

## FACT-CHECKING

FACT-CHECKING (HTTPS://WWW.OPEN.ONLINE/C/FACT-CHECKING/)

COMPLOTTI (HTTPS://WWW.OPEN.ONLINE/TEMI/COMPLOTTI/)

CORONAVIRUS (HTTPS://WWW.OPEN.ONLINE/)

# No! Un brevetto di Moderna del 2016 non dimostra che SARS-CoV-2 è stato fatto in laboratorio

28 FEBBRAIO 2022 - 13:07 JUANNE PILI (HTTPS://WWW.OPEN.ONLINE/AUTHOR/JUANNE-PILI/)

f X @ in WhatsApp Telegram Email EMBED

**United States Patent**  
Bancel et al.

(10) Patent No.: **US 9,587,003 B2**  
(45) Date of Patent: **Mar. 7, 2017**

(54) **MODIFIED POLYNUCLEOTIDES FOR THE PRODUCTION OF CORONAVIRUS-RELATED PROTEINS AND PEPTIDES**

(71) Applicant: **Moderna Therapeutics, Inc.**, Cambridge, MA (US)

(72) Inventors: **Stephane Bancel**, Cambridge, MA (US); **Hirsha Chakraborty**, Melford, MA (US); **Antoine de Fougerolles**, Waterloo (BE); **Sayda M. Elhasher**, Cambridge, MA (US); **Mathias John**, Cambridge, MA (US); **Aznan Roy**, Stockholm, MA (US); **Susan Wherikay**, Belmont, MA (US); **Kristy M. Work**, Woburn, MA (US); **Paul Hatala**, Charlestown, MA (US); **Jason P. Schrum**, Philadelphia, PA (US); **Kenneth Elyse**, New York, NY (US); **Jeff Lynn Elsworth**, Lexington, MA (US); **Justin Guild**, Framingham, MA (US)

(73) Assignee: **ModernaTX, Inc.**, Cambridge, MA (US)

(\*) Notice: Subject to any disclaimer, the term of this patent is extended or adjusted under 35 U.S.C. 154(b) by 0 days.

(21) Appl. No.: **15015,684**

(22) Filed: **Feb. 4, 2016**

(65) **Prior Publication Data**  
US 2016/0152678 A1 Jan. 2, 2016

(51) **Int. Cl.**  
**C07K 14/535** (2006.01)  
**C07K 14/565** (2006.01)

(52) **U.S. Cl.**  
**CPC** — **C07K 14/535** (2013.01); **C07K 14/565** (2013.01)

(58) **Field of Classification Search**  
None  
See application file for complete search history.

## CONTESTO MANCANTE

*Come avevamo già visto in precedenza, il «sito di taglio furinico» tirato in ballo non è affatto un'esclusiva di SARS-CoV-2*

Il tabloid britannico *Daily Mail* ha recentemente pubblicato un [articolo](https://archive.is/dvISg) (<https://archive.is/dvISg>) riguardante l'ipotesi che il nuovo [Coronavirus](https://www.open.online/temi/coronavirus/) (<https://www.open.online/temi/coronavirus/>) sia stato [prodotto in laboratorio](https://www.open.online/2021/06/18/covid-19-video-pipistrelli-vivi-wuhan-non-dimostra-fuga-coronavirus-dal-laboratorio/) (<https://www.open.online/2021/06/18/covid-19-video-pipistrelli-vivi-wuhan-non-dimostra-fuga-coronavirus-dal-laboratorio/>). Cita però uno studio che come vedremo non dimostra affatto questa tesi. Ci siamo occupati di varie tesi attorno a questa narrazione, in particolare riguardo al cosiddetto [taglio furinico](https://www.open.online/2021/06/04/torna-ipotesi-coronavirus-creato-in-laboratorio-intervista-a-marco-gerdoli/) (<https://www.open.online/2021/06/04/torna-ipotesi-coronavirus-creato-in-laboratorio-intervista-a-marco-gerdoli/>), da alcuni considerato unico e inspiegabile, se non con l'intervento umano. Questo frammento genetico permette alla proteina Spike di legarsi meglio ai recettori ACE2 delle cellule polmonari. È emerso che tale informazione era già presente in un frammento di Dna brevettato da [Moderna](https://www.open.online/temi/moderna/) (<https://www.open.online/temi/moderna/>) nel 2016. Ma come avevamo già visto in precedenza, il «sito di taglio furinico» non è affatto un'esclusiva di SARS-CoV-2.

## Per chi ha fretta:

Esiste una corrispondenza tra un frammento genetico di SARS-CoV-2 e un brevetto di Moderna del 2016, noto come sito di taglio furinico. La sequenza non è univoca di SARS-CoV-2, riguarda 19 nucleotidi e si trova casualmente anche nel genoma dello Storione e in diverse specie di *Drosophila*.  
Esistono altri Coronavirus, compresi quattro comuni umani, con la medesima mutazione.  
Gli stessi ricercatori riconoscono che tale sequenza può emergere casualmente.  
Le spiegazioni alternative non sono state dimostrate e risultano meno probabili.

## Analisi

Leggiamo come viene presentata la narrazione dal Tabloid britannico. Si accenna alle precedenti narrazioni riguardanti il taglio furinico e solo brevemente allo scetticismo della Comunità scientifica (il grassetto è nostro):

**Il nuovo sospetto che Covid possa essere stato fabbricato in un laboratorio è emerso oggi dopo che gli scienziati hanno trovato materiale genetico di proprietà di Moderna nella proteina Spike del virus. Hanno identificato un minuscolo frammento di codice identico a una parte di un gene brevettato dal produttore del vaccino tre anni prima della pandemia. È stato scoperto nell'esclusivo sito di scissione della furina di SARS-CoV-2, la parte che lo rende così bravo a infettare le persone e lo separa da altri Coronavirus.**

La struttura è stata uno dei punti focali del dibattito sull'origine del virus, con **alcuni scienziati che hanno affermato che non avrebbe potuto essere acquisito naturalmente**. Il team internazionale di ricercatori suggerisce che il virus potrebbe essere mutato per avere un sito di scissione della furina durante gli esperimenti su cellule umane in un laboratorio. Affermano che c'è una possibilità su tre trilioni che la sequenza di Moderna sia apparsa casualmente attraverso l'evoluzione naturale. **Ma c'è un certo dibattito sul fatto che la sequenza sia così rara come afferma lo studio, con altri esperti che la descrivono come una coincidenza "bizzarra" piuttosto che una "pistola fumante".**

## Il taglio furinico è raro nei Coronavirus?

Tutto è cominciato con due lavori di Rosanna Segreto e Yuri Deigin: il primo del novembre 2020, di cui trattammo [qui](https://www.open.online/2020/12/04/coronavirus-nuovo-studio-mette-in-dubbio-origine-naturale/) (<https://www.open.online/2020/12/04/coronavirus-nuovo-studio-mette-in-dubbio-origine-naturale/>); il secondo (<https://link.springer.com/article/10.1007/s10311-021-01211-0>) dove si parla del sito di taglio furinico, risalente al marzo 2021. Entrambi i paper suggeriscono un'origine artificiale di SARS-CoV-2, ma con grossi limiti. Come ci spiegò allora l'esperto di genomica comparata dell'Università di Trieste [Marco Gerdol](https://www.open.online/temi/marco-gerdol/) (<https://www.open.online/temi/marco-gerdol/>), «il sito di clivaggio della furina è noto da tempo». Noi ne trattavamo già in un [articolo](https://www.open.online/2020/06/13/coronavirus-individuata-una-proteina-che-aiuterebbe-il-virus-a-infettare-le-cellule/) (<https://www.open.online/2020/06/13/coronavirus-individuata-una-proteina-che-aiuterebbe-il-virus-a-infettare-le-cellule/>) del giugno 2020.

Lo abbiamo trovato fin da subito – continua Gerdol –, perché è stato identificato come potenziale causa dell'infezione da uomo a uomo. Di fatto **tutti i Coronavirus hanno un sito di clivaggio in quella posizione**. Anche se non in tutti il taglio è adoperato dalla furina. [...] **Qui si parla in particolare dell'acquisizione di un taglio furinico**, che effettivamente espande il range dei potenziali ospiti del virus, che dai pipistrelli può saltare in *altri* animali. Tutto questo viene presentato invece come fondamentale per garantire *esclusivamente* l'infettività nell'uomo. Non è vero.


Innanzitutto **se andiamo a prendere i Coronavirus umani, due di quattro hanno il taglio furinico**. Sicuramente non lo aveva SARS-CoV-1, quello dell'epidemia di Sars del 2003, mentre **lo aveva MERS-CoV, responsabile dell'epidemia di Mers del 2012**. Insomma, non è fondamentale per permettere al virus di infettare le cellule umane.

Per tanto se si deve parlare di una coincidenza, è fuorviante definirla bizzarra, come riportato dal Daily Mail. Vediamo allora di cosa tratta esattamente il brevetto di Moderna.

## Il brevetto di Moderna

Secondo quanto riporta il Tabloid, Moderna avrebbe depositato il brevetto nel febbraio 2016 – ottenendo l'approvazione il 7 marzo dell'anno successivo –, nell'ambito della ricerca contro il cancro. La sequenza in oggetto riguarda il gene *MSH3*, noto per il suo ruolo nel permettere alle cellule di ripararsi. Questa scoperta è emersa in un recente [studio](https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fviro.2022.834808/full) (<https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fviro.2022.834808/full>) apparso su *Frontiers in Virology*, dove tra i firmatari troviamo anche [Giorgio Palù](https://www.open.online/temi/giorgio-palu/) (<https://www.open.online/temi/giorgio-palu/>). Gli autori riconoscono che questa corrispondenza possa essere casuale, ma sono aperti nel considerare anche altre ipotesi.

Tra le numerose differenze di mutazione puntiforme tra il coronavirus SARS-CoV-2 e il pipistrello RaTG13 – continuano i ricercatori -, solo il sito di scissione della furina a 12 nucleotidi (FCS) supera i 3 nucleotidi. Una ricerca BLAST ha rivelato che una porzione di 19 nucleotidi del genoma SARS.Cov2 che comprende il sito di taglio furinico ha una corrispondenza complementare al 100% con una sequenza proprietaria ottimizzata per i codoni che è il complemento inverso dell'omologo mutS umano (MSH3). La sequenza inversa del complemento presente in SARS-CoV-2 può verificarsi in modo casuale ma devono essere considerate altre possibilità. [...] In ogni caso, la presenza della sequenza di RNA lungo 19 nucleotidi [...] è altamente insolita e richiede ulteriori indagini.

  
 US009587003B2

<p>(12) <b>United States Patent</b>  <b>Bancel et al.</b></p> <hr/> <p>(54) <b>MODIFIED POLYNUCLEOTIDES FOR THE PRODUCTION OF ONCOLOGY-RELATED PROTEINS AND PEPTIDES</b></p> <p>(71) Applicant: <b>Moderna Therapeutics, Inc.</b>,        Cambridge, MA (US)</p> <p>(72) Inventors: <b>Stephane Bancel</b>, Cambridge, MA (US); <b>Tirtha Chakraborty</b>, Medford, MA (US); <b>Antonin de Fougères</b>, Waterloo (BE); <b>Sayda M. Elbushir</b>, Cambridge, MA (US); <b>Matthias John</b>, Cambridge, MA (US); <b>Atanu Roy</b>, Stoneham, MA (US); <b>Susan Whoriskey</b>, Belmont, MA (US); <b>Kristy M. Wood</b>, Wellesley, MA (US); <b>Paul Hatala</b>, Charlestown, MA (US); <b>Jason P. Schrum</b>, Philadelphia, PA (US); <b>Kenechi Ejebe</b>, New York, NY (US); <b>Jeff Lynn Ellsworth</b>, Lexington, MA (US); <b>Justin Guild</b>, Framingham, MA (US)</p> <p>(73) Assignee: <b>ModernaTX, Inc.</b>, Cambridge, MA (US)</p> <p>(*) Notice: Subject to any disclaimer, the term of this patent is extended or adjusted under 35 U.S.C. 154(b) by 0 days.</p> <p>(21) Appl. No.: <b>15/015,684</b></p> <p>(22) Filed: <b>Feb. 4, 2016</b></p> <p>(65) <b>Prior Publication Data</b>        US 2016/0152678 A1 Jun. 2, 2016</p> <p><b>Related U.S. Application Data</b></p> <p>(63) Continuation of application No. 14/106,988, filed on Dec. 16, 2013, now Pat. No. 9,301,993, which is a continuation of application No. PCT/US2013/030070, filed on Mar. 9, 2013.</p> <p>(60) Provisional application No. 61/681,742, filed on Aug. 10, 2012, provisional application No. 61/737,224, filed on Dec. 14, 2012, provisional application No. 61/618,862, filed on Apr. 2, 2012, provisional application No. 61/681,645, filed on Aug. 10, 2012, provisional application No. 61/737,130, filed on Dec. 14, 2012, provisional application No. 61/618,866, filed on Apr. 2, 2012, provisional application No. 61/681,647, filed on Aug. 10, 2012, provisional</p>	<p>(10) Patent No.: <b>US 9,587,003 B2</b></p> <p>(45) Date of Patent: <b>Mar. 7, 2017</b></p> <p>61/618,873, filed on Apr. 2, 2012, provisional application No. 61/681,650, filed on Aug. 10, 2012, provisional application No. 61/737,147, filed on Dec. 14, 2012, provisional application No. 61/618,878, filed on Apr. 2, 2012, provisional application No. 61/681,654, filed on Aug. 10, 2012, provisional application No. 61/737,152, filed on Dec. 14, 2012, provisional application No. 61/618,885, filed on Apr. 2, 2012, provisional application No. 61/681,658, filed on Aug. 10, 2012, provisional application No. 61/737,155, filed on Dec. 14, 2012, provisional application No. 61/618,896, filed on Apr. 2, 2012, provisional application No. 61/668,157, filed on Jul. 5, 2012, provisional application No. 61/681,661, filed on Aug. 10, 2012, provisional application No. 61/737,160, filed on Dec. 14, 2012, provisional application No. 61/618,911, filed on Apr. 2, 2012, provisional application No. 61/681,667, filed on Aug. 10, 2012, provisional application No. 61/737,168, filed on Dec. 14, 2012, provisional application No. 61/618,922, filed on Apr. 2, 2012, provisional application No. 61/681,675, filed on Aug. 10, 2012, provisional application No. 61/737,174, filed on Dec. 14, 2012, provisional application No. 61/618,935, filed on Apr. 2, 2012, provisional application No. 61/681,687, filed on Aug. 10, 2012, provisional</p> <p>(Continued)</p> <p>(51) Int. Cl.  <b>C07K 14/535</b> (2006.01)  <b>C07K 14/505</b> (2006.01)</p> <p>(52) U.S. Cl.        CPC ..... <b>C07K 14/535</b> (2013.01); <b>C07K 14/505</b> (2013.01)</p> <p>(58) Field of Classification Search        None        See application file for complete search history.</p> <p>(56) <b>References Cited</b>  <b>U.S. PATENT DOCUMENTS</b>        2,008,526 A 7/1935 Wrappier et al.        3,552,394 A 1/1971 Horn et al.        (Continued)</p> <p><b>FOREIGN PATENT DOCUMENTS</b>        CA 2376634 A1 12/2000        CA 2473135 C 6/2003        (Continued)</p> <p><b>OTHER PUBLICATIONS</b>        US 2002/0198163 A1 12/2002, Felgner et al. (withdrawn)        (Continued)</p>
---	---

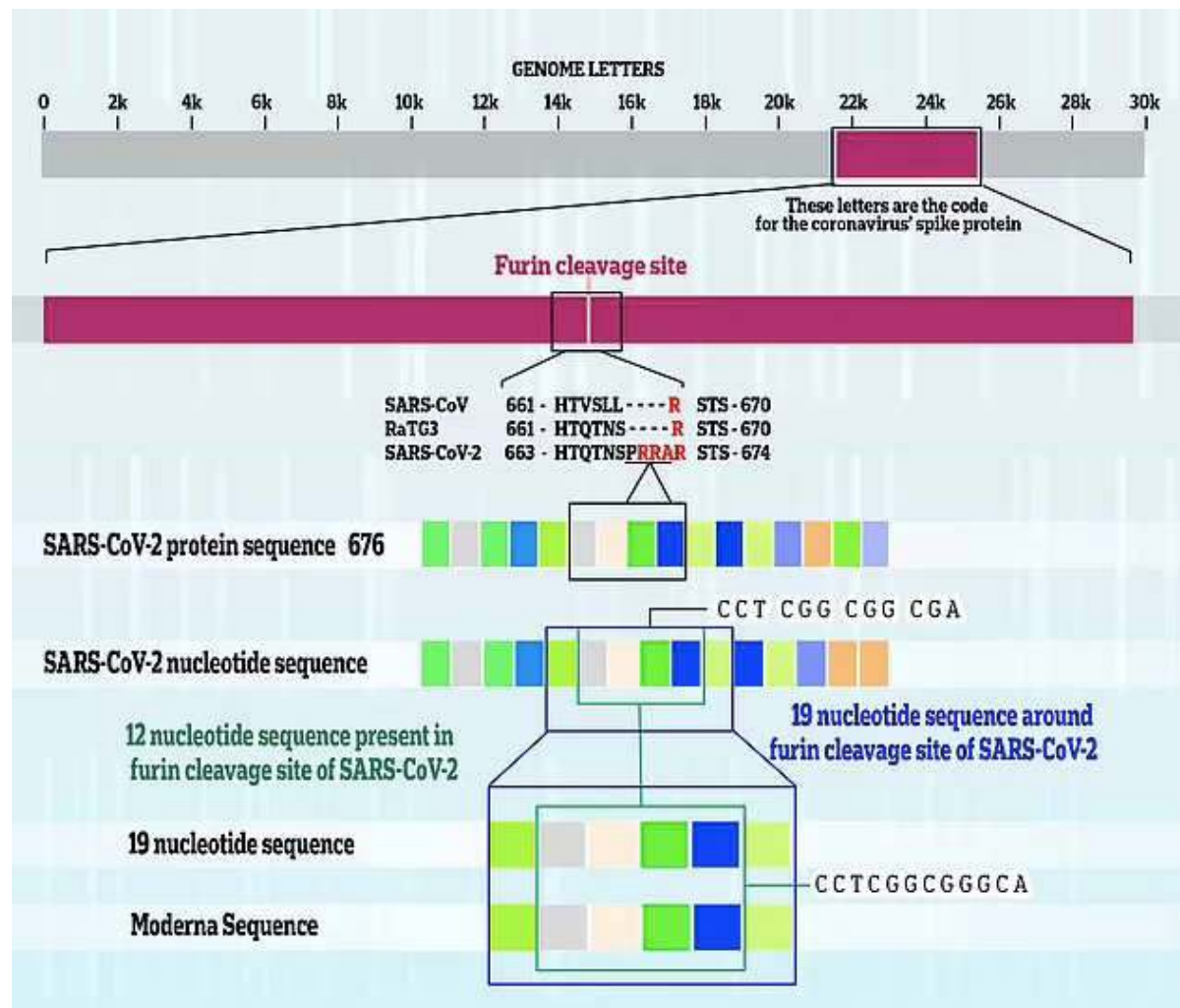
*Il brevetto di Moderna del frammento di Dna col sito di taglio furinico.*

## Perché la sequenza in oggetto non è un evento straordinario

Il genetista Gerdol spiega a Open come mai questa corrispondenza non è incredibile come potrebbe sembrare. «Sono 19 nucleotidi – continua il Genetista -, il ragionamento non è poi così diverso da quello fatto per i famosi inserti di Hiv (<https://www.open.online/2020/04/17/il-nuovo-coronavirus-e-stato-creato-in-laboratorio-per-trovare-un-vaccino-contro-lhiv-lo-dice->

[montagnier-ma-non-e-cosi/](#) del preprint indiano ripreso da [Luc Montagnier \(https://www.open.online/temi/luc-montagnier/\)](#). Stringhe di sequenza così corta si possono trovare assolutamente identiche per puro caso in moltissimi organismi. Oltre ad un mRNA del rondone in questo caso la si trova identica ad esempio nel genoma dello Storione ed in diverse specie di *Drosophila*.

«Un problema comune dell'uso di BLAST é quello di esagerare l'interpretazione dei risultati. Quando le sequenze ricercate sono molto corte discriminare tra sequenze omologhe e sequenze simili (omologia e similarità non sono affatto sinonimi nella biologia evolutiva) non é semplice e bisognerebbe sempre avere grande cautela. In questo caso mi pare sia stato scritto un articolo su una curiosa coincidenza e nulla più».



Le corrispondenze casuali tra SARS-CoV-2 e la sequenza brevettata da Moderna nel 2016.

## Conclusioni

La corrispondenza trovata tra una sequenza genetica brevettata da Moderna nel 2016 e il sito di taglio furinico presente in SARS-CoV-2 non rappresenta una «coincidenza bizzarra», né dimostra che il nuovo Coronavirus è stato prodotto in laboratorio. Si tratta di 19 nucleotidi che possono trovarsi già casualmente in altri contesti, che riguardano non solo altri Coronavirus, ma anche genomi di organismi complessi, come lo Storione e diverse specie di *Drosophila*.

Questo articolo contribuisce a un [progetto di Facebook \(https://www.facebook.com/business/help/2593586717571940\)](#) per combattere le notizie false e la disinformazione nelle sue piattaforme social. Leggi qui [\(https://www.open.online/2021/10/12/open-partner-facebook-fact-checking/\)](#) per maggiori informazioni sulla nostra partnership con Facebook.

Open.online is working with the CoronaVirusFacts/DatosCoronaVirus Alliance, a coalition of more than 100 fact-checkers who are fighting misinformation related to the COVID-19 pandemic. Learn more about the alliance [here \(https://www.poynter.org/coronavirusfactsalliance/\)](#) (in English).