

Anticovidiana v.1

Hipótesis del Origen de Laboratorio *versus* la Teoría del Origen Natural del COVID-19

Por Fernando Castro-Chavez.¹

Resumen:

Tratar la causa de una enfermedad y no sus efectos es prioritario, por ende, es muy importante el conocer el origen de esta pandemia del COVID-19 para así poder, en lo posible, evitar que un evento de esta naturaleza y magnitud se vuelva a repetir, y para poder evitar toda clase de abusos, cómo sucede hoy. Es evidente que hubo una intervención humana en la aparición de este virus causal conocido como Sars-CoV-2, ya que aún en el 2018 no existía historia zoonótica de ninguna clase en Wuhan, por lo que habiendo surgido este virus ya maduro y plenamente capaz de ataque sobre los pulmones del ser humano, implica una fuente artificial, además de los siguientes puntos: 1) El poseer en el armazón de un virus de murciélago, la inserción semejante a la de un virus de pangolín del dominio de unión al receptor (RBD, el que básicamente consiste de seis aminoácidos separados), siendo el receptor el ACE2 pulmonar humano, en una época (2019, cuando apareció), en la que ya estaban maduras todas las metodologías moleculares necesarias para modificar nucleótidos individuales que a su vez modifiquen a voluntad los amino ácidos resultantes, con la posibilidad extra de darle un pasaje al virus a través de hurones (o de animales semejantes) que tienen un ACE2 muy parecido a los humanos, para darle una apariencia más natural (por cambios aleatorios triviales); de haber sido natural, esto requeriría a un hospedador animal infectado con estos dos virus simultáneamente, y que con una puntería inexplicable, modificara única y específicamente a los seis codones clave (y una segunda e independiente de tales recombinaciones imposibles para dar origen a las diferencias exclusivamente presentes en el largo Orf1ab); 2) El poseer un sitio peculiar único: PRRAR, de ruptura por proteasas (Furina, Tripsina y TMRPSS2) en la proteína llamada Spike (S), para obtener los fragmentos S1 y S2 que permitan al RNA viral penetrar en la célula, cuyos nucleótidos que lo producen son extraños al resto de la secuencia viral por contener un 80% de riqueza en nucleótidos GC, siendo éstas, 12 bases o nucleótidos ajenos al resto del virus: CCUCGGCGGGCA, que se anexan a las tres bases restantes: CGU, las que están presentes en el armazón del virus del murciélago para completar la secuencia necesaria. Esto requeriría, ya fuera un tercer virus completamente desconocido hasta la fecha en el mismo animal utópico descrito antes, o un segundo pasaje del primer compuesto quimérico anterior en otro animal, y que esta bestia también le atinara exclusivamente a esta región, y a ningún otro sitio; luego se explora: 3) El disparo tan grande en variación, cuando se compara a la primera secuencia obtenida del virus del COVID-19, con su inmediato antecesor que según Shi Zhengli es la RaTG13 (habiendo ella deliberadamente ignorado aún citar a la previa referencia idéntica llamada BtCoV/4991 (2016), o a la referencia de la misma bajo el nombre de SARSr-CoV Ra4991 (2019), acciones que la vuelven altamente sospechosa, ya que ella ocultó de tal a la secuencia Spike y a la secuencia completa de todo ese virus, al menos durante los últimos cuatro años;

¹ Previamente: Postdoctoral molecular por el Colegio Baylor de Medicina y por el Colegio Médico de Nueva York; fdocc@yahoo.com, <https://orcid.org/0000-0001-9661-5672>, <https://bcm.academia.edu/fernandocastrochavez>, https://www.researchgate.net/profile/Fernando_Castro-Chavez (Publicación en *Yola*: El ocho de mayo del 2020).

¿y quién puede decir que no manipuló también artificialmente a dicha secuencia?, ¿y cuántas secuencias más no estará ocultando ella?, debido a que nadie ha sido capaz de verificar independientemente la exactitud de sus afirmaciones, sino que todo se basa solamente en lo dicho por ella), ya que los nucleótidos de seis proteínas exhiben un 99% de similitud entre ambas secuencias, mientras que doce de ellas disminuyen a un 96%, o aún están por debajo de este número, siendo los cambios más extremos, aquellos que se encuentran dentro de la secuencia para la proteína Spike, la que exhibiendo una similitud global del 93%, es la que tiene la mayor discrepancia entre las dos secuencias, y dentro de esta misma se tienen variaciones extremas, como una similitud baja del 44% en esa zona específica del RBD antes mencionada, y tan sólo del 20% para esa secuencia de 12 bases para el resultante sitio de ruptura por proteasas; otros cambios incluyen a los nucleótidos óptimos de la región semejante a genes de inmunodeficiencia, que se pudieran explicar mejor con el mismo proceso artificial que originó al RBD.

Abstract:

To treat the cause of a disease and not its effects is priortary, hence, It is very important to know the origin of this pandemic of COVID-19 to be able, if possible, to prevent an event of this nature and magnitude to happen again, and to be able to avoid every sort of abuses, as it is happening today. It is evident that there was an human intervention in the emergence of this causing virus known as Sars-CoV-2, because even in 2018 there was not in existence any zoonotic history of any class in Wuhan, so, having being originated this virus already mature and fully capable of attack over the lungs of the human being, implies an artificial source, in addition to the next points: 1) To have in the backbone of a virus from bat, the insertion similar to that of a pangolin virus for the Receptor Binding Domain (RBD, which basically consists of six separated amino acids), being the receptor the ACE2 of the human lung, in an epoch (2019, when it appeared), in which there were already mature all of the molecular methodologies necessary to modify individual nucleotides that hence modify at will the resulting amino acids, with the extra possibility to give an extra passage to the virus through ferrets (or of similar animals) that have an ACE2 very similar to the humans, to give it a more natural appearance (by random trivial changes); had it been natural, this had required an animal host infected with these two viruses simultaneously, and that with an unexplainable marksmanship, could had been able to specifically modify the six key codons (and a second and independent of such impossible recombinations to give raise to the differences exclusively present in the long Orf1ab); 2) To have a unique peculiar site, PRRAR, for protease cleavage (Furine, Trypsin and TMRPSS2) in the protein called Spike (S) to obtain the fragments S1 and S2 to allow the viral RNA to penetrate into the cell, whose nucleotides producing it are stranger to the rest of the viral sequence because they contain an 80% richness in the nucleotides GC, being these, 12 bases or nucleotides alien to the rest of the virus: CCUCGGCGGGCA, that engrain to the three remaining bases: CGU, which are present in the frame of the virus of a bat to complete the necessary sequence. This will require, either a third virus completely unknown until now, either in the same utopian animal described before or a second passage of the first chimera in another animal, and that such beast could also target exclusively over this region, and in no other site; then it is explored 3) The biggest shot in variation, when it is compared to the first sequence obtained of the virus of COVID-19, with its immediate ancestor, that according Shi Zhengli is the RaTG13 (having her deliberately ignored even to cite the

previous identical reference called BtCoV/4991 (2016), or to the reference of the same under the name of SARSr-CoV Ra4991 (2019), actions that render her highly suspicious, because she hid from such the Spike sequence and the full sequence of that whole virus, at least during the last four years; and, who can say that she did not manipulated as well artificially such sequence?, ¿and how many more sequences will she be hiding?, because nobody independently has been able to verify the accuracy of her claims, but everything is based only in what she has said), given that the nucleotides of six proteins exhibit a 99% of similitude between both sequences, while twelve of them go down to a 96% or even are below of this number, being the most extreme changes, the ones that are inside the sequence for the protein Spike, which exhibiting a global similitude of the 93%, is the one having the highest discrepancy between the two sequences, and within this same one there are extreme variations, with a low similitude of 44% on that specific of the RBD mentioned before, and of only the 20% percent for that sequence of 12 bases for the resulting protease cleavage site; other changes include the optimal nucleotides of a region similar to immunodeficiency genes, that could be better explained with the same artificial process that originated the RBD.

"Estamos tan enfocados en nuestra búsqueda de la verdad, que se nos pasa considerar que son muy pocos los que realmente desean que la encontremos."

Valery A. Legasov.

"Aquí no tenemos miedo de seguir a la verdad hasta donde ésta nos lleve, ni de tolerar al error mientras que nos quede la libertad para combatirlo."

Thomas Jefferson.

Introducción:

En ciencia, tres pruebas es lo que normalmente se requiere para establecer algo como evidente (Crombie, 1994). En este caso, veremos tres razones mínimas, y una más para que exista cierta holgura (más otra al principio, dirigida a aquellos que realmente buscan la verdad, a ser ignorada por aquellos que no la buscan, y esta será una determinante para identificar quiénes son los últimos), que mostrarán al lector que este virus del COVID-19 se trata de un diseño humano. Espero que otros científicos, especialmente todos esos honestos virólogos, inmunólogos, infectólogos, epidemiólogos, biólogos moleculares, médicos humanos (excluyendo a los inhumanos), veterinarios, etc., etc., estén también realizando esta clase de trabajos, ya que tener como objetivo el definir el origen de esta pandemia que está principalmente devastando moralmente al planeta, y ni que decir de las víctimas reales, es vital para evitar que algo así se vuelva a repetir, y para evitar que en el transcurso de esta misma pandemia, exista aún la más mínima posibilidad de que se sigan liberando más de los mismos agentes patógenos para acrecentar a una crisis, que a todas vistas ha sido diseñada a nivel mundial. El hecho de que en todos los artículos relacionados con ingeniería de coronavirus aparece una negación oficial diciendo que no hay pruebas que muestren que este COVID-19 salió del laboratorio, habla mucho acerca de un intento deliberado de silenciar la verdad, así como la invasión de la privacidad por parte de la OMS de todas las plataformas sociales disponibles en el internet. Aquí presento entonces, esta evidencia que

demuestra justamente lo contrario como la más plausible explicación, para su libre evaluación por ustedes mismos.

Antecedentes:

Le he puesto “Anticovidiana” a este estudio ya que está en línea con mis previas incursiones en la Antiobesidad (Castro-Chavez *et al.*, 2003) y en la Antiaterosclerosis (Castro-Chavez *et al.*, 2013), cuando también demostré, como espero hacerlo aquí, que un contaminante artefacto de laboratorio se había inmiscuido en miles de secuencias presentes en el Genbank y en los Microarrays de Affimetrix (Castro-Chavez, 2012). Más en este caso viral, los tres antecedentes básicos que quisiera yo enfatizar, son el artículo de Baric y de Zhengli del 2015 (Menachery *et al.*, 2015), publicado dentro del tiempo en el que Obama había señalado como moratoria para dichos estudios, la cual se prolongó en los EE UU del 2014 al 2017, y al final fue cuando Trump removió dicha moratoria, por lo que de alguna manera se las ingeniaron estos autores para publicar este trabajo, que una vez más despertó grandes conflictos éticos durante ese año (Akst, 2015, etc.).

Básicamente, el experimento que realizaron fue el de desarrollar un super-coronavirus que fuera capaz de matar a los ratones ancianos, resultado que no presentan, como sería de esperarse, en el texto principal, sino ¡en una figura compuesta en el suplemento! (Figura 3b), en la que se observa la muerte total de ratones ancianos al cuarto día (Menachery *et al.*, 2015). En una entrevista reciente, Baric dice que se “encontró” a ese virus asesino, pero la verdad es que él con su equipo, lo “diseñó”, no lo “encontró”: <https://www.wral.com/unc-researcher-found-deadly-virus-in-bats-in-china-in-2015/18913313/> (si lo remueven, favor de buscarlo en el archive dot org). Pero ya de entrada, se observa que algo se quiere ocultar y cambiar, ¿verdad?

Lo notable de este trabajo del 2015 es que dos de los autores provenían de los laboratorios de Wuhan en China, en donde se desató la pandemia del COVID-19, y se les acredita el haber sido ellos los que trajeron, tanto a los plásmidos necesarios, como a la versión asesina del gene modificado de la proteína clave de entrada a las células pulmonares humanas llamada Spike (Menachery *et al.*, 2015).

Ahora, se ha descubierto que existe una versión manuscrita previa a la versión final de este artículo del 2015 de Baric para la revista *Nature Medicine*, y es el primer formato de la versión que se publica en el *PubMed* del NIH. Lo notable de esta previa versión es que posee dos referencias metodológicas clave que no están presentes en la versión electrónica final (Menachery *et al.*, 2015).

La primera es del 2005 y muestra que ya desde ese entonces era bien conocido el sitio de la proteína Spike llamado Sitio (o “Dominio”) de Unión al Receptor (RBD, *Receptor Binding Domain*, también llamado, al enfocarse solamente en los seis aminoácidos de contacto como RBM, *Receptor Binding Motif*), que es el que se encarga de la anexión del virus al receptor de las células pulmonares llamado ACE2. Además, desde ese entonces, el estado del arte molecular ya permitía que se hicieran cambios puntuales de nucleótidos individuales, los cuales a su vez modificarían al aminoácido resultante, y en ese artículo, sus autores se enfocan en modificar a los aminoácidos clave necesarios para que el RBD se una a ACE2 (Qu *et al.*, 2005).

El otro artículo experimental omitido es del 2008, y es semejante al anterior, con la diferencia de que ya comienza a perfilar a los aminoácidos óptimos finales del RBD del COVID-19, ya que define que una sustitución artificial de una Leucina por una Fenilalanina, hace que la unión sea más sólida entre el RBD y el ACE2, y es precisamente con una Fenilalanina, como lo establece ese artículo, como nos encontramos en esa misma posición relativa al RBD del COVID-19, en el artículo es un cambio L472F para el Sars antiguo (Sheahan *et al.*, 2008), el cual corresponde al L486F en el caso del nuevo COVID-19.

La importancia de estos hallazgos es que no se necesita invocar al entrecruzamiento natural en un intermediario animal fantástico y básicamente a nunca ser encontrado, para haber obtenido, mediante prueba y error durante todos estos años, tal y como lo demuestran que ya lo estaban haciendo, a la combinación óptima experimentalmente (no necesariamente a la mejor teóricamente) presente en COVID-19.

Aparte de estos tres antecedentes, quisiera mencionar a un artículo reciente de opinión (Andersen *et al.*, 2020), que es básicamente el que ha cegado al espíritu crítico de la mayoría de los científicos, y se le ha ido tomando como el consenso general, aún cuando ese artículo no resuelve nada y omite muchas referencias necesarias básicas. Ese artículo señala que el RBD del COVID-19 se asemeja más al del virus de pangolín, mientras que el resto del trasfondo es el de un virus de murciélago. Esta opinión es la que ha hecho que la gente de ciencia se esfuerce por imaginarse las cosas, en vez de buscar a la verdadera causa, porque: ¿cuál podría haber sido el intermediario animal en el que la combinación mencionada (del armazón del virus del murciélago, con el RBD del virus del pangolín) se pudiera haber llevado a cabo? Y esta hipótesis sin solución que ellos plantean, y que muchos desgraciadamente careciendo del espíritu crítico consideran como si fuera la última palabra, la final, requeriría de que dos virus diferentes se entrecruzaran en un mismo animal para ser cierta: El virus del murciélago, recombinándose con el del virus del pangolín, para que de una manera increíble, exclusivamente el sitio óptimo del RBD del virus (18 nucleótidos dentro del total de 29,903 en la secuencia completa, o el 0.06% de la secuencia); como si el virus del pangolín se hubiera quedado incrustado en el armazón del virus del murciélago. Se requiere de una creencia ciega y no crítica para pensar que el virus del pangolín tuvo tal puntería como para transmitir solamente a esos 6 x 3 sitios distantes o separados de región de su RBD hacia el virus del murciélago, esos 18 nucleótidos en las posiciones precisas y nada más.

Para terminar con estos antecedentes, he de decir que esto no es todo, aunque así nos lo quieren hacer ver de una manera simplista la mayoría de los que pretenden acabar de una vez por todas con esta incómoda exploración de los verdaderos orígenes del virus, incómoda porque legalmente implicaría tanto a China como a gente de los EE UU, ya que el financiamiento para que los chinos en Wuhan siguieran trabajando con estos virus provino en parte de los NIH norteamericanos (Mulraney & Owen, 2020), que envió 3.7 millones de dólares a Wuhan, pero esta cantidad palidece comparada con lo que Gates entregó a la OMS en el 2010 para establecer “la década de las vacunas”, como él la llamó (Gates Foundation, 2010), consistente en diez mil millones de dólares. Durante esa época del año, los murciélagos estaban dormidos, hibernando, y en el mercado de Wuhan inculpado no se venden murciélagos, además de que los primeros tres infectados del COVID-19 no habían tenido contacto alguno con ese inculpado mercado (Sirotkin & Sirotkin, 2020). Dejo en las manos de ustedes la exploración de todo aquello, ya que este trabajo es más bien molecular, por lo que, vayamos a ello.

Existe entonces una tercera secuencia desconocida en el sitio de activación del virus que está entrando a la célula humana, y al producto de aminoácidos procedente de esta secuencia se le llama el sitio de separación o ruptura por proteasas (Furina, Tripsina y TMRPSS2: Serina proteasa transmembranal 2), las cuales dividen a Spike (S) en dos partes: S1 y S2, permitiendo el paso del RNA viral. Pues este sitio bajo consideración que está concatenado a tres nucleótidos del extremo derecho pertenecientes al virus del murciélago, produce entonces a los siguientes aminoácidos que son divididos por la proteasa: PRRAR (Andersen *et al.*, 2020).

Esto complicaría aún más la visión simplista de los que pretenden encubrir toda indagación sobre los orígenes del virus, ya que no solamente se requeriría de la convergencia en un mismo animal del virus del murciélago con el virus de aquel utópico pangolín que de alguna manera extraordinaria le atinó al sitio clave del RBD, sino que se requeriría de un tercer virus totalmente desconocido hasta ahora, que también entregara a esas 12 bases necesarias para formar ese sitio PRRAR de ruptura por proteasa, y estas doce bases además son totalmente extrañas al resto del virus, ya que son especialmente un 80% ricas en secuencias GC, como se verá en los resultados.

Si antes ya se ha llegado a investigar, y a demostrar con evidencias claras, que lo más plausible es que también la epidemia del H1N1 de 1977 se debió al escape accidental de dicho virus (Rozo & Gronvall, 2015), ¿por qué no con mayor razón en este caso que está devastando al planeta moralmente, por qué no plantearnos, ya al menos la misma hipótesis, como se verá a continuación?

Hipótesis:

Ha: El virus Sars-CoV-2 causante del COVID-19 fue originado en un laboratorio y de allí fue liberado.

Ho: El virus Sars-CoV-2 causante del COVID-19 fue originado en un animal y de allí pasó al humano.

Materiales y Métodos:

Se usará la secuencia básica del primer reporte del COVID-19: MN908947: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MN908947>, que llevó como consecuencia el cierre temporal del laboratorio en el que se secuenció por primera vez a ese agente causal del COVID-19 llamado Sars-CoV-2 (Pinghui, 2020). A partir de ese momento, se desató el envío de secuencias que siguen llegando a diario, mostrando que el COVID-19 sigue variando de manera principalmente puntual, en uno o dos nucleótidos significativos a la vez, deparando a la fecha más de treinta variantes por todo el mundo, lo que de hecho va a seguir aumentando sin restricciones conforme pase el tiempo.

Luego, se comparará esta secuencia del COVID-19 con la secuencia que después Zhengli enviara, pero en el caso de ella, supuestamente procedente de un murciélago, dice ella, secuencia de una muestra que se tenía desde el 2013, pero que no había sido revelada completa sino hasta este año del 2020 (como se verá, ya antes había sido presentada parte de ella con dos nombres distintos), lo que aumenta las sospechas de su posible modificación, además de que su nombre no es nada halagador para quien la enviara al Genbank: RaTG13: MN996532: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/1802633852>.

Para comparar estas secuencias con la base de datos general, se usará tanto el BLAST estándar: <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?PAGE=Nucleotides>, así como el que además compara a solamente dos secuencias: https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?BLAST_SPEC=blast2seq.

Resultados:

Las tres evidencias básicas en detalle de que el virus del COVID-19 es un trabajo artificial son:

1)

Que el sitio del RBD que tiene una mayor semejanza con el del virus del pangolín, también se pudo haber obtenido en el laboratorio de una manera más definida mediante la prueba y error del ir modificando aminoácido por aminoácido hasta obtener a los seis aminoácidos clave para la unión de dicho RBD con el receptor ACE2 de las células pulmonares humanas, especialmente cuando existen los antecedentes descritos de que desde el 2005 al menos, ya se tenían las técnicas para hacer cambios individuales de nucleótidos para cambiar a sus aminoácidos resultantes, como lo demuestran los dos artículos clave removidos por Baric y Zhengli (Qu *et al.*, 2005 y Sheahan *et al.*, 2008).

A continuación se verá el segmento que contiene a los seis aminoácidos clave para su unión al receptor humano ACE2 (aquí mostrados de mayor tamaño, subrayados y huecos):

```
TTGTTTAGGAAGTCTAATCTCAAACCTTTGAGAGAGATATTTCAACTGAAATCTATCAGGCCGGTAGCACACC  
TTGTAATGGTGTGAAGGTTTTAATTGTTACTTTCCTTCAATCATATGGTTTCCAACCCACTAATGGTGT  
GGTTAC
```

Siendo esta una extensión de 153 bases (en las posiciones de la 22,925 a la 23,077 de la secuencia MN908947). Éstos nucleótidos clave se traducen en los aminoácidos, respectivamente: L+F+QS+N+Y, poniendo en negrita a aquella “F” que se mencionara en los antecedentes que ya se había optimizado a mano en el laboratorio, ya que antes, en la versión previas del Sars-CoV, allí se encontraba una “L”.

Aquí es inverosímil que un virus de pangolín hubiera acertado a solamente modificar esos seis lugares y nada más del armazón del virus del murciélago. Pero por alguna razón, los científicos con conflictos de intereses respecto a la investigación de los virus, son los que más se aferran en convencer al resto de los científicos que eso pudiera haber sido posible.

El darnos cuenta que obtener a un fragmento con los cambios necesarios nos evitaría seguirnos quebrando la cabeza, intentando encontrar a un animal mediador, que lo más probable es que ni exista. En el 2018 se hicieron pruebas zoonóticas en Wuhan, como se mencionó en el resumen, y no se encontró a ningún virus extraño en los seres humanos evaluados, trabajo precisamente enviado por Zhengli, que aquí firma como Zheng-Li (Wang *et al.*, 2018). Si ya hubiera andado una cepa previa al COVID-19, lo que es necesario para la emergencia agresiva que el COVID-19 ha mostrado desde el principio, en ese momento del 2018 se podría haber detectado, pero nada extraño se observó en aquel entonces en Wuhan, sino que todo lo contrario, el COVID-19 actual apareció de la nada y ya completamente “maduro”, lo que es imposible en las infecciones zoonóticas, las cuales dejan rastros de su historia, es decir, versiones consecutivas previas del virus que gradualmente va cambiando a lo largo

del tiempo (Han, Kramer & Drake, 2016), el cual normalmente es un tiempo prolongado de evidencias, de entre 50 a cientos de años, inclusive.

Esto por sí mismo ya es una fuerte razón para pensar que ese virus del COVID-19 fue soltado, deliberadamente o por error, ya en un estado óptimo para atacar directamente a los humanos, habiendo salido ya “maduro” de un laboratorio en donde se le diseñó.

Respecto a este punto, el Dr. Alberto Rubio-Casillas encontró las referencias de que, aún cuando se intentaba aumentar la compatibilidad entre el RBD del virus y el receptor ACE2 de los ratones, Baric indica una vez más que ya se tenía toda la tecnología para modificar a cada aminoácido viral a voluntad, ya que dice (con mi énfasis): “Sin embargo, el SRBD (el dominio de unión al receptor de la proteína Spike) del murciélago se REPLICÓ POBREMAMENTE en vivo, requiriendo MODIFICACIONES ADICIONALES para facilitar los estudios en modelos de ratones”, y además expresa algo aún más inquietante, pues dice: “Tanto el SARS-CoV como el Bat-SRBD (el mismo mencionado antes) SE REPLICARON EFICIENTEMENTE (lo opuesto a lo anterior) en cultivos HAE (células humanas epiteliales de las vías respiratorias), proporcionando un modelo humano de las vías respiratorias...”; además, cuestionando la eficacia de los modelos computacionales ideales al compararlos con lo óptimo tras la experimentación práctica, Baric nos dice (contradiendo él mismo con ello a las conclusiones sesgadas de Andersen *et al.*, 2020): “Aunque el modelado predice que Y436H (la substitución de un aminoácido “Y” con uno “H”) aumenta ese quedar-unidos (“*engagement*” dice él) del RBD-mACE2, ambos SARS-CoV (SIN ese cambio Y436H) y MA15 (CON ese cambio Y436H) se replican eficientemente en los pulmones del ratón...” (Becker, M. M., *et al.*, 2008). Eso significa que ese cambio no hace diferencia alguna en la práctica, aunque teóricamente según el “modelo” pareciera hacerlo.

La actualización de este punto es que en otro trabajo se concluyó también lo mismo que aquí hemos observado, y es que la semejanza entre el RBD del COVID-19 y la del RBD del virus de pangolín (pangolín-CoV, P2V/2017), es una semejanza casual y fortuita (Lam *et al.*, 2020).

Además, otra región diferente e independiente a la anterior, hace pensar al investigador Yuri Deigin (2020),² que se trata de otro caso independiente, ya que Deigin dice: “*Orf1ab es también un embrollo filogenético en CoV2 (que es la causa del COVID-19): Orf1a es más cercano a RaTG13, pero Orf1b es más cercano al pangolin-2019 (MP789)*”. Así que, dada la afinidad con otra secuencia de otro virus de pangolín para esta otra región (ORF1ab), vemos la evidencia de otra posible intervención manual adicional en el laboratorio.

Y aquí, para decir algo acerca de un posible tratamiento, he de señalar que Ho, *et al.* (2007) sugirió una cantidad de 10 µg/mL para inhibir la interacción de la proteína S del SARS-CoV con el receptor humano ACE2 mediante el uso de extractos de un compuesto de antraquinona derivado de *Rheum officinale* y de *Polygonum multiflorum* (llamado comercialmente “*Emodin*”).

Pros de este resultado

Esta es una explicación simple y directa, de la que existen como evidencias al menos estas dos referencias citadas (y debe de haber más) y luego removidas por Baric y Zhengli, que aquí firma como Zhengli-Li (Menachery *et al.*, 2015), para su versión final del 2015, en los que vemos que esto era lo que se estaba haciendo precisamente con la región RBD *in vitro* desde hace tiempo.

² Gracias a Alice Kopel por enviarme el nexo al artículo de Yuri Deigin.

Contras de este resultado

No se han dado a conocer bitácoras que permitan corroborar que esto se llevó a cabo en el laboratorio, pero tenemos la evidencia de que el gobierno comunista chino (el CCP) ordenó la quema de todos los documentos del laboratorio de Wuhan (Sirotkin y Sirotkin, 2020), ya que incluso censuró a toda publicación que desde China intentara indagar objetivamente acerca del origen del virus del COVID-19 (Feng, 2020; Observer, 2020), pero esperamos que en algún lado quede algo de verdad.

2)

Las 12-bases de nucleótidos, que al traducirse generarán al sitio de ruptura por proteasa PRRAR, son las siguientes:

CCTCGGCGGGCACGT

Perteneciendo las últimas tres bases al armazón del virus del murciélago, y las 12 bases previas aún hasta la fecha son una inserción de procedencia desconocida, estando el constructo completo ubicado en las posiciones de la 23603 a la 23617 de la secuencia MN908947.

Esta secuencia de 12 bases, al usar *Blast* encuentra homologías principalmente con bacterias, un ejemplo de las múltiples bacterias que se alinean a esta secuencia es el siguiente: ***Pseudomonas monteilii*** (CP043395), que es una bacteria Gram-negativa, aislada de los bronquios humanos.³

Para este sitio molecular de 12 bases, hasta la fecha no se tiene explicación oficial alguna, por ejemplo Andersen *et al.* (2020) dejó en blanco toda posible explicación del posible origen de esta inserción. Un par de investigadores han hecho interesantes propuestas, a saber:

a) Cuando se explora solamente a la base de datos de virus (como lo hizo el Dr. Tom Wenseleers), se obtienen tres resultados, uno de los cuales es el MN729215, correspondiente a un **Pestivirus** porcino atípico, pero su lectura está fuera de nuestro marco de referencia; es decir, como: ACC TCG GCG GGC AAT = TSAGN, además de que los nucleótidos que flanquean a la secuencia de interés son diferentes, por lo que esta semejanza pareciera ser fortuita.

Pero, las implicaciones utópicas basadas únicamente en el posible hallazgo de un virus conteniendo exactamente a la secuencia buscada capaz de generar en su marco de lectura preciso a la serie de aminoácidos deseada para producir a la secuencia PRRAR para una función análoga, en el caso de la teoría del origen natural del COVID-19, son que un intermediario fantástico pudo haber sido, ya fuera un cerdo o una oveja, o cualquier otro animal, dentro del que uno de sus virus se recombinó con el virus ya modificado del punto anterior, y entregándole únicamente la secuencia bajo consideración, sin contribuir absolutamente con nada más (contribuyendo únicamente con 12 nucleótidos entregados por inserción, y con nada más, de entre los 29,903 nucleótidos que integran el genoma total del virus; que es decir, el 0.04% de la secuencia), habiendo hecho todo esto antes de contaminar al ser humano, lo que es prácticamente imposible, ya que no hay restos ni trazos de ninguno de estos otros virus en la

³ Checar, si se desea, su traducción de nucleótidos a proteínas, ya que es posible estén fuera del marco de lectura buscado: <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?PROGRAM=blastx>

secuencia quimérica que a estas alturas de nuestra discusión ya lleva los insertos de tres diferentes virus. También ésta secuencia, en su análisis, fue similar: MN331655, perteneciente a un **Parapoxvirus** que ataca a los ungulados domésticos (chechar su marco de lectura de serles posible).

En cambio, si la secuencia es procedente de un fago (y la coincidencia de estas doce bases también se encuentra en la secuencia MT114163, correspondiente al Fago Settecandela de una micobacteria, también encontrado por el último investigador mencionado (de nuevo, chechar marco de lectura); y en el caso de Zhengli, ella usó tanto fagos para su famoso artículo del 2015 (Menachery *et al.*, 2015), en donde dice: “Un anticuerpo generado por despliegue de fagos...”), como bacterias (“Construction of infectious bacterial artificial chromosome (BAC) clones of WIV1”, en Zeng *et al.*, 2016), que es la más numerosa homología que yo encontré; esto indicaría aún más claramente la procedencia de una herramienta metodológica en el trabajo molecular llevado a cabo en Wuhan, como se verá también en el siguiente hallazgo:

b) Cuando se explora solamente la base de datos de patentes, aparecen principalmente patentes que contribuyen a aspectos metodológicos de biología molecular (como lo descubrió el Dr. Leopoldo Naranjo), y una de las múltiples secuencias que más le llamaron la atención es la siguiente, y se tienen otras muchas y abundantes variantes a considerar: MA673485: **Polinucleótidos** modificados para la producción de proteínas (en la cadena complementaria, como: ACGTGCCCGCCGAGG, en las posiciones de la 139 a la 153, chechar el marco de lectura), enviado precisamente por *Moderna*, una de las compañías que patrocina Bill Gates, secuencia enviada al Genbank desde el 2012, con 26 actualizaciones y con dos más en el 2017 (trabajo de prueba y error, como comentábamos que también se usó en optimizar el RBD del COVID-19, que es lo que parece ser más probable, ya que de la noche a la mañana apareció plenamente maduro para dañar al ser humano sin estados transitorios que claramente mostraran su “evolución”).

La conclusión más simple y lógica es que este inserto 80% rico en bases de Guanina y Citosina fue deliberadamente añadido en el laboratorio, eso resolvería toda una paradoja que de otra forma es prácticamente imposible de resolver.

La actualización aquí es que estas 12-bases parecen estar optimizadas, no solamente para la penetración del virus en la célula, sino también para darle una mayor estabilidad a su RNA, lo que también ayuda a la multiplicación del virus una vez que se encuentra dentro de la célula. Una evidencia más de que el COVID-19 ha sido cuidadosamente diseñado en un laboratorio (Manzourolajdad, Xu, & Ebrahimi, 2020). Además, el mencionado investigador ruso Yuri Deigin recomienda poner atención también a la secuencia QTQTNS, común en el virus del COVID-19 y en RaTG13, que se encuentra al lado izquierdo de estas bases nuevas PRRA. Esto sería otro indicio de que la secuencia RaTG13 se trata de una etapa más temprana de modificación en laboratorio de otra secuencia aún desconocida. Es, decir, que si no han sido destruidas, en el laboratorio de Zhengli se encontrarían versiones más graduales, tanto previas a RaTG13, así como versiones intermedias entre RaTG13 y el nuevo Sars-CoV-2, ya que el cambio parece ser muy abrupto y no corresponde a lo que se vería de manera gradual en un salto zoonótico.

Alternativas terapéuticas específicas sugeridas para esta porción, de manera preventiva, se pueden observar en el interesante artículo de Wu *et al.* (2020), de entre las que se destaca:

El **Ácido fólico** (aguacate, hortalizas de hojas verdes: como espinacas, grelos (rapinis), coles, lechuga; frutas, como cítricos, melón o plátano, legumbres (habas, frijoles, judías), carne (sobre todo de hígado y riñones), cereales integrales, leche y huevos, frutos secos, etc.);

El **ácido folínico** (se encuentra en las vísceras de animales (el Mexicano menudo), en verduras de hoja verde, legumbres, levadura de cerveza y en frutos secos y en granos enteros, como las almendras);

La **L-arginina** (en frutos secos como las uvas pasas, las nueces, los cacahuates y las almendras, las semillas (ajonjolí (sésamo), calabaza, girasol, etc.), los huevos, el alga espirulina, y el chocolate...!);

Y el **glutatión** (espinacas, sandía, toronja, espárragos, aguacate, fresas, calabaza, brócoli, coliflor, nueces, ajo, tomates...), etc.

Pros de este resultado

A favor de esta conclusión, está el hecho de que ésta es una secuencia de doce bases que no encaja con el resto del virus por esa alta concentración de Guanina y Citosina, y que no tiene explicación alguna su procedencia de ningún otro virus, que si en verdad se hubiera entrecruzado con el Sars-CoV-2, también habría dejado múltiples trazas en otros lugares del mismo, y no solamente el haber dejado a estas doce bases. Si procediera de algún fago, o más específicamente de una bacteria, sería producto de las metodologías usadas, insertado en el laboratorio el fragmento más adecuado en esa posición precisa para lograr la penetración viral a la célula humana de ese RNA viral, y aún más denunciante sería que secuencias patentadas para el diseño de péptidos por la compañía “Moderna Inc.” financiada por Bill Gates, son las que contienen precisamente a éstas 12-bases en su cadena complementaria.

Contras de este resultado

En contra de esta conclusión, de nuevo, se tiene que no tenemos a la mano, porque el gobierno comunista chino no ha permitido a nadie el revisar bitácora alguna de Wuhan que explique cómo llegó esa secuencia hasta este lugar del virus. Sólo dice la investigadora misma de los virus Sars-CoV de Wuhan, Zhengli, que no corresponde a sus secuencias, pero ¿qué tan creíble es preguntarle al principal sospechoso si lo hizo o no?

3)

El tercer punto se desprende de los previos dos, y consiste en ver la variación individual de las diferentes proteínas del virus del COVID-19 (MN908947), y de segmentos de su proteína crucial para la penetración celular humana (Spike), lo cual nos da los siguientes números redondeados, haciendo la comparación con el único punto de referencia que Zhengli nos ha permitido tener, que es esa cuestionada y cuestionable RaTG13 (MN996532), pero que por ahora nos ha de servir para ser comparada con esa primera secuencia que desde China se depositara en el Genbank para el virus del COVID-19 (los genes que no se mencionan se encuentran dentro de aquellos que sí son mencionados):

- 1) **99%**: E, Orf10, Nsp9, y el final del genoma no codificante poseedor de una secuencia palindrómica;
- 2) **98%**: Orf6, Nsp7, Nsp8, Nsp10, Nsp12, Nsp13, y el inicio del genoma viral no codificante;
- 3) **97%**: N, Orf7, Orf8, Nsp14;
- 4) **96%**: M, Orf3, Nsp1, Nsp3, Nsp4, Nsp5, Nsp6, Nsp15, Nsp16;
- 5) **95%**: Nsp2;
- 6) **93%**: Spike (combinada, pero dado que ésta es la que experimenta la mayor variación, reduciéndose en un 6% su semejanza con RaTG13 al ser comparada con las regiones de menor variación, necesitamos separar sus porciones para obtener una mejor idea de su variación interna, recordando que las siguientes porciones de la a a la c producen la porción S1 de Spike).
 - a) **92%**: Para la porción que contiene a las seis porciones semejantes a HIV/SIV descubiertas por el ex-programador de IBM Jean-Claude Perez, junto con el premio Nobel y descubridor del virus del Sida, Luc Montagnier (Perez & Montagnier, 2020);
 - b) **44%**: Para la porción clave que contiene al sitio de unión al receptor (RBD);
 - c) **20%**: Para generar el sitio de ruptura por proteasas: CCTCGGCGGGCACGT = PRRAR;
 - d) **93%**: para la parte más larga y final posterior al sitio de ruptura por proteasas, que es el que produce la porción S2 de Spike que contiene una semejanza camuflada al virus del Sida.

Esta disparidad tan grande entre las diferentes proteínas de un mismo virus, especialmente para la región de la proteína de penetración Spike, nos indica que éstas dos porciones de Spike han sido las más modificadas a mano dentro del laboratorio, ya que desde hace tiempo se tienen todas las tecnologías para hacerlo así, y esto es demostrable, mientras que la especulación de un posible animal siendo el transmisor es algo incierto e indemostrable. Un pasaje artificial a través de animales como los hurones (*ferrets*), o aún en células humanas *in vitro*, las que tienen receptores humanos ACE2, haría que el virus extraído de allí pareciera lo más natural posible, y aún cuando es a través de animales, ha sido llevado a cabo dentro de un laboratorio. Se pone en imagen la comparación entre las dos secuencias para este, en donde se observa una diferencia en 19 nucleótidos (la secuencia considerada como vital por Zhengli en Ren *et al.*, 2008), y para el caso que sigue.

S-CoV2	MN908947	3	TTGTTCTTACCTTTCTTTTCCAATGTTACTTGGTTCCATGCTATACATGCTCTCTGGGACC	62
RaTG13	MN996532	21704	TTGTTTTTACCTTTCTCTCCAATGTGACCTGGTTCCATGCTATACATGTTTCAGGGACC	21763
S-CoV2	MN908947	63	AATGGTACTAAGAGGTTTGATAACCCCTGTCCTACCATTTAATGATGGTGTATTTTGCT	122
RaTG13	MN996532	21764	AATGGTATTAAGAGGTTTGATAACCCAGTTCTGCCATTCAACGATGGCGTCTATTTTGCT	21823
S-CoV2	MN908947	123	TCCACTGAGAAGTCTAACATAATAAGAGGCTGGATTTTTGGTACTACTTTAGATTCGAAG	182
RaTG13	MN996532	21824	TCCACTGAGAAGTCTAATAATAAGAGGATGGATTTTTGGTACTACCTTAGATTCGAAG	21883
S-CoV2	MN908947	183	ACCCAGTCCCTACT	196
RaTG13	MN996532	21884	ACCCAGTCTCTACT	21897

Figura 1. Secuencia en la que se congregan múltiples fragmentos homólogos a la inmunodeficiencia animal y humana, considerada una región necesaria para la *infectividad* por Zhengli (ver **Figura 2**).

La actualización que quisiera presentar aquí es aquella exhibida claramente por la investigadora de Austria (Segreto, 2020), quien básicamente señala que un fragmento de RaTG13 ya se había publicado antes (el RdRp BtCoV/4991 (KP876546), por Ge *et al.*, 2016), y que el mismo fue usado como referencia en un par de estudios que ella cita, y uno de ellos por la misma Zhengli en el 2019 (Wang *et al.*, 2019), previa a su publicación de la secuencia RaTG13 en el 2020, después de que salió en el Genbank la primera secuencia del COVID-19 publicada por un grupo chino, secuencia que Zhongli poseía desde el 2013, y de cuya secuencia ella ofreció el envío a quien se la pidiera, de la parte correspondiente al gene de Spike, pero en el 2020 Zhengli negó aún el citar a la referencia original, o mencionarla al sacar su RaTG13, y ni siquiera mencionó a la referencia del 2019 en la que de nuevo ella usó a esa secuencia del 2016, la que como no ha sido independientemente corroborada, tiene por lo pronto toda la evidencia de estar ya también manipulada. Una deliberada demencia mostrada por Zhongli nos indica que ella está escondiendo la verdad acerca del origen del COVID-19.

Este punto es importante porque ya desde el 2013 se sabía cómo quitar y poner proteínas individuales de manera artificial específicamente en el virus del Sars-CoV (Sims *et al.*, 2013, aquí ejemplificado con la remoción de la proteína Orf6), lo que podría explicar esa tan diversa variabilidad encontrada entre las diferentes proteínas, como un ensamblaje de “corta y pega” de las más ofensivas proteínas virales contra el ser humano, y esto especialmente, debido a que Baric ya había descubierto una forma de no dejar rastro, según él, de esconder a la mano humana dentro de las secuencias virales modificadas, ¿con qué motivo estaba él investigando eso?, ¿para que un virus natural no se diera cuenta de que el otro a su lado era “artificial”?, no creo (Yount *et al.*, 2003, aún dando una referencia del año anterior como su base), ¡y aún existe un “kit” comercial para llevar a cabo ese mismo procedimiento de arrojar al aire a un virus, sin siquiera dejar rastro alguno, ¿con qué propósito existirán éstos “kits”?, ¿para engañar a quién? (*GeneArt® Seamless Cloning and Assembly Kit*). Sin embargo, Deigin (2020) nos indica que aún es posible observar los rastros que dejó la mano humana con productos de índole semejante sobre el Sars-CoV-2.

Un posible aspecto terapéutico en general podría ser el beber agua que esté en contacto con objetos de Plata (Ag, recomendada muy especialmente por John Apsley, por ejemplo, en el artículo de Galdiero *et al.*, 2011), e ingerir a esos hongos que fortalecen al sistema inmune cómo lo son el shiitake, la chaga y el maitake (Lindequist, Niedermeyer, Jülich, 2005). Otros también recomiendan al Selenio (Se; ver Stone, C. A., *et al.*, 2010), al Zinc (Zn; ver Reich & Church, 1994), y aún, al decir de mi hermana, a la vitamina C (Hemilä, 2003) y a la vitamina D (Lake & Adams, 2011), etc., ¿por qué no? Lo que sea, y especialmente preventivo, con tal de no caer en la rampante corrupción de la “*Big Pharma*”. José Francisco Norambuena Michea, desde Chile, me envió los siguientes ingredientes para aumentar nuestra inmunidad, nuestro Interferón alfa-2b: <https://medlineplus.gov/druginfo/meds/a690006.html>, hacer una mezcla de los siguientes tres té: Té verde (Nance *et al.*, 2009), té de diente de león (Han *et al.*, 2011), té de manzanilla (Miraj, S. & Alesaeidi, 2016), además de todo aquello que sea alcalino: Cloruro de Magnesio, Carbonato de Sodio, alcalinas también las verduras, frutas orgánicas, y algas, etc. Por su parte, Analía M. Tadeo me mandó otro tratamiento que alguien ha estado usando con relativo éxito, y es la suspensión de Ibuprofeno en agua Salada para nebulizaciones o vaporizaciones que se aspiren por la nariz (a mi no me agrada gran cosa el fármaco, ya que aplaca los síntomas y no las causas, pero se los paso), los doctores Dante Beltramo y Roxana Alasino inventaron este tratamiento para fibrosis cística y ha ayudado hasta la fecha a 9 enfermos del COVID-19: <https://www.infotechnology.com/labs/El-revolucionario-tratamiento-cordobes-del-que-habla-el-mundo-usan-ibuprofeno-y-sal-para-curar-coronavirus-20200507-0001.html>, etc.

Pros de este resultado

Observamos que mediante el hacer un comparativo estadístico de las proteínas del COVID-19, y aún de porciones dentro de dichas proteínas (y mucho más está por ser descubierto en este respecto), éstas nos dan una oscilación de un 6% y dentro de Spike es aún más dramática esta variación, bajando hasta un 44% y un 20%, obvio indicativo de la mano humana.

Contras de este resultado

Excusas de este resultado que se pudieran dar es que otros virus naturales muestran la misma variación (pero eso necesitaría ser demostrado, que existe una variación igualmente tan grande de entre el 20% al 80% en las diversas proteínas de otros virus), y que los sitios de extrema variación dentro de Spike son “hot-spots” naturales de alta variación (pero, de nuevo esto estaría por ser demostrado en otros virus que habrían de mostrar de manera natural el mismo brinco inmediato de un día para otro ya en su plena madurez como se observó en el COVID-19 desde el principio, lo que yo considero en este momento que no existe). Pero dados estos dos puntos en contra, quisiera agregar una evidencia más que es la que está en la más acalorada consideración dentro de lo que se investiga de este virus.

4)

Entonces, esta evidencia va de extra, de regalo:

AATGGTACTAAGAGG = NGTKR

Llamado este segmento por Perez y por Montagnier (2020) un “Elemento Informativo Exógeno” (“EIE”), consiste en que al lado izquierdo del dominio de unión al receptor (RBD) se encuentra una porción necesaria para la penetración del RNA del virus del COVID-19 a las células humanas conforme a Zhengli y a sus publicaciones (que en ese entonces estudiaban a una versión previa, la de un Sars-CoV, de estructura general semejante a la del virus del COVID-19, el cual tiene optimizadas prácticamente todas sus proteínas), como muestra esta figura que he modificado para ustedes, señalando en rojo dicha porción semejante al HIV, mientras que en negro ellos señalan el área del dominio de unión al receptor que ellos estaban investigando en ese trabajo, y en azul se observa el sitio de ruptura por proteasas, también necesario para que el virus se pueda meter a la célula pulmonar humana. Y, es precisamente el premio Nobel de Medicina Luc Montagnier en colaboración con el programador retirado de la IBM Jean-Claude Perez, quienes han caracterizado a las secuencias semejantes a inmunodeficiencia que están presentes en esta área (Perez & Montagnier, 2020).

En la imagen que sigue, con los rectángulos añadidos por mí en rojo y azul (modificada de Ren *et al.*, 2008), se observa que Zhengli estaba produciendo casi todas las combinaciones posibles entre el armazón del virus de murciélago (pero como digo, le faltó aquella en la que deja a la parte roja sin la parte azul), y los centros que incluían al dominio de unión al receptor dejado como la constante, con extensiones de diversas longitudes a la derecha y a la izquierda del mismo, para así observar cual era la mínima extensión capaz de conferir la máxima virulencia, lo que ella obtuvo mediante el dejar una porción a ambos lados (la roja y la azul), correspondiendo la roja a ese sitio en el que Jean-Claude Perez y el premio Nobel Luc Montagnier se encontraron a esa decena de segmentos que coinciden con virus de inmunodeficiencia, tanto humana como del simio. Otros ya habían descubierto eso parcialmente, y aunque nunca lograron ni siquiera que su artículo fuera revisado formalmente (Pradhan *et al.*, 2020) por

aquellos expertos virólogos del “Cold Spring Harbor”, fundado por James Watson, co-descubridor de la doble hélice del DNA junto con Crick, sí en cambio recibió varios ataques formales publicados e indexados (pero por esta vez, me abstengo de acudir a ese teatro, ya que los artículos de crítica, se olvidaron por completo de la semejanza del Sars en general con el HIV que veremos a continuación, además de que no pusieron, como los autores censurados si lo hicieron, las equivalencias de los aminoácidos y de sus nucleótidos correspondientes, además de muchas otras omisiones, lo que para mí es deplorable en ellos):

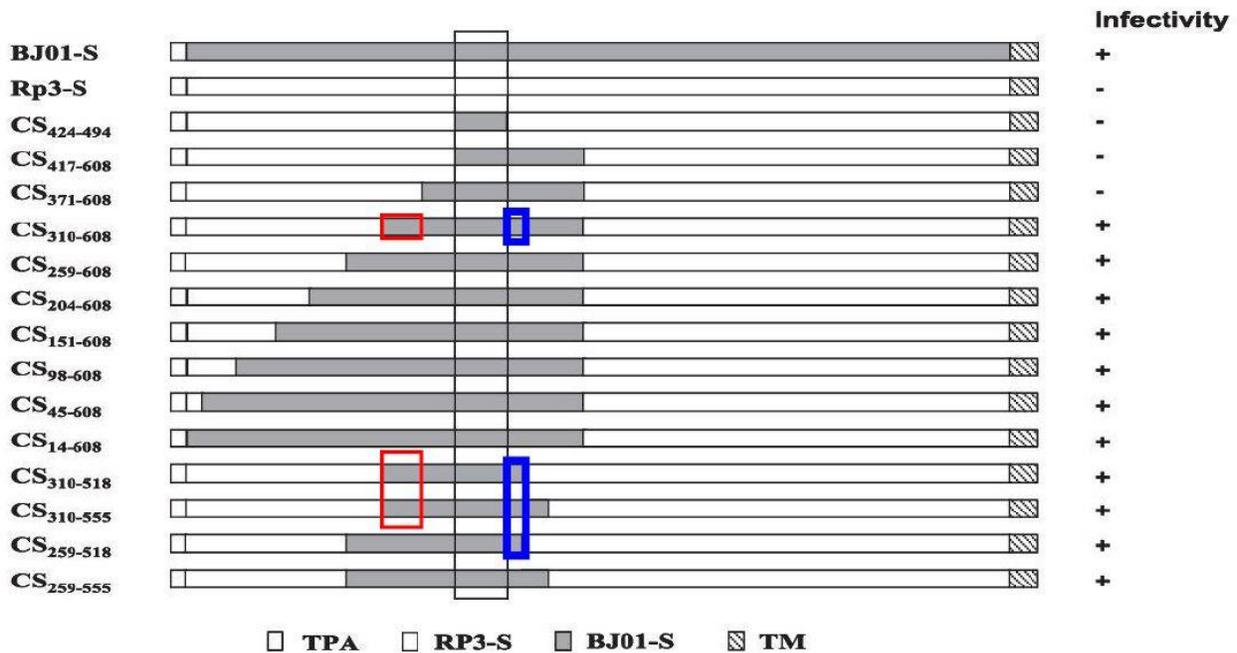


Figura 2. La región homóloga a inmunodeficiencia humana y de bestias encontrada por Zhengli como necesaria para infectar a células humanas (en rojo). Ella deliberadamente no incluyó lo que pasaba si solamente dejaba el lado pintado de azul, en donde se encuentra el sitio de ruptura por proteasa (Ren *et al.*, 2008). El área del rectángulo negro es en donde se encuentra el dominio de unión a receptor (RBD con su RBM).

Alberto Rubio-Casillas me envió una referencia del 2010 en la que Zhengli estaba usando a los pseudovirus del HIV mezclados con genes del virus del Sars y otros semejantes a éste (Hou *et al.*, 2010), así como proteínas de Spike del MERS-CoV insertas en el HIV (Zhao *et al.*, 2013). Todo esto se encuentra aún en una de las referencias de Baric para su artículo del 2015 con Zhengli, en donde se le llama “virión” a la mezcla del HIV con la proteína Spike del Sars, que es la referencia discutida antes, la cual es aún más temprana a las referencias enviadas por Alberto (Ren *et al.*, 2008).

Cuando estuve en un Simposio que Luc Montagnier presentó en Guadalajara: “SIDA; Un reto para la humanidad”, patrocinada por el *Janssen Research Council* de México (12 de julio de 1996). Evento organizada por el Dr. Alan E. Barrell, egresado de la Universidad de Pensilvania, le pregunté ante una audiencia saturada hasta desbordar, acerca del posible significado de los segmentos más cortos o epítopes presentes en el virus del SIDA; en ese momento me dijo que nadie sabía, y aún ahora, mi

experiencia es que se descarta o se ignora la presencia de esos “EIEs” tan cortos o tan pequeños como éste que me encontré de tan sólo cinco aminoácidos: NGTKR (y sus regiones circunvecinas de alta semejanza a otras secuencias de inmunodeficiencia humana y animal), que para muchos investigadores convencionales es o un enigma, o algo aún sin sentido; pero, aparentemente para Zhengli no lo era, ya que aparentemente ella si sabía la importancia de esta región, como nos lo muestra la figura:



Figura 3. Constancia de cuando Luc Montagnier, premio Nobel de Medicina en el 2008 por haber descubierto al virus del SIDA, fue a Guadalajara, MX. Le pregunté sobre el mínimo tamaño funcional para los epítopes. Sigue siendo una pregunta activa.

Actualización para mí, de algo antiguo pero que yo apenas aprendí: Aquí quisiera señalar que el discurso que intenta deslindar toda semejanza al HIV presente en el virus del COVID-19 es dañina, ya que reduce nuestro entendimiento en relación con las formas de destrozarse al virus enemigo; me explicaré mediante el poner dos ejemplos salidos directamente de dos estudios de su ancestro, el Sars, cuya similitud tridimensional se preserva en el nuevo virus, at todas vistas diseñado en el laboratorio, siendo esto lo más probable, para el Sars-CoV-2. Por ejemplo, en el intrigante artículo “*Cloaked similarity between HIV-1 and SARS-CoV suggests an anti-SARS strategy*” (Kliger & Levanon, 2003) nos muestra la similitud entre el viejo Sars, el nuevo, ¡y el HIV!:

Viejo Sars: **YEQYIKWPWYIWLGF**

COVID-19: **YEQYIKWPWYIWLGF**

HIV1 SIDA: **WASLWNWFNITNWLWY**

La imagen original de donde tomé las secuencias de los extremos nos dice: “Comparación de secuencias de las regiones ricas en residuos aromáticos de las proteínas S2 (la segunda parte de Spike) del viejo SARS-CoV y del nuevo Sars-CoV-2, comparadas con la proteína gp41 del HIV-1. Los residuos aromáticos están en negritas grandes. Notablemente, los relativamente raros residuos aromáticos abarcan alrededor de la mitad de los residuos en esta región.”

En el artículo original se presentan las semejanzas 3-D entre estas dos estructuras, concluyendo los autores que gp41 es equivalente a la posición S2 de la proteína Spike del virus del Sars-CoV. Hay otro artículo que nos muestra lo mismo que el anterior, pero en un formato 3-D diferente, como un diseño reordenado y con nuevas palabras para el mismo concepto anterior (Zhang & Yap, 2004).

Aquí, la poderosa conclusión de los Gallagher es la siguiente (y esta pudiera ser una de las más importantes cosas que se mencionan en este artículo): “El Triptófano es normalmente un amino ácido muy raro. Muchas proteínas grandes no contienen a ninguno. Así de que esta región de péptidos es bastante inusual: ...Combinando amino ácidos básicos con aromáticos en tal forma que se produce una potente toxina que en el virus sirve como región para permeabilizar membranas conocida como una *viroporina*... un patrón está emergiendo entre muy diversos agentes virales que usan este rasgo desestabilizador de membrana: K ó R con múltiples residuos aromáticos, especialmente W (pero también Y ó F), para romper las membranas celulares produciendo fusión, permeabilización o destrucción celular. Aparte de los virus del COVID-19 (S2) y del Sida (gp41), también se ha encontrado este rasgo en: Ébola Delta, Enterovirus D68 ORF3, Flu H3N2 PB1f2, y Papilomavirus Humano del tipo 6 L2” (Gallaher & Gallaher, 2020; y así como ellos que auto-publicaron su obra, Yo *la* publiqué también).

Visualmente, la similitud estructural de los aminoácidos es como sigue para el virus de COVID-19 y para el del SIDA, respectivamente:

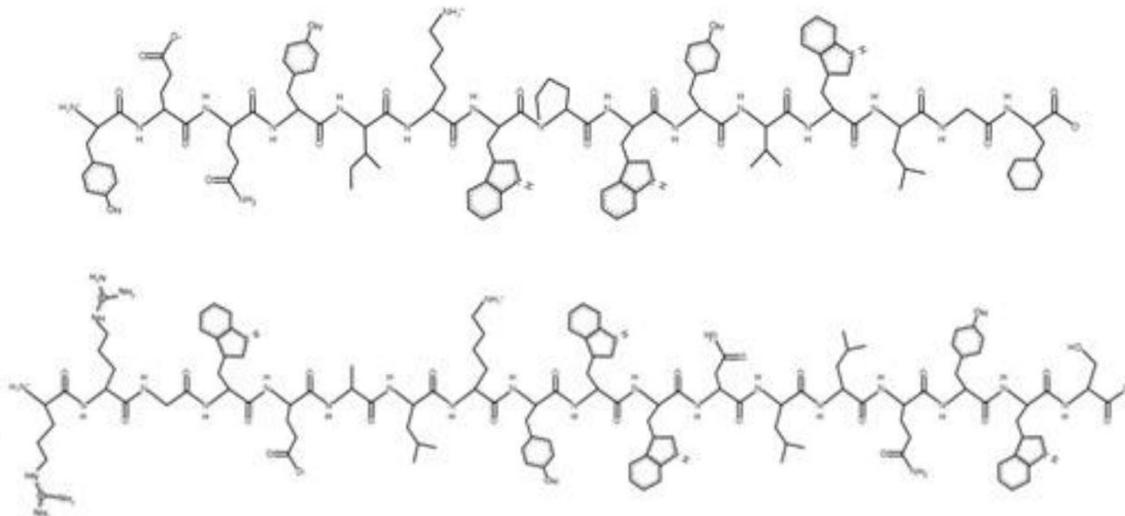


Figura 4. Equivalencia estructural de la destructiva región altamente aromática y básica entre el virus del COVID-19 (arriba), y el malsano virus del SIDA (abajo).

Pero, más que las secuencias semejantes a inmunodeficiencia de primates, que de por sí llaman la atención, la evidencia que aquí presento es en la clase de trabajos que la misma Zhengli estaba llevando a cabo sin parar al menos desde el 2008, lo que nos presenta todos los conocimientos y herramientas moleculares que son necesarios, para obtener artificialmente al virus del COVID-19 en el 2019. Y es tal el interés específicamente en esta región aún llena de misterios, que este ha sido el más popular de mis puntos de discusión en el *ResearchGate*, sitio especializado en investigadores moleculares y celulares, e investigación médica en general (Castro-Chavez, 2020a), éste sitio ha deparado 5,555 lecturas del mismo: NGTKR desde el 10 de abril hasta el 7 de mayo, y contando; comparado con éste, la siguiente secuencia también llena de misterio en cuanto a su origen de 12-bases: PRRA, ha atraído la atención de 870 personas (Castro-Chavez, 2020b), mientras que la del optimizado RBD o RBM: L+F+QS+N+Y, solamente a 220 (Castro-Chavez, 2020c) al siete de mayo del 2020.

Para la salud, un producto terapéutico en contra del virus del Sida (HIV) es nuestra propia saliva (Baron, Poast, & Cloyd, 1999). Judy Mikovits recomienda por su parte a la Baicalina (BA), un flavonoide purificado de la planta medicinal *Scutellaria baicalensis*, por si pueden obtenerla, chéquenla (Li *et al.*, 2000). Por su parte, Jean-Claude Perez, me envía un interesante artículo en el que se indica que simplemente con un ambiente humidificado (como el aire costero), en agudo contraste con un ambiente seco, eso es un potente preventivo en contra del virus (Lauc, *et al.*, 2020). El mismo Pérez me mandó el nexo de otro manuscrito que indica que el virus en zonas cálidas como en Arizona, EE UU, ya ha perdido, como si se estuviera desbaratando, a 27 aminoácidos ú 81 de sus nucleótidos (Holland *et al.*, 2020).

Debido al hecho de que la información concerniente a este virus se está acumulando a diario, he decidido llamar a este artículo la primera versión (v.1), tal y como se usa en la programación, por aquello de la participación de Gates en esta Pandemia (anunciándola en TedX en el 2015, financiando en el 2019 el aburrido programa documental de *Netflix* llamado “Pandemia” y organizando el “Evento 201” de preparación ante una Pandemia).

Pros de este resultado

Tres independientes observaciones han ubicado a esta región como una región altamente sospechosa, aparte de mí, ya que está el equipo de Perez y del premio Nobel Montagnier (2020), que la encontró de la siguiente manera: **AATGGTACTAAGAGGTTGATAACCTG**, con los tres nucleótidos desalineados aquí de menor tamaño, más otra decena de secuencias, y el de los hindúes (Pradhan *et al.*, 2020), que lo encontraron de esta otra forma: **TCTGGGACCAATGGTACTAAGAGG**, y que coincide con la región necesaria para que exista infectividad por parte del virus, conforme a Zhengli (2008); además de estos hindúes haber encontrado a otras tres secuencias: **CACAAAACAACAAAAGT**, **GGTGATTCTTCTCAGGT** y **CAGACTAATTCTCCTCGGCGGGCA**, siendo esta la más importante que se encontraron con semejanzas en 3-D al HIV-1, y si se dan cuenta, esto nos explica de nuevo a las 12-bases misteriosas de la secuencia de ruptura por proteasa como habiendo sido originada en el laboratorio, que en esta porción está contenida por completo (un hallazgo realizado también de manera independiente por unos chinos: <https://freewestmedia.com/2020/02/27/chinese-scientists-discover-hiv-like-feature-in-cornovirus-mutation/>, y el artículo en chino que allí se citaba ha sido removido!!!, ahora aparece esto:

http://www.whiov.cas.cn/105341/201911/t20191118_5438006.html, pero en algún lado dejé el original que descargué... ¿dónde estará?).

Contras de este resultado

Por ejemplo, Andras Szilagyi en el *Research Gate* se queja de que el valor E (*E value*, el que te da el número de otras secuencias semejantes a la que estás comparando) de esta secuencia es alto: 432, pero yo le digo que también es alto para la otra secuencia de 12-bases de ruptura por proteasa, la que, aunando las tres bases del virus de murciélago nos da 429, por lo que yo le digo que ese valor no significa nada, que otra secuencia que investigué antes daba un valor alto, pero que su presencia representaba la diferencia entre un experimento erróneo, y uno correcto si carecía de ella (Castro-Chavez, 2012). Le digo que la única forma de descubrir el verdadero valor de estas secuencias cortas al ser traducidas, las que están presentes en esta región, como lo muestra la **Figura 1**, es mediante un experimento con y sin dichas secuencias, para entonces ver el comportamiento del nefasto organismo.

Conclusiones:

La clara evidencia de que se requerirían de al menos tres o cuatro diferentes virus convergentes en un hurón (virus de murciélago, con un virus de pangolín (y con una segunda infección independiente), con un virus desconocido), u otro animal con receptores compatibles a los ACE2 de los humanos, tales como los de los gatos (de los que recomendamos estar alejados durante esta pandemia), para haber obtenido de la noche a la mañana, y sin previos rastros de “*evolución zoonótica*” alguna, tal patogenicidad, aún cuando esto se indagó experimentalmente en Wuhan en el 2018 (Wang *et al.*, 2018), aunado a que todas las tecnologías moleculares ya se encontraban maduras para haber logrado obtener un virus semejante al que ahora nos aqueja desde el 2015, lo que nos indica que la presencia de un virus maduro, plenamente capaz de infectar a poblaciones enteras de seres humanos en el mundo, sólo se puede explicar a partir de una liberación intencional, o aún de una “accidental”.

La evidencia aquí mostrada, claramente nos muestra la imposibilidad de la hipótesis nula (H_0), debido a que no existe historia alguna de antecedentes zoonóticos o de versiones naturales previas del virus del COVID-19, sino que éste aparece ya maduro y dispuesto a atacar de lleno al ser humano de todo el planeta, tal y como sucede si hubiera sido liberado, ya sea accidental o deliberadamente.

Los tres puntos netamente moleculares: 1) RBD, 2) Corte por proteasas en el sitio PRRAR, y 3) la extrema variabilidad de estas dos secuencias desde el 20% hasta el 99%, así como la de las proteínas en general que oscilan en un 6%, además de esa porción óptima, semejante a diversos virus de inmunodeficiencia, necesaria para la penetración del RNA del virus a la célula, más esa carencia de previo rastro zoonótico alguno, todo ello aunado nos hace pensar en que la **Ha**, la Hipótesis acepta, para este trabajo es la elección correcta.

Referencias:

Akst, J. Lab-Made Coronavirus Triggers Debate. *The Scientist*, 2015: <https://www.the-scientist.com/news-opinion/lab-made-coronavirus-triggers-debate-34502>

Andersen, K. G., *et al.* The proximal origin of SARS-CoV-2. *Nat. Med.* 2020, 26:450–452:
<https://www.nature.com/articles/s41591-020-0820-9>

Baron, S., Poast, J., & Cloyd, M. W. Why Is HIV Rarely Transmitted by Oral Secretions? Saliva Can Disrupt Orally Shed, Infected Leukocytes. *Arch. Intern. Med.* 1999, 159(3):303-10:
<https://jamanetwork.com/journals/jamainternalmedicine/fullarticle/vol/159/pg/303>

Becker, M. M., *et al.* Synthetic recombinant bat SARS-like coronavirus is infectious in cultured cells and in mice. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 2008, 105(50):19944–49: <https://www.pnas.org/content/105/50/19944>

Castro-Chavez, F., *et al.* Coordinated upregulation of oxidative pathways and downregulation of lipid biosynthesis underlie obesity resistance in perilipin knockout mice: a microarray gene expression profile. *Diabetes* 2003, 52(11):2666-74: <https://diabetes.diabetesjournals.org/content/52/11/2666.long>

Castro-Chavez, F. Escaping the cut by restriction enzymes through single-strand self-annealing of host-edited 12-bp and longer synthetic palindromes. *DNA Cell Biol.* 2012, 31(2):151-63:
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3272245/>

Castro-Chavez, F., *et al.* Effect of lyso-phosphatidylcholine and Schnurri-3 on osteogenic transdifferentiation of vascular smooth muscle cells to calcifying vascular cells in 3D culture. *Biochim. Biophys. Acta.* 2013, 1830(6):3828-34: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4383529/>

Castro-Chavez, F. COVID-19: CCTCGGCGGGCACGT = PRRAR = AA Furin cleavage site at 23603-23617 of the MN908947 Genbank Genome Matches Mostly Bacteria & COVID-19 in BLAST! *ResearchGate* 2020b (870 lecturas al 7 de mayo): https://www.researchgate.net/post/COVID-19_CCTCGGCGGGCACGT_PRRAR_AA_Furin_cleavage_site_at_23603-23617_of_the_MN908947_Genbank_Genome_Matches_Mostly_Bacteria_COVID-19_in_BLAST

Castro-Chavez, F. Third Sequence: COVID-19: AATGGTACTAAGAGG = HIV-1 isolate 19663.24H9 from Netherlands envelope glycoprotein (env) gene, sequence ID: GU455503.1. *ResearchGate* 2020a (5,555 lecturas al 7 de mayo): https://www.researchgate.net/post/Third_Sequence_COVID-19_AATGGTACTAAGAGG_HIV-1_isolate_1966324H9_from_Netherlands_envelope_glycoprotein_env_gene_sequence_ID_GU4555031

Castro-Chavez, F. Fourth Sequence: COVID-19: TTG+90+TTT+18+CAATCA+18+AAT+9+TAC = L+F+QS+N+Y = Viral Pangolin Insert with Receptor Binding Domain (RBD) in a Virus of Bat. *ResearchGate* 2020c (220 lecturas al 7 de mayo): https://www.researchgate.net/post/Fourth_Sequence_COVID-19_TTG_90_TTT_18_CAATCA_18_AAT_9_TAC_L_F_QS_N_Y_Viral_Pangolin_Insert_with_Receptor_Binding_Domain_RBD_in_a_Virus_of_Bat

Crombie, A.C. Styles of Scientific Thinking in the European Tradition: The History of Argument and Explanation Especially in the Mathematical and Biomedical Sciences and Arts, Vol. 2. *Duckworth* 1994, 2456 p.:
<https://books.google.com.mx/books?id=tcLaAAAAMAAJ>

Deigin, Y. Lab-Made? SARS-CoV-2 Genealogy Through the Lens of Gain-of-Function Research. *Medium* 2020: <https://medium.com/@yurideigin/lab-made-cov2-genealogy-through-the-lens-of-gain-of-function-research-f96dd7413748>

Feng, E. Critics Say China Has Suppressed And Censored Information In Coronavirus Outbreak (The Coronavirus Crisis). *NPR*, 2020: <https://www.npr.org/sections/goatsandsoda/2020/02/08/803766743/critics-say-china-has-suppressed-and-censored-information-in-coronavirus-outbreak>

Galdiero, S. *et al.* Silver Nanoparticles as Potential Antiviral Agents. *Molecules* 2011, 16(10):8894-8918: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6264685/>

Gallaher, W. R. & Gallaher, A. D. Wuhan Virus. *Deja Vu* 2020, 88 pp.: <https://www.researchgate.net/deref/https%3A%2F%2Fweb.archive.org%2Fweb%2F20200430042150%2Fhttp%3A%2F%2Fvirological.org%2Fuploads%2Fshort-url%2F6rBA2kTxfLXjda60Yw2rfJASAS.pdf>

Gates Foundation. Bill and Melinda Gates Pledge \$10 Billion in Call for Decade of Vaccines | Bill & Melinda Gates Foundation, 2010: [https://www.gatesfoundation.org/Media-Center/Press-Releases/2010/01/Bill-and-Melinda-Gates-Pledge-\\$10-Billion-in-Call-for-Decade-of-Vaccines](https://www.gatesfoundation.org/Media-Center/Press-Releases/2010/01/Bill-and-Melinda-Gates-Pledge-$10-Billion-in-Call-for-Decade-of-Vaccines)

Ge, X. Y., *et al.* Coexistence of multiple coronaviruses in several bat colonies in an abandoned mineshaft. *Viol. Sin.* 2016, 31: 31–40: <https://web.archive.org/web/20200503000706/https://link.springer.com/content/pdf/10.1007/s12250-016-3713-9.pdf>

Han, B. A., Kramer, A. M. & Drake, J. M. Global Patterns of Zoonotic Disease in Mammals. *Trends Parasitol.* 2016, 32(7):565–577: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4921293/>

Hemilä, H. Vitamin C and SARS coronavirus. *J. Antimicrob. Chemother.* 2003, 52(6):1049-50: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7110025/>

Ho, T. Y., *et al.* (2007). Emodin blocks the SARS coronavirus spike protein and angiotensin-converting enzyme 2 interaction. *Antivir. Res.*, 74(2), 92–101. <https://doi.org/10.1016/j.antiviral.2006.04.014>

Holland, L. A., *et al.* An 81 nucleotide deletion in SARS-CoV-2 ORF7a identified from sentinel surveillance in Arizona (Jan-Mar 2020). *J. Virol.* 2020, doi:10.1128/JVI.00711-20: <https://jvi.asm.org/content/jvi/early/2020/04/30/JVI.00711-20.full.pdf>

Hou, Y-x., *et al.* Immunogenicity of the Spike Glycoprotein of Bat SARS-like Coronavirus. *Viol. Sin.* 2010, 25(1):36-44: <https://link.springer.com/content/pdf/10.1007/s12250-010-3096-2.pdf>

Kliger, Y. & Levanon, E. Y. Cloaked similarity between HIV-1 and SARS-CoV suggests an anti-SARS strategy. *BMC Microbiol.* 2003, 3:20: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC222911>

Lake, J. E., & Adams, J. S. Vitamin D in HIV-Infected Patients. *Curr. HIV/AIDS Rep.* 2011, 8(3): 133-141.

Lam, T.T., *et al.* Identification of 2019-nCoV related coronaviruses in Malayan pangolins in southern China. 2020, *bioRxiv*:22 pp: <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2020.02.13.945485v1.full.pdf>

Lauc, G. *et al.* Fighting COVID-19 with water. *JoGH* 2020, 10(1):010344, 3 pp.: <http://www.jogh.org/documents/issue202001/jogh-10-010344.htm>

Li, B. Q., *et al.* Flavonoid Baicalin Inhibits HIV-1 Infection at the Level of Viral Entry. *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 2000, 276(2):534-8: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/11027509>

Lindequist, U., Niedermeyer, T. H. J., & Jülich, W.-D. The Pharmacological Potential of Mushrooms. *Evid. Based Complement Alternat. Med.* 2005, 2(3):285-89: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC1193547/>

Manzourolajdad, A., Xu, Z., Ebrahimi, D. Novel Polybasic Cleavage Site in SARS-CoV-2 Genome Is Likely to Induce a Major Change in the RNA Secondary Structure. *Preprints* 2020: <https://www.preprints.org/manuscript/202004.0535/v1>

McHugh, *et al.* Biocompatible Near-Infrared Quantum Dots Delivered to the Skin by Microneedle Patches Record Vaccination. *Sci. Transl. Med.* 2019, 11(523):eaay7162. doi: 10.1126/scitranslmed.aay7162: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31852802/>

Menachery, V.D., *et al.* A SARS-like cluster of circulating bat coronaviruses shows potential ("poses threat" in the manuscript) for human emergence. *Nature Med.* 2015, 21(12):1508–1513: final version: <https://www.nature.com/articles/nm.3985>; manuscript: <https://www.med.unc.edu/orfeome/files/2018/03/a-sars-like-cluster-of-circulating-bat-coronaviruses-shows-potential-for-human-emergence.pdf>, and is criticism in *Nature*: <https://www.nature.com/news/engineered-bat-virus-stirs-debate-over-risky-research-1.18787>

Miraj, S. & Alesaeidi, S. A systematic review study of therapeutic effects of *Matricaria recuitta* chamomile (chamomile). *Electron. Physician* 2016, 8(9):3024-31: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5074766/>

Mulraney, F. & Owen, G. U.S. government gave 3.7 million grant to Wuhan lab at center of coronavirus leak scrutiny... *Daily Mail* 2020: <https://www.dailymail.co.uk/news/article-8211291/U-S-government-gave-3-7million-grant-Wuhan-lab-experimented-coronavirus-source-bats.html>

Nance, C. L., Siwak, E. B., Shearer, W. T. Preclinical Development of the Green Tea Catechin, Epigallocatechin Gallate, as an HIV-1 Therapy. *J. Allergy Clin. Immunol.* 2009, 123(2):459-65: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2665796/>

Observer, T. China clamping down on coronavirus research, deleted pages suggest. *The Guardian*, 2020: <https://www.theguardian.com/world/2020/apr/11/china-clamping-down-on-coronavirus-research-deleted-pages-suggest>

Perez, J-C, Montagnier, L. COVID-19, SARS and Bats Coronaviruses Genomes Unexpected Exogeneous RNA Sequences. *ResearchGate* 2020:43 pp.: <https://osf.io/d9e5g/download/?format=pdf>

Pinghui, Z. Chinese laboratory that first shared coronavirus genome with world ordered to close for ‘rectification’, hindering its Covid-19 research. *South China Morning Post* 2020: <https://www.scmp.com/news/china/society/article/3052966/chinese-laboratory-first-shared-coronavirus-genome-world-ordered>

Pradhan, P. *et al.* Uncanny similarity of unique inserts in the 2019-nCoV spike protein to HIV-1 gp120 and Gag. *Biorxiv* 2020: 14 pp. (manuscript, withdrawn, 126 comments thus far): <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2020.01.30.927871v1.full.pdf>

Qu, XX, *et al.* Identification of two critical amino acid residues of the severe acute respiratory syndrome coronavirus spike protein for its variation in zoonotic tropism transition via a double substitution strategy. *J. Biol. Chem.* 2005; 280(33):29588-95: <https://www.jbc.org/content/280/33/29588.long>

Reich, E. N. & Church, J. A. Oral Zinc Supplementation in the Treatment of HIV-infected Children. *Pediatr. AIDS HIV Infect.* 1994, 5(6):357-60: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/11361377/>

Ren, W., *et al.* Difference in Receptor Usage between Severe Acute Respiratory Syndrome (SARS) Coronavirus and SARS-Like Coronavirus of Bat Origin. *J. Virol.* 2008. 82(4):1899–1907: <https://jvi.asm.org/content/82/4/1899>

Rozo, M. & Gronvall, G. K. The Reemergent 1977 H1N1 Strain and the Gain-of-Function Debate. *mBio* 2015, 6(4):e01013-15.

Segreto, R. Is considering a genetic-manipulation origin for SARS-CoV-2 a conspiracy theory that must be censored? *ResearchGate* 2020: https://www.researchgate.net/publication/340924249_Is_considering_a_genetic-manipulation_origin_for_SARS-CoV-2_a_conspiracy_theory_that_must_be_censored

Sheahan, T., *et al.* Pathways of cross-species transmission of synthetically reconstructed zoonotic severe acute respiratory syndrome coronavirus. *J. Virol.* 2008; 82(17):8721–8732: <https://jvi.asm.org/content/82/17/8721>

Sims, A. C., *et al.* Release of severe acute respiratory syndrome coronavirus nuclear import block enhances host transcription in human lung cells. *J. Virol.* 2013; 87(7):3885–3902: <https://jvi.asm.org/content/87/7/3885>

Sirotkin, K. y Sirotkin D. <https://harvardtothebighouse.com/2020/01/31/logistical-and-technical-analysis-of-the-origins-of-the-wuhan-coronavirus-2019-ncov/>, <https://harvardtothebighouse.com/2020/03/23/no-monkey-ever-reheated-a-frozen-burrito-what-the-expanse-tells-us-about-the-covid-19-pandemic/>, <https://harvardtothebighouse.com/2020/03/19/china-owns-nature-magazines-ass-debunking-the-proximal-origin-of-sars-cov-2-claiming-covid-19-wasnt-from-a-lab/>, 2020a, b y c.

Stone, C. A., *et al.* The Role of Selenium in HIV Infection. *Nutr. Rev.* 2010, 68(11):671-81: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3066516/>

Wang, N., *et al.* Serological Evidence of Bat SARS-Related Coronavirus Infection in Humans, China. *Viol. Sin.* 2018, 33:104–107: <https://link.springer.com/article/10.1007%2Fs12250-018-0012-7>

Wang, N., *et al.* Characterization of a New Member of Alphacoronavirus With Unique Genomic Features in Rhinolophus Bats. *Viruses* 2019, 11(4):379, 19 pp.: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31022925>

Wu, C., *et al.* Furin, a potential therapeutic target for COVID-19.2020: <http://chinaxiv.org/user/download.htm?id=30223>

Yount, B., *et al.* Reverse genetics with a full-length infectious cDNA of severe acute respiratory syndrome coronavirus. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 2003, 100(22):12995-13000: <https://doi.org/10.1073/pnas.1735582100>

Zhang, X. W. & Yap, Y. L. Structural similarity between HIV-1 gp41 and SARS-CoV S2 proteins suggests an analogous membrane fusion mechanism. *Theochem.* 2004, 677(1):73–76: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7141560>

Zhao, G., *et al.* A safe and convenient pseudovirus-based inhibition assay to detect neutralizing antibodies and screen for viral entry inhibitors against the novel human coronavirus MERS-CoV. *Virol. J.* 2013, 10:266: 8 pp.: <https://virology.biomedcentral.com/track/pdf/10.1186/1743-422X-10-266>

Zeng, L.-P., et al. Bat Severe Acute Respiratory Syndrome-Like Coronavirus WIV1 Encodes an Extra Accessory Protein, ORFX, Involved in Modulation of the Host Immune Response. *J. Virol.* 2016, 90(14):6573-82:
<https://jvi.asm.org/content/jvi/90/14/6573.full.pdf>

Agradecimientos: A todos los mencionados dentro del cuerpo del texto, más a Raúl Cruz Mireles, por sugerirme el elaborar este trabajo en español, y a Mike Jagdeo, por sugerirme inicialmente el explorar este asunto del COVID-19 para el bien de la humanidad: <https://www.youtube.com/watch?v=pl5hQByiCJ4> (español), <https://www.youtube.com/watch?v=Dy9xBQiX-OY> (inglés). Mil disculpas si olvido mencionar a alguien, todos estamos unidos en el esfuerzo por encontrar la solución a esto lo más pronto posible, y con el profundo deseo de que esto no se vuelva a repetir. Agradezco a toda mi familia, incluyendo a la que fue, y a aquella que será.

Apéndice Ah!

Así de que, finalmente, se discute aquí la insistencia anticipada de Bill Gates y de Anthony S. Fauci en relación con que iba a desatarse una pandemia, y su constante promoción de una vacunación para toda la humanidad, para entonces poderle insertar un certificado de vacunación digital, a lo cual nos oponemos completamente; además, las vacunas de RNA son inútiles debido a que insertan un fragmento genético de un virus que está en constante cambio: https://www.researchgate.net/post/Fifth_Sequence_COVID-19_2_variants_ATG-246-TT_CA-111-TAA_TTA_L_L-Type_70_TCA_S_S-Type_30_in_position_28144_of_MN908947_for_ORF8_NifB (ver allí también las secuencias de la sexta a la octava, y el resto). Además, Fauci ha ignorado la necesidad de investigara las verdaderas causas del origen del virus del COVID-19 a partir de un laboratorio en Wuhan, apoyándose en el tan desacreditado trabajo de opinión de Andersen et al. (2020). Anthony S. Fauci dijo (18 de Abril, 2020): “*Hubo un estudio, ah, recientemente que te podemos hacer llegar a ti en donde, un grupo de altamente calificados virólogo (así lo dijo él) evolucionarios observaron a las secuencias allí y a las secuencias en, ah, murciélagos (¡qué necesidad!, se trata de “virus” de murciélagos, no de los murciélagos mismos), conforme evolucionan, y las mutaciones que tardó en llegar al punto en el que se encuentra ahora, es totalmente consistente con un brinco de una especie de un animal a un humano, así de que, quiero decir, allí, el artículo se hará disponible, yo no tengo que citar esto ahora mismo pero te lo podemos hacer disponible.*” Así de que, una vez más, la teoría Darwiniana de la evolución está siendo usada a propósito por aquellos más profundamente involucrados en el diseño y en la liberación del COVID-19, para encubrir a un virus hecho por el ser humano. La referencia nefasta es la de Andersen et al. (2020).

Finally, it is discussed here the beforehand insistence of Bill Gates and of Anthony S. Fauci in relation to their certainty that a pandemic was going to emerge, and their constant promotion of a vaccination for all of the humanity, with the end to be able to insert into it a certificate of digital vaccination, to which we strongly oppose; furthermore, the RNA vaccines are useless because they insert a genetic fragment of a virus that is in a constant change: https://www.researchgate.net/post/Seventh_Sequence_COVID-19_2_variants_ATG-1836-GA_GT-1977-TAA_GAT_D_L-Type_GGT_G_G-Type_in_position_23403_of_MN908947_Spike, also see there from the fifth to the eight, and the rest. Furthermore, Fauci has ignored the necessity to investigate the real causes of the origin of the virus of COVID-19 coming out from a laboratory at Wuhan being based in the discredited work of opinion by Andersen et al. (2020). Anthony S. Fauci said (18th of April, 2020): “*There was a study, ah, recently that we can make available to you were, a, group of highly qualified evolutionary virologist (that is how he said it) look at the sequences there and the sequences in, ah, bats (what nonsense!!, it is about “virus” of bats, not about the bats themselves), as they evolve, and the mutations that it took to get to the point where it is now, is totally consistent with a jump of a species from an animal to a human, so, I mean, there, the paper will be available, I don't have to quote this right now, but we can make that available to you.*” So, once more the Darwinian theory of evolution is being used on purpose by the ones most deeply involved in the design and release of COVID-19, to cover-up a man-made virus. The nefarious reference is that of Andersen et al. (2020).

Y, ya que todo esto tiene un fuerte trasfondo político, aquí agregó algunas observaciones que les pido que por favor, ojalá y las pudieran desmentir o enmendar para el bien de una humanidad en paz.

Decía que hay deshonestidad por parte de Baric y de todos los que tienen intereses comprometidos en estos estudios virales (Shi, Osterholm, Daszak y sus acarreos, Fauci, Collins, Andersen *et al.*, Gates...)

Ver la entrevista (si no la han censurado: “STUNNING COVID19 PANDEMIC COVERUP (Dr. Judy Mikovits)”): <https://www.youtube.com/watch?v=WxczJ1l4qnc> (y sus libros: “*Plague. One Scientist's Intrepid Search...*”: <https://play.google.com/books/reader?id=kFyCDwAAQBAJ> y “*Plague of Corruption. Restoring Faith in the Promise of Science*”: <https://play.google.com/books/reader?id=-8KZDwAAQBAJ>).

Una nota final acerca del ir abriendo las Compuertas de par en par de esa Puerta investigativa (Q):

Ahora, otro dato extra que pudiera explicar los motivos de que este virus COVID-19 se escapara accidental o causalmente, cuando se estaban llevando los ensayos en Nueva York para una posible pandemia por parte de Bill Gates, del John Hopkins y del WEF: Foro Económico Mundial (“*Event 201*”: <https://www.youtube.com/watch?v=AoLw-Q8X174>), recordando que Gates posee una fábrica de Microsoft en China con más de seis mil empleados (<https://web.archive.org/web/20200422003716/https://www.theguardian.com/technology/2019/apr/22/microsoft-workers-decry-grueling-996-working-standard-at-chinese-tech-firms>, <https://web.archive.org/web/20200504132151/https://www.gatesnotes.com/Health/Pandemic-Innovation>), y que ha patentado recientemente en este año del 2020 la famosa patente 060606 para implantar un chip en las personas, a ser usado en lugar de tarjetas de crédito para la *criptomoned*a (<https://web.archive.org/web/20200429040224/https://patentscope.wipo.int/search/en/detail.jsf?docId=WO2020060606>); además, el 18 de diciembre del año pasado (antes de que la pandemia estallara por todo el mundo), salió la siguiente publicación en una de las revistas de la familia de la revista *Science*, un artículo patrocinado por Gates titulado: “*Biocompatible Near-Infrared Quantum Dots Delivered to the Skin by Microneedle Patches Record Vaccination*” (McHugh *et al.*, 2019), y el hecho que durante la pandemia él se ha referido a que se va a requerir de un “certificado digital de vacunación” para toda la población mundial (<https://www.youtube.com/watch?v=1LekHJc9Hsc>), mientras que Anthony S. Fauci ya había indicado que esta Pandemia sucedería: <https://www.youtube.com/watch?v=fe-cbMLJZzU>, por lo que también permanece como permanentemente implicado en el diseño y en la ejecución de esta Pandemia, y nos indica que él también ya estaba enterado de antemano de esta pandemia que estamos sufriendo ahora. Gates patrocinó el documental “*Pandemia*” para *Netflix* antes de que ésta sucediera (<https://web.archive.org/web/20200417064450/https://www.ccn.com/bill-gates-predicted-coronavirus-like-outbreak-in-2019-netflix-documentary/>), y en el 2015, en el mismo año en el que Zhengli y Baric trabajaban diseñado un virus mortal para ratones ancianos Chappel Hill, en la Universidad de Carolina del Norte, Gates decía en una conferencia de TedX que estaba por venir una gran pandemia, y en su transparencia de fondo aparecía una jeringota (Inglés: http://youtube.com/watch?v=6Af6b_wyiwl, Español: <https://www.youtube.com/watch?v=iSB7HT6jvoQ>), y que estuviéramos preparados, además de que ya había dado, esos diez mil millones de dólares a la Organización Mundial de la Salud en el 2010 ([https://web.archive.org/web/20200503205638/https://www.gatesfoundation.org/Media-Center/Press-Releases/2010/01/Bill-and-Melinda-Gates-Pledge-\\$10-Billion-in-Call-for-Decade-of-Vaccines](https://web.archive.org/web/20200503205638/https://www.gatesfoundation.org/Media-Center/Press-Releases/2010/01/Bill-and-Melinda-Gates-Pledge-$10-Billion-in-Call-for-Decade-of-Vaccines)), decretando que esa sería la década de la vacunación, prospecto para Bill que se iniciaría precisamente al tiempo real de la aparición del virus a finales del 2019 (<https://web.archive.org/web/20200502075616/https://www.theguardian.com/world/2020/mar/13/first-covid-19-case-happened-in-november-china-government-records-show-report>). El software para cuantificar a las

víctimas por COVID-19 por parte centralizada del Johns Hopkins, pareciera ser el mismo que se usó en el “Evento 201”. Como dijimos, Anthony S. Fauci no se pudo contener de “predecir” también la Pandemia que actualmente nos aqueja en el 2017 (ver arriba). Mucho más hay que decir de todo esto, pero dejo que el lector explore por sí mismo todos estos detalles, y aún más si así lo desea, para que entonces pueda sacar sus propias conclusiones, y para que tome sus debidas precauciones.

Otra fuente adicional que cuidadosamente explora todos estos asuntos de una forma excelente, es aquella del retirado investigador y programador del NIH Karl Sirotkin, y su hermano (Sirotkin, 2020a, b y c).

Y, recordando al pasado, para un rastreo de los usuales culpables, “Operación Pandemia”, de Julián Alterini: <https://www.youtube.com/watch?v=4hUMzxAjKkw> (gracias a Alberto Rubio-Casillas).

Otro investigador que realiza videos extraordinarios de la naturaleza con sus perspectivas señala lo siguiente: “Teoría actual de J. C.: El gobierno Chino patrocinó intensas investigaciones virales, incluyendo investigación de ganancia de función en cooperación con los EE UU. Cualquier accidente potencialmente implicaría a ambos países en una Crisis Mundial, por lo que ambos países se aferran a la explicación del "Mercado" (para su emergencia), mientras que al mismo tiempo están tomando ventaja de la crisis para reducir las libertades de sus respectivas poblaciones. Una economía sin dinero, la pérdida del cifrado (encriptar) de extremo a extremo, y la eliminación de los SIMs anónimos en los teléfonos móviles. En el caso de los Estados Unidos, se lleva a cabo también un robo masivo a plena vista a través de Wall Street”: <https://www.youtube.com/watch?v=HmSCMb8Nds4> (nexo de su crítica al erróneo artículo de Andersen *et al.*, 2020).

El cinismo de la comunidad virológica que estudia la Ganancia-de-Función (GOF) se pone de manifiesto en el siguiente texto: “...“Arbovirus”. Un total de 34 reporteros (aquí ha de ser “ponentes”) de 10 países dieron maravillosos (“*gave wonderful*”) reportes sobre el SARS coronavirus, MERS coronavirus, influenza virus, Ébola virus, Nipah virus, Zika virus y otros importantes virus emergentes... Prof. Ralph Baric de la Universidad de Carolina del Norte, Dr. Peter Daszak de *Ecohealth Alliance*... dieron lecturas plenarias...” (Aquí está, como dijera Deigin, el Wuhan Clán): <https://web.archive.org/web/20200404101918/http://english.whiov.cas.cn/Newsletter2016/201811/P020181130367907308937.pdf>

Que en este caso no suceda como en el 11 de septiembre del 2001 (11s, 9/11), cuando la gente estaba tan cegada por los medios y por la voz del gobierno de los perversos Bush, Cheney y Rumsfeld, que básicamente nadie estaba interesado en saber realmente lo que había sucedido; y aún ahora, cuando se investiga eso a fondo, poca gente quiere conocer la verdad acerca de lo que pasó, aún si la investigación es patrocinada por una seria universidad: <http://ine.uaf.edu/wtc7>

Entonces, es mucho muy importante el identificar a esta cepa de COVID-19 como algo artificial, porque aquellos que la diseñaron no cesarán por nada del mundo y muy probablemente, si no son detenidos, van a seguir asperjando silenciosamente a este virus en las principales ciudades del mundo, de allí el gran peligro de no lograr identificar que se trata de algo artificial en esta situación, ya que, por último para que quede grabado: El “escape” de este virus sucedió en el momento más oportuno para poder cuajar con los planes de vacunación universal de Bill Gates con su microchip digital, publicados de antemano en esa revista científica mencionada (McHugh *et al.*, 2019), ya que todo coincide con los cálculos temporales de Bill Gates entregados a la OMS, de que esta sería la “década de las vacunas” (Gates Foundation, 2010), además de las predicciones conjuntas de Gates (2015) y de Fauci (2017), ya señaladas, así como su forma de encubrir el origen artificial del virus, plus el patrocinio de Gates del documental “Pandemia” y del “Evento 201”, entre muchas otras cosas, todo ello nos indica que lo más probable para concluir con este trabajo es la opción hipotética **Ha**.

Apéndice Bah!



Fig. 5. El autor en el aeropuerto de Hong Kong, el 5 de julio, y en Guang-Zhou, China, el 13 de julio del 2019.



Fig. 6. El autor en el NYMC de Valhalla, NY, en octubre, y en el Teatro Gershwin de Manhattan, NY, feb., 2019.

Explicación de estas cuatro fotos finales:

China

En julio del 2019 tuve el inusitado privilegio de pasar por Hong Kong (F5, izq.) antes de que las manifestaciones en contra de un centralista control de China llegaran a invadir a los gigantescos aeropuertos de esta ciudad (el día cinco), y me regresé por Guang-Zhou (F5, der.), en donde conviví con una familia del sur de México que estuvo detenida en un retén de ese aeropuerto durante toda la semana que tardaría su viaje, debido a que no llevaban los boletos de regreso (estuve con ellos el día trece y nos regresamos en el mismo avión).

Nueva York

Estuve trabajando como Postdoctoral en el Colegio Médico de Nueva York desde finales de septiembre y durante el mes de octubre del 2019 (F6, izq.), luego regresé brevemente de nuevo a Nueva York del diez al doce de febrero del 2020 con la mujer que mi corazón ha elegido (F6, der.); pero por culpa de este COVID-19 estamos distantes. Agradezco a Dios el poder haber salido en salud y paz de ese lugar, por el que oro (por su buena gente que conocí).