

JAKIE JEST POCHODZENIE WIRUSA SARS-COV-2?

Po tragicznym okresie zgonów na całym świecie spowodowanym wirusem SARS-COV-2 podstawowym zadaniem uczonych i decydentów na przyszłość jest odpowiedź na pytanie, jakie jest pochodzenie wirusa SARS-COV-2.

Aby pomóc w zapobieganiu przyszłym pandemiom wirusowym, kluczowe znaczenie ma zidentyfikowanie źródła wirusa, a jest to możliwe tylko dzięki obiektywnej analizie wszystkich dostępnych danych. Przegląd ten jest daleki od propagowania tzw. teorii spiskowych i bazuje wyłącznie na recenzowanych materiałach naukowych publikowanych w poważnych czasopismach międzynarodowych. Badania nad koronawirusami typu SARS trwały od wielu lat i prowadzone były głównie przez ośrodki chińskie i amerykańskie, często w ścisłej współpracy, żeby wymienić tylko RaTG13 CoV [4] czy chimeryczny CoV z genem SARS CoV nietoperza (SHC014) w szkielecie SARS CoV, który został adoptowany do infekowania myszy (MA15) i jest zdolny do infekowania ludzkich komórek [8].

W lutym 2020 roku, gdy w Europie pandemia dopiero zaczynała się rozwijać opublikowano pracę (poniżej), która zdecydowanie podkreślała, że pochodzenie wirusa z laboratorium jest wykluczone.

Emerging Microbes & Infections
2020, VOL. 9
<https://doi.org/10.1080/22221751.2020.1733440>



COMMENTARY

OPEN ACCESS Check for updates

No credible evidence supporting claims of the laboratory engineering of SARS-CoV-2

Shan-Lu Liu^{a,b,c,d}, Linda J. Saif^{d,e}, Susan R. Weiss^f and Lishan Su^g

^aCenter for Retrovirus Research, The Ohio State University, Columbus, OH, USA; ^bDepartment of Veterinary Biosciences, The Ohio State University, Columbus, OH, USA; ^cDepartment of Microbial Infection and Immunity, The Ohio State University, Columbus, OH, USA; ^dViruses and Emerging Pathogens Program, Infectious Diseases Institute, The Ohio State University, Columbus, OH, USA; ^eFood Animal Health Research Program, Ohio Agricultural Research and Development Center, CFAES, Department of Veterinary Preventive Medicine, The Ohio State University, Wooster, OH, USA; ^fDepartment of Microbiology, Perelman School of Medicine, University of Pennsylvania, Philadelphia, PA, USA; ^gLineberger Comprehensive Cancer Center, Department of Microbiology and Immunology, University of North Carolina at Chapel Hill, Chapel Hill, NC, USA

ARTICLE HISTORY Received 13 February 2020; Accepted 13 February 2020

Strach świata był uzasadniony, bowiem chińskie źródła donosiły [1-3], iż COVID-2019 wydaje się mieć podobne objawy kliniczne jak zespół ostrej niewydolności oddechowej (SARS) wywoływany przez SARS-CoV. Sekwencja genomu SARS-CoV-2 również wykazywała około 80% zgodności z SARS-CoV, ale najbardziej podobna jest do niektórych koronawirusów beta nietoperzy, wykazując nawet 96% identyczności [4,5]. Podobny stopień identyczności posiada stworzony w chińskim laboratorium w Wuhan RaTG13 CoV [4]. Jednak autorzy uważają, że

liczba 1100 różnic w wariantach pojedynczych nukleotydów między ludzkim SARS-CoV-2 a nietoperzem RaTG13-CoV [4] oznacza, iż jest wysoce nieprawdopodobne, że RaTG13 CoV jest bezpośrednim źródłem SARS-CoV-2. Brak logicznego ukierunkowanego wzorca w nowych sekwencjach wirusowych i znalezienie bliskiego krewnego u dzikiego gatunku (nietoperzy) to najbardziej przekonujące dowody wg autorów, że SARS-CoV-2 wyewoluował w wyniku naturalnej modyfikacji.

W podobny sposób odniesiono się do „teorii spiskowych” dotyczących wyników będących rezultatem współpracy amerykańskiego ośrodka z North Carolina i Wuhan Institute w Nature Medicine opublikowany w 2015 r. [7], w którym opisano konstrukcję chimerycznego CoV z genem CoV S nietoperza (SHC014) w szkielecie SARS CoV, który przystosował się do infekowania myszy (MA15) i jest zdolny do infekowania ludzkich komórek [8]. Jednak twierdzenie to nie ma wg autorów podstaw naukowych i musi zostać odrzucone ze względu na znaczną rozbieżność w sekwencji genetycznej tego konstruktu z nowym SARS-CoV-2 (> 5000 nukleotydów).

[There are amendments to this paper](#)

LETTERS

**nature
medicine**

A SARS-like cluster of circulating bat coronaviruses shows potential for human emergence

Vineet D Menachery¹, Boyd L Yount Jr¹, Kari Debbink^{1,2}, Sudhakar Agnihothram³, Lisa E Gralinski¹, Jessica A Plante¹, Rachel L Graham¹, Trevor Scobey¹, Xing-Yi Ge⁴, Eric F Donaldson¹, Scott H Randell^{5,6}, Antonio Lanzavecchia⁷, Wayne A Marasco^{8,9}, Zhengli-Li Shi⁴ & Ralph S Baric^{1,2}


Badania pokazały, że skonstruowany w laboratorium wirus SL-SHC014-MA15 mógłby rzeczywiście skutecznie wykorzystywać ludzkie ACE2 i replikować się w pierwotnych ludzkich komórkach dróg oddechowych w podobnym stopniu jak epidemiczne szczepy SARS-CoV. Podczas gdy SL-SHC014-MA15 może skutecznie replikować się w płucach młodych i starszych myszy, infekcja została osłabiona, a mniej antygeny wirusa było obecne w nabłonku dróg oddechowych w porównaniu z SARS MA15, co powoduje śmiertelne skutki u starszych myszy [7]. Ze względu na podwyższoną aktywność patogenną chimerycznego SL-SHC014-MA15 badania takie (nazywane eksperymentami ze wzmocnieniem funkcji (GOF -gain of function) zostały wstrzymane. Obecna epidemia COVID-

2019 wznowiła debatę na temat ryzyka konstruowania takich wirusów, które mogą mieć potencjał pandemiczny, niezależnie od ustalenia, że te CoV nietoperzy już istnieją w naturze. Niezależnie od tego, po dokładnych analizach filogenetycznych przeprowadzonych przez wiele międzynarodowych grup [5,14], SARS-CoV-2 różni się od SL-SHC014-MA15, z > 6000 różnicami nukleotydów w całym genomie. Dlatego, twierdzą autorzy, po raz kolejny nie ma wiarygodnych dowodów na poparcie twierdzenia, że SARS-CoV-2 pochodzi z chimerycznego wirusa SL-SHC014-MA15.

Jednak wyprodukowany w laboratoriach wirus SL-SHC014-MA15 zapoczątkował debatę, czy potencjalne naukowe korzyści uzasadniają ryzyko takiego podejścia, nazwanego badaniami GOF. „Gdyby wirus uciekł, nikt nie byłby w stanie przewidzieć trajektorii” – powiedział wtedy znany wirusolog z Instytutu Pasteura w Paryżu. W październiku 2013 roku rząd USA przestał łożyć fundusze federalne na badania GOF, ze szczególnym uwzględnieniem badań związanych z grypą, SARS i MERS. Natomiast NIH (National Institutes of Health) sfinansował badania GOF, ponieważ „pomagają one zdefiniować fundamentalny charakter interakcji człowiek–patogen, umożliwiają ocenę potencjału pandemicznego pojawiających się czynników zakaźnych oraz informują o działaniach związanych ze zdrowiem publicznym...” Dyrektor NIH Francis Collins powiedział wtedy: „Badania te wiążą się jednak również z zagrożeniami bezpieczeństwa biologicznego i ochrony biologicznej, które należy lepiej zrozumieć”. Debata prowadzona w 2015 roku stała się zastraszająco aktualna dziś, w 2021 roku i sprowadza się do pytań, jak dalece pouczające są wyniki uzyskane nad koronawirusami, i w jakim stopniu modyfikacje w laboratoriach świata rodzą śmiertelne globalne zagrożenie. Wielu naukowców twierdzi, że „Jedynym skutkiem tej pracy jest stworzenie w laboratorium nowego, nienaturalnego ryzyka”, jak zauważył Richard Ebright, biolog molekularny i ekspert ds. ochrony biologicznej w Rutgers University.

Najnowsza praca przeglądowa z 24 kwietnia 2021 różni się znacząco od omawianej wyżej pracy z początków pandemii . Omawia ona główne argumenty przemawiające za naturalnym pochodzeniem SARS-CoV-2 i przedstawia różne punkty wskazujące na alternatywę, iż pochodzenie laboratoryjne jest nadal ważną możliwością, której nie należy lekceważyć.

Should we discount the laboratory origin of COVID-19?

Rossana Segreto , Yuri Deigin, Kevin McCairn, Alejandro Sousa, Dan Sirotkin, Karl Sirotkin, Jonathan J. Couey, Adrian Jones & Daoyu Zhang

Environmental Chemistry Letters (2021) | [Cite this article](#)

Autorzy analizują wszystkie możliwe drogi możliwej transmisji wirusa SARS-Cov-2, które przedstawione są na rysunku.

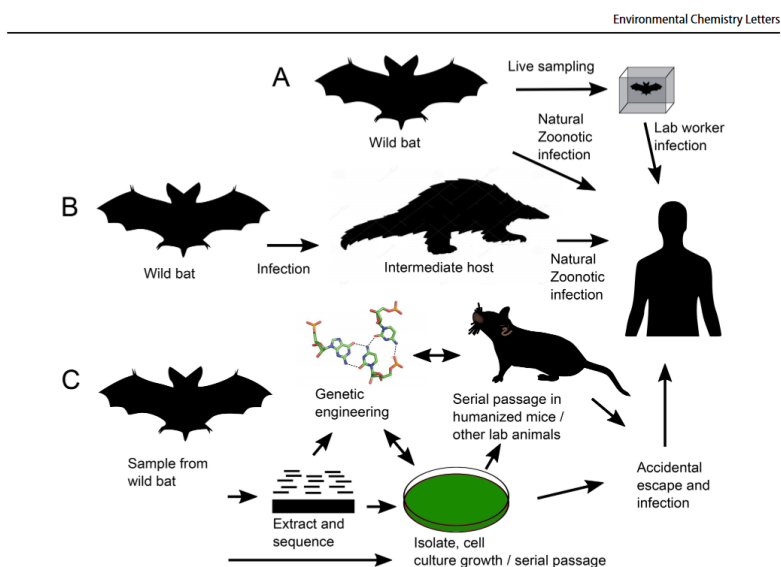


Fig. 1 Possible routes of SARS-CoV-2's transmission to humans. **a** Direct infection from bats to humans either natural or due to virus sampling. **b** Infection of humans via an intermediate host such as pangolins or other mammals. **c** Laboratory hypothesis: sampling from wild bats followed by different laboratory steps such as RNA extraction and sequencing, virus isolation or synthesis from a given sequence, growth in cell culture and infection assays, genetic engineering, passage in humanized mice or other animal models. Human infection may be caused by accidental escape of the virus from the laboratory environment

Wnioski z ich najnowszego przeglądu są następujące:

Ponad rok po początkowych udokumentowanych przypadkach w Wuhan, źródło SARS-CoV-2 nie zostało jeszcze zidentyfikowane, a poszukiwania bezpośredniego lub pośredniego żywiciela w naturze jak dotąd nie przyniosły rezultatu. Badane do tej pory niskie powinowactwo wiązania SARS-CoV-2 do ACE2 nietoperza nie potwierdza, że nietoperz rękoskrzydły (Chiroptera) jest bezpośrednim czynnikiem odzwierzęcym. Ponadto poleganie na podobieństwie domeny wiążącej receptor koronawirusa łuskowca (RBD) do SARS-CoV-2 jako dowodu na naturalne rozprzestrzenianie się odzwierzęce jest wadliwe, ponieważ jest mało prawdopodobne, aby łuskowce odgrywały rolę w pochodzeniu SARS-

CoV-2, a rekombinacja nie jest poparta ostatnimi analizami. Jednocześnie analizy genomowe wskazały, że SARS-CoV-2 wykazuje wiele osobliwych cech, których nie można znaleźć w innych Sarbecoviruses.

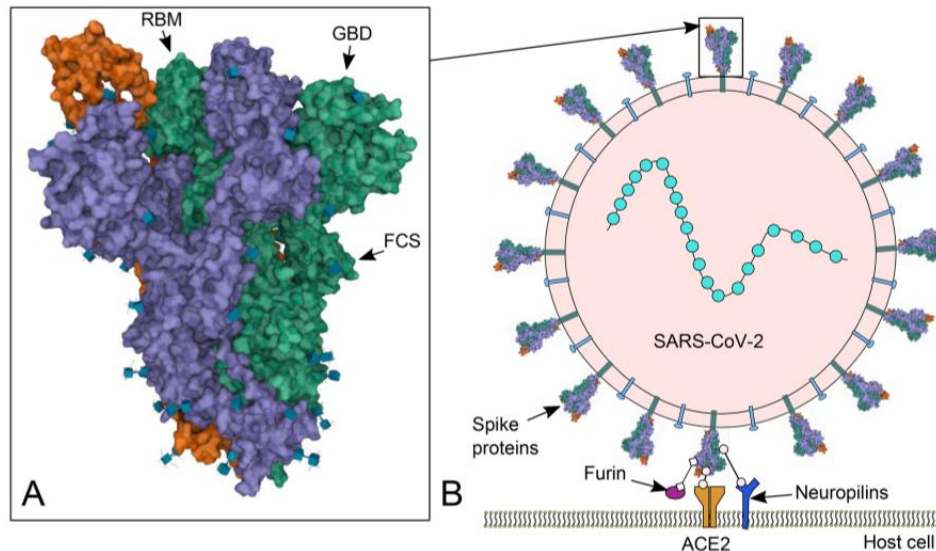


Fig. 2 Severe acute respiratory syndrome coronavirus type 2 (SARS-CoV-2) spike and cell binding. **a** Protein Data Bank (RCSB PDB) 3D structure 6VYB (Walls et al. 2020) image of SARS-CoV-2 spike ectodomain structure (open state) (<https://www.rcsb.org/3d-view/6vyb>) (Sehna et al. 2018). Locations of the receptor binding motif (RBM), ganglioside-binding domain (GBD) and furin cleavage

site (FCS) indicated by arrows. **b** Cartoon representation of SARS-CoV-2 binding to a human cell via spike receptor binding domain (RBD) to human angiotensin-converting enzyme 2 (ACE2) and alternate entry route via cell surface neuropilins. Spike priming/activation by furin. Box at the top of the image shows the indicative position of **a**

Nowo odkryte miejsce rozszczepiania przez furynę (FCS) zapewnia liczne patogenetycznie korzystne zdolności, których istnienie jest trudne do wyjaśnienia poprzez naturalną ewolucję; Wiązanie SARS-CoV-2 z ludzkim ACE2 jest znacznie silniejsze niż SARS-CoV, ale nie ma wskazania stopnia ewolucyjnej adaptacji, jaką przeszedł SARS-CoV lub MERS-CoV. Płaska topografia domeny wiążącej gangliozyd (GBD) w N-końcowej domenie (NTD) SARS-CoV-2 nie jest zgodna z typowymi sposobami ewolucji unikania gospodarza, które wykazują inne ludzkie koronawirusy. Połączenie siły wiązania, naśladowanie peptydów ludzkich i mysich, a także wysoka adaptacja do zakażeń u ludzi i przenoszenia z najwcześniejszych szczepów może sugerować użycie myszy humanizowanych do rozwoju SARS-CoV-2 w środowisku laboratoryjnym. Zastosowanie szczepów myszy wykazujących ludzkie ACE2 do badań związanych z SARS-CoV jest dobrze udokumentowane (Ren i in. 2008; Hou i in. 2010; Menachery i in. 2015; Cockrell i in. 2018; Jiang i in. 2020). Dodatkowo hodowla i adaptacja koronawirusów do różnych linii komórkowych, w tym ludzkich komórek nabłonka dróg oddechowych, była prowadzona eksperymentalnie w różnych laboratoriach (Tse et al. 2014; Menachery et al. 2015; Zeng et al. 2016; Jiang et al. 2020). Chociaż naturalne pochodzenie jest nadal możliwe i poszukiwanie potencjalnego żywiciela w przyrodzie powinno być kontynuowane, ilość osobliwych cech genetycznych zidentyfikowanych w genomie SARS-CoV-2 nie wyklucza pochodzenia GOF (dyskutowanego wcześniej), które należy przedyskutować w ramach otwartej debaty naukowej.

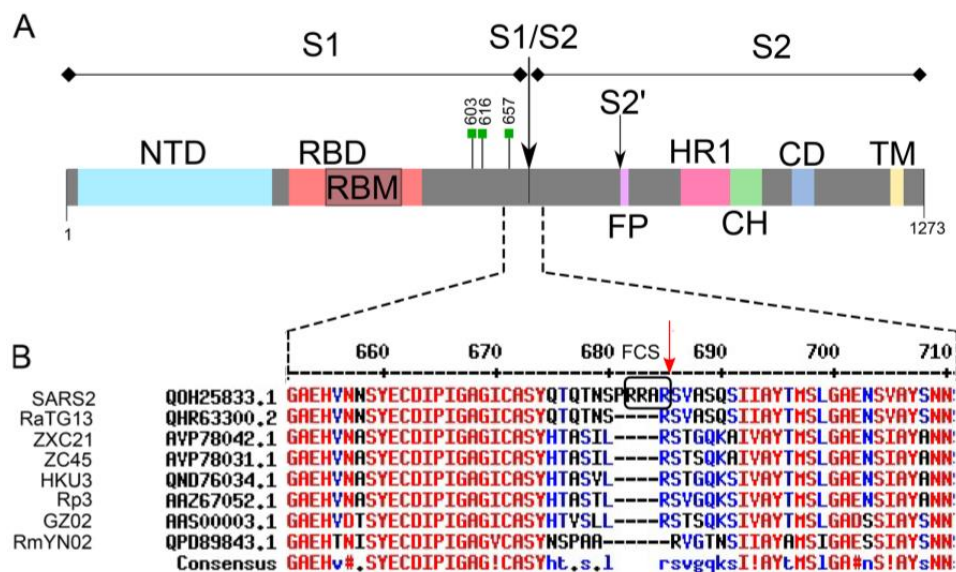


Fig. 3 Severe acute respiratory syndrome coronavirus type 2 (SARS-CoV-2) spike protein showing subunits and domains as well as local sequence alignments with other *Betacoronaviruses*. **a** Spike domains: N-terminal domain (NTD), receptor binding domain (RBD), receptor binding motif (RBM), fusion peptide (FP), heptad repeat 1 (HR1), central helix (CH), connector domain (CD), transmembrane domain (TM), multibasic furin cleavage site (FCS) indicated by black box. The S1/S2 and S2' cleavage sites are indicated by arrows. Green boxes indicate location of N-glycosylated residues proximal to FCS. **b** MultAlin alignments using SARS-CoV-2 spike protein

sequence numbering reference (Corpet 1988) (<http://www.sacs.ucsf.edu/cgi-bin/multalin.py>). Definition and accession numbers as follows: SARS2: SARS-CoV-2 Wuhan-Hu-1 (Q0H25833.1); RaTG13 (QHR63300.2); ZXC21: bat-SL-CoVZXC21 (AVP78042.1); ZC45: bat-SL-CoVZC45 (AVP78031.1); HKU3: Bat SARS coronavirus HKU3 (QND76034.1); Rp3: Rp3/2004 (AAZ67052.1); GZ02: SARS coronavirus GZ02 (AAS00003.1); RmYN02: Bat coronavirus RmYN02 (QPD89843.1). SARS-CoV-2 referenced sequence indexes are shown

1. Wang D, Hu B, Hu C, et al. . Clinical characteristics of 138 hospitalized patients with 2019 novel coronavirus-infected pneumonia in Wuhan, China. *JAMA*. 2020 Feb 7. doi: 10.1001/jama.2020.1585 [PMC free article] [PubMed] [CrossRef] [Google Scholar]
2. Chang LM, Wei L, et al. . Epidemiologic and clinical characteristics of novel coronavirus infections involving 13 patients outside Wuhan, China. *JAMA*. 2020 Feb 7. doi: 10.1001/jama.2020.1623 [PMC free article] [PubMed] [CrossRef] [Google Scholar]
3. Chen N, Zhou M, Dong X, et al. . Epidemiological and clinical characteristics of 99 cases of 2019 novel coronavirus pneumonia in Wuhan, China: a descriptive study. *Lancet*. 2020 Jan 30;395(10223):507–513. doi: 10.1016/S0140-6736(20)30211-7 [PMC free article] [PubMed] [CrossRef] [Google Scholar]
4. Zhou P, Yang XL, Wang XG, et al. . A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin. *Nature*. 2020 Feb 3. doi: 10.1038/s41586-020-2012-7 [PMC free article] [PubMed] [CrossRef] [Google Scholar]
5. Zhu N, Zhang D, Wang W, et al. . A novel coronavirus from patients with pneumonia in China, 2019. *N Engl J Med*. 2020 Jan 24;382(8):727–733. doi: 10.1056/NEJMoa2001017 [PMC free article] [PubMed] [CrossRef] [Google Scholar]
6. Song HD, Tu CC, Zhang GW, et al. . Cross-host evolution of severe acute respiratory syndrome coronavirus in palm civet and human. *Proc Natl Acad Sci USA*. 2005 Feb 15;102(7):2430–2435. doi: 10.1073/pnas.0409608102 [PMC free article] [PubMed] [CrossRef] [Google Scholar]

7. Menachery VD, Yount Jr. BL, Debbink K, et al. . A SARS-like cluster of circulating bat coronaviruses shows potential for human emergence. *Nat Med.* 2015 Dec;21(12):1508–1513. doi: 10.1038/nm.3985 [[PMC free article](#)] [[PubMed](#)] [[CrossRef](#)] [[Google Scholar](#)]
8. Ge XY, Li JL, Yang XL, et al. . Isolation and characterization of a bat SARS-like coronavirus that uses the ACE2 receptor. *Nature.* 2013 Nov 28;503(7477):535–538. doi: 10.1038/nature12711 [[PMC free article](#)] [[PubMed](#)] [[CrossRef](#)] [[Google Scholar](#)]
9. Roberts A, Deming D, Paddock CD, et al. . A mouse-adapted SARS-coronavirus causes disease and mortality in BALB/c mice. *PLoS Pathog.* 2007 Jan;3(1):e5. doi: 10.1371/journal.ppat.0030005 [[PMC free article](#)] [[PubMed](#)] [[CrossRef](#)] [[Google Scholar](#)]
10. Li F, Li W, Farzan M, et al. . Structure of SARS coronavirus spike receptor-binding domain complexed with receptor. *Science.* 2005 Sep 16;309(5742):1864–1868. doi: 10.1126/science.1116480 [[PubMed](#)] [[CrossRef](#)] [[Google Scholar](#)]
11. Li W, Moore MJ, Vasilieva N, et al. . Angiotensin-converting enzyme 2 is a functional receptor for the SARS coronavirus. *Nature.* 2003 Nov 27;426(6965):450–454. doi: 10.1038/nature02145 [[PMC free article](#)] [[PubMed](#)] [[CrossRef](#)] [[Google Scholar](#)]
12. Guan Y, Zheng BJ, He YQ, et al. . Isolation and characterization of viruses related to the SARS coronavirus from animals in southern China. *Science.* 2003 Oct 10;302(5643):276–278. doi: 10.1126/science.1087139 [[PubMed](#)] [[CrossRef](#)] [[Google Scholar](#)]
13. Demogines A, Farzan M, Sawyer SL.. Evidence for ACE2-utilizing coronaviruses (CoVs) related to severe acute respiratory syndrome CoV in bats. *J Virol.* 2012 Jun;86(11):6350–6353. doi: 10.1128/JVI.00311-12 [[PMC free article](#)] [[PubMed](#)] [[CrossRef](#)] [[Google Scholar](#)]
14. Wu F, Zhao S, Yu B, et al. . A new coronavirus associated with human respiratory disease in China. *Nature.* 2020 Feb 3. doi: 10.1038/s41586-020-2008-3 [[PMC free article](#)] [[PubMed](#)] [[CrossRef](#)] [[Google Scholar](#)]
15. Xiao C, Li X, Liu S, et al. . HIV-1 did not contribute to the 2019-nCoV genome. *Emerg Microbes Infect.* 2020 Dec;9(1):378–381. doi: 10.1080/22221751.2020.1727299 [[PMC free article](#)] [[PubMed](#)] [[CrossRef](#)] [[Google Scholar](#)]

Sprawa pochodzenia epidemii i koronawirusa nabrała impetu wraz z opublikowaniem listu w magazynie naukowym SCIENCE, który zamieszczamy poniżej. Raczej trudno podejrzewać wybitnych naukowców podpisanych pod tym listem o jakieś działania polityczne.

LETTERS

Investigate the origins of COVID-19

Jesse D. Bloom^{1,2}, Yujia Alina Chan³, Ralph S. Baric⁴, Pamela J. Bjorkman⁵, Sarah Cobey⁶, Benjamin E. Deverman³, Davi...

+ See all authors and affiliations

Science 14 May 2021:
Vol. 372, Issue 6543, pp. 694
DOI: 10.1126/science.abj0016

Edited by Jennifer Sills

30 grudnia 2019 r. Program Monitorowania Pojawiających się Chorób poinformował świat o zapaleniu płuc o nieznanym przyczynie w Wuhan w Chinach

(1). Od tego czasu naukowcy poczynili znaczne postępy w zrozumieniu czynnika sprawczego, koronawirusa zespołu ostrej ostrej niewydolności oddechowej (2) (SARS-CoV-2), jego przenoszenia, patogenezы i łagodzenia za pomocą szczepionek, środków terapeutycznych i interwencji nefarmaceutycznych. **Jednak nadal potrzebne są dalsze badania, aby ustalić źródło pandemii.** Teorie przypadkowego uwolnienia z laboratorium i rozprzestrzeniania odzwierzęcego pozostają w mocy. Wiedza o tym, jak pojawił się COVID-19, ma kluczowe znaczenie dla informowania o globalnych strategiach ograniczania ryzyka przyszłych epidemii. W maju 2020 r. Światowe Zgromadzenie Zdrowia zwróciło się do dyrektora generalnego Światowej Organizacji Zdrowia (WHO) o ścisłą współpracę z partnerami w celu ustalenia pochodzenia SARS-CoV-2 (2). W listopadzie opublikowano zakres uprawnień do wspólnego badania przez Chiny i WHO (3). Informacje, dane i próbki do pierwszej fazy badania zostały zebrane i podsumowane przez chińską połowę zespołu; reszta zespołu opierała się na tej analizie. Chociaż nie było żadnych wcześniejszych dowodów na poparcie ani naturalnego pochodzenia ani wycieku laboratoryjnego, zespół ocenił odzwierzęce rozprzestrzenianie się od żywiciela pośredniego jako „prawdopodobne lub bardzo prawdopodobne”, a incydent laboratoryjny jako „wyjątkowo mało prawdopodobny” [(4), str. 9]. Co więcej, te dwie teorie nie zostały dostatecznie wyważone. Tylko 4 z 313 stron raportu i jego załączników dotyczyło możliwości wypadku laboratoryjnego (4). W szczególności dyrektor generalny WHO Tedros Ghebreyesus skomentował, że uwzględnienie w raporcie dowodów potwierdzających wypadek laboratoryjny było niewystarczające i zaproponował zapewnienie dodatkowych zasobów w celu pełnej oceny tych możliwości (5). Jako naukowcy posiadający odpowiednią wiedzę fachową zgadzamy się z dyrektorem generalnym WHO (5), Stanami Zjednoczonymi i 13 innymi krajami (6) oraz Unią Europejską (7), że większa jasność co do pochodzenia tej pandemii jest konieczna i możliwa do osiągnięcia. Musimy poważnie traktować hipotezy dotyczące zarówno naturalnych, jak i laboratoryjnych przyczynach pandemii, dopóki nie będziemy mieli wystarczających danych. Właściwe dochodzenie powinno być przejrzyste, obiektywne, oparte na danych, obejmujące szeroką wiedzę fachową, podlegać niezależnemu nadzorowi i zarządzane w sposób odpowiedzialny, aby zminimalizować wpływ konfliktów interesów. Zarówno agencje zdrowia publicznego, jak i laboratoria badawcze muszą udostępniać swoje dane opinii publicznej. Badacze powinni udokumentować prawdziwość i pochodzenie danych, na podstawie których przeprowadzane są analizy oraz wyciągane wnioski, tak aby analizy były odtwarzalne przez niezależnych ekspertów.

Wreszcie, w tym czasie niefortunnych nastrojów antyazjatyckich w niektórych krajach, zauważamy, że na początku pandemii to chińscy lekarze, naukowcy, dziennikarze i obywatele dzielili się ze światem kluczowymi informacjami na temat rozprzestrzeniania się wirusa — często wielkim kosztem osobistym (8, 9). Powinniśmy wykazać się taką samą determinacją w promowaniu beznamiętnego, naukowego dyskursu w tej trudnej, ale ważnej kwestii.

1. “Undiagnosed pneumonia—China (Hubei): Request for information,” ProMED post (2019); <https://promedmail.org/promed-post/?id=6864153>. 2. World Health Assembly Resolution 73.1: COVID-19 response (2020); https://apps.who.int/gb/ebwha/pdf_files/WHA73/A73_R1-en.pdf. 3. WHO, “WHO-convended global study of the origins of SARS-CoV-2” (2020); www.who.int/publications/m/item/who-convended-global-study-of-the-origins-of-sars-cov

4. WHO, “WHO-convended global study of origins of SARS-CoV-2: China part” (2021); www.who.int/publications/i/item/who-convended-global-study-of-origins-of-sars-cov-2-china-part. 5. WHO, “WHO director-general’s remarks at the Member State Briefing on the report of the international team studying the origins of SARS-CoV-2” (2021); www.who.int/director-general/speeches/detail/who-director-general-s-remarks-at-the-member-state-briefing-on-the-report-of-the-international-team-studying-the-origins-of-sars-cov-2. 6. US Department of State, “Joint statement on the WHO-Convended COVID-19 origins study” (2021); www.state.gov/joint-statement-on-the-who-convended-covid-19-origins-study/. 7. Delegation of the European Union to the UN and other International Organizations in Geneva “EU statement on the WHO-led COVID-19 origins study” (2021); https://eeas.europa.eu/delegations/un-geneva/95960/eu-statement-who-led-covid-19-origins-study_en. 8. J. Hollingsworth, Y. Xiong, “The truth-tellers: China created a story of the pandemic. These people revealed details Beijing left out,” CNN (2021). 9. A. Green, L. Wenliang, *Lancet* 395, 682 (2020). 10.1126/science.

***Jesse D. Bloom^{1,2}, Yujia Alina Chan³, Ralph S. Baric⁴, Pamela J. Bjorkman⁵, Sarah Cobey⁶, Benjamin E. Deverman³, David N. Fisman⁷, Ravindra Gupta⁸, Akiko Iwasaki^{9,2}, Marc Lipsitch¹⁰, Ruslan Medzhitov^{9,2}, Richard A. Neher¹¹, Rasmus Nielsen¹², Nick Patterson¹³, Tim Stearns¹⁴, Erik van Nimwegen¹¹, Michael Worobey¹⁵, David A. Relman^{16,17,*}** ¹Basic Sciences and Computational Biology, Fred Hutchinson Cancer Research Center, Seattle, WA 98109, USA. ²Howard Hughes Medical Institute, Chevy Chase, MD 20815, USA. ³Stanley Center for Psychiatric Research, Broad Institute of Massachusetts Institute of Technology and Harvard University, Cambridge, MA 02142, USA. ⁴Department of Epidemiology and Department of Microbiology & Immunology, University of North Carolina at Chapel Hill, Chapel Hill, NC 27599, USA. ⁵Division of Biology and Biological Engineering, California Institute of Technology, Pasadena, CA 91125, USA. ⁶Department of Ecology and Evolution, University of Chicago, Chicago, IL 60637, USA. ⁷Dalla Lana School of Public Health, University of Toronto, Toronto, ON M5S 1A8, Canada. ⁸Cambridge Institute of Therapeutic Immunology & Infectious Disease, Cambridge, UK. ⁹Department of Immunobiology, Yale University School of Medicine, New Haven, CT 06519, USA. ¹⁰Department of Immunology and Infectious Diseases and Center for Communicable Disease Dynamics, Department of Epidemiology, Harvard T. H. Chan School of Public Health, Boston, MA 02115, USA. ¹¹Biozentrum, University of Basel and Swiss Institute of Bioinformatics, Basel, Switzerland. ¹²Department of Integrative Biology and Department of Statistics, University of California, Berkeley, CA 94720, USA. ¹³Department of Human Evolutionary Biology, Harvard University, Cambridge, MA 02138, USA. ¹⁴Department of Biology and Department of Genetics, Stanford University, Stanford, CA 94305, USA. ¹⁵Department of Ecology and Evolutionary Biology, University of Arizona, Tucson, AZ 85721, USA. ¹⁶Department of Medicine and Department of Microbiology & Immunology, Stanford University School of Medicine, Stanford, CA 94305, USA. ¹⁷Center for International Security and Cooperation, Stanford University, Stanford, CA 94305, USA. *Corresponding author. Email: relman@stanford.edu REFERENCES AND NOTES 1. “Undiagnosed pneumonia—China (Hubei): Request for information,” ProMED post (2019); <https://promedmail.org/promed-post/?id=6864153>. 2. World Health Assembly Resolution 73.1: COVID-19 response (2020); https://apps.who.int/gb/ebwha/pdf_files/WHA73/A73_R1-en.pdf. 3. WHO, “WHO-convended global study of the origins of SARS-CoV-2” (2020); www.who.int/publications/m/item/who-convended-global-study-of-the-origins-of-sars-cov

7 lipca ukazał się dość rzetelny raport w Vanity Fair. Choć nie ma on charakteru naukowego warto go przytoczyć, aby zrozumieć głównych aktorów tego straszego spektaklu , o nazwie pandemia.

„Gdyby pandemia zaczęła się jako część wycieku laboratoryjnego, miałyby potencjał, by zrobić z wirusologią to, co Three Mile Island i Czarnobyl zrobiły z nauką jądrową”.

https://www.vanityfair.com/news/2021/06/the-lab-leak-theory-inside-the-fight-to-uncover-covid-19s-origins

VANTYFAIR

CORONAVIRUS Inside the Lab-Leak Investigations Ron Johnson, COVID Quack NFL's Vax Hesitancy Problem Vaccinatec

July 7-8 Buy Tickets Now

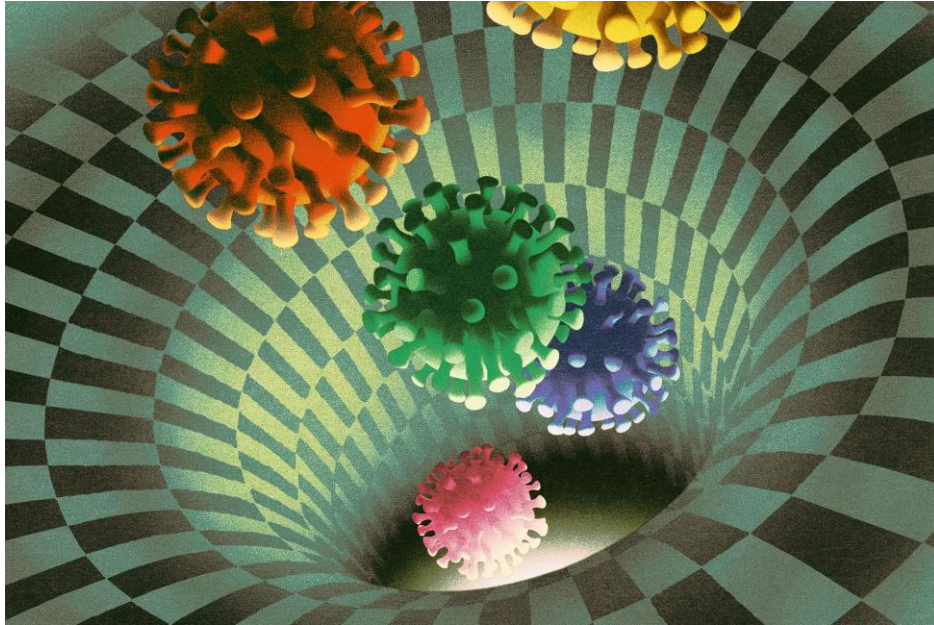
VIRAL INFLECTION

The Lab-Leak Theory: Inside the Fight to Uncover COVID-19's Origins

Throughout 2020, the notion that the novel coronavirus leaked from a lab was off-limits. Those who dared to push for transparency say toxic politics and hidden agendas kept us in the dark.

BY KATHERINE EBAN

cations/m/item/who-convened-global-study-of-the-o



Warto zajrzeć do kilku innych prac:

<https://thebulletin.org/2020/05/natural-spillover-or-research-lab-leak-why-a-credible-investigation-is-needed-to-determine-the-origin-of-the-coronavirus->

Natural spillover or research lab leak? Why a credible investigation is needed to determine the origin of the coronavirus pandemic

By Filippa Lentzos | May 1, 2020



Filippa Lentzos

Filippa Lentzos is a Senior Lecturer in Science & International Security at the Department of War Studies and Co-Director of the Centre for... [Read More](#)



The Good, the Bad and the Ugly: a review of SARS Lab Escapes



Gilles Demaneuf Nov 16, 2020 · 64 min read



Research by DRASTIC, a group of researchers working together to investigate the origins of SARS-CoV-2, starting from facts and not bending to any pressure. DRASTIC members were the first ones to discover the Mojiang ‘miners’ story.

DOI: [10.5281/zenodo.4293257](https://doi.org/10.5281/zenodo.4293257)

<https://gillesdemaneuf.medium.com/the-good-the-bad-and-the-ugly-a-review-of-sars-lab-escapes-898d203d175dpandemic/>