

E gli USA crearono il virus di Wuhan

maurzioblondet.it/e-gli-usa-crearono-il-virus-di-wuhan/

Maurizio Blondet

5 febbraio 2023



da Zero Hedge

Tutto quello che c'è da sapere sulla fuga di notizie dal laboratorio (ma non ci è stato permesso di chiedere)

critto da Pat Fidopiastis tramite The Brownstone Institute.

Tra il 2014 e il 2019, i dollari delle tasse statunitensi sono stati incanalati al Wuhan Institute of Virology tramite EcoHealth Alliance. Dato che gli scienziati statunitensi hanno molte più competenze in virologia rispetto ai cinesi, ciò pone una domanda ovvia: quale tipo di ricerca sono stati pagati con i dollari delle tasse statunitensi a Wuhan, in Cina? La sorprendente affermazione del dottor Fauci in un'intervista potrebbe fornire la risposta breve a questa domanda: "Non vuoi andare a Hoboken, NJ o Fairfax, VA per studiare l'interfaccia pipistrello-uomo che potrebbe portare a un focolaio, quindi tu vai in Cina".

Dato quello che abbiamo sopportato negli ultimi tre anni, il commento di Fauci "quindi vai in Cina" suggerisce che non aveva considerato le implicazioni globali di un coronavirus altamente trasmissibile che fuoriesce da un laboratorio cinese afflitto da gravi problemi di sicurezza.

Non volendo ammettere che lui, EcoHealth Alliance e i loro collaboratori cinesi siano sospettati di uno dei più grandi crimini contro l'umanità, Fauci ha invece deciso di cospirare con il suo capo, Francis Collins, per dichiarare "fuga di laboratorio" una "cospirazione distruttiva" che deve essere "messo giù". Purtroppo, è chiaro che fin dall'inizio questi due illustri scienziati hanno preso una decisione sull'origine del virus senza prove da entrambe le parti del dibattito.

Ancora peggio, rinomati scienziati che si affidano a Fauci per i loro finanziamenti alla ricerca, timorosi di sanzioni imposte al lavoro della loro vita, si sono mobilitati attorno alla posizione “anti-fughe di laboratorio”. Una delle principali riviste scientifiche, *Science*, il cui pregiudizio politico è diventato molto evidente, ha tentato di fornire legittimità alla posizione di Fauci pubblicando un articolo di autori che sostenevano “prove dispositivo” che SARS-CoV-2 è emerso da un animale al mercato di Wuhan. Questo documento avrebbe “schiacciato” l’ ipotesi della fuga di laboratorio, nonostante lasciasse molto spazio al dibattito.

La buona notizia è che Big Tech, le riviste scientifiche e la maggior parte delle fonti dei media sono state costrette a smettere di censurare le prove contrarie quando hanno raggiunto la massa critica e hanno iniziato a diventare di dominio pubblico. Lungi dall’essere una “conspirazione”, ci sono molte prove che suggeriscono fortemente che SARS-CoV-2 sia un virus ingegnerizzato che si è diffuso da un laboratorio di virologia di Wuhan. Prima di entrare nelle prove che SARS-CoV-2 è stato progettato e trapeletato da un laboratorio, iniziamo un dibattito sulle “prove dispositivo” che SARS-CoV-2 è naturale ed è emerso dal mercato di Wuhan.

L’“ipotesi di origine del mercato” si basa su quattro premesse discutibili

La totalità delle “prove dispositivo” per l’origine del mercato citate dal Dr. Fauci e altri può essere riassunta come segue: 1) i “primi” casi presumibilmente vissuti vicino al mercato, 2) i “precoci” lignaggi di SARS-CoV-2 sarebbero stati associati al mercato, 3) al mercato sono stati venduti animali selvatici sensibili al COVID-19 e 4) nell’ambiente intorno al mercato sono stati trovati campioni positivi di SARS-CoV-2 presumibilmente “collegati a casi umani”. Per molte ragioni, alcune delle quali sono discusse qui, nessuna di queste prove è neanche lontanamente “dispositiva”. Questo è il motivo per cui i revisori hanno costretto gli autori a rimuovere la frase “prova dispositivo” come requisito per la pubblicazione.

I “primi casi” vivevano davvero vicino al mercato?

Il documento di *Science* si è basato su un rapporto congiunto Organizzazione mondiale della sanità (OMS)-Cina per definire i “casi precoci” come quelli verificatisi nel dicembre 2019. Tuttavia, il rapporto congiunto OMS-Cina afferma anche: “ *Sulla base dei dati sulla sequenza molecolare, i risultati ha suggerito che l’epidemia potrebbe essere iniziata nei mesi prima della metà di dicembre 2019.* ”

Questa affermazione sembra più in linea con altre prove che la pandemia è iniziata prima di dicembre 2019. Comunicazioni urgenti dai più alti livelli del governo cinese circolanti presso l’Istituto di virologia di Wuhan nel novembre 2019 riportavano una “situazione complessa e grave” al laboratorio. Questa “grave situazione” è stata l’inizio di una “fuga di laboratorio” SARS-CoV-2 che si è svolta in tempo reale, settimane prima che il resto del mondo venisse informato dell’imminente pandemia?

C'erano anche diversi rapporti dai media cinesi e persino dal venerabile *Lancet* che documentavano casi iniziali iniziati prima di dicembre 2019, così come prove di laboratorio di diffusione internazionale già a novembre 2019. Inoltre, non dovremmo essere allarmati dal fatto che un gruppo guidato da scienziati militari cinesi hanno richiesto un brevetto per il vaccino COVID-19 nel febbraio 2020?

Se i primi casi di COVID-19 si sono verificati davvero nel dicembre 2019, ciò significa che ricercatori militari cinesi inesperti sono riusciti in qualche modo a produrre un vaccino COVID-19 basato su una metodologia tradizionale e meno efficiente, in poco più di un mese. Per fare un confronto, il gigante dei vaccini Pfizer ha impiegato circa 9 mesi per produrre il proprio vaccino basato su una metodologia mRNA più efficiente. Individuare con precisione la vera data di inizio della pandemia ci consentirebbe di valutare quanto siano significativi i dati sui "casi iniziali". Se le prove compensative sono corrette e i casi che hanno preceduto il dicembre 2019 sono stati persi o ignorati, allora un set di dati che inizia a dicembre molto probabilmente porterebbe a conclusioni errate sull'origine della pandemia.

I "primi lignaggi dei virus" erano davvero associati al mercato?

Nella prova forse più chiara di un insabbiamento della scena del crimine, gli scienziati cinesi hanno rimosso silenziosamente dai database pubblici almeno 13 sequenze del genoma che rappresentano i primi ceppi di SARS-CoV-2. Non c'è alcun motivo legittimo per farlo. Fortunatamente, i file sono stati sottoposti a backup prima di essere rimossi, consentendo al Dr. Jesse Bloom di essere il primo a recuperarli da Google Cloud e ad analizzarli.

Questa è la prova che è improbabile che l' articolo di *Science* che molti hanno affermato di aver "schiacciato" la fuga di notizie dal laboratorio fosse pienamente rappresentativo dei virus che si stavano diffondendo all'inizio della pandemia. In aggiunta all'intrigo, uno degli autori dell'articolo su *Science* ha tentato di intimidire il dottor Bloom in modo che non pubblicasse le sue scoperte . Se le prove di un'origine naturale di SARS-CoV-2 sono così "dispositive", perché qualcuno dovrebbe sentire il bisogno di censurare un esperto come il dottor Bloom?

Gli animali sensibili al COVID-19 sono stati venduti al mercato ma nessuno è risultato positivo.

Alcuni degli animali trafficati al mercato erano stati sperimentalmente infettati da SARS-CoV-2 nei laboratori o ritenuti teoricamente suscettibili in base alla presenza di recettori compatibili. Tuttavia, il rapporto OMS-Cina ha rivelato che nessuno dei 457 campioni prelevati da 188 animali sul mercato è risultato positivo al SARS-CoV-2. Una critica a questi risultati negativi è che il mercato è stato "sottocampionato". La pandemia di SARS-CoV-1 del 2003-2004 si è diffusa in tutto il mondo causando circa 8.000 infezioni documentate, provocando circa 800 morti. Gli scienziati cinesi si sono mobilitati immediatamente e nel giro di pochi mesi hanno scoperto un virus identico che si trova naturalmente negli zibetti delle palme venduti nei mercati cinesi.

Eppure eccoci qui, tre anni dopo, migliaia di altri animali sono stati campionati, milioni di sequenze genomiche analizzate e nulla di simile a SARS-CoV-2 deve ancora essere rilevato in natura. Perché?

I campioni ambientali positivi trovati al mercato sono stati prelevati troppo tardi per dedurre l'origine del virus

Sul mercato sono stati rilevati campioni ambientali positivi al SARS-CoV-2. Tuttavia, i campioni sono stati prelevati tra gennaio e marzo 2020. A gennaio, il virus si stava probabilmente diffondendo a Wuhan da più di un mese e si era già diffuso a livello internazionale, quindi quanto possiamo dedurre da questi campioni prelevati dal mercato pesantemente trafficato, settimane dopo l'inizio della pandemia? Infatti, concludono i responsabili della raccolta dei campioni, "il mercato potrebbe aver agito da amplificatore per l'elevato numero di visitatori giornalieri".

In altre parole, molto probabilmente le persone infette sono entrate nel mercato affollato e hanno diffuso il virus. È da notare che molti dei campioni positivi provenivano da bancarelle in cui venivano venduti "prodotti acquatici", frutti di mare e verdure. Nessuno di questi prodotti potrebbe essere un serbatoio naturale per SARS-CoV-2. In effetti, il rapporto OMS-Cina conclude che molti dei campioni ambientali riflettono la "contaminazione da casi" (cioè persone infette) data l'ampia diffusione del virus a quel punto.

Quella che segue è una revisione di alcune delle prove di laboratorio e circostanziali a sostegno della "fuga di laboratorio". Si spera che questa analisi getti le basi per una discussione onesta e ponderata, portando a una vera comprensione dell'origine della SARS-CoV-2. Se non possiamo avere onestà, come ridurremo mai al minimo le possibilità che ciò accada di nuovo?

I primi ceppi di SARS-CoV-2 erano adattati in modo innaturale all'uomo

L'ipotesi dell'"origine naturale" sostiene che SARS-CoV-2 si sia trasmesso all'uomo da un animale nel dicembre 2019. Un virus che è passato così di recente all'uomo da un animale non dovrebbe legarsi alle cellule umane con un'affinità maggiore rispetto all'ospite animale da cui è venuto da. Tuttavia, all'inizio della pandemia, il laboratorio del Dr. Nikolai Petrovsky ha fatto la sorprendente scoperta che i primi ceppi conosciuti di SARS-CoV-2 erano adattati in modo innaturale all'uomo.

In effetti, questi ceppi hanno mostrato la massima affinità per i recettori delle cellule umane rispetto ai recettori di pipistrelli, pangolini e circa undici altri animali noti per ospitare coronavirus. Il dottor Petrovsky ha presentato questa importante ricerca a una rivista di alto livello, *Nature*, nell'agosto 2020. In un eclatante esempio di censura, *Nature* ha ritardato la pubblicazione dell'articolo fino a giugno 2021, in corrispondenza di quando il dottor Fauci ha finalmente ammesso che una fuga di notizie di laboratorio avrebbe potuto avviare il pandemia.

C'era una motivazione finanziaria e una metodologia consolidata per la creazione di virus pandemici

Una proposta di sovvenzione respinta del 2018 presentata a DARPA che include i collaboratori di EcoHealth Alliance e Wuhan Institute of Virology (WIV) ci fornisce informazioni sufficienti per capire la motivazione e la metodologia che probabilmente hanno creato SARS-CoV-2. L'obiettivo principale della sovvenzione era creare un "inventario completo" di coronavirus simili alla SARS prelevati da diverse grotte di pipistrelli in Cina.

Quella che segue è una versione semplificata del flusso di lavoro proposto dai ricercatori:

1) aggiungere le proteine spike di questi nuovi coronavirus di pipistrello a un nucleo di coronavirus di pipistrello simile alla SARS precedentemente caratterizzato e inserire modifiche genetiche per aumentare le proteine per una maggiore infettività, se necessario, 2) infettare i topi "umanizzati" con questi virus prodotti in laboratorio, 3) contrassegnare i virus chimerici in grado di infettare i topi come potenziali ceppi pandemici e 4) preparare vaccini proteici "spike" da questi potenziali ceppi pandemici e usarli per "immunizzare" i pipistrelli nelle grotte (Fig. 1).

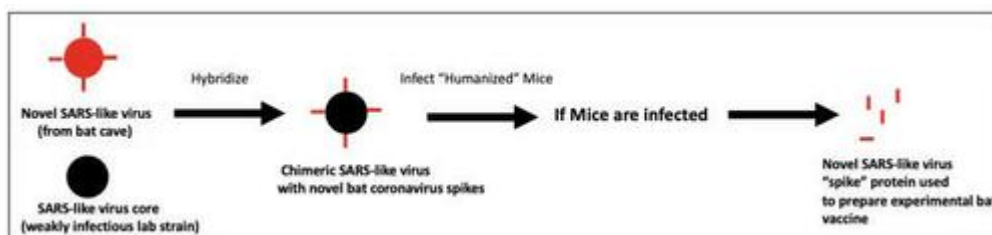


Fig. 1. Metodologia di ricerca rischiosa utilizzata da EcoHealth Alliance, WIV e dai loro collaboratori per tentare di creare vaccini per pipistrelli. Non c'è modo di conoscere in anticipo il potenziale pandemico di virus simili alla SARS innaturali e chimerici creati in questo flusso di lavoro.

Gli autori della proposta DARPA discutono dell'importanza della scissione della proteina spike da parte di enzimi umani come la furina nella capacità dei coronavirus di diffondersi in modo ottimale e diventare ceppi pandemici. In particolare, hanno proposto di inserire "siti di scissione specifici per l'uomo" (ad esempio, sito di scissione della furina, FCS) nelle proteine spike prive dei siti di scissione funzionali e quindi "valutare il potenziale di crescita" dei virus modificati nelle cellule umane.

Hanno inoltre proposto di modificare i siti di clivaggio in virus simili alla SARS altamente abbondanti ea basso rischio prelevati dalle caverne dei pipistrelli cinesi. Questi studi sono proprio il tipo di lavoro che potrebbe creare accidentalmente o intenzionalmente virus pandemici. Sebbene la proposta affermi che il lavoro sui virus chimerici sarebbe svolto presso l'Università della Carolina del Nord, per stessa ammissione di Fauci, "non posso garantire tutto ciò che sta accadendo nel laboratorio di Wuhan, non possiamo farlo". Inoltre, ogni volta che viene presentata una proposta così grande (ad esempio, una richiesta di 14 milioni di dollari), gran parte del lavoro sarà già stato svolto in anticipo per fornire la "prova di concetto" necessaria per influenzare i revisori.

L'unico sito di scissione della furina in SARS-CoV-2 è la prova dell'ingegneria genetica

Molti coronavirus naturali contengono un FCS, quindi perché un FCS in SARS-CoV-2 è così sospetto? La risposta è che i genomi di migliaia di coronavirus di centinaia di animali diversi sono stati sequenziati ed è chiaro che solo i lontani parenti di SARS-CoV-2 hanno una FCS (vedi Fig. 1A, Tabella 1).

Il fratello più vicino conosciuto di SARS-CoV-2, un coronavirus di pipistrello chiamato RaTG13, nella migliore delle ipotesi infetta debolmente le cellule umane e manca di FCS. SARS-CoV è un altro fratello di SARS-CoV-2 e, come tutti gli altri fratelli conosciuti, manca anche di un FCS. Senza un FCS, SARS-CoV-1 si è diffuso in tutto il mondo nel 2003-2004, ma è svanito dopo aver infettato circa 8.000 persone. Un confronto del breve tratto di aminoacidi nella proteina spike rivela chiaramente la FCS mancante in questi fratelli SARS-CoV-2 (Fig. 2).

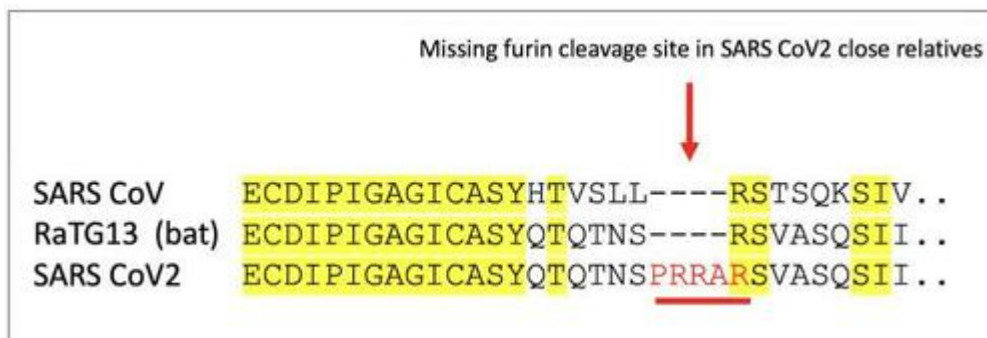


Fig. 2. Confronto tra gli aminoacidi della proteina spike parziale che mostrano la FCS di SARS-CoV-2 (cioè "PRRAR") e la mancanza di FCS in due dei suoi fratelli. Lettere diverse rappresentano aminoacidi unici. Gli aminoacidi identici in tutti e tre i virus sono evidenziati in giallo; le linee tratteggiate indicano l'FCS mancante.

Il codice genetico unico del sito di clivaggio della furina SARS-CoV-2 è la prova dell'ingegneria genetica

Nei coronavirus, il progetto per assemblare proteine come i picchi di superficie necessari per l'infezione si trova nel loro genoma di RNA. La sequenza genomica specifica che codifica la FCS breve e importantissima all'interno del picco SARS-CoV-2 è: CCU CGG CGG GCA CGU. Ogni bit di codice di tre lettere (cioè, codone) indica l'amminoacido specifico da utilizzare nella costruzione dell'FCS. Pertanto, CCU codifica "P" (per prolina), CGG codifica "R" (per arginina), GCA codifica "A" (per alanina) e CGU codifica anche "R".

Come puoi vedere, c'è ridondanza nel codice genetico (ad esempio, ci sono sei diversi codoni che un virus può usare per codificare l'arginina). La strana caratteristica del SARS-CoV-2 FCS sono i doppi codoni CGG. In effetti, CGG è uno dei codoni più rari nei coronavirus umani, eppure si dà il caso che ce ne siano due uno accanto all'altro nella FCS, una delle sequenze più importanti nelle intere 29.903 "lettere" che compongono il SARS-CoV-2 genoma.

In effetti, questi sono gli unici due codoni CGG delle 3.822 “lettere” che codificano la proteina spike SARS-CoV-2 e sono l’unico caso di un doppietto CGG-CGG in uno dei parenti più stretti di SARS-CoV-2. In particolare, un FCS ricco di arginina migliora la capacità dei coronavirus di infettare le cellule. A questo punto, non dovrebbe sorprendere nessuno che i codoni CGG siano il codice preferito dagli ingegneri genetici che desiderano produrre una proteina contenente arginina nelle cellule umane. È difficile negare che il CGG-CGG nel SARS-CoV-2 FCS sia una prova a livello di “pistola fumante” di manomissione genetica.

I siti di taglio sospetti nel genoma SARS-CoV-2 sono la prova dell’ingegneria genetica

Un metodo per creare virus chimerici utilizza enzimi specializzati nel taglio del genoma chiamati “endonucleasi”. Le endonucleasi possono essere utilizzate per tagliare i genomi dei virus in punti specifici, quindi i pezzi possono essere strategicamente ricombinati per creare virus chimerici. I siti tagliati sono distribuiti in modo casuale nei genomi dei virus naturali, ma possono essere inseriti o rimossi con precisione dagli scienziati per creare virus chimerici in laboratorio. BsmBI e Bsal sono due esempi di endonucleasi che i coautori della sovvenzione DARPA hanno utilizzato in lavori precedenti per creare coronavirus chimerici.

Quando presente, la distribuzione dei siti di taglio BsmBI e Bsal nei virus isolati dalla natura (ad es. SARS-CoV-1) è distribuita in modo casuale in tutto il genoma. Nel frattempo, la distribuzione dei siti di taglio in SARS-CoV-2 sembra essere non casuale e suggerisce una manipolazione genetica in laboratorio (Fig. 3). Curiosamente, uno studio precedente che ha coinvolto EcoHealth Alliance ha descritto l’inserimento di due siti di taglio Bsal in un coronavirus di pipistrello chiamato “WIV1” (vale a dire, Wuhan Institute of Virology 1), consentendo agli scienziati di apportare modifiche alla proteina spike (vedi S9 Fig. Sostituzione della punta strategia).

Due siti di taglio Bsal possono essere trovati nel genoma SARS-CoV-2 (Fig. 3) nella stessa posizione dei siti di taglio Bsal progettati in WIV1 nel 2017. Le probabilità astronomiche di questa coincidenza non possono essere sopravvalutate. Secondo gli autori, “i siti Bsal o BsmBI sono stati introdotti nel [spike]. Quindi qualsiasi picco potrebbe essere sostituito nel genoma di [WIV1 ingegnerizzato in laboratorio] attraverso questa strategia . La stessa strategia potrebbe essere stata utilizzata nella costruzione di quello che sarebbe diventato il genoma SARS-CoV-2.

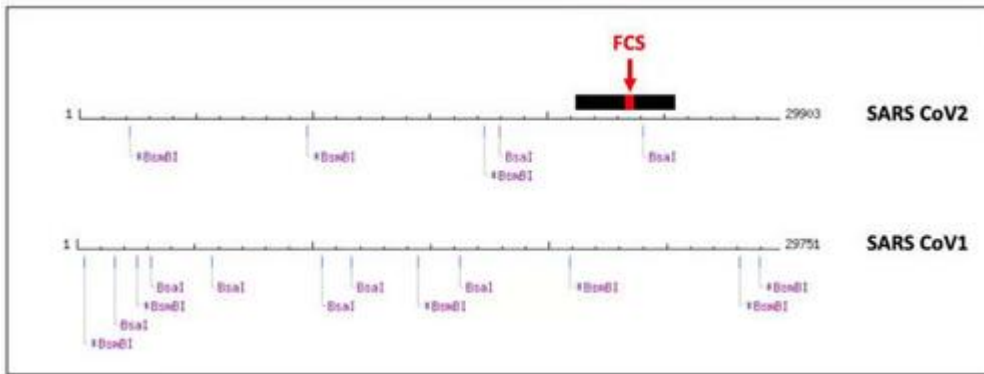


Fig. 3. Distribuzione dei siti di taglio BsmBI e BsaI nei genomi dei due virus SARS pandemici. SARS-CoV-1 è un virus naturale con siti di taglio distribuiti in modo casuale, mentre la distribuzione dei siti di taglio nel genoma di SARS-CoV-2 sembra non essere casuale. La barra nera rappresenta la posizione del gene spike; la regione FCS è evidenziata in rosso. BsaI può essere utilizzato per eliminare e sostituire la maggior parte del picco SARS-CoV-2, incluso FCS, per alterare l'infettività del virus.

Forti prove circostanziali supportano l'ipotesi della perdita di laboratorio

A tre anni dall'inizio dell'attuale pandemia, con migliaia di animali campionati e milioni di sequenze di genomi analizzati, in natura non è stato trovato nulla di simile a SARS-CoV-2. In netto contrasto con il 2003-2004, la prima risposta della Cina al COVID-19 è stata la "scomparsa" di scienziati e giornalisti, l'offuscamento e il trasferimento della colpa per l'inizio della pandemia su tutto, dall'esercito americano al pesce congelato importato. Questo è esattamente il tipo di comportamento che ci si potrebbe aspettare da un colpevole.

Nessuno (tranne forse il disonesto governo cinese) ha mai negato che l'epicentro della pandemia di COVID-19 sia Wuhan, in Cina. Ma quali sono le probabilità che un focolaio così esplosivo abbia avuto origine nel mercato di Wuhan? Questo è solo un mercato su circa 40.000 mercati sparsi per la Cina, e si trova a pochi chilometri da un laboratorio che nel 2017 è diventato il primo laboratorio di virologia ad alta sicurezza sulla Cina continentale.

Qui, una controargomentazione è che SARS-CoV-1 è stata una naturale ricaduta da un mercato, quindi c'è la precedenza. Ma anche il molto meno trasmissibile SARS-CoV-1, non molto tempo dopo essere stato portato in laboratorio per essere studiato, alla fine è "trapelato" con conseguenze fatali.

L'origine della SARS-CoV-2 è la questione più importante della pandemia, con implicazioni che si estendono in modo esponenziale oltre il punteggio politico. All'inizio della pandemia, persino la rivista *Nature* lanciava l'allarme sul ruolo crescente che l'esercito cinese ha svolto nella ricerca biomedica segreta in Cina. Eppure, tre anni dopo tutto ciò che abbiamo è l'offuscamento dalla Cina e Fauci e

niente di nemmeno vicino a un antenato naturale di SARS-CoV-2. Durante la pandemia, le persone hanno ripetuto a pappagallo frasi vuote come “Segui la scienza” senza seguire veramente la scienza.

Quindi, facciamolo, “seguiamo la scienza” (e la logica), perché le prove genetiche e circostanziali per la fuga di dati dal laboratorio sono impossibili da negare per qualsiasi persona ragionevole.

* * *

Pat Fidopiastis è Professore di Microbiologia presso la California Polytechnic State University,