

"Dentro antinatural": evidencia indiscutible de creación deliberada y sistemática de variantes ívidas circulantes

Paneles integrales de "mutaciones de reversión" encontrados en la circulación general parecen un experimento

26 hace 2023

El 5 de agosto de 2023 un equipo de investigación japonés publicó una [pre-impresión](#) que parece contener las revelaciones más importantes y chocantes de la era vívida.

Atsuki Tanaka y Takayuki Miyazawa, de la Universidad Médica de Osaka y la Universidad de Kioto, querían rastrear la evolución histórica de la variante omicron de SARS-CoV2 estudiando secuencias virales encontradas "en estado salvaje" y depositadas en bases de datos públicas.

Al hacer esto encontraron alrededor de 100 subvariantes omicinas separados que no podían haber surgido a través de procesos naturales. La existencia de estas variantes parece proporcionar una prueba definitiva de la creación y liberación de virus de laboratorio a gran escala.

Además, las variantes parecen formar paneles completos de mutaciones típicas de las utilizadas en experimentos de "genética inversa" para probar sistemáticamente las propiedades de diferentes partes de virus.

Los autores también encontraron coincidencias exactas con variantes de omicron en secuencias originarias de Puerto Rico que fueron depositadas en bases de datos en 2020 - más de un año antes del anuncio del descubrimiento de omicron en Sudáfrica.

Junto con observaciones de números inverosímilmente bajos de mutaciones "silenciadas" en variantes SARS-CoV2, Tanaka y Miyazawa sostienen *que todos* variants emerging since the original Wuhan outbreak are unnatural, and speculate that they represent an experimental program to test determinants of the infectivity and pathogenicity of SARS-CoV2 in the global population.

ADDENDUM : SARS-CoV2 puede existir como una [viral quasispecies](#).

Estructura de

Esto haría que la apariencia de mutaciones de reversión fuera menos sorprendente. Sin embargo, no explicaría la falta de mutaciones silenciosas en omicron y otras variantes (vs la variante original de Wuhan), o la falta de mutaciones silenciosas en los mutantes de reversión vs omicron, o la detección de secuencias de omicron en 2020 en Puerto Rico.

Gracias a

[Josh Mitteldorf](#)

for pointing this out - but it is still extremely difficult to see how these observations can be explained naturally.

Antecedentes: evolución natural , procede por la acumulación de mutaciones

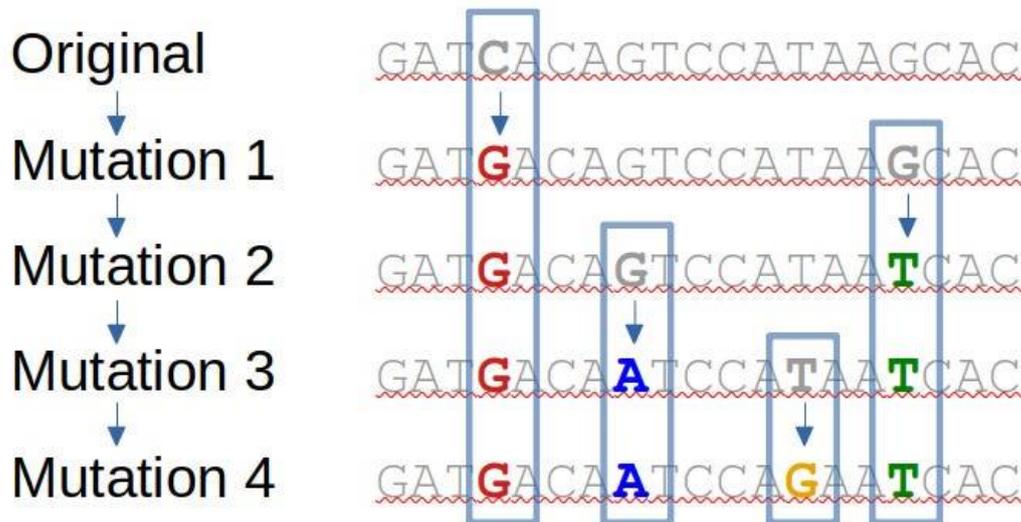
Antes de describir el estudio y sus hallazgos, vale la pena revisar rápidamente los principios básicos de la evolución de los virus (y todas las formas de vida). Siéntete libre de saltarte esto si lo sabes.

El SARS-CoV2, como todos los virus y organismos, se define por su información genética - que se puede pensar como una cadena, o secuencia de letras. En la mayoría de los organismos la cuerda está hecha de ADN, pero SARS-CoV2 y algunos otros virus utilizan cadenas de ARN, una molécula estrechamente relacionada, para proporcionar esta función de almacenamiento de información.

El material genético (ADN o ARN) se divide en los genes - tramos de secuencia genética que cada uno de ellos codifica una proteína. Las proteínas son moléculas activas que son sintetizadas por la célula, utilizando el gen como un modelo. Las proteínas también son secuencias, pero con bloques de construcción muy diferentes. No existen como simples cadenas que sólo almacenan información, sino que forman complejas estructuras 3D que tienen actividad biológica.

Cuando un organismo se reproduce la secuencia genética (ADN o ARN) se copia y se transmite a la siguiente generación. Pero el mecanismo de copia es propenso a errores, y ocasionalmente se hará un cambio, o "mutación". Las generaciones sucesivas pasarán esta secuencia, por lo que las mutaciones se acumulan naturalmente con el tiempo.

El diagrama de abajo ilustra cómo sucede esto - con una secuencia de ADN original que acumula 4 mutaciones sucesivas.



Los efectos de las mutaciones en el organismo determinan si persisten en la naturaleza

Es útil considerar que hay algunos tipos generales diferentes de mutación, como se juzga por sus efectos en el organismo:

- Muchos no tendrán efecto. Algunos cambios individuales de una letra de ADN/ARN no cambiarán realmente la secuencia de la proteína codificada. Tales mutaciones "sinoniuladas" generalmente no tienen ningún efecto, por lo que simplemente se acumulan con el tiempo en la evolución natural. Como veremos, la falta de mutaciones sinónimos es una señal importante de que la evolución de los micro y otras variantes no es natural.
- De los que tienen un efecto, la gran mayoría será perjudicial - por la misma razón de que cambiar al azar parte de cualquier sistema que funcione es probable que lo rompa. Tales mutaciones desaparecerán rápidamente de la población.
- Muy rara vez una mutación causará un cambio con un efecto beneficioso. Estas mutaciones proliferarán entonces en las generaciones futuras, ya que los organismos que las transportan sobrevivirán y se reproducirán más eficazmente.

Así que todas las formas de vida acumulan progresivamente mutaciones - algunas silenciosas y otras beneficiosas. Esto es evolución.

La "evolución antinatural" de omicrón

Consideremos ahora el caso específico de la variante omicron de SARS-CoV2 y es (presunto) evolución de la cepa original de Wuhan.

Para este artículo seguiremos a Tanaka y Miyazawa en enfocarnos en una sola sección de la cadena de información genética del virus - el gen que codifica la célección de picos. Consideran tres variantes oficialmente reconocidas de omicón: BA1, BA1.1 y BA2. Por el momento sólo miraremos BA1.

Como con toda evolución, los cambios en la proteína de pico ocurren a través de la acumulación progresiva de mutaciones en la secuencia genética que la codifica. En el caso de omicron BA1 hay 37*non-synonymous* mutaciones

Tanaka y Miyazawa querían utilizar bases de datos públicas, donde investigadores de todo el mundo depositan las secuencias virales que han encontrado, para rastrear la historia evolutiva de la proteína omicron BA1 - es decir, responder a la pregunta:*in what order did these 37 mutations accumulate?*

Racing orden de acumulación de mutaciones omicónicas

Hay dos maneras obvias de hacer esto - trabajar hacia adelante o hacia atrás.

En el enfoque hacia adelante, se puede buscar en las bases de datos versiones de la secuencia que tienen*just one* of the 37 omicron mutations, but which are otherwise identical to the original strain. This lone mutation must have been the first. You could then repeat the process to identify the second, third etc.

Sin embargo, las variantes que llevan mutaciones muy tempranas habrían sido raras en la población mundial de SARS-CoV2, y podrían no aparecer en las bases de datos.

Un enfoque más seguro, y el adoptado por Tanaka y Miyazawa, es trabajar*backwards* instead. That means starting by working out which of the 37 mutations is the *last* , o más reciente.

Para hacer esto es necesario encontrar una secuencia que incluya todas las mutaciones*except one* - and this must be the most recent mutation.

Así que Tanaka y Miyazawa hicieron una serie de 37 consultas de base de datos usando secuencias cada una carente de sólo una de las mutaciones omicron BA1 - razonando que uno de los 37 debería encontrar una coincidencia, indicando la última mutación en la progresión evolutiva a BA1.

Es interesante imaginarse a sí mismo en la posición de estos investigadores, haciendo consultas para cada una de las 37 mutaciones, tal vez preguntándose cuál de ellos resultaría ser el más reciente, y obtener la respuesta... **..ALL OF THEM***.

Bueno, todos menos 1 - lo que no hace ninguna diferencia material.

Sus cerebros debieron explotar.

Un panel de variantes con mutaciones omicron BA1 invertidas individualmente no puede surgir naturalmente

Variant	Definition	GenBank Accession No.	Non-synonymous																																																																																																		
			deletion													Receptor-binding domain (RBD) 319 - 541																																																																																					
			T1N	L24	P25	P26	A27S	G142D	V123G	G339D	S371F	S373P	S375F	T376A	D405N	R408S	K417N	N440K	S477N	T478K	E484A	Q493R	Q498R	N501Y	Y505H	D614G	H655Y	N679K	P681H	N764K	D796Y	Q954H	N956K																																																																				
BA.2	BA.2.1	BA.2.1.1	BA.2.1.2	BA.2.1.3	BA.2.1.4	BA.2.1.5	BA.2.1.6	BA.2.1.7	BA.2.1.8	BA.2.1.9	BA.2.1.10	BA.2.1.11	BA.2.1.12	BA.2.1.13	BA.2.1.14	BA.2.1.15	BA.2.1.16	BA.2.1.17	BA.2.1.18	BA.2.1.19	BA.2.1.20	BA.2.1.21	BA.2.1.22	BA.2.1.23	BA.2.1.24	BA.2.1.25	BA.2.1.26	BA.2.1.27	BA.2.1.28	BA.2.1.29	BA.2.1.30	BA.2.1.31	BA.2.1.32	BA.2.1.33	BA.2.1.34	BA.2.1.35	BA.2.1.36	BA.2.1.37	BA.2.1.38	BA.2.1.39	BA.2.1.40	BA.2.1.41	BA.2.1.42	BA.2.1.43	BA.2.1.44	BA.2.1.45	BA.2.1.46	BA.2.1.47	BA.2.1.48	BA.2.1.49	BA.2.1.50	BA.2.1.51	BA.2.1.52	BA.2.1.53	BA.2.1.54	BA.2.1.55	BA.2.1.56	BA.2.1.57	BA.2.1.58	BA.2.1.59	BA.2.1.60	BA.2.1.61	BA.2.1.62	BA.2.1.63	BA.2.1.64	BA.2.1.65	BA.2.1.66	BA.2.1.67	BA.2.1.68	BA.2.1.69	BA.2.1.70	BA.2.1.71	BA.2.1.72	BA.2.1.73	BA.2.1.74	BA.2.1.75	BA.2.1.76	BA.2.1.77	BA.2.1.78	BA.2.1.79	BA.2.1.80	BA.2.1.81	BA.2.1.82	BA.2.1.83	BA.2.1.84	BA.2.1.85	BA.2.1.86	BA.2.1.87	BA.2.1.88	BA.2.1.89	BA.2.1.90	BA.2.1.91	BA.2.1.92	BA.2.1.93	BA.2.1.94	BA.2.1.95	BA.2.1.96	BA.2.1.97	BA.2.1.98	BA.2.1.99	BA.2.1.100
-BA.1	BA.1	BA.1.1	BA.1.2	BA.1.3	BA.1.4	BA.1.5	BA.1.6	BA.1.7	BA.1.8	BA.1.9	BA.1.10	BA.1.11	BA.1.12	BA.1.13	BA.1.14	BA.1.15	BA.1.16	BA.1.17	BA.1.18	BA.1.19	BA.1.20	BA.1.21	BA.1.22	BA.1.23	BA.1.24	BA.1.25	BA.1.26	BA.1.27	BA.1.28	BA.1.29	BA.1.30	BA.1.31	BA.1.32	BA.1.33	BA.1.34	BA.1.35	BA.1.36	BA.1.37	BA.1.38	BA.1.39	BA.1.40	BA.1.41	BA.1.42	BA.1.43	BA.1.44	BA.1.45	BA.1.46	BA.1.47	BA.1.48	BA.1.49	BA.1.50	BA.1.51	BA.1.52	BA.1.53	BA.1.54	BA.1.55	BA.1.56	BA.1.57	BA.1.58	BA.1.59	BA.1.60	BA.1.61	BA.1.62	BA.1.63	BA.1.64	BA.1.65	BA.1.66	BA.1.67	BA.1.68	BA.1.69	BA.1.70	BA.1.71	BA.1.72	BA.1.73	BA.1.74	BA.1.75	BA.1.76	BA.1.77	BA.1.78	BA.1.79	BA.1.80	BA.1.81	BA.1.82	BA.1.83	BA.1.84	BA.1.85	BA.1.86	BA.1.87	BA.1.88	BA.1.89	BA.1.90	BA.1.91	BA.1.92	BA.1.93	BA.1.94	BA.1.95	BA.1.96	BA.1.97	BA.1.98	BA.1.99	BA.1.100

"Recombinación", o el intercambio de material genético entre diferentes virus no puede explicar las variantes Omicron tampoco

La discusión anterior se refiere a la evolución por acumulación progresiva de mutaciones, en la que cada nueva variante es producida por mutación de un solo padre.

Hay otro mecanismo por el cual los virus y otras formas de vida pueden evolucionar. La "recombinación" implica el intercambio de secciones de material genético entre dos variantes diferentes. Podrían las variantes observadas estar formadas intercambiando material genético entre omicron BA1 y el virus original Wuhan?

Tanaka y Miyazawa van a algunos extremos para considerar esta posibilidad, pero son fácilmente capaces de excluirla.

Por un lado, la recombinación requeriría que los virus omicron BA1 y otros virus ancestrales estuvieran presentes *in the same cell at the same time* - because recombination can only occur in a cell, during the replication phase of the virus. This will be extremely rare given the frequencies involved, and the requirement to create so many reversion mutations - particularly given the timing of waves of the different variants, as discussed in the paper.

Explicar estas reversiones mediante recombinación significaría que una sección de ARN en omicron BA1 que contiene la mutación que se invierte tendría que ser cambiada limpiamente, de tal manera que las mutaciones a ambos lados no se vieran afectadas. Tendría que haber dos "cruces" entre las variantes, una a cada lado de la mutación. Pero los cruces requieren alineación de un tramo de secuencia común entre las dos cepas. Para algunas mutaciones, la brecha a ambos lados de la siguiente mutación simplemente no es lo suficientemente grande para acomodar a estos cruces, y la recombinación es por lo tanto imposible.

La recombinación también dejaría sus huellas en las regiones de flanqueo del virus a ambos lados del gen de la proteína de pico - y estas no fueron encontradas.

Variantes de Omicron en muestras de Puerto Rico - más de un año antes de la detección oficial de omicron

Así que Tanaka y Miyazawa pudieron demostrar que la recombinación no podía explicar el panel de mutaciones de reversión que encontraron. Pero al considerar esta posibilidad tropezaron con aún más evidencia que plantea preguntas fundamentales sobre la historia de los omicron.

Mientras llevaban a cabo consultas de bases de datos para buscar señales de que la recombinación había estado involucrada, encontraron una coincidencia con una secuencia de Puerto Rico que fue presentada en 2020. Otras búsquedas encontraron 29 variantes atribuidas a Puerto Rico que coinciden exactamente con omicron BA1 o BA2, en base a secuencias de proteínas de pico.

Todas estas secuencias fueron depositadas en la base de datos en 2020, más de un año antes de que se anunciara la detección de omicron en Sudáfrica en noviembre de 2021.

Falta de mutaciones "sinonimas" sugieren fuertemente orígenes artificiales de variantes SARS-CoV2

Como si todo eso no fuera suficiente, Tanaka y Miyazawa señalan otra línea de evidencia que de sí misma es probablemente suficiente para concluir que las variantes de omicron son antinaturales.

La explicación de las mutaciones anteriormente señaló que en la naturaleza esperas ver:

- algunos que tienen algún efecto material y beneficioso en el organismo; y
- algunos que son "silenciosos" o "sinónimos" que no afectan a las proteínas producidas a partir del ARN/ADN, y no deben cambiar la capacidad del organismo para reproducirse

Estas mutaciones "sinónimas" que en realidad no cambian la proteína correspondiente son, como cabría esperar, inicialmente mucho más comunes que las que afectan a la propia proteína. Generalmente no tendrían ningún efecto en la capacidad del virus para sobrevivir, por lo que simplemente se acumulan naturalmente con el tiempo, junto con la adquisición más funcionalmente significativa de mutaciones beneficiosas más raras no sinónimas.

Pero las variantes oficiales de omicron mencionadas aquí tienen sólo una mutación sinónimo en el gen que codifica la proteína de pico - en comparación con 31 a 38 mutaciones no sinónimas.

Esto no tiene sentido. Siempre se esperaría que la evolución natural creara mutaciones sinónimas silenciosas a un ritmo mayor que las mutaciones no sinónimas que sólo pueden persistir si, contra altas probabilidades, resultan aleatoriamente en una mejora del diseño de la proteína que codifican.

Los autores señalan que esta observación inverosímil no se limita a omicron:

No había mutaciones sinónimas en las variantes

Los paneles de reversión de Omicron parecen ser parte de un experimento sistemático

La presencia "en estado salvaje" de paneles casi completos de perfectas reversiones individuales de prácticamente todas las mutaciones en 3 linajes omicron separados no puede ser plausiblemente natural. En cambio, parece exactamente un ejercicio sistemático de "genética inversa" para probar los efectos de cada mutación omicron en el comportamiento del virus.

Está claro que algunas o todas las variantes de omicrón fueron sintetizadas en un laboratorio del que de alguna manera fueron liberadas, como parte de un programa deliberado. Junto con la falta de mutaciones sinónimos en otras variantes, esto sugiere que *all variants described after the original Wuhan strain have artificial origins.*

Los autores sugieren que las variantes que han encontrado son parte de un experimento para caracterizar la proteína de pico y los efectos de mutaciones sobre el comportamiento del virus:

De hecho, la falta de hallazgos hasta la fecha de que muchas de las diversas mutaciones observadas, especialmente en las primeras variantes, están de hecho asociadas con el aumento de la infección viral (van Dorp et al, 2020) apoya la hipótesis de que cada variante fue sintetizada artificialmente para identificar los aminoácidos de la proteína S responsable de la infectividad y patogenicidad.

Conclusión: esto lo cambia todo

Si las observaciones y las inferencias en este artículo son correctas -y salvo un engaño puro, que implica deposiciones fraudulentas para secuenciar bases de datos, ciertamente parecen serlo- entonces proporcionan *indisputable* evidence that the entire history of SARS-CoV2, at least subsequent to the emergence of the original strain, is artificial.

Alguien, en alguna parte, realmente está haciendo todo esto deliberadamente.

Correcciones

3 sep 2023

- ~~Algunos~~ *Most* individual changes of a letter of DNA/RNA will not actually change the sequence of the protein encoded.

La mayoría de mutaciones individuales al azar cambiarán el aminoácido codificado. Pero la abrumadora mayoría de estos simplemente arruinarán la proteína, por lo que todavía es cierto decir que las mutaciones silenciosas sinónimos deberían superar inicialmente las mutaciones funcionales.