Veille citoyenne d'information sur les OGM et les semences

Origine de la Covid-19 : la fuite de laboratoire est la plus probable (partie 1)

Par Olivier LEDUC

Publié le 04/09/2025, modifié le 17/03/2026

Une épidémie de Covid19 (acronyme de l'anglais « *coronavirus disease 2019* ») a été officiellement déclarée en janvier 2020 dans la ville de Wuhan, puis s’est rapidement transformée en une pandémie propagée dans le monde entier. La diffusion très rapide du virus SARS-CoV-2 (ou SRAS-Cov2 pour « *Syndrome respiratoire aigu sévère* »), responsable de cette pandémie, a conduit à imposer des confinements à tous, indépendamment des classes d’âge ou de sensibilités observées à la maladie. Elle a bouleversé les vies de milliards de personnes. Mais d’où vient le virus ? Le présent article, publié en trois volets, vise à décrire ce qui est su de l’origine de ce virus et en quoi cela peut nous intéresser, nous, ici et maintenant. Tous les acteurs impliqués dans cette histoire de pandémie cachent sans doute une partie de la vérité. Dans la première partie, nous expliquons la question et pourquoi elle peut nous intéresser, même après la fin de la pandémie, et décrivons ses principaux acteurs. En seconde partie, nous reprendrons l’histoire de cette pandémie. En troisième partie, nous donnerons les opinions de différentes institutions sur son origine.



D’où peut venir la Covid-19 ?

Il est important de rappeler au préalable qu’un virus ne peut pas se multiplier seul, mais uniquement à l’intérieur de cellules d’autres espèces au sein desquelles il doit d’abord pouvoir pénétrer. Concernant son origine, il existe deux thèses.

La première thèse est dite de l’origine zoonotique (maladie liée aux animaux en ancien grec) selon laquelle le virus serait passé d’animaux à des humains. Ce mot compliqué recouvre en fait deux sous-thèses extrêmement différentes.
La première sous-thèse est qu’un écosystème (marais, grotte,…) ait été colonisé par des humains qui auraient alors été mis en présence d’un virus auquel ils n’étaient pas accoutumés et qui se propagerait chez l’humain. Cela pourrait aussi être qu’un animal, hôte intermédiaire, ait été contaminé et qu’il ait facilité le passage à l’humain, par exemple par des animaux sauvages couramment mangés en Chine (pangolin, chien viverrin,…).
La seconde sous-thèse est liée aux élevages industriels en Chine, qui mélangent des milliers de porcs et des dizaines de milliers de poulets. Le risque qu’un virus spécifique du porc soit, par hasard, adapté au poulet et, simultanément, qu’il y ait un poulet à proximité est grand dans un tel élevage. Ayant été sélectionné pour sauter une barrière d’espèces (du porc au poulet), il va se multiplier d’autant plus vite par la concentration de milliers d’animaux en un même milieu clos. Une telle origine n’est pas naturelle, mais industrielle. Très souvent, l’État impose l’abattage des animaux en cas de contamination, y compris aux élevages en plein air de petite taille, qui ne présentent pas les mêmes risques et ne sont pas des sources de contamination. Ainsi, même cette

seconde sous-thèse (élevage industriel) est politiquement intéressante et ne doit pas être oblitérée par la première. Une zoonose implique nécessairement plusieurs passages en aller et retour d'animaux à des humains, ce qui génère une certaine diversité génétique avant tout passage d'humains à humains.

La seconde thèse est celle d'une fuite d'un ou de plusieurs laboratoires. Il a en effet été renseigné que des chercheurs font des expériences nommées de « *gains de fonction* » (GOF) pour produire des virus plus dangereux ou moins dangereux que le virus initial[i].

Qu'est-ce qu'un GOF ?

Sommairement, les GOF désignent des techniques qui permettent de faire gagner ou perdre une fonction à un virus. Ce sont soit des techniques de modifications génétiques (qui donnent donc des OGM), soit des techniques de cultures *in vitro* de virus exposés à des cellules d'un autre type que celui pour lequel ils sont adaptés par évolution. Les cultures *in vitro* changent la pression de sélection pour que le virus gagne ou perde une fonction au fur et à mesure de ses multiplications successives et graduelles. On parle aussi de « *passage en série* », où on expose les virus successivement à des cellules, à des milieux de culture ou à des animaux dans l'intention de sélectionner un changement génétique sans le fabriquer (cas des OGM). Par exemple, des scientifiques modifient génétiquement des souris pour qu'elles aient sur certaines de leurs cellules un récepteur de type humain. Ce sont des souris OGM « *humanisées* ». Puis, ils injectent dans ces souris OGM des virus adaptés aux chauves-souris. Les virus qui survivent sont ceux qui ont réussi à s'adapter pour attaquer des cellules « *humanisées* ». Petit à petit, ils font une sélection orientée pour avoir des virus capables d'attaquer des cellules humanisées, et donc aussi des cellules humaines. Le cas le plus fréquent est un mélange de ces deux techniques.

Le Professeur Simon Wayn-Hobson (département de virologie, Institut Pasteur, Paris) soutient que « *les conséquences d'un accident pourraient aller de quelques infections à une pandémie catastrophique* »[ii]. Le Professeur Anton van der Merwe (Université d'Oxford) soutient lui, dans le *Financial Times*, que « *les chercheurs font et veulent continuer de faire précisément les expériences qui font des fuites de laboratoire plus probables. Cela inclut les GOF* » [iii]. Selon lui, il y a « *peu de justifications pour de telles expériences, sauf la curiosité scientifique et le désir de prestige* »[iv]. Les promoteurs de ces gains de fonction avancent l'argument de préparer un vaccin pour pouvoir faire face à tout éventuel passage « *naturel* » d'un virus animal à l'homme...

Peut-on trouver l'hôte intermédiaire ?

Le virus du SARS de 2002, différent du SARS-Cov2, a requis cinq mois pour être isolé et séquencé[v]. L'origine est un SARS des chauve-souris passé par la civette, puis à l'humain[vi]. On remarquera que ce premier épisode de SARS est d'origine zoonotique. Mais les deux épisodes suivants, en 2003, résultent de fuites de laboratoires[vii], puisque toutes les personnes contaminées travaillaient dans un laboratoire le conservant[viii].

Le MERS est quant à lui apparu en juin 2012. Un médecin saoudien a requis le virologue néerlandais Ron Fouchier (spécialiste des GOF), qui a obtenu le séquençage du virus publié le 8 novembre 2012[ix], soit en cinq mois. Dès le début, l'hôte intermédiaire était connu comme étant le chameau. Les moyens actuels sont sans commune mesure avec ceux de 2003 ou 2012. Par exemple, le séquençage d'un virus se fait désormais en 4 ou 5 jours. Celui du SARS-Cov2 a été réalisé fin 2019 en 5 jours et diffusé dès le 11 janvier 2020. Pourtant, 5 ans après le début officiel de la Covid-19, plusieurs hôtes intermédiaires ont été accusés sans justification ; ce qui, pour certains, fragilise la thèse zoonotique, sans l'interdire.

Qui sont les principaux protagonistes ?

Zhengli Shi a fait sa thèse à Montpellier, puis a eu plusieurs postes aux États-Unis. Depuis plus de 10 ans, elle dirige le laboratoire P3 de Wuhan, conçu par l'Institut Pasteur et construit avec l'appui financier de la France, et elle codirige son laboratoire P4[x] (le type P4 est le plus surveillé), bénéficiant pour cela de financements du gouvernement des États-Unis par l'intermédiaire d'une ONG elle aussi étasunienne, EcoHealth Alliance. Hélas, même les laboratoires P4 sont exposés à des fuites de laboratoires[xi]. En 2005, Zhengli Shi faisait partie de l'équipe qui avait prouvé que le SARS de 2002 et 2003, qui a tué 774 personnes dans le monde, avait pour origine une chauve-souris[xii].

Ralph Baric codirige avec des militaires le laboratoire de virologie de Caroline du Nord (États-Unis). C'est lui qui a appris à Zhengli Shi à modifier génétiquement des virus.

Peter Daszak, le président de l'ONG EcoHealth Alliance, est un personnage central. Depuis 20 ans, il a collecté plus de 80 millions de dollars auprès d'organismes de recherche des États-Unis pour récolter des virus et faire des expériences de GOF sur eux. Il promet que, grâce à ses collectes de virus et les travaux de GOF, d'autres chercheurs trouveront alors des vaccins[xiii]. Ses financements servent principalement le laboratoire de Caroline du Nord et Ralph Baric, ainsi que les laboratoires (P3 et P4) du Wuhan Institute of Virology (WIV) et Zhengli Shi.

Antony Fauci a été conseiller pour la santé publique de huit présidents des États-Unis et directeur de l'Institut national des allergies et des maladies infectieuses (NIAID) de 1984 à 2022. Il a favorisé d'importants progrès dans la lutte chimique contre le VIH. Il a défendu les GOF, la thèse zoonotique et soutenu Daszak et Baric. Il est la caution étatique des scientifiques comme Daszak.

Récits de la préhistoire de l'épidémie de SARS-CoV2

En 2012, six mineurs (entre 30 et 63 ans) travaillaient dans une mine à Mojiang (province du Yunnan, Chine) dans laquelle vivaient des chauve-souris. Quelques semaines plus tard, ils ont été admis dans l'hôpital de Kunming avec des toux persistantes, fièvre, difficulté à respirer. Trois y sont morts. Cette mine se situe à 1 500km de Wuhan. Un collectif de chercheurs (DRASTIC) a rendu publique cette information[xiv]. Entre 2012 et 2015, les chercheurs des laboratoires de virologie de Wuhan (WIV) ont identifié 293 coronavirus aux alentours et dans cette mine, dont un dénommé RATG13. Tous ces virus étaient séquencés et consultables dans une base de données que le WIV laissait accessible à tous sur Internet. Aucun n'est adapté à la transmission entre humains selon le WIV et selon Zhengli Shi ; les mineurs seraient morts d'une infection par un champignon[xv]. Mais alors que cette base de données aurait aidé les chercheurs à se faire une idée des virus séquencés et de l'historique des virus obtenus par le WIV, son accès public a été fermé le 3 septembre 2019.

Il se trouve que RATG13 est, selon Zhengli Shi, le plus proche ancêtre du SARS-CoV2, car il l'est à 96,2 %. Mais ce n'est pas assez pour être un ancêtre ayant autant « *naturellement* » évolué (3,8%) en seulement 6 ans. Les scientifiques peuvent estimer la vitesse de mutation par reproduction naturelle. Donc, soit ce n'est en fait pas l'ancêtre et il faut le chercher ailleurs, soit il n'a pas évolué « *naturellement* ». De plus, selon la thèse zoonotique, si RATG13 est l'ancêtre, il aurait parcouru 1 500km, de Mojiang à Wuhan, sans susciter d'épidémie. Il serait réapparu par miracle six ans plus tard, en ayant muté beaucoup plus vite que dans la nature, aux abords du WIV, qui travaillait justement sur ce type de virus et faisait des GOF sur des SARS, ou bien potentiellement dans le marché aux animaux de Wuhan, de l'autre côté de la rivière, à environ 13,5km…

Nous avons donc vu que l'origine du SARS-CoV2 recouvre plusieurs questions et hypothèses, fait intervenir plusieurs personnages clés et pourrait provenir de techniques qui créent des virus OGM. En seconde partie, nous décrirons les pratiques du laboratoire de virologie de Wuhan (WIV), la préhistoire et l'histoire de la Covid-19.

i Hervé Le Meur et Caroline Lemerle, « Gain de fonction : l'art de créer des super virus », *Inf'OGM, le journal*, n°164, juillet/septembre 2021.

ii S. Wain-Hobson, « The irrationality of GOF avian influenza virus research », *Front. Public Health*, 2014.

iii A. van der Merwe, « Scientists dismissed lab leak theory due to conflict of interests », *Financial Times* 10 mars 2023.

iv Jamie Johnson, « Joe Biden may be forced to declassify intelligence into Covid-19 origins », *The Telegraph*, 10 mars 2023.

v Le SARS est apparu en novembre 2002. Sa séquence est publié dans :
C. Drosten *et al.*, « Identification of a Novel Coronavirus in Patients with Severe Acute Respiratory Syndrome », *N Engl J Med*, Vol. 348, No. 20, 348:1967-1976, 15 mai 2003.

vi Y. Guan *et al.*, « Isolation and Characterization of Viruses Related to the SARS Coronavirus from Animals in Southern China », *Science*, Vol 302, Issue 5643, pp. 276-278, 10 octobre 2003.

vii R. Ebright cité dans Y. Rui *et al*., « Wuhan Virology Lab Deputy Director Again Slams Coronavirus Conspiracies », *Caixin Global*, 7 février 2020.

viii « *Les cas index étaient systématiquement décrits chez des personnes travaillant dans des laboratoires étudiant le virus responsable du syndrome respiratoire aigu sévère (étudiants en virologie, chercheurs contractuel). Ces cas index étaient à l'origine de la contamination des autres personnes touchées (parents, infirmière, etc.)* ».
Contributeurs de Wikipédia, « Syndrome respiratoire aigu sévère », *Wikipédia, l'encyclopédie libre*.

ix Ali M. Zaki *et al.*, « Isolation of a Novel Coronavirus from a Man with Pneumonia in Saudi Arabia », *N Engl J Med*, Vol. 367, No. 19, pp.1814-1820, 8 novembre 2012.

x Les laboratoires qui manipulent des virus ou agents infectieux sont classés par ordre croissant de normes de sécurité, de P1 à P4. Les laboratoires P4 sont les seuls à être autorisés à manipuler des virus mortels pour les humains et pour lesquels il n'y a pas de vaccin ni de soin. Même en laboratoire P3, les scientifiques sont dotés d'un approvisionnement en air individuel. Mais les virus sont si petits que les erreurs sont la règle et pas l'exception. *Inf'OGM* a déjà documenté les très nombreuses infractions à ces règles. Les laboratoires militaires échappent par principe à la loi et ne publient pas toujours les fuites. Rappelons qu'un scientifique militaire anglais, Geoffrey Bacon, est mort de la peste en janvier 1962. On peut supposer qu'il travaillait sur le bacille de la peste.

xi Christophe Noisette, « Pathogènes en laboratoire : la sécurité absolue est un leurre », *Inf'OGM*, *le journal*, N°164, juillet/septembre 2021

xii Wendong Li *et al.*, « Bats Are Natural Reservoirs of SARS-Like coronaviruses », *Science*, Vol. 310, Issue 5748, pp. 676-679, 28 octobre 2005.

xiii Annick Bossu, « Covid-19 : un expert de l'OMS parle juste avant la pandémie », *Inf'OGM*, 13 avril 2021.

xiv Li Xu, « The Analysis of Six Patients With Severe Pneumonia Caused By Unknown Viruses », mai 2013 (traduit par Drastic le 23 juin 2020).

xv D. Stanway, « Explainer: China’s Mojiang mine and its role in the origins of COVID-19 », *Reuters*, 9 juin 2021.

Adresse de cet article : https://infogm.org/origine-de-la-covid-19-la-fuite-de-laboratoire-est-la-plus-probable/