

WUHAN-GATES – 8. “SARS-2: virus OGM costruito con HIV”. Bio-ingegnere ex relatore NATO distrugge tesi “origine naturale” di Fabio Giuseppe Carlo Carisio

Sommario Reportage

- 1 – “Covid-19 è un OGM” secondo l'ex conferenziere NATO
- 2 – Il mistero del ceppo virale 2013 registrato solo nel 2020
- 3 – La conferma della ricerca indiana sugli inserti di HIV
- 4 – Le tracce inequivocabili del virus dell'AIDS
- 5 – La mortalità “calibrata” dall'intensità di SARS-CoV e HIV
- 6 – Supervirus SARS chimerici a doppio uso vaccino o bio-arma

«Chi non crede è già stato condannato, perché non ha creduto nel nome dell'unigenito Figlio di Dio. E il giudizio è questo: la luce è venuta nel mondo, ma gli uomini hanno preferito le tenebre alla luce, perché le loro opere erano malvagie. Chiunque infatti fa il male, odia la luce e non viene alla luce perché non siano svelate le sue opere. Ma chi opera la verità viene alla luce, perché appaia chiaramente che le sue opere sono state fatte in Dio». Gesù Cristo – Vangelo di Giovanni (3, 18-21)

[ENGLISH VERSION HERE](#)

«Dovremmo essere in grado di verificare sistematicamente quando l'etichetta “fake news” è attribuita a una notizia anche se la notizia non è in realtà una notizia falsa bensì “l'etichettatura di notizia falsa” è essa stessa “fake news”! Sfortunatamente, questa non è probabilmente l'ultima pandemia dovuta ad azioni sconsiderate sull'ambiente selvatico. Il problema è che si stanno avvicinando sempre di più e che i virus associati stanno diventando sempre più aggressivi. Come fermare questa escalation di violenza delle interazioni tra la specie umana e il suo ecosistema ospite? I difetti ambientali dovrebbero essere usati come alibi per nascondere i difetti tecnologici, qualunque ne sia la ragione? Primariamente non ci sono tutti i difetti sociali, economici o/e politici?».

Le parole del professore francese Pierre Bricage sono un pugno nello stomaco perché colpiscono e affondano la corazzata del mainstream con la potenza inarrestabile della logica umana in cerca della verità. Non a caso ho voluto citare un passo del Vangelo sui malvagi timorosi che i loro misfatti vengano svelati...

[Che l'epidemia da CoVid-19 sia una trappola tenebrosa e diabolica per l'umanità ed il pianeta](#) è ormai una certezza diffusa tra chi ha letto attentamente almeno una decina di articoli scientifici e non solo i post sui social.

Che la SARS-CoV-2, altro nome di questa Sindrome Acuta Respiratoria Grave che fa riferimento agli altri ceppi mortali del CoronaVirus SARS del 2003 e MERS del 2014, sia un **[Organismo Geneticamente Modificato](#)** lo afferma oggi anche lo scienziato in pensione Bricage, per 29 anni docente di Biologia all'Université de Pau et des Pays de l'Adour e per un lustro pure capo del Dipartimento di Ingegneria Biologica di Pau, capitale del Beam e capoluogo dei Pirenei Atlantici.

Il professore emerito Pierre Bricage, ingegnere biologico esperto di genetica molecolare ed ex conferenziere NATO

Lo ha illustrato in una conferenza in Francia a fine febbraio, lo ha scritto in una ricerca inserita a marzo su Research Gate (il Wikipedia della scienza), lo ha ribadito nello studio ripubblicato in inglese sullo



stesso sito internet ad aprile ma tutto è rimasto sommerso nella palude dell'omertà mediatica.

Ora, grazie alle nostre continue ricerche sul Covid-19, abbiamo intercettato il suo nuovo clamoroso documento del primo maggio arricchito da ulteriori dettagli scientifici inossidabili, da interrogativi inquietanti e da considerazioni etiche dirompenti come quelle riportate sopra tra virgolette cui se ne aggiungono altre....

«Cosa possiamo imparare dall'emergere di questa nuova pandemia? Una proposta non essendo stata provata, non significa che sia automaticamente falsa; molti sono quelli che commettono questo errore di logica. Ciò non significa nemmeno che sia vera. Ma, se la fonte ha una certa legittimità, come per una semplice testimonianza onesta, vale la pena testarla!» asserisce il ricercatore nelle sue conclusioni che noi anteponiamo al suo rigoroso studio.

WUHANGATE – 9. HIV inserito in un virus SARS nel 2007 (foto). Grazie ai milioni UE della Commissione Prodi

«Perché si parla solo di “cospirazioni” contro la versione consensuale dell'aspetto accidentale di SARS-CoV-2 da un animale selvatico (Bricage, 2011)? Perché i documenti che trattano di versioni non consensuali vengono sistematicamente respinti? Esiste un tentativo globale di nascondere parte della realtà e riscrivere la storia sia dell'origine del virus che della pandemia? Possiamo essere giudici e parti di un'indagine così importante per l'umanità?».

1 – “COVID-19 E' UN OGM” SECONDO L'EX CONFERENZIERE NATO

Dal 2000 l'ingegnere biologico transalpino, già specializzato in genetica molecolare, è vicepresidente dell'Associazione Francese della Scienza e dei Sistemi Cognitivi e Tecnici, per conto della quale partecipa a incontri internazionali dell'EMCSR (il Meeting Europeo sulla Cibernetica e i Sistemi di Ricerca) ma ha tenuto conferenze anche per l'UNESCO e pure per la NATO, per cui ha trattato tematiche di tecnologia industriale. Essendo un accademico in pensione insegna Scienze della Salute all'ateneo di Pau ed Evoluzione dei sistemi viventi all'Université du Temps Libre d'Aquitaine.



Pierre Bricage nel 2012 a Vienna per il Meeting Europeo sulla Cibernetica e i Sistemi di Ricerca

E' quindi uno scienziato libero che non deve genfluttersi a Big Pharma o istituti statali per sopravvivere, proprio come il suo più illustre connazionale Luc Montagnier, il virologo vincitore del premio Nobel per la Medicina nel 2008, per aver scoperto l'immunodeficienza umana in correlazione al virus HIV, da lui stesso identificato nel 1983, e dell'epidemia letale AIDS. E proprio come il collega scienziato non ha dubbi sulla natura del CoVid-19 di cui svela anche sconcertanti segreti che avvalorano il sospetto sempre più fondato di un intenzionale occultamento della verità da parte della comunità scientifica internazionale.

Essa è probabilmente terrorizzata dal rischio di perdere **l'enorme**

[business costruito sulla ricerca dei vaccini](#) e delle [armi batteriologiche](#), sviluppate in Nord America fin dal 1952 come attesta un filmato [desecretato dell'US Navy pubblicato da Gospa News su YouTube](#).

[WUHANGATE – 1. INTRIGHI D'ORO BIOARMA-VACCINI tra Cina, Usa-CIA, Sauditi e Big Pharma J&J – GSK](#)

«Di solito, il raffreddore comune non è un pericolo, ma un nuovo ceppo di coronavirus sta uccidendo specie umane. Perché questo nuovo coronavirus, chiamato inizialmente 2019-nCoV e poi ribattezzato SARS-CoV-2, è emerso senza che nessuno fosse in grado di identificare né il serbatoio né il vettore?» si domanda Bricage che ha pubblicato ogni dettaglio scientifico dei suoi studi, illuminati dalla sua competenza nell'ingegneria biologica.

«Questo virus non può essere emerso spontaneamente da mutazioni naturali e ricombinazioni di ceppi selvatici, è un chimera genetica con inserimenti artificiali di geni modificati, un genoma ingegnerizzato di un coronavirus all'interno di un capsido di un virus dell'Immunodeficienza umana (HIV)» sentenza lapidario nel suo studio di 40 pagine in cui ha inserito tra le parole chiavi “organismo geneticamente modificato”.

L'originale francese è intitolato: “Le nouveau coronavirus chinois est-il un avatar d'un coronavirus génétiquement modifié pour fabriquer un vaccin curatif du SIDA?”

Pourquoi le SARS-CoV-2 ne serait-il pas un virus d'origine naturelle? Aspects écologiques, physiologiques, génétiques et évolutifs”.



La copertina della ricerca pubblicata da Pierre Bricage su Research Gate

I suoi interrogativi sono improntati ad una diplomazia cauta anche se le sue rivelazioni scientifiche di genetica molecolare non lasciano scampo a dubbi e sono devastanti per la tesi dell'origine naturale del Coronavirus responsabile della pandemia...

In tre settimane è il secondo siluro che colpisce ed affonda la credibilità dell'Organizzazione Mondiale della Sanità insieme a tutti gli istituti sanitari nazionali che temono di vedere sparire dal loro sontuoso piatto i finanziamenti generosi dispensati da Ginevra e delle multinazionali farmaceutiche che la foraggiano.

E' il secondo razzo se non consideriamo il video shock intitolato Plandemic (Pandemia pianificata) di Judy Mikowitz, titolare di un Ph.D. in Biologia Molecolare alla George Washington University, cui non abbiamo dedicato attenzione perché le interessanti argomentazioni scientifiche sono troppo annacquate da aneddoti di contenziosi professionali con il dottor Anthony Fauci, direttore del NIAID (National Institute Allergy Infectives Disease), l'istituto americano per le malattie infettive, e dalle sue considerazioni socio-politiche di attivista No-Vax.

Gospa News riporta soprattutto fatti oggettivi e verificabili prima delle opinioni.

2 – IL MISTERO DEL CEPPO VIRALE 2013 REGISTRATO NEL 2020

In pochi giorni Bricage è il secondo faro che porta luce nelle misteriose tenebre del CoVid-19 rivelando

subito un particolare agghiacciante.

«Il sequenziamento genetico di questo virus 2019-nCoV ha indicato che il suo genoma assomigliava a quello di un altro coronavirus emesso da un pipistrello e isolato nel 2013. Nel 2020 con la registrazione del ceppo virale RaGT13, che è stato isolato nel 2013 (come indica il nome), sono state quindi proposte altre filogenesi (Bedford & Hodcroft, 2020). Esse hanno riposizionato il SARS-CoV-2 in una posizione evolutiva più adatta a quelle conosciute in passato. Perché il presunto ceppo ancestrale, isolato nel 2013, e su cui sono state condotte ricerche, non è stato registrato nelle banche dati genetiche prima del 2020 ma solo dopo la registrazione 2019-nCoV, che è stato poi ribattezzato SARS-CoV-2?».

Se ci fossero [capi di Stato determinati come quello della Tanzania](#) – che ha sollevato il sospetto che i tamponi ricevuti dal suo paese siano fallati dopo che hanno [testato come positive al virus umano una capra e una papaya](#) ed ha quindi dichiarato di interrompere ogni relazione con [l'OMS – probabilmente tutti i vertici di questa organizzazione sarebbero già sotto inchiesta](#) vista la portata devastante di quell'interrogativo. Ma gli interessi in ballo sono enormi e transnazionali, come vedremo nei prossimi reportages...

[CORONAVIRUS: IN TANZANIA SI COMBATTE CON LE SANTE MESSE. Dove la Scienza brancola, la Croce risplende](#)

E' lo stesso scienziato Bricage a spiegarci perché ciò non avviene, ponendosi domande retoriche al termine del suo lungo e scrupoloso studio scientifico.

«Perché un gruppo di 27 eminenti scienziati ha insistito per screditare l'origine artificiale del nuovo coronavirus? Stiamo riscrivendo la cronologia dei virus? La trasparenza non dovrebbe impedire questo tipo di imbroglio scientifico, politico e mediatico? Come possiamo evitare che l'economia si mescoli alle problematiche e quindi minare la responsabilità sociale e ambientale di laboratori di ricerca, aziende sanitarie e individui? L'economia matematica giustifica la gestione liberale della scienza e dei servizi sanitari?».

Se questo articolo, con la benedizione di Dio, supererà le 77mila visualizzazioni (quelle del più letto dei [10 reportages "CoronaVirus Bio-arma" e dei 7 "WuhanGate"](#)) lanceremo una petizione e ci attiveremo per proporre il biologo francese come Segretario Generale dell'ONU. Perché ha messo per iscritto in un documento scientifico proprio le domande che tutti gli uomini e le donne di buon senso e buona volontà si stanno ponendo sulla terra!

[CoronaVirus BIO-ARMA – 5. IL CARDINALE ACCUSA: «Un paese ricco ha seminato questo veleno. Onu indaghi»](#)

Non mi risulta, invece, che l'attuale capo del Palazzo di Vetro, il portoghese Antonio Guterres, abbia ancora risposto all'appello del [cardinale metropolita dello Sri Lanka, Albert Malcom Ranjith per indagare "su questo veleno sparso da un paese ricco" o alla richiesta ufficiale dell'ex presidente dell'Iran, Mahmoud Ahmadinejad](#), per l'istituzione di una commissione d'inchiesta sulla pandemia, ritenuta una guerra batteriologica da lui come [altri esperti di bio-armi degli USA](#).

3 – LA CONFERMA DELLA RICERCA INDIANA SULL'HIV

Quando Gospa News decise di recuperare e pubblicare i contenuti del primo studio scientifico che dimostrava la presenza di inserti dell'HIV nel CoVid-19, quindi la manipolazione genetica dello stesso

virus, sapevamo di fare un salto nel buio confidando solo [nell'ispirazione dello Spirito Santo e nella protezione della Madonna \(Gospa a Medjugorje\)](#).

Perché quei ricercatori della Scuola di Biologia di Kuzuma, a New Delhi, erano stati gli unici a documentare scientificamente tale tesi ma poi, nel giro di 24 ore, avevano ritirato lo studio sebbene apparisse solido e ineccepibile tanto da spingerci nell'azzardo di scriverne.

Due giorni dopo la pubblicazione del nostro reportage, grazie a Dio, cominciò a diventare virale [l'intervista al professor Luc Montagnier che dall'alto del suo Premio Nobel](#) non solo avvalorò la ricerca di Kuzuma [ma disse apertamente che quei ricercatori furono «obbligati a ritrattare»](#). Ora Bricage riparte proprio da lì prima di esporre le sue prove scientifiche.

[WUHANGATE – 3. «CORONAVIRUS CREATO IN LABORATORIO CON HIV» Nobel per la Medicina conferma la ricerca indiana svelata da Gospa News](#)

«Nel febbraio 2020, un matematico francese, anch'egli esperto interdisciplinare, ingegnere emerito di informatica e ricercatore presso il Centro IBM per la ricerca nell'intelligenza artificiale, all'Università di Bordeaux, identifica nel genoma del ceppo isolato 2019-nCoV modelli che rompono la simmetria della solita organizzazione genetica di un coronavirus (Perez, 2020)».

Bricage si riferisce al bio-matematico Jean-Claude Perez, che ha affiancato proprio Montagnier nella sua ricerca virologica, e quindi ricorda che i nuovi modelli di informazione sono stati inseriti nel gene che codifica l'involucro della proteina spike (proteina S) e nei geni che codificano la poli-proteina che è all'origine sia della proteasi virale che della polimerasi, attività enzimatiche presenti in ogni coronavirus. «Questi inserimenti erano identici agli stessi schemi di informazione trovati nelle sequenze genomiche delle proteine simili Open Reading Frames (ORF) di un altro noto virus RNA, l'HIV» sostiene l'ingegnere esperto di genetica molecolare che, grazie alla sua intensa attività di conferenziere anche per la NATO, riesce ad essere un buon divulgatore, rendendo quasi comprensibile un ostico lessico bio-chimico.

«Nel frattempo un team di giovani scienziati informatici, dell'Indian Institute of Technology di Nuova Delhi, aveva caricato un'opera, in bioRxiv, l'archivio online aperto, [mostrando una somiglianza sconosciuta e totalmente inquietante tra i genomi di 2109-nCoV e HIV \(Pradhan et al., 2020\)](#). Il genoma 2019-nCoV conteneva modelli simili ad alcuni trovati nel genoma dell'HIV, nella sua proteina di involucro S e nel suo pool di geni della poli-proteasi-polimerasi; convalidando così il lavoro precedentemente pubblicato di Perez (2020). Come potrebbero essere presenti sequenze genetiche identiche in virus così diversi? È stato un fenomeno adattivo di convergenza evolutiva? (Mills, 2006)».

[WUHANGATE – 2. HIV NEL CORONAVIRUS “BIO-ARMA”: le prove dallo studio indiano occultato misteriosamente](#)

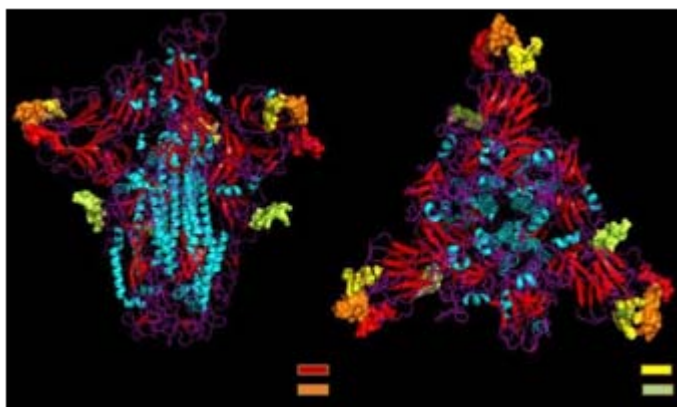
Al fine di rendere più semplice la fruizione della sua ricerca il professore francese si pone una raffica di domande facili da comprendere anche per un bambino: «In che modo un insieme di mutazioni simili potrebbe dare lo stesso risultato funzionale a sistemi genetici che si sviluppano in ospiti completamente diversi (pipistrelli e primati umanoidi)? Oppure, se si trattasse di un trasferimento genetico, come, in natura, sono state possibili ricombinazioni genetiche così mirate (Bricage, marzo, aprile e maggio 2020)?».

«Successivamente, questo articolo inedito è stato ritirato; annullato senza alcun commento specifico. Contemporaneamente, l'opera precedentemente pubblicata è stata inquadrata come una notizia falsa, mentre il 2019-nCoV è diventato SARS-CoV-2. Perché così tanti problemi? Che cosa ha mostrato il lavoro del team indiano?» si chiede ancora Bricage.

«Se confrontiamo le proteine S del ceppo iniziale 2019-nCoV con quelle degli altri coronavirus, le isole degli aminoacidi osservate nelle sequenze delle proteine omologhe risultano completamente diverse. Potrebbero derivare da mutazioni puntiformi nelle corrispondenti sequenze di codifica nucleotidica?».

4 – LE TRACCE INEQUIVOCABILI DEL VIRUS DELL'AIDS

Ma la rarità delle mutazioni non li giustificerebbe secondo il ricercatore. «Nel complesso, questi inserti, conservati in tutti i primi genomi analizzati, rappresentano meno dell'1% di ogni genoma. Questo è molto meno della divergenza genetica complessiva giustamente attesa con ogni coronavirus. Esiste una sorprendente somiglianza tra i siti di taglio delle proteasi: gli stessi siti sono presenti in queste proteine sia del coronavirus che dell'HIV (e anche alcuni virus dell'influenza). Questi siti sono diversi da quelli dei soliti coronavirus; o in serbatoi o in vettori (vettori selvaggi o domestici) o persino in ogni coronavirus umanizzato noto. In che modo un cambiamento naturale di tale portata, per mezzo di mutazioni vitali e specifiche, avrebbe influenzato solo i siti di cut-off, che rappresentano meno del 3% della sequenza proteica?».



Glicoproteina Spike del virus 2019-nCoV. Gli inserti dell'HIV sono mostrati con perle colorate (rosso, arancio, giallo e verde), nel sito di legame della proteina

L'ingegnere biochimico entra poi nel dettaglio della scoperta dei collegi indiani ed evidenzia i suoi risultati.

«I cambiamenti osservati nelle sue sequenze proteiche (3 inserti provenienti da HIV gp120 e 1 inserto da bavaglio dell'HIV) aumentano tutti la densità delle

cariche positive sulla superficie di queste molecole. Tale cambiamento non casuale comporta l'uso di uno strumento software di ingegneria proteica per lo screening delle modifiche genetiche prima di eseguirle. Gli inserti genomici 1 e 2 nella glicoproteina S (ciascuno dei 18 nucleotidi, ciascuno codificante per 6 aminoacidi) sono completamente identici alle corrispondenti sequenze di HIV. Anche gli inserti genomici 3 (36 nucleotidi corrispondenti a 12 aminoacidi) e 4 (24 nucleotidi corrispondenti a 8 aminoacidi) assomigliano molto alle corrispondenti sequenze di HIV».

Ed ecco infine la sentenza impietosa: «Nessuno di questi 4 inserti può derivare da una mutazione casuale a punto singolo. Questo tipo di mutazione di solito colpisce solo 1 aminoacido e non un modello proteico definito (una serie di aminoacidi specificamente modificati). Una mutazione di punto può anche causare uno spostamento nel frame di lettura, ma di solito si traduce in una proteina non funzionale. Tuttavia, 2 di questi inserti presentano una delezione (Su et al., 2020), un'interruzione, una parziale interruzione della loro sequenza, che non solo mantiene la funzionalità, ma aumenta anche in modo specifico la densità delle cariche positive situate sulla superficie della molecola attiva. Una delezione è di solito letale e si traduce in una proteina non funzionale».

Anche ad un neofita provetto di bio-chimica come me che solo dalla fine di gennaio trascorre ore a leggere ricerche scientifiche per scovare un indizio o una prova utile a confermare la teoria del CoVid-19 Bio-Arma (o anche a smentirla se avessi trovato almeno uno studio robusto) il binomio "cariche-positive" suona angosciante [e mi fa pensare alle testate nucleari...](#)

5 – MORTALITÀ "CALIBRATA" DALL'INTENSITÀ VIRALE DI HIV E SARS-COV

Fin qui abbiamo volutamente riportato dettagli eccessivamente scientifici utili ad evidenziare l'acribia analitica del genetista molecolare in contrapposizione alla genericità delle controdeduzioni con cui lo studio di [quegli altri scienziati \(cinesi ma di scuola britannica\)](#) cercò di smontare gli esiti della ricerca indiana.

Loro, ho evidenziato nel nostro precedente reportage in merito, giudicarono le sequenze dell'HIV-1 di «scarsa identità e rarità» tali da essere ritenute casuali come sostenuto da altri loro colleghi che

contestarono la lunghezza di tali segmenti. Ciò suscitò però la pronta replica di Montagnier, già storico docente nel prestigioso Istituto Pasteur di Parigi ed oggi capo-dipartimento all'Università Jiao Tong di Shanghai, in una lunga intervista per la TV CNEWS.

«Rispondiamo subito queste lunghezze tuttavia sono dei segmenti che portano informazioni genetiche contrariamente a coloro che dicono che è un caso. Non è così. C'è una pressione enorme affinché tutto quello che è all'origine del virus sia nascosto» [dichiarò il vincitore del Nobel per la Medicina.](#)

[WUHANGATE – 4. “CoVid-19 Manipolato, Affare Nascosto CINA-USA”. Class-Action per Bio-Arma in Texas](#)

Bricage invece attacca perentoriamente i colleghi negazionisti della teoria del virus geneticamente modificato: «Successivamente un team di ricercatori cinesi (Zhang et al., 2020) ha squalificato il ruolo di questi inserimenti attraverso la modellizzazione 3D dell'interazione tra la proteina S e il suo recettore bersaglio ACE2 (Ge et al., 2013). Gli inserti si trovano all'esterno del sito di riconoscimento che si lega al recettore, quindi non avrebbero un effetto funzionale».

«Non stanno scrivendo questo ignorando del tutto il fatto che le proprietà funzionali di una proteina emergono dalle interazioni remote tra i suoi diversi moduli peptidici, le diverse parti che compongono la proteina?» non abbiamo le competenze per valutare la fondatezza di tale domanda retorica ma le argomentazioni sono certamente più minuziose di quelle con cui gli altri scienziati hanno contestato lo studio di Kuzuma.

Il bio-ingegnere francese espone poi un ulteriore elemento di contraddizione. «I virus dell'RNA, come i coronavirus, di solito hanno un tasso di mutazione molto elevato: 10 volte quello dei virus del DNA a singolo filamento, 10.000 volte quello di altri virus e 100.000 volte quello delle loro cellule ospiti eucariotiche. Questo tasso fondamentale implica un accumulo casuale di errori nel genoma, che di solito sono sfavorevoli per la sopravvivenza del virus. L'esistenza di punti caldi, in cui le mutazioni sono le più frequenti, è ben nota in ogni genoma».

Mentre secondo il ricercatore: «nel nuovo coronavirus si osserva l'esatto contrario nella tendenza evolutiva» in riferimento alla proteina dell'involuppo (env).

Ma c'è un altro fattore tanto importante quanto inquietante: «L'analisi dell'evoluzione delle popolazioni virali umanizzate ha mostrato l'esistenza di almeno 2 sottopopolazioni di SARS-CoV-2. Il tipo più frequente, il tipo L, è il più recente e il più aggressivo. Il tipo più vecchio e meno frequente è anche il meno aggressivo. Questo è totalmente l'opposto della nota evoluzione genetica naturale dei virus selvatici».

Questa circostanza era stata evidenziata con estremo stupore anche da un altro gruppo di ricercatori di autorevoli istituti cinesi ([reportage CoronaVirus Bio-Arma 4](#)) a febbraio, prima che il [governo di Pechino vietasse la pubblicazione di qualsiasi studio non precedentemente vagliato ed autorizzato.](#)

[CoronaVirus BIO-ARMA – 7. Missioni militari TOP SECRET Deep State-NWO-CIA-DEM: laboratori nei paesi dei Golpe Soros, biologi a Sigonella](#)

«L'espressione variabile del fenotipo SARS-CoV-2 non è la conseguenza dell'espressione variabile delle proprietà sia rispetto al fenotipo di un HIV debole, forte o intermedio, sia delle proprietà relative al fenotipo di un debole, forte o SARS-CoV intermedio? Questo non spiega la varietà dei sintomi osservati durante COVID-19?» si chiede l'esperto di genetica molecolare accreditando una tremenda ipotesi ben

nota ed [esposta nelle precedenti inchieste di Gospa News.](#)

E' la probabilità, tecnicamente possibile in virtù dei pericolosi studi condotti dai [25 misteriosi laboratori delle agenzie del Dipartimento di Stato degli Usa in vari paesi stranieri.](#) che siano stati costruiti agenti patogeni con differente virulenza calibrata nell'impronta biogenetica in relazione al gruppo etnico da

colpire...

Come abbiamo dimostrato nel reportage [Wuhangate 5 nel Centro Lugar in Georgia morirono 79 cavie umane](#) suscitando l'indignazione internazionale della Russia mentre nel reportage [CoronaVirus Bio-Arma 7](#) abbiamo ricordato la moria di soldati avvenuta in Ucraina nei pressi del centro di ricerca del Pentagono di Kharkiv.

[UKRAINEGATE, COMLOTTO DEEP STATE CONTRO](#)

[TRUMP: tra i due informatori CIA spunta anche Renzi](#)

È anche chiaro che al momento i paesi più colpiti dal contagio letale sono quelli più nazionalisti (Cina, USA, Regno Unito, Iran) o con partiti populistici-sovrani in significativa espansione (Italia, Spagna). L'ipotesi che il CoVid-19 non solo sia un virus artificiale, non solo sia una bio-arma ma possieda pure una calibrazione genetica-etnica non è senza senso se ricordiamo [l'esistenza del Deep State, recentemente confermata anche da un ex direttore della CIA](#) durante una conferenza pubblica presso un'università americana, che a volte ha complottato contro la propria nazione come negli assassini dei presidenti [Abraham Lincoln e John Fitzgerald Kennedy negli Usa](#) e dello [statista Aldo Moro](#) e del [giudice Paolo Borsellino in Italia](#). Tutti delitti resi ancor più torbidi dai depistaggi e dagli insabbiamenti nelle inchieste sui veri mandanti.

5 – SUPERVIRUS SARS CHIMERICI A DOPPIO USO VACCINO-BIOARMA

Le argomentazioni dell'ex docente dell'Università di Pau non finiscono qui ma si spingono ad analizzare le terapie contro il CoVid-19, [proprio come fece Gospa News nel reportage WuhanGate 2 sulla ricerca indiana](#), ed anche lui evidenzia una circostanza sorprendente.

«Già dal 3 febbraio 2020, i casi più gravi a Wuhan sono stati trattati con combinazioni di farmaci comunemente usati contro l'influenza (come favipiravir, un analogo della guanina, che è un inibitore dell'RNA polimerasi dei ribovirus) e l'AIDS (kaletra, acyclovir, ritonavir) o anche con inibitori della transcriptasi inversa all'HIV (remdesivir), che è assente dai coronavirus» sottolinea con la solita precisione facendo riferimento anche al Remdesivir, il farmaco che sta facendo diventare ricca la multinazionale [Gilead, contractor dell'agenzia del Pentagono DTRA \(Defense Threat Reduction Agency\)](#) che operava proprio nel centro Lugar dove ci fu la moria di cavie umane.

Ciò avvenne durante un piano per debellare l'Epatite C in Georgia portato avanti nell'ambito del progetto di UNITAID, un'iniziativa sanitaria globale ospitata nella sede dell'OMS a Ginevra che lavora con vari partner per prevenire, diagnosticare e curare le principali malattie nei paesi a basso e medio reddito, con particolare attenzione alla tubercolosi, alla malaria e all'HIV / AIDS.

[WUHANGATE – 5. GILEAD Antivirale-Boom in Borsa grazie a OMS, Cinesi e Soros. Bio-Armi Killer con CIA e Pentagono](#)

[Come evidenziato nella nostra precedente inchiesta Wuhangate 5 su Gilead](#) tra i sostenitori UNITAID ci sono la Clinton Health Access Initiative e la Bill & Melinda Gates Foundation. Mentre tra i partner c'è anche USAID, anello di congiunzione tra le ricerche in campo epidemiologico e la [Central Intelligence Agency di cui è da sempre strumento finanziario utilizzato anche per i cosiddetti regime-change](#).

Chiudiamo questa indispensabile parentesi e torniamo alle considerazioni di Bricage sulle terapie: «Perché tali scelte? La malattia ha risposto efficacemente al trattamento con questi soliti farmaci per l'AIDS e i medici ospedalieri cinesi hanno immediatamente usato farmaci anti-AIDS. Perché? Lucidità terapeutica o panico sociale? È perché la topologia della proteasi del coronavirus è stata modificata per assomigliare a quella dell'HIV?».

Il professore francese ipotizza che si tratti di «un coronavirus biomimetico dell'HIV» da lui stesso menzionato nelle “parole-chiave” della ricerca anche come OGM: organismo geneticamente modificato. E

pertanto si pone il fatidico quesito.

«Non è tecnologicamente possibile modificare un antenato di SARS-CoV-2 per produrre un biomimetico coronavirus dell'HIV in modo da sviluppare un potenziale vaccino contro l'AIDS (Du et al., 2009)?» la sua risposta è scontata quanto dettagliata.

«Il SARS-CoV-1 del 2003 e il MERS del 2013 sono stati oggetto di approfondite ricerche. L'ingegneria genetica e molecolare dei coronavirus è stata oggetto di numerosi libri (Canavagh, 2008) e pubblicazioni con protocolli di laboratorio dettagliati (Becker et al., 2008). Sono stati pubblicati molti lavori sulla costruzione di chimere genetiche e sono stati registrati nuovi brevetti (Baric et al., 2018). Per oltre 20 anni, i ricercatori nordamericani, ma non solo (Amer et al., 2012), hanno lavorato sui coronavirus negli animali domestici, come bovini o animali domestici». [Di queste abbiamo scritto in WuhanGate 7](#) e ne scriveremo in WuhanGate 9...

[WUHANGATE – 7. DOSSIER BIO-ARMII USA. I segreti dei 28 laboratori di Pentagono e Fauci: test pericolosi sui CoronaVirus](#)

Chapeau a Bricage! Non solo si conferma un meticoloso ricercatore ma si dimostra anche un ottimo ed efficace reporter. E' stato un supplizio tagliare molte parti anche assai rilevanti dei suoi documenti per condensare due differenti studi di una decina di pagine ciascuno, supportati da 27 citazioni di precedenti ricerche.

Per pura coincidenza sono 27 anche i virus chimerici SARS-Like costruiti in laboratorio e segnalati in una singola ricerca condotta dal Wuhan Institute of Virology che è stato finanziato con [\\$3.7 milioni di dollari dal progetto PREDICT 2 di USAID grazie al contributo di EcoHealthAlliance di New York ma anche del NIAID](#) (National Institute Allergy Infectives Disease), l'istituto americano per le malattie infettive diretto dal contestato Anthony Fauci, e dall'Organizzazione Mondiale della Sanità.

[Già l'ex consulente della Casa Bianca Francis Boyle \(report Bio-Arma 1\)](#) aveva pubblicamente accusato l'OMS di essere a perfetta conoscenza di quanto avvenuto a Wuhan.

Mentre il Luc professor Montagnier [\(report WuhanGate 4\)](#) ha dichiarato davanti alle telecamere di CNEWS che la pandemia "un affare tra Cina e USA". Le nostre inchieste hanno disvelato molteplici intrighi anche sconcertanti tra persone ed enti che confermerebbero questa affermazione...

[CORONAVIRUS – 10. IL COMLOTTO IN 100 RIGHE: DALLE BIO-ARMII CIA AL NUOVO ORDINE MONDIALE](#)

Proprio per questo nell'ultimo reportage [WuhanGate 7 abbiamo mappato, grazie a un documento dell'UNODA \(United Nation Office of Disarmament Affairs\)](#), i laboratori misteriosi quanto pericolosi del Pentagono negli Usa facendo riferimento anche ad alcune ricerche sulle manipolazioni genetiche dei CoronaVirus per la costruzione di agenti patogeni "ricombinanti" ovvero ottenuti attraverso l'innesto di un virus in un altro: come secondo Bricage sarebbe avvenuto per SARS-Cov-2 con l'HIV.

Nel prossimo reportage WuhanGate 9 vedremo tutte le ricerche sui ceppi di SARS geneticamente modificati ed infettati con l'HIV sviluppate nel mondo e soprattutto in Cina. Anche con il supporto finanziario di un'istituzione occidentale che ritenevo fino a ieri estranea dall'intrigo internazionale che si cela dietro la pandemia.

Ogni giorno di più questa apocalittica ecatombe appare come un demoniaco complotto del Deep International State per la realizzazione di un [Nuovo Ordine Mondiale, come auspicato da un ex vice](#)

[direttore della Cia](#), attraverso nuovi scenari geopolitici ed un piano di vaccinazione globale quali componenti di un occulto progetto di ingegneria antropologica e sociale ben più terribile di quella biologica e molecolare. (*iscriviti alla Newsletter se vuoi ricevere i reportage appena pubblicati*)

MAIN SOURCES

[GOSPA NEWS – INCHIESTE CORONA VIRUS](#)

[GOSPA NEWS – INCHIESTE LOBBY ARMI](#)

[RESEARCH GATE – BRICAGE ON SARS-COV-2](#)

-

-

-

<https://www.gospanews.net/>

16 Maggio 2020

WUHAN-GATES – 9. LE PROVE: HIV inserito in un virus SARS nel 2007. Grazie ai milioni UE della Commissione Prodi di Fabio Giuseppe Carlo Carisio

Sommario Reportage

- 1 – Mani mondialiste sul pericoloso OGM SARS-HIV
- 2 – La Commissione UE di Prodi finanziò i test a Wuhan
- 3 – I virus chimerici SARS infettati con l'HIV
- 4 – Stratageme: il kit per mutazioni genetiche
- 5 – Vaccinazione dall'HIV grazie all'influenza
- 6 – Altre ricerche di Wuhan col patogeno AIDS

“Se hanno perseguitato me, perseguiteranno anche voi; se hanno osservato la mia parola, osserveranno anche la vostra”. Gesù Cristo – Vangelo di Giovanni (15,20)

[ENGLISH VERSION HERE](#)

«In questo studio, un sistema pseudovirus basato sul virus dell'immunodeficienza umana (HIV) è stato impiegato per affrontare questi problemi. I nostri risultati hanno indicato che la proteina SL-CoV S non è in grado di utilizzare proteine ACE2 di diverse specie per l'ingresso delle cellule e che anche la proteina SARS-CoV S non è riuscita a legare la molecola ACE2 del pipistrello a ferro di cavallo, *Rhinolophus pearsonii*, (...) D'altra parte, abbiamo dimostrato che dopo la sostituzione di un piccolo segmento (da 310 a 518) di Rp3-S con la sequenza cognitiva di BJ01-S, la proteina CS imita la funzione di BJ01-S in relazione all'uso del recettore nel Sistema di test dello pseudovirus dell'HIV».

Poche righe pubblicate a pagina 1900 del Vol. 82 del Journal of Virology del Febbraio 2008 smentiscono l'intera comunità scientifica mondiale. “I trucchi a volte funzionano ma si autodistruggono sempre” scrisse il poeta libanese cristiano Gibran Kahlil Gibran.

E' la “pistola fumante” che testimonia la costruzione in laboratorio di un Coronavirus chimerico con l'innesto dell'agente patogeno dell'AIDS avvenuta nel lontanissimo dicembre 2007 presso il Wuhan Institute of Virology dell'Accademia Cinese delle Scienze.

Ora qualche genetista dovrebbe cercare “il proiettile biologico” che ha davvero scatenato l'attuale pandemia al fine di rintracciare anche il luogo dove è stato esploso: accidentalmente per un test finito

male o volontariamente per una guerra batteriologica planetaria. E quindi vedere se coincidono...



Il laboratorio Bsl 4 del Wuhan Institute of Virology

Se è infatti acclarato che nel centro di ricerca vicino al focolaio asiatico sanno molto più di quello che raccontano – anche per la censura imposta dal regime comunista che potrebbe comportare la pena di morte per spionaggio – non esiste la certezza che il misfatto sia avvenuto lì e non piuttosto negli Usa o in qualche paese dell'ex Unione Sovietica come

Georgia ed Ucraina dove il Pentagono, sede del Dipartimento della Difesa a Washington, gestisce bio-laboratori segretissimi anche all'ombra diplomatica della CIA come evidenziato in precedenti reportages. Basta guardare [il video desecretato dell'US Navy sulla guerra biologica datato 1952 e pubblicato da Gospa News in esclusiva](#) per rammentare le enormi potenzialità del Pentagono...

JOURNAL OF VIROLOGY, Feb. 2008, p. 1899–1907
0022-538X/08/808-00+0 doi:10.1128/JVI.01085-07
Copyright © 2008, American Society for Microbiology. All Rights Reserved.

Vol. 82, No. 4

Difference in Receptor Usage between Severe Acute Respiratory Syndrome (SARS) Coronavirus and SARS-Like Coronavirus of Bat Origin[†]

Wuze Ren,^{1†} Xiuxia Qu,^{2†} Wendong Li,^{1‡} Zhenggang Han,¹ Meng Yu,³ Peng Zhou,¹ Shu-Yi Zhang,⁴ Lin-Fa Wang,^{3*} Hongkui Deng,² and Zhengli Shi^{1*}

State Key Laboratory of Virology, Wuhan Institute of Virology, Chinese Academy of Sciences, Wuhan, China¹; Key Laboratory of Cell Proliferation and Differentiation of the Ministry of Education, College of Life Sciences, Peking University, Beijing, China²; CSIRO Livestock Industries, Australian Animal Health Laboratory and Australian Biosecurity Cooperative Research Center for Emerging Infectious Diseases, Geelong, Australia³; and School of Life Science, East China Normal University, Shanghai, China⁴

Received 20 May 2007/Accepted 15 November 2007

Severe acute respiratory syndrome (SARS) is caused by the SARS-associated coronavirus (SARS-CoV), which uses angiotensin-converting enzyme 2 (ACE2) as its receptor for cell entry. A group of SARS-like CoVs (SL-CoVs) has been identified in horseshoe bats. SL-CoVs and SARS-CoVs share identical genome organizations and high sequence identities, with the main exception of the N terminus of the spike protein (S), known to be responsible for receptor binding in CoVs. In this study, we investigated the receptor usage of the SL-CoV S by combining a human immunodeficiency virus-based pseudovirus system with cell lines expressing the ACE2 molecules of human, civet, or horseshoe bat. In addition to full-length S of SL-CoV and SARS-CoV, a series of S chimeras was constructed by inserting different sequences of the SARS-CoV S into the SL-CoV S backbone. Several important observations were made from this study. First, the SL-CoV S was unable to use any of the three ACE2 molecules as its receptor. Second, the SARS-CoV S failed to enter cells expressing the bat ACE2. Third, the chimeric S covering the previously defined receptor-binding domain gained its ability to enter cells via human ACE2, albeit with different efficiencies for different constructs. Fourth, a minimal insert region (amino acids 310 to 518) was found to be sufficient to convert the SL-CoV S from non-ACE2 binding to human ACE2 binding, indicating that the SL-CoV S is largely compatible with SARS-CoV S protein both in structure and in function. The significance of these findings in relation to virus origin, virus recombination, and host switching is discussed.

ACKNOWLEDGMENTS

We thank Bryan Eaton for critical reading of the manuscript. We thank Rongge Yang for kindly providing the p24 Mab.

This work was jointly funded by a State Key Program for Basic Research Grant (2005CB523004) from the Chinese Ministry of Science and Technology, a special fund from the president of the Chinese Academy of Sciences (no. 1009), the Knowledge Innovation Program Key Project of the Chinese Academy of Sciences (KSCX1-YW-R-07) to Z. Shi, the Sixth Framework Program "EPISARS" of the European Commission, a National Nature Science Foundation of China for Creative Research group grant (30421004) to H. Deng, and the Australian Biosecurity CRC for Emerging Infectious Diseases (project 1.026RE) to L.-F. Wang.

FOOTNOTES

[†]Published ahead of print on 12 December 2007.

La ricerca del laboratorio di Wuhan del 2007 in cui furono ricombinati i virus di SARS e HIV

Oggi però abbiamo la prova inconfutabile che già 13 anni fa in Cina era stato ingegnerizzato un Organismo Geneticamente Modificato con analoghe caratteristiche di biologia molecolare a quelle riscontrate da illustri scienziati nelle sequenze genomiche del nuovo ceppo virale SARS-CoV-2, devastante ed altamente mortale. Ma questi coraggiosi ricercatori sono stati boicottati e squalificati da media e colleghi che hanno banalmente sostenuto la tesi di una presenza casuale delle tracce di HIV, da altri che hanno addirittura mentito negando l'esistenza di test simili e da altri ancora che hanno ritenuto l'impresa di inserire un virus in un altro troppo complessa e costosa. Questa è l'unica affermazione vera ma il business da centinaia di milioni di dollari che si è creato intorno

all'ingegneria genetica e alle bio-tecnologie è ormai così vorticoso da giustificare enormi finanziamenti anche da istituzioni lontane come l'Unione Europea...

Quello è soltanto il primo, in ordine cronologico, degli esperimenti effettuati a Wuhan con un supervirus chimerico ottenuto tra questi due agenti patogeni, pertanto definito ricombinante. Ne esistono infatti altri successivi compiuti nel laboratorio della provincia di Hubei ancor prima che nel 2015 ottenesse la certificazione di biosicurezza BSL-4.

1 – MANI MONDIALISTE SUL PERICOLOSO OGM SARS-HIV

Molti di essi, [come abbiamo già visto nel reportage “CoronaVirus Bio-Arma -9”](#) e più [dettagliatamente in “WuhanGate 4 e 5”](#), sono stati condotti con il supporto dell’agenzia governativa americana [USAID](#). [Lo strumento della potentissima Central Intelligence Agency per le operazioni finanziarie all’estero finalizzate anche ai golpe mascherati](#) (i cosiddetti regime-change pro democrazia), e con il contributo del NIAID, il National Institute Allergy Infective Diseases diretto dall’ormai lugubramente famoso Anthony Fauci.

Ma nell’oceano degli studi di virologia ne abbiamo scovati una dozzina con l’utilizzo dell’ormai scottante combinazione SARS-HIV, compiuti anche in precedenza: a Pechino nel 2004 e 2005, a New York nel 2005, in Svizzera ed a Taiwan nel 2006.

PANDEMIA DA BIO-ARMA – 9. IL SUPERVIRUS CREATO DAGLI USA DI OBAMA: altri 89 ceppi CoVid nei test Top Secret CIA

Ciò è avvenuto per un semplicissimo motivo che cerco di spiegare anche ai lettori senza competenze tecniche. Le reazioni dell’enzima di conversione dell’angiotensina 2 (ACE2), individuato come il recettore della proteina S (Spike) che diviene il “killer” che consente al virus SARS-Cov (il ceppo 1 isolato nel 2003) di aggredire le cellule umane, sono state testate con l’HIV-1 dell’immunodeficienza umana in considerazione dell’affinità tra i due agenti virali dell’influenza/polmonite e dell’AIDS.

Ma se tutto ciò è così palese [perché è stata bocciata come inverosimile dalla comunità scientifica la teoria espressa dal virologo francese Luc Montagnier](#) che nel 2008 vinse il Nobel per la Medicina proprio dopo aver scoperto il funzionamento dell’immunodeficienza umana e prima ancora, tra il 1982 e il 1985, i ceppi virali HIV-1 e HIV-2?

Chi meglio di lui al mondo può affermare di aver individuato inserti del virus dell’AIDS nel SARS-CoV-2, che ha finora infettato più di 4,6 milioni di persone e ne ha uccise (direttamente o indirettamente aggravando patologie preesistenti) più di 309mila in tutto il mondo?

Semplicissimo: perché in queste rischiose ricerche di potenziali vaccini, utilizzabili anche come bio-armi grazie al potenziamento di supervirus da laboratorio per i test, ci hanno messo lo zampino molte nazioni del mondo e le più importanti istituzioni internazionali.

*Il virologo francese Luc Montagnier,
vincitore del Nobel per la Medicina*

Ciò lo conferma proprio l’esperimento del 2007 portato avanti non solo dall’Istituto di Wuhan dell’Accademia Cinese delle Scienze ma anche dal Laboratorio sulla Proliferazione delle Cellule del Ministero dell’Educazione presso il College delle Scienze Umane dell’Università di Pechino, dall’East China Normal University di



Shanghai, dalle industrie australiane di cibo e allevamenti CSIRO Livestock insieme all’Australian

Biosecurity Cooperative Research Center for Emerging Infectious Diseases di Geelong. Quell’esperimento del centro di ricerca della provincia di Hubei, inoltre, è stato finanziato in gran parte dai cinesi, attraverso il Ministero delle Scienze e delle Tecnologie, l’Accademia e National Nature Science Foundation of China for Creative Research, ma anche dall’ente dell’Oceania appena citato e da uno del Vecchio Continente...

Ebbene sì, cari concittadini dell’Unione Europea, il laboratorio più sospettato del pianeta, l’ormai famigerato Wuhan Institute of Virology lo abbiamo aiutato pure noi coi nostri contributi fiscali!

Anche Bruxelles, infatti, ha supportato le ricerche su questi supervirus chimerici denominati SARS-Like (codificati SL) potenzialmente letali come quello finito sotto i riflettori della rubrica scientifica Leonardo del TG3 di RAI3 per uno studio del 2015 e divenuto virale sui media dopo lo scoppio della pandemia.

Come abbiamo riferito in un altro articolo in realtà gli studi sui supervirus potenziati furono almeno 2 ma gestiti da Wuhan in collaborazione con l’Università della Nord Carolina (che ha svolto uno di essi prevalentemente nei suoi laboratori) grazie all’enorme e sconosciuto archivio di “virus chimera” e altro materiale genetico infettato brevettato dai cinesi, proprio per tale ragione partner internazionale ambito nelle ricerche biologiche.

E’ pertanto una di notizia di scarsa rilevanza quella appena diffusa dal Daily Mail britannico secondo cui il governo di Pechino ha ammesso di aver distrutto dei campioni di CoronaVirus il 3 gennaio. Nella documentazione in nostro possesso ne abbiamo contati ben 27 solo tra quelli SL costruiti geneticamente. Perchè quelli selvatici isolati dai pipistrelli a ferro di cavallo nel progetto USAID sarebbero circa 160.

WUHANGATE – 5. GILEAD Antivirale-Boom in Borsa grazie a OMS, Cinesi e Soros. Bio-Armi Killer con CIA e Pentagono

Ma non è stato il Parlamento Europeo a mettere in mano ai cinici scienziati del Partito Comunista Cinese una potenziale arma micidiale. No. È stato quell’organismo tecnico di nomina politica chiamato Commissione Europea attraverso uno specifico progetto denominato Program EPISARS di cui, misteriosamente, sono sparite quasi tutte le tracce sul web.

E siccome le brutte notizie per l’Italia non mancano mai mi duole – ma non mi sorprende – dover rilevare che il progetto fu avviato proprio quando alla presidenza della CE c’era un italiano, Romano Prodi, nominato alla guida del “Consiglio dei Ministri” UE grazie al sostegno politico dei partiti di centrosinistra dell’Ulivo, agli ottimi rapporti con il suo predecessore Mario Monti, anello di congiunzione tra politica, speculatori dell’alta finanza e consorteria Bilderberg, e infine il re dei mondialisti

internazionali.

[CoronaVirus. App-spia e Task Force Colao col marchio McKinsey: partner di Gates, CIA, Bilderberg e Soros](#)



Mi riferisco all'alleanza strategica con l'occulto plutarca George Soros, [manipolatore di dozzine di eurodeputati](#) ma soprattutto finanziatore del Partito Democratico Usa che con il [presidente Barack Obama ha avviato il piano dei 10 vaccini obbligatori per l'Italia.](#) si Proprio Gospa News ha scoperto che il sedicente filantropo della Open Society di New York è anche un grosso azionista nella big pharma

californiana [Gilead: quella che sta lucrando sulla pandemia grazie ad un retrovirale nato proprio per combattere l'HIV come dimostrato nel precedente dossier.](#)

Romano Prodi e George Soros 25 anni fa: il 30 ottobre 1995 all'Università di Bologna Suscitò molte polemiche, il 30 ottobre 1995, la laurea Honoris Causa conferita a Soros dalla facoltà di Economia dell'[Università di Bologna presieduta da Stefano Zamagni, responsabile dell'Ulivo per le politiche sociali e le risorse umane, davanti a Prodi,](#) candidato e futuro premier della sinistra nel 1996, gongolante anche per la prefazione fatta alla versione italiana libro del magnate di origini ungherese, invisibile a molti italiani per aver guidato la speculazione sulla Lira che nel 1992 fece esplodere il debito pubblico. Ma di questi sinistri intrighi politici parleremo più diffusamente in un prossimo reportage ancor più sconcertante.

2 – LA COMMISSIONE UE DI PRODI FINANZIO' I TEST A WUHAN

Ebbene il primo aprile 2004 la commissione Prodi, di cui lo stesso Monti era membro, stanziò un budget di quasi 2 milioni di euro (esattamente 1.906.539 euro nella sovvenzione n. 511063) per la aiutare la Cina nella ricerca sulla SARS: la Sindrome Acuta Respiratoria Grave che nel 2003 aveva ucciso 814 persone in Asia contagiandone più di 80mila e facendo temere ancora peggio. Ciò puntualmente è accaduto come se davvero il [Deep State desideroso di imporre il Nuovo Ordine Mondiale](#) lo avesse meticolosamente architettato...

«Ci sarebbero altri CoV “umani” in grado di indurre malattie respiratorie? Avremmo strumenti diagnostici appropriati per differenziare la SARS dall'influenza durante le infezioni respiratorie acute? Gli anticorpi neutralizzanti avrebbero un ruolo nella protezione contro la reinfezione; in caso affermativo, tale immunità sarebbe a lungo termine conoscendo il rapido declino dell'immunità protettiva associata ad altri CoV umani?» queste sono le domande che si è posta EPISARS nel progetto rispondendo nel documento finale.

*L'ex presidente della
Commissione Europea Romano
Prodi*

«L'epidemia di SARS è stata
esemplare in quanto ha dato
alla comunità scientifica e alla



salute pubblica l'opportunità di studiare l'emergenza di un virus nelle popolazioni umane in un momento in cui erano disponibili strumenti epidemiologici e virologici per studi approfonditi – si legge in una nota ufficiale quasi compiaciuta dei contagi – I

risultati furono notevoli, con il controllo dell'epidemia entro sei mesi. EPISARS ha notevolmente contribuito a questo risultato, in particolare con l'identificazione dei pipistrelli a ferro di cavallo come serbatoi di coronavirus simili alla SARS e con la documentazione del ruolo cruciale svolto dagli zibetti mascherati nella diffusione della malattia nell'uomo. Inutile dire che il nostro contributo, sebbene molto significativo, è un pezzo di uno sforzo gigantesco che riunisce organizzazioni internazionali come l'Organizzazione mondiale della sanità (OMS), i sistemi nazionali di sorveglianza delle sentinelle e i laboratori di prima classe». Retorica pura degna delle peggiori autocelebrazioni...

[WUHANGATE – 4. “CoVid-19 Manipolato, Affare Nascosto CINA-USA”. Class-Action per Bio-Arma in Texas](#)

A giudicare dai 309mila morti di oggi esiste il fondato sospetto che il programma abbia invece contribuito a creare, anziché a prevenire, nuove epidemie! Ha infatti sicuramente incentivato proprio quegli esperimenti ritenuti [pericolosi ed eticamente dubbi dal professor Montagnier per la combinazione virale SARS-HIV](#), rilevata nel nuovo ceppo di CoronaVirus dell'attuale pandemia anche da [un gruppo di scienziati indiani della Kuzuma School of Biology di New Delhi](#) che [secondo il vincitore del Nobel sono stati poi «obbligati a ritrattare» lo studio pubblicato](#).

Montagnier, oggi capo dipartimento della Tao Jong University di Shanghai dove attualmente vive, fu direttore dell'Unità di Virologia del blasonato Istituto Pasteur di Parigi fino al 2000, diventando poi accademico emerito proprio del CNRS di tale università.

Ebbene sapete chi era il referente dell'Unione Europea per il progetto EPISARS che finanziò il Wuhan Institute of Virology? Proprio l'istituto Pasteur che ha però rimosso ogni informazione in merito a quel programma come risulta [dal sito Cordis, l'unico dell'UE a riportare qualche sommaria notizia](#) visto che anche l'indirizzo web ufficiale EPISARS non è più raggiungibile...

[WUHANGATE – 3. «CORONAVIRUS CREATO IN LABORATORIO CON HIV» Nobel per la Medicina conferma la ricerca indiana svelata da Gospa News](#)

[E' pertanto assai probabile che il vincitore del Premio Nobel sappia molto di più di ciò che ha rivelato nelle interviste](#) e pubblicato nel suo studio

ufficiale su Research Gate dato che il laboratorio di Wuhan fu aperto nel 2004 anche in virtù di una collaborazione della Cina con la Francia che fu poi rimpiazzata nel supporto dall'agenzia governativa americana USAID a partire dal 2009 grazie al progetto PREDICT 2. Il quale fu finanziato anche da Eco HealthAlliance, un'ONG privata di New York sostenuta dal colosso farmaceutico

[Johnson&Johnson, più volte condannato per gravi violazioni, e pure da università americane, cinesi e saudite come descritto in WuhanGate 1.](#)

Lo stesso piano annovera però tra i [Global Partner l'Organizzazione Mondiale della Sanità, il NIAID di Fauci, capace di erogare 3,7 milioni di dollari a Wuhan, e il CDC \(Centro per la prevenzione e il controllo delle malattie\).](#)

3 – I VIRUS CHIMERICI SARS INFETTATI DALL'HIV

Nel [reportage WuhanGate 8 abbiamo pubblicato in anteprima mondiale la ricerca di un altro professore francese, Pierre Bricage](#) il quale non solo ha dimostrato la fondatezza della tesi dei colleghi dell'India sulle tracce di HIV nel SARS-Cov-2 ma ha aggiunto dettagli analitici sorprendenti grazie alla sua grande esperienza nel capo della genetica molecolare che gli consentì di diventare direttore del Dipartimento di Ingegneria Biologica dell'Università di Pau (Beaume, Pirenei Atlantici) e conferenziere anche per la NATO.

«Questo virus non può essere emerso spontaneamente da mutazioni naturali e ricombinazioni di ceppi selvatici, è un chimera genetica con inserimenti artificiali di geni modificati, un genoma ingegnerizzato di un coronavirus all'interno di un capsido di un virus dell'Immunodeficienza umana (HIV)» sentenza lapidario nel suo studio in cui elabora un'ipotesi bio-chimica talmente perfetta nel descrivere la differente letalità della pandemia attuale da rinvigorire il sospetto che [il nuovo CoronaVirus possa essere un'arma bio-genetica tarata per colpire i gruppi etnici in modo diverso, come sostenuto da autorevoli esperti.](#)



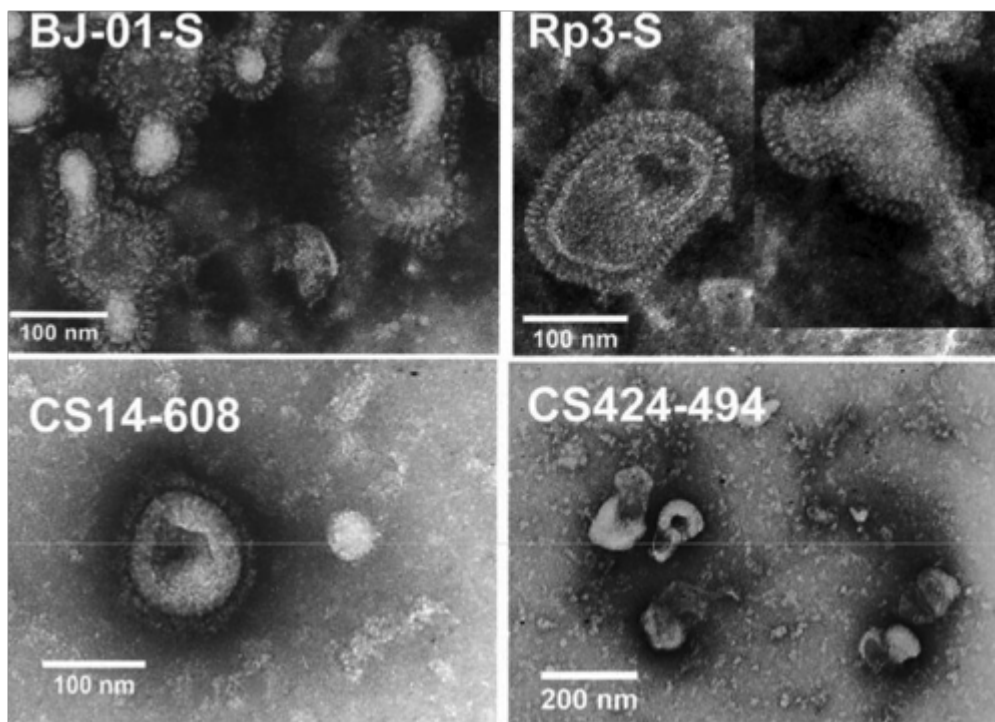
Il professore emerito Pierre Bricage, ingegnere biologico esperto di genetica molecolare ed ex conferenziere NATO

«Non è tecnologicamente possibile modificare un antenato di SARS-CoV-2 per produrre [un biomimetico coronavirus dell'HIV in modo da sviluppare un potenziale vaccino contro l'AIDS \(Du et al., 2009\)?](#)» il professor Bricage menziona poi genericamente alcune ricerche (ad eccezione di una di cui parleremo a parte perchè avvolta in un enorme mistero).

Qui, invece, analizzeremo nel dettaglio quelle dove compare il cosiddetto ricombinante basato sui virus chimerici creati in laboratorio e pertanto denominati SARS-Like, siglati tutti SL, cominciando sempre dagli esperimenti condotti nel 2007 a Wuhan grazie ai fondi della Commissione Europea. Il testo dello

studio [“Differenza nell'uso dei recettori tra le vie respiratorie acute acute Sindrome \(SARS\) Coronavirus e SARS-Like Coronavirus di Origine da Pipistrello”](#) è a prova di increduli...

Analisi costruttiva e funzionale di pseudovirus derivati da diversi costrutti proteici CS. (A) Presentazione schematica di costrutti di proteina SARS-CoV S umana (BJ01-S), bat SL-CoV S (Rp3-S) e diverse proteine CS.



I numeri negli indici indicano il posizioni degli amminoacidi delle sequenze BJ01-S usate per sostituire la regione corrispondente di Rp3-S.

«Abbiamo clonato ed espresso il gene ACE2 pipistrello R. pearsonii ed esaminato le capacità delle proteine ACE2 di umani, zibetto di palma e R. pearsonii per supportare

l'infezione da pseudovirus a base di HIV contenenti diversi costrutti di proteina S. Abbiamo anche dimostrato che il SARS-CoV S umano non può usare il pipistrello RpACE2 come recettore funzionale. D'altra parte, abbiamo dimostrato che dopo la sostituzione di un piccolo segmento (da 310 a 518) di Rp3-S con la sequenza cognitiva di BJ01-S, la proteina CS imita la funzione di BJ01-S in relazione all'uso del recettore nel Sistema di test dello pseudovirus dell'HIV».

A noi profani di bio-chimica non è dato comprendere molto del linguaggio tecnico. Ci basta sapere però che viene nominata senza ombra di dubbio la combinazione tra i due potenti e letali agenti patogeni ma soprattutto che si parla di sostituzione di piccoli segmenti riferiti all'anticorpo umanizzato BJ01-S a base di HIV.

[WUHANGATE – 8. “SARS-2: virus OGM costruito con HIV”.](#) [Bio-ingegnere ex relatore NATO distrugge tesi “origine naturale”](#)

Inevitabile che mi tornino in mente le parole di Bricage in riferimento all'analisi del SARS-Cov-2 che, lo ribadiamo, non può essere ritenuto erede genetico di quello del 2007 appena descritto, mancando una comparazione molecolare, ma sarebbe stato creato in modo analogo secondo nove scienziati indiani e due francesi...

«[I cambiamenti osservati nelle sue sequenze proteiche \(3 inserti provenienti da HIV gp120 e 1 inserto da bavaglio dell'HIV\)](#) aumentano tutti la densità delle cariche positive sulla superficie di queste molecole. Tale cambiamento non casuale comporta l'uso di uno strumento software di ingegneria proteica per lo screening delle modifiche genetiche prima di eseguirle» ha scritto il bio-ingegner sul CoVid-19 dell'attuale pandemia.

4 – STRATAGENE, IL KIT PER MUTAZIONI GENETICHE

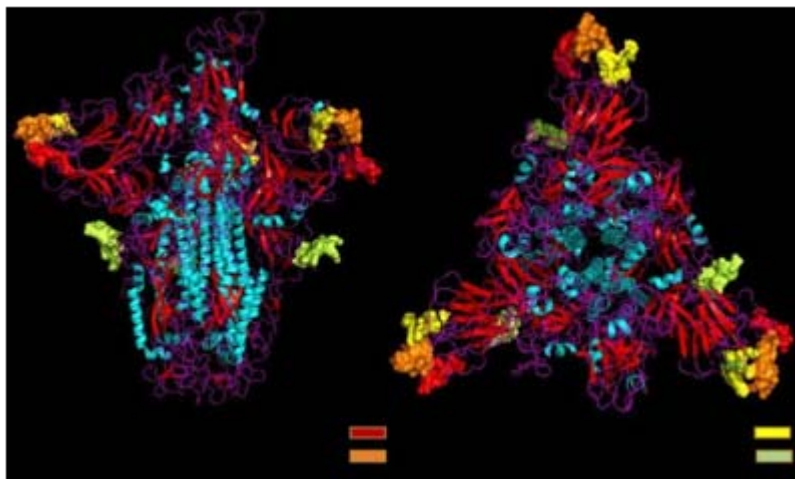
Almeno oggi sappiamo che quegli strumenti a Wuhan li avevano già nel lontano 2007 dove tra Potremmo concludere qui l'articolo ma sono interessanti le connessioni con altri studi.

Per arrivare fino alle scoperte di oggi mi sono arrossato gli occhi sul computer e sul tablet leggendo i titoli e sfogliando decine e decine di ricerche. Alla fine ho scoperto che molti segreti di biologia molecolare sono nelle note alla voce Materiali e Metodi: «gli pseudovirus a base di HIV sono stati preparati come precedentemente descritto (37)» si legge con un link che ci porta indietro nel tempo nella capitale della Cina.

La ricerca è del 2005, si intitola “[Identificazione Di Due Residui Di Aminoacidi Critici Della Grave Sindrome Respiratoria Acuta Proteina Spike Di Coronavirus Per La Sua Variazione Nella Transizione Del Tropismo Zoonotico Doppia strategia di sostituzione](#)” e ne citiamo solo un passaggio esemplificativo.

« I virus pseudotipati HIV-luc / SARS sono stati generati come descritto in precedenza (23, 24). In breve, 10 µg di pNL.4.3.Luc.E_R_ (HIV-luc) (25) e 10 µg del gene S o dei suoi plasmidi che esprimono mutanti sono stati co-trasfettati in 2 × 10⁶ 293T cellule mediante il metodo standard di precipitazione del fosfato di calcio (26). Plasmidi: i geni S mutanti sono stati generati dalla mutagenesi sito-diretta nel contesto dell'espressione plasmide pTSh (17, 23, 24), che contiene il gene BJ01 S umanizzato usando un kit QuikChange (Stratagene). Per costruire una serie di geni C-terminal Fc-S (aminoacidi 14–520), abbiamo amplificato le sequenze di codifica tra i residui N-terminale 14 e 520 della proteina S dal gene S a lunghezza intera e il corrispondente mutante S geni con primer: avanti 5_CGCGGATCCATGGATGCAATGAAGA-3_, retromarcia per 5_CCGGAATTCGATCAGGTCGGTGC-3_». Se volete giocare anche voi al piccolo chimico procuratevi uno Stratagene, un kit originale di mutagenesi QuikChange Site-Directed che viene utilizzato per effettuare mutazioni puntiformi, cambiare aminoacidi ed eliminare o inserire aminoacidi singoli o multipli.

Torniamo per un istante al SARS-Cov-2, il killer del 2020 descritto dal meticoloso professor Brice in riferimento alle sequenze che lui Montagnier e la Kuzuma School of Biology hanno identificato come HIV: «Nessuno di questi 4 inserti può derivare da una mutazione casuale a punto singolo. Questo tipo di mutazione di solito colpisce solo 1 aminoacido e non un modello proteico definito (una serie di aminoacidi specificamente modificati)».



Lo studio del Kuzuma School of Biology sulla glicoproteina Spike del virus 2019-nCoV. Gli inserti dell'HIV sono le perle colorate (rosso, arancio, giallo e verde), nel sito di legame della proteina.

Efficace lo Stratagene! Chissà cosa costa... Ma i cinesi per la tecnologia, si sa, non badano a spese soprattutto se come nel caso dello studio del 2005 appena citato il Dipartimento di Biologia cellulare e Genetica dell'Università di Pechino è stato supportato anche dal «Sixth

Framework Program “EPISARS” from the European Commission».

Lo stesso ateneo aveva anche condotto nel 2004 l'esperimento intitolato “[Espressione per clonazione del recettore funzionale utilizzato dal coronavirus SARS](#)”. «Quando il cDNA di ACE2 umano veniva trasdotto in cellule NIH3T3, l'ACE2 che esprimeva cellule NIH3T3 poteva essere infettato dallo pseudovirus HIV / SARS. Questi dati hanno dimostrato chiaramente che ACE2 era il recettore funzionale per SARS-CoV».

5 – VACCINAZIONE HIV GRAZIE ALL'INFLUENZA

Lasciamo per un momento la Cina e andiamo in Svizzera dove nel 2006 il Research Department del Kanton Hospital di Saint Gallen si mise alla ricerca di un “[vaccino multigene per l'HIV basato sul coronavirus](#)”.

«L'infezione da virus dell'immunodeficienza umana (HIV) rappresenta una delle principali minacce per la salute nei paesi in via di sviluppo. Il trattamento costoso di individui infetti con più farmaci anti-HIV altamente efficienti è accessibile solo nei paesi industrializzati. Pertanto, è necessaria un'efficace strategia di vaccinazione per prevenire l'ulteriore diffusione dell'infezione. La biologia molecolare dei coronavirus e le caratteristiche particolari del [coronavirus umano](#) 229E (HCoV 229E) indicano che i vettori di vaccini basati su HCoV 229E possono diventare una nuova classe di vaccini ad alta efficienza».

WUHANGATE – 2. HIV NEL CORONAVIRUS “BIO-ARMA”: le prove dallo studio indiano occultato misteriosamente

Questo studio, certamente pragmatico quanto agghiacciante, mi riporta alla mente una frase ironica del professore francese Bricage: «Non potremmo proteggerci dall'AIDS mentre rischiamo solo un semplice raffreddore? Cosa potrebbe esserci di più noioso e benigno di un raffreddore?» si è domandato nella sua ricerca il professore dopo aver evidenziato anche alcuni possibili effetti indesiderati che analizzeremo nel prossimo articolo.

Ma nello stesso anno il National Health Research Institutes, di Miaoli a Taiwan lavorò in direzione esattamente opposta: “Identificazione di candidati vaccinali sintetici contro l'infezione da SARS CoV” ma dentro c'è sempre lo pseudovirus SARS/HIV.

Ma la prima vera “Progettazione di ricombinante SARS-CoV a base di proteine per inibitori di ingresso destinati alle regioni con ripetizione dell'eptad del dominio S2 della proteina spike” è pubblicata nell'aprile 2005 dal Department of Molecular Virology dell'Accademia Cinese delle Scienze di Pechino che ha creato e potenziato il Wuhan Institute of Virology quale centro d'eccellenza.

Potremmo fermarci qui per dimostrare la falsità menzognera di quella comunità scientifica che ha dichiarato inverosimile e troppo laboriosa la possibilità di inserire sequenze di HIV nei SARS-Like. Ma non vogliamo fare torto al Lindsley F. Kimball Research Institute del New York Blood Center che nel 2005 ha sviluppato la ricerca per un vaccino basata sulla proteina ricombinante rOv-ASP-1 che si è rivelata un potente adiuvante «nei topi vaccinati con un peptide 37-mer della proteina S di SARS-CoV e un antigene polipeptidico chimerico HIV-1 gp120-CD4».

“Trasferimento di virus tra specie: implicazioni per l'uso di vettori virali nella ricerca biomedica, nella terapia genica e come vaccini per virus vivi” è l'eloquente titolo dello studio pubblicato nell'ottobre di quello stesso anno dal Centro OGM National Institute of Public Health and the Environment di Bilthoven (Netherlands). Ma tra tutti è l'unico “bioetico” e anche profetico perché si pone come obiettivo “la valutazione del rischio per l'attività” che gli altri danno ormai per scontato.

Ben più inquietante, invece, l'esperimento di biogenetica molecolare di quattro ricercatori della School of Life Sciences della Xiamen University nella provincia di Fujian in Cina focalizzato nel 2006 sulla “Preparazione di un RNA chimerico corazzato come calibratore versatile per analisi di più virus” dove come prova hanno «cercato di impacchettare direttamente una sequenza di RNA estranea lunga 1200 nucleotidi contenente frammenti genici di virus dell'epatite C (HCV), HIV-1, sindrome respiratoria acuta grave coronavirus 1 (SARS-CoV1) e SARS-CoV2 nel vettore di produzione dell'RNA corazzato originale pAR-1».

6 – ALTRE RICERCHE DI WUHAN COL PATOGENO AIDS

Nel 2009, invece, è di nuovo il Wuhan Institute of Virology a pubblicare uno studio “Differenza di immunogenicità tra il coronavirus SARS e le proteine del picco (S) del coronavirus simile al pipistrello SARS” in cui «l'immunogenicità della proteina SL-CoV S (S (SL)) è stata studiata e confrontata con quella della SARS-CoV (S (SARS)). L'immunizzazione del DNA nei topi con S (SL) ha suscitato un titolo elevato di anticorpi contro S (SL) pseudotipato da HIV. I sieri presentavano bassa reattività crociata, ma nessuna attività di neutralizzazione, per la S pseudotipata da HIV (SARS)».

Un'altra ricerca simile anche nel titolo viene pubblicata anche nel febbraio 2010 ed è diretta come tutte le altre da Shi Zhengli, la responsabile del Centro di Ricerca Malattie Infettive non a caso soprannominata in Cina “Bat Woman”.

*La responsabile del centro ricerche malattie infettive del Wuhan
Institute of Virology Shi Zhengli*



«Per ottenere informazioni sulla base di questa differenza, abbiamo istituito un sistema ricombinante di adenovirus che esprime la proteina S da SL-CoV (rAd-Rp3-S) per indagare sulla sua caratterizzazione immunitaria. L'anticorpo indotto da questi topi ha avuto una reazione crociata più debole con la proteina SARS-CoV S e non ha neutralizzato l'HIV pseudotipato con la proteina SARS-CoV S» si legge nelle carte.

La «[costruzione di materiale di riferimento basato su Lentivirus per la rilevazione RT-PCR della Sindrome Respiratoria Mediorientale Coronavirus](#)» è invece lo studio del settembre 2019 condotto dai virologi di Wuhan con i connazionali del Ningbo International Travel Healthcare Center.

«In questo studio, i frammenti di RNA di MERS-CoV, inclusi upE, ORF1b e N, sono stati impacchettati in particelle simili al virus dell'immunodeficienza umana di tipo 1 (HIV-1)» si legge

nell'Abstract in riferimento a un ceppo comunque differente rispetto a quello dei pipistrelli a ferro di cavallo del CoVid-19.

[WUHANGATE – 7. DOSSIER BIO-ARMII USA. I segreti dei 28 laboratori di Pentagono e Fauci: test pericolosi sui CoronaVirus](#)

Al di là dell'esito degli esperimenti e senza entrare nel merito delle sequenze specifiche quel che conta è la conclamata associazione tra il virus dell'AIDS e quelli del CoronaVirus proprio come i ricercatori indiani, Bricage e Montagnier sostengono sia avvenuto nel SARS-CoV-2. Il fatto che dal 2010 ci sia soltanto una ricerca pubblicata non è motivo di tranquillità ma anzi...

Basti ricordare, come dimostrato [nel dossier sui bio-laboratori del Pentagono del reportage WuhanGate 7](#), che il Lothar Salomon Test Facility di Dugway (Utah) ha tenuto la sua attività nascosta all'UNODA, Ufficio per gli Affari del Disarmo delle Nazioni Unite di Ginevra, in quanto nella relazione annuale Biological Weapons Convention 2015 nessuna relazione è stata resa disponibile "ai sensi della revisione della sicurezza e delle politiche della direttiva DoD 5230.09" del Dipartimento della Difesa americano sebbene nel centro militare siano condotti test anche con l'uso di virus e prioni grazie a un finanziamento da \$1,5 milioni.

[CORONAVIRUS – 10. IL COMLOTTO IN 100 RIGHE: DALLE BIO-ARMII CIA AL NUOVO ORDINE MONDIALE](#)

Oppure è sufficiente evidenziare che tra le righe dello studio 2007 di Wuhan «un MAb (Anticorpo Monoclonale) contro p24 dell'HIV è stato generato dal gruppo HIV dell'Istituto di virologia di Wuhan» c'è una rivelazione assai sospetta: "risultati non pubblicati".

Quelle ricerche pertanto sono state tenute ben segrete. Negli anni successivi, quando l'agenzia governativa [USAID della CIA ha cominciato a finanziare le ricerche a Wuhan](#), la parolina magica HIV è praticamente sparita dai pochi studi sulla SARS. Ma noi siamo riusciti a rintracciarla in mezzo ad esperimenti ancora più inquietanti sui supervirus "dual-use" vaccino-militare per il "guadagno di funzione".

Come abbiamo spiegato nel reportage Bio-Arma 9 questo termine è entrato nel lessico "proibito" dei

laboratori di biosicurezza BSL-4 solo a partire dal 2014 e indica un potenziamento di un agente patogeno in modo analogo, a livello concettuale, all'arricchimento dell'uranio per una testata nucleare. Con la tremenda differenza che è invisibile come l'attuale pandemia, come ricordato anche dal [video dell'US Navy sulla guerra batteriologica risalente al 1952](#).

[*Esclusivo! Video Desecretato US NAVY: GUERRA BIOLOGICA FIN DAL 1952*](#)

Proprio per questo è doveroso considerare anche la possibilità che il laboratorio cinese finito nel mirino dei media possa essere solo il capro espiatorio predestinato ad arte da un complotto ben più complesso.

Ciò ovviamente vorrebbe dire che SARS-CoV-2 è [davvero una bio-arma come sostengono sempre più esperti grazie a sempre maggiori indizi](#).

MAIN SOURCES

[GOSPA NEWS – INCHIESTE CORONA VIRUS](#)

[GOSPA NEWS – INCHIESTE LOBBY ARMI](#)

[RESEARCH GATE – BRICAGE ON SARS-COV-2](#)