

# Všechny „varianty“ Covidu pocházejí z laboratoře, potvrzují nové studie

- CZ24 News | 3. září 2023

**Podle oficiálních informací mají být jednotlivé varianty mutací těch předchozích. Objevily se i zmínky o tom, že mohou být vytvářeny očkovanými a nyní má nová studie prokázat, že jde o rozličné laboratorní „produkty.“**

Nedalo mi nevzpomenout, že na totéž již před časem upozorňovala i dr. Peková, která se zmínila o tom, že to vypadá, jako kdyby pokaždé „vypustili“ něco jiného.

Samotná pohádka o netopýrovi, kterého snědl Číňan, již byla dementována jako lež z dílny Fauciho a jeho nohsledů, přičemž další a další manipulace a lži postupně vychází na světlo, čímž se jen ukazuje, že se opět konspirace stávají realitou.

**Pokud by nedávno zveřejněná japonská studie o tzv. Covidových „variantách“ obstála v akademickém zkoumání, byla by to „bomba“.**

**Studie totiž na základě jednotlivých mutací určuje, že každá z těchto „variant“ mohla být vlastně vyrobena pouze uměle.**

Nový předtisk zveřejněný 5. srpna 2023 naznačuje, že japonský výzkumný tým zjistil, že téměř všechny varianty Covid byly vytvořeny v laboratořích.

Atsuki Tanaka a Takayuki Miyazawa z Ósacké lékařské univerzity a Kjótské univerzity zkoumali virové sekvence nalezené ve veřejných databázích a v přirozeném prostředí, aby sledovali historický vývoj Omicron verze SARS-CoV-2.

**Svým výzkumem našli kolem 100 unikátních omikronových podtypů, které se v přírodě ve skutečnosti nemohly vyskytovat. Tyto mutace jsou jasným vodítkem pro rozšířenou teorii, že tyto viry Covid byly vytvořeny v laboratořích a odtud se šířily.**

Kromě toho tyto variace obsahují širokou škálu mutací, které se běžně používají ve studiích reverzní genetiky k systematické analýze různých částí viru.

Před oznámením objevu omikronu v Jižní Africe našli vědci přesné shody s variacemi omikronu v sekvencích z Portorika uložených v databázích v roce 2020.

**Tanaka a Miyazawa tvrdí, že je tomu tak u všech variant, které se objevily ve Wu-chanu od počátečního vypuknutí.**

**To není přirozené, a proto předpokládají, že jsou součástí experimentálního programu k testování faktorů ovlivňujících infekčnost a závažnost SARS-CoV-2 v běžné populaci.**

Tuto hypotézu zakládají na svém pozorování neobvykle malého počtu „tichých“ mutací v těchto variantách.

Tento výzkum zkoumá vývoj virů a živých tvorů se zvláštním důrazem na myšlenku genetických dat. SARS-CoV-2 je virus založený na RNA, který ukládá informace v řetězcích znaků.

Genetický materiál se skládá z genů, které obsahují instrukce pro tvorbu proteinů. Buňky používají tyto geny jako vodítka pro produkci aktivních molekul nazývaných proteiny.

Genetický kód je duplikován a předán budoucím generacím, ale v průběhu času mohou nastat změny, které vedou k mutacím.

Chcete-li porozumět různým typům mutací a tomu, jak ovlivňují organismy, zvažte následující informace: Většina mutací, které mění jedno písmeno v DNA nebo RNA, neovlivňuje proteinovou sekvenci a nazývá se „synonymní“ mutace.

Tyto mutace nemají žádné následky a v průběhu času se hromadí přirozeným vývojem.

**Absence synonymních mutací je klíčovým indikátorem toho, že k výskytu nových variací, jako je Omicron, nedochází spontánně.** Většina mutací, které mají účinek, je však pravděpodobně škodlivá a rychle zmizí.

Ve vzácných případech může mutace vyústit v prospěšnou změnu, která organismu umožní úspěšnější přežití a reprodukci, což vede k jeho šíření v dalších generacích. Toto postupné hromadění tichých a prospěšných mutací pohání evoluci všech forem života.

Výzkumníci použili veřejné databáze ke sledování evoluční historie spike proteinu Omicron BA1 a určení pořadí, ve kterém se vyskytlo jeho 37 mutací. Za tímto účelem hledali sekvence, kterým jedna z mutací chyběla, a předpokládali, že jedna z nich bude odpovídat poslední mutaci v sérii.

**Provedli 37 databázových dotazů se sekvencemi postrádajícími každou z mutací Omicron BA1 v naději, že najdou shodu, která indikuje poslední mutaci v sérii.**

**Výsledky ukázaly, že všechny mutace kromě jedné byly nové a nezpůsobily žádný významný rozdíl.**

Není možné, aby se přirozeně vyskytovala skupina variant s reverzními omikronovými BA1 mutacemi. V diagramu ve studii autoři ukazují, že všechny mutace až na jednu v omikronové subvariantě BA1 se nacházejí v kmeni bez mutace.

To podtrhuje důležitost pochopení vývoje spike proteinu a jeho role ve vývoji SARS-CoV-2. Výzkum Tanaky a Miyazawy zkoumá pravděpodobnost rekombinace ve vývoji varianty SARS-CoV-2. Tvrdí, že rekombinace by vyžadovala koexistenci virů Omicron BA1 a dalších virů předků ve stejné buňce, což by bylo vysoce nepravděpodobné vzhledem k zahrnutým frekvencím a potřebě četných reverzních mutací.

Pro vysvětlení zvrátů pozorovaných u Omicron BA1 by bylo nutné, aby specifická část RNA obsahující mutaci byla obrácena rekombinací. To by vyžadovalo čistou výměnu sekce bez ovlivnění mutací na obou stranách. Některé mutace však nelze zarovnat kvůli nedostatku společných sekvencí mezi těmito dvěma kmeny.

**Rekombinace by také měly zanechat stopy v přilehlých oblastech viru, ale žádné nebyly nalezeny.**

**Tanaka a Miyazawa objevili 29 variant připisovaných Portoriku, které odpovídají Omicron BA1 nebo BA2 na základě spike proteinových sekvencí, což vyvolává otázky o historii Omicronu, protože tyto sekvence předcházely objevu Omicronu v Jižní Africe v listopadu 2021 - o více než rok později.**

Absence „synonymních“ mutací silně naznačuje, že varianty SARS-CoV-2 byly vytvořeny člověkem.

**Autoři tvrdí, že přirozená evoluce by produkovala neutrálnější synonymní mutace než nesynonymní mutace, které mohou přetrvávat pouze zlepšením proteinu, který kódují.**

Toto pozorování je nepravděpodobné, protože v předchozích variantách, jako jsou Alfa, Beta, Gamma, Delta nebo Mu, nebyly žádné synonymní mutace a pouze jedna v Lambdě a Omicronu.

Přítomnost jednotlivých reverzí každé mutace ve třech omikronových liniích se zdá být záměrným cvičením v reverzní genetice, aby se otestovaly účinky každé mutace na chování viru.

**Absence synonymních mutací v jiných variantách naznačuje, že všechny varianty po původním kmeni Wuhan jsou umělého původu.**

**Autoři věří, že mutace, které objevili, byly součástí experimentu, který měl studovat spike protein a jak mutace ovlivňují chování viru.**

Skutečnost, že neexistuje žádný důkaz, že mnoho z mutací, zejména v časných variantách, je spojeno se zvýšenou virovou infekcí, naznačuje, že každá varianta byla navržena tak, aby identifikovala, které aminokyseliny v proteinu S jsou zodpovědné za infekčnost a patogenitu.

Pokud jsou závěry vyvozené v tomto dokumentu správné, byl by to nezvratný důkaz, že vše o SARS-CoV-2 bylo uměle zmanipulováno od doby, kdy se poprvé objevil – či spíše ještě dlouho předtím...

ZDROJ: [report24.news/neue-studie-alle-covid-varianten-scheinen-aus-dem-labor-zu-stammen](https://report24.news/neue-studie-alle-covid-varianten-scheinen-aus-dem-labor-zu-stammen)

Zpracoval: Slovanka/Necenzurovaná Pravda