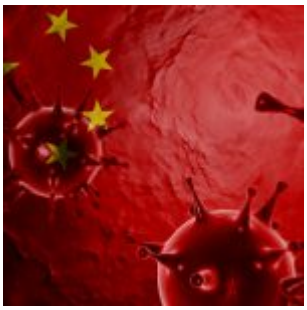
Chiński naukowiec twierdzi, że SARS-CoV-2 został stworzony przez chińskie wojsko



Dr Li-Meng Yan, która badała pochodzenie wirusa SARS-CoV-2 podczas pierwszej epidemii w Wuhan w Chinach, dostarczyła teraz jednoznacznych dowodów, że wirus nie był pochodzenia naturalnego.

(Artykuł pł. Lawrencea Sellina (w stanie spoczynku) opublikowany ponownie na CCNationalSecurity.org)

W artykule *„Niezwykłe cechy genomu SARS-CoV-2 sugerujące bardziej wyrafinowaną modyfikację laboratoryjną niż naturalną ewolucję i wytyczenie jej prawdopodobnej drogi syntezy”* dr Yan i jej współpracownicy szczegółowo opisali, w jaki sposób wirus został zsyntetyzowany w laboratoriach kontrolowanych przez chińskie wojsko.

Komunistyczna Partia Chin i niektórzy zachodni naukowcy od dawna twierdzą, że pandemia COVID-19 była naturalnie występującą epidemią, nabytą przez ludzi po kontakcie z zarażonymi zwierzętami, co jest bezpodstawnym wnioskiem, chętnie promowanym przez upolitycznione media.

Według dr Yan ten motywowany politycznie „konsensus” podważył integralność samej nauki, ponieważ czasopisma naukowe wyraźnie

cenzurowały wszelkie odrębne opinie, które sugerują nienaturalne pochodzenie wirusa COVID-19.

Teraz, w oparciu o prace dr Yan i innych, cała podstawa naturalnie występującej teorii jest wątpliwa.

Chiny twierdziły, że koronawirus nietoperzy o nazwie RaTG13 jest najbliższy wirusowi SARS-CoV-2, ale RaTG13 w rzeczywistości nie jest wirusem, ponieważ nie ma próbek biologicznych. Jest to tylko sekwencja genomowa wirusa, w przypadku której istnieją obecnie poważne pytania o jej dokładność.

Dr Yan sugeruje, że RaTG13 mógł zostać użyty do odwrócenia uwagi świata od prawdziwego źródła 'pandemii COVID-19´.

Twierdzi, że wirus wywołujący COVID-19 powstał w laboratoriach nadzorowanych przez Chińską Armię Ludowo-Wyzwoleńczą przy użyciu koronawirusów nietoperzy ZC45 i / lub ZXC21 zebranych w Zhoushan w Chinach i wykorzystywanych jako wirusowy „szkielet" w inżynierii genetycznej.

Te koronawirusy nietoperzy zostały pierwotnie wyizolowane i scharakteryzowane w okresie od lipca 2015 do lutego 2017 roku pod nadzorem Trzeciego Wojskowego Uniwersytetu Medycznego (Chongqing, Chiny) i Instytutu Badawczego Medycyny Dowództwa Nanjing (Nanjing, Chiny).

W dalszej części artykułu wyjaśniono, w jaki sposób motyw wiązania receptora (RBM), który definiuje zdolność koronawirusa do wiązania się ze specyficznym receptorem ludzkiego enzymu konwertującego angiotensynę-2 (ACE2), został poddany manipulacji genetycznej.

Ten krytyczny segment wirusa SARS-CoV-2 jest ograniczony przez dwa „miejsca restrykcyjne", których nie ma w żadnym pokrewnym koronawirusie nietoperzy, co pozwala badaczom na łatwe łączenie, to znaczy wycinanie i wklejanie składników innych wirusów do szkieletu wirusa.

Obecność tych miejsc restrykcyjnych jest znanym markerem manipulacji genetycznej.

Ponadto wirus SARS-CoV-2 zawiera miejsca rozszczepienia furyn wielozasadowych z sekwencją aminokwasów proliny-argininy-argininy-alaniny lub PRRA, które ułatwia fuzję błony między wirusem a komórką ludzką i jest szeroko znane ze swojej zdolności do zwiększania patogenności i zdolności przenoszenia.

Taka sekwencja nie występuje w żadnym innym pokrewnym koronawirusie nietoperzy i jak dotąd nie zidentyfikowano żadnego naturalnego szlaku ewolucyjnego, który mógłby wyjaśnić pojawienie się tego segmentu PRRA.

W przeciwieństwie do tego, techniki sztucznego wstawiania takiego wielozasadowego miejsca rozszczepienia furyny za pomocą inżynierii genetycznej są stosowane od ponad dziesięciu lat.

Dr Yan i jej koledzy zauważają, że dwa aminokwasy argininy w tym segmencie PRRA są kodowane przez sekwencję nukleotydów CGG-CGG, która rzadko pojawia się w tandemie i silnie sugeruje, że to miejsce rozszczepienia furyny jest wynikiem inżynierii genetycznej.

Ponadto obecność miejsca restrykcyjnego „FauI” w wielozasadowym miejscu rozszczepienia furyny jest również wskazaniem manipulacji genetycznej.

Artykuł kończy się diagramem opisującym laboratoryjne procedury syntezy wirusa SARS-CoV-2, który mógł wytworzyć wirusa w ciągu sześciu miesięcy.

Biorąc pod uwagę naukową cenzurę, która trwa od początku pandemii, dopiero zaczynamy zarysowywać laboratoryjne pochodzenie wirusa SARS-CoV-2.

Dalsze dochodzenia są uzasadnione i muszą się odbyć. Przy

prawie milionie zabitych i bilionach dolarów strat gospodarczych, stawka jest zbyt wysoka, aby ją zignorować, zwłaszcza jeśli ten śmiercionośny wirus był produktem chińskiej armii.

Przeczytaj więcej na: CCNationalSecurity.org