

Dati cancellati e segreti di Stato: i nuovi gialli sull'origine del Covid

 it.insideover.com/scienza/dati-cancellati-e-segreti-di-stato-i-nuovi-gialli-sullorigine-del-covid.html

June 23, 2021

Le sequenze del **Sars-CoV-2** rinvenute nei campioni prelevati nel mercato ittico di Huanan, a Wuhan, da dove in un primo momento si pensava potesse essersi diffuso il virus, non sono rappresentative del patogeno che circolava in città all'inizio dell'epidemia. Piccolo problema: le sequenze in questione sono tuttavia al centro del rapporto congiunto realizzato dall'Organizzazione mondiale della Sanità (Oms) e dalla Cina. In altre parole, i **dati virali** risalenti all'inizio dell'emergenza sanitaria scoppiata alla fine del 2019 oltre la Muraglia sono stati **cancellati dall'archivio** di lettura della sequenza dei National Institutes of Health.

È quanto sostiene lo scienziato **Jesse D. Bloom** del Fred Hutchinson Cancer Research Center, Howard Hughes Medical Institute di Seattle, all'interno di uno studio subito finito sotto la luce dei riflettori. La ricerca di Bloom – da verificare – getta quindi nuove ombre su quanto accaduto agli albori della pandemia di Covid-19 e, in particolare, sulle informazioni condivise dalla **Cina** con il resto del mondo. Nel suo rapporto, intitolato *Recovery of deleted deep sequencing data sheds more light on the early Wuhan SARS-CoV-2 epidemic*, e disponibile in versione pre-print (non ancora sottoposto a revisione tra pari), il ricercatore ha presentato i risultati di un'attività di indagine partita in seguito a un'anomalia da lui riscontrata. Vediamoli nel dettaglio.

Il mistero dei dati cancellati

Bloom si è accorge che un set di dati riguardanti la prima "versione" del Sars-CoV-2 è letteralmente sparito nel nulla. Inizia così la ricerca delle **sequenze perdute**. Una ricerca che porterà l'esperto a recuperare i file cancellati (da Google Cloud) e a "ricostruire sequenze parziali di 13" dei primi campioni del virus. Il fatto misterioso, come è stato definito dallo stesso Bloom, è il seguente: "L'analisi filogenetica di queste sequenze" cancellate "nel contesto di dati esistenti accuratamente annotati suggerisce che le sequenze del mercato dei frutti di mare di Huanan che sono al centro del rapporto congiunto Oms-Cina non sono pienamente rappresentative del virus che circolava a Wuhan all'inizio dell'epidemia".

"Invece, il progenitore delle sequenze conosciute di Sars-CoV-2 conteneva probabilmente **tre mutazioni** relative al virus del mercato, che lo rendevano più simile ai parenti coronavirus del pipistrello", si legge ancora. Usando termini meno tecnici, significa che i primi virus studiati dall'Oms non sarebbero completamente rappresentativi di tutti i ceppi virali che stavano circolando in quei primi mesi. È qui che lo scienziato cerca di ricostruire la complessa vicenda, nel tentativo di trovare una spiegazione ai file mancanti.

Sequenze oscurate?

La conclusione ipotetica, ovviamente da confermare, a cui arriva Bloom potrebbe essere clamorosa: “Non c’è una ragione scientifica plausibile per la cancellazione: le sequenze sono perfettamente concordanti con i campioni descritti dagli autori di uno studio del 2020 (Wang e altri) e non ci sono correzioni al documento, nel quale si afferma peraltro che è stata ottenuta l’approvazione dei soggetti e che il sequenziamento non mostra prove di contaminazione da campione a campione. Sembra quindi probabile che le sequenze siano state cancellate per **oscurarne l’esistenza**”.

Ma perché i primi campioni del virus sono fondamentali? Semplice: la loro analisi potrebbe aiutare la comunità scientifica a capire meglio le **origini** del Sars-CoV-2, oltre che a capire il momento esatto in cui questo virus misterioso ha iniziato a diffondersi tra gli esseri umani. Già, perché capire che cosa è realmente accaduto a Wuhan è fondamentale per tracciare la **diffusione del virus**, compresa l’identificazione degli eventi che hanno portato all’infezione del **paziente zero**.

Ma c’è un altro aspetto sul quale è doveroso porre l’attenzione. Le prime sequenze riportate di Wuhan non sono le sequenze più simili al correlato coronavirus del pipistrello. E qui scatta un nuovo giallo, visto che era plausibile attendersi che le prime sequenze del virus riportate fossero le più simili a questi coronavirus di pipistrello. Eppure, si legge nel paper di Bloom, “le prime sequenze di Sars-CoV-2 sono state raccolte a Wuhan a dicembre, ma queste sono più distanti” dal gruppo dei **coronavirus del pipistrello** correlati “rispetto alle sequenze raccolte a gennaio da altre località della Cina o anche da altri Paesi”. Nel frattempo il *Washington Post* ha rivelato che all’interno dell’Istituto di virologia di Wuhan sono stati condotti una serie di progetti e di dibattiti coperti dal **segreto di Stato** cinese. Un tale livello di segretezza può contribuire a spiegare come mai le indagini sull’origine del Covid-19 abbiano fatto così poca strada.