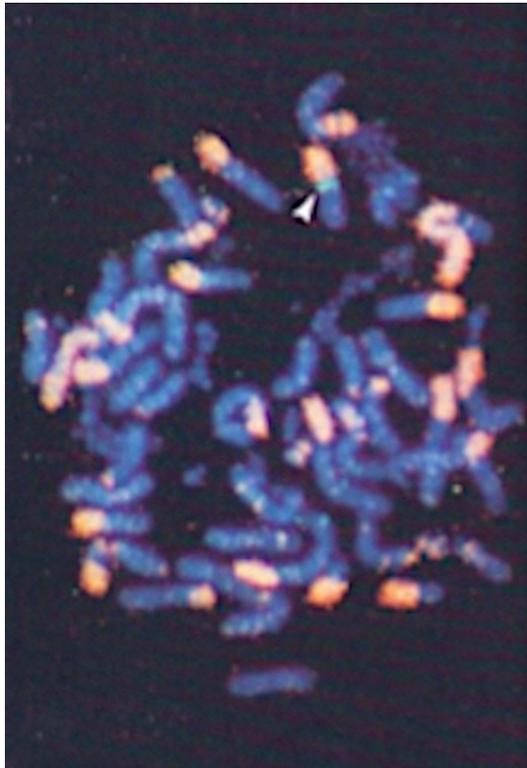


# “SARS-COV-2 E VACCINI MODIFICANO IL DNA UMANO. Enorme Esperimento sulla Popolazione”. Studio Incubo di Genetista Tedesco su Science Direct

gospanews.net/2021/09/26/sars-cov-2-e-vaccini-modificano-il-dna-umano-enorme-esperimento-sulla-popolazione-studio-incubo-di-genetista-tesesco-su-science-direct/

26 Settembre 2021



Prof. Dr. med. Walter Doerfler



FRIEDRICH-ALEXANDER  
UNIVERSITÄT  
ERLANGEN-NÜRNBERG



Leopoldina  
Nationale Akademie  
der Wissenschaften

Adenoviral Vector DNA- and SARS-CoV-2 mRNA-Based Covid-19 Vaccines: Possible Integration into the Human Genome - Are Adenoviral Genes Expressed in Vector-based Vaccines?

Walter Doerfler<sup>a,b,\*</sup>

<sup>a</sup> Institute of Genetics, University of Cologne, D-50674 Cologne, Germany

<sup>b</sup> Institute for Virology, Friedrich-Alexander University (FAU) Erlangen-Nürnberg, D-91054 Erlangen, Germany

#### ARTICLE INFO

##### Keywords:

Adenovirus DNA integration into mammalian genomes  
adenovirus vector DNA integration into human genome  
expression of adenoviral genes in vector DNA  
adenovirus vector DNA & RNA-based SARS-CoV-2 vaccines  
epigenetic consequences of foreign DNA integration  
retrotranscription of SARS-CoV-2 RNA into DNA

#### ABSTRACT

Vigorous vaccination programs against SARS-CoV-2-causing Covid-19 are the major chance pandemic. The currently administered vaccines depend on adenovirus DNA vectors or on that might become reverse transcribed into DNA, however infrequently. In some societies, sensitized against the potential short- or long-term side effects of foreign DNA being injected into laboratory, the fate of foreign DNA in mammalian (human) cells and organisms has been investigated. In this review, a summary of the results obtained will be presented. This synopsis evolutionary context of retrotransposon insertions into pre-human genomes millions of years ago and the evolutionary context of retrotransposon insertions into pre-human genomes millions of years ago will be described. Actual integration of viral DNA molecules and DNA will likely be chance events whose frequency and epigenetic consequences cannot be assessed. The review also addresses problems of remaining adenoviral gene expression

di Fabio Giuseppe Carlo Carisio

«La popolazione umana attualmente partecipa all’esposizione al DNA estraneo in un enorme esperimento. Dopo il completamento delle vaccinazioni in tutto il mondo, dovrebbe essere istituito un programma sentinella post-vaccinazione per monitorare l’esacerbazione di disturbi umani inaspettati, forse nuovi, negli individui vaccinati».

Sono queste le amare conclusioni dello studio di uno scienziato tedesco pubblicato di recente su Science Direct (Virus Research302(2021)198466) dal titolo inequivocabile “Vaccini Covid-19 basati sul vettore adenovirale e SARS-CoV-2 basati su mRNA: possibile integrazione nel genoma umano – I geni adenovirali sono espressi nei vaccini basati su vettori?”.

Il punto di domanda serve ad esprimere “cautela” ma è riferito solo alla seconda parte del titolo in quanto la ricerca condotta dal dottor Walter Doerfler, Medical Doctor e professore emerito dell’Istituto di Genetica dell’Università di Colonia e docente ospite dell’Istituto di Virologia dell’Università Friedrich-Alexander (FAU) Erlangen-Nürnberg di Erlangen, entrambe in Germania, non lascia adito a dubbi rivelando però anche qualcosa di mostruoso finora mai emerso con chiarezza dagli studi scientifici.

Non solo conferma che l'intera umanità è diventata cavia involontaria dei vaccini sperimentali, adenovirali con DNA vettoriale umano/scimpanzè o a base di RNA messaggero, come già velatamente sostenuto da altri due studi accademici realizzati in Cina e negli USA e pubblicati con risalto solo da Gospa News.

Ma rimarca anche una circostanza tale da far assumere connotati da incubo al Covid-19 e al virus che ha scatenato la pandemia e che sarebbe stato creato in laboratorio, secondo molteplici esperti di virologia ed intelligence militare focalizzata sulle armi batteriologiche.

### Prof. Dr. med. Walter Doerfler



FRIEDRICH-ALEXANDER  
UNIVERSITÄT  
ERLANGEN-NÜRNBERG



Leopoldina  
Nationale Akademie  
der Wissenschaften

Il professor Walter Doerfler

«L'RNA di SARS-CoV-2 o suoi segmenti, come il gene spike, può essere retrotrascritto dalle trascrittasi inverse codificate da LINE-1 o da altri fattori, e il DNA così sintetizzato può integrarsi a frequenze e posizioni sconosciute nel genomi dei vaccinati. Naturalmente, lo stesso vale per tutte le infezioni da SARS-CoV-2. Pertanto, il rischio di eventi di integrazione indesiderati delle trascrizioni inverse dell'RNA SARS-CoV-2 in caso di infezioni da SARS-CoV-2 sembra simile a quello della vaccinazione con il vaccino Covid-19 a base di mRNA».

Questa clamorosa affermazione di Doerfler è stata inserita nelle “note aggiuntive di revisione” insieme ad altre considerazioni di dirompente portata che si concentrano soprattutto per enfatizzare la pericolosità dei vaccini genici a vettore adenovirale (AstraZeneca, Johnson&Johnson e Sputnik V tra gli altri) mentre di fatto cerca di sminuire quella degli altri a mRNA (Pfizer e Moderna), comparandola ai rischi dello stesso ceppo di Coronavirus della pandemia.



## Adenoviral Vector DNA- and SARS-CoV-2 mRNA-Based Covid-19 Vaccines: Possible Integration into the Human Genome - Are Adenoviral Genes Expressed in Vector-based Vaccines?

Walter Doerfler<sup>a,b,\*</sup>

<sup>a</sup> Institute of Genetics, University of Cologne, D-50674 Cologne, Germany

<sup>b</sup> Institute for Virology, Friedrich-Alexander University (FAU) Erlangen-Nürnberg, D-91054 Erlangen, Germany

### ARTICLE INFO

#### Keywords:

Adenovirus DNA integration into mammalian genomes  
adenovirus vector DNA integration into human genome  
expression of adenoviral genes in vector DNA  
adenovirus vector DNA & RNA-based SARS-CoV-2 vaccines  
epigenetic consequences of foreign DNA integration  
retrotranscription of SARS-CoV-2 RNA into DNA

### ABSTRACT

Vigorous vaccination programs against SARS-CoV-2-causing Covid-19 are the major chance to fight this dreadful pandemic. The currently administered vaccines depend on adenovirus DNA vectors or on SARS-CoV-2 mRNA that might become reverse transcribed into DNA, however infrequently. In some societies, people have become sensitized against the potential short- or long-term side effects of foreign DNA being injected into humans. In my laboratory, the fate of foreign DNA in mammalian (human) cells and organisms has been investigated for many years. In this review, a summary of the results obtained will be presented. This synopsis has been put in the evolutionary context of retrotransposon insertions into pre-human genomes millions of years ago. In addition, studies on adenovirus vector-based DNA, on the fate of food-ingested DNA as well as the long-term persistence of SARS-CoV-2 RNA/DNA will be described. Actual integration of viral DNA molecules and of adenovirus vector DNA will likely be chance events whose frequency and epigenetic consequences cannot with certainty be assessed. The review also addresses problems of remaining adenoviral gene expression in adenovirus-based vectors and their role in side effects of vaccines. Eventually, it will come down to weighing the possible risks of genomic insertions of vaccine-associated foreign DNA and unknown levels of vector-carried adenoviral gene expression versus protection against the dangers of Covid-19. A decision in favor of vaccination against life-threatening disease appears prudent. Informing the public about the complexities of biology will be a reliable guide when having to reach personal decisions about vaccinations.

La prima pagina dello studio del professor Walter Doerfler pubblicato su Science Direct – link al fondo dell'articolo

«Le particelle di adenovirus probabilmente vengono assorbite dalle cellule del sistema linfatico e del fegato e il loro DNA verrà trasportato ai nuclei delle cellule. In questa recensione, sono state presentate le prove per l'inserimento del DNA di adenovirus nei genomi del ricevente e le sue conseguenze (nota i)» scrive lo scienziato.

«I vaccini basati sul vettore di adenovirus possono portare all'integrazione del DNA di adenovirus a frequenza sconosciuta e con conseguenze epigenetiche imprevedibili. È concepibile che gli effetti epigenetici possano essere notati solo anni dopo la vaccinazione (nota ii)».

«I geni adenovirali ancora presenti nel DNA vettore dell'adenovirus potrebbero diventare trans-attivati da fattori cellulari e portare a reazioni di memoria immunitaria variabili individualmente che sono vissute dai vaccinati come sintomi transitori post-vaccinazione. Gli esiti fatali dovuti a reazioni immunitarie estreme sono stati fortunatamente eventi molto rari (ii)».

Nel suo sommario introduttivo il professore tedesco di Genetica conferma i rischi di alterazione genomica derivanti dai vaccini presi in esame a RNA messaggero (Pfizer-Biontech e Moderna) e con vettori adenovirali (soprattutto in relazione a quello di AstraZeneca con vettore di scimpanzè, cui dedica un intero paragrafo) ma, forse per non

essere aggredito dalla comunità scientifica PRO-VAX e dai regimi governativi e mediatici che la sostengono, presenta la somministrazione dei sieri antiCovid come l'unica soluzione possibile.

Pertanto anch'egli volutamente ignora le cure integrative preventive (vitamina D, quercetina, geranio del Sudafrica usato già contro la TBC) e le molteplici efficaci terapie domiciliari (cortisone, antibiotici, idrossiclorichina, ivermectina ecc) oggetto di una raffica di denunce alla magistratura depositate in tutta Italia, sulla base di quella pilota del biologo Franco Trinca e dell'avvocato Alessandro Fusillo, contro le autorità sanitarie e ministeriali che non le hanno inserite nelle linee guida (basate solo su vigile attesa e paracetamolo) .

«L'effettiva integrazione delle molecole di DNA virale e del DNA vettore di adenovirus saranno probabilmente eventi casuali la cui frequenza e le cui conseguenze epigenetiche non possono essere valutate con certezza. La revisione affronta anche i problemi dell'espressione genica adenovirale residua nei vettori a base di adenovirali e il loro ruolo negli effetti collaterali dei vaccini. Alla fine, si scenderà a soppesare i possibili rischi di inserimenti genomici di DNA estraneo associato al vaccino e livelli sconosciuti di espressione genica adenovirale trasportata da vettori rispetto alla protezione contro i pericoli di Covid-19» scrive Doerfler in relazione agli effetti indesiderati nel tempo esprimendo la stessa cinica pacatezza del Dottor Stranamore nel capolavoro di Stanley Kubrick in merito a una guerra mondiale nucleare.

Per “conseguenze epigenetiche” si intendono tutte quelle alterazioni geniche che non derivano da una modifica sostanziale del DNA. «Una decisione a favore della vaccinazione contro le malattie potenzialmente letali appare prudente. Informare il pubblico sulle complessità della biologia sarà una guida affidabile quando si devono prendere decisioni personali sulle vaccinazioni».

#### LA LEGITTIMA PAURA A VACCINARSI

Fatte queste premesse lo scienziato spezza una lancia in favore degli scettici che temono questa nuova tipologia di vaccini genici molto più di quelli del passato. Tale paura risulta più che mai giustificata dalla recente analisi statistica prodotta dalla virologa americana Jessica Rose durante il Comitato Consultivo della Food and Drug Administration in cui si segnala che i sieri antiCovid nel 2021 hanno fatto registrare un incremento delle reazioni avverse del 1000% rispetto a tutti i vaccini utilizzati negli ultimi 10 anni negli USA.

«In alcune società, le persone si sono sensibilizzate contro i potenziali effetti collaterali a breve o lungo termine dell'iniezione di DNA estraneo negli esseri umani. Molti dei vaccini attualmente approvati contro la SARS-Coronavirus-2 (AstraZeneca/Oxford University, Janssen COVID-19 Vaccine di Johnson & Johnson e Sputnik V) si basano su vettori di DNA di adenovirus come vettori per le informazioni genetiche per SARS-COV-2 glicoproteina spike. I vaccini prodotti da BioNTech/Pfizer o Moderna contengono l'RNA messaggero (mRNA) per la sintesi di questa proteina. Dopo l'iniezione del vaccino, l'mRNA attiverà direttamente la sintesi della proteina spike virale nei vaccinati».

«Pertanto, l'interesse pubblico per il destino del DNA estraneo (adenovirale o SARS-CoV-2 a trascrizione inversa) nelle cellule e negli organismi di mammiferi (umani) è diventato acuto e diffuso. Le preoccupazioni delle persone sono state espresse in incontri personali occasionali come: "il vaccino entra nei miei geni"? L'autore sostiene il concetto che il pubblico ha diritto a tutte le informazioni scientifiche su questi temi. Il resoconto qui presentato di precedenti lavori sperimentali sull'integrazione del DNA estraneo e le sue conseguenze fornirà un utile aggiornamento su questi temi di interesse pubblico» choisa Doerfler.

Prima di entrare ancora più nel merito delle analisi del genetista tedesco è doveroso sintetizzare quali sono le due clamorose affermazioni che ha fatto finora.

- Tutti i vaccini genici contro il Covid-19 possono alterare il corredo genomico di un individuo con conseguenze ignote alla scienza e potenzialmente pericolose.**
- Questo rischio sarebbe però "compensato" dal fatto che anche il SARS-Cov-2 attraverso la proteina killer Spike ha la medesima facoltà.**

Alla luce di questa seconda espressione assume pertanto una valenza fondamentale la verifica della presunta origine artificiale del virus della pandemia che, secondo molteplici studi, è stato costruito in laboratorio con guadagno di funzione, ovvero potenziamento di carica virale per finalità "dual use" vaccino o bioarma militare, dopo anni di esperimenti in Cina e negli Usa finanziati da Bill Gates e Anthony Fauci, sponsor anche delle stesse Big Pharma che hanno sviluppato i vaccini.

Ma per almeno 12 altri virologi, tra cui il virologo francese Luc Montagnier, nobel per la Medicina, e il suo connazionale bio-ingegnere Pierre Bricage, ex consulente NATO, è stato potenziato con l'innesto di sequenze dell'agente patogeno HIV/AIDS, come peraltro avvenuto fin dal 2004 negli esperimenti sul SARS del 2003 presso il Wuhan Institute of Virology, grazie ai finanziamenti della Commissione Europea presieduta da Romano Prodi, partner politico di George Soros che ha invece investito sulla Big Pharma americana Gilead, unica azienda farmaceutica ad avere un antivirale efficace contro il Covid-19 già pronto nelle prime settimane di scoppio della pandemia.

Ma tralasciamo le questioni di geopolitica e conflitti d'interesse di cui abbiamo scritto nelle 41 inchieste del ciclo WuhanGates (in parte riassunte nel libro) e vediamo le ulteriori rivelazioni del ricercatore teutonico. *Per gli addetti ai lavori la traduzione integrale in Italiano della ricerca pubblicata in Inglese si trova nel link in fondo alla pagina (con tutti i limiti di una traduzione automatica non revisionata a differenza delle frasi espunte per questo articolo).*

#### IMPOSSIBILE PREVEDERE LE ALTERAZIONI GENOMICHE

«Le possibili sequele a lungo termine del DNA del vettore adenovirale o dell'integrazione dell'RNA messaggero SARS-CoV-2 a trascrizione inversa per la funzionalità e la sopravvivenza delle cellule transgeniche vettoriali non possono essere previste con certezza nei singoli casi. Tuttavia, in questa fase della pandemia di Covid-19, le nostre

attività dovranno essere concentrate sulla lotta alla pandemia con vaccini adeguati e future misure terapeutiche» insiste Doerfler introducendo poi la “Sinossi delle analisi precedenti”.

«Il lavoro su e con i vettori di adenovirus si basa sull’affermazione non dimostrata che questi vettori sono sicuri perché il DNA di adenovirus “non si integrerebbe” nei genomi delle cellule riceventi. Non ci sono prove concrete per questa interpretazione. Quindi, la seguente sinossi del nostro lavoro e di quello di altri mette in discussione questa nozione (Doerfler et al., 1984)» sentenzia il genetista smentendo mesi di dichiarazioni spergiure di molteplici soloni della comunità scientifica al soldo delle Big Pharma dei vaccini.

«I problemi incontrati nelle procedure terapeutiche geniche del passato (Samanathan et al, 2020) e attualmente con i vaccini SARS-CoV-2 basati su vettori di adenovirus richiederanno un’approfondita rivalutazione degli svantaggi che comportano i sistemi di vettori di adenovirus. Naturalmente, il destino del DNA adenovirale intatto e quello del DNA vettore parzialmente difettoso è diverso per alcuni aspetti, sebbene entrambi siano soggetti agli stessi meccanismi di ricombinazione integrativa cellulare. Inoltre, le quantità di DNA vettore di adenovirus somministrate nei programmi di vaccinazione (circa 2,5  $\mu$ ) sono inferiori a quelle nelle procedure di terapia genica. Si pensa che il DNA vettore dell’adenovirus raggiunga principalmente le cellule del fegato (Stephen et al, 2010) e probabilmente penetri anche nelle cellule del sistema immunitario».

Supposizioni mai esternate da alcuno dei garanti medici o politici della sicurezza dei vaccini genici. Per brevità saltiamo tutta la parte sugli esperimenti riferita al paragrafo 3.1 dal titolo “Adenovirus tipo 12 genomi nel tumore del criceto e nelle cellule trasformate” perché sarebbe comunque eccessivamente tecnica. Passiamo al punto 3.6 “Conseguenze dell’integrazione di DNA estraneo per genomi cellulari”

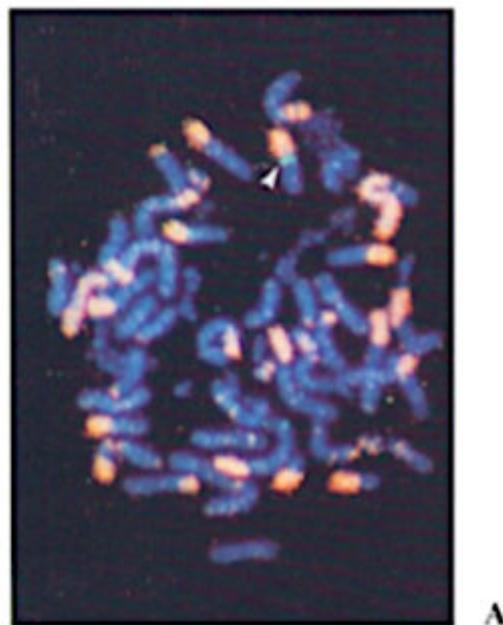
«È stato spesso sostenuto che l’integrazione di DNA estraneo nei genomi dell’ospite potrebbe portare alla distruzione dei geni nel cromosoma ospite e quindi potrebbero verificarsi mutazioni. Indubbiamente, questa è una possibilità che è stata effettivamente descritta in alcuni casi. Tuttavia, considerando che il genoma umano trasporta l’1,1% di esoni, il 24% di introni e il 75% di DNA intergenico (Venter et al. 2001), l’integrazione di DNA estraneo ha una probabilità di circa 1/100 di colpire geni funzionali. Al contrario, nelle nostre analisi delle conseguenze dell’inserimento di DNA estraneo, abbiamo posto l’accento sul ruolo degli effetti epigenetici che coinvolgono siti sia vicini che lontani dal locus di integrazione (vedi sotto). Questo aspetto delle sequele dell’integrazione del DNA estraneo è stato oggetto di precedenti lavori del nostro laboratorio (Heller et al, 1995; Weber et a., 2015, 2016; Doerfler et al, 2018)».

#### IL RUOLO DEL DNA NELLE MALATTIE

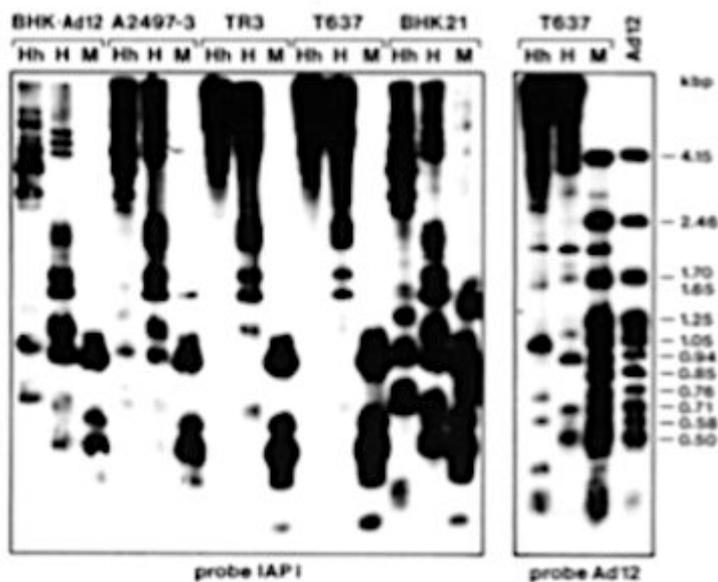
«Nei siti di inserimento del DNA virale, il livello di metilazione del DNA CpG nel DNA cellulare adiacente è diminuito. Quindi l’integrazione di DNA estraneo è stata in grado di alterare i segnali epigenetici del DNA cellulare in cis, immediatamente nel sito di inserimento (Lichtenberg et al. 1988)». In chimica e scienze biologiche per metilazione si intende in chimica per definire l’addizione o la sostituzione di un gruppo metile su vari substrati.

«È importante sottolineare che negli esperimenti descritti in Fig. 1B, l'effetto transgenomico sui profili di metilazione IAP CpG non dipendeva dalla continua presenza dei transgenomi Ad12 ma persisteva nella linea cellulare TR3, sebbene avesse perso tutti i precedenti genomi Ad12 integrati (Fig. 1B; Heller et al. 1995). Quindi non si può sostenere che la mancanza di trovare genomi di adenovirus, ad es. nelle cellule tumorali umane o nelle cellule di individui con disturbi cronici, implicherebbe necessariamente che l'integrazione del DNA dell'adenovirus o di qualsiasi altro DNA estraneo non abbia giocato un ruolo importante nella patogenesi di queste malattie. La persistenza del DNA transgenomico non è un presupposto necessario per il mantenimento degli effetti trans, ad es. qui dello stato trasformato dei genomi e delle cellule riceventi [meccanismo mordi e fuggi]».

W. Doerfler



A



B

«Per ulteriori indagini sugli effetti trans epigenetici nelle cellule umane transgenomiche, è stata avviata la seguente serie di esperimenti pilota. In linee clonali di cellule umane transgenomiche per un plasmide batterico di 5,6 kbp, i modelli di trascrizione e metilazione di CpG sono stati confrontati tra cloni cellulari transgenomici e non transgenomici utilizzando sistemi di microarray di chip genici. Nel 4,7% dei 28.869 segmenti genici analizzati, le attività trascrizionali sono state regolate in modo differenziato verso l'alto o verso il basso nei cloni transgenomici. La profilazione dell'intero genoma ha dimostrato una metilazione differenziale in 3791 di >480.000 siti CpG che sono stati esaminati in cloni cellulari transgenomici rispetto a quelli non transgenomici. Questi dati hanno indicato che l'inserimento di DNA estraneo in un genoma umano stabilito può alterare notevolmente la metilazione del DNA CpG cellulare e i profili di trascrizione. In effetti, sembravano essersi evoluti diversi tipi di cellule (Weber et al. 2015; Doerfler et al. 2018). Consideriamo questi effetti epigenetici dell'inserimento di DNA estraneo di grande importanza poiché riguardano la stabilità epigenetica e la funzione dell'intero genoma (umano). Poiché molti approcci sperimentali in biologia e medicina ricorrono allo studio di cellule o organismi transgenomici, gli effetti epigenetici spesso insospettiti sulla scia dell'inserimento di DNA estraneo dovranno essere presi in considerazione in un'interpretazione realistica dei dati sperimentali».

In poche parole il genetista evidenzia la necessità di ulteriori studi come fece la ricercatrice Alana F. Ogata del Dipartimento di Patologia del Brigham and Women's Hospital, Boston (Massachusetts, USA) che auspicò invece approfondimenti sul comportamento delle citochine T poiché «la produzione di proteine spike e S1 dal vaccino mRNA-1273 è significativa e non è stata ancora descritta in nessuno studio sui vaccini, probabilmente a causa delle limitazioni nella sensibilità del dosaggio e nella valutazione dei tempi. La rilevanza clinica di questo risultato è sconosciuta e dovrebbe essere ulteriormente esplorata».

«Studi recenti sui cambiamenti delle citochine in pazienti infetti da SARS-CoV-2 hanno anche osservato una maggiore secrezione di citochine Th2, che potrebbe contribuire all'immunopatologia polmonare. Pertanto, il controllo della risposta delle cellule T deve essere considerato quando si progettano vaccini contro SARS-CoV-2» sosteneva invece la ricerca di due università della Cina evidenziando che i maggiori rischi derivavano proprio dai vaccini a RNA messaggero.

Ma torniamo alla ricerca tedesca in cui il professor Doerfler evidenzia un altro aspetto rilevante: «L'effetto trans sopra descritto sembrava essere specifico, in quanto non interessava tutte le parti del genoma umano. I profili di metilazione nelle sequenze retrovirali umane endogene (HERV), che costituiscono circa l'8% del genoma umano, sono rimasti inalterati negli stessi cloni cellulari (Weber et al. 2016) che hanno rivelato distinti cambiamenti di metilazione in altre parti dei loro genomi (Weber et al. 2015). I modelli di metilazione del DNA dell'HERV nelle cellule transgeniche e di controllo esposte agli stessi protocolli sperimentali erano quasi identici (Weber et al. 2016)».

Nel capitolo 3.7 "Integrazione del vettore DNA dell'adenovirus" lo scienziato cita il laboratorio di Stefan Kochanek presso l'Università di Ulm in Germania che «ha condotto uno studio pilota per indagare se il DNA del vettore di adenovirus potesse integrarsi

cromosomicamente a seguito del trasferimento genico mediato dal vettore di adenovirus nei topi [Stephen et al. 2010]. I vettori di adenovirus carenti di replicazione che trasportano diversi transgeni sono stati iniettati per via endovenosa nei topi».

Ebbene: «Nella valutazione di questi risultati gli autori hanno suggerito che la frequenza della ricombinazione del DNA del vettore adenovirale eterologo con il genoma ricevente fosse paragonabile a quella delle mutazioni spontanee nelle cellule di mammifero. Naturalmente, è una questione aperta quali fattori inducano “mutazioni spontanee”. Tra le altre cause, la ricombinazione del DNA umano con DNA estraneo potrebbe svolgere un ruolo importante nella generazione di mutazioni spontanee. Infine, la quantità di DNA del vettore di adenovirus confezionato con virione che viene abitualmente somministrato per via intramuscolare, ad es. con il vaccino AstraZeneca (50×10<sup>9</sup> virioni per dose di vaccino, equivalenti a circa 2,5 µg di DNA vettore di adenovirus per dose), è inferiore a quello di molti regimi di terapia genica».

“IL SARS-COV-2 MINACCIA IL GENOMA UMANO”

Al paragrafo 3.8 ecco un altro cruciale quesito “RNA SARS-CoV-2 retrotrascritto e integrato nel genoma?” La risposta viene lasciata a precedenti studi.

«Motivato dai rapporti sulla diffusione prolungata dell’RNA SARS-CoV-2 e sui continui test RT-PCR positivi tra i sopravvissuti a Covid-19, Zhang et al. ha studiato se l’RNA di SARS-CoV-2 potesse essere retrotrascritto in DNA che a sua volta potrebbe integrarsi nel genoma dell’ospite e continuare a essere trascritto nell’RNA (Zhang et al., 2021)».

«Mediante analisi della sequenza nucleotidica, gli autori hanno osservato copie di DNA SARS-CoV-2 nei genomi di circa il 10-20% dei pazienti Covid-19. Questo DNA SARS-CoV-2 era affiancato da duplicazioni del sito bersaglio e sequenze di riconoscimento dell’endonucleasi LINE-1 di consenso. Queste ultime due caratteristiche non sono state sempre osservate. Quindi erano concepibili anche meccanismi indipendenti da LINE-1 per l’integrazione del DNA di SARS-CoV-2. È stato sottolineato che sono state trovate integrate solo parti subgenomiche del DNA di SARS-CoV-2».

«Questo tipo di integrazione preclude la possibilità che il virus infettivo venga prodotto da coloro che trasportano DNA virale SARS-CoV-2 frammentato. Le parti integrate del DNA di SARS-CoV-2 sono state frequentemente trascritte. Gli autori hanno concluso che l’infezione da SARS-CoV-2 potrebbe portare alla sintesi di trascrittasi inverse codificate da retrotrasposoni LINE-1 endogene. Questi enzimi hanno generato retrotrascrizioni del DNA. Forse solo frammenti di questo DNA sono stati inseriti nei genomi umani e trascritti nell’RNA SARS-CoV-2. Questa scoperta potrebbe avere implicazioni nel contesto delle sequele a lungo termine delle infezioni da SARS-CoV-2 per i genomi dei pazienti Covid-19. Inoltre, i vaccini a base di RNA, secondo quanto riferito, impiegati con successo in tutto il mondo dovranno essere esaminati anche in questo senso».

Ecco la conferma della pericolosità del virus, diventato così aggressivo proprio perché si ritiene sia stato costruito in laboratorio (questa è una mia considerazione dopo le inchieste di Gospa News) e, come sostenuto dal genetista molecolare Bricage in un suo

studio, potenziato con differenti calibrazioni di HIV/AIDS tali da renderlo poco, mediamente o molto letale.

VETTORE DIFETTOSO COI GENI DI SCIMPANZE' NEL VACCINO FATALE

Un paragrafo a parte (3.9) è stato interamente dedicato ai “Commenti sul vettore adenovirus scimpanzé utilizzato nel vaccino AstraZeneca SARS-CoV-2 ChAdOx1” già rinominato Vaxzevria dopo i continui aggiornamenti del folietto illustrativo per i molteplici casi di trombosi anche letali.

«I dettagli sulla struttura e sulla trascrizione della spina dorsale virale del vettore adenovirus scimpanzé che è stato utilizzato nella progettazione del vaccino AstraZeneca SARS-CoV-2 ChAdOx1, sono stati recentemente pubblicati (Almuqrin et al. 2021). In questo vettore, una parte non specificata della regione E1 del genoma adenovirale è stata sostituita dalla sequenza codificante della proteina spike SARS-CoV-2. Quindi il costruito vettoriale è difettoso nella replicazione. L'espressione della glicoproteina spike SARS-CoV-2 nel costruito vettoriale è stata posta sotto il controllo del promotore CMV [citomegalovirus] sensibile a Tet (Loew et al. 2010), uno dei forti promotori eucariotici. Il vettore, tuttavia, trasporta ancora 28 kbp, in particolare dei geni adenovirus tardivi degli scimpanzé (Almuqrin et al. 2021). La loro attività trascrizionale potrebbe essere ancora sotto il controllo remoto dei segmenti della regione E1 che probabilmente sono rimasti nel costruito. A seconda della linea cellulare umana che è stata infettata dal controllo con il vettore, i geni della spina dorsale virale adenovirale sono stati trovati espressi a diversi livelli. Al momento non è noto quali geni dell'adenovirus dello scimpanzé siano effettivamente espressi nei vaccinati umani e come i profili di espressione adenovirale varino tra i diversi destinatari del vaccino. Finora, il contributo causale dei prodotti del gene tardivo adenovirale agli effetti collaterali del vaccino che sono stati osservati in tutto il mondo, non è stato studiato e non può essere escluso. Quindi, oltre ai possibili problemi a lungo termine derivanti dall'uso di vettori adenovirali dovuti alla loro integrazione e alle sequele epigenetiche (vedi sopra), i vettori adenovirus rimangono problematici poiché esprimono ancora prodotti genici virali (Almuqrin et al. 2021) il cui ruolo nel suscitare pericolosi effetti collaterali nei vaccinati umani non è stata valutata in modo critico».

Senza entrare ulteriormente nello specifico pare che anche lo studio del genetista tedesco abbia espresso la bocciatura del vaccino di AstraZeneca, già eliminato dalla Commissione Europea nella programmazione degli acquisti per il 2022. E' pertanto probabile che resterà in uso nel Regno Unito, dove è stato creato nello Jenner Institute di Oxford University, e sarà utilizzato nei vari brevetti concessi ai paesi di influenza britannica come l'India.

Ciò determinerà molti affari ridotti per il Park Science di Pomezia (Roma) dove la società Avents srl ha prodotto proprio il vettore adenovirale di scimpanzé, anche grazie ai finanziamenti ricevuti negli anni dalla Regione Lazio del governatore Nicola Zingaretti (ex segretario nazionale del Partito Democratico). Probabilmente proprio per questi manifesti interessi politici il Ministro della Salute Roberto Speranza, nonostante i ripetuti decessi per casi di trombosi, ha difeso e continua a difendere il vaccino di AstraZeneca...

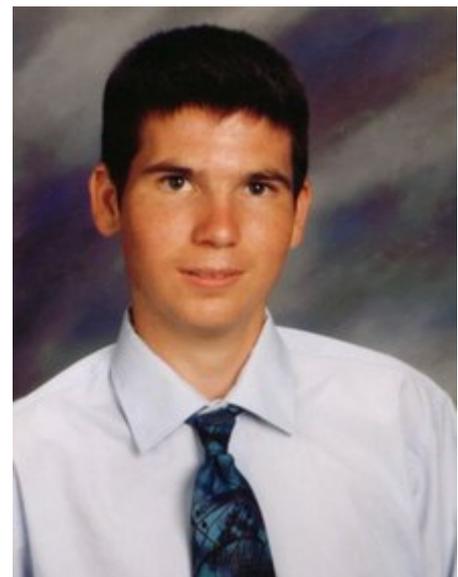
Si legge ancora nella ricerca dello scienziato tedesco: «Non sono state presentate informazioni sull'entità e sulla natura dell'espressione del gene adenovirale ChAdOx1 nei vaccinati umani. Le omologie a sequenza breve in questi geni ChAdOx1 con i geni dell'adenovirus umano potrebbero essere sufficienti per suscitare risposte immunitarie di memoria nei vaccinati con forza diversa individualmente. Quest'ultimo potrebbe essere accentuato nei giovani che sono ancora più vicini alle loro esperienze infantili con le infezioni adenovirali umane. Le giovani donne che forniscono la maggior parte dell'assistenza ai pazienti e agli anziani nella società potrebbero quindi essere colpite in modo preferenziale da queste reazioni immunologiche eccessive, quindi questi vaccinati potrebbero essere colpiti più frequentemente da reazioni avverse alla vaccinazione. Il motivo per cui i trombociti dovrebbero essere specificamente presi di mira da questo tipo di risposte immunitarie della memoria resta da indagare».

#### IL GRAVE INCIDENTE STORICO SUGLI ADENOVIRUS

Ma il dottor Walter Doerfler va anche più a fondo e lancia l'allarme sull'intera categoria dei vaccini a base di vettori adenovirali.

«In questo contesto sarà d'obbligo ricordare che la trombocitopenia è stata riscontrata anche nei riceventi di costrutti adenovirus-vettoriali nel corso di applicazioni terapeutiche geniche (Lopez-Gordo et al, 2017). I ricercatori che lavorano sui vettori adenovirali sono stati a conoscenza dell'incidente di Jesse Gelsinger nel 1999 []. A quel tempo, un maschio di 18 anni che soffriva di una malattia metabolica genetica legata all'X, deficit di ornitina transcarbamilasi del fegato, fu il primo destinatario di un regime terapeutico genico basato sul vettore adenovirale e morì pochi giorni dopo l'applicazione del adenovirus ricombinante. I possibili fattori coinvolti nell'esito fatale sono stati studiati al momento, ma non è stato possibile identificare chiaramente. L'incidente ha interrotto per lungo tempo l'uso di vettori di adenovirus nella terapia genica».

Ma precisa il professore: «Naturalmente, il vettore di adenovirus umano di tipo 5 (Ad5) che è stato impiegato nella misura terapeutica genica del 1999 non può essere direttamente confrontato con il vettore di adenovirus di scimpanzé utilizzato nel vaccino SARS-CoV-2 nel 2021. I vettori derivati da Ad5 sono, tuttavia, parte di altri vaccini SARS-CoV-2. Pertanto, è necessario prestare estrema cautela quando si iniettano vettori adenovirali nell'uomo. Si spera che le esperienze catastrofiche del passato non riemergano con i vettori di oggi che, tuttavia, non sono poi così diversi da quelli problematici più vecchi. A lungo termine e dopo una più attenta considerazione, i vaccini convenzionali basati sulla proteina spike ricombinante avrebbero potuto essere una scelta più sicura».



La morte di Jesse Gelsinger nel 10999 interruppe per anni le sperimentazioni sui vaccini adenovirali

LE INCREDIBILI CONCLUSIONI DELLO STUDIO... PRO-VAX!

«Questa breve recensione è stata presentata qui per facilitare una discussione indipendente e più equilibrata sui potenziali rischi dovuti alla presenza di DNA vettore adenovirus (AstraZeneca, Johnson & Johnson, Sputnik V e altri) o RNA SARS-CoV-2 (BioNTech/Pfizer, Moderna) nei vaccini che dovrebbero proteggere dal Covid-19. Naturalmente, le iniezioni di vaccini basati su vettori nel muscolo deltoide umano sono una questione diversa dai rari eventi casuali che portano a eventi di ricombinazione tra DNA estraneo e umano nei sistemi sperimentali come descritto sopra. Inoltre, al momento non è possibile valutare realisticamente né il tipo né la frequenza delle conseguenze di eventi di integrazione di vettori rari».

«Al contrario, i risultati recentemente pubblicati sui benefici della protezione contro il Covid-19 offerti dai vaccini BioNTech/Pfizer sono incoraggianti (Dagan et al. 2021). Certo, il giudizio è ancora sospeso su quanto uno qualsiasi dei vaccini proteggerà contro le nuove varianti SARS-CoV-2 più pericolose dal Regno Unito, Sud Africa, Brasile, India (ora denominate  $\alpha$ ,  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $\delta$ , rispettivamente) o contro varianti sconosciute che potrebbero sorgere in futuro dati i livelli scarsamente controllati di replicazione virale in tutto il mondo (Weber et al., 2021). Infine, ignoriamo la protezione vaccinale contro lo sviluppo di sintomi prolungati e ad insorgenza tardiva di Covid-19».

«Le informazioni presentate in questa recensione aiuteranno i futuri vaccinati a valutare una valutazione del rischio rispetto al beneficio, vale a dire gli eventi di integrazione del vettore adenovirus o del DNA della trascrizione inversa dell'RNA SARS-CoV-2 a bassa frequenza rispetto, si spera, all'elevata efficacia e protezione del vaccino. Inoltre, poiché l'infezione da SARS-CoV-2 di per sé può essere associata all'integrazione delle trascrizioni inverse dell'RNA virale (Zhang et al., 2021), questa serie di eventi potrebbe diventare inevitabile in qualsiasi infezione da SARS-CoV-2» afferma il genetista che non tentenna di fronte alla sua teoria PRO-VAX nemmeno dopo aver scritto cose assolutamente inquietanti.

Sebbene «la misura in cui i prodotti del gene adenovirale potrebbero essere co-espressi con la glicoproteina spike SARS-CoV-2 dopo l'iniezione di un vaccino vettoriale nei muscoli deltoidei umani rimane non studiata», come sostenuto dalla dottoressa Ogata, e «al momento non possiamo misurarne i possibili effetti sull'organismo umano, se effettivamente espressi» il dottor Doerfler esprime un parere favorevole alla sperimentazione massiva per l'umanità da lui esplicitamente ammessa nelle note aggiuntive (da noi citate nell'incipit dell'articolo).

«Osservazioni cliniche su risultati positivi di lunga durata del test RT-PCR che implicano l'integrazione del DNA SARS-CoV-2 nel genoma umano nel corso di alcuni casi di Covid-19, rendono irrealistiche le apprensioni sugli eventi di integrazione associati al vaccino, se confrontati con l'auspicato per i benefici della vaccinazione contro il Covid-19. La popolazione umana del 2021 affronta una crisi biomedica di dimensioni senza precedenti, negli ultimi tempi, e dovrà accettare le migliori contromisure attualmente disponibili contro il Covid-19: la vaccinazione».

Sinceramente, caro professor Doerfler, proprio dopo aver letto la sua accurata quanto inquietante ricerca l'ultimo pensiero di chi sta scrivendo questo articolo sarà quello di acconsentire a diventare cavia per un vaccino visto che, come lei ha ben evidenziato nelle note aggiuntive al studio, «La popolazione umana attualmente partecipa all'esposizione al DNA estraneo in un enorme esperimento».

Se per favorire il più colossale esperimento sanitario e sociale della storia umana siamo chiamati a diventare "cavie" come i criceti, incrementando così i 33 miliardi di dollari di guadagni di Pfizer, non a caso sponsor del presidente USA Joseph Biden in campagna elettorale in un macroscopico conflitto di interessi sulla pelle dei cittadini americani, pretendiamo in primis il diritto di sceglierlo liberamente e, nel caso di accettazione, almeno un milione di euro a testa per rischiare la morte immediata o la futura salute della nostre vite.

***Per conoscere tutti i retroscena nei dettagli acquista il libro WuhanGates...***

**Fabio Giuseppe Carlo Carisio**

© COPYRIGHT GOSPA NEWS

*divieto di riproduzione senza autorizzazione*

*seguì **Gospa News su Telegram***

---

MAIN SOURCES

GOSPA NEWS – WUHANGATES REPORTAGE

GOSPA NEWS – INCHIESTE CORONA VIRUS

WALTER DOERFLER – IL PDF DELLA RICERCA ORIGINALE IN INGLESE

WALTER DORFLER – IL PDF DELLA RICERCA INTEGRALE IN ITALIANO

(Visited 1.973 times, 1.973 visits today)