

L'AFFAIRE CoV19 OGM

Le SRAS-COV-2 Organisme Génétiquement Modifié avec séquences du génome VIH

{Source Veterans Today}

*Étude révélatrice d'un ex-conférencier de l'OTAN
par Fabio Giuseppe Carlo Carisio*

THE CoV19 CASE



Traduit & Publié par Résistance 71

PDF de JBL1960

Mai 2020

Avec le Dr Bill Lapiquouze :



Big Pharma va se faire un max de flouze !



Enfin, tout s'avère au grand jour, n'être qu'une vaste opération psychologique planétaire pour que les populations acceptent et embrassent dans la terreur du nouveau croquemitaine corona, la dictature technotronique qui va venir à mach 12 avec quasi simultanément le « vaccin » nanotech CoV19 de Bill la piquouze et ses sbires de Big Pharma habituels et la 5G du contrôle technotronique.

*Alors qu'il nous suffit de dire, ensemble, du moins 10 à 15% de la population mondiale ;
NON !*



Et tout s'arrête !...

Conjointement R71 & JBL1960

Affaire CoV19 : Le SRAS-COV-2 Organisme Génétiquement Modifié avec séquences du génome VIH (Veterans Todays)



Le virus SRAS-COV-2 est génétiquement fabriqué avec des séquences VIH, une étude révélatrice d'un ex-conférencier de l'OTAN

Un biologiste français détruit la thèse du virus naturel

Fabio Giuseppe Carlo Carisio - 14 mai 2020

Source : <https://www.veteranstoday.com/2020/05/14/wuhangate-8-sars-2-virus-gmo-built-with-hiv-breaking-study-by-bio-engineer-ex-nato-lecturer/>

Note de Résistance 71 : l'article est truffé d'hyperliens qui renvoient à des sources en anglais ou en italien à voir sur l'article original...

Sommaire du rapport :

- 1 – “Le CoV19 est OGM” d’après un ancien conférencier de l’OTAN
- 2 – Mystère sur la souche virale de 2013 seulement enregistrée en 2020
- 3 – Confirmation de la recherche indienne sur l’insertion de séquences du VIH
- 4 – Les traces sans équivoque du virus du SIDA
- 5 – La mortalité est-elle calibrée par l’intensité du SRAS-COV et du VIH ?
- 6 – La double utilisation d’un supervirus chimérique : vaccin ou arme biologique

VERSIONE ORIGINALE IN ITALIANO

Par Fabio Giuseppe Carlo Carisio pour VT Italie

PREMIÈRE PARTIE

“Finalement nous devrions systématiquement vérifier lorsque l’étiquette de “fake news” est attribuée à des infos non pas que l’info soit en fait une fake news mais surtout que “l’étiquetage de fake news” ne soit pas lui-même une fake news ! Malheureusement, tout ceci n’est sans aucun doute pas la dernière pandémie que nous vivrons, merci en cela aux irresponsables actions humaines sur l’environnement sauvage (Bricage, 2011). Le problème est que tout cela se rapproche dangereusement et que les virus sont de plus en plus dangereux et agressifs. Comment arrêter cette violence des interactions entre l’espèce humaine et son écosystème d’hébergement ? Est-ce que les fautes environnementales doivent être utilisées comme alibi pour cacher des fautes technologiques, quelles qu’en soient les raisons ? Principalement, toutes ne sont pas sociétales, économique et/ou politiques ?”

Les mots du professeur de biologie français Pierre Bricage sont comme un uppercut à l’estomac car ils touchent et coulent le navire de guerre de la pensée unique avec cette puissance instoppable de la logique humaine à la recherche de la vérité. [...]

Que l’épidémie du CoV19 soit un piège sombre et malsain pour l’humanité et la planète est maintenant une large certitude parmi ceux qui ont lu attentivement au moins une douzaine d’articles scientifiques et pas seulement ce qu’on peut lire sur les réseaux sociaux.

Ce virus SRAS-COV-2, un autre nom pour un virus de Syndrome Aigu Respiratoire qui se réfère à l’autre souche mortelle du coronavirus SARS de 2003 et du MERS 2014, est un organisme génétiquement modifié (OGM) ; ceci est maintenant également la thèse d’un scientifique retraité, le professeur de biologie, expert en biologie moléculaire, de l’université de Pau et des pays de l’Adour pendant 29 ans et aussi patron du Département d’Ingénierie Biologique de Pau, capitale du Béarn et des Pyrénées Atlantiques.

Il l’a expliqué lors d’une conférence s’étant tenue en France à la fin du mois de février et il l’a écrit dans un article de recherche publié en mars sur Research Gate (le Wikipédia des sciences), il l’a répété dans l’étude republiée en anglais sur le même site internet en avril mais bien entendu tout cela est demeuré englué dans le marécage du silence médiatique sur le sujet.

Maintenant, grâce à notre recherche continue sur le CoV19, nous avons intercepté son document sensationnel du 1^{er} mai enrichi de quelques détails scientifiques encore plus robustes, comme ces questions et ses considérations éthiques dérangeantes comme celles rapportées sous forme de citations ci-dessus et ci-dessous...

“Que pouvons-nous apprendre de l’émergence de cette nouvelle pandémie ? Une proposition qui n’a pas été prouvée ne veut pas nécessairement dire qu’elle est automatiquement fautive, bon nombre sont ceux qui commettent cette erreur de logique. Cela ne veut pas dire que c’est vrai non plus. Mais si la source possède une forme de légitimité, comme celle d’un simple témoignage honnête, alors cela vaut la peine de la tester.” (NdT : il y a un mot scientifique et commun pour cela, on appelle ça une “hypothèse”...), suggère le chercheur dans ses conclusions que nous mettons avant son étude rigoureuse.

“Pourquoi tout ce qui contredit la version officielle de l’apparition accidentelle du SRAS-COV-2 depuis un animal sauvage doit-il être étiqueté comme “théorie conspirationniste” ? Pourquoi les aspects validant cette piste ne sont-ils que les seuls acceptés et publiés ? Pourquoi les articles déviant de la version consensuelle sont-ils systématiquement rejetés ? Y a-t-il une tentative globale de cacher une partie de la réalité et de réécrire l’histoire à la fois de l’origine du virus et de la pandémie ? Pouvons-nous être juge et partie d’une telle enquête pour l’humanité ?”



1 – Pour l’ancien conférencier de l’OTAN, “le CoV19 est un OGM”

Depuis 2000, l’ingénieur biologique français, déjà spécialisé en génétique et biologie moléculaire, a été le vice-président de l’Association Française de la Science des Systèmes Cognitifs et Techniques, pour laquelle il participe à des réunions internationales de l’EMCRS ou European Meeting on Cybernetics and Research Systems ; il a aussi été conférencier pour l’UNESCO et pour l’OTAN, pour laquelle il a géré des problèmes de technologie industrielle. Universitaire en retraite, il enseigne les sciences de la santé à l’université de Pau et l’évolution des systèmes vivants à l’université du temps libre d’Aquitaine...

Il est donc un scientifique libre qui ne doit pas se mettre à genoux devant Big Pharma ou des institutions étatiques pour survivre, tout comme son plus illustre compatriote le professeur Luc Montagnier, le virologue qui fut prix Nobel de médecine en 2008 après avoir découvert le virus de l'immuno-déficience humaine ou VIH.

Et juste comme ce scientifique, Bricage n'a pas douté de la nature de ce CoV19, sur lequel il révèle également des secrets déconcertants supportant la suspicion de plus en plus fondée d'un maquillage intentionnel de la vérité par la communauté scientifique internationale. Cette communauté est probablement terrifiée du risque de perdre l'énorme business construit sur la recherche de vaccins et d'armes biologiques, développés en Amérique du Nord depuis 1952 comme prouvée par une vidéo de la Marine Américaine déclassifiée et publiée par Gospa News et sa chaîne YouTube ([declassified US Navy video published by Gospa News on YouTube.](#))

“Normalement, le rhume commun n'est pas dangereux, mais une nouvelle espèce de coronavirus tue les humains. Pourquoi ce nouveau coronavirus (nCOV) d'abord appelé 2019-nCoV ensuite renommé SRAS-COV-2, a-t-il émergé sans que personne ne soit capable d'identifier ni le réservoir ni le vecteur du virus ?” Bricage se demande si, contre le plus célèbre Montagnier, il ne vaut pas mieux de ne pas se limiter à des déclarations mais de publier tous les détails scientifiques de ses recherches, éclairés par sa compétence particulière en ingénierie biologique.

“Ce virus n'aurait pas pu émerger de manière spontanée par mutations naturelles et une recombinaison sauvage de souches virales, c'est une chimère génétique ayant des insertions artificielles de gènes modifiés, un génome créé de coronavirus avec un implant de VIH”, a-t-il déclaré péremptoirement dans sa recherche de 40 pages pour laquelle il a inséré parmi les mots clés “organisme génétiquement modifié.”

Le titre de l'article original en français est : *“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”.*

Ses questions sont marquées de précautions pour le moins diplomatiques même si ses révélations scientifiques dans le domaine de la génétique moléculaire ne laisse aucune place au doute et sont absolument dévastatrices pour la théorie prévalant de l'origine naturelle du coronavirus responsable de cette pandémie...

En trois semaines, ceci constitue la troisième torpille qui touche et coule la crédibilité de l'Organisation Mondiale de la Santé (OMS) avec toutes ces institutions nationales de la santé qui ont peur de voir leur très généreux financement par Genève et les multinationales pharmaceutiques (qui nourrissent le système) disparaître de leur plateau d'argent.

C'est le second missile si on excepte la vidéo choc intitulée "Plandemic (Pandémie Planifiée)" du D^r Judy Mikovits, Docteur en biologie moléculaire à l'université George Washington, vidéo à laquelle nous n'avons pas prêté une attention particulière dans la mesure où les arguments scientifiques sont par trop dilués dans un narratif de disputes anecdotique avec le Dr Anthony Fauci directeur de l'agence du NIAID américaine et ses considérations socio-politiques en tant qu'activiste anti-vaccination. Gospa News rapporte des faits vérifiables et objectifs avant des opinions.

(NdT : nous avons vu la dite vidéo que nous avons mis en lien dans un de nos commentaires récents avec sous-titrage français, nous la remettons ci-dessous en commentaires pour que les lecteurs puissent juger par eux-mêmes. L'affaire Mikovits / Fauci n'est en rien "anecdotique" et éclaire grandement sur la corruption du système. Gospa News n'a pas encore complètement lâché prise de la propagande (pseudo) scientifique médicale et sont eux-mêmes biaisés concernant la vaccination. Des études très sérieuses ont été publiées sur le sujet qui discréditent sinon la vaccination dans son entièreté du moins l'obligation vaccinale... Les escroqueries prouvées sur la vaccination sont nombreuses et bien documentées et le fait est qu'il est aujourd'hui impossible de faire confiance à Big Pharma concernant le développement en toute opacité de vaccins essentiellement utilisés comme armes biologiques de contrôle des populations... VT est également biaisé sur la question puisque "pro-vaccin" dans sa majorité éditoriale)

2 – Le mystère de la souche virale de 2013 enregistrée en 2020

En juste quelques jours, Bricage constitue le second phare amenant la lumière sur la mystérieuse pénombre entourant le CoV19, révélant immédiatement un détail très troublant.

“La séquence génétique de ce virus CoV-19 a indiqué que son génome ressemble à un autre coronavirus qui fut issu d'une chauve-souris et isolé en 2013. Avec l'enregistrement en 2010, de la souche virale RaGT13, qui fut isolé donc en 2013

comme son nom le suggère, d'autres phylogénies furent alors proposées (Bedford & Hodcroft, 2020) Ils remplacèrent le SRAS-COV-2 dans une position évolutive plus en accord avec les virus passés.

Pourquoi donc la soi-disant souche ancestrale, isolée en 2013 et sur laquelle la recherche a été menée, qui ne fut pas enregistrée dans la banque de données génétiques avant 2020 et seulement après l'enregistrement du 2019-nCoV, a-t-elle ensuite été renommée comme le SRAS-COV-2 ?

S'il y avait des chefs d'état déterminés comme celui de la Tanzanie, qui faisaient monter la suspicion après que les prélèvements ADN reçus de ce pays aient échoué au dépistage CoV19, après qu'ils eurent été testés positifs pour le virus des échantillons prélevés sur une chèvre et une papaye, incitant ainsi le pays à déclarer une rupture de relations avec l'OMS, alors probablement que tous les leaders de cette organisation seraient maintenant sous le coup d'une enquête officielle devant l'immense portée du problème. ***Mais les intérêts en jeu sont énormes et transnationaux, comme nous le verrons dans nos prochains articles.*** C'est le scientifique Bricage lui-même qui nous explique pourquoi cela ne se produit pas, posant une flopée de questions rhétoriques à la fin de sa longue et dévastatrice étude scientifique.

“Pourquoi un groupe de 27 scientifiques très connus insistent à discréditer l'origine artificielle du nouveau coronavirus ? Réécrivons-nous l'histoire du virus ? La transparence ne préviendrait-elle pas ce genre d'imbroglio scientifique, politique et médiatique ? Comment pouvons-nous empêcher l'économie de se mêler d'affaires et ainsi de mettre en danger la responsabilité sociale et environnementale (Bricage 2011) à la fois des laboratoires de recherche, des entreprises de la santé et des personnes ? Est-ce que l'économie mathématique justifie la gestion libérale de la science et des services de santé ?”

Si cet article dépasse les 77 000 vues, nous lancerons une pétition et agirons pour proposer le biologiste français comme secrétaire général de l'ONU, parce qu'il a écrit dans un document scientifique précisément les questions que tous les hommes et femmes de conscience et de bon sens se posent sur cette planète !

Je ne sais pas en revanche si l'actuel patron du palace de verre de New York, le Portugais Antonio Guterres, a répondu à l'appel du cardinal du Sri Lanka Malcom Ranjith d'enquêter “sur ce poison qui émane d'un pays riche” ou de la demande officielle de l'ex-président iranien Mahmoud Ahmadinejad, pour que soit créée

une commission d'enquête sur la pandémie, pensée être une guerre biologique, comme il le pense ainsi que bien d'autres experts américains sur les armes biologiques.

3 – La confirmation de la recherche indienne sur le VIH

Lorsque Gospa News a décidé de récupérer et de publier les contenus de la première étude scientifique qui démontraient la présence d'insertions de segments du VIH dans le CoV19 et donc démontrant la manipulation génétique du même virus, nous savions que nous nous dirigeons vers des ténèbres. [...]

Car ces chercheurs de l'école de biologie de Kuzuma de New Delhi ont été les seuls à documenter scientifiquement cette théorie et c'est alors qu'en 24 heures, ils retirèrent leur publication bien qu'elle semble être solide et sans faille et ce de manière suffisante pour que cela nous pousse à écrire à son sujet.

Deux jours après la publication de notre rapport, l'entretien du professeur Montagnier commença à se répandre partout, celui-ci, du haut de son prix Nobel de médecine non seulement soutenait la recherche de Kuzuma mais disait ouvertement que ces chercheurs indiens furent "forcés de se rétracter". Maintenant Bricage recommence de là avant de faire état de sa preuve scientifique.

"En février 2020, un mathématicien français, également un expert multidisciplinaire, ingénieur informatique émérite et chercheur au centre de recherche IBM pour l'Intelligence Artificielle de l'université de Bordeaux, identifie dans le génome de la souche 2019-nCoV, des constructions qui cassent la symétrie de l'organisation génétique habituelle d'un coronavirus (Perez, 2020)."

Bricage se réfère au biomathématicien Jean-Claude Perez, qui a rejoint Montagnier dans sa recherche virologique et ainsi rappelle que de nouveaux codes d'information furent insérés dans les gènes encodant l'enveloppe protéinique à pointes (protéine S) et dans des gènes encodant la poly-protéine qui est à l'origine à la fois de la protéase et de la polymérase virale, des activités enzymatiques qui existent dans chaque coronavirus.

"Ces insertions furent identiques aux mêmes schémas d'information trouvés dans les séquences de génome de protéines similaires Open Reading Frame (ORF) d'un autre virus ARN bien connu, le VIH", soutient l'expert ingénieur en génétique

moléculaire qui, grâce à une intense activité en tant que conférencier pour l'OTAN, parvient aussi à être un bon communicateur, rendant ainsi presque compréhensible un lexique biochimique bien compliqué.

“Dans le même temps, une équipe de jeunes scientifiques informatiques, de l'Indian Institute of Technology de New Delhi a mis en ligne un travail sur bioRxiv, une archive en ligne open source, montrant une similarité nouvelle et très improbable entre les génomes du 2019-nCoV et du VIH (Pradhan et al., 2020) Le génome du 2019-nCoV contenait des schémas similaires à certains trouvés dans le génome du VIH, dans son enveloppe de protéine S et dans ses gènes polyprotéase / poly-mérase, validant ainsi le travail précédemment publié de Perez (2020) Comment de telles séquences génétiques identiques pouvaient-elles être présentes dans des virus si différents ? Était-ce un phénomène de convergence évolutionnaire adaptative ? (Mills, 2006)”.

Afin de rendre plus facile l'utilisation de sa recherche, le professeur français se pose un barrage de questions faciles à comprendre même pour un enfant : *“Comment, dans la nature, une série de telles mutations similaires, peuvent-elles donner un résultat fonctionnel dans des systèmes génétiques évoluant dans des hôtes complètement différents (des chauves-souris et des primates humanoïdes) ? Ou alors, s'il s'agissait d'un transfert génétique, comment dans la nature, de telles recombinaisons génétiques ciblées étaient-elles possibles ? (Bricage, mars, avril et mai 2020).”*

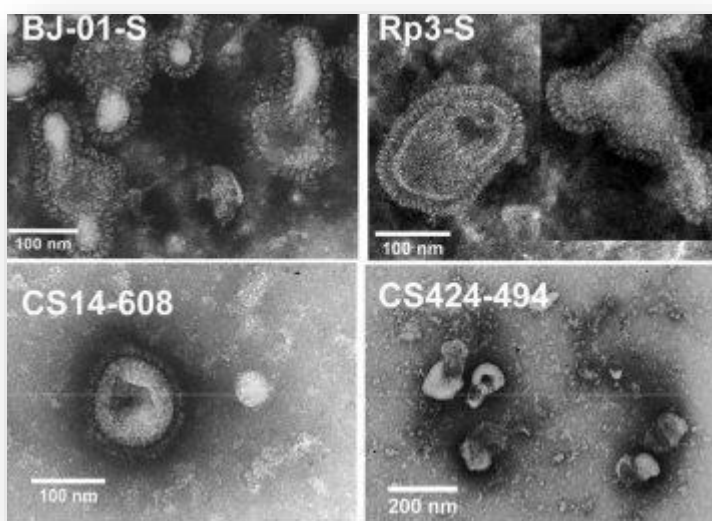
“Après, cet article non publié fut rétracté, annulé sans aucun commentaire spécifique. Dans le même temps, le travail auparavant publié fut étiqueté comme “fake news” / désinformation, tandis que le 2019-nCoV devenait le SRAS-COV-2. Pourquoi tant de problèmes ? Que montrait donc le travail de recherche de l'équipe indienne ?” Se demande encore Bricage.

“Si nous comparons les protéines S de la souche 2019-nCoV initiale avec celles d'autres coronavirus, les îlots d'acides aminés (protéines) observés dans des séquences de protéines homologues sont en fait bien différentes. Pourraient-elles résulter de mutations dans les séquences de codage des nucléïdes correspondants ?”

DEUXIÈME PARTIE

Légende:

Analyse fonctionnelle et constructrice de pseudo-virus dérivée de différentes constructions de protéine CS. (A) présentation schématique de la construction de protéine S dans le SRAS-COV humain (BJ01-S), SL-CoV S de la chauve-souris (Rp3-S) et différentes protéines CS. Les chiffres dans les légendes indiquent les localisations d'acides aminés des séquences BJ01-S utilisées pour remplacer la zone correspondante du Rp3-S. L'ouverture indique la localisation du RBM...



4 – Les traces sans équivoques du virus du SIDA

Mais la rareté des mutations ne les justifierait pas d'après le chercheur... “En gros, ces inserts, préservés dans tous les premiers génomes analysés, ne représentent que moins de 1% de chaque génome. Ceci est bien moins que la divergence génétique à laquelle on est en droit de s'attendre avec chaque coronavirus dont les séquences sont connues. I y a une étonnante similarité entre les endroits de coupe par les protéases : les mêmes sites sont présents dans ces protéines à la fois dans le coronavirus et le VIH (et aussi quelques virus de la grippe).

Ces sites sont différents de ceux des coronavirus conventionnels ; soit dans les réservoirs sauvages soit dans les vecteurs, sauvages ou domestiques ou même dans chaque coronavirus humanisé connu. Comment un changement naturel d'une telle amplitude, par mutations viables et spécifiques, n'ont affectés que les sites de coupe, qui ne représentent que moins de 3% de la séquence de la protéine ?”

L'ingénieur biochimique explique ensuite dans les détails la découverte de ses collègues indiens et y ajoute ses résultats : “Le coronavirus de Wuhan a-t-il été génétiquement modifié pour ressembler au VIH ? Les changements observés dans ses séquences protéiniques (3 inserts venant du gp120 VIH et 1 insert du VIH

gag) augmentent tous la densité de la charge positive à la surface de ces molécules. Un tel changement non-aléatoire implique l'utilisation d'un logiciel outil de fabrication de protéine pour filtrer les modifications génétiques avant de les faire. Les inserts génomiques 1 et 2 dans la glycoprotéine S (chacun des 18 nucléides, chacun codant 6 acides aminés) sont complètement identiques aux séquences correspondantes du VIH Les inserts génomiques 3 (36 nucléides correspondant à 12 acides aminés) et 4 (24 nucléides correspondant à 8 acides aminés) ressemblent aussi de très près aux séquences VIH correspondantes.”

Et finalement, voici reproduite ici la phrase qui tue : “Aucun de ces 4 inserts ne peuvent être le résultat d’une mutation par simple point aléatoire. Ce type de mutation généralement affecte seulement 1 acide aminé et non pas toute un schéma défini de protéine (une série de changements spécifiques d’acides aminés). Une mutation par point peut aussi causer un changement dans le cadre de lecture, mais ceci résulte habituellement en une protéine non fonctionnelle. Pourtant, 2 de ces inserts présentent une suppression (Su et al., 2020), une interruption, une cassure partielle dans leur séquence, qui non seulement garde toute fonctionnalité, mais aussi augmente spécifiquement la densité de la charge positive localisée à la surface de la molécule active. Une suppression est généralement létale et résulte en une protéine non fonctionnelle.”

Même pour un biochimiste novice comme moi qui passe des heures à lire de la recherche scientifique depuis seulement la fin janvier afin de trouver un indice ou une évidence utile pour confirmer la théorie que le CoV19 est une arme biologique (ou même pour le nier, si j’avais au moins trouvé une étude robuste en ce sens), la combinaison de “charge positive” semble bouleversante et fait immédiatement penser à une arme biologique...

5 – La mortalité “calibrée” par l’intensité virale du VIH et du SRAS-2 ?

Jusqu’ici nous avons délibérément rapporté des détails excessivement scientifiques utiles pour résumer la crédibilité analytique du généticien moléculaire en opposition avec la nature générique des contre-déductions avec laquelle la recherche de ces scientifiques (chinois mais aussi britanniques) ont cherché à démanteler les résultats de la recherche indienne.

Comme nous l’avons dit dans nos précédents rapports, ils ont jugé les séquences VIH-1 ayant “une faible identité et rareté” comme devant être considérées comme

aléatoires comme affirmé par leurs autres collègues qui contestent la longueur de ces segments.

Mais ceci a déclenché la prompte réponse du professeur Montagnier, ancien professeur du prestigieux Institut Pasteur de Paris et aujourd'hui directeur de faculté à l'université Jiao Tong de Shanghai, dans une longue interview avec CNEWS TV.

“À ceux qui disent que c'est une coïncidence, il n'en est rien. Il y a une énorme pression pour que tout ce qui est à l'origine de ce virus soit caché.” a déclaré le prix Nobel de médecine.

Au lieu de cela, Bricage lui, attaque péremptoirement le déni de ses collègues concernant la théorie d'un virus génétiquement modifié : *“Subséquentement, une équipe de chercheurs chinoise (Zhang et al., 2020) a disqualifié le rôle de ces insertions au travers un modèle 3D de l'interaction entre la protéine S et sa cible réceptrice ACE2 (Ge et al., 2013). Les inserts sont localisés hors du site de reconnaissance qui s'attache aux récepteurs, ils n'auraient donc pas d'effet fonctionnel.”*

“Ecrire cela n'est-il pas ignorer le fait que les propriétés fonctionnelles d'une protéine émergent des interactions indépendantes entre ses différents modules peptidiques, les différentes parties qui constituent une protéine, qui la rendent entière ?” Nous n'avons pas la capacité technique d'évaluer cette question rhétorique mais les arguments présentés sont certainement plus détaillés que ceux des autres scientifiques qui ont contesté l'étude de Kuzuma.

Le bio-ingénieur français expose ensuite un élément supplémentaire de contradiction : *“Les virus ARN, comme les coronavirus, ont habituellement un très haut ratio de mutation : 10 fois celui des virus ADN simples, 10 000 fois celui des autres virus et 100 000 fois celui de leurs cellules hôtes eukaryotiques. Ce ratio très important implique une accumulation aléatoire d'erreurs dans le génome, ce qui en général est au détriment de la survie du virus. L'existence de points chauds, où les mutations sont le plus fréquent, est bien connu dans chaque génome.”*

Au lieu de cela d'après le chercheur *“dans le nouveau coronavirus, l'exact opposé est observé dans la tournure de son évolution”* en référence à l'enveloppe protéinique.

Mais il y a un facteur aussi important qu'il est dérangent dans les conclusions de la recherche de Bricage : *“L'analyse de l'évolution des populations virales humanisées a montré l'existence d'au moins deux sous-populations du SRAS-COV-2. Le type le plus fréquent, le type L, est le plus récent et le plus agressif. Le plus ancien et moins fréquent est aussi le moins agressif. Ceci est à l'opposé total de l'évolution génétique naturelle des virus “sauvages”*”

Cette circonstance toute particulière a été mise en lumière avec un très grand étonnement par un autre groupe de chercheurs d'un grand centre de recherche chinois (voir notre rapport Coronavirus Bioweapon 4) en février, avant que le gouvernement de Pékin n'interdise la publication de toute étude non épurée et autorisée.

“L'expression variable du phénotype du SRAS-COV-2 n'est-elle pas la conséquence de l'expression variable de propriétés relatives à la fois d'un faible phénotype de VIH, aussi fort et intermédiaire et / ou les propriétés relatives d'un faible, fort ou intermédiaire phénotype du SRAS-COV-2 ? Cela n'explique-t-il pas la variété de symptômes dont les malades ont fait l'expérience et observés durant le développement de la maladie ?” se demande l'expert en génétique moléculaire, créditant une énorme hypothèse bien connue et exposée dans de précédentes enquêtes de Gospa News ([previous Gospa News investigations](#))

C'est la probabilité, rendue techniquement possible par les dangereuses recherches conduites par les 25 mystérieux laboratoires des agences du ministère des affaires étrangères américain dans différents pays étrangers, que des pathogènes ayant une virulence différente selon le calibrage de leur empreinte biogénétique aient été fabriqués en relation avec le ciblage de différents groupes ethniques... Comme nous l'avons montré dans notre rapport du WuhanGate 35 sur le Lugar Center de Géorgie où 79 cobayes humains sont morts provoquant une indignation internationale de la Russie alors que le rapport sur le coronavirus comme arme biologique #7, nous rappelons la mort de soldats ukrainiens près du labo de recherche américain de Kharkov. Il est aussi clair que les pays les plus contaminés par une contagion létale sont les plus nationalistes (Chine, États-Unis, GB et Iran) ou avec des partis politiques souverainistes en expansion (Italie, Espagne)

L'hypothèse que le CoV19 ne soit pas seulement un virus artificiel, pas seulement une arme biologique, mais aussi un système de calibrage ethno-génétique n'est pas dénuée de sens si nous nous rappelons l'existence de l'État profond,

récemment même confirmé par un ancien directeur de la CIA pendant une conférence publique dans une université américaine, qui parfois complotte contre sa propre nation comme vu au cours des assassinats des présidents Lincoln, JFK aux États-Unis d'Aldo Moro et du juge Paolo Borsellino en Italie. Crimes rendus plus troubles par le brouillage des pistes sur les vrais instigateurs des assassinats.

6 – Un super virus chimérique (OGM) SRAS pour une double fonction : vaccin et arme biologique

Les arguments de l'ancien professeur de l'université de Pau ne s'arrêtent pas là mais analysent également les thérapies contre le CoV19, tout comme Gospa News le fit avec son rapport sur le WuhanGate #2 sur la recherche indienne et lui aussi met en évidence un fait surprenant.

“Dès le 3 février 2020, Les cas les plus sévères de Wuhan furent traités avec des combinaisons médicamenteuses communément utilisées contre la grippe (comme le Favipiravir, un analogue de la guanine qui est un inhibiteur de la polymérase ARN des ribovirus) et du SIDA (comme Kaletra, acyclovir, ritonavir) et même avec des inhibiteurs de la transcriptase de renversement du VIH (remdesivir), qui est absente des coronavirus” souligne avec une précision habituelle, référant aussi au remdesivir, le médicament qui enrichit Big Pharma Gilead, sous-traitant de l'agence du Pentagone DTRA qui opérait au Centre Lugar où furent enregistrées les morts des cobayes humains. (Ndt : Gilead avait à une époque comme directeur Donald Rumsfeld, qui fut ministre de la défense de Bush fils et était en poste au moment de 9/11...)

Ceci s'est produit durant un plan qui prévoyait d'éradiquer l'hépatite C en Géorgie, projet mis en place par UNITAID, une initiative de santé globale hébergée par le QG de l'OMS à Genève et qui travaille avec différent partenaires pour prévenir, diagnostiquer et traiter les principales maladies dans les pays à bas et moyens revenus en s'attachant particulièrement à la tuberculose, le paludisme et le VIH / SIDA.

Comme souligné dans notre enquête précédente sur le WuhanGate#5 sur *l'entreprise Gilead, les soutiens d'UNITAID incluent la Clinton Health Access Initiative et la Bill & Melinda Gates Foundation. Parmi les partenaires se trouve aussi l'USAID, lien entre la recherche dans le domaine épidémiologique et la CIA qui a toujours été un instrument financier utilisé aussi pour ce qu'on appelle les “changements de régime” politiques.*

Nous fermons cette parenthèse indispensable pour revenir sur les considérations de Bricage sur les thérapies : *“Pourquoi un tel choix ? La maladie répondait de manière effective au traitement avec ces médicaments habituels contre le VIH/SIDA. Pourquoi ? Lucidité thérapeutique ou panique sociale ? Est-ce parce que la topologie de la protéase du coronavirus a été modifiée pour ressembler à celle du VIH ?”*

Le professeur français fait l'hypothèse que c'est “un coronavirus biomimétique du VIH” qu'il a lui-même mentionné comme mot clef de sa recherche ainsi que le sigle d'OGM pour Organisme Génétiquement Modifié. Ainsi se pose la question qui tue :

“N'est-il pas possible de fabriquer un coronavirus qui serait un bio-mimétisme du VIH ? N'est-il pas technologiquement possible de modifier un ancêtre SRAS-COV-2 pour produire un coronavirus biomimétique du VIH comme pour développer un vaccin potentiel pour le VIH (Du et al., 2009) ?” Sa réponse est évidente et bien détaillée.

“Le SRAS-COV-1 de 2003 et le MERS de 2013 furent l'objets de recherches extensives. La fabrication génétique et moléculaire des coronavirus a été le sujet de nombreux livres (Canavagh, 2008) et de publications avec des protocoles de laboratoires détaillés (Becker et al., 2008). Beaucoup de travaux sur la construction de chimères génétiques ont été publiés et de nouvelles patentes enregistrées (Baric et al., 2018). Pendant plus de 20 ans, les chercheurs nord-américains, mais pas seulement (Amer et al., 2012) ont travaillé sur des coronavirus d'animaux domestiques comme le bétail et animaux familiers.”

Chapeau Bricage ! Nous seulement est-il un chercheur confirmé et méticuleux, mais il est aussi un excellent journaliste d'enquête ! Ce fut une véritable torture de ne pas intégrer tant d'éléments de ses documents car nous devions condenser deux études différentes d'environ 10 pages chacune, soutenues par 27 citations de recherches précédentes.

Par coïncidence, il y a aussi 27 virus chimériques de type SRAS construit dans le laboratoire et rapportés dans une recherche conduite par le Wuhan Institute of Virology qui fut financée avec 3,7 millions de \$ par le projet PREDICT 2 de l'USAID, grâce aux contributions de l'Eco Health Alliance de New York mais aussi du NIAID, l'institut américain des maladies infectieuses dirigé par le très controversé et controversif Dr Anthony Fauci, et aussi par l'OMS.

L'ex-consultant pour la Maison Blanche Francis Boyle (notre rapport #1 sur les armes biologiques) a déjà publiquement accusé l'OMS d'être parfaitement au courant de ce qui s'est passé à Wuhan, alors que le professeur Luc Montagnier déclarait devant les caméras de CNEWS que la pandémie est "un accord entre la Chine et les États-Unis". Nos enquêtes ont révélé quelques intrigues bizarres et déconcertantes entre des gens et certaines entités qui confirmeraient cette affirmation...

Précisément pour cette raison, dans le dernier reportage WuhanGate #7, nous avons divulgué grâce à un document de l'UNODA (United Nations Office of Disarmament Affairs), les mystérieux et dangereux laboratoires du Pentagone aux États-Unis, référant aussi à quelques recherches sur la manipulation génétique de coronavirus pour la construction de pathogènes "recombinant" ou obtenus en greffant un virus sur un autre : comme cela se serait passé pour le SRAS-COV-2 avec le VIH selon Bricage.

Dans le prochain reportage du WuhanGate#9, nous verrons toutes les recherches sur le génétiquement modifié et infecté avec les souches VIH SRAS dans le monde et spécifiquement en Chine. Même avec le soutien financier d'une institution occidentale qui jusqu'à encore hier, je pensais être extérieure à cette intrigue internationale résidant derrière cette pandémie.

Chaque jour qui passe montre toujours plus de cette hécatombe apocalyptique qui apparaît comme une conspiration des plus démoniaques venant de l'État profond international pour la mise en place d'un Nouvel Ordre Mondial, comme désiré par l'ancien directeur adjoint de la CIA, par le moyen de scénarios géopolitiques et d'un plan de vaccination mondiale comme composants d'une ingénierie sociale et anthropologique, projet encore bien plus terrible que celui biologique et moléculaire en cours.



SUR RÉSISTANCE 71

Dossier-coronavirus-cov19-experience-ingenierie-sociale

Notre page « CORONAVIRUS, guerre contre l'humanité »

SUR JBL1960BLOG

DOSSIER SPÉCIAL CORONAVIRUS

Expérience d'Ingénierie Sociale Planétaire en cours au Coronavirus (PDF)

LE DOSSIER ROCKEFELLER ► Gary Allen, 1976 : THE ROCKEFELLER'S FILES / LE DOSSIER ROCKEFELLER (PDF)

Analyse de la Vidéo VOSTFR du Dr. Judy Mikovits, Docteur en biologie moléculaire à l'Université Georgia Washington (Cf. page 8 de ce PDF) ;

Supplément à l'Affaire CoV19 : Article scientifique, en anglais, source Veterans Today – Traduction partielle par Résistance 71 et en analyse dans ce billet La meilleure défense, c'est l'attaque ; titre en français « *Reprogrammer le circuit de transcription du coronavirus du Syndrome Respiratoire Aigu Sévère, l'ingénierie d'un génome de recombinaison résistant* » ► https://jbl1960blog.files.wordpress.com/2020/04/sars-cov_ucn.pdf

C/le labo de Wuhan : le PDF du discours officiel prononcé le 25 février 2017 par le Premier Ministre de l'époque, Bernard Cazeneuve, à la cérémonie d'accréditation du laboratoire de haute sécurité biologique P4 – Wuhan (Chine) dans ► Rideau sur le CoronaCircus Planétaire !

Refusons leur nouvelle normalité de distanciation sociale, arrêtons de consentir, de subir et reprenons le contrôle de nos vies...

NON!