dell'epidemia di SARS2 era zero. Il rischio era catastrofico, se davvero il virus SARS2 fosse stato generato in un esperimento di guadagno di funzione.

All'interno dell'Istituto di virologia di Wuhan.

Baric aveva sviluppato e insegnato a Shi un metodo generale per ingegnerizzare i coronavirus di pipistrello per attaccare altre specie. Gli obiettivi specifici erano cellule umane coltivate in colture e topi umanizzati. Questi topi da laboratorio, un sostituto economico ed etico per i soggetti umani, sono geneticamente progettati per trasportare la versione umana di una proteina chiamata ACE2 che fissa la superficie delle cellule che rivestono le vie respiratorie.

Shi è tornata al suo laboratorio presso l'Istituto di virologia di Wuhan e ha ripreso il lavoro che aveva iniziato sull'ingegneria genetica dei coronavirus per attaccare le cellule umane. Come possiamo esserne così sicuri?

Perché, per una strana svolta nella storia, il suo lavoro è stato finanziato dal National Institute of Allergy and Infectious Diseases (NIAID), una parte del National Institutes of Health (NIH) degli Stati Uniti. E le proposte di sovvenzione che hanno finanziato il suo lavoro, che sono una questione di dominio pubblico, specificano esattamente cosa intendeva fare con i soldi.

Le sovvenzioni sono state assegnate all'appaltatore principale, Daszak della EcoHealth Alliance, che le ha subappaltate a Shi. Ecco alcuni estratti delle sovvenzioni per gli anni fiscali 2018 e 2019. ("CoV" sta per coronavirus e "proteina S" si riferisce alla proteina spike del virus.)

"Testare le previsioni sulla trasmissione inter-specie di CoV. I modelli predittivi della gamma dell'ospite (cioè il potenziale di emergenza) saranno testati sperimentalmente utilizzando genetica inversa, saggi di legame di pseudovirus e recettori ed esperimenti di infezione virale attraverso una gamma di colture cellulari di specie diverse e topi umanizzati."

"Useremo i dati della sequenza della proteina S, la tecnologia dei cloni infettivi, gli esperimenti di infezione in vitro e in vivo e l'analisi del legame del recettore per testare l'ipotesi che le soglie di divergenza% nelle sequenze della proteina S predicano il potenziale di spillover".

Ciò significa, in un linguaggio non tecnico, che Shi ha deciso di creare nuovi coronavirus con la più alta infettività possibile per le cellule umane. Il suo piano era quello di prendere geni che codificano per proteine spike che possiedono una varietà di affinità misurate per le cellule umane, che vanno da alte a basse. Avrebbe inserito questi geni spike uno per uno nella spina dorsale di un certo numero di genomi virali ("genetica inversa" e "tecnologia dei cloni infettivi"), creando una serie di virus chimerici. Questi virus chimerici verrebbero quindi testati per la loro capacità di attaccare colture cellulari umane ("in vitro") e topi umanizzati ("in vivo"). E queste informazioni aiuterebbero a prevedere la probabilità di "spillover", il salto di un coronavirus dai pipistrelli alle persone.

L'approccio metodico è stato progettato per trovare la migliore combinazione di spina dorsale del coronavirus e proteina spike per infettare le cellule umane. L'approccio potrebbe aver generato virus simili a SARS2, e in effetti potrebbe aver creato il virus SARS2 stesso con la giusta combinazione di spina dorsale del virus e proteina spike.

Non si può ancora affermare che Shi abbia generato o meno SARS2 nel suo laboratorio perché i suoi record sono stati sigillati, ma sembra che fosse sicuramente sulla buona strada per farlo. "È chiaro che il Wuhan Institute of Virology stava costruendo sistematicamente nuovi coronavirus chimerici e stava valutando la loro capacità di infettare cellule umane e topi che esprimono ACE2", afferma **Richard H. Ebright**, biologo molecolare presso la Rutgers University e principale esperto di biosicurezza.

"È anche chiaro", ha detto Ebright, "che, a seconda dei contesti genomici costanti scelti per l'analisi, questo lavoro potrebbe aver prodotto SARS-CoV-2 o un progenitore prossimale di SARS-CoV-2". "Contesto genomico" si riferisce alla particolare spina dorsale virale utilizzata come banco di prova per la proteina spike. Lo scenario di fuga dal laboratorio per l'origine del virus SARS2, come dovrebbe essere ormai evidente, non è un semplice gesto di mano nella direzione dell'Istituto di virologia di Wuhan. Si tratta di una proposta dettagliata, basata sul progetto specifico finanziato dal NIAID.

Anche se la borsa di studio ha richiesto il piano di lavoro sopra descritto, come si può essere certi che il piano sia stato effettivamente realizzato? Per questo possiamo fare affidamento sulla parola di Daszak, che ha protestato molto negli ultimi 15 mesi sul fatto che la fuga dal laboratorio fosse una ridicola teoria del complotto inventata dai cinesi.

Il 9 dicembre 2019, prima che lo scoppio della pandemia diventasse generalmente noto, Daszak ha rilasciato un'intervista in cui ha parlato in termini entusiastici di come i ricercatori dell'Istituto di virologia di Wuhan avessero riprogrammato la proteina spike e generato coronavirus chimerici in grado di infettare umanizzati topi.

"E ora abbiamo trovato, sai, dopo 6 o 7 anni di attività, oltre 100 nuovi coronavirus correlati alla SARS, molto vicini alla SARS", dice Daszak intorno al minuto 28 dell'intervista. "Alcuni di loro entrano nelle cellule umane in laboratorio, alcuni di loro possono causare la malattia della SARS in modelli di topi umanizzati e non sono trattabili con monoclonali terapeutici e non è possibile vaccinarli contro di loro con un vaccino. Quindi, questi sono un pericolo chiaro e presente..."

Intervistatore: Dici che si tratta di diversi coronavirus e che non puoi vaccinarli contro di loro e nessun antivirale, quindi cosa facciamo?

"Daszak: Beh, penso ... coronavirus - puoi manipolarli in laboratorio abbastanza facilmente. La proteina Spike guida molto di ciò che accade con il coronavirus, nel rischio zoonotico. Quindi puoi ottenere la sequenza, puoi costruire la proteina e lavoriamo molto con Ralph Baric all'UNC per farlo. Inseriscilo nella spina dorsale di

un altro virus e fai del lavoro in laboratorio. Quindi puoi essere più predittivo quando trovi una sequenza. Hai questa diversità. Ora la progressione logica per i vaccini è che, se hai intenzione di sviluppare un vaccino per la SARS, le persone useranno la SARS pandemica, ma inseriamo alcune di queste altre cose e otteniamo un vaccino migliore". Gli inserimenti a cui si riferiva forse includevano un elemento chiamato sito di scissione della furina, discusso di seguito, che aumenta notevolmente l'infettività virale per le cellule umane.

In stile sconnesso, Daszak si riferisce al fatto che una volta generato un nuovo coronavirus in grado di attaccare le cellule umane, puoi prendere la proteina spike e renderla la base per un vaccino.

Si può solo immaginare la reazione di Daszak quando ha saputo dello scoppio dell'epidemia a Wuhan pochi giorni dopo. Avrebbe conosciuto meglio di chiunque altro l'obiettivo del Wuhan Institute di rendere i coronavirus dei pipistrelli infettivi per gli esseri umani, così come le debolezze nella difesa dell'istituto contro i propri ricercatori che venivano infettati.

Ma invece di fornire alle autorità sanitarie pubbliche le numerose informazioni a sua disposizione, ha immediatamente lanciato una campagna di pubbliche relazioni per convincere il mondo che l'epidemia non poteva essere stata causata da uno dei virus truccati dall'istituto. *"L'idea che questo virus sia fuggito da un laboratorio è solo pura sciocchezza. Non è semplicemente vero"*, ha dichiarato in un'aprile 2020 [intervista](#).

Le disposizioni di sicurezza presso l'Istituto di virologia di Wuhan.

Forse Daszak non era a conoscenza, o forse conosceva fin troppo bene, la [lunga storia](#) di virus che sfuggivano anche ai laboratori meglio gestiti. Il virus del vaiolo è fuggito tre volte dai laboratori in Inghilterra negli anni '60 e '70, causando 80 casi e 3 morti. Da allora virus pericolosi sono fuoriusciti dai laboratori quasi ogni anno. Venendo a tempi più recenti, il virus SARS1 si è dimostrato un vero artista della fuga, fuoriuscendo dai laboratori di Singapore, Taiwan e non meno di quattro volte dall'Istituto nazionale cinese di virologia di Pechino.

Uno dei motivi per cui la SARS1 è così difficile da gestire è che non c'erano vaccini disponibili per proteggere i lavoratori di laboratorio. Come ha menzionato Daszak nell'intervista del 19 dicembre sopra citata, anche i ricercatori di Wuhan non erano stati in grado di sviluppare vaccini contro i coronavirus che avevano progettato per infettare le cellule umane. Sarebbero stati indifesi contro il virus SARS2, se fosse stato generato nel loro laboratorio, come lo erano i loro colleghi di Pechino contro SARS1.

Una seconda ragione per il grave pericolo dei nuovi coronavirus ha a che fare con i livelli richiesti di sicurezza di laboratorio. Ci sono quattro gradi di sicurezza, designati da BSL1 a BSL4, con BSL4 che è il più restrittivo e progettato per agenti patogeni mortali come il virus Ebola.

L'Istituto di virologia di Wuhan aveva un nuovo laboratorio BSL4, ma il suo stato di preparazione ha notevolmente allarmato gli ispettori del Dipartimento di Stato che lo hanno visitato dall'ambasciata di Pechino nel 2018. *"Il nuovo laboratorio ha una grave carenza di tecnici e investigatori adeguatamente formati necessari per operare in sicurezza questo laboratorio ad alto contenimento"*, hanno scritto gli ispettori in un [cablogramma](#) del 19 gennaio 2018.

Il vero problema, tuttavia, non era lo stato di insicurezza del laboratorio BSL4 di Wuhan, ma il fatto che ai virologi di tutto il mondo non piace lavorare in condizioni BSL4. Devi indossare una tuta spaziale, fare operazioni in armadi chiusi e accettare che tutto richiederà il doppio del tempo. Quindi le regole che assegnano ogni tipo di virus a un determinato livello di sicurezza erano più lassiste di quanto alcuni potrebbero pensare fosse prudente.

Prima del 2020, le regole seguite dai virologi in Cina e altrove richiedevano che gli esperimenti con i virus SARS1 e MERS fossero condotti in condizioni BSL3. Ma tutti gli altri coronavirus di pipistrello potrebbero essere studiati in BSL2, il livello successivo inferiore. BSL2 richiede l'adozione di precauzioni di sicurezza piuttosto minime, come indossare camici e guanti da laboratorio, non aspirare liquidi in una pipetta e mettere segnali di pericolo biologico. Tuttavia, un esperimento di guadagno di funzione condotto in BSL2 potrebbe produrre un agente più contagioso di SARS1 o MERS. E se lo facesse, i laboratori di laboratorio avrebbero un'alta probabilità di infezione, specialmente se non vaccinati.

Gran parte del lavoro di Shi sul guadagno di funzione nei coronavirus è stato eseguito al livello di sicurezza BSL2, come affermato nelle sue pubblicazioni e in altri documenti. Ha detto in [un'intervista](#) alla rivista *Science* che *"[la] ricerca sul coronavirus nel nostro laboratorio è condotta nei laboratori BSL-2 o BSL-3"*.

"È chiaro che parte o tutto questo lavoro è stato eseguito utilizzando uno standard di biosicurezza - livello di biosicurezza 2, il livello di biosicurezza di uno studio dentistico statunitense standard - che rappresenterebbe un rischio inaccettabilmente alto di infezione del personale di laboratorio al contatto con un virus avendo le proprietà di trasmissione di SARS-CoV-2", afferma Ebright.

"È anche chiaro", aggiunge, "che questo lavoro non avrebbe mai dovuto essere finanziato e non avrebbe mai dovuto essere eseguito".

Questa è una visione che sostiene indipendentemente dal fatto che il virus SARS2 abbia mai visto o meno l'interno di un laboratorio. La preoccupazione per le condizioni di sicurezza nel laboratorio di Wuhan non era, a quanto pare, fuori luogo. Secondo una [scheda informativa](#) rilasciata dal Dipartimento di Stato il 15 gennaio 2021, "Il governo degli Stati Uniti ha motivo di ritenere che diversi ricercatori all'interno della WIV si siano ammalati nell'autunno 2019, prima del primo caso identificato dell'epidemia, con sintomi coerenti con entrambi COVID-19 e malattie stagionali comuni. "

David Asher, un collega dell'*Hudson Institute* ed ex consulente del *Dipartimento di Stato*, ha fornito maggiori dettagli sull'incidente in un [seminario](#). La conoscenza dell'incidente proveniva da un mix di informazioni pubbliche e "*alcune informazioni di fascia alta raccolte dalla nostra comunità di intelligence*", ha detto. Tre persone che lavoravano in un laboratorio BSL3 dell'istituto si sono ammalate entro una settimana l'una dall'altra con sintomi gravi che hanno richiesto il ricovero in ospedale. Questo è stato "*il primo cluster noto di cui siamo a conoscenza, di vittime di ciò che riteniamo essere COVID-19*". L'influenza non poteva essere completamente esclusa ma sembrava improbabile date le circostanze, ha detto.

Confrontando gli scenari rivali di origine SARS2.

Le prove di cui sopra si aggiungono a un caso serio secondo cui il virus SARS2 potrebbe essere stato creato in un laboratorio, dal quale è poi fuggito. Ma il caso, per quanto sostanziale, non è sufficientemente provato. La prova consisterebbe nell'evidenza del [Wuhan Institute of Virology](#), o dei relativi laboratori a Wuhan, che SARS2 o un virus predecessore erano in fase di sviluppo lì. Per la mancanza di accesso a tali registrazioni, un altro approccio è prendere alcuni fatti salienti sul virus SARS2 e chiedersi quanto bene ciascuno di essi sia spiegato dai due scenari di origine rivali, quelli dell'emergenza naturale e della fuga dal laboratorio. Ecco quattro test delle due ipotesi. Alcuni hanno qualche dettaglio tecnico, ma questi sono tra i più convincenti per coloro che potrebbero voler seguire l'argomento.

1) Il luogo di origine. Inizia con la geografia. I due parenti più stretti conosciuti del virus SARS2 sono stati raccolti da pipistrelli che vivevano in grotte nello Yunnan, una provincia della Cina meridionale. Se il virus SARS2 avesse prima infettato le persone che vivevano nelle grotte dello Yunnan, ciò sosterebbe fortemente l'idea che il virus si fosse diffuso naturalmente alle persone. Ma non è quello che è successo. La pandemia è scoppiata a 1.500 chilometri di distanza, a Wuhan.

I beta-coronavirus, la famiglia dei virus pipistrello a cui appartiene SARS2, infettano il pipistrello ferro di cavallo *Rhinolophus affinis*, che si estende in tutta la Cina meridionale. La portata dei pipistrelli è di 50 chilometri, quindi è improbabile che qualcuno sia arrivato a Wuhan. In ogni caso, i primi casi della pandemia COVID-19 si

sono verificati probabilmente a settembre, quando le [temperature nella provincia di Hubei](#) sono già abbastanza fredde da mandare in letargo i pipistrelli.

E se i virus pipistrello infettassero prima qualche ospite intermedio? Avresti bisogno di una popolazione di lunga data di pipistrelli in prossimità di un ospite intermedio, che a sua volta deve spesso incrociare le persone. Tutti questi scambi di virus devono avvenire da qualche parte fuori Wuhan, una metropoli frenetica che per quanto si sa non è un habitat naturale delle colonie di pipistrelli *Rhinolophus*. La persona infetta (o l'animale) che trasporta questo virus altamente trasmissibile deve aver viaggiato a Wuhan senza infettare nessun altro. Nessuno nella sua famiglia si è ammalato. Se la persona è saltata su un treno per Wuhan, nessun compagno di viaggio si è ammalato. È una forzatura, in altre parole, far scoppiare la pandemia naturalmente fuori Wuhan e poi, senza lasciare traccia, fare la sua prima apparizione lì.

Per lo scenario di fuga dal laboratorio, un'origine Wuhan per il virus è un gioco da ragazzi. Wuhan ospita il principale centro cinese di ricerca sul coronavirus dove, come notato sopra, i [ricercatori stavano ingegnerizzando geneticamente i coronavirus di pipistrello per attaccare le cellule umane](#). Lo stavano facendo nelle condizioni di sicurezza minime di un laboratorio BSL2. Se un virus con l'inaspettata contagiosità di SARS2 fosse stato generato lì, la sua fuga non sarebbe stata una sorpresa.

2) Storia naturale ed evoluzione. Il luogo iniziale della pandemia è una piccola parte di un problema più ampio, quello della sua storia naturale. I virus non fanno solo salti una volta da una specie all'altra. La proteina spike del coronavirus, adattata per attaccare le cellule di pipistrello, necessita di ripetuti salti verso un'altra specie, la maggior parte delle quali fallisce, prima di ottenere una mutazione fortunata. La mutazione, un cambiamento in una delle sue unità di RNA, fa sì che una diversa sequenza di amminoacidi venga incorporata nella sua proteina spike e rende la proteina spike più in grado di attaccare le cellule di alcune altre specie.

Attraverso molti altri aggiustamenti guidati dalle mutazioni, il virus si adatta al suo nuovo ospite, ad esempio un animale con cui i pipistrelli sono in frequente contatto. L'intero processo riprende quindi quando il virus si sposta da questo host intermedio alle persone.

Nel caso della [SARS1](#), i ricercatori hanno documentato i successivi cambiamenti nella sua proteina spike man mano che il virus si è evoluto passo dopo passo in un pericoloso patogeno. Dopo essere passato dai pipistrelli agli zibetti, ci sono stati altri sei cambiamenti nella sua proteina spike prima che diventasse un patogeno lieve nelle persone. Dopo altri 14 cambiamenti, il virus si è adattato molto meglio all'uomo e con altri quattro [l'epidemia è decollata](#).

Ma quando cerchi le impronte di una transizione simile in SARS2, ti aspetta una strana sorpresa. Il virus non è cambiato quasi per niente, almeno fino a poco tempo fa. Fin dalla sua prima apparizione, si è adattato bene alle cellule umane. I ricercatori guidati da Alina Chan del Broad Institute hanno confrontato SARS2 con SARS1 in stadio avanzato, che a quel punto era ben adattato alle cellule umane, e hanno scoperto che i due virus erano altrettanto ben adattati. *"Quando la SARS-CoV-2 è stata rilevata per la prima volta alla fine del 2019, era già pre-adattata alla trasmissione umana in misura simile alla SARS-CoV dell'epidemia tardiva"*, hanno scritto .

Anche coloro che pensano che l'origine del laboratorio sia improbabile concordano sul fatto che i genomi di SARS2 sono notevolmente uniformi. **Baric** scrive che *"i primi ceppi identificati a Wuhan, in Cina, hanno mostrato una diversità genetica limitata, il che suggerisce che il virus potrebbe essere stato introdotto da un'unica fonte"*.

Una singola fonte sarebbe ovviamente compatibile con la fuga dal laboratorio, meno con l'enorme variazione e selezione che è il modo caratteristico dell'evoluzione di fare affari.

La struttura uniforme dei genomi di SARS2 non dà alcun accenno ad alcun passaggio attraverso un ospite animale intermedio e nessun ospite di questo tipo è stato identificato in natura.

I sostenitori dell'emergenza naturale suggeriscono che la SARS2 sia incubata in una popolazione umana ancora da trovare prima di acquisire le sue proprietà speciali. O che sia saltato su un animale ospite fuori dalla Cina.

Tutte queste congetture sono possibili, ma tese. I fautori di una fuga di notizie dal laboratorio hanno una spiegazione più semplice. SARS2 è stato adattato alle cellule umane sin dall'inizio perché è stato coltivato in topi umanizzati o in colture di laboratorio di cellule umane, proprio come descritto nella proposta di concessione di **Daszak**. Il suo genoma mostra poca diversità perché il segno distintivo delle culture di laboratorio è l'uniformità. I fautori della fuga di laboratorio scherzano sul fatto che, naturalmente, il virus SARS2 ha infettato una specie ospite intermedia prima di diffondersi alle persone e che l'hanno identificato: un topo umanizzato dell'Istituto di virologia di Wuhan.

3) Il sito di scissione. Il sito di scissione della *furina* è una parte minuscola dell'anatomia del virus, ma esercita una grande influenza sulla sua infettività. Si trova nel mezzo della proteina spike SARS2. Si trova anche al centro del puzzle della provenienza del virus.

La proteina spike ha due sottounità con ruoli diversi. Il primo, chiamato S1, riconosce il bersaglio del virus, una proteina chiamata enzima di conversione dell'angiotensina-2 (o ACE2) che fissa la superficie delle cellule che rivestono le vie aeree umane. Il secondo, S2, aiuta il virus, una volta ancorato alla cellula, a fondersi con la membrana della cellula. Dopo che la membrana esterna del virus si è coalizzata con quella della cellula colpita, il genoma virale viene iniettato nella cellula, dirotta il suo meccanismo di produzione delle proteine e la costringe a generare nuovi virus.

Ma questa invasione non può iniziare finché le subunità S1 e S2 non sono state separate. E lì, proprio alla giunzione S1 / S2, c'è il sito di scissione della *furina* che assicura che la proteina spike venga tagliata esattamente nel posto giusto.

Il virus, un modello di progettazione economica, non porta una propria mannaia. Si affida alla cellula per fare il taglio al suo posto. Le cellule umane hanno uno strumento per tagliare le proteine sulla loro superficie noto come furina. Furin taglierà qualsiasi catena proteica che trasporta il suo caratteristico sito di taglio target. Questa è la sequenza delle unità amminoacidiche **prolina-arginina-arginina-alanina, o PRRA** nel codice che si riferisce a ciascun amminoacido con una lettera dell'alfabeto. **PRRA** è la sequenza di amminoacidi al centro del sito di scissione della *furina* di SARS2.

I virus hanno tutti i tipi di trucchi intelligenti, quindi perché il sito di scissione della si distingue? A causa di tutti i beta-coronavirus correlati alla SARS noti, solo SARS2 possiede un sito di scissione della *furina*. Tutti gli altri virus hanno la loro unità S2 tagliata in un sito diverso e con un meccanismo diverso.

In che modo SARS2 ha acquisito il suo sito di scissione? O il sito si è evoluto in modo naturale o è stato inserito dai ricercatori alla giunzione S1 / S2 in un esperimento di *guadagno di funzione*.

Considera prima l'origine naturale. Due modi in cui i virus si evolvono sono per mutazione e per ricombinazione. La mutazione è il processo di cambiamento casuale nel DNA (o RNA per i coronavirus) che di solito si traduce in uno scambio di un amminoacido in una catena proteica con un altro. Molti di questi cambiamenti danneggiano il virus, ma la selezione naturale trattiene i pochi che fanno qualcosa di utile. La mutazione è il processo mediante il quale la proteina spike SARS1 ha gradualmente trasferito le sue cellule bersaglio preferite da quelle dei pipistrelli a quelle degli zibetti, e poi agli esseri umani.

La mutazione sembra un modo meno probabile per la generazione del sito di scissione della furina di SARS2, anche se non può essere completamente esclusa. Le quattro unità amminoacidiche del sito sono tutte insieme e tutte nel posto giusto

nella giunzione S1 / S2. *La mutazione è un processo casuale innescato dagli errori di copia (quando vengono generati nuovi genomi virali) o dal decadimento chimico delle unità genomiche.* Quindi in genere colpisce singoli amminoacidi in punti diversi di una catena proteica. È molto più probabile che una stringa di amminoacidi come quella del sito di scissione della pelliccia venga acquisita tutti insieme attraverso un processo abbastanza diverso noto come ricombinazione.

La ricombinazione è uno scambio involontario di materiale genomico che si verifica quando due virus invadono la stessa cellula e la loro progenie viene assemblata con pezzi di RNA appartenenti all'altro. I beta-coronavirus si combinano solo con altri beta-coronavirus ma possono acquisire, per ricombinazione, quasi tutti gli elementi genetici presenti nel pool genomico collettivo. Ciò che non possono acquisire è un elemento che il pool non possiede. E nessun beta-coronavirus correlato alla SARS, la classe a cui appartiene SARS2, possiede un sito di scissione della furina.

I sostenitori dell'emergenza naturale affermano che SARS2 potrebbe aver rilevato il sito da un beta-coronavirus ancora sconosciuto. Ma i beta-coronavirus correlati alla SARS di pipistrello evidentemente non hanno bisogno di un sito di scissione della furina per infettare le cellule di pipistrello, quindi non c'è grande probabilità che qualcuno ne possieda uno, e in effetti nessuno è stato trovato finora.

L'argomento successivo dei sostenitori è che SARS2 ha acquisito il suo sito di scissione della pelliccia da persone. Un predecessore della SARS2 avrebbe potuto circolare nella popolazione umana per mesi o anni fino a quando ad un certo punto non ha acquisito un sito di scissione della *furina* dalle cellule umane. Allora sarebbe stato pronto a scoppiare come una pandemia.

Se questo è quello che è successo, dovrebbero esserci tracce nei registri di sorveglianza ospedaliera delle persone infettate dal virus in lenta evoluzione. Ma finora nessuno è venuto alla luce. Secondo il [rapporto dell'OMS sulle origini del virus](#), gli ospedali sentinella nella provincia di Hubei, sede di Wuhan, monitorano regolarmente malattie simili all'influenza e "non è stata osservata alcuna prova che suggerisca una trasmissione sostanziale di SARSCoV-2 nei mesi precedenti l'epidemia di dicembre . "

Quindi è difficile spiegare come il virus SARS2 abbia raccolto naturalmente il suo sito di scissione della furina, sia per mutazione che per ricombinazione.

Ciò lascia un esperimento di *guadagno di funzione*. Per coloro che pensano che SARS2 possa essere scappato da un laboratorio, spiegare il sito di scissione della pelliccia non è affatto un problema. *"Dal 1992 la comunità virologica sa che l'unico modo sicuro per rendere un virus più mortale è quello di dargli un sito di scissione della pelliccia all'incrocio S1 / S2 in laboratorio", scrive Steven Quay,* un

imprenditore biotech interessato alle origini della SARS2 . "Almeno 11 esperimenti di guadagno di funzione, aggiungendo un sito furin per rendere un virus più infettivo, sono pubblicati nella letteratura aperta, tra cui [dal] Dr. **Zhengli Shi**, capo della ricerca sul coronavirus presso l'Istituto di virologia di Wuhan".

4) Una questione di codoni. C'è un altro aspetto del sito di scissione della pelliccia che restringe ulteriormente il percorso per un'origine naturale dell'emergenza.

Come tutti sanno (o possono almeno ricordare dal liceo), il codice genetico utilizza tre unità di DNA per specificare ciascuna unità amminoacidica di una catena proteica. Quando vengono letti in gruppi di 3, i 4 diversi tipi di DNA possono specificare $4 \times 4 \times 4$ o 64 diverse triplette, o codoni come vengono chiamati. Poiché ci sono solo 20 tipi di amminoacidi, ci sono più che sufficienti codoni per girare, consentendo ad alcuni amminoacidi di essere specificati da più di un codone. L'amminoacido arginina, ad esempio, può essere designato da uno qualsiasi dei sei codoni CGU, CGC, CGA, CGG, AGA o AGG, dove A, U, G e C stanno per i quattro diversi tipi di unità in RNA.

Ecco dove diventa interessante. Organismi diversi hanno preferenze di codoni differenti. Alle cellule umane piace designare l'arginina con i codoni CGT, CGC o CGG. Ma CGG è il codone meno popolare del coronavirus per l'arginina. Tienilo a mente quando osservi come gli amminoacidi nel sito di scissione della furina sono codificati nel genoma di SARS2.

Ora il motivo funzionale per cui SARS2 ha un sito di scissione della furina, e i suoi virus cugini no, può essere visto allineando (in un computer) la stringa di quasi 30.000 nucleotidi nel suo genoma con quelli dei suoi cugini coronavirus, di cui il più vicino finora conosciuto è quello chiamato RaTG13. Rispetto a RaTG13, SARS2 ha un inserto a 12 nucleotidi proprio alla giunzione S1 / S2. L'inserto è la sequenza T-CCT-CGG-CGG-GC. I codici CCT per prolina, i due CGG per due arginine e il GC è l'inizio di un codone GCA che codifica per alanina.

Ci sono diverse caratteristiche curiose in questo inserto, ma la più strana è quella dei due codoni CGG affiancati. Solo il 5% dei codoni di arginina di SARS2 sono CGG e il doppio codone CGG-CGG non è stato trovato in nessun altro beta-coronavirus. *Quindi, come ha fatto SARS2 ad acquisire una coppia di codoni di arginina che sono favoriti dalle cellule umane ma non dai coronavirus?*

I sostenitori dell'emergenza naturale hanno il compito di spiegare tutte le caratteristiche del sito di scissione della *furina* di SARS2. Devono postulare un evento di ricombinazione in un sito del genoma del virus in cui le ricombinazioni sono rare e l'inserimento di una sequenza di **12 nucleotidi** con un doppio codone di

arginina sconosciuto nel repertorio del beta-coronavirus, nell'unico sito del genoma che potrebbe espandere in modo significativo l'infettività del virus.

"Sì, ma la tua formulazione lo rende improbabile: i virus sono specialisti in eventi insoliti", è la risposta di **David L. Robertson**, un virologo dell'Università di Glasgow che considera la fuga dal laboratorio come una teoria del complotto. *"La ricombinazione è naturalmente molto, molto frequente in questi virus, ci sono punti di interruzione della ricombinazione nella proteina spike e questi codoni sembrano insoliti proprio perché non abbiamo campionato abbastanza".*

Robertson ha ragione sul fatto che l'evoluzione produce sempre risultati che possono sembrare improbabili ma in realtà non lo sono. I virus possono generare un numero incalcolabile di varianti, ma vediamo solo quella su un miliardo che la selezione naturale sceglie per la sopravvivenza. Ma questo argomento potrebbe essere spinto troppo oltre. Ad esempio, qualsiasi risultato di un esperimento di guadagno di funzione potrebbe essere spiegato come uno a cui l'evoluzione sarebbe arrivata nel tempo. E il gioco dei numeri può essere giocato in un altro modo. Perché il sito di scissione della *furina* sorga naturalmente nella SARS2, deve accadere una catena di eventi, ognuno dei quali è abbastanza improbabile per i motivi sopra indicati. È improbabile che una lunga catena con diversi passaggi improbabili possa mai essere completata.

Per lo *scenario di fuga dal laboratorio*, il doppio codone CGG non è una sorpresa. Il codone preferito dall'uomo viene utilizzato di routine nei laboratori. Quindi chiunque volesse inserire un sito di scissione della furina nel genoma del virus sintetizzerebbe la sequenza di produzione del PRRA in laboratorio e probabilmente userebbe i codoni CGG per farlo.

"Quando ho visto per la prima volta il sito di scissione della furina nella sequenza virale, con i suoi codoni di arginina, ho detto a mia moglie che era la pistola fumante per l'origine del virus", ha detto **David Baltimore**, un eminente virologo ed ex presidente di CalTech. *"Queste caratteristiche rappresentano una potente sfida all'idea di un'origine naturale per SARS2",* ha detto.

Un terzo scenario di origine.

C'è una variazione nello scenario di emergenza naturale che vale la pena considerare. Questa è l'idea che SARS2 sia passato direttamente dai pipistrelli agli umani, senza passare attraverso un ospite intermedio come hanno fatto SARS1 e MERS. Uno dei principali sostenitori è il virologo **David Robertson** che osserva che SARS2 può attaccare molte altre specie oltre agli umani. Crede che il virus abbia sviluppato una capacità generalista mentre era ancora nei pipistrelli. Poiché i pipistrelli che infetta sono ampiamente distribuiti nella Cina meridionale e centrale,

il virus ha avuto ampie opportunità di balzare alle persone, anche se sembra che l'abbia fatto solo in un'occasione nota. La **tesi di Robertson** spiega perché finora nessuno ha trovato traccia di SARS2 in alcun ospite intermedio o in popolazioni umane sorvegliate prima di dicembre 2019. Spiegherebbe anche il fatto sconcertante che SARS2 non è cambiato da quando è apparso per la prima volta negli esseri umani - non è così. necessario perché potrebbe già attaccare le cellule umane in modo efficiente.

Un problema con questa idea, tuttavia, è che se SARS2 è passato dai pipistrelli alle persone in un unico balzo e da allora non è cambiato molto, dovrebbe comunque essere bravo a infettare i pipistrelli. E sembra che non lo sia. *"Le specie di pipistrelli testate sono scarsamente infettate da SARS-CoV-2 ed è quindi improbabile che siano la fonte diretta dell'infezione umana"*, scrive un gruppo scientifico scettico sull'emergenza naturale.

Tuttavia, **Robertson** potrebbe aver scoperto qualcosa. I coronavirus dei pipistrelli delle grotte dello Yunnan possono infettare le persone direttamente. Nell'aprile 2012 sei minatori che rimuovevano il guano di pipistrello dalla miniera di Mojiang hanno contratto una grave polmonite con sintomi simili a COVID-19 e tre alla fine sono morti. Un virus isolato dalla miniera di Mojiang, chiamato **RaTG13**, è ancora il parente più prossimo conosciuto di SARS2. Molto mistero circonda l'origine, la segnalazione e l'affinità stranamente bassa di **RaTG13** per le cellule di pipistrello, così come la natura di 8 virus simili che **Shi riferisce di** aver raccolto contemporaneamente ma non ha ancora pubblicato nonostante la loro grande rilevanza per l'ascendenza di SARS2. Ma tutto questo è una storia per un'altra volta. Il punto qui è che i virus dei pipistrelli possono infettare le persone direttamente, anche se solo in condizioni speciali.

Quindi chi altri, oltre ai minatori che scavano il guano di pipistrello, entra in contatto particolarmente stretto con i coronavirus di pipistrello? Bene, i ricercatori del coronavirus lo fanno. Shi dice che lei e il suo gruppo hanno raccolto più di 1.300 campioni di pipistrelli durante circa otto visite alla grotta di Mojiang tra il 2012 e il 2015, e senza dubbio ci sono state molte spedizioni in altre grotte dello Yunnan.

Immagina i ricercatori che fanno frequenti viaggi da Wuhan allo Yunnan e ritorno, mescolando guano di pipistrello in caverne buie e miniere, e ora inizi a vedere un possibile collegamento mancante tra i due luoghi. I ricercatori potrebbero essere stati infettati durante i loro viaggi di raccolta o mentre lavoravano con i nuovi virus presso l'Istituto di virologia di Wuhan. Il virus che è scappato dal laboratorio sarebbe stato un virus naturale, non uno prodotto da guadagni di funzionalità.

La tesi diretta dai pipistrelli è una chimera tra l'emergenza naturale e gli scenari di fuga dal laboratorio. È una possibilità che non può essere ignorata. Ma contro ciò è il fatto che 1) sia SARS2 che **RaTG13** sembrano avere solo una debole affinità con le cellule di pipistrello, quindi non si può essere completamente sicuri che nessuno dei due abbia mai visto l'interno di un pipistrello; e 2) la teoria non è migliore dello scenario di emergenza naturale per spiegare come SARS2 ha ottenuto il suo sito di scissione della pelliccia, o perché il sito di scissione della pelliccia è determinato dai codoni di arginina preferiti dall'uomo invece che dai codoni preferiti dai pipistrelli.

Dove siamo fin qui.

Né l'emergenza naturale né l'ipotesi di fuga dal laboratorio possono ancora essere escluse. Non ci sono ancora prove dirette per nessuno dei due. Quindi nessuna conclusione definitiva può essere raggiunta.

Detto questo, le prove disponibili si inclinano più fortemente in una direzione rispetto all'altra. I lettori si formeranno la propria opinione. Ma mi sembra che i sostenitori della fuga dal laboratorio possano spiegare tutti i fatti disponibili sulla SARS2 molto più facilmente di quanto possano fare coloro che favoriscono l'emergenza naturale.

È documentato che i ricercatori dell'Istituto di virologia di Wuhan stavano conducendo esperimenti di guadagno di funzione progettati per fare in modo che i coronavirus infettassero cellule umane e topi umanizzati. Questo è esattamente il tipo di esperimento da cui potrebbe essere emerso un virus simile a SARS2. I ricercatori non sono stati vaccinati contro i virus in studio e stavano lavorando nelle condizioni minime di sicurezza di un laboratorio BSL2. Quindi la fuga di un virus non sarebbe affatto sorprendente. In tutta la Cina, la pandemia è scoppiata alle porte dell'istituto di Wuhan. Il virus era già ben adattato agli esseri umani, come previsto per un virus cresciuto in topi umanizzati. Possedeva un insolito miglioramento, un sito di scissione della *furina*, che non è posseduto da nessun altro beta-coronavirus correlato alla SARS noto, e questo sito includeva un doppio codone di arginina sconosciuto anche tra i beta-coronavirus.

I sostenitori dell'emergenza naturale hanno una storia piuttosto difficile da raccontare. La plausibilità del loro caso si basa su un'unica ipotesi, il parallelo previsto tra l'emergere di SARS2 e quello di SARS1 e MERS. Ma nessuna delle prove attese a sostegno di una tale storia parallela è ancora emersa. Nessuno ha trovato la popolazione di pipistrelli che era la fonte della SARS2, se davvero ha mai infettato i pipistrelli. Nessun ospite intermedio si è presentato, nonostante un'intensa ricerca da parte delle autorità cinesi che ha incluso il test su 80.000 animali. Non ci sono prove che il virus faccia salti multipli indipendenti dal suo ospite intermedio alle persone, come hanno fatto sia il virus SARS1 che il virus MERS. Non ci sono prove dai

registri di sorveglianza ospedaliera che l'epidemia aumenti di intensità nella popolazione con l'evoluzione del virus. Non c'è spiegazione del perché un'epidemia naturale dovrebbe scoppiare a Wuhan e da nessun'altra parte. Non c'è una buona spiegazione di come il virus abbia acquisito il suo sito di scissione della *furina*, che nessun altro beta-coronavirus correlato alla SARS possiede, né perché il sito sia composto da codoni preferiti dall'uomo. La teoria dell'emergenza naturale combatte una serie irta di implausibilità.

I registri dell'Istituto di virologia di Wuhan contengono certamente molte informazioni rilevanti. Ma sembra improbabile che le autorità cinesi li rilascino data la sostanziale possibilità che incriminino il regime nella creazione della pandemia. In assenza degli sforzi di qualche coraggioso informatore cinese, potremmo già avere a portata di mano quasi tutte le informazioni rilevanti che probabilmente riceveremo per un po'.

Quindi vale la pena provare a valutare la responsabilità della pandemia, almeno in modo provvisorio, perché l'obiettivo principale resta quello di prevenirla un'altra. Anche coloro che non sono convinti che la fuga dal laboratorio sia l'origine più probabile del virus SARS2 potrebbero vedere motivo di preoccupazione per lo stato attuale della regolamentazione che regola la ricerca sul guadagno di funzione. Ci sono due ovvi livelli di responsabilità: il primo, per consentire ai virologi di eseguire esperimenti di guadagno di funzione, offrendo un guadagno minimo e un rischio enorme; il secondo, se effettivamente SARS2 è stato generato in un laboratorio, per aver permesso al virus di sfuggire e scatenare una pandemia mondiale. Ecco i giocatori che sembrano più probabilmente meritevoli di essere incolpati.

Virologi cinesi. Innanzitutto, i virologi cinesi sono i responsabili di aver eseguito esperimenti di guadagno di funzione in condizioni di sicurezza per lo più di livello BSL2 che erano troppo permissive per contenere un virus di inaspettata infettività come la SARS2. Se il virus è davvero fuggito dal loro laboratorio, meritano la censura mondiale per un prevedibile incidente che ha già causato la morte di tre milioni di persone. È vero, Shi è stato addestrato da virologi francesi, ha lavorato a stretto contatto con virologi americani e stava seguendo le regole internazionali per il contenimento dei coronavirus. Ma avrebbe potuto e dovuto fare la propria valutazione dei rischi che stava correndo. Lei e i suoi colleghi hanno la responsabilità delle loro azioni.

Ho usato il Wuhan Institute of Virology come abbreviazione per tutte le attività virologiche a Wuhan. È possibile che SARS2 sia stato generato in qualche altro laboratorio di Wuhan, forse nel tentativo di realizzare un vaccino che funzionasse contro tutti i coronavirus. Ma fino a quando il ruolo di altri virologi cinesi non sarà

chiarito, **Shi** è il volto pubblico del lavoro cinese sui coronavirus, e provvisoriamente lei e i suoi colleghi saranno i primi in fila per l'obiezione.

2. Autorità cinesi. Le autorità centrali cinesi non hanno generato la SARS2, ma hanno sicuramente fatto del loro meglio per nascondere la natura della tragedia e la responsabilità della Cina al riguardo. Hanno soppresso tutti i record presso l'Istituto di virologia di Wuhan e chiuso i suoi database di virus. Hanno rilasciato un rivolo di informazioni, molte delle quali potrebbero essere state del tutto false o progettate per fuorviare e fuorviare. Hanno fatto del loro meglio per manipolare l'indagine dell'OMS sulle origini del virus e hanno guidato i membri della commissione in una corsa infruttuosa. Finora si sono dimostrati molto più interessati a deviare le colpe che a prendere le misure necessarie per prevenire una seconda pandemia.

3. La comunità mondiale dei virologi. I virologi di tutto il mondo sono una comunità professionale molto unita. Scrivono articoli nelle stesse riviste. Partecipano alle stesse conferenze. Hanno interessi comuni nel cercare fondi dai governi e nel non essere sovraccaricati di norme di sicurezza.

I virologi conoscevano meglio di chiunque altro i pericoli della ricerca sul guadagno di funzione. Ma il potere di creare nuovi virus e il finanziamento della ricerca ottenibile in questo modo erano troppo allettanti. Sono andati avanti con esperimenti sul guadagno di funzione. Hanno fatto pressioni contro la moratoria imposta sui finanziamenti federali per la ricerca sul guadagno di funzione nel 2014, ed è stata sollevata nel 2017.

I benefici della ricerca nel prevenire future epidemie sono stati finora nulli, i rischi enormi. Se la ricerca sui virus SARS1 e MERS potesse essere effettuata solo a livello di sicurezza BSL3, era sicuramente illogico consentire qualsiasi lavoro con nuovi coronavirus a livello inferiore di BSL2. Indipendentemente dal fatto che SARS2 sia scappato da un laboratorio, i virologi di tutto il mondo hanno giocato con il fuoco.

Il loro comportamento ha da tempo allarmato altri biologi. Nel 2014 gli scienziati che si chiamavano **Cambridge Working Group** hanno sollecitato cautela nella creazione di nuovi virus. In parole preveggenti, hanno specificato il rischio di creare un virus simile a SARS2. *"I rischi di incidenti con 'potenziali patogeni pandemici' di nuova creazione sollevano nuove gravi preoccupazioni"*, hanno scritto. *"La creazione in laboratorio di nuovi ceppi altamente trasmissibili di virus pericolosi, specialmente ma non limitati all'influenza, pone rischi sostanzialmente maggiori. Un'infezione accidentale in tale contesto potrebbe innescare focolai che sarebbero difficili o impossibili da controllare"*.

Quando i biologi molecolari hanno scoperto una tecnica per spostare i geni da un organismo a un altro, hanno tenuto una conferenza pubblica ad Asilomar nel 1975 per discutere i possibili rischi. Nonostante la forte opposizione interna, hanno stilato

un elenco di rigorose misure di sicurezza che potrebbero essere allentate in futuro - e debitamente lo furono - quando i possibili rischi fossero stati meglio valutati.

Quando è stata inventata la tecnica CRISPR per modificare i geni, i biologi hanno convocato un rapporto congiunto delle accademie scientifiche nazionali statunitensi, britanniche e cinesi per sollecitare la moderazione nell'apportare modifiche ereditabili al genoma umano. Anche i biologi che hanno inventato i gene drive sono stati aperti sui pericoli del loro lavoro e hanno cercato di coinvolgere il pubblico.

Si potrebbe pensare che la pandemia di SARS2 spinga i virologi a rivalutare i benefici della ricerca sul guadagno di funzione, anche per coinvolgere il pubblico nelle loro deliberazioni. Ma no. Molti virologi deridono la fuga di laboratorio come una teoria del complotto, e altri non dicono nulla. Si sono barricati dietro un muro di silenzio cinese che finora sta funzionando bene per fugare, o almeno rimandare, la curiosità dei giornalisti e l'ira del pubblico. Le professioni che non possono autoregolarsi meritano di essere regolamentate da altri, e questo sembrerebbe essere il futuro che i virologi scelgono per se stessi.

4. Il ruolo degli Stati Uniti nel finanziamento del Wuhan Institute of Virology. Da giugno 2014 a maggio 2019, l'EcoHealth Alliance di **Daszak** ha ricevuto una sovvenzione dal National Institute of Allergy and Infectious Diseases (NIAID), parte del National Institutes of Health, per svolgere ricerche sul guadagno di funzione con i coronavirus presso l'Istituto di virologia di Wuhan. Indipendentemente dal fatto che la SARS2 sia il prodotto di quella ricerca, sembra una politica discutibile distribuire la ricerca ad alto rischio a laboratori stranieri non sicuri utilizzando precauzioni di sicurezza minime. **E se il virus SARS2 fosse davvero fuggito dall'istituto di Wuhan, allora il NIH si troverebbe nella terribile posizione di aver finanziato un esperimento disastroso che ha portato alla morte di oltre 3 milioni in tutto il mondo, tra cui più di mezzo milione dei suoi stessi cittadini. .**

La responsabilità del NIAID e del NIH è ancora più acuta perché per i primi tre anni della concessione a EcoHealth Alliance, c'era una moratoria sul finanziamento della ricerca sul guadagno di funzione. Perché quindi le due agenzie non hanno interrotto il finanziamento federale, come apparentemente richiesto dalla legge? Perché qualcuno ha scritto una scappatoia nella moratoria.

La moratoria ha specificamente vietato di finanziare qualsiasi ricerca sul guadagno di funzione che aumentasse la patogenicità dei virus influenzali, MERS o SARS. Ma poi una nota a pagina 2 del documento di moratoria afferma che "[a] un'eccezione alla pausa della ricerca può essere ottenuta se il capo dell'agenzia di finanziamento USG

determina che la ricerca è urgentemente necessaria per proteggere la salute pubblica o la sicurezza nazionale. "

Ciò sembra significare che il direttore del NIAID, **Anthony Fauci**, o il direttore del NIH, **Francis Collins**, o forse entrambi, avrebbero invocato la nota a piè di pagina per mantenere il flusso di denaro alla ricerca sul guadagno di funzione di **Shi**.

"Sfortunatamente, il direttore del NIAID e il direttore del NIH hanno sfruttato questa scappatoia per emettere esenzioni ai progetti soggetti alla Pausa - asserendo assurdamente che la ricerca esentata era 'urgentemente necessaria per proteggere la salute pubblica o la sicurezza nazionale' - annullando così la Pausa", ha detto **Ebright** in un [intervista](#) con Independent News Science.

Quando la moratoria si è conclusa nel 2017, non solo è svanita, ma è stata sostituita da un sistema di segnalazione, il **Potential Pandemic Pathogens Control and Oversight (P3CO) Framework**, che richiedeva alle agenzie di segnalare per rivedere qualsiasi lavoro pericoloso di guadagno di funzione desiderava finanziare.

Secondo Ebright, sia Collins che Fauci *"hanno rifiutato di segnalare e inoltrare proposte per la revisione del rapporto rischio-beneficio, annullando così il quadro P3CO"*.

A suo avviso, i due funzionari, nel trattare la moratoria e il conseguente sistema di rendicontazione, "hanno sistematicamente ostacolato gli sforzi della Casa Bianca, del Congresso, degli scienziati e degli specialisti della politica scientifica per regolamentare la ricerca del GoF [guadagno di funzione] di preoccupazione."

Forse i due funzionari hanno dovuto tener conto di questioni non evidenti nel registro pubblico, come le questioni di sicurezza nazionale. Forse il finanziamento dell'Istituto di virologia di Wuhan, che si ritiene abbia legami con i virologi militari cinesi, ha fornito una finestra sulla ricerca sulla guerra biologica cinese. Ma qualunque altra considerazione possa essere stata coinvolta, la linea di fondo è che il National Institutes of Health stava sostenendo la ricerca sul guadagno di funzione, di un tipo che avrebbe potuto generare il virus SARS2, in un laboratorio straniero non supervisionato che stava lavorando in BSL2 condizioni di biosicurezza. La prudenza di questa decisione può essere messa in dubbio, se la SARS2 e la morte di 3 milioni di persone ne siano state il risultato, il che sottolinea la necessità [di un sistema](#) di controllo [migliore](#) .

In conclusione.

Se il caso che SARS2 ha avuto origine in un laboratorio è così sostanziale, perché questo non è più noto? Come ora può essere ovvio, ci sono molte persone che hanno motivo di non parlarne. La lista è guidata, ovviamente, dalle autorità cinesi. Ma i virologi negli Stati Uniti e in Europa non hanno grande interesse ad

accendere un dibattito pubblico sugli esperimenti di guadagno di funzione che la loro comunità porta avanti da anni.

Né altri scienziati si sono fatti avanti per sollevare la questione. I fondi governativi per la ricerca sono distribuiti su consiglio di comitati di esperti scientifici provenienti dalle università. Chiunque scuota la barca sollevando questioni politiche imbarazzanti corre il rischio che la sua borsa di studio non venga rinnovata e la sua carriera di ricerca venga interrotta. Forse un buon comportamento viene ricompensato con i numerosi vantaggi offerti dal sistema di distribuzione. E se pensavi che **Andersen e Daszak** avrebbero potuto cancellare la loro reputazione di obiettività scientifica dopo i loro attacchi partigiani allo scenario di fuga dal laboratorio, guarda il secondo e il terzo nome di questo [elenco di destinatari](#) di una sovvenzione di 82 milioni di dollari annunciata dall'Istituto Nazionale di Allergia e malattie infettive nell'agosto 2020.

Il governo degli Stati Uniti condivide uno strano interesse comune con le autorità cinesi: nessuno dei due è interessato a richiamare l'attenzione sul fatto che il lavoro sul coronavirus di **Shi** è stato finanziato dal National Institutes of Health degli Stati Uniti. Si può immaginare la conversazione dietro le quinte in cui il governo cinese dice: *"Se questa ricerca era così pericolosa, perché l'hai finanziata, e anche sul nostro territorio?"* A cui gli Stati Uniti potrebbero rispondere: *"Sembra che sia stato tu a lasciarlo scappare. Ma abbiamo davvero bisogno di tenere questa discussione in pubblico?"*

Fauci è un funzionario pubblico di lunga data che ha servito con integrità sotto il presidente Trump e ha ripreso la leadership nell'amministrazione Biden nella gestione dell'epidemia di COVID-19. Il Congresso, senza dubbio comprensibilmente, potrebbe avere poco appetito per trascinarlo sulle braci per l'apparente errore di giudizio nel finanziare la ricerca sul guadagno di funzione a Wuhan.

A questi muri di silenzio si deve aggiungere quello dei media mainstream. Per quanto ne so, nessun importante giornale o rete televisiva ha ancora fornito ai lettori una notizia approfondita sullo scenario di fuga dal laboratorio, come quella che hai appena letto, sebbene alcuni abbiano pubblicato brevi editoriali o articoli di opinione. Si potrebbe pensare che qualsiasi origine plausibile di un virus che ha ucciso tre milioni di persone meriterebbe un'indagine seria. O che la saggezza di continuare la ricerca sul guadagno di funzione, indipendentemente dall'origine del virus, varrebbe la pena di essere indagata. O che il finanziamento della ricerca sul guadagno di funzione da parte del NIH e del NIAID durante una moratoria su tale ricerca sarebbe oggetto di indagine. Cosa spiega l'apparente mancanza di curiosità dei media?

L'omertà dei virologi è una delle ragioni. I giornalisti scientifici, a differenza dei giornalisti politici, hanno poco scetticismo innato sulle motivazioni delle loro fonti; la maggior parte vede il proprio ruolo principalmente nel fornire la saggezza degli scienziati alle masse non lavate. Quindi, quando le loro fonti non aiutano, questi giornalisti sono perplessi.

Un altro motivo, forse, è la migrazione di gran parte dei media verso la sinistra dello spettro politico. Poiché il presidente Trump ha affermato che il virus era fuggito da un laboratorio di Wuhan, i redattori hanno dato all'idea poco credito. Si sono uniti ai virologi nel considerare la fuga dal laboratorio come una teoria del complotto irricevibile. Durante l'amministrazione Trump, non hanno avuto problemi a rifiutare la posizione dei servizi di intelligence secondo cui la fuga dal laboratorio non poteva essere esclusa. Ma quando **Avril Haines**, direttore dell'intelligence nazionale del presidente Biden, ha detto la stessa cosa, anche lei è stata ampiamente ignorata. Questo non vuol dire che gli editori avrebbero dovuto approvare lo scenario di fuga dal laboratorio, ma semplicemente che avrebbero dovuto esplorare la possibilità in modo completo ed equo.

Le persone in tutto il mondo che sono state praticamente confinate nelle loro case nell'ultimo anno potrebbero desiderare una risposta migliore di quella che i loro media stanno dando loro. Forse ne emergerà uno in tempo. Dopotutto, più mesi passano senza che la teoria dell'emergenza naturale ottenga un brandello di prove a sostegno, meno può sembrare plausibile. Forse la comunità internazionale dei virologi finirà per essere vista come una guida falsa e interessata. La percezione del buon senso che una pandemia scoppiata a Wuhan potrebbe avere qualcosa a che fare con un laboratorio di Wuhan che prepara nuovi virus di massimo pericolo in condizioni non sicure potrebbe alla fine sostituire l'insistenza ideologica che qualunque cosa Trump abbia detto non può essere vera. E poi che la resa dei conti abbia inizio.

.

Ringraziamenti

La prima persona a esaminare seriamente le origini del virus SARS2 è stata **Yuri Deigin**, un imprenditore biotech in Russia e Canada. In un lungo e brillante [saggio](#), ha analizzato la biologia molecolare del virus SARS2 e ha sollevato, senza avallare, la possibilità che fosse stato manipolato. Il saggio, pubblicato il 22 aprile 2020, ha fornito una tabella di marcia per chiunque cerchi di comprendere le origini del virus. Deigin ha inserito così tante informazioni e analisi nel suo saggio che alcuni hanno dubitato che potesse essere il lavoro di un singolo individuo e hanno suggerito che qualche agenzia di intelligence doveva averlo scritto. Ma il saggio è scritto con maggiore leggerezza e umorismo di quanto sospetto si trovino mai nei rapporti della CIA o del KGB, e non vedo motivo di dubitare che Deigin sia il suo unico autore molto capace.

Sulla scia di Deigin hanno seguito molti altri scettici dell'ortodossia dei virologi. **Nikolai Petrovsky** ha calcolato quanto strettamente il virus SARS2 si lega ai recettori ACE2 di varie specie e ha scoperto con sua sorpresa che sembrava ottimizzato per il recettore umano, portandolo a dedurre che il virus potrebbe essere stato generato in un laboratorio.

Alina Chan ha pubblicato un documento che mostra che SARS2 dalla sua prima apparizione si è adattato molto bene alle cellule umane.

Uno dei pochissimi scienziati dell'establishment ad aver messo in dubbio l'assoluto rifiuto da parte dei virologi della fuga dal laboratorio è **Richard Ebright**, che da tempo mette in guardia contro i pericoli della ricerca sul guadagno di funzione.

Un altro è **David A. Relman** della Stanford University. "Anche se abbondano opinioni forti, nessuno di questi scenari può essere escluso o escluso con sicurezza con i fatti attualmente disponibili", ha scritto.

Complimenti anche a **Robert Redfield**, ex direttore dei Centers for Disease Control and Prevention, che il 26 marzo 2021 ha detto alla CNN che la causa "più probabile" dell'epidemia era "da un laboratorio", perché dubitava che un virus del pipistrello potesse diventare un patogeno umano estremo dall'oggi al domani, senza perdere tempo per evolversi, come sembrava essere il caso della SARS2.

Steven Quay, un medico-ricercatore, ha applicato strumenti statistici e bioinformatici a ingegnose esplorazioni dell'origine del virus, mostrando ad esempio come gli ospedali che ricevono i primi pazienti sono raggruppati lungo la linea della metropolitana Wuhan No2 che collega l'Istituto di virologia a un'estremità con l'aeroporto internazionale all'altro, il nastro trasportatore perfetto per distribuire il virus dal laboratorio al globo.

Nel giugno 2020 **Milton Leitenberg** ha pubblicato un primo sondaggio sulle prove che favoriscono la fuga di laboratorio dalla ricerca sul guadagno di funzione presso l'Istituto di virologia di Wuhan. Molti altri hanno contribuito con pezzi significativi del puzzle. "La verità è la figlia", ha detto Francis Bacon, "non dell'autorità ma del tempo". Gli sforzi di persone come quelle sopra citate sono ciò che lo rende così.

Nicholas Wade

Nicholas Wade è nato a Aylesbury in Inghilterra e ha studiato **all'Eton College** Ha conseguito un B.A. e un M.A. al **King's College di Cambridge nel 1960 e 1963**. Wade emigrò negli Stati Uniti nel 1970. Wade è stato giornalista scientifico e redattore per le riviste **Nature** (dal 1967 al 1971) e **Science** (dal 1972 al 1982). Si unì al **New York Times nel 1982** e si ritirò nel 2012, ma di tanto in tanto lavora ancora come giornalista freelance. È stato uno scrittore di editoriali che si occupavano di scienza, ambiente e difesa, e successivamente il redattore della sezione scientifica. Tra gli altri libri di Wade vanno citati anche *Prima dell'alba: recupero della perduta storia dei nostri antenati* (2006), che tratta dell'evoluzione umana, e *The Faith Instinct* (2009), circa l'evoluzione del comportamento religioso. Wade ha criticato l'antropologia culturale, in quanto la maggior parte degli antropologi che rifiutano il termine razza riferito all'uomo appartiene a questa branca dell'antropologia accusandola di essere priva di rigore scientifico che è presente invece nell'antropologia fisica, e dicendo in una conferenza del 2007 che gli antropologi culturali dovrebbero diventare anche esperti in genetica umana.

