

See discussions, stats, and author profiles for this publication at: <https://www.researchgate.net/publication/378490986>

# Origine du virus SARS-CoV-2 – Mise à jour 2024

Preprint · March 2024

---

CITATIONS

0

---

READS

4,141

1 author:



[Helene Banoun](#)

French Institute of Health and Medical Research

101 PUBLICATIONS 712 CITATIONS

SEE PROFILE

**Mars 2024**

# **Origine du virus SARS-CoV-2 : biopolitique, évolution, virologie**

## **I Introduction**

Ia - Idéologie et recherche du profit

Ib - Gain de fonction et biopolitique

Ic - Un minimum de virologie

## **II L'histoire des coronavirus et des recherches de gain de fonction sur ces virus**

IIa - Aperçu historique sur les coronavirus

IIb - Historique des gains de fonction sur les SARS-CoV (virus identiques ou proches du virus SARS-CoV ayant occasionné l'épidémie de 2003-2004)

IIc - La collaboration sino-américaine dans les recherches de gains de fonction sur les coronavirus à partir de 2014

IId - L'échappement accidentel de virus pathogènes est bien documenté : Des virus se sont échappés des labos par le passé : le SC2 serait loin d'être le premier !

IIc - Fin janvier 2020 : premiers doutes sur l'origine du virus

**III Comment le biopouvoir (en particulier les personnes, États et organisations impliqués directement comme la Chine, les USA, A Fauci,..) a tout fait pour masquer cette origine.**

## **IV Les virologistes mainstream avancent des arguments en faveur de l'origine artificielle**

IVa - Les quasi-aveux de Daszak

IVb - En 2021 des virologistes moins dépendants du biopouvoir que les auteurs de l'article The Proximal Origin mettent en doute de façon feutrée l'origine naturelle du virus.

IVc – La version plus ou moins officielle actuelle

## **Conclusion**

Helene Banoun <https://orcid.org/0000-0001-8391-7989>  
pharmacist-biologist, former INSERM researcher, March 2024

## Avertissement

Ce texte aurait dû figurer dans un livre collectif sur la Covid paru en mars 2024 (« Un autre regard sur le Covid », éditions Demi-Lune).

Mais l'éditeur a réécrit mon article et je n'ai pas approuvé les modifications. Je n'ai donc pas signé le texte qui est publié dans ce livre. Dans la version du livre publié, le point de vue évolutionniste ainsi que les arguments en faveur de l'origine géographique américaine et non chinoise du virus ont disparu. Certains détails techniques auraient aussi dû être corrigés. L'éditeur a également ajouté des paragraphes qui me semblent trop anecdotiques.

Voici donc mon point de vue personnel.

## Résumé

Pour comprendre l'origine du virus de la Covid et la gestion de la crise qui en a résulté l'approche virologique est bien sûr indispensable mais il faut aussi utiliser le concept de biopolitique qui peut expliquer l'irrationalité apparente de la gestion de cette pandémie. L'approche historique est autant indispensable pour comprendre ce concept que pour la compréhension de l'aspect proprement virologique (historique des épidémies et des recherches de gain de fonction).

L'histoire des épidémies humaines de coronavirus depuis la fin du XIX<sup>ème</sup> siècle nous montre que ce type de virus est capable de provoquer une pandémie seulement s'il passe d'un animal domestique à l'homme et ceci plusieurs fois de suite dans une population vivant en contact très étroit avec cet animal : d'un point de vue évolutionniste, l'émergence de la pandémie de SARS-CoV-2 à partir d'un animal est impossible. Et ceci est confirmé par la recherche infructueuse de l'animal ayant servi d'hôte intermédiaire : depuis presque 4 ans il a été impossible de trouver un virus similaire ou proche chez aucun animal sauvage.

L'histoire des gains de fonction sur les coronavirus nous montre clairement quelles caractéristiques moléculaires ont été identifiées, comment elles ont été ajoutées sur des virus peu transmissibles de type SARS-CoV-1 de 2002. L'examen de la séquence génétique du SARS-CoV-2 permet de retrouver exactement ces parties importantes du génome : la forte affinité du virus pour l'ACE2 humain (la « clé » qui permet au virus d'ouvrir la porte de nombreux types cellulaires), le site furine (le « bras » du virus qui permet d'ouvrir cette porte) et d'autres séquences qui permettent au virus d'entrer dans les cellules immunitaires qui ne possèdent pas la « serrure » ACE2.

Des arguments très forts soutiennent l'hypothèse d'une origine américaine du virus qui aurait ensuite diffusé naturellement (ou volontairement) en Chine.

La recherche utilisant les GoF continue, en toute impunité, sur bien des virus et dans un grand silence des médias. C'est pourquoi il est urgent d'informer le grand public du danger de ces GoF pour espérer qu'ils puissent influencer les élus. Savoir c'est pouvoir!

Un débat public et démocratique devient urgent.

# 1. Introduction

Pour comprendre l'origine du virus de la Covid et la gestion de la crise qui en a résulté l'approche virologique est bien sûr indispensable mais il faut aussi utiliser le concept de biopolitique qui peut expliquer l'irrationalité apparente de la gestion de cette pandémie. L'approche historique est autant indispensable pour comprendre ce concept que pour la compréhension de l'aspect proprement virologique (historique des épidémies et des recherches de gain de fonction).

La biopolitique est définie par Michel Foucault comme l'ensemble des mesures sécuritaires de contrôle des populations.

Jusqu'au XVIII<sup>e</sup> siècle, les États exerçaient leur pouvoir sur des sujets politiques sans prendre en compte leur nature biologique. Les penseurs des États en formation à partir du XV<sup>e</sup> siècle se sont progressivement rendu compte que la prospérité des nations provenait surtout de la population et non du territoire, aussi vaste et riche soit-il, car sans la population, on ne peut extraire les richesses de la terre. La biopolitique s'est véritablement développée avec l'ère industrielle. En effet, de la bonne santé de la population et de ses capacités de reproduction dépendait son efficacité à extraire la richesse de la terre et plus tard à produire des biens manufacturés.

La vaccination apparaît aussi à la fin du XVIII<sup>e</sup> siècle, dans un but de contrôle des épidémies. La biopolitique s'est, au début, rapidement focalisée sur la vaccination généralisée et obligatoire, d'abord contre la variole, plus tard contre d'autres maladies. La vaccination contre un nombre croissant de maladies est promue intensivement, voire rendue obligatoire, et ce dans quasiment tous les pays du monde.

Il apparaît maintenant que la biopolitique s'éloigne de son but initial de maintien des populations en état de produire et de se reproduire: elle aboutit paradoxalement à dégrader fortement la santé des populations.

J'ai choisi une approche chronologique jusqu'en mars 2020 pour comprendre l'émergence du virus de la Covid. Chaque fait marquant de cette histoire s'explique du point de vue biopolitique et nous verrons s'éloigner petit à petit les résultats scientifiques du but recherché de la protection de la santé des populations.

La biopolitique donnera ainsi à elle seule une cohérence à cette crise sans aller chercher d'»explications » plus ou moins complotistes telle qu'une volonté de dépopulation.

Le complotisme résulte d'une incompréhension et consiste à attribuer toute perturbation du système social à une volonté maléfique provenant des hautes sphères du pouvoir. Je combats le complotisme car le pouvoir s'en sert pour discréditer toutes les critiques fondées scientifiquement. Cela lui permet d'amalgamer ces critiques avec le complotisme.

## la - Idéologie et recherche du profit

Il faut garder à l'esprit que la genèse du virus de la Covid ne peut jamais être séparée de la biopolitique vaccinaliste : il est impossible de dissocier les recherches de gain de fonction (GoF) de la quête de vaccins destinés à protéger les populations contre les futurs virus émergents. Nous observons une conjonction systémique d'intérêts qui a donné naissance à la crise de la COVID-19 et à sa gestion biopolitique.

Dès le XVIII<sup>e</sup> siècle, la biopolitique naissante a tout de suite transformé la technique de la vaccination en une idéologie qui s'est solidifiée au cours des siècles.

La variolisation, première campagne de vaccination de masse, a été promue et imposée dans le but d'améliorer la productivité de la population, avec des bénéfices montrés comme supérieurs aux risques

bien connus. Daniel Bernoulli (médecin et mathématicien) l'expliquait déjà en 1760 à l'aide d'une modélisation mathématique<sup>1</sup>: « Si on adopte l'inoculation, il en résultera un gain de plusieurs milliers de personnes pour la société civile ; même si elle est meurtrière, comme elle tue les enfants au berceau, elle est préférable à la variole qui fait périr des adultes devenus utiles à la société... ». Dès ses débuts, la vaccination est donc justifiée au nom de la raison sanitaire d'Etat.

La vaccination est devenue dès le début du XX<sup>ème</sup> siècle une idéologie scientiste quasi religieuse : cela est bien illustré par les publications du Dr Thomas Francis, médecin, épidémiologiste et fils de pasteur, qui a travaillé sur les vaccins anti-grippe. Il a publié les premières observations sur un phénomène immunologique apparemment paradoxal<sup>2</sup> qu'il a nommé le « péché originel antigénique ». Thomas Francis a suggéré une solution pour éviter cette empreinte immunitaire : vacciner les enfants très tôt contre toutes les souches de grippe qui ont circulé dans le passé. Il a déclaré : « De cette manière, le péché originel de l'infection pourrait être remplacé par la bénédiction initiale de la vaccination »... C'est ainsi que l'idéologie de la vaccination a commencé à remplacer la science immunologique ! Les chercheurs ont continué à recommander des vaccinations avec des doses plus fortes ou des rappels plus fréquents pour éviter ce fameux péché originel d'une primo-infection ou d'une vaccination.

### **Profits des laboratoires et Injury Act 1986**

Cette idéologie maintenant lourdement ancrée dans les esprits du XXI<sup>ème</sup> siècle comme un consensus sanitaire non discutable est renforcée par les profits faramineux que peut faire l'industrie pharmaceutique depuis l'Injury Act de 1986 et ses équivalents ailleurs dans le monde. Au début des années 1980 les fabricants de vaccins ont menacé d'en arrêter la production car ils craignaient que les sommes à verser en indemnisation des victimes d'effets indésirables ne viennent à dépasser leurs profits. Le gouvernement US a alors décidé de leur enlever la responsabilité financière des dégâts causés par leurs produits (contrairement aux autres médicaments) et les autres États leur ont plus ou moins emboîté le pas<sup>3</sup>.

L'autre instrument biopolitique qui va nous permettre de comprendre la genèse de la Covid est la préparation aux pandémies.

### **Ib - Gain de fonction et biopolitique**

De la même manière que les États cherchent à anticiper les crises économiques avec des tests de résistance des banques, les gouvernements lancent des programmes de recherche pour prévenir les pandémies à virus émergents<sup>4</sup>. Il s'agit de protéger les populations en anticipant d'une part les phénomènes de mutation virale et d'autre part la réponse sanitaire, notamment avec des médicaments et

---

1 Un exemple de modélisation, Annette Leroy, Institut de Recherche sur l'Enseignement des Mathématiques. <https://www.apmep.fr/Bulletin-459>

2 Banoun, The role of antibodies in the light of the theory of evolution <https://www.afjbs.com/uploads/paper/3c3c463c8451c7c9191bc41603d19fe8.pdf> Le rôle des anticorps à la lumière de la théorie de l'évolution <https://hal.science/hal-03311831>

3. National Childhood Vaccine Injury Act of 1986 [https://en.wikipedia.org/wiki/National\\_Childhood\\_Vaccine\\_Injury\\_Act](https://en.wikipedia.org/wiki/National_Childhood_Vaccine_Injury_Act) <https://www.congress.gov/bill/99th-congress/house-bill/5546> <https://www.hrsa.gov/sites/default/files/hrsa/vicp/title-xxi-phs-vaccines-1517.pdf>

4 Simulations de pandémies depuis 2010 : ce qu'elles nous apprennent de très déplaisant sur la Covid-19, H Banoun, février 2021, <https://www.aimsib.org/2021/02/21/simulations-de-pandemies-depuis-2010-ce-que-elles-nous-apprennent-de-tres-deplaisant-sur-la-covid-19/>

des vaccins.

Parmi les nouveaux outils de manipulation génétique, la technologie des gains de fonction a été particulièrement employée et développée, notamment sur les coronavirus.

L'expression « gain de fonction » (gain of function en anglais, ou GoF) a été forgée pour décrire les expériences destinées à comprendre comment un pathogène peut acquérir une fonction supplémentaire pour s'adapter à son environnement, voire devenir pandémique, c'est-à-dire être capable d'infecter l'homme et de se transmettre efficacement sur toute la planète.

Certains scientifiques pensent pouvoir anticiper l'évolution naturelle des virus à travers différents types de manipulation reproduisant ce qui pourrait se passer dans la nature.

Pour obtenir des gains de fonction, on peut traditionnellement :

- Cultiver les micro-organismes (bactérie ou virus) sur des cellules animales ou humaines et les faire passer de cellules en cellules ;

- Infecter des animaux et faire passer le micro-organisme d'animal à animal (serial passage).

– Ces manipulations de laboratoire visent à augmenter la transmissibilité, la pathogénicité et le tropisme d'hôte (quel animal peut être infecté) en exerçant une pression de sélection sur le micro-organisme. La pression de sélection consiste à sélectionner des virus mutants qui pourront s'adapter à un nouvel hôte (cellule ou animal). Concrètement, au sein d'une culture de virus sur des cellules ou chez un animal infecté il y a toujours des milliards de virions<sup>5</sup> et parmi eux des mutants dont certains seront spontanément adaptés à un hôte encore jamais rencontré par le virus. On recherche et on sélectionne alors ces mutations qui peuvent engendrer une augmentation de la pathogénicité ou de la transmissibilité.

Avec le développement des techniques de biologie moléculaire, il est maintenant possible de produire des mutations à volonté sans attendre qu'elles apparaissent spontanément. La dernière de ces techniques est la génétique inverse qui permet même désormais de synthétiser le génome complet d'un virus.

N'est-il pas présomptueux de vouloir anticiper l'évolution d'un virus par des expériences de laboratoire ? De mon point de vue, c'est une tentative vouée à l'échec dans la mesure où il est impossible de reproduire in vitro l'environnement naturel d'un microorganisme, avec ses multiples et complexes interactions. C'est aussi l'avis de Simon Wain-Hobson, professeur à l'Institut Pasteur<sup>6</sup>.

Mais surtout, les risques inhérents à de telles recherches sont réels et considérables. L'alarme avait déjà retenti très fort quand en 2005, après dix ans de recherches, des scientifiques états-uniens étaient parvenus à reconstruire le virus de la « grippe espagnole », responsable de la mort de dizaines de millions de personnes à la fin de la Première Guerre mondiale. Quand en septembre 2011, Ron Fouchier et Yoshihiro Fukuoka, deux virologues travaillant indépendamment l'un de l'autre annoncent avoir réussi à rendre transmissible le virus H5N1 entre être humains,<sup>7</sup> c'est la stupeur et l'effroi dans le monde scientifique. Découvert seulement 8 ans plus tôt, ce virus de grippe aviaire hautement létal ne contaminait pas l'homme. Les risques sanitaires sont considérés bien trop élevés par rapport aux bénéfices éventuels en termes de connaissances scientifiques, la presse parlant de « Frankenvirus » et du « virus le plus dangereux au monde ». Les résultats, expurgés, sont tout de même publiés en 2012.

Pendant deux ans, un vif débat sur la pertinence de ce type d'expériences dits « à double usage »<sup>8</sup> oppose la communauté scientifique. D'un côté le *Cambridge Working Group* (initié par

---

5 Forme finale de maturation du virus dotée des éléments structuraux de celui-ci : acide nucléique, capsid, enveloppe. Le virion est ainsi la forme libre, extracellulaire, le plus souvent infectieuse, du virus. (Académie nationale de Médecine)

6 Simon Wain-Hobson. [Gain-of-function research can't deliver pandemic predictions. Are there alternatives?](#) *Bulletin of atomic scientists*, 27 juin 2022.

7 NdE : En fait, les méthodes utilisées, mêlant génie génétique et passages en série, le furent sur des furets « humanisés », dont les voies respiratoires sont dotées de récepteurs ACE2 très similaires aux nôtres.

8 NdE : En anglais le terme « *dual use* » souligne le fait que ces recherches peuvent être militaires et/ou civiles, offensives et/ou défensives, puisque l'on crée la menace (l'agent pathogène) pour supposément y remédier (l'antidote ou le vaccin).

Marc Lipsitch) qui entend encadrer et réguler des pratiques inutiles et dangereuses, de l'autre les *Scientists for Science*, qui prônent la liberté et la responsabilité individuelle. Ces derniers bénéficient d'un soutien de poids en la personne d'Anthony Fauci, le très influent et inamovible directeur du *National Institute of Allergy and Infectious Diseases* (NIAID). Personnage central du système de santé des États-Unis, Fauci a toujours défendu les recherches de gains de fonction (GoF) déclarant en 2012 que « le rapport risque-bénéfice de ces recherches penche clairement en faveur de la société ». Argumentation scientifique ou raison d'État sanitaire ? Pour Fauci : « La nature elle-même est le plus dangereux des bioterroristes », une déclaration et un état d'esprit de nature typiquement biopolitique qui permet de justifier des décisions potentiellement risquées pour la santé publique.

Cependant, en 2014, sont révélés plusieurs manquements graves aux protocoles de sécurité dans des laboratoires états-uniens sous la tutelle des NIH / CDC, qui impliquent notamment la variole, le H5N1 ou le bacille du charbon. 200 scientifiques montent lors au créneau et réussissent à obtenir de l'Administration Obama qu'elle régule en partie les expériences de type GoF. Ce moratoire décidé en octobre 2014 n'est pourtant que partiel : il ne concerne que les virus grippaux, les SRAS et le MERS (syndrome respiratoire du Moyen-Orient), et ne s'applique qu'au financement des nouvelles expériences ; celles dont les budgets ont déjà été alloués ne sont pas concernées : leurs auteurs sont seulement « incités » à faire preuve de prudence et de retenue. Une incitation qui restera un vœu pieux.

Apparemment, ces bien modestes mesures sont jugées encore trop contraignantes. En décembre 2017, sous le mandat du Président Trump, Francis Collins, directeur des NIH lève le moratoire et promet un cadre plus sûr : « La recherche GoF est importante pour nous aider à identifier, comprendre et développer des stratégies et des contre-mesures efficaces contre les agents pathogènes en évolution rapide qui constituent une menace pour la santé publique. (...) Nous avons la responsabilité de veiller à ce que la recherche sur les agents infectieux soit menée de manière responsable et de tenir compte des risques potentiels de biosûreté et de biosécurité associés à de telles recherches. » Cette décision a été prise au moment où le poste de Secrétaire de la Santé était vacant jusqu'en janvier 2018. Les NIH et le très puissant Anthony Fauci, en ont profité pour occuper l'espace politique vacant et relancer, en coulisses, le financement des GoF, notamment sur les coronavirus.

## Ic – Quelques notions de virologie

Comme tous les virus, le SARS-CoV-2, virus responsable de la maladie COVID-19, est composé d'un matériel génétique (ici ARN qui code pour ses différents composants protéiques), d'une membrane extérieure (formée de lipides et semblables à la membrane des cellules animales) et de protéines (qui empaquettent son ARN et qui sont présentes sur la membrane, comme la protéine spike).

Comme tous les virus il a besoin de la machinerie d'une cellule animale pour se multiplier et les virus résultant de cette répllication cellulaire seront constitués de composants provenant tous de la cellule.

Comme tous les virus il se lie aux récepteurs cellulaires par ses protéines de surface (ici principalement la Spike) et cette liaison est indispensable à l'entrée du virus dans la cellule. La spike est capable de se lier à plusieurs récepteurs cellulaires dont le principal est l'ACE2 (molécule ubiquitaire présente sur de nombreux types cellulaires et chez tous les animaux). Pour entrer dans la cellule, le virus doit se lier à l'ACE2. Ensuite, schématiquement, il faut que la Spike soit clivée en 2 sous-unités. Ce clivage est opéré en partie par une enzyme animale également ubiquitaire : la furine qui se retrouve dans de nombreux types cellulaires. Donc en résumé l'affinité pour le récepteur humain (ACE2) et la présence d'un site furine (qui permet l'activation de l'enzyme furine) sont essentielles à l'efficacité de ce virus.

Pour faciliter la mémorisation de ces deux caractéristiques je propose deux métaphores : l'une bien connue concerne le récepteur ACE2. On peut imaginer que le domaine de liaison de la protéine spike du virus est une clé qui fait fonctionner la serrure que représente l'ACE2 de la cellule humaine. Je comparerait le site furine du virus qui clive la spike à un mécanisme qui permet de déployer le « bras »

de la spike qui va ouvrir la porte de la cellule une fois la serrure débloquée. Ces métaphores sont utiles pour la compréhension, mais les mécanismes biologiques réels sont bien plus complexes. Il y aura d'autres caractéristiques moins importantes de ce virus sur lesquelles j'insisterai moins (les séquences « HIV » similaires à des petites parties de la séquence du virus du SIDA qui se trouvent également sur le gène de la Spike).

Avant d'aborder la chronologie de l'histoire des coronavirus et des gains de fonction il faut préciser ce que sont une origine naturelle et une origine artificielle d'un virus

Origine naturelle : dans cette hypothèse, il s'agit d'un virus de zoonose (virus animal) capable d'infecter l'homme et de provoquer une pandémie donc possédant la capacité de se transmettre immédiatement et très efficacement d'homme à homme. Dans le cas du MERS (« grippe » du chameau à coronavirus) et de l'Ebola (virus de fièvre hémorragique) il se produit des épidémies sporadiques par spillover (débordement), mais pas de pandémie. L'épidémie de SRAS de 2003 pourrait avoir débuté par plusieurs passages répétés de l'animal à l'homme à partir d'un animal sauvage, identifié le plus souvent comme la civette.

Origine artificielle ou synthétique : il s'agit d'un virus provenant de la chauve-souris qui a été cultivé en laboratoire (sur des lignées cellulaires et chez des animaux) et qui s'échappe du laboratoire. Ce virus peut avoir subi une modification volontaire (intervention humaine pour modifier sa séquence, voire synthèse totale à partir d'une séquence modifiée par rapport à celles connues) ou involontaire (par passages sur cultures cellulaires). Dans tous les cas, il y a un passage obligatoire sur cellules en culture. L'origine n'est donc jamais 100 % synthétique, ce sont des cellules qui permettent à un virus d'« exister » : si on synthétise en laboratoire une séquence génomique de virus, il faut injecter cette séquence dans une cellule pour que celle-ci produise le premier virus issu de cette manipulation.

## **2.- L'histoire des coronavirus et des recherches de gain de fonction sur ces virus**

### **Ila - Aperçu historique sur les coronavirus**

L'histoire connue des coronavirus commence au XIX<sup>e</sup> siècle avec la « grippe russe » de 1890 et ceci nous est expliqué par le professeur Patrick Berche<sup>9</sup>

Entre 1889 et 1894 une pandémie de grippe dénommée la grippe russe s'est étendue en Europe et dans le monde entier. Les premiers cas sont apparus en mai 1889 à Boukhara au Turkestan ; puis la grippe a atteint la Russie, est passée en Suède, et en décembre 1889 toute l'Europe fut atteinte ainsi que les USA et la Méditerranée en 1890. La grippe russe était plus fréquente chez les hommes et particulièrement grave chez les personnes âgées ou chez les patients présentant des comorbidités, notamment la phtisie, les cardiopathies, les maladies cérébrales et la néphrite mais les jeunes adultes n'étaient pas épargnés par de rares formes fatales. Les symptômes étaient souvent différents de ceux de la grippe banale avec des localisations nerveuses et psychiques ; la maladie avait tendance à induire des rebonds et laissaient les convalescents épuisés pendant des mois ; tous ces symptômes atypiques ont conduit à affirmer que ce n'était pas une grippe ordinaire. Ces symptômes rappellent ceux de la Covid-19. Les rechutes précoces et les séquelles rappellent également les complications de la Covid-19.

Les virus de grippe classique proviennent des oiseaux sauvages et passent au porc d'élevage avant d'infecter l'homme. Les recherches phylogéniques (de généalogie des virus par la génétique) montrent que le HCoV-OC43, un des coronavirus de rhume banal actuels, pourrait être à l'origine de cette grippe

---

9. PMID: 37269978



russe car il est proche d'un coronavirus bovin qui donne des diarrhées aux veaux.

Les premières transmissions à l'homme pourraient s'être produites dans une population d'éleveurs de bovins au Turkestan, là où est apparue la domestication du bœuf il y a quelques milliers d'années<sup>10</sup>.

La transmission directe du BCoV (coronavirus bovin) à l'homme a été observée dans le passé, notamment chez un enfant de six ans atteint de diarrhée aiguë, mais sans donner d'épidémie.

La rougeole serait aussi une zoonose transmise à l'homme par le même processus il y a 3 000 ans.<sup>11</sup>

## **La théorie de l'évolution peut nous éclairer**

Donc nous avons sans doute ici des arguments pour une origine naturelle d'une pandémie à coronavirus survenue dans le passé : elle est vraisemblablement le résultat du passage répété d'un virus d'animal d'élevage à l'homme au cours de nombreux contacts très rapprochés. Cette histoire de la grippe russe pourrait à première vue être un argument en faveur d'une origine naturelle du SC2.

Avant d'aborder l'approche historique des connaissances sur les coronavirus et les manipulations humaines qu'ils ont subies, une approche évolutionniste est indispensable pour réfuter définitivement cette hypothèse : tout ce qui viendra ensuite ne fera que confirmer cette impossibilité totale. La théorie de l'évolution est censée être admise par tous les biologistes mais ceux-ci n'en font quasiment jamais usage pour décrypter les phénomènes. Pourtant, comme l'écrivait Théodosius Dobzhansky, « rien en biologie n'a de sens, si ce n'est à la lumière de l'évolution. »

En effet aucune pandémie ne s'est jamais déclarée directement par passage d'un virus hébergé par un animal sauvage et transmis à l'homme : une adaptation en plusieurs étapes est nécessaire ou bien il ne se produit que des petites épidémies sporadiques comme c'est documenté avec Ebola ou le MERS (coronavirus du chameau) par exemple. Ce passage sporadique d'un animal sauvage à l'homme est appelé « spillover » ou débordement : la quantité de virus transmise par l'animal est tellement importante qu'il se produit une infection par débordement des capacités de défense malgré la faible adaptation du virus à l'homme. Mais affirmer que ce spillover peut aboutir à une pandémie est un non-sens évolutionniste. Ce phénomène de spillover s'est produit dans la grotte de Mojiang, en Chine, où Shi Zhengli Shi, de l'Institut de Virologie de Wuhan, est allée chercher des chauve-souris porteuses des coronavirus qui ont infecté des mineurs en 2012. Gravement atteints, certains en décédèrent, mais ils n'ont transmis le virus à aucun autre humain.

Deux cas de coronavirus des animaux domestiques ayant infectés des humains viennent confirmer mon argumentation. Ils peuvent infecter l'homme mais ne se diffusent pas ensuite ; les humains contaminés sont ensuite incapables de transmettre à nouveau à d'autres humains le virus car celui-ci est mal adapté : ces transmissions entre espèces n'ont pas donné de pandémie !

En 2017, la transmission d'un alphacoronavirus de chat et chien est attestée en Malaisie chez des personnes souffrant de pneumonie<sup>12</sup>

En 2014-2015 un contact rapproché entre des porcs et des enfants en Haïti a conduit à la transmission d'un deltacoronavirus de porc ; les enfants atteints ont eu une maladie bénigne suggérant que ce virus n'est pas une menace pour la santé humaine. Les auteurs soulignent l'importance des circonstances : le contact avec des animaux domestique dans des zones rurales.<sup>13</sup>

En résumé un coronavirus provenant d'un animal domestique a pu provoquer une pandémie au XIX<sup>e</sup> siècle car l'émergence de celle-ci s'est produite dans un groupe humain très proche du bétail depuis des milliers d'années et ayant sans doute échangé des gènes et des virus depuis longtemps. En revanche

---

10 PMID: 34158985.

11 <https://www.aaas.org/news/measles-diverged-cattle-infecting-relative-earlier-thought> Measles Diverged from Cattle-Infecting Relative Earlier than Thought 18 June 2020 by: Joseph Cariz, AAAS.

12 PMID: 34013321

13 PMID: 34789872

trois passages récents documentés de virus d'un animal domestique à l'homme n'ont pas donné de pandémie. Ceci souligne bien la difficulté du franchissement de la fameuse « barrière des espèces ». Ce franchissement sera donc encore incomparablement plus difficile s'agissant du passage d'un animal sauvage à l'homme. La méconnaissance de la théorie de l'évolution entretient la confusion entre le monde sauvage et l'élevage des animaux domestiques au travers de l'hypothèse de la déforestation comme origine possible de pandémies passées et futures. Un changement d'hôte d'un animal à l'homme suppose un processus évolutif. Comment expliquer qu'un virus parfaitement adapté à un animal passe chez l'homme et puisse d'emblée provoquer une pandémie ?

En revanche, les allers-retours que font les variants successifs entre l'homme et l'animal dans un élevage vont permettre une adaptation progressive pouvant mener à une pandémie. C'est ce qui se produit régulièrement avec la grippe aviaire ou porcine et ce qui s'est produit avec le variant du SARS-CoV-2 venant des visons<sup>14</sup>

La piste zoonotique s'appuie sur l'idée que la crise écologique au sens large, et la destruction des habitats naturels (déforestation, urbanisation, cultures intensives, voire réchauffement climatique) en particulier facilitent le passage des virus d'animaux sauvages à l'homme. Cette explication, qui tient de l'appropriation politique, semble mettre d'accord les tenants de l'origine naturelle du virus et les écologistes. Elle est même reprise par les évolutionnistes, comme ceux du Muséum d'Histoire Naturelle, par des scientifiques qui ont pourtant évoqué dès 2020 la possibilité d'une origine artificielle du virus, ainsi que par des ONG comme l'UNESCO. Outre le fait qu'elle occulte le très lucratif business de la recherche des pathogènes potentiellement pandémiques (PPP), comme le programme PREDICT de l'Agence USAID qui se chiffre en centaines de millions de dollars, et celui encore plus alléchant des vaccins à fabriquer contre ces PPP, l'idée qu'une pandémie puisse naître d'une rencontre occasionnelle avec la faune sauvage pose problème. Pour qu'un virus change d'hôte et passe d'un animal à l'Homme, cela suppose un processus évolutif. Comment expliquer qu'un virus parfaitement adapté à un animal particulier trouve subitement chez l'homme un nouvel hôte « encore plus parfait » ?

## IIb - Historique des gains de fonction sur les SARS-CoV (virus identiques ou proches du virus SARS-CoV ayant occasionné l'épidémie de 2003-2004)

Lorsque commence l'étude des coronavirus humains dans les années 1960, on ne connaît évidemment rien des caractéristiques moléculaires de leur virulence. Les premiers coronavirus sont connus chez les animaux d'élevage ou domestiques depuis les années 1930 (poulets, bœufs et chats). Il faut donc noter que ces virus d'animaux ne se transmettaient pas à l'homme ou bien donnaient des symptômes tellement bénins qu'ils passaient inaperçus. Le premier HCoV (coronavirus humain) a été isolé en 1965 à la suite d'une épidémie de maladies respiratoires, puis d'autres HCoV ont été reconnus comme responsables de rhumes banals. Jusqu'en 2002 seuls 2 HCoV responsables de rhumes banals étaient connus et ils étaient donc considérés comme sans danger. En novembre 2002 un nouveau virus a émergé, le SARS-CoV (severe acute respiratory syndrome, SRAS en français : syndrome respiratoire aigu sévère) : il a été responsable de la première maladie grave connue chez l'homme et il a disparu au bout d'un an. Il a touché seulement quelques milliers de personnes (8 000 personnes infectées et 800 décès) et s'est diffusé par des vols transcontinentaux ; il ne s'est pas disséminé dans la population mondiale. Après plusieurs hypothèses qui ont été rejetées par la suite (comme la civette, le raton laveur, le chien et le furet-badger), on ne connaît toujours pas l'origine animale de ce virus : seule la chauve-souris

---

14 PMID: 33172935

(sauvage) est retenue mais sans plus de preuves<sup>15</sup>. On peut donc affirmer que l'émergence du SARS-CoV-2 immédiatement pandémique est un phénomène inédit dans l'histoire des maladies virales.

L'histoire des gains de fonction sur les coronavirus fait apparaître un homme-clé dans l'origine du SARS-CoV-2 : Ralph Baric, professeur d'épidémiologie, microbiologie et immunologie à l'Université de Caroline du Nord (UNC) et reconnu comme un expert en coronavirus. Le Dr Anthony Fauci (haut fonctionnaire du ministère US de la Santé depuis 1968) et Peter Daszak (président d'une ONG censée prévenir les futures pandémies, Eco Health Alliance) ainsi que Zheng-li Shi ont eu aussi un rôle de premier plan dans l'émergence du virus.

Nous découvrons dans son CV que Baric, jeune chercheur à l'UNC commence à travailler en 1983 sur les coronavirus qui causent des pathologies sérieuses seulement sur les animaux à cette époque. En 1987, Baric reçoit un financement pour étudier la myocardite induite par un coronavirus de lapin. C'est seulement en 2001 qu'il s'intéresse à la génétique inverse qui permet de modifier de façon ciblée les virus et à la recherche de vaccins vivants atténués contre les coronavirus. Il publie alors une expérience de génétique inverse sur un virus de porc (responsable de gastroentérite 100% fatale chez les porcelets)<sup>16</sup>. Juste après l'émergence du SARS-CoV, il envoie pour publication en août 2003 la méthode de reconstruction complète du génome de ce nouveau virus<sup>17</sup>. Rappelons que ce virus a émergé en novembre 2002 : on peut supposer que ces techniques de génétique inverse étaient déjà au point à ce moment-là pour que l'article soit envoyé moins d'un an après. Je n'affirme pas que les expériences de Baric soient à l'origine du SARS-CoV de 2002 mais c'est une hypothèse à retenir.

Pour ce qui concerne le SARS-CoV-2, c'est encore plus troublant.

Nous avons vu l'importance déterminante de la liaison du virus à son récepteur ACE2 humain (la « clé » du virus) et de la présence d'un site furine (le « bras » du virus pour ouvrir la porte des cellules humaines). Voyons maintenant l'historique des recherches sur ces caractéristiques moléculaires par les équipes de Ralph Baric.

Des expériences de domaine de liaison (la clé du virus) – receptor binding domain- se liant à l'ACE2 et d'insertion de site furine (le « bras » du virus qui ouvre la porte) ont commencé en 2004. Entre 2004 et 2015, la plupart de ces expériences ont été menées par des équipes dirigées par Ralph Baric (UNC) et Zheng-Li Shi (WIV de Wuhan). Elles ont été gênées par le moratoire sur les gains de fonction décidé en 2014 mais ont sans doute été délocalisées en Chine à ce moment, du moins publiquement car elles ont sans doute continué aux USA. Jusqu'en 2014 il semble que les équipes Chinoise (de Shi Zhengli-Li Shi) et Américaine (Baric) aient travaillé chacune de leur côté<sup>18</sup>.

N'oublions pas que les GoF se font toujours en parallèle avec la recherche d'un vaccin contre les futurs virus émergents.

2009 est l'année de la grippe H1N1. Les vaccins ont été fabriqués selon une procédure d'urgence par la méthode classique qui nécessite des œufs de poule pour fabriquer l'antigène en grande quantité : cela demande du temps et pour réduire la quantité d'antigène dans chaque dose il a été ajouté un nouvel adjuvant qui a été rendu responsable d'effets indésirables (en particulier les narcolepsies). Du fait de la durée de fabrication par cette méthode classique, l'antigène choisi au départ est toujours éloigné du virus circulant au moment de la commercialisation suite aux mutations du virus grippal. Le biopouvoir veut donc révolutionner la fabrication des vaccins grippaux avec le passage aux vaccins géniques beaucoup plus rapides à fabriquer (et beaucoup moins chers)<sup>19</sup>.

---

15. PMID: 33567843

16 PMID: 11773416

17. PMID: 14569023

18 PMID: 33200842 PMID: 19036930 PMID: 19321428

19. PMID: 21083388

En septembre 2009, l'EMA exclut les acides nucléiques destinés à prévenir une maladie infectieuse de la réglementation des GTP (gene therapy products ou produits de thérapie génique) : ils seront réglementés comme des vaccins (à cette époque il ne s'agit pas encore d'ARNm mais d'ADN). Les acides nucléiques destinés à prévenir une maladie infectieuse sont exclus de la réglementation stricte des thérapies géniques pour les soumettre aux règles beaucoup plus laxistes de celles concernant les vaccins contre les maladies infectieuses. Pour la FDA c'est déjà le cas et la décision sera clairement entérinée en 2013. Bien que selon la formule rituelle employée par les autorités « corrélation ne soit pas causalité », il faut noter que 2013 est l'année où la DARPA accorde à Moderna Therapeutics une subvention pouvant aller jusqu'à 25 millions de dollars pour développer une thérapie à base d'ARN messager contre les maladies infectieuses<sup>20</sup>

Dans la foulée, un accord est signé entre le NIAID/Moderna et R Baric pour développer des vaccins à ARNm contre différents virus : en octobre 2016, l'accord concernant le NIAID [National Institut of Allergy and Infectious Diseases (branche des NIH) ] et Moderna depuis 2012 est élargi et des droits attachés aux brevets et aux royalties sont cédés à Baric (cet accord est valable jusqu'en novembre 2020). Encore une fois, on ne peut pas dissocier l'anticipation des pandémies à virus émergents mettant en jeu des GoF et la recherche de vaccins contre ces virus.

Cela concerne en 2012 les virus Zika, le hPIV (human parainfluenzae virus), Nipah virus, et les essais de vaccins contre ces virus. Le NIAID cède à Moderna ses informations et données sur le développement de vaccins contre HIV, grippe, Ebola, MERS, Nipah, hPIV, hMPV, rougeole, oreillons, picornavirus ainsi que celles concernant les anticorps monoclonaux ; Moderna cède des informations concernant la plateforme ARNm pour le traitement et la prévention des maladies<sup>21</sup>.

Nous retrouvons encore une fois ici l'intrication des intérêts scientifiques et pécuniaires chez les mêmes personnes impliquées dans cette origine du virus. Nous verrons comment cet accord NIH/NIAID/Moderna/Baric est subitement modifié à partir du printemps 2019 pour inclure des vaccins ARNm contre un coronavirus avec une description précise de l'antigène choisi (la Spike). En mars 2022, on apprendra aussi que Baric collabore activement avec l'industrie du vaccin et des antiviraux en tant que conseiller scientifique. Ceci apparaît dans un article de Baric et de ses collègues américains publié dans Science et qui justifie la stratégie de « préparation » aux pandémies et la recherche de vaccin et d'antiviraux spécifiques<sup>22</sup>.

### **Moratoire sur les gains de fonction 2012-2014**

Entre 2011 et 2012, la crainte qu'un virus de grippe aviaire puisse un jour provoquer une pandémie humaine conduit deux laboratoires des États-Unis à modifier le virus H5N1 afin d'étudier la transmission oiseau-homme. Les deux laboratoires réussissent à isoler des virus pouvant se propager d'un animal à l'autre, par aérosols, c'est-à-dire dans l'air<sup>23</sup>.

Leurs tentatives en 2012, finalement couronnées de succès, de publier ces résultats font émerger le premier grand débat concernant les expériences dites de gain de fonction (GoF) sur des agents pathogènes à potentiel pandémique

Le Dr Anthony Fauci, directeur du NIAID, défend les GoF : il affirme, que "le rapport risque-bénéfice de ces recherches penche clairement en faveur de la société", pour lui d'ailleurs, « La nature elle-même

---

20 DARPA Awards Moderna Therapeutics A Grant For Up To \$25 Million To Develop Messenger RNA Therapeutics™

<https://www.prnewswire.com/news-releases/darpa-awards-moderna-therapeutics-a-grant-for-up-to-25-million-to-develop-messenger-rna-therapeutics-226115821.html>

21 Document obtenu par FOIA

<https://s3.documentcloud.org/documents/6935295/NIH-Moderna-Confidential-Agreements.pdf>

22 PMID: 35271333

23. PMID 32769091.

est le plus dangereux des bioterroristes. «<sup>24</sup>

En 2014, plusieurs manquements aux protocoles de sécurité dans des laboratoires aux États-Unis sont mis à jour. Plus de deux cents scientifiques montent alors au créneau et réussissent à obtenir l'arrêt des expériences sur les gains de fonction. Un moratoire sur les expériences de GoF sur les virus de la grippe et les coronavirus MERS et SARS est donc décidé le 17 octobre 2014 outre-Atlantique sous le mandat d'Obama.

## Ilc - La collaboration sino-américaine dans les recherches de gains de fonction sur les coronavirus à partir de 2014

Peter Daszak est un virologue britannique qui préside EHA, Eco Health Alliance (une ONG basée à New York City) et collabore avec le WIV (Wuhan Institut of Virology) depuis 2004 : il a publié 18 articles avec Shi Zhengli qu'il a rencontrée en 2006<sup>25</sup>. D'après Science, le NIH a financé à hauteur de 3,7 millions de dollars EHA pendant 5 ans entre 2014 et 2019 (une partie de la somme a été envoyée au WIV et ce contrat a été renouvelé en 2019 jusqu'en 2026).

En 2013 Shi Zhengli et Peter Daszak collaborent avec l'UNC (mais pas encore avec Ralph Baric) sur le rôle de l'ACE2 (la serrure), Daszak justifie ces expériences comme une préparation aux futures pandémies<sup>26</sup>.

En avril 2013, EHA soumet une demande financement aux NIH qui est acceptée, le projet commence en juin 2014 et doit se terminer en mai 2019, les expériences doivent se dérouler au WIV (sous la supervision de Shi Zhengli qui sera salariée de EHA)<sup>27</sup>. Ce projet consiste à créer un virus chimère artificiel à partir de virus de chauve-souris et de prédire sa capacité à infecter l'homme ; la génétique inverse sera employée. La protéine Spike des virus proches du SARS de 2003 est modifiée au niveau de sa liaison au récepteur ACE2 de différentes espèces animales et pour d'autres récepteurs. Des cellules humaines en culture et différents animaux seront infectés par les virus obtenus. Ralph Baric donne sa caution scientifique au projet<sup>28</sup>.

Entre 2014 et 2017 Shi et Baric vont construire des virus chimères de plus en plus proches du SARS-CoV-2. Ils ont uni leurs connaissances concernant d'une part la liaison de la spike (la clé) au récepteur ACE2 (la serrure) (Shi) et d'autre part les sites de type furine (le bras qui ouvre la porte) (Baric) PMID: 26063432. Dans les premières expériences, des pseudovirus sont utilisés ; il ne s'agit donc pas de GoF à proprement parler puisque la chimère produite est incapable de se reproduire. Ces expériences confirment le rôle crucial de l'adaptation à l'ACE2 humain et de la présence de site de clivage par des protéases humaines (dont le site furine) pour l'infectivité et la pathogénicité des coronavirus.<sup>29</sup> Shi et

---

24 Page 5/18 du rapport sur la « BIOLOGICAL SECURITY: THE RISK OF DUAL-USE RESEARCH », Committee on Homeland Security and Governmental Affairs at the U.S. Senate, held April 26, 2012 <https://www.govinfo.gov/content/pkg/CHRG-112shrg75273/html/CHRG-112shrg75273.htm>

25 Prophet in purgatory, Science <https://www.science.org/content/article/weve-done-nothing-wrong-ecohealth-leader-fights-charges-research-helped-spark-covid-19>

26 PMID: 24172901

27 Revealed: NIH Funded Research at Wuhan Lab to Create Mutant Bat Coronaviruses and Study Their Capacity to Infect Humans, 20 avril 2023, <https://childrenshealthdefense.org/defender/nih-funded-research-wuhan-lab-mutant-bat-coronaviruses-infect-humans/>

28 NIH, Understanding the Risk of Bat Coronavirus Emergence, Project Number 1R01AI110964-01, 2014 <https://reporter.nih.gov/search/-bvPCvB7zkyvb1AjAgW5Yg/project-details/8674931>

29 Yang Yang, Chang Liu, Du L., Zheng-Li Shi, Ralph Baric et al., « Two mutations were critical for bat-to-human transmission of Middle East respiratory syndrome coronavirus », *Journal of Virology*, août 2015, <https://journals.asm.org/doi/10.1128/jvi.01279-15>

Baric publie ensuite dans le prestigieux *Nature Medicine*.<sup>30</sup> Il s'agit de la création d'un virus chimérique par génétique inverse : une protéine spike d'un virus possédant naturellement la capacité de se lier à l'ACE2 humain est caractérisée chez un virus de chauve-souris trouvé en Chine, et insérée dans un « squelette » de virus adapté aux souris. Le virus chimère peut reproduire la maladie SRAS chez la souris et est capable d'infecter des cellules humaines en culture. L'infectiosité dépend de l'affinité de la spike pour l'ACE2 humain et elle est testée sur des souris « humanisées » (possédant l'ACE2 humain). L'étude confirme que le site furine de la spike est nécessaire pour l'infectiosité des virus. Cette fois, il s'agit bien de GoF car les virus chimères obtenus sont infectieux et plus pathogènes que les virus dont ils proviennent. Cette recherche est associée à l'essai d'un vaccin contre ce virus chimère chez les souris. Baric montre qu'un vaccin élaboré contre le SRAS-CoV de 2003 est inefficace contre cette nouvelle chimère, et souligne que ce virus chimérique devrait sans doute subir une adaptation supplémentaire pour provoquer une épidémie humaine comme le SRAS-CoV. Un pas important est franchi avec cette étude puisqu'un virus plus pathogène que les virus naturels est construit, dans le cadre de la recherche d'un vaccin. On apprend que ce vaccin, inefficace, provoque sans doute le phénomène d'ADE (facilitation et aggravation de l'infection par les anticorps vaccinaux). Tous les acteurs sont en place pour la pandémie de Covid-19. D'ailleurs, Baric pose la question du danger de ce type d'expériences : le risque de générer des pathogènes plus dangereux est à mesurer face au potentiel de préparer les futures pandémies. Les travaux seront menés conjointement aux USA et en Chine jusqu'au moratoire sur les GoF<sup>31</sup>.

En 2017, Baric s'efface suite au moratoire sur les gains de fonction décidé en 2014 : les travaux de GoF sont délocalisés en Chine par l'intermédiaire de Eco Health Alliance, l'ONG dirigée par Peter Daszak et financée par les NIH. Cette année 2017, le groupe Shi-Daszak publie la création de 8 chimères à partir d'un virus collecté chez les chauve-souris et de différents RBD de SARSr (SARS-related, virus proches du SARS) (EHA-WIV)<sup>32</sup>. Donc Baric ne publie plus sur ses travaux au laboratoire de l'UNC – Chapel Hill- mais entre le 1er janvier 2015 et le 1er juin 2020 des fuites de coronavirus créés à l'UNC sont signalées : 6 de ces fuites concernaient des coronavirus créés au laboratoire<sup>33</sup>.

Janvier 2017

On peut supposer que dès 2017 ces recherches sur les virus chimères étaient bien avancées puisque le 10 janvier 2017, Anthony Fauci annonce qu'il y aura une épidémie surprise pendant le mandat de Donald Trump. Ceci est publié sur une vidéo diffusée à la suite d'une réunion du 14 février 2017 du Center for Global Health Science and Security du Georgetown University Medical Center (GU GHSS), en partenariat avec le Harvard Global Health Institute (HGHI)<sup>34</sup>.

En 2017 également, une anticipation de pandémie est publiée par l'université John Hopkins, SPARS, qui présente des similitudes troublantes avec la pandémie réelle officialisée en 2020. Il s'agit d'une pandémie à coronavirus originaire d'Asie et échappé d'un laboratoire...<sup>35</sup>

---

30 Vineet Menachery, Zheng-Li Shi, Ralph Baric et al., « A SARS-like cluster of circulating bat coronaviruses shows potential for human emergence », *Nature Medicine*, 2015 : <https://www.nature.com/articles/nm.3985>

31 PMID: 26976607

32 PMID: 29190287

33 Here Are Six Accidents UNC Researchers Had With Lab-Created Coronaviruses , ProPublica, aout 2020 <https://www.propublica.org/article/here-are-six-accidents-unc-researchers-had-with-lab-created-coronaviruses>

34 à 3.40 de la vidéo : <https://youtu.be/DNXGAXGJgQI>

35 THE SPARS PANDEMIC 2025 – 2028, A Futuristic Scenario for Public Health Risk Communicators

<https://www.centerforhealthsecurity.org/sites/default/files/2022-12/spars-pandemic-scenario.pdf>

Le 19 décembre 2017, sous le mandat du président Trump, Francis Collins, directeur des NIH, lève le moratoire et promet un cadre plus sûr. Cette levée du moratoire se produit au moment où le secrétaire au ministère de la Santé (HHS – Health and Human Services) démissionne. Les NIH et le très puissant Anthony Fauci en profitent pour occuper l'espace politique vacant et relancer le financement des GoF, au grand étonnement de la communauté scientifique.<sup>36</sup>

### 2018 : le projet DEFUSE

Pour protéger ses soldats envoyés en expédition des dangers des futurs virus émergents, l'US Army, par l'intermédiaire de la DARPA (Defense Advanced Research Projects Agency) a émis en 2018 un appel d'offres pour des recherches permettant d'anticiper l'émergence des futurs coronavirus à potentiel pandémique. Cet appel d'offres concerne l'élaboration de modèles permettant cette prévision, la vérification de la validité de ces modèles par des expériences in vivo sur différentes espèces animales évaluant la capacité des virus modélisés de sauter d'une espèce à l'autre et enfin les moyens de prévenir la diffusion de ces virus à partir de leur réservoir animal que sont les chauve-souris (en supprimant ce virus).

EHA a répondu à cet appel d'offres mais son projet DEFUSE a été rejeté par la DARPA à cause des risques qu'il présente.

Le projet DEFUSE consistait donc à anticiper une pandémie à coronavirus en construisant un virus dangereux qui pourrait émerger et concevoir en même temps le vaccin et les thérapeutiques pour le combattre. Le virus chimère décrit dans DEFUSE possède plusieurs caractéristiques moléculaires décisives déjà évoquées, en particulier les modifications de la clé et du bras du virus indispensables à sa virulence.

Il est aussi question dans ce projet d'améliorer les capacités de liaison des SARS-CoV aux cellules immunitaires en y ajoutant des séquences communes avec le virus du SIDA (virus qui a un tropisme pour ces types cellulaires). Tout ceci correspond bien à la volonté d' « anticiper » l'émergence naturelle d'un virus qui posséderait en même temps toutes ces caractéristiques le rendant très infectieux et très pathogène. Parmi les chercheurs impliqués dans le projet, outre Peter Daszak, on trouve Baric et Shi. Ces chercheurs, dans leur délire prométhéen, proposent aussi le moyen de supprimer dans la faune sauvage ce virus qu'ils créent en laboratoire comme si leurs expériences mimaient et anticipaient parfaitement la Nature ! Ils ont l'idée complètement criminelle de fabriquer un vaccin à virus vivant pour immuniser les chauve-souris en le diffusant par aérosol : un tel virus « aérosolisé » ne peut que contaminer des humains puisqu'il a été conçu pour infecter des humains ! On comprend pourquoi la DARPA refuse le projet en son état mais n'exclut pas d'y participer financièrement si d'autres organismes y contribuent (ce qui a été le cas des NIH/NIAID).

Entre mai et décembre 2019, divers amendements sont apportés aux contrats entre Moderna, les NIH/NIAID et l'UNC : il s'agit de préciser la collaboration et les royalties sur des candidats vaccins concernant la spike en « préfusion » (qui sera finalement la configuration choisie pour les ARNm anti-Covid) et pour des essais sur les animaux de ces ARNm.<sup>37</sup>

### **Le virus se serait-il échappé d'un laboratoire américain?**

Au début de l'été 2019 des fuite de virus sont détectées à Fort Detrick, le laboratoire de l'armée US et une épidémie de pneumopathies atypiques se répand autour de ce laboratoire. Tout ceci est relaté avec

---

36 Communiqué de presse du 19 décembre 2017, NIH Lifts Funding Pause on Gain-of-Function Research.

37 Document obtenu par FOIA <https://s3.documentcloud.org/documents/6935295/NIH-Moderna-Confidential-Agreements.pdf>

les sources officielles dans un document déposé sur un serveur de preprint par un collectif anonyme de chercheurs<sup>38</sup>.

Fort Detrick est situé dans le Maryland et étudie les bactéries et toxines qui peuvent menacer la santé du public et des militaires, dont les SARS. FD a travaillé sur le MERS et collabore avec Baric depuis 2003 sur le SARS.

Le défaut d'entretien du système d'évacuation des eaux usées à FD est connu depuis 2018 ; en juin 2019 les CDC citent des violations des processus de sécurité pouvant entraîner des fuites de virus. Le 11 juillet 2019 il y a eu une grave épidémie de pneumonie dans une maison de retraite de Springfield en Virginie; les symptômes correspondaient à ceux de la Covid-19. Cette maison de retraite est à 1h de route de FD. Quelques jours plus tard, le labo de l'USAMRIID à Fort Derrick (celui qui collabore avec Baric) est fermé. On sait qu'il travaillait sur le virus Ebola et sur d'autres agents pathogènes non révélés pour des raisons de sécurité nationale. Les rapports d'activité de Fort Detrick ont disparu du site officiel pour 2019 et 2020.

En juillet 2019, simultanément avec cette épidémie apparaît une épidémie massive de maladie due officiellement à la cigarette électronique (EVALI - E-cigarette or Vaping product-use Associated Lung Injuries) dans la région. EVALI a une symptomatologie proche de la Covid-19.

Le pic de cas d'EVALI a eu lieu entre août et octobre 2019. Des experts chinois ont relié ces EVALI à des Covid : les scanner pulmonaires étaient très évocateurs ainsi que la clinique de ces patients. Les cas d'EVALI ont décliné à partir de février 2020 au moment où les Covid sont apparues. Lors de tests sanguins effectués sur des sérums « préépidémiques » (du sang prélevé avant l'émergence officielle du virus), il est découvert que des personnes souffrant de pneumopathie atypique possèdent déjà des anticorps spécifiques anti-SARS-CoV-2 dès octobre 2019 aux États-Unis. Le même phénomène est confirmé par la suite en France pour des sérums de novembre 2019 et en Italie dès septembre 2019. La question de la circulation du virus avant son émergence officielle finit par être soulevée dans le British Medical Journal, une des revues médicales les plus réputées.

Il y a donc une forte probabilité que le virus se soit d'abord échappé d'un laboratoire américain, mais il n'est pas question pour les États-Unis et leurs alliés de l'admettre, évidemment. Une autre preuve de la circulation du virus aux USA dès 2019 est apportée par les animaux sauvages : les cerfs ont montré être porteurs d'anticorps anti-SARS-CoV-2 dès 2019 dans le Michigan, Pennsylvanie et autres Etats PMID: 34341571.

La diffusion des virus retracée par l'analyse phylogénétique (la généalogie) montre 3 types de virus au début de l'épidémie. Le virus originel serait apparu aux USA et se serait répandu ensuite dans les autres continents de différentes manières.

L'armée US prélève et distribue des poches de sang à ses militaires dans le monde entier, et en particulier tous les 15 jours en Angleterre et en Italie. En août 2019, un transport de sang aurait apporté la Covid en Italie. Des prélèvements de sang effectués en septembre 2019 en Vénétie contiennent des anticorps anti-SARS-CoV-2 signant la présence du virus dès août 2019. En août 2019, la caserne US de Del Din en Vénétie (à 15 km de la base aérienne US) a recruté des volontaires civils : la transmission du virus à la population italienne pourrait être intervenue à ce moment.

En novembre 2019 un commerçant de Wuhan a acheté une cargaison congelée de homards US à une compagnie basée dans le Maine (où plusieurs cas d'EVALI avaient été recensés). Il a été montré que le virus peut se transmettre par la chaîne du froid. Les employés chinois du commerçant ont été diagnostiqués Covid dans les semaines suivantes.

Les Jeux Militaires de Wuhan ont été organisés différemment des précédents avec de nombreux petits événements dispersés (alors qu'auparavant les militaires étaient tenus éloignés de la population et regroupés dans un même lieu). Certains des athlètes US avaient des symptômes proches de ceux de la

---

38 Investigation Report on COVID-19 Transmission (v1.0.0). Milk Tea Alliance. Zenodo 2021.  
<https://doi.org/10.5281/zenodo.5752000>



Covid.

Au Japon il a été aussi détecté des anticorps contre le virus dès septembre 2019 : la source d'infection pourrait être l'armée US (à Okinawa).

Au Vietnam, à Taïwan, en Angleterre des exercices militaires avec les USA ont été suivis de détection de Covid dues à des mutants américains chez les soldats y ayant participé.

Des touristes US ont également apporté le virus dans plusieurs pays.

Les autorités US ont empêché des médecins de pratiquer des tests Covid au début de 2020 aux USA et bridé toute information concernant les premiers cas US de Covid. Elles ont également censuré les informations sur les cas précoces en Italie en rapport avec les bases militaires US.

Toutes ces tentatives de dissimulation de la part de l'armée US nous orientent vers une origine militaire du virus : le laboratoire de Fort Detrick collabore avec l'UNC de Baric et EHA. EHA a reçu 6 millions de \$ du ministère de la défense US entre octobre 2017 et octobre 2023<sup>39</sup>

### **Les derniers indices datent de fin 2019**

En octobre 2019, au cours d'une réunion concernant les vaccins grippaux, les intervenants (et en particulier Anthony Fauci et Margaret Hamburg, secrétaire pour l'étranger de l'Académie nationale de médecine), proposaient à demi-mots de contourner les essais cliniques de vaccins à ARNm et, avec l'aide d'une crise perturbatrice, de les lancer sur le marché sans avoir besoin de dix ans de tests<sup>40</sup>.

En novembre 2019, le FEM s'inquiète dans une simulation de pandémie de la facilité récente de pouvoir fabriquer des virus de synthèse à partir de brins d'ADN commercialement disponibles (ce sont les derniers développements de la génétique inverse). Le FEM demande de surveiller de près les commandes de brins d'ADN pour empêcher la fabrication d'agents biologiques dangereux.

En 2019, non seulement les rédacteurs ne peuvent ignorer que des coronavirus chimériques ont déjà été fabriqués, mais ils sont aussi peut-être parfaitement informés de l'accident de laboratoire de Fort Detrick de juillet 2019<sup>41</sup>.

***Donc en résumé, d'après ce qui est publié en décembre 2019, avant l'émergence officielle du SARS-CoV-2 nous avons de nombreux indices pour avancer que ce virus a été conçu en laboratoire dans le but biopolitique d'anticiper une pandémie et de développer un vaccin contre ce même virus.***

**Ild - L'échappement accidentel de virus pathogènes est bien documenté :  
Des virus se sont échappés des labos par le passé : le SC2 serait loin d'être  
le premier !**

D'autres épidémies virales pourraient être liées à des virus de laboratoire. Ces échappements ont été

---

39. Awarding Agency Department of Defense (DOD) Recipient ECOHEALTH ALLIANCE INC. UNDERSTANDING THE RISK OF BAT-BORNE ZOOONOTIC DISEASE EMERGENCE IN WESTERN ASIA accessed September 10,2023

[https://www.usaspending.gov/award/ASST\\_NON\\_HDTRA11710064\\_9761](https://www.usaspending.gov/award/ASST_NON_HDTRA11710064_9761)

40 <https://www.spglobal.com/marketintelligence/en/news-insights/trending/xy901KZd9adap3xhdzeC9Q2>

28-30 octobre 2019 Milken Institute's Future of Health Summit in Washington

<https://www.c-span.org/video/?465845-1/universal-flu-vaccine&playEvent>

41 Global Health Security: Epidemics Readiness Accelerator

<https://web.archive.org/web/20200124051000/https%3A//www.weforum.org/projects/managing-the-risk-and-impact-of-future-epidemics>

documentés dans la littérature scientifique<sup>42</sup>. Il s'agit des virus de Marburg, du SIDA<sup>43</sup>, de la grippe H1N<sup>44</sup>, d'Ebola, du SARS-CoV-1 de 2003<sup>45</sup>.

## Ilc - Fin janvier 2020 : premiers doutes sur l'origine du virus

Les premiers doutes quant à l'origine naturelle du virus sont apparus dès le mois de janvier 2020. Après la publication par les Chinois de la séquence complète du génome du SRAS-CoV-2, des virologues ont remarqué des caractéristiques moléculaires étonnantes par rapport aux coronavirus déjà connus.

Positionnées sur sa protéine Spike, elles lui permettent de se lier très efficacement à certaines cellules humaines, rendant ce virus particulièrement infectieux.

Des spécialistes du virus HIV ont remarqué des homologies de séquence avec ce virus et la présence du site furine (le bras du virus) a sauté aux yeux des coronavirologistes. Si on compare le SARS-CoV-2 avec ses prédécesseurs, il est le seul de tous les coronavirus capables d'infecter l'homme à posséder à la fois ce site furine (le bras) et un RBD se fixant sur l'ACE2 humain (la clé).

Cette coïncidence a frappé les virologistes car le site furine permet au virus d'entrer dans de nombreux types cellulaires animaux.

La spike du SARS-CoV-2 possède aussi des domaines de liaison à d'autres récepteurs cellulaires humains : tous ces domaines de liaison ont été remarqués comme importants pour le passage du virus d'une espèce animale à l'autre. En particulier Ralph Baric les a bien identifiés dès au moins 2014. La présence du site furine sur le nouveau virus a été mentionnée dès janvier 2020 par une équipe Chinoise qui a publié en chinois ! Des chercheurs d'Aix Marseille Université et du CNRS et de l'Université de Montréal<sup>46</sup> ont aussi identifié le site en janvier 2020, tout en pointant son rôle dans l'émergence et la pathogénicité du virus. Des chercheurs indiens (équipe de Pradhan) ont également publié sur le site furine au même moment mais ils ont retiré leur article sous la pression des attaques qu'ils ont subies<sup>47</sup>. Le professeur Luc Montagnier, en tant que spécialiste du virus du HIV (SIDA) a aussi remarqué et publié<sup>48</sup> la présence d'homologies de structure avec ce virus présentes sur la spike du SARS-CoV-2 : ces homologies concernent les récepteurs qui sont présents dans le projet DEFUSE.

Une autre caractéristique étonnante est l'affinité de la spike du SARS-CoV-2 pour l'ACE2 humain supérieure à celle qu'il possède pour tous les autres animaux. PMID: 34168168

Si le virus était passé d'un animal à l'homme, il aurait dû avoir une « clé » (un récepteur pour ACE2)

---

42 Synthèse du Groupe de travail sur les armes chimiques et biologiques sur les incidents de laboratoire ayant induit des épidémies : Laboratory Escapes and “Self-fulfilling prophecy” Epidemics. Martin Furmanski MD. Scientist's Working Group on Chemical and Biologic Weapons. Center for Arms Control and Nonproliferation. février 2014

<https://armscontrolcenter.org> ou <https://tinyurl.com/escaped-virus>.

43 <https://www.aimsib.org/2022/04/10/le-sida-a-t-il-vu-le-jour-a-cause-dun-vaccin-anti-polio-defectueux-premiere-partie/>

<https://www.aimsib.org/2022/04/17/le-sida-a-t-il-vu-le-jour-a-cause-dun-vaccin-anti-polio-defectueux-seconde-partie/>

44 PMID: 672956

45 Singapour, Taiwan et Chine The Good, the Bad and the Ugly: a review of SARS Lab Escapes

<https://zenodo.org/record/4293257>

46 PMID: 32057769. Publié en février 2020 en ligne

47 Uncanny similarity of unique inserts in the 2019-nCoV Spike protein to HIV-1 gp120 and Gag, Prashant Pradhan et al. bioRxiv 2020

48 Perez, JC., & Montagnier, L. (2020, April 25). [COVID-19, SARS and Bats Coronaviruses Genomes Unexpected Exogeneous RNA Sequences](#)

mieux adaptée à une serrure (ACE2) animale qu'à une serrure humaine.

D'ailleurs le SARS-CoV-2 est mal adapté aux chauve-souris il ne se réplique pas dans leur cellules de rein ou de poumon, ce qui est fort pour un virus censé provenir de la chauve-souris<sup>49</sup> !

Voilà donc des arguments moléculaires qui viennent confirmer les arguments évolutionnistes mentionnés plus haut : il est impossible que ce coronavirus soit le fruit d'une évolution naturelle après de nombreux passages chez un hôte animal.

### **3 Comment le biopouvoir (en particulier les personnes, États et organisations impliqués directement comme la Chine, les USA, A Fauci,..) a tout fait pour masquer cette origine.**

Le 3 janvier 2020 le gouvernement chinois ordonne que tous les échantillons de virus SARS-CoV-2 doivent être partagés avec des institutions désignées par le gouvernement ou détruits "sur place"<sup>50</sup>.

#### **Les virologistes proches du biopouvoir affirment l'origine naturelle du virus**

Le 17 mars 2020 Fauci et des virologistes renommés publient un article qui fera plus de 6 millions de vues et a été cité plus de 6 000 fois dans la littérature scientifique ce qui est pratiquement du jamais vu<sup>51</sup>. Il a eu une énorme influence sur le façonnement de l'opinion publique. Il conclut de façon définitive :

"Nos analyses montrent clairement que le SARS-CoV-2 n'est pas une construction de laboratoire ou un virus manipulé à dessein. " Les auteurs soutiennent l'origine naturelle du virus qui serait passé à l'homme à partir du pangolin.

Mais un groupe de 14 virologistes a démontré que les arguments d'Andersen et al. étaient « logiquement erronés »<sup>52</sup>.

Andersen pensait encore un mois après la publication que la fuite de laboratoire d'un virus manufacturé était possible mais il a travaillé avec A Fauci pour faire passer cette hypothèse pour une théorie complotiste.

Le 1er février 2020, Andersen et ses co-auteurs ont tenu une conférence avec Fauci et Collins (directeur des NIH) qui les ont incités à écrire l'article. Le 12 février, quatre jours avant que les auteurs ne publient leur preprint, Andersen a avoué : "Pour ce que j'en sais, les gens ont pu infecter le pangolin, et non l'inverse". Ensuite Andersen a encore exprimé ses préoccupations au sujet de l'origine artificielle en provenance de Wuhan dans des courriers privés, tout en affirmant catégoriquement le contraire dans ses déclarations publiques. A Fauci a fait modifier les rapports des spécialistes du sujet à la CIA.. Gøtzsche attribue aux seuls chinois la création de chimères 10 000 fois plus toxiques que les virus naturels (alors que la publication est signée aussi des américains et donc que le NIH était au courant et n'a pas interrompu les financements et les recherches ! D'ailleurs Daszak aussi était au courant. Donc la version officielle veut faire retomber la responsabilité uniquement sur les Chinois et Daszak (qui est britannique)<sup>53</sup>.

49 PMID: 32160149 PMID: 32142651

50 Pékin a ordonné la destruction des premiers échantillons de coronavirus, selon une note de service secrète, 27 juin 2023, Emily Kopp, US. Right to know <https://usrtk.org/covid-19-origins/china-ordered-destruction-of-early-coronavirus-samples/>

51 The Proximal Origin Andersen, *et al.* PMID: 32284615.

52 PMID: 34543608

53 Origin of COVID-19: The biggest cover up in medical history By Peter C Gøtzsche Institute for

## 4 Les virologistes mainstream avancent des arguments en faveur de l'origine artificielle

### IVa - Les quasi-aveux de Daszak

En mai 2020, dans une interview publié sur internet P Daszak nous explique les expériences menées par EHA « vous pouvez manipuler le virus au laboratoire, la spike protéine est responsable de la capacité du virus à infecter un animal, vous pouvez modifier la séquence de la protéine spike (construire une protéine), c'est ce que nous faisons avec Ralph Baric, nous insérons la séquence de cette protéine dans un autre virus. Nous essayons de développer un vaccin contre ce nouveau virus que nous construisons pour anticiper une pandémie »<sup>54</sup>.

Daszak et Shi Zhengli<sup>55</sup> publient en août 2020 un article qu'ils avaient déposé en octobre 2019 et où figurent les précurseurs du SARS-CoV-2 et le SARS-CoV-2. Daszak avoue en avril 2020 dans un email déclassifié grâce à USRightToKnow<sup>56</sup>, que ces séquences ne doivent pas apparaître dans la banque de gènes (Genbank) où les chercheurs déposent les séquences des virus qu'ils découvrent : cela pourrait attirer l'attention sur ses travaux. Dans une interview du 11 mars 2022<sup>57</sup>, il explique que ce sont bien les séquences publiées dans l'article Latinne et al.. Donc les séquences publiées en aout 2020 avaient été déposées au plus tard en octobre 2019 et ce sont des séquences qui tendent à prouver que les expériences du projet DEFUSE étaient réalisées à cette époque.

### IVb - En 2021 des virologistes moins dépendants du biopouvoir que les auteurs de l'article The Proximal Origin mettent en doute de façon feutrée l'origine naturelle du virus.

En effet, dans un article scientifique toute affirmation doit être parfaitement documentée et il est donc impossible d'y publier une opinion personnelle même si elle est très étayée. Pour affirmer une origine artificielle, il faudrait un aveu d'un des trois responsables (Baric, Shi ou Daszak) ce qui est très improbable ou bien la publication des « cahiers de laboratoire » de l'UNC, Fort Detrick ou du WIV, ce qui est complètement utopique.

En avril 2021, 3 virologistes français de renommée internationale passent en revue les arguments en faveur d'une origine non naturelle. Selon eux, les programmes de recherche menés à l'Institut de

---

Scientific Freedom Copenhagen 6 October 2023

<https://www.scientificfreedom.dk/wp-content/uploads/2023/10/Gotzsche-Origin-of-COVID-19-The-biggest-cover-up-in-medical-history.pdf>

Pour plus de détails : Is the COVID Lab Leak Cover-Up on the Verge of Collapse?

<https://childrenshealthdefense.org/defender/covid-lab-leak-theory-cover-up-collapse-cola/> IV – Les virologistes mainstream avancent des arguments en faveur de l'origine artificielle

54 TWiV 615: Peter Daszak of EcoHealth Alliance, host Vincent Racaniello

May 19, 2020 <https://www.microbe.tv/twiv/twiv-615/>

55 PMID: 32843626

56 <https://usrtk.org/covid-19-origins/foi-documents-on-origins-of-sars-cov-2-risks-of-gain-of-function-research-and-biosafety-labs/>

57 PETER DASZAK ANSWERS CRITICS AND DEFENDS CORONAVIRUS RESEARCH

<https://theintercept.com/2022/03/11/covid-nih-ecohealth-peter-daszak-interview/>

Virologie de Wuhan (WIV) par EHA et cofinancés par le NIH sont tout à fait compatibles avec l'hypothèse d'un accident de laboratoire.

Aucun animal ayant pu jouer le rôle d'hôte intermédiaire n'a pu être identifié, ceci invalide la forte probabilité affirmée par l'OMS des 2 hypothèses de l'origine animale. L'hypothèse de la viande surgelée n'a pas de fondements scientifiques et n'explique pas l'origine du virus (cette hypothèse se rapporte sans doute à la cargaison de homards surgelés envoyés des USA en Chine en 2019). Ils proposent les arguments moléculaires évoqués plus haut et qui soutiennent l'hypothèse de l'origine artificielle<sup>58</sup>.

En septembre 2021, les mêmes virologistes français publient avec des collègues américains, australien et autrichien et ils ajoutent d'autres arguments en faveur de l'origine artificielle.

PMID: 36037920

L'analyse bioinformatique du génome du SARS-CoV-2 montre un biais d'usage de codons suggérant une possible manipulation génétique.

Baric affirmait qu'en 2019 il était possible de créer un virus chimère sans laisser de traces, contrairement à 2015, année où il avait créé un virus chimère qui possédait des traces de manipulation selon lui<sup>59</sup>. Mais il oubliait donc ce biais de codons qui a été détecté par ses collègues.

En novembre 2021 (publication en preprint en 2022), un nouvel argument moléculaire en faveur de l'origine synthétique est proposé : la présence et la répartition des sites de restriction (sites d'endonucléase) dans la séquence du SC2 ne peuvent être expliqués par une évolution naturelle mais seulement par une synthèse artificielle de cette séquence. Pour fabriquer un virus par génétique inverse, il faut « coudre » ensemble plusieurs fragments d'ADN grâce à des enzymes de restriction (ou ciseaux moléculaires) ; ces enzymes ne peuvent agir que si des sites de restriction (de suture) existent. Les chercheurs ajoutent donc ces sites aux endroits où ils désirent faire la suture : le SC2 possède l'empreinte exacte de ces sites et cette empreinte n'existe pas chez les coronavirus sauvages. De plus, le schéma des mutations qui génèrent ces sites est extrêmement improbables dans les coronavirus sauvages et presque universel dans les virus synthétiques<sup>60</sup>.

Un document obtenu par FOIA en janvier 2024 révèle que la description précise de la fabrication du virus avec ces ciseaux moléculaires se trouvait déjà dans le projet DEFUSE de 2018<sup>61</sup>.

En décembre 2021, des virologistes chinois examinent les données épidémiologiques et phylogénétiques et proposent que seule une origine « jumelle » du virus est compatible avec ces données : celui-ci serait apparu dès l'été 2019 (en un lieu non précisé). Il aurait ensuite évolué indépendamment en Chine et en Europe où il aurait acquis des mutations favorables qui auraient permis à cette souche européenne de prendre le dessus sur le lignage asiatique dès avril 2020. Cette étude généalogique est compatible avec l'origine américaine du virus qui aurait ensuite évolué de façon silencieuse avant sa découverte officielle<sup>62</sup>.

Rappelons qu'il existe des preuves de cette circulation précoce du virus en Europe et aux USA en 2019.

---

58 Le rapport de la mission OMS peine à retracer les origines de l'épidémie de SARS-CoV-2 [https://www.jle.com/fr/contenu\\_libre.phtml?code\\_contenu=covid19-le-rapport-de-la-mission-OMS-peine-a-retracer-les-origines-de-l-epidemie-de-SARS-CoV-2](https://www.jle.com/fr/contenu_libre.phtml?code_contenu=covid19-le-rapport-de-la-mission-OMS-peine-a-retracer-les-origines-de-l-epidemie-de-SARS-CoV-2)

59 interview en italien, septembre 2020 <https://www.facebook.com/watch/?v=243062757106162>

60 Restriction Site Analysis of SARS-CoV-2 Demonstrates the signature of a synthetic virus  
19 octobre 2022 <https://zenodo.org/records/7226587>

Endonuclease fingerprint indicates a synthetic origin of SARS-CoV-2, Valentin Bruttel, Alex Washburne, Antonius VanDongen <https://doi.org/10.1101/2022.10.18.512756>

61 US scientists proposed to make viruses with unique features of SARS-CoV-2 in Wuhan <https://usrtk.org/covid-19-origins/scientists-proposed-making-viruses-with-unique-features-of-sars-cov-2-in-wuhan/> 18 janvier 2024

62. PMID: 35497643

Des anticorps contre le SARS-CoV-2 ont été trouvés en janvier 2020 aux USA et son matériel génétique (ARN) dans des échantillons prélevés début septembre 2019 en Italie et fin décembre en France. Le virus a été retrouvé dans les eaux usées dès décembre 2019 dans plusieurs villes d'Italie<sup>63</sup>.

## IVc – La version plus ou moins officielle actuelle

En 2023 il ne semble plus possibles aux autorités d'outre-atlantique de nier l'origine artificielle du virus. Le 26 février 2023 le Wall Street Journal révèle qu'un rapport du Ministère US de l'Energie a conclu que la pandémie de Covid provenait très probablement d'une fuite dans un laboratoire, selon un rapport confidentiel des services de renseignement<sup>64</sup>.

Pour le FBI, l'origine de laboratoire est l'hypothèse la plus probable<sup>65</sup>. La version officielle US s'oriente vers l'aveu de cette origine mais la responsabilité en est rejetée entièrement sur la Chine. Les travaux de Baric et de Fort Detrick sont donc soigneusement occultés dans le discours officiel<sup>66</sup>.

Cependant des virologistes dociles continuent de soutenir l'origine naturelle du virus et inventent des hypothèses farfelues concernant des animaux accusés d'être des hôtes intermédiaires. Cette contradiction illustre la confusion qui règne au sommet du biopouvoir.

Au congrès de virologie NIDO consacré principalement aux coronavirus, qui se tient à Montreux en mai 2023, aucune communication discutant de l'origine artificielle n'est prévue : le congrès des coronavirologistes ne s'intéresse pas à l'origine du virus. Le seul scientifique qui pose des questions à ce sujet est intimidé et censuré<sup>67</sup>.

Le 27 novembre 2023, Robert Kadlec (qui a été responsable de la préparation aux pandémies au ministère US de la santé) confirme qu'il a contribué à cacher l'origine synthétique du virus. Il avoue maintenant que le virus provient des expériences de gain de fonction financée par les USA par l'intermédiaire de Eco Health Alliance et rejette la faute sur Fauci. Il invente une histoire rocambolesque pour rejeter la faute sur les Chinois<sup>68</sup>.

---

63PMID: 32835962

64 Lab Leak Most Likely Origin of Covid-19 Pandemic, Energy Department Now Says, 26 février 2023

<https://www.wsj.com/articles/covid-origin-china-lab-leak-807b7b0a>

<https://childrenshealthdefense.org/defender/covid-origins-wuhan-lab-energy-department/>

65 Declassified by DNI Haines, June 2023, Potential links between the Wuhan Institute of Virology and the origin of the COVID-19 Pandemic

<https://www.dni.gov/files/ODNI/documents/assessments/Report-on-Potential-Links-Between-the-Wuhan-Institute-of-Virology-and-the-Origins-of-COVID-19-20230623.pdf>

66 Rapport d'avril 2023 du Dr Bob Kadlec, ancien Secrétaire Assistant à la préparation et à la réponse aux pandémies

<https://www.homelandsecuritynewswire.com/dr20230422-senate-republicans-release-covid-origins-report> Muddy Waters The Origins of Covid-19 Report Sen Roger Marshall, MD

<https://www.marshall.senate.gov/wp-content/uploads/MWG-FDR-Documents-04-11-23-EMBARGOED.pdf>

67 The Great Raccoon Dog Mystery, Jonathan Latham, PhD, Independent Science News, 29 juin 2023.

<https://www.independentsciencenews.org/health/the-great-raccoon-dog-mystery/>

68 US Department of Health official who conspired with Anthony Fauci to downplay COVID lab-leak theory reveals 'agonising' over his actions Sky News, Australie, 27 novembre 2023

<https://www.skynews.com.au/australia-news/us-department-of-health-official-who-conspired-with-anthony-fauci-to-downplay-covid-lableak-theory-reveals-agonising-over-his-actions/news->

En Europe et particulièrement en France, le discours officiel continue d'entretenir la confusion en laissant la porte ouverte à la fuite de laboratoire mais surtout pas à la fabrication intentionnelle. L'Institut Pasteur fait mine de confondre fabrication intentionnelle (suivie d'une fuite accidentelle) et rejet intentionnel dans la population (fuite volontaire) et rejette tout en bloc<sup>69</sup>.

Cependant deux microbiologistes français de renom envisagent la fuite de laboratoire.

Le professeur Renaud Piarroux a donné une conférence-débat pour Sorbonne Université en mai 2023<sup>70</sup>. Il discute dans ce débat de l'origine zoonotique du virus ou par fuite de laboratoire. Cette dernière est soutenue selon lui par 2 éléments essentiels : le fait que l'épidémie commence à Wuhan où se trouve le laboratoire où sont effectués les recherches de gains de fonction et le projet DEFUSE. Pour lui, c'est un projet réel qui a été proposé, et tous les éléments caractérisant le SC2 y sont mentionnés. Cette conférence est longue et compliquée pour les non-scientifiques ; toutes les hypothèses sont abordées et en particulier celle des GoF. Les autres intervenants font tout pour brouiller le message pourtant très prudent de Piarroux. Piarroux reprend beaucoup d'informations que j'avais abordées dans mon article sur l'origine du virus en mars 2022 ; il justifie de s'en être préoccupé seulement en 2023 car il a été influencé par l'affirmation officielle péremptoire d'une origine naturelle qui a été rabâchée ad nauseam!

Concernant les derniers assauts des scientifiques mainstream pour soutenir l'origine naturelle<sup>71</sup>, Piarroux nous rappelle qu'aucun chien viverrin n'a été trouvé porteur du SC2 : c'est la dernière hypothèse farfelue avancée pour justifier l'origine naturelle à partir d'un nouvel « hôte intermédiaire » probable sorti d'un chapeau. En effet si aucun chien viverrin n'est porteur du virus, comment cette espèce l'aurait-elle transmis à l'homme? Piarroux rejette catégoriquement l'hypothèse du pangolin et du chien viverrin sur des critères moléculaires ; il rappelle aussi qu'en Chine aucune mesure n'a été prise pour éviter une transmission du pangolin ou du chien viverrin à l'homme depuis 2020 : les Chinois savent bien que ces animaux sont innocents ! Il souligne également comme moi l'absurdité de la théorie zoonique d'un point de vue évolutionniste. Concernant les arguments pour l'origine synthétique, Piarroux reprend également les caractéristiques moléculaires du SC2 que j'ai déjà évoquées.

Il faut également mentionner l'avis du Pr Patrick Berche qui a fait une communication à l'Académie de Médecine le 18 avril 2023 (Séance dédiée : « de l'origine du SC2 à la virologie/biologie dangereuse »; il a publié sur ce sujet en juin 2023 : il conclut que l'origine artificielle du virus par fuite du laboratoire de Wuhan doit être envisagée<sup>72</sup>.

---

[story/f568f544d4b5eb05fb26dc3e198f50ae](https://www.pasteur.fr/fr/journal-recherche/actualites/origine-du-sars-cov-2-recherches-se-poursuivent)

69 Origine du SARS-CoV-2 : les recherches se poursuivent Actualités, 22 mars 2023.

<https://www.pasteur.fr/fr/journal-recherche/actualites/origine-du-sars-cov-2-recherches-se-poursuivent>

70 Sorbonne University: Débat - Origines de Covid-19 30 May 2023, Théâtre de la Ville, Paris

<https://docs.google.com/document/d/10dItXAr0Si2CYfHb-UYPz8EfSc6Sg65I1vQNcUXtrY0/>

<https://youtu.be/RDwvDzSbmbU?si=kRIPICM2xy2wotaB>

71 New Evidence Supports Animal Origin of COVID Virus through Raccoon Dogs

Genetic sequences show evidence of raccoon dogs and other animals at the Wuhan market sites where SARS-CoV-2 was found in early 2020, adding to evidence of a natural spillover event, Scientific American, 17 mars 2023, consulté le 8 novembre 2023.

<https://www.scientificamerican.com/article/new-evidence-supports-animal-origin-of-covid-virus-through-raccoon-dogs/>

72 PMID: 37269978

## Conclusion

Le problème de l'origine du virus SC2 est complexe : pour se faire un avis sérieux il faut bien sûr avoir accès aux connaissances spécialisées en virologie des coronavirus mais il faut aussi tenir compte des aspects biopolitiques. J'insiste aussi dans ce texte sur l'apport essentiel de la théorie de l'évolution dans la résolution de cette énigme.

Le biopouvoir tend à imposer des normes sanitaires à l'ensemble de la population humaine et ceci passe en particulier par la vaccination généralisée contre les pathogènes connus et à venir. Dans ce but les autorités sanitaires financent des recherches visant à anticiper l'émergence de nouveaux virus : les gains de fonction font partie de ce processus. Il s'agit de concevoir et produire des virus supposés capables d'émerger. Les scientifiques recherchent quelles sont les caractéristiques moléculaires susceptibles d'augmenter la pathogénicité et la transmissibilité à l'homme des virus connus. Ils fabriquent ensuite des virus chimères fondés sur les virus existants auxquels ils ajoutent ces caractéristiques. En même temps ils recherchent des vaccins susceptibles de protéger la population contre ces virus censés devoir émerger dans le futur.

L'idéologie vaccinaliste vieille de plus de deux siècles et les profits faramineux réalisés par l'industrie pharmaceutique avec la vente des vaccins expliquent l'engagement des gouvernements et ONG dans ce type de recherche.

L'histoire des gains de fonction sur les coronavirus nous montre clairement quelles caractéristiques moléculaires ont été identifiées, comment elles ont été ajoutés sur des virus peu transmissibles de type SARS-CoV-1 de 2002.

Ces expériences ont été initiées à l'Université de Caroline du Nord par Ralph Baric et ses équipes depuis les années 1980. Au cours des années 2 000 une collaboration de plus en plus étroite est menée avec les virologistes chinois par l'intermédiaire de l'ONG EcoHealthAlliance financée par le gouvernement US. Les inquiétudes justifiées sur ce type de recherche ont conduit à un moratoire en 2014 et à leur délocalisation de plus en plus poussée en Chine mais les GoF ont dû continuer secrètement aux USA.

L'examen de la séquence génétique du SARS-CoV-2 permet de retrouver exactement ces parties importantes du génome : la forte affinité du virus pour l'ACE2 humain (la « clé » qui permet au virus d'ouvrir la porte de nombreux types cellulaires), le site furine (le « bras » du virus qui permet d'ouvrir cette porte) et d'autres séquences qui permettent au virus d'entrer dans les cellules immunitaires qui ne possèdent pas la « serrure » ACE2.

L'histoire des épidémies humaines de coronavirus depuis la fin du XIXème siècle nous montre que ce type de virus est capable de provoquer une pandémie seulement s'il passe d'un animal domestique à l'homme et ceci plusieurs fois de suite dans une population vivant en contact très étroit avec cet animal : d'un point de vue évolutionniste, l'émergence de la pandémie de SARS-CoV-2 à partir d'un animal est impossible. Et ceci est confirmé par la recherche infructueuse de l'animal ayant servi d'hôte intermédiaire : depuis presque 4 ans il a été impossible de trouver un virus similaire ou proche chez aucun animal sauvage. De plus, l'affinité du SARS-CoV-2 pour les ACE2 animaux est inférieure à celle qu'il possède pour l'ACE2 humain et ceci dès son émergence officielle.

Des arguments très forts soutiennent l'hypothèse d'une origine américaine du virus qui aurait ensuite diffusé naturellement (ou volontairement) en Chine.

Dès le début de la pandémie en 2020, les acteurs de ces GoF ont logiquement tout fait pour masquer l'origine artificielle du virus. Ils ont fini par la reconnaître (du moins aux USA) mais ils rejettent la responsabilité uniquement sur la Chine et le laboratoire de Wuhan. En France l'omerta règne à ce sujet bien que des coronavirologistes aient publié leur doutes et les arguments en faveur de l'origine artificielle dès 2021. Deux éminents microbiologistes français ont renforcé ces arguments en 2023.

Malheureusement les expériences de GoF ne se sont pas arrêtées avec l'émergence du SARS-CoV-2 :



les CDC (Centers of Disease Control) américains craignaient en effet la fabrication d'un virus chimère entre le SARS-CoV-2 et le SARS-CoV1 qui aurait la transmissibilité du SARS-CoV-2 et la pathogénicité du SARS-CoV-1<sup>73</sup>.

Et il existe aussi des arguments en faveur de l'origine artificielle de certains variants ultérieurs du SARS-CoV-2 : les variants « anglais » et Omicron pourraient provenir aussi des laboratoires. En effet, de nombreux laboratoires dans le monde travaillent sur le SARS-CoV-2 en infectant des animaux pour rechercher les facteurs de virulence et anticiper son évolution.

Entre avril-septembre 2020 des scientifiques Chinois publient une étude dans Science où ils expliquent avoir adapté la souche primitive du SC2 au tractus respiratoire de souris âgées et avoir obtenu un virus plus pathogène (en particulier chez les vieilles souris)<sup>74</sup>. Ils ont ainsi créé un variant du SC2 au début de 2020 (avant le 20 avril, date à laquelle ils ont déposé leur article publié en septembre) : ce variant possède la mutation N501Y caractéristique du variant “anglais” B.1.1.7 qui a circulé à partir de décembre 2020 et a été détecté au Royaume Uni.

Et il existe aussi des arguments en faveur de l'origine artificielle de certains variants ultérieurs du SARS-CoV-2 : les variants « anglais » et Omicron pourraient provenir aussi des laboratoires. Certains laboratoires cherchent à savoir comment Omicron pourrait devenir plus virulent et manipulent le virus dans ce sens<sup>75</sup>. Omicron pourrait avoir été sélectionné par des passages du SARS-CoV-2 chez des souris, comme le proposent deux éminents virologistes évolutionnistes : F Balloux et L van Dorp<sup>76</sup>. Cette hypothèse est également proposée par des virologistes Chinois<sup>77</sup>.

Selon Baric lui-même, il est possible d'adapter SARS-CoV-2 à la souris en 10 passages<sup>78</sup>.

En 2022, des collaborateurs de Baric proposent un vaccin vivant atténué constitué de SARS-CoV-2 modifié pour lutter contre le SARS-CoV-2 lui-même<sup>79</sup>. Cette proposition soulève des questions de sécurité compte tenu des risques potentiels associés à l'utilisation de virus vivants atténués.

### **Appel pour un nouveau moratoire sur les gains de fonction**

En 2022, des virologistes français spécialistes des coronavirus ont publié une tribune choc intitulée « Les apprentis du génome ». <sup>80</sup> Ils demandent un moratoire sur les expériences de gain de fonction concernant des virus à potentiel pandémique, sur les projets de forçage génétique et sur les vaccins auto-disséminants.

Une large publicité devrait être faite à ces prises de positions ainsi qu'à l'initiative internationale « Biosafety Now » <sup>81</sup> basée aux États-Unis qui demande elle aussi l'arrêt de ces pratiques dangereuses mais elle pèse bien peu face au biopouvoir. Malheureusement, les autorités et les médias continuent de semer la plus grande confusion à ce sujet pour empêcher la population de comprendre pleinement la

---

73 Federal Register/Vol. 86, No. 219/Wednesday, November 17, 2021/Rules and Regulations, Xavier Becerra, Secretary, Department of Health and Human Services, <https://www.federalregister.gov/documents/2021/11/17/2021-25204/possession-use-and-transfer-of-select-agents-and-toxins-addition-of-sars-covsars-cov-2-chimeric>

74 PMID: 32732280

75 Peacock TP et al., The altered entry pathway and antigenic distance of the SARS-CoV-2 Omicron variant map to separate domains of Spike protein, bioRxiv, 2021

76 Transmission of SARS-CoV-2 from humans to animals and potential host adaptation

Cedric C.S. Tan, Su, Datt Lam, Damien Richard, Christopher Owen, Dorothea Berchtold, Christine Orenge, Meera Surendran Nair, Suresh V. Kuchipudi, Vivek Kapur, Lucy van Dorp, François Balloux bioRxiv 2020.11.16.384743; doi: <https://doi.org/10.1101/2020.11.16.384743>

77 PMID: 35005525

78 PMID: 33031744

79. PMID 35896528.

80 Bruno Canard, Étienne Decroly, Jacques Van Helden, « Forçage génétique, Vaccins autodisséminants, Virus chimériques... Les apprentis sorciers du génome », *Le Monde Diplomatique*, février 2022, voir : <https://www.monde-diplomatique.fr/2022/02/CANARD/64333>

81 <https://biosafetynow.org/>

gravité des menaces. C'est pourquoi il est urgent d'informer le grand public du danger de ces GoF pour espérer qu'ils puissent influencer les élus. Savoir c'est pouvoir!

Un débat public et démocratique devient urgent. Après quatre années d'interrogations sur l'origine du SARS-CoV-2, ce débat sur les GoF n'est toujours pas d'actualité. Pire : la recherche utilisant les GoF continue, en toute impunité, sur bien des virus et dans un grand silence des médias. Une chose est sûre : ces recherches n'ont été d'aucune utilité dans la crise Covid. L'humanité toute entière a pu constater non seulement la totale vacuité de l'idée de « maîtriser » les virus pour prévenir les pandémies, mais surtout que ce type d'expériences créaient *de facto* le risque dont elles espéraient nous prémunir. En janvier 2024 la presse grand public fait mine de s'émouvoir de la création par des Chinois d'un variant mortel de coronavirus (sur des souris humanisées) : « Des chercheurs chinois ont modifié un coronavirus nommé GX\_P2V et découvert en 2017 sur des pangolins. Testé sur des souris porteuses de protéines humaines, le virus créé de toutes pièces à un taux de létalité de 100%. »<sup>82</sup>.

Les médias aux ordres oublient donc que les recherches de gains de fonction continuent aux USA, au cœur du biopouvoir. En novembre 2021, les CDC, qui font partie du Department of Health and Human Services (HHS) des États-Unis, ont modifié leur réglementation relative aux agents toxiques et toxines. Cette modification inclut désormais les virus chimériques du SARS-CoV/SARS-CoV-2 et décrit certaines manipulations génétiques soumises à cette nouvelle réglementation, ce qui suggère qu'elles étaient très probablement déjà en cours à cette date. On évoquait ainsi la création d'un virus chimère qui aura la transmissibilité du SARS-CoV-2 et la pathogénicité du SARS-CoV-1. Les facteurs de virulence du SARS-CoV-1 à ajouter au SARS-CoV-2 sont précisément décrits. Ces manipulations pourraient mener à l'émergence d'un SARS-CoV-3 très pathogène et transmissible<sup>83</sup>.

En 2023 on apprend aussi que la même équipe dont les recherches ont abouti au moratoire de 2014 sur les GoF continue à adapter des virus de grippe aviaire au furet qui est l'animal modèle pour l'étude de la transmissibilité de ces virus aux mammifères et à l'homme. Ceci se passe au Canada et le même type d'expérience est mené au Japon en 2023<sup>84</sup>.

Plus près de nous, en Belgique, un laboratoire BSL-2 et BSL-3 propose des outils pour anticiper les futures pandémies, au rang desquels, la fabrication de virus par génétique inverse (insertion de mutations à l'aide de plasmides dans des génomes de virus connus). Ces expériences sont effectuées sur différentes familles de virus dont les Flavivirus (comme le Zika, le Chikungunya), les coronavirus et le VRS<sup>85</sup>.

---

82 Covid-19 : coronavirus mutant, un taux de mortalité de 100%... en Chine, plusieurs expériences inquiètent les scientifiques, La Dépêche, 19 janvier 2024

<https://www.ladepeche.fr/2024/01/19/coronavirus-cest-une-etude-epouvantable-un-virus-mutant-cree-en-chine-a-un-taux-de-mortalite-de-100-chez-des-souris-humanisees-11706074.php> et An infection and pathogenesis mouse model of SARS-CoV-2-related pangolin coronavirus GX\_P2V(short\_3UTR) Lai Wei, Shuiqing Liu, Shanshan Lu, Shengdong Luo, Xiaoping An, Huahao Fan, Weiwei Chen, Erguang Li, Yigang Tong, Lihua Song <https://doi.org/10.1101/2024.01.03.574008>

83 Federal Register/Vol. 86, No. 219/Wednesday, November 17, 2021/ Rules and Regulations, Xavier Becerra, Secretary, Department of Health and Human Services, <https://www.federalregister.gov/documents/2021/11/17/2021-25204/possession-use-and-transfer-of-select-agents-and-toxins-addition-of-sars-covsars-cov-2-chimeric>

84 Getting it right Biosafety Now 31 janvier 2024 [https://biosafetynow.org/getting-it-right/?mc\\_cid=7d13ce4e11&mc\\_eid=03958db8c8](https://biosafetynow.org/getting-it-right/?mc_cid=7d13ce4e11&mc_eid=03958db8c8)

85 SARS Virus Bank Platform consulté le 10 mars 2024, <https://virusbankplatform.be/>