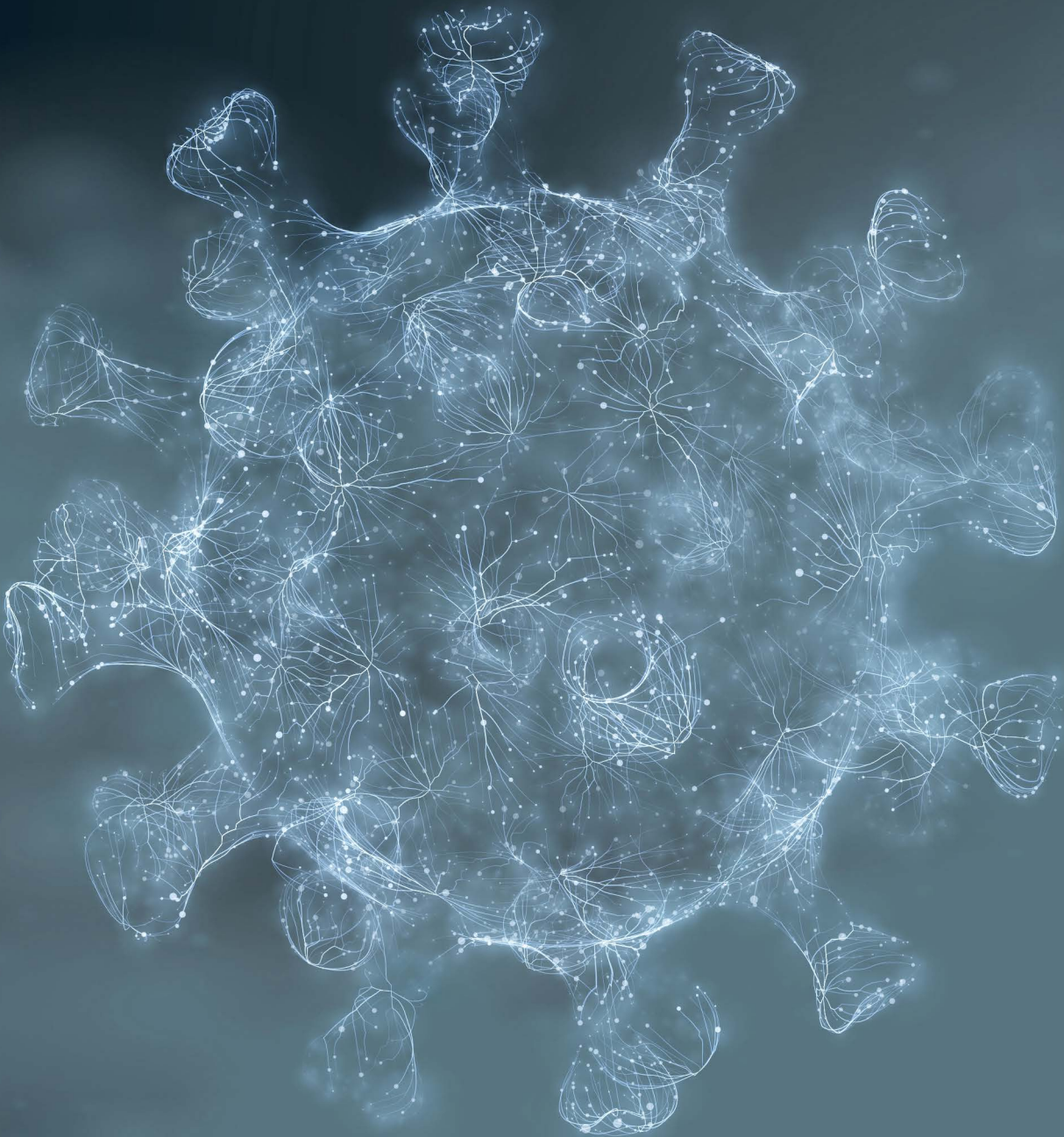


COVID 19

L'ENQUETE INTERDITE

COMMENT TOUT A VRAIMENT COMMENCÉ,
POURQUOI NOUS N'AVIENS RIEN COMPRIS



DR VINCENT RELIQUET

D'OÙ VIENS-TU SARS-CoV-2 ?

Attention, article presque complotiste et parfaitement assumé !
Tellement libéré qu'il flirtera par instant avec la poésie.

Souvenez-vous que la réalité dépasse toujours la fiction...

Pendant que le monde entier s'est lancé dans une recherche désespérée pour vaincre cette virose encore inconnue du monde il y a deux ans, une question se pose toujours, lancinante et tenace :

Qu'est-ce que c'est que cet organisme,
d'où vient-il et où ira-t-il ?

Des milliers d'articles plus tard, un faisceau d'arguments nous aide à y voir beaucoup plus clair : Jamais James Bond contre Dr No ne nous a paru aussi proche...



Médecin généraliste, le Docteur Reliquet exerce depuis plus de 20 ans la médecine générale et l'hydrotomie.

Membre du Comité Médical de l'Association Internationale de Médecine Scientifique Indépendante et Bienveillante (AIMSIB), il lutte activement contre toute interférence mercantile des firmes du médicament sur sa pratique quotidienne.

La déprescription médicamenteuse et une perpétuelle critique des pratiques médicales automatiques font partie de ses priorités.

ÉPISODE 1

MATER LE « PERTURBATEUR » DE WUHAN

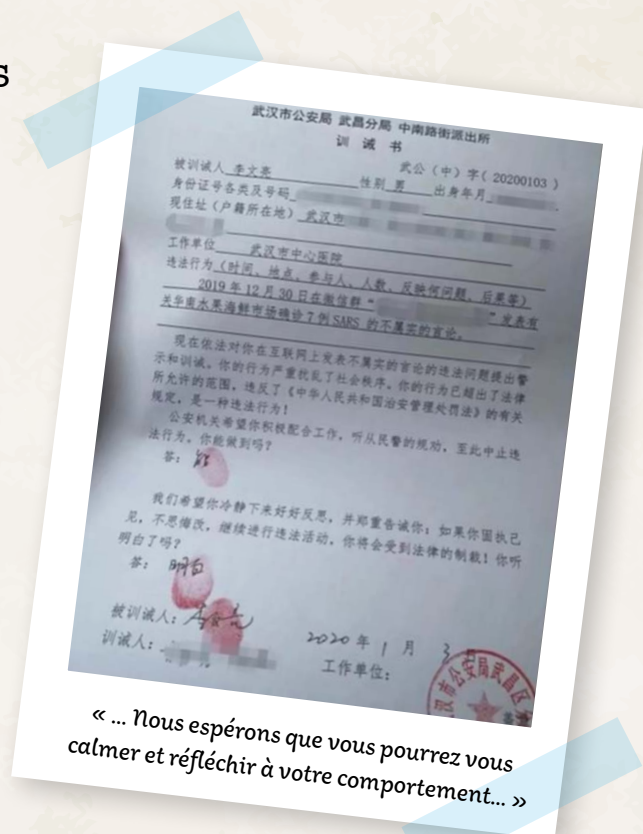
Lundi 30 Décembre 2019, 17h40. Le jeune *Li Wenliang*, médecin ophtalmologiste à l'Hôpital Central de Wuhan, se saisit de son téléphone puis rédige à la hâte un texto à l'intention de sa hiérarchie et de ses collègues : « *Il y a sept cas confirmés de SRAS repérés au marché aux fruits de mer de Wuhan* ».

Il est déjà en possession de sept tests de dépistages, positifs pour ce virus. Il poste également à l'appui de ses dires les images du scanner pulmonaire d'un des patients.

Mais nous sommes en Chine où l'on ne badine pas avec la communication sanitaire.

Ce suppôt de l'impérialisme Américain veut-il ruiner l'économie de toute la région ?

Accusé avec d'autres internautes « *d'avoir propagé de faux commentaires susceptibles de gravement perturber l'ordre social* » il est arrêté trois jours plus tard par le Bureau de la Sécurité Publique de Wuhan et est sommé de se rétracter pour éviter la prison. On lui interdit même d'évoquer cette histoire avec quiconque et pour toujours. Quel autre choix s'offre à lui ? Il signe^[1].



ÉPISODE 2

LE MÉDECIN MARTYR ET LE DÉBUT OFFICIEL DE L'ÉPIDÉMIE

De retour à l'Hôpital de Wuhan il reprend ses consultations d'ophtalmologie. On comprend que la distance ridicule qui sépare le médecin de son patient dans cette spécialité induit l'inévitable : *Li* tombe rapidement malade lui aussi.

Le 10 Janvier il se met à tousser, le lendemain il est fébrile et le 12 on l'hospitalise aux soins intensifs car il montre déjà des signes de détresse respiratoire préoccupants.

Très officiellement le 20 Janvier 2019 la Chine confirme l'épidémie. L'embarras gouvernemental autour de l'affaire *Li Wenliang* est palpable, le 4 Février la Cours Populaire Suprême de Chine admet du bout du clavier que ses propos « *n'étaient pas entièrement faux* » ^[2].

C'est trop tard pour *Li* qui s'éteint, certainement pas dans la sérénité, le 6 ou le 7 Février 2020.

Fait qui en dit long sur le sombre début de cette histoire, le régime Chinois procède à sa crémation sans révéler à quiconque l'endroit où ses cendres ont été entreposées afin d'éviter toute concentration de dangereux libertaires sur un quelconque lieux de souvenir.

Le SRAS à Wuhan, 15 ans après sa disparition totale de la planète, comment est-ce possible ?



Le Dr Li Wenliang, selfie, quelques jours avant son décès

FLASHBACK N°1 :

2003, RETOUR SUR L'ÉPIDÉMIE À SARS-COV-1

Si l'Europe a globalement vécu cette affaire dans une certaine indifférence, c'est que les conséquences sanitaires qui en ont découlé ont été rapidement jugulées. Sans compter la presse de l'époque qui a tenu l'affaire non pas secrète, mais discrète. Ce Syndrome Respiratoire Aigu Sévère (SRAS, ou Severe Acute Respiratory Syndrome, SARS) est probablement né en 2002 en Chine et s'est rapidement étendu à Hanoï et Hongkong, puis à quelques pays européens, au Canada et aux USA^[4].

Fin Mai 2003 l'épidémie s'éteint presque seule, on attribue alors sa disparition certes à l'instauration de quarantaines strictes pour les malades et les contacts, mais surtout **à l'épuisement naturel de la contagiosité de ce coronavirus.**

Cette épidémie souleva les plus vives craintes dans toute l'Asie à l'époque, mais n'aura probablement pas généré au final plus de 8000 cas et 700 décès dans le monde. Elle était facile à tracer, tous les malades étaient symptomatiques deux jours après contagé (temps écoulé entre la contamination par un agent infectieux et les premiers signes de la maladie qu'il provoque) et il n'existait aucun porteur sain.

On pressent toutes les difficultés inhérentes à CoV-2 où le contagé peut durer deux semaines et où l'expression des symptômes pourrait être nulle.

L'Humanité a eu chaud : la létalité^[5] ayant rétrospectivement été calculée à 10% pour CoV-1 quand possiblement celle de CoV-2 s'établit entre 0,5 à 1%^[6]. D'énormes efforts ont été déployés par la suite pour pouvoir élaborer un vaccin anti-SARS^[7] tant l'alerte a été bien comprise, particulièrement par les équipes asiatiques. **Mais toutes ont abandonné leurs recherches car régulièrement les animaux vaccinés mouraient de formes particulièrement sévères de la maladie,** généralement lié à une réaction mystérieuse et connue pour l'infection naturelle par le virus de la dengue à l'époque : L'effet ADE ou Anticorps facilitateur, qui génère le contraire de l'effet espéré après administration du vaccin^[8]. S'en souvenir pour la suite...

Évidemment dès cette époque des interrogations se sont faites jour quant à l'origine de ce nouveau virus infectant pour l'Homme. La théorie prépondérante actuelle est qu'il s'agissait alors d'un saut d'espèce à partir de la civette, par non-respect des niches écologiques de ces animaux.



Image FR24 news

En effet, à cette époque une nouvelle mode alimentaire a consisté à décupler leurs captures pour la consommation de leurs viandes, entraînant évidemment des promiscuités fatales entre ces animaux sauvages et leurs nouveaux éleveurs.

Une fois encore, l'idée sotte de laisser se générer un brassage humain avec des espèces sauvages démontre tous les risques en termes de santé des populations^[9]. S'agissant de cette épidémie à CoV-1, point n'était besoin à l'homme de bricoler la nature pour en pâtir, il a juste fallu essayer de la contraindre pour déclencher une mini-catastrophe.

Une seconde alerte intervint en 2012 autour d'un autre coronavirus, MERS (*Middle East Respiratory Syndrome*) mais le réservoir animal était le chameau, la contamination interhumaine était nulle : Les victimes ne se comptèrent que dans un périmètre restreint autour de l'Arabie Saoudite et le Sultanat d'Oman.

Avec SARS-CoV-2, vous l'avez bien compris, on allait sérieusement changer d'échelle.

ÉPISODE 3

DES RENARDS ET DU CHAMEAU ENTRE LES AQUARIUMS

Ce pauvre *Li Wienliang* avait au moins tendu une première piste à explorer quant à l'origine de ce nouveau virus : Le marché humide de Chine méridionale *Hua Nan*, district de *Jiangnan*, dans la ville de *Wuhan*, province du *Hubei*. L'idée de la zoonose^[10] accroche alors particulièrement l'opinion des scientifiques, quel animal inconnu, aquatique en plus, pouvait avoir bien pu servir de tremplin vers l'Homme ?



« Nettoyage administratif »
au Marché Humide, 01/20

Il aurait fallu enquêter de suite dans cette immense zone nauséabonde de plusieurs dizaines de milliers de mètres carrés. Hélas dès le 1er Janvier 2020 les autorités chinoises décident sa fermeture et son « assainissement », au grand dam des scientifiques de toute la planète, certains ne se privant pas d'annoncer que la Chine « avait détruit la scène de crime^[11] ».

Ce qui était nettement moins su et qui par conséquence ne devait laisser aucune trace tangible pour ces fouineurs d'Occidentaux, c'est que cet énorme marché aux fruits de mer entretenait en son sein **un florissant commerce illégal d'espèces animales terrestres, toujours à destination de la consommation humaine.** Ainsi à la riante enseigne « *Gibiers et animaux d'élevage pour les masses* » on pouvait faire l'emplette d'animaux vivants tels que rats, serpents, crocodiles, salamandres, renards, louveteaux, paons, porc-épics voire aussi de viande de chameau. Faits confirmés par Monsieur *Gao Fu*, Directeur National de Contrôle et de Prévention des Maladies, une huile locale^[12]. Sans parler du commerce d'animaux parfaitement sauvage battant tranquillement son plein.

Les Chinois ont coutume de vanter la solidité sans équivalent de leurs estomacs, ne disent-ils pas d'ailleurs qu'ils « *mangent tout ce qui a quatre pattes sauf les tables, tout ce qui nage sauf les bateaux et tout ce qui vole sauf les avions* » ...

Une grande absente dans cette énumération animale : la chauve-souris dont on entendra très vite reparler.

ÉPISODE 4

A LA RECHERCHE DU PATIENT ZÉRO

Tout a été dit et écrit depuis un an sur la quête frénétique de ce graal absolu en matière de maladie infectieuse: retrouver le premier patient infecté par CoV-2. L'objectif : mieux comprendre la diffusion de ce virus. Et bien c'est très possible, du moins en théorie.

Les scientifiques s'aident pour ce faire d'une nouvelle technique à la précision prodigieuse, la *phylodynamie*, que *Samuel Alizon*^[13] et *Hélène Morlon*^[14] utilisent avec maestria depuis des années pour suivre à la trace le devenir des virus pathogènes, par exemple.

Pour faire simple, il faut comprendre qu'à chaque fois qu'un virus se reproduit dans une cellule il recopie son génome parfois de manière imparfaite et peut installer une base^[15] à la place d'une autre, et qu'à la copie suivante la base introduite apparaîtra toujours pendant que d'autres erreurs apparaîtront ailleurs sur le code génétique de sa descendance.

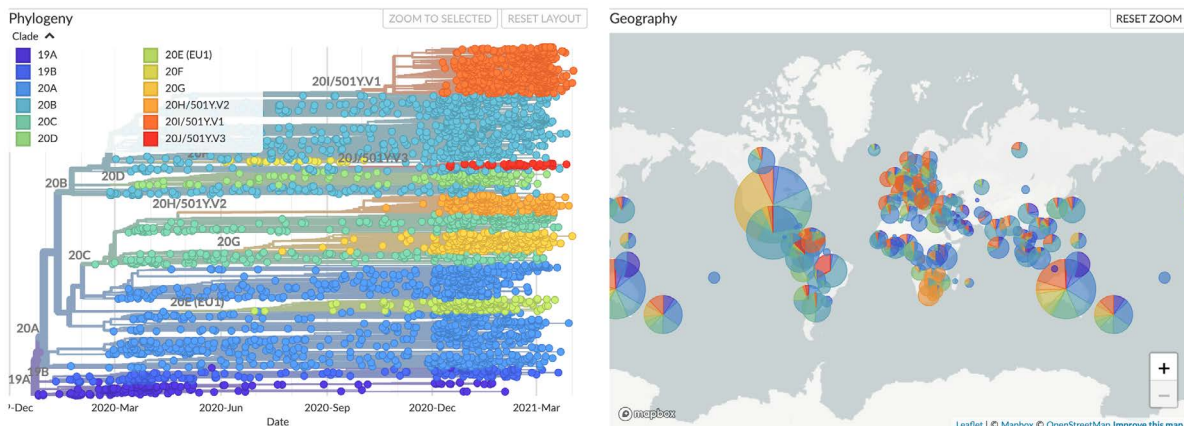
Si vous avez accès au génome complet d'un ensemble de virions et que vous êtes armé d'un puissant ordinateur vous êtes alors susceptible de suivre l'évolution du virus dans le temps et dans l'espace.

Cela donne par exemple des images de ce type, d'une beauté stupéfiante bien que globalement assez terrifiante, issues de la base de données nextstrain.org que je vous conseille d'aller découvrir en grand format sur le site original^[16] car l'image est « active », vous vous en rendrez compte en passant votre pointeur au-dessus de chaque virus :

Genomic epidemiology of novel coronavirus - Global subsampling

Built with nextstrain/ncov. Maintained by the Nextstrain team. Enabled by data from [GISAID](#).

Showing 3987 of 3987 genomes sampled between Dec 2019 and Apr 2021.



Évolution phylogénétique de SARS-CoV-2 réalisée à partir de 3987 analyses génomiques proposées à l'étude (à g.) et leurs distributions proportionnelles dans le monde à partir de Décembre 2019–Avril 2021 (à d.). Les clades représentent des génotypes, ou sous-groupes, ici de 19a à 20j. Tous ces virus sont d'inégales agressivités comme de contagiosités. Certains disparaîtront rapidement, certains formeront de nouveaux clades, jusqu'à extinction possible de l'ensemble des CoV-2 si aucune pression de sélection (certains vaccins, par exemple) ne les aide à devenir plus résistants à l'avenir.

Des images comme celle de gauche se passent de commentaire : elles illustrent la prodigieuse capacité de mutation des coronavirus, mais pour les chercheurs ce phénomène n'est pas une découverte. **C'est la raison pour laquelle on expliquait avant cette crise que toute vaccination contre ces organismes n'était que chimère tant leurs variabilités permanentes pouvaient ruiner en quelques semaines vos travaux d'une année autour de la reconnaissance d'une seule protéine vaccinale^[17].**

Et les études phylodynamiques ont finalement pointé vers une personne de 55 ans qui vivait dans la région du Hubei et qui aurait été contaminée... Le 17 Novembre 2019, infectant possiblement cinq autres personnes, et c'est ainsi que tout aurait démarré^[18]. La grande Histoire retiendra donc cette version car à aucun moment on ne pourra documenter *officiellement* l'apparition d'un CoV-2 à une date plus ancienne.

J'ai bien dit officiellement, nous verrons plus loin que l'histoire *officielle* se racontera de manière bien différente.

Admettons que cette version soit réelle, quel animal aurait bien pu lui transmettre la maladie ? Après le patient, il convient de retourner à la chasse, ce coup-ci à « l'animal zéro » ...

ÉPISODE 5

LA BATAILLE DU RÉSERVOIR ANIMAL

A partir de Mars 2020 il paraissait inimaginable de commencer à rédiger autour de cette crise... sans craindre le ridicule absolu qu'aurait apporté un démenti cinglant quelques jours plus tard par la parution de données absolument contraires. J'avais donc tenté d'apporter ma pierre à l'édifice autour de cette quête animale en relisant scrupuleusement les travaux de l'époque les plus sérieux^[19].

C'est toujours, évidemment, à partir d'un séquençage préalable de CoV-2 que l'on pouvait avancer, en le comparant par exemple aux génomes des coronavirus déjà connus et inventoriés dans la région et dans les archives. Un premier travail intéressant a porté sur un séquençage par prélèvement réalisé chez « *les neufs premiers malades de la fin de 2019* ». Déjà se dessinait quelques éléments interpellants^[20] : Les plus grandes concordances génomiques avec CoV-2 se retrouvaient à 88% dans deux coronavirus de chauve-souris, quand CoV-1 n'en admettait que 79% et MERS, uniquement 50%.

L'Académie Chinoise des Sciences se mouille alors en Janvier 2020 pour attribuer le portage animal à la chauve-souris^[21]. Dans cet article le virus s'appelait encore « *Wuhan CoV* ». La confusion s'installa quelques jours plus tard quand, dans le *Journal of Medical Virology*, les chercheurs conclurent à une recombinaison entre un virus de chauve-souris et... de serpent^[22]. Mais dans ce cas-là quel animal est porteur du virus, sachant que tous les serpents ont été prestement évacués du marché humide et qu'il n'y a pas de chauve-souris à Wuhan ? C'est la bouteille à l'encre.

Pour appuyer cette hypothèse, certaines voix chinoises avancent l'idée suivante : certes la province du Hubei est indemne de toute présence de ces animaux mais qu'importe, ces chiroptères à vie nocturne devaient voler vers Wuhan de nuit puis rentrer dans leurs grottes au petit matin.

On se précipite vers les cartes de géographie pour s'apercevoir que les premières grottes susceptibles d'accueillir des colonies de chauve-souris se situent à... 600 miles de Wuhan, près de 1000 km^[23]. Soit 2000km à parcourir en une nuit, sans compter le temps d'aller contaminer un humain et de dîner en route puisque c'est tout de même le motif de leurs escapades nocturnes : L'idée est vraiment dérisoire.



On ressort des tiroirs la responsabilité bien involontaire d'un animal sauvage antédiluvien, le seul mammifère encore vivant à ce jour qui soit pourvu d'écailles : le pangolin, de la famille des fourmiliers. Sa seule parade en cas de danger ? Se rouler en boule et protéger sa tête sous sa queue. On fait mieux comme défense contre un humain qui n'a plus qu'à le prélever dans la nature comme on ramasse une noix de coco.

Mais les coronavirus de pangolin n'approchent les similarités génomiques du Co-V2 qu'à 89%, **notoirement insuffisant pour valider une théorie de filiation sérieuse entre les différents virus**^[24].

On se met alors à admettre que si on échoue à trouver un hôte intermédiaire à CoV-2, ce pourrait être parce que celui-ci n'existe pas. Donc, que Cov-2 n'admettrait aucun réservoir naturel^[25].

ÉPISODE 6

UNE PISTE EXTRATERRESTRE ?!

Un scientifique anglais s'avance alors, mathématicien de formation, exobiologiste, directeur du centre Cardiff d'astrobiologie de l'Université de Buckingham, il s'agit de *Chandra Wickramasinghe*.

Pour lui cette absence d'hôte intermédiaire est logique car CoV-2 est arrivé sur terre véhiculé à l'intérieur d'un météorite qui s'est disloqué au-dessus de la Chine le 11 Octobre 2019^[26].



Il étaye sa théorie par la géographie particulière propre au pays, bordée à l'ouest par la magistrale chaîne de l'Himalaya. Il explique que tout ce qui « tombe » de l'espace est emporté par les vents dominants qui soufflent d'est en ouest, puis « reste bloqué en Chine » par les escarpements vertigineux de ces prodigieuses montagnes.

Voilà pourquoi SARS-CoV-2 est apparu en Chine aussi et pas de l'autre côté des sommets, en Inde, voilà pourquoi les oiseaux sont touchés les premiers par de nombreux virus émergents^[27]...

On se prend à rêver, sachant qu'un certain consensus s'est fait actuellement autour de l'origine extraterrestre des protéines et de l'eau terrienne- Se pourrait-il que des « objets vivants » comme CoV-2 (30.000 paires de bases, une base comptant jusqu'à 5 atomes de carbone) puissent se promener presque librement dans l'espace?

Il fallait que je sache, quitte à me ridiculiser pour la vie auprès de mes amis virologues. Contre toute attente leurs réponses ont

été très courtoises et l'un d'eux m'a transmis le contenu d'une conférence donnée par *Louis Le Sergeant d'Hendecourt*, et qui m'a convaincu (hélas pour la poésie de l'idée) qu'il était impossible qu'un virus voyage sur une comète.

Pour les chimistes, voici ses explications :

« En phase gazeuse interstellaire il ne peut pas exister de complexité importante car les molécules complexes sont rapidement détruites : on trouve au maximum des molécules formées de 13/15 atomes par molécule et très peu abondantes.

Exception faite cependant pour des molécules de carbone sous forme de poly-aromatiques et de fullerènes. Dans ce milieu réducteur (contenant beaucoup d'hydrogène), les molécules d'oxygène, d'azote et de carbone vont donner très facilement H₂O, CH₄, NH₃, sous forme de glace sur la surface froide des grains interstellaires, glaces que l'on retrouve plus loin dans les comètes.../... »^[28]

Ainsi la piste météoritique s'effondre, et avec elle la possibilité qu'un monde lointain abrite de la « vie virale voyageuse », c'est-à-dire au moins quelques éléments fondamentaux de chimie organique. Il nous reste encore la piste de ce satané marché humide, mais que vaut-elle vraiment ?

ÉPISODE 7

MARCHÉ HUMIDE VS PREMIÈRES ÉTUDES INTERNATIONALES

Rappelez-vous Li Wienliang ! Dans un tweet à l'adresse de ses collègues, il annonçait, fin Décembre 2019, que sept malades avaient été formellement diagnostiqués comme atteints d'une pneumopathie à SRAS et qu'ils avaient tous fréquenté le marché humide, prestement « décontaminé » par le régime Chinois dès les jours suivants.

Sept malades tous issus d'un même lieu, la suspicion se fait très lourde, mais dès la fin Janvier apparaît dans le Lancet un premier article chinois colligeant l'origine des 41 premiers patients : 14 d'entre eux n'ont rien à voir avec le marché aux fruits de mer^[29].

Quelques jours plus tard une étude plus vaste portant sur 425 cas démontre que 45% de ces malades n'ont rien à voir avec ce marché^[30] ! Il faut se rendre à l'évidence, la piste est mauvaise, le marché n'est qu'un cluster, et il faut chercher ailleurs.

Ailleurs, mais où ?

ÉPISODE 8

LA CONTRE-ATTAQUE MÉDIATIQUE, LA FAUTE AUX AMÉRICAINS

Pour la Chine, en Mars 2020, avouer officiellement une éventuelle responsabilité nationale n'est même pas imaginable. La meilleure défense étant l'attaque, il devenait urgent pour le régime de détourner l'attention médiatique vers le opposant, les États-Unis d'Amérique.



C'est *Zaho Lijan*, porte-parole chinois du Ministère des Affaires Étrangères qui ouvre le feu le premier, sur Twitter, en accusant *Robert Redfield* (ci-contre), directeur des centres pour le contrôle et la prévention des maladies aux États-Unis, les fameux CDC, d'avoir avoué à demi-mot que de nombreux morts dans son pays ont été étiqueté grippe alors qu'il s'agissait de décès liés à une nouvelle variété de coronavirus.

Ces accusations se font de jour en jour plus précises et vont jusqu'à affirmer que CoV-2 a été « importé » par des militaires américains vers la ville de Wuhan, et que ce virus a été mis au point par l'armée US dans le but de détruire l'économie chinoise.

Pendant que le monde entier s'amuse de ce scénario rocambolesque, fidèle à ma devise qui consiste à systématiquement considérer que la réalité peut se révéler plus inimaginable que la fiction, je décide de creuser. Première surprise, cette histoire de militaires américains présents à Wuhan est parfaitement réelle puisque la ville a très officiellement accueilli ... Les jeux Mondiaux Militaires, du 18 au 27 Octobre 2019 : Ainsi 120 athlètes américains (sans

compter leur armée de soigneurs) ont effectivement résidé sur place, globalement pendant tout le mois d'Octobre 2019^[31].



On murmure que certains militaires auraient consulté dans les hôpitaux locaux, atteints de troubles respiratoires atypiques. Un rapport avec CoV-2 ou pas de rapport ? Toujours est-il que sur les milliers athlètes que comptaient ces Jeux, un grand nombre d'entre eux sont rentrés malades dans leurs pays d'origine, dont *Elodie Clouvel* et *Valentin Belaud*, deux Français, pentathlètes hors pairs^[32]. A les entendre, de très nombreux symptômes ORL et respiratoires avaient fait leur apparition dans les délégations. La petite histoire rejoint la grande. De quel virus furent-ils atteints puisque nul dépistage RT-PCR n'a été pratiqué chez tous ces sportifs ? Quant à leurs sérologies anti-Covid respectives, secrets militaires, passez votre chemin !

On l'a vu plus haut avec les travaux d'*Alizon* et *Morlon*, officiellement l'épidémie débute le 17 Novembre 2019 en Chine. Mais alors, de quels maux ces athlètes ont-ils été frappés un mois avant ? L'histoire devient de plus en plus louche ! Sans parler de l'armée Française qui à leur retour a interdit aux athlètes d'évoquer le sujet dans la presse... Ni évoquer l'ensemble de leur matériel, débarqué sur la base militaire de Creil, futur énorme cluster Covid...

Bref, rien de très net^[33].

Si on peut admettre que la Covid-19 « couvait » déjà à Wuhan en Octobre 2019, rien ne la relie apparemment à une dissémination d'origine américaine. Sauf que, autre évènement étrange, en cherchant quelques minutes on apprend que le laboratoire militaire de très

haute sécurité appliquée aux agents biologiques de *Fort Detrick*, dans le *Maryland*, a dû arrêter tout fonctionnement en extrême urgence au mois d'août 2019 suite à des dysfonctionnements internes sérieux et à des fuites probables d'agents biologiques. Ce que la propagande chinoise n'a pas manqué de monter en épingle^[34].

On se dit qu'on peut trouver plus crédible que cette histoire de fuite dans le Maryland en Août qui entraîne des malades seulement à partir d'Octobre en Chine. A-t-on eu vent de maladies respiratoires atypiques aux USA dans cet intervalle ? La réponse est... Oui, un grand oui ! A partir de fin août les CDC américains décrivent de mystérieuses atteintes respiratoires sévères chez des sujets jeunes, pouvant conduire au décès. On tremble d'avoir compris. Les américains imputent rapidement cette nouvelle maladie à l'inhalation d'huile de vitamine E délivrée par des cigarettes électroniques, d'où le nom donné à cette nouvelle pathologie, PAV pour Pneumopathie Aigüe des Vapoteurs.

Si cette piste américaine semble prometteuse, on se rend compte après réflexion que rien ne cadre vraiment. Certes Fort Detrick a dû fermer en urgence et des militaires du cru ont pu y travailler puis concourir en Octobre à Wuhan, mais ils sont tombés malade en Octobre en Chine, pas en Août aux USA ! De plus ces PAV sont intervenues sur tout le territoire américain, sans « cluster », sans aucun cas chez les personnes âgées ou très malades, et surtout dans une proportion de quelques cas disséminés. Rien à voir donc avec l'épidémiologie que l'on connaît avec la Covid-19. Encore une fausse piste.

Si la piste américaine s'estompe, la possibilité que tous ces militaires aient contracté la Covid-19 à Wuhan puis aient contaminé leurs entourages dans tous les pays représentés pendant ces Jeux demeure très probable. Ne leur jetons pas la pierre, on rappelle que le transport aérien battait son plein à cette époque. Point n'était besoin d'être un athlète militaire pour voyager de la Chine vers le reste du monde.

Tout cela ne nous donne toujours pas l'origine de ce satané virus. Il nous reste l'hypothèse d'une intervention humaine, bien trop complotiste, mais réfléchissons quand même : Comment est-il possible que dans un pays de 9.597.000Km² des virus dangereux ne surgissent exactement qu'aux pieds des laboratoires justement conçus pour les examiner ? Tant pis, complotons...

FLASHBACK N°2 :

LE WIV FRANCO-CHINOIS

Wuhan n'est pas une ville banale. Forte de onze millions d'habitants, son activité économique et commerciale est énorme. C'est probablement pour cette raison que la Chine a implanté son seul laboratoire d'étude des germes les plus dangereux au niveau ultime de sécurité, la fameuse norme P4, dans cette tentaculaire ville portuaire. Sa technologie est parfaitement connue des Français puisque l'édifice sera construit sur le modèle existant du laboratoire P4 de... Lyon !

Ce bâtiment fera entrer la Chine dans le cercle très fermé des dix pays possesseurs d'installations classées à ce niveau de biosécurité^[35]. Il fut décidé en 2003 après la chaude alerte liée à SARS-CoV-1 et ouvrira officiellement ses portes lors de la visite d'une délégation française emmenée le 23 Février 2017 par Bernard Cazeneuve, alors Premier Ministre.



Photo: www.cnhubei.com/ Wang Zhendong

Ce complexe prend le nom de WIV, pour *Wuhan Institute of Virology* et la France décidera à l'époque de poursuivre sa coopération tant scientifique que financière pendant cinq ans en participant entre autres aux frais de fonctionnement de la structure à hauteur d'un million d'euros par an^[36].

La réciprocité des formations du personnel enverra de nombreux français sur site, **l'un d'eux me confiera son malaise quant au respect des mesures de sécurité plus qu'aléatoires du personnel chinois, paralysé par un sens de la hiérarchie exacerbé.**

Ainsi, au WIV, jamais un subalterne n'émettra la moindre réflexion, le moindre conseil et encore moins la moindre remarque envers un de ses supérieurs, en sorte que si celui-ci se livre à la plus flagrante faute de procédure celle-ci ne sera jamais dévoilée et encore moins corrigée.

Très gênant dans un lieu on l'on étudie des animaux vivants de toutes races (chauve-souris, rongeurs, primates...) contaminés par les pires agents infectieux que compte la planète, une faute de procédure pouvant entraîner la blessure voire l'inoculation involontaire d'un laborantin avec toutes les conséquences possiblement catastrophiques qui peuvent en découler. L'affaire finit par s'ébruiter et l'Ambassade des USA à Pékin en vint à alerter le Département d'État dès 2018^[37].

La France s'est irritée très vite, non seulement du fonctionnement du WIV, mais aussi de sa destination. Si la technologie française a été en son temps transférée pour une noble cause, l'étude des virus abominables de type Ébola, Nipah, Lassa ou Marburg par exemple, des rumeurs insistantes ont fait état de recherches militaires autour de « programmes biologiques offensifs » en clair, de réalisations de bio-armes.

De ce fait et depuis plusieurs années déjà, la coopération franco-chinoise bat franchement de l'aile à Wuhan et la France ne sait plus vraiment ce qui s'y trame... Comme la nature a horreur du vide il semble qu'actuellement ce laboratoire mène des collaborations avec les américains du *Galveston National Laboratory de l'Université du Texas*. Pour la recherche, pour l'espionnage ou pour les deux ? Je penche personnellement pour la troisième solution !

Une idée fréquemment répandue, est de considérer que les coronavirus sont uniquement étudiés dans des laboratoires de type P4. **Funeste erreur car ces virus ne sont pas considérés comme suffisamment agressifs pour mériter de telles installations :** Des niveaux P3 voire P2 peuvent largement suffire.

Et si finalement le WIV n'était pour rien dans l'apparition de CoV-2 ? On pourrait franchement y croire d'autant plus que géographiquement celui-ci se situe à 12km du marché au poisson alors que le WHCDC, lui, n'en est distant que de... Moins de 300 mètres.

ÉPISODE 9

LE WHCDC

Le « *Centre de Prévention et de Contrôle des maladies de Wuhan* », ou WHCDC, constitue une structure d'État dépendant directement du Centre Chinois de Contrôle et de Prévention des maladies.

Le bâtiment compte 250 agents investis dans de nombreuses missions différentes dont la prévention et le contrôle des maladies infectieuses : Il est donc très probable que des coronavirus sont étudiés derrière ces murs mais les yeux et les oreilles occidentales ne sont pas conviées à investiguer plus avant.

La question de la sécurité générale de ces locaux se pose à un triple titre :

- D'abord, parce que la prestigieuse revue *Nature* nous a appris que par deux fois au moins des virus SARS se sont échappés des laboratoires de Pékin, preuve s'il en était besoin que les consignes de sécurité sont moyennement observées dans ce type de structures en Chine^[38]. N'accablons pas que la Chine, plus de 1000 fuites de microbes divers auraient eu lieu de par le monde entre 2008 et 2012^[39].
- Ensuite parce que les défaillances humaines autour de la biosécurité de ces édifices ont été implicitement reconnues par le régime. Ainsi le *Ministère Chinois des Sciences et de la Technologie* a édité fin Janvier 2020 une nouvelle directive intitulée « *Instructions sur le renforcement de la gestion de la biosécurité dans les laboratoires de microbiologie qui manipulent des virus avancés comme le nouveau coronavirus* »^[40], voilà qui ne rassure pas sur les conditions de sécurité qui prévalaient avant ces nouvelles mesures.
- Enfin, parce que les niveaux de salaires des laborantins chinois sont parfois si faibles qu'à en croire *Steven W. Mosher* certains d'entre eux se livreraient à des trafics autour des

animaux en fin d'expérience, en les revendant comme viande de boucherie aux magasins environnants, au lieu de les incinérer^[41]. La viande de primate coûte une petite fortune et celle de chauve-souris est si rare à Wuhan !

On comprendrait mieux du coup l'existence d'un cluster dans le marché qui jouxte le bâtiment...

Alors, une « passoire à virus », le WHCDC ? Pour *Botao Xiao*, chercheur à l'*Université de Technologie de Chine du Sud*, dès Février 2020 son siège était fait, il osait même écrire, avant de rétracter son article, que « *le Centre de Contrôle des Maladies de Wuhan (WHCDC) aurait pu engendrer la contagion dans la province du Hubei.* »^[42]

De manière très récente (Février 2021), une commission a été mise sur pieds associant l'OMS à la Chine et leurs conclusions furent sans appel, on ne sait pas d'où vient CoV-2 mais par contre toute thèse de fuite d'un laboratoire expérimental est qualifiée de « hautement improbable »^[43]. Quand on connaît l'influence démesurée qu'exerce la Chine sur l'OMS on se gausse d'une telle parodie d'enquête scientifique, ce qu'un dessinateur anonyme a résumé ainsi dans ce dessin absolument désopilant :



SARS-COV-2

VIRUS NATUREL OU « AUGMENTÉ » ?

A ce stade de l'exposé il devient nécessaire de comprendre pour quelles raisons la simple étude des virus, scientifiquement irréprochable à ce stade, peut rapidement virer à la catastrophe. On l'a vu, un laboratoire mal géré peut laisser « fuir » ses microbes d'expérience, délibérément ou par incident de procédure.

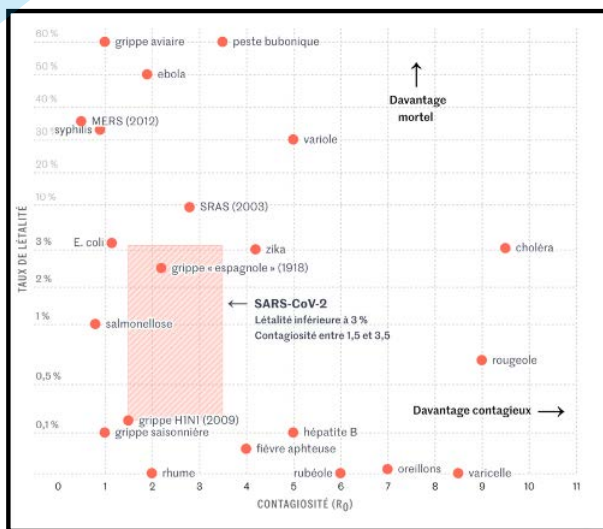
On y manipule les génomes aussi, souvent dans d'innocents buts de recherche mais ne soyons pas naïfs, les arrière-pensées sont généralement présentes. Pour des raisons altruistes et commerciales, fabriquer des bases propres à servir de vaccin futur.

Pour des raisons scientifiques pures aussi, comprendre les mécanismes naturels. Mais pour des motifs militaires aussi et mettre au point des bio-armes, l'idée étant par exemple de créer un virus très tueur mais susceptible de perdre très vite de sa

contagiosité afin de ne pas générer une contamination incontrôlée dans son propre pays en retour.

Disons-le tout net, CoV-2 n'a rien d'une bio-arme comme on peut aisément le voir sur ce diagramme très simple qui répertorie la plupart des germes connus, responsables des maladies les plus emblématiques : CoV-2 tourne plutôt à 1,5 nouveau contaminé par malade et 1% de létalité, comme la salmonellose, l'Humanité en a déjà aisément réchappé !

Notez le changement d'échelle pour la mortalité à gauche, attention aux effets d'optique. Un élément important se détache de ce diagramme, aucun microbe connu n'a réussi à combiner une contagiosité extrême avec une létalité énorme, aucun germe en haut et à droite de ce schéma : Ce serait à coup sûr la fin de l'Humanité.



Sources : Centre chinois de prévention et de contrôle des maladies, CSSE, the Lancet, New England Journal of Medicine, Santé publique Canada (2,3,4,5,6,7), Anes

ÉPISODE 10

LE PR LUC MONTAGNIER CONTRE MADAME SHI

Certes, si l'origine exacte de ce virus peine encore à éclore, la véritable énigme réside dans l'éventail de ses capacités pathogènes inconnues jusqu'alors, à savoir cette brutale transmissibilité à l'homme. Il y a un an encore on ne trouvait pas beaucoup de scientifiques pour défendre la thèse du « bricolage de laboratoire », voilà ce qu'écrivait *Emma Kahn* en Mars 2020, très attentive aux thèses défendues par *Bruno Canard*^[44] :

« La recombinaison (ou la mutation) naturelle des virus doit se produire plusieurs milliards de fois par minute dans la nature (encore une fois dans un animal sauvage ou dans un animal de laboratoire ou même chez des humains), elle est seule capable d'aboutir à un nouveau virus dont le génome est assez équilibré pour lui permettre d'être infectant, facilement transmissible d'homme à homme, et pathogène.

Avec des bricolages de labo, on peut tout juste obtenir un virus candidat vaccin, adapté aux cultures cellulaires mais sans doute incapable de se transmettre ou auquel il manquerait d'autres propriétés indispensables pour provoquer l'épidémie actuelle. Il existe bel et bien une nouvelle séquence d'acides aminés basiques contenue dans le SARS-CoV-2 qui permet la scission de la spike protéine par les furines (enzymes cellulaires ubiquitaires) et donc donne la capacité d'infecter différents types cellulaires. Ce type de séquence se retrouve (mais pas la même) dans les virus de la grippe fortement pathogènes^[45] ».

Deux messages étaient importants à retenir dans cette intervention :

- L'Homme ne « sait a priori pas encore » bricoler suffisamment les virus pour pouvoir créer CoV-2,
- Il existe « bel et bien » une séquence inconnue d'acide aminée « qui permet la scission de la spike protéine par les furines » dont on ne détermine pas l'origine.

Mais dès Avril 2020 Jean-Claude Perez, mathématicien, et Luc Montagnier, prix Nobel de Médecine 2008, codécouvreur du virus du SIDA, partent ensemble à l'assaut du génome de Cov-2. Ils publient un article et concluent que ce virus est « incrusté » de 16 fragments issus de différentes souches de virus du Sida^[46]. Cette conclusion inattendue fit bondir l'ensemble des virologues du monde entier, on démolit partout sa théorie en arguant que les fragments incriminés étaient de tailles si faibles que le hasard avait parfaitement pu présider à l'enchaînement de ces séquences de nucléotides.

Pour *Petr Chumakof*, virologue russe de renommée mondiale, il était pourtant de notoriété publique que la Chine se livrait à des expériences qui flirtait franchement avec les limites de la sécurité. « *Ils ont fait des choses absolument folles, à mon avis.../... Par exemple, des inserts dans le génome, qui ont donné au virus la capacité d'infecter les cellules humaines.../... Maintenant, tout cela a été analysé.../... Il existe plusieurs insertions, c'est-à-dire des substitutions de la séquence naturelle du génome, qui lui ont donné des propriétés spéciales...* »^[47] »

On désigne la Chine, mais qui exactement ? Comme dans tous les bons romans d'espionnage il faut des femmes mystérieuses autant que sulfureuses. Voici que s'avance une des virologues les plus controversées en Occident, *Shi Zhengli*, alias Madame *Shi*, re-alias « *Batwoman* » pour « *Madame Chauve-souris* ». Cette très distinguée virologue chinoise, maîtresse incontestée de la discipline, présente quelques particularités peu communes.

D'abord elle a acquis une bonne partie de sa formation en France, à Montpellier, ce qui n'est déjà pas banal. Ensuite, parce qu'elle est actuellement chercheuse à l'Académie Chinoise des Sciences, mais aussi directrice de recherche au laboratoire P4 de Wuhan, quel hasard ! Madame *Shi* ne se contente pas de vains honneurs, elle travaille d'arrache-pied depuis des années sur les virus transmis par les chauve-souris.



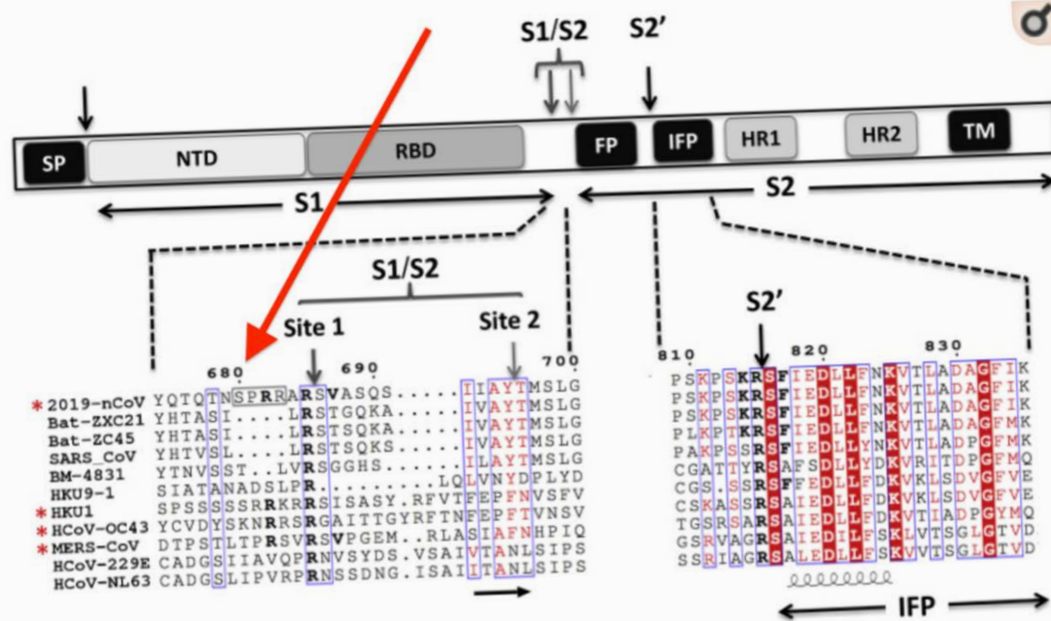
Son obsession, comprendre pourquoi certains de ces virus ne sont pas spontanément pathogènes pour l'Homme, et pourquoi tout-à-coup, à la faveur de modifications infimes de leurs génomes, ils le deviennent. Madame *Shi* comprend qu'une protéine virale dite « S » pour Spike est à l'origine du phénomène, cette protéine se comporte comme une clé dans les serrures portées à la surface des cellules humaines : Si vous disposez de la bonne clé, tous les verrous membranaires s'ouvriront et les virus pourront se ruer dans les cellules pour s'y multiplier, quitte à tuer les cellules-hôtes.

Madame *Shi*, qui n'hésite jamais, publie même ses travaux en 2015 dans *Nature* et explique sans frémir qu'elle a réussi à synthétiser un virus chimère portant la bonne protéine S, susceptible de lui fournir ce fameux gain de fonction permettant de franchir cette barrière d'espèce vers l'homme^[48]. Le petit monde de la virologie comprit ce jour-là qu'en cas d'évasion d'un des « bébés » de *Shi*, hors des murs de ses laboratoires d'expériences, la nature aurait bien du mal à s'en remettre...

C'est aussi à « Batwoman » qu'on doit en 2020 de connaître le plus proche parent de CoV-2, un autre coronavirus qui partage 96,6% de génome commun, du nom de RaTG13^[49]. Mais les interrogations se font encore plus vives quand on apprend que les chinois ont isolé cette souche virale dans une grotte infestée de chauve-souris en... Juillet 2013, ce qui veut dire que RaTG13 a vécu congelé dans les réserves des labos chinois pendant sept ans ! Mais alors qui l'a décongelé et pourquoi ?

En Mars 2020 les soupçons quant à l'origine humaine de CoV-2 se font plus insistants alors Madame *Shi*, pour rassurer la communauté mondiale et se disculper par la même occasion, livre un travail de décomposition partiel de son génome afin de démontrer la filiation naturelle de ce virus avec RaTG13^[50]. Un mois plus tard, patatras !

Une équipe française mené par *Etienne Decroly* prend *Batwoman* en flagrant délit de dissimulation scientifique : Certes il n'y a rien à découvrir dans l'analyse des 675 premiers aminoacides de son article, mais que se passe-t-il en position 680, qu'elle a opportunément oublié de décrire ? Non pas une insertion mais quatre d'un coup, et pas n'importe où dans le génome, pile entre deux fragments de la protéine S et qui apportent justement le gain de fonction crucial, l'infection possible vers l'Homme^[51] !



<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7114094/figure/fig2/>

Les acides aminés présents dans les différentes protéines S : Première ligne à gauche, le virus 2019-nCoV aujourd'hui appelé SARS-CoV-2 : On voit très clairement un enchaînement « nouveau » de 4 aminoacides à partir du rang 680 n'existant nulle part dans la nature, exactement entre les deux portions S1 et S2 de la Spike protéine ce qui induit directement le gain de fonction primordial (infection possible chez l'homme), démontrant ainsi la très probable insertion humaine

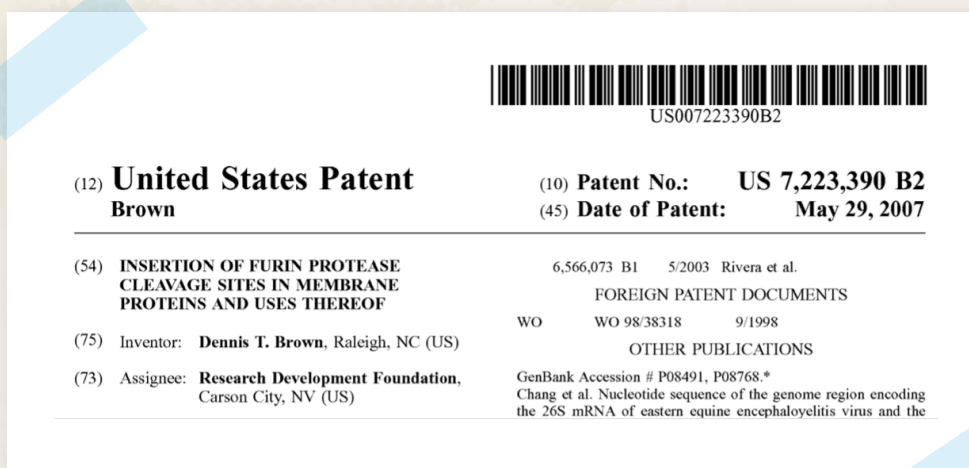
Qu'a bien pu vouloir dire ou faire Madame *Shi*, en décryptant la protéine S de SARS-CoV-2 et en s'arrêtant à cinq aminoacides du pot-aux-roses : cacher très maladroitement des travaux chinois voire américano-chinois, ou pousser le reste du monde à terminer sa démonstration sans avouer directement leurs responsabilités afin d'éviter les foudres de leurs commanditaires ?

Ne croyez pas que le reste du monde n'aurait jamais osé se frotter à ses manipulations génétiques du diable. Ainsi on a pu apprendre en Janvier 2021 [52] que nos propres élites virologiques françaises se sont intéressées de très près à la recherche ayant trait aux gains de fonctions chez les coronavirus.

Pour preuve, à Pasteur Lille sous la direction d'Anne Goffard, Ariane Bonnin a soutenu une thèse de Doctorat en biologie intitulée « Caractérisation de la protéine S du coronavirus humain 229E », c'était en Juillet 2018 [43].

On y manipulait déjà sans complexe cette protéine fondamentale en y insérant un site de clivage par la furine pour infecter l'Homme et pire, ces dames passèrent à l'acte et « créèrent » un pseudovirus de toute pièce, parfaitement « viable » ...

Ne vous croyez pas au bout de l'horreur, ce qui suit ne va pas vous plaire : Dans une vidéo comme par hasard très rapidement censurée par Facebook^[54], *Alexandra Henrion-Caude*, spécialiste mondiale de l'ARN messager et des virus à ARN en Général, nous apprenait qu'en 2007 un certain *Denis T. Brown* avait déposé un brevet aux USA afin de se rendre « propriétaire » des conséquences de ces gains de fonctions par insertion^[55], c'est affreux mais c'est là :



De cet article, il est très probable que vous ne retiendrez... rien d'autre qu'un salmigondis de vilaine science, de basse politique, de mauvaise foi, d'inconséquences et d'erreurs humaines possiblement dévastatrices. Finalement, vous avez tout compris de l'essentiel !

SARS-CoV-2 n'arrivera jamais à bout de l'Humanité, même pas à la faire trembler une microseconde, en revanche il a réussi à profondément altérer nos libertés d'avant, nos vies sociales, nos cultures, nos joies, nos voyages et le contenu de nos nuits. Quelqu'un aurait-il sciemment programmé ce désastre, quelques-uns en ont-ils profité financièrement de manière scandaleuse, zut, voilà que je me mets à comploter tout seul, à présent...

NOTES

- [1] <https://www.bbc.com/news/world-asia-china-51364382>
- [2] <https://www.caixinglobal.com/2020-02-06/after-being-punished-by-local-police-coronavirus-whistleblower-vindicated-by-top-court-101509986.html>
- [4] <https://theconversation.com/la-mysterieuse-disparition-du-premier-virus-sras-et-pourquoi-il-nous-faudra-un-vaccin-pour-nous-debarrasser-du-deuxieme-137957>
- [5] Attention aux erreurs habituelles : La létalité calcule le risque de mourir d'une maladie à partir du moment où on l'a contractée, la mortalité désigne le risque de mourir de la maladie pour l'ensemble de la population, malades comme non malades.
- [6] <https://up-magazine.info/le-vivant/sciences/71659-un-nouveau-rapport-chiffre-a-1-le-taux-de-mortalite-du-covid-19/>
- [7] <https://www.who.int/mediacentre/news/releases/2003/pr83/fr/>
- [8] <https://www.aimsib.org/2020/08/23/covid-graves-admettre-lexistence-des-anticorps-facilitateurs/>
- [9] <https://www.fr24news.com/fr/a/2020/04/mettre-en-lumiere-le-commerce-mondial-de-la-faune.html>
- [10] Zoonose, maladie infectieuse qui passe de l'animal à l'homme, ou inversement.
- [11] <https://www.pauljorion.com/blog/2020/01/26/coronavirus-rififi-en-chine-par-pierre-yves-dambrine/>
- [12] <https://www.francetvinfo.fr/sante/maladie/virus-en-chine-letrange-marche-de-wuhan-ou-l-epidemie-a-commence-3797071.html>
- [13] Samuel Alizon est biologiste de l'évolution, directeur CNRS affecté au laboratoire de Maladies infectieuses et vecteurs à l'université de Montpellier.
- [14] Hélène Morlon est mathématicienne, responsable de l'équipe de recherche « modélisation de la biodiversité » à l'Institut de Biologie de l'École Normale Supérieure de Paris.
- [15] Un brin d'ARN se compose d'un assemblage « en perles de collier » de quatre nucléotides possibles : adénine ou A, guanine ou G, cytosine ou C, et uracile ou U. L'alphabet de l'ADN ne diffère que d'une seule base mais cela modifie absolument tout : U est remplacé par T pour thymine.

- [16] <https://nextstrain.org/ncov/global>
- [17] <https://noticias.uol.com.br/saude/ultimas-noticias/redacao/2021/01/19/mais-rapida-grave-e-letal-entre-jovens-medicos-relatam-nova-covid-no-am.htm?cmpid=copiaecola>
- [18] https://www.lemonde.fr/sciences/article/2020/04/20/la-phylodynamique-l-autre-traque-du-coronavirus_6037214_1650684.html
- [19] <https://www.aimsib.org/2020/03/08/pandemie-covid-19-lanalyse-generale-de-laimsib/>
- [20] Prof Chaolin Huang, Yeming Wang, Prof Xingwang Li, Prof Lili Ren, Jianping Zhao, Yi Hu, MD et al. « Clinical features of patients infected with 2019 novel coronavirus in Wuhan, China ». [https://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736\(20\)30183-5/fulltext](https://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736(20)30183-5/fulltext)
- [21] <https://engine.scichina.com/publisher/scp/journal/SCLS/63/3/10.1007/s11427-020-1637-5?slug=fulltext>
- [22] Ji W, Wang W, Zhao X, Zai J, Li X. “Cross-species transmission of the newly identified coronavirus 2019-nCoV”. J Med Virol. 2020 Apr;92(4):433-440. doi: 10.1002/jmv.25682. PMID: 31967321; PMCID: PMC7138088. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31967321/>
- [23] “The possible origins of 2019-nCoV coronavirus”, Botao Xiao and Lei Xiao. <https://img-prod.tgcom24.mediaset.it/images/2020/02/16/114720192-5eb8307f-017c-4075-a697-348628da0204.pdf>
- [24] https://www.sciencesetavenir.fr/sante/covid-19-le-pangolin-est-il-vraiment-responsable-de-l-epidemie_147699
- [25] <https://www.npr.org/sections/goatsandsoda/2020/02/20/807742861/new-research-bats-harbor-hundreds-of-coronaviruses-and-spillovers-arent-rare>
- [26] https://www.sciencesetavenir.fr/espace/astrophysique/non-le-covid-19-n-est-pas-venu-de-l-espace_142625
- [27] <https://www.larecherche.fr/covid-19-astronomie/un-virus-venu-de-l%E2%80%99espace%C2%A0>
- [28] Intervention de Louis Le Sergeant d’Hendecourt « Généricités, astrochimie, contingences, paradoxe de Fermi » De l’astrochimie à l’astrobiologie. <http://aeeb.fr/evenements-passes/cafevol-passe/>
- [29] Chen Wang, Peter W Horby, Frederick G Hayden, George F Gao “A novel coronavirus outbreak of global health concern”, Lancet, January 24, 2020 DOI: [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(20\)30185-9](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(20)30185-9)

- [30] Qun Li et al : « Early Transmission Dynamics in Wuhan, China, of Novel Coronavirus–Infected Pneumonia ». N Engl J Med 2020; 382:1199-1207
- [31] <https://blog.mondediplo.net/des-defauts-dans-la-cuirasse>
- [32] <https://www.lindependant.fr/2020/05/05/coronavirus-elodie-clou-vel-comme-dautres-athletes-du-monde-entier-sont-tombes-malades-a-wuhan-en-octobre,8875244.php>
- [33] <https://www.rtl.fr/actu/bien-etre/coronavirus-les-bagages-des-athletes-des-jeux-militaires-wuhan-ont-transite-a-creil-7800496768>
- [34] <https://français.cgtn.com/n/BfJAA-BEA-EcA/CBbdAA/index.html>
- [35] Les autres pays du monde qui possèdent des labos normés P4 étant la France, le Canada, l'Allemagne, l'Australie, les États-Unis, l'Angleterre, le Gabon (Institut Pasteur France), la Suède, Taiwan et l'Afrique du Sud.
- [36] http://french.china.org.cn/china/txt/2018-04/18/content_50906146.htm
- [37] https://www.challenges.fr/entreprise/sante-et-pharmacie/revelations-l-histoire-secrete-du-laboratoire-p4-de-wuhan-vendu-par-la-france-a-la-chine_707425
- [38] <https://www.nature.com/news/inside-the-chinese-lab-poised-to-study-world-s-most-dangerous-pathogens-1.21487>
- [39] <https://eu.usatoday.com/story/news/nation/2014/08/17/reports-of-incidents-at-bioterror-select-agent-labs/14140483/>
- [40] <https://nypost.com/2020/02/22/dont-buy-chinas-story-the-coronavirus-may-have-leaked-from-a-lab/>
- [41] Steven W. Mosher est le président du Population Research Institute, <https://nypost.com/2020/02/22/dont-buy-chinas-story-the-coronavirus-may-have-leaked-from-a-lab/>
- [42] https://web.archive.org/web/20200214144447/https://www.researchgate.net/publication/339070128_The_possible_origins_of_2019-nCoV_coronavirus
- [43] <https://www.who.int/multi-media/details/who-media-briefing-from-wuhan-on-covid-19-mission---9-february-2021>
- [44] Bruno Canard est directeur de recherche au CNRS de Marseille, laboratoire « Architecture et fonction des macromolécules biologiques » spécialiste français incontournable des coronavirus.
- [45] <https://www.aimsib.org/2020/03/08/pandemie-covid-19-lana-lyse-generale-de-laimsib/>

- [46] https://www.researchgate.net/publication/340924772_COVID-19_SARS_and_Bats_Coronaviruses_Genomes_Unexpected_Exogenous_RNA_Sequences
- [47] <https://www.dailymail.co.uk/news/article-8249875/Wuhan-laboratory-scientists-did-absolutely-crazy-things-alter-coronavirus.html>
- [48] Menachery, V., Yount, B., Debbink, K. et al. A SARS-like cluster of circulating bat coronaviruses shows potential for human emergence. Nat Med 21, 1508–1513 (2015). <https://doi.org/10.1038/nm.3985>
- [49] Discovery of a novel coronavirus associated with the recent pneumonia outbreak in humans and its potential bat origin. BioRxiv doi: <https://doi.org/10.1101/2020.01.22.914952>
- [50] Peng Zhou, Xing-Lou Yang, [...]Zheng-Li Shi A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin <https://www.nature.com/articles/s41586-020-2012-7>
- [51] B. Coutard, C. Valle, X. de Lamballerie, B. Canard, N.G. Seidah, E. Decroly, The spike glycoprotein of the new coronavirus 2019-nCoV contains a furin-like cleavage site absent in CoV of the same clade <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7114094/>
- [52] FranceSoir, Histoire du covid-19-chap. 8- Partie 4 : Questions ouvertes à l'Institut Pasteur <https://www.francesoir.fr/societe-science-tech/histoire-du-covid-19-chapitre-8-questions-ouvertes-a-pasteur-partie-4>
- [53] <https://pepите-depot.univ-lille2.fr/nuxeo/site/esupversions/5438cc12-c3c5-44d1-9fce-f6290da83c25>
- [54] <https://www.facebook.com/106426164495594/posts/216976243440585/?sfnsn=scwspmo>
- [55] <https://patentimages.storage.googleapis.com/f9/34/81/515c1bd390d068/US7223390.pdf>