

Tuszowanie KORONY: Dziesiątki próbek testowych z najwcześniejszych potwierdzonych przypadków koronawirusa usuniętych z bazy danych NIH



[Stwierdzono, że](#) dziesiątki próbek testowych od najwcześniejszych potwierdzonych pacjentów z koronawirusem (COVID-19) w Wuhan w Chinach [zostały usunięte](#) z bazy danych *Narodowego Instytutu Zdrowia* (NIH) wykorzystywanej do śledzenia rozwoju SARS-CoV-2.

Pliki mogły dostarczyć istotnych wskazówek na temat powstania wirusa i czasu jego rozprzestrzeniania się przed wybuchem w grudniu 2019 r.

Jesse Bloom, wirusolog z Fred Hutchinson Cancer Research Center w Seattle, zauważył usunięcie i udało mu się odzyskać część danych. Powiedział, że wierzy, że Chiny usunęły pliki, aby „zaciemnić ich istnienie”.

Czterdzieści pięć pozytywnych próbek zostało pierwotnie przesłanych do archiwum odczytu sekwencji NIH przez [Uniwersytet Wuhan](#) w marcu 2020 r.

Próbki zostały opublikowane w ramach badania dotyczącego

diagnozowania pacjentów z COVID za pomocą testów PCR – zaledwie kilka dni przed wydaniem przez rząd chiński nakazu zatwierdzenia publikacji wszystkich danych dotyczących koronawirusa.

Bloom zauważył, że wszystkie 45 próbek zostało od tego czasu pobrane z bazy danych, bez „żadnego wiarygodnego naukowego powodu”. Szczegóły zatuszowania opisał w artykule naukowym zatytułowanym „Odzyskiwanie usuniętych danych z głębokiego sekwencjonowania rzuca więcej światła na wczesną epidemię SARS-CoV-2 w Wuhan”.

NIH potwierdził, że sekwencje zostały usunięte w czerwcu 2020 r. na prośbę badacza, który pierwotnie przedstawił je w marcu 2020 r., i powiedział, że zezwalanie na to jest standardową praktyką.

Wiadomość o chińskiej próbie zatuszowania śladów wirusa pojawiła się pośród narastającego podejrzenia, że SARS-CoV-2 mógł przypadkowo wycieknąć z laboratorium bezpieczeństwa biologicznego wysokiego poziomu w Wuhan – uznanym punkcie zerowym pandemii.

Odzyskane próbki wykazują różnice genetyczne w stosunku do wirusa, który rozprzestrzenił się na całym świecie

Bloom był w stanie [częściowo odzyskać 13 usuniętych próbek za pomocą Google Cloud](#) i przystąpił do sekwencjonowania wirusów. Zauważył kilka różnic genetycznych między szczepami w usuniętych próbkach a wirusem, który ostatecznie rozprzestrzenił się na całym świecie.

Wirusolog powiedział, że większość odzyskanych danych sugeruje, że wirus krążył na długo przed oficjalnym harmonogramem Chin.

Odkrył, że wczesne próbki wirusa były bardziej rozwinięte, niż można by się spodziewać po patogenie, który niedawno

przeskoczył ze zwierząt na ludzi – ale nie powiedział, że nadało to większej wagi teorii wycieku z laboratorium.

„To badanie nie dostarcza żadnych dodatkowych mocnych dowodów na korzyść naturalnej choroby odzwierzęcej lub wypadku laboratoryjnego” – powiedział Bloom w e-mailu do *CNN*.

„Pokazuje raczej, że istnieją dodatkowe sekwencje ze stosunkowo wczesnego wybuchu epidemii, które są wciąż nieznane, a w niektórych przypadkach mają mutacje, które sugerują, że prawdopodobnie są ewolucyjnie starsze niż wirusy z 'mokrego targu' w Huanan”.

Bloom odkrył, że te wirusy mają trzy dodatkowe mutacje, których brakuje w próbkach SARS-CoV-2 pobranych kilka tygodni później. Te późniejsze wirusy [bardziej przypominają koronawirusy znalezione u nietoperzy](#). „Są o trzy kroki bardziej podobne do koronawirusów nietoperzy niż wirusy z Huanan” – powiedział Bloom.

Ustalenia Blooma sugerują, że COVID rozprzestrzenił się przed grudniem 2019 r.

W wątku na Twitterze opisującym swoje odkrycia Bloom napisał: „Chociaż wydarzenia, które doprowadziły do pojawienia się #SARSCoV2 w Wuhan, są niejasne (zoonoza a wypadek w laboratorium), wszyscy zgadzają się, że głębokimi przodkami są koronawirusy nietoperzy.

„Dlatego spodziewaliśmy się, że pierwsze sekwencje #SARSCoV2 będą bardziej podobne do koronawirusów nietoperzy, a ponieważ #SARSCoV2 będzie dalej ewoluował, stanie się bardziej odmienny od tych przodków. Ale tak nie jest!

„Zamiast tego wczesne wirusy Huanan Seafood Market #SARSCoV2 różnią się bardziej od koronawirusów nietoperzy niż wirusy #SARSCoV2 zebrane później w Chinach, a nawet w innych krajach”.

Brytyjscy eksperci komentujący badanie powiedzieli, że potwierdziły od dawna podejrzania, że COVID rozprzestrzenił się przed grudniem 2019 r. Ostrzegali również, że podkreślono wady w dochodzeniu Światowej Organizacji Zdrowia w sprawie pochodzenia COVID, które jest uważnie nadzorowane przez Chiny.

„Badanie dodatkowo potwierdza fakt, że wirus krążył w Wuhan przed grudniową epidemią” – powiedział *MailOnline* Lawrence Young, biolog molekularny z [University of Warwick](https://www.ox.ac.uk/).

„To tylko pokazuje, jak ważne jest zrozumienie wczesnego rozprzestrzeniania się wirusa, a każde przyszłe dochodzenie naprawdę musi poważnie przyjrzeć się całej sprawie. Szczególnie niepokojące jest to, że kluczowe dane zostały przesłane, a następnie usunięte. To dziwne zachowanie.

Źródła:

[DailyMail.co.uk](https://www.dailymail.co.uk/)

[9News.com.pl](https://www.9news.com.au/)

[NYTimes.com](https://www.nytimes.com/)

Artykuł przetłumaczono z: [naturalnews.com](https://www.naturalnews.com/)

**Miesiąc przed wybuchem
epidemii COVID, Fauci i
Moderna wysłały „kandydatów**

do szczepienia przeciwko koronawirusowi mRNA” do lekarza połączonego z laboratorium Wuhan



[Dokumenty pokazują](#), że NIH Anthony Fauciego i gigant farmaceutyczny Moderna podzielili się „kandydatami na szczepienia preparatem mRNA przeciwko koronawirusowi” z ekspertem, który [był mentorem 'kobiety nietoperz' z Wuhan](#) i „[pomógł przetestować szczepionkę przeciw COVID](#)” ponad miesiąc przed zidentyfikowaniem COVID-19.

Dokumenty pierwotnie opublikowane przez [Axios w](#) zeszłym roku ujawniają, że rząd USA i Moderna połączyły siły, aby wysłać umowy o transferze materiałów do najlepszych specjalistów na kilka dni przed wyciekiem COVID-19 w Wuhan w Chinach.

Umowa przeniesienia została podpisana przez wiele stron w dniach 12-19 grudnia 2019 roku.

Według oficjalnej narracji Światowa Organizacja Zdrowia (WHO) dowiedziała się o wybuchu zapalenia płuc w mieście Wuhan 31 grudnia 2019 r.

Dopiero 9 stycznia 2020 r. [WHO wydała oficjalne oświadczenie](#) dotyczące nowego koronawirusa znalezione u pacjenta w szpitalu w Wuhan.

Jeden z sygnatariuszy umowy transferowej, dr Ralph Baric z UNC

Chapel Hill, ma niezwykle bliskie związki z Instytutem Wirusologii w Wuhan.

W formularzu transferu materiału Fauciego i Moderny proszą Baric o „przeprowadzenie badań prowokacyjnych ze szczepionką mRNA w (zredagowanym) modelu, jak opisano w Dowodzie A”.

PUBLIC HEALTH SERVICE

MATERIAL TRANSFER AGREEMENT

This Material Transfer Agreement (“MTA”) has been adopted for use by the National Institutes of Health, the Food and Drug Administration and the Centers for Disease Control and Prevention, collectively referred to herein as the Public Health Service (“PHS”) in all transfers of research material (Research Material) whether PHS is identified below as its Provider or Recipient.

Providers: *National Institute of Allergy and Infectious Diseases, National Institutes of Health (“NIAID”)*
ModernaTX, Inc (“Moderna”)

Recipient: The University of North Carolina at Chapel Hill

1. Provider agrees to transfer to Recipient’s Investigator the following Research Material:

mRNA coronavirus vaccine candidates developed and jointly-owned by NIAID and Moderna.

2. THIS RESEARCH MATERIAL MAY NOT BE USED IN HUMAN SUBJECTS. The Research Material will only be used for research purposes by Recipient’s Investigator in his/her laboratory, for the research project described below, under suitable containment conditions. This Research Material will not be used for commercial purposes such as screening, production or sale, for which a commercialization license may be required. Recipient agrees to comply with all Federal rules and regulations applicable to the Research Project and the handling of the Research Material.

- a. Are the Research Materials of human origin?

☐ Yes ☒ No

- b. If Yes in 2a, were Research Materials collected according to 45 CFR Part 46, “Protection of Human Subjects”?

☐ Yes Please provide Assurance Number: _____
☐ No

3. This Research Material will be used by Recipient’s Investigator solely in connection with the following research project (“Research Project”) described with specificity as follows (use an attachment page if necessary):

Perform challenge studies with the mRNA vaccine in a Proprietary Info model as described on Exhibit A.

4. Upon a Provider’s reasonable request, Recipient will furnish a status report to such Provider regarding the use of the Research Materials and any data or results generated therefore. In all oral presentations or written publications concerning the Research Project, Recipient will acknowledge Providers’ contribution of this Research Material unless requested otherwise. To the extent permitted by law, Recipient agrees to treat in confidence, and not to disclose to third parties or use for any purpose other than the performance of the Research Project, for a period of three (3) years from the date of its disclosure, any of Providers’ written information about this Research Material that is stamped “CONFIDENTIAL,” except for information that was previously known to Recipient or that is or becomes publicly available or which is disclosed to Recipient without a confidentiality obligation. Any oral disclosures from Providers to Recipient shall be identified as being CONFIDENTIAL by notice delivered to Recipient within ten (10) days after the date of the oral disclosure. Notwithstanding the foregoing, all information disclosed by Providers relating to Proprietary Info Proprietary Info of the Research Material will be treated as CONFIDENTIAL information as set forth above, whether or not marked or otherwise identified as “confidential.” Recipient may publish or otherwise

{00034264.1}

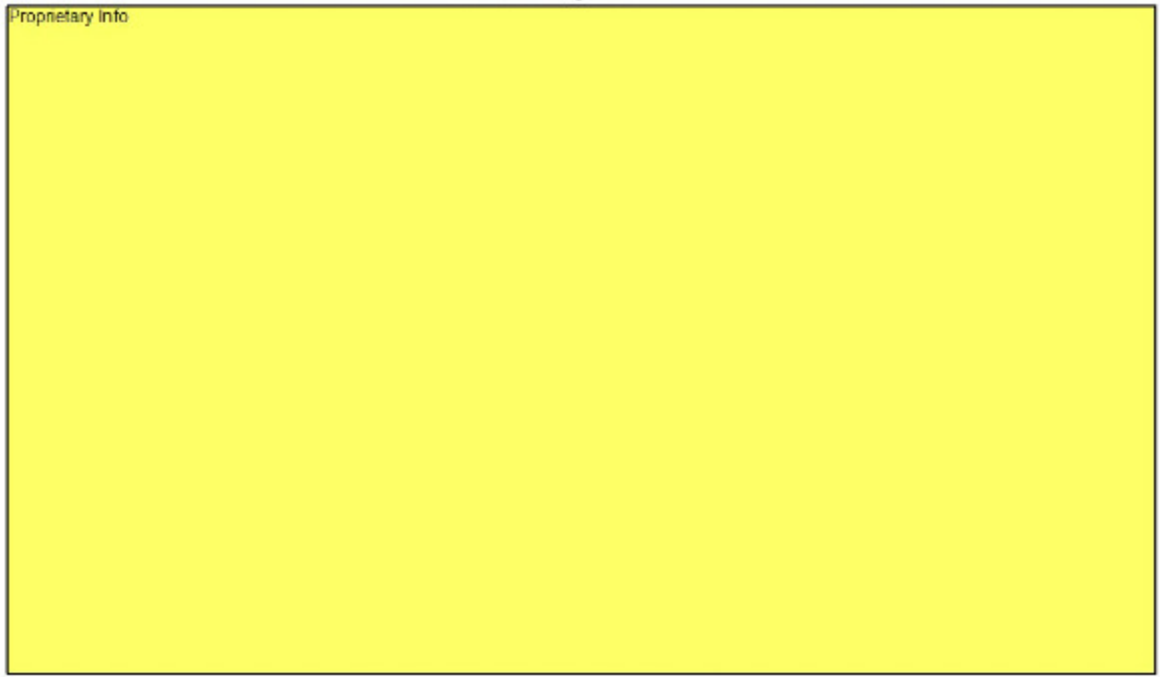
NIAID Provider
NIAID Ref. No. 2019-1177

PHS MTA, Model 951214
Page 1 of 5

Jednak „Dowód A” jest również zredagowany w dokumencie.

Exhibit A
Research Program

Proprietary Info



Dr Shi Zhengli, niesławnie znana jako „[Kobieta nietoperz](#)” z Wuhan, była [głównym badaczem obok Barica](#), dopóki nie opuściła laboratorium UNC-Chapel Hill dla Instytutu Wirusologii w Wuhan.

W rzeczywistości Zhengli i Baric opublikowali w 2015 r. artykuł opisujący: „Grupa krążących koronawirusów nietoperzy, podobna do SARS, wykazuje potencjał do pojawienia się u człowieka”.

Skąd mieli wiedzieć, że gromada konkretnie związana z nietoperzem chińskim wykazuje potencjał do pojawienia się u człowieka?

Cóż, [własnymi słowami](#), „zbudowali chimerę, kodując nowe, odzwierzęce białko wypustek CoV – z sekwencji RsSHC014-CoV, która została wyizolowana z chińskich nietoperzy podkowców”.

Następnie badacze **celowo zainfekowali ludzkie płuca** „w celu uzyskania kultur HAE”, które „pozyskano zgodnie z protokołami zatwierdzonymi przez University of North Carolina w Chapel Hill Institutional Review Board”.

Podczas gdy badania „nadania funkcji” [zostały zakazane w Ameryce w 2014 r.](#), artykuł Baric/Zhengli z 2015 r. przyznaje, że „wnioskowano o kontynuację tych badań, co zostało zatwierdzone przez NIH”.

Co ciekawe, notatka na końcu artykułu wyjaśnia, że autorzy pierwotnie pominęli fakt, że EcoHealth Alliance (EHA) sfinansował ich pracę.

EHA to ta sama grupa, której NIH Fauciego używało do przekazywania pieniędzy do Instytutu Wirusologii w Wuhan, gdzie współpracownik Barica, dr Shi Zhengli, jest dyrektorem laboratorium.

Change history

30 March 2020 Editors' note, March 2020: We are aware that this article is being used as the basis for unverified theories that the novel coronavirus causing COVID-19 was engineered. There is no evidence that this is true; scientists believe that an animal is the most likely source of the coronavirus.

20 November 2015 In the version of this article initially published online, the authors omitted to acknowledge a funding source, USAID-EPT-PREDICT funding from EcoHealth Alliance, to Z.-L.S. The error has been corrected for the print, PDF and HTML versions of this article.

References

- 1 Ge, X.Y. et al. Isolation and characterization of a bat SARS-like coronavirus that uses the ACE2 receptor. *Nature* **503**, 535–538 (2013).

[CAS](#) [Article](#) [Google Scholar](#)

Sections

Figures

[Abstract](#)

[Main](#)

[Methods](#)

[Accession codes](#)

[Change history](#)

[References](#)

[Acknowledgements](#)

[Author information](#)

[Ethics declarations](#)

[Supplementary information](#)

[Rights and permissions](#)

[About this article](#)

[Further reading](#)

Prezes EHA, Peter Daszak, był również jedynym Amerykaninem wysłanym do Wuhan w celu „zbadania” teorii wycieku z laboratorium, którą, jak można było się spodziewać, odrzucił.

W rzeczywistości, jako główny śledczy w śledztwie WHO, Daszak [ustalił w ciągu 3 godzin od wizyty w laboratorium](#) w [Wuhan](#) w lutym 2021 roku, że „nie ma tu nic do oglądania”.

Z powodu oczywistego konfliktu interesów Daszaka dotyczącego laboratorium w Wuhan i badań nad [zyskami z](#) funkcji, które

pojawiły się na pierwszych [stronach](#) gazet, został właśnie [odwołany ze stanowiska](#) głównego badacza zajmującego się pochodzeniem COVID w czasopiśmie medycznym *The Lancet*.

Po tym, jak dr Ralph Baric eksperymentował z badaniami nad zwiększeniem funkcji, stworzył lek [Remdesivir do](#) leczenia koronawirusa [dla giganta farmaceutycznego Gilead](#), firmy, która w ciągu ostatnich kilku lat otrzymała ponad 6,5 miliarda dolarów od NIH Fauciego.

Teraz [Baric połączył siły z naukowcami](#), aby stworzyć kolejnego producenta pieniędzy w tym, co nazywają „uniwersalną szczepionką”, która jest wymierzona w koronawirusy.

„Szczepionka może zapobiegać epidemiom, gdy zostanie wykryty nowy wariant” – powiedział Baric.

„Dzięki tej strategii być może uda nam się zapobiec SARS-CoV-3”, złowieszczo stwierdził współtwórca uniwersalnej szczepionki.

W 2018 r. Baric przemawiał na konferencji z okazji 100. rocznicy pandemii grypy w 1918 r. i wyjaśnił, że pewnego dnia ktoś może sprzedawać szczepionki osobom, które chcą zaszczepić się w domu.

„Najprawdopodobniej ktoś wymyśli sposób, aby to sprzedać w sposób legalny, a nie bezpieczny” – powiedział.

Czy „uniwersalna” szczepionka na koronawirusa, którą właśnie pomógł stworzyć, może być sprzedawana do użytku domowego?

Baric opisał nawet, w jaki sposób można hipotetycznie „zarobić pieniądze w następnej pandemii”, przedstawiając wykres „globalnych możliwości katastrofy”.

Global Catastrophe: Opportunities Exist

Ebola Outbreak: 8-10% drop in the Market (recovered)

Winners

Lakeland Industries (LAKE)	↑76%:	Hazmat suit maker
NewLink Genetics (NLNK)	↑75%:	EBoV Vaccine
Alpha Pro Tech (APT)	↑5%:	Protective clothing
Tekmira Pharmaceuticals (TKMR)	↑200%:	(Ebola drug)

Losers

Royal Caribbean Cruises ([RCL](#)) and Carnival ([CCL](#)) ↓20%
Airline Companies (UAL, AAL): ↓15-20%

S&P 500 Index (1918-1919 Outbreak): ↓24.7% in 1918, ↑8.9% in 1919*

UK equity market (1918-19 Outbreak): ↑25.4% in 1918, ↑27.0% in 1919*

*Complicated by end of WWI



Zobacz pełną przemowę poniżej.

Innym podmiotem, który chciałby zachować w tajemnicy pochodzenie COVID-19, jest chińskie wojsko, [które prowadziło tajne badania](#) w Instytucie Wirusologii w Wuhan.

[Nowy raport w Washington Post](#), wydawnictwo, które wcześniej zaprzeczyło teorii wycieku z laboratorium, [potwierdza](#) że tajne badania wojskowe zostały przeprowadzone w laboratorium i że zapisy prawie na pewno pozostaną utajnione przez rząd chiński na dwie dekady.

„Tajemnica może pomóc wyjaśnić, dlaczego wysiłki mające na celu potwierdzenie lub obalenie teorii o przecieku laboratoryjnym i początkach pandemii poczyniły niewielkie postępy” – przyznaje raport.

[Jak niedawno zapytał przedstawiciel Mo Brooks \(R-Ala.\)](#), dlaczego grupa naukowców miałaby celowo brać niebezpieczne wirusy, które nie szkodzą ludziom, i zmieniać je w tym celu, jeśli nie do celów wojskowych?