



Rapport de la CIA : « Le SARS-CoV-2 par Bio-Lab ». Mais les services de renseignement américains cachent un virus identique créé par le Pentagone en 2017

Une nouvelle étude explosive publiée par un scientifique allemand

Par **Fabio GC Carisio** - 31 janvier 2025

1057

BMC Genomic Data BMC Genomic Data

<https://doi.org/10.1186/s12864-024-01290-2>

DATA NOTE Open Access

Pre-pandemic artificial MERS analog of polyfunctional SARS-CoV-2 S1/S2 furin cleavage site domain is unique among spike proteins of genus Betacoronavirus

Andreas Martin Lissewski*

Abstract

Objectives SARS-CoV-2 spike (S) glycoprotein furin cleavage site is a key determinant of SARS-CoV-2 virulence and pathogenicity. Located at the S1/S2 junction, it is unique among sarbecoviruses but frequently found in other betacoronaviruses. Recent evidence suggests that this site includes two additional functional motifs: a putative nuclear localization signal and two flanking O-glycosites. However, a systematic genus and subgenus analysis of spike protein sequences bearing this polyfunctional sequence domain has been missing.

Findings Here we report comprehensive sequence data to demonstrate that among spike proteins of the genus Betacoronavirus and outside of the SARS-CoV-2 clade a fully analogous S1/S2 domain was found in only one other betacoronavirus, the artificial MERS-infectious clone MERS-MARS3, described already in 2017, which was intentionally selected for viral passage in genetically humanized mice. As the evolutionarily closest betacoronaviruses outside of the SARS-CoV-2 clade lack all three functional motifs, these data extend—beyond natural evolution and zoonosis—the current view on SARS-CoV-2 pre-pandemic origins by presenting the analogous S1/S2 MERS-MARS3 sequence domain as a pre-pandemic artificial virus host, Betacoronavirus, Furin cleavage site, Nuclear localization signal, O-glycosite, and Polyfunctional sequence domain.

Conclusions Genus and subgenus analysis of spike protein sequences bearing the polyfunctional sequence domain and BANAL-20-S2 (GenBank: <https://identifiers.org/ncbi/taxonomy/GenBank/MN997000>), the closest genomic betacoronavirus relative to SARS-CoV-2, the reference sequence (Wuhan-Hu-1 isolate, GenBank: https://identifiers.org/ncbi/taxonomy/GenBank/NC_045512) features a four amino acid "PERA" insert between two adjacent Ser and Arg residues, resulting in a EKKR minimal FCS. This FCS, which does not fully match the canonical FCS motif EKXK/R (see [1]), has not been seen in other sarbecoviruses (5) on the other hand, simple fern-like cleavage sites at S1/S2 domains in other betacoronavirus spike glycoproteins

BMC

Une nouvelle étude explosive publiée par un scientifique allemand

Par **Fabio GC Carisio** 1 janvier 2025

de **Fabio Giuseppe Carlo Carisio**

Près de 5 ans se sont écoulés depuis le 4 février 2020, lorsque Gospa News a publié la première enquête « Coronavirus Bio-Weapon » sur le virus de la pandémie COVID créé en laboratoire. Pour ces enquêtes, qui ont ensuite fait partie du cycle WuhanGates et du livre du même nom, j'ai été censuré par presque toutes les plateformes sociales et ignoré par 90 % de mes collègues journalistes en Italie.

Maintenant, enfin, même la CIA (Central Intelligence Agency) confirme ce qui était déjà soutenu par deux agences fédérales américaines (FBI et Département de l'Énergie) et par les [commissions de deux branches du Congrès américain](#) : **le SARS-Cov-2 a été créé artificiellement.**

Mais ce n'est pas la vraie nouvelle. Le fait est que dans son rapport final, l'agence de contre-espionnage la plus riche et la plus puissante du monde a obstinément ignoré des dizaines de recherches qui ont fait surface dans notre dossier et qui sont maintenant dans le domaine public afin de continuer à accuser la Chine d'avoir dissimulé l'origine du pathogène et de dissimuler le rôle du Pentagone.

En fait, au moment même où les services secrets de Langley (Virginie) CERTIFIENT « l'évasion du laboratoire », une recherche minutieuse est publiée en Allemagne qui représente la troisième preuve du « pistolet fumant » d'un SARS-Cov2 amélioré par la bio-ingénierie aux USA, avec la complicité d'autres pays occidentaux et de la Chine elle-même, impliqués dans le projet sur les armes bactériologiques depuis l'accord de 1998 entre le [président américain de l'époque Bill Clinton et le président chinois Jiang Zemin](#), dont le fils a également géré le développement militaire de l'Institut de virologie de Wuhan.



SHIVAYA INFO



Le rapport de la CIA, déclassifié sur ordre du nouveau président Donald Trump, apparaît comme une nouvelle bien construite face à la découverte que le virus Covid-19 possède non seulement un ensemble génomique presque identique à un gène humain créé par Big Pharma Moderna grâce au financement reçu du Pentagone mais est également IDENTIQUE dans ses spécificités virulentes à un pathogène chimérique MERS (version moyen-orientale du SRAS) qui a été construit aux USA juste sous le nez de Trump, pendant sa présidence.

De plus, comme nous l'avons souligné dans de nombreuses enquêtes précédentes, le contre-espionnage américain a joué un rôle de premier plan dans la supervision des expériences sur les coronavirus financées par l'administration Obama-Trump, qui a accordé « carte blanche » au virologue Anthony Fauci, l'aidant des contributions de la DARPA (Defense Advanced Research Projects Agency), qui a créé son Biological Technologies Office (BTO) top secret en 2014.

Entrons maintenant dans les détails en commençant par le rapport de la CIA et la nouvelle « preuve irréfutable » bactériologique qui accuse une fois de plus le microbiologiste de l'Université de Caroline du Nord Ralph Baric...

CIA : « Le Covid-19 provient d'un laboratoire »

La CIA a estimé qu'une origine de laboratoire était « très probable » pour la pandémie de COVID-19, rejoignant ainsi [deux autres grandes agences américaines qui avaient déjà procédé à cette évaluation.](#)

« La CIA estime avec un faible degré de confiance qu'une origine liée à la recherche de la pandémie de COVID-19 est plus probable qu'une origine naturelle sur la base de l'ensemble des rapports disponibles », a déclaré un porte-parole de l'agence dans une déclaration aux médias le 25 janvier.

L'agence a souligné qu'elle avait « peu confiance » dans cette évaluation et qu'elle croyait toujours qu'il était plausible que le [virus provienne de la nature.](#)

La CIA « continuera d'évaluer tout nouveau rapport de renseignements crédibles disponibles ou d'informations de sources ouvertes qui pourraient modifier l'évaluation de la CIA », a déclaré le porte-parole.

L'agence de renseignement, qui s'est abstenue pendant des années de se prononcer sur le sujet, invoquant un manque d'informations, a longtemps soutenu la théorie de la fuite de laboratoire, déclarant en avril 2023 devant une commission du Congrès qu'elle constituait la « seule explication » à la maladie qui a depuis tué des millions de personnes dans le monde.

Selon cette analyse, qui pointe du doigt la Chine, tout en reconnaissant que l'agence de renseignement a « peu confiance » dans ses propres conclusions, cette découverte n'est pas le résultat d'informations nouvelles et le rapport a été rédigé à la demande de l'administration Biden et de l'ancien directeur de la CIA, William Burns. Il a été déclassifié et publié sur ordre du président Donald Trump.



Le SARS-Cov-2 est identique aux expériences chimériques américaines

« **Andreas Martin Lisewski est biologiste informatique à l'université Constructor de Brême, en Allemagne. Il étudie également, entre autres sujets, « les méthodes informatiques permettant de distinguer les génomes synthétiques des génomes naturels ». Andreas a récemment publié un article explosif qui a révélé un « plan moléculaire précis du SARS-CoV-2 » de 2017.** »

C'est ce qu'écrivait il y a quelques jours Jim Haslam, un blogueur qui se consacre depuis des années aux enquêtes sur l'origine du virus pandémique (*lien parmi les sources ci-dessous*).

Son interview est basée sur l'étude « *Pre-pandemic artificial MERS analog of polyfunctional SARS-CoV-2 S1/S2 furin cleavage site domain is unique among spike protein of genus Betacoronavirus* » publiée le 17 décembre 2024 dans BMC Genomic Data, une revue du célèbre groupe scientifique Springer Nature (*lien parmi les sources ci-dessous*).

DATA NOTE Open Access

Pre-pandemic artificial MERS analog of polyfunctional SARS-CoV-2 S1/S2 furin cleavage site domain is unique among spike proteins of genus *Betacoronavirus*

Andreas Martin Lisewski^{1*}

Abstract
Objectives SARS-CoV-2 spike (S) glycoprotein furin cleavage site is a key determinant of SARS-CoV-2 virulence and COVID-19 pathogenicity. Located at the S1/S2 junction, it is unique among sarbecoviruses but frequently found among betacoronaviruses. Recent evidence suggests that this site includes two additional functional motifs, a pat7 nuclear localization signal and two flanking O-glycosites. However, a systematic genus and subgenus analysis of spike protein sequences bearing this polyfunctional sequence domain has been missing.
Data description Here we report comprehensive sequence data to demonstrate that among spike proteins of genus Betacoronavirus and outside of the SARS-CoV-2 clade a fully analogous S1/S2 domain was found in only one other virus: the artificial MERS infectious clone MERS-MA30, described already in 2017, which was rationally selected from serial passage in genetically humanized mice. As the evolutionarily closest betacoronaviruses outside of the SARS-CoV-2 clade lack all its three functional motifs, these data extend—beyond natural evolution and zoonosis—the current view on SARS-CoV-2 pre-pandemic origins by presenting the analogous S1/S2 MERS-MA30 sequence domain as a precise molecular blueprint for SARS-CoV-2.
Keywords Genomics, Directed evolution, Artificial virus host, Betacoronavirus, Furin cleavage site, Nuclear localization signal, O-glycosylation

Objective
 The furin cleavage site (FCS) at the S1/S2 domain junction of the SARS-CoV-2 spike (S) glycoprotein has been recurrently discussed in the context of SARS-CoV-2 origins, SARS-CoV-2 virulence, and COVID-19 pathogenicity [1, 2]. In comparison to bat coronavirus RaTG13 (GenBank: <https://identifiers.org/nucleotide:MN995832>) and BANAL-20-52 (GenBank: <https://identifiers.org/nucleotide:MZ970006>), the closest genomic betacoronavirus relative to SARS-CoV-2, the reference sequence (Wuhan-Hu-1 isolate, GenBank: https://identifiers.org/nucleotide:NC_045512) features a four amino acid ¹¹⁴PRRA¹¹⁷ insert between two adjacent Ser and Arg residues, resulting in a EXXR motif FCS. This FCS, which does not fully match the canonical FCS motif RRK/RKR (see [1]), has not been seen in other sarbecoviruses [3]; on the other hand, simple furin-like cleavage sites at S1/S2 domains in other betacoronavirus spike glycoproteins

Number	BetaCoV Spike Protein Domain (S1/S2 region at S1/S2 junction)	GenBank Protein Accession (Protein name)	Betacoronavirus (Betacoronavirus species)	FCS (RRK)	NLS (pat7)	O-Glycosite Pair (Glycosylation)
1	472 ARYQPTPTTRAKAVQAQ 491	EP_05974390.1	Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (2019-nCoV)*	+	+	+
2	472 ARYQPTPTTRAKAVQAQ 491	Q7S38248.1	Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (2019-nCoV)	+	+	+
3	472 ARYQPTPTTRAKAVQAQ 491	Q7S34053.1	Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (2019-nCoV)	+	+	+
4	472 ARYQPTPTTRAKAVQAQ 491	Q7S31638.1	Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (2019-nCoV)	+	+	+
5	472 ARYQPTPTTRAKAVQAQ 491	Q7S33987.1	Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (2019-nCoV)	+	+	+
6	472 ARYQPTPTTRAKAVQAQ 491	Q7S35487.1	Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (2019-nCoV)	+	+	+
7	472 ARYQPTPTTRAKAVQAQ 491	Q7S34696.1	Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (2019-nCoV)	+	+	+
8	472 ARYQPTPTTRAKAVQAQ 491	Q7S51948.1	Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (2019-nCoV)	+	+	+
9	472 ARYQPTPTTRAKAVQAQ 491	Q7S38833.1	Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (2019-nCoV)	+	+	+
10	472 ARYQPTPTTRAKAVQAQ 491	Q7S37719.1	Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (2019-nCoV)	+	+	+
11	472 ARYQPTPTTRAKAVQAQ 491	Q7S34641.1	Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (2019-nCoV)	+	+	+
12	167 GAGIAGIYTRAKAVQAQ 188	Q87529.1	Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (2019-nCoV)	+	+	+
13	472 ARYQPTPTTRAKAVQAQ 491	Q744759.1	Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (2019-nCoV)	+	+	+
14	472 ARYQPTPTTRAKAVQAQ 491	Q7S50798.1	Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (2019-nCoV)	+	+	+
15	472 ARYQPTPTTRAKAVQAQ 490	Q853446.1	Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (2019-nCoV)	+	+	+
16	472 ARYQPTPTTRAKAVQAQ 491	Q7S32472.1	Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (2019-nCoV)	+	+	+
17	472 ARYQPTPTTRAKAVQAQ 491	Q873793.1	Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (2019-nCoV)*	+	+	+
18	472 ARYQPTPTTRAKAVQAQ 491	Q853356.1	Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (2019-nCoV)*	+	+	+
19	738 LPPTPTPTLTVKAVPVQW 757	Q893339.1	Middle East respiratory syndrome-related coronavirus (MERS-CoV) [†]	+	+	+
20	738 LPPTPTPTLTVKAVPVQW 757	AF184935.1	Middle East respiratory syndrome-related coronavirus (MERS-CoV) [†]	+	+	+
21	740 GPCPCIALYTRAKAVGII 759	Q85721	Human coronavirus HKU1 (HCoV-HKU1) [‡]	+	+	+
22	472 ARYQPTPTTRAKAVQAQ 487	Q843502.2	Bat coronavirus RaTG13 [§]	-	-	-

* SARS-CoV-2 reference genome (Wuhan-Hu-1); origin: China; India; collection date: December 2019
 † Earliest SARS-CoV-2 AS84V variant with pat7 in S1/S2 domain identical to MERS-MA30 (number 19); origin: Saudi Arabia; Jeddah; collection date: 15 March 2020
 ‡ Earliest SARS-CoV-2 AS84V variant with closest S1/S2 domain sequence to MERS-MA30 (number 18); origin: Iran; collection date: March 2020
 § Middle East respiratory syndrome-related coronavirus (MERS-CoV) (number 19) and (number 20) were generated in a receptor knock-out laboratory mice; origin: USA; Iowa
 ¶ Earliest MERS-CoV (Jeddah Human betacoronavirus 2c EMC2012); origin: Saudi Arabia; Jeddah; collection date: 13 June 2012
 †† Genotype B HKU1 strain B2 betacoronavirus; origin: China; Hongkong; collection date: January 2005
 ‡‡ Closest evolutionary betacoronavirus relative of SARS-CoV-2 by full genomic sequence (as of 2024); identical data for bat betacoronavirus BANAL-20-52; origin: China; collection date: 24 July 2013
 §§ AA: Amino Acid; FCS: Furin Cleavage Site; NLS: Nuclear Localization Signal

Le studio du professeur Andreas Martin Lisewski et la séance identique de la furine du SRAS-Cov-2 de 2019 et du MERS du laboratoire de 2017

Le sujet est extrêmement technique, nous nous limitons donc à citer le résumé de la recherche :

« **Le site de clivage de la furine de la glycoprotéine de pointe (S) du SARS-CoV-2 est un déterminant clé de la virulence du SARS-CoV-2 et de la pathogénicité de la COVID-19. Situé à la jonction S1/S2, il est unique parmi les sarbecovirus mais fréquemment retrouvé parmi les bêtacoronavirus. Des preuves récentes suggèrent que ce site comprend deux motifs fonctionnels supplémentaires : un signal de localisation nucléaire pat7 et deux O-glycosites flanquants. Cependant, une analyse systématique du genre et du sous-genre des séquences de protéines de pointe portant ce domaine de séquence polyfonctionnel manquait »**



SHIVAYA INFO



Que le site de clivage de la furine soit le point à partir duquel les scientifiques ont manipulé le coronavirus pour le rendre plus virulent, c'est ce qui est déjà ressorti d'une étude financée par les États-Unis en Chine sous la supervision de Fauci bien après les premières **expériences de l'Institut de virologie de Wuhan dans lesquelles la soi-disant chauve-souris Shi Zhengli a introduit un plasmide infecté par le VIH (virus du SIDA) dans un virus expérimental du SRAS**, grâce à un financement de la [Commission européenne](#).

C'est précisément à cause de **la présence de séquences du VIH dans le SARS-Cov-2 que d'abord des chercheurs indiens puis le célèbre biologiste français Luc Montagnier**, aidé de son ami et collaborateur Jean-Claude Perez et [interrogé en exclusivité par nous](#), **ont découvert la trace claire d'une manipulation de laboratoire** confirmée également par les recherches du [bioingénieur Pierre Bricage](#), ancien consultant de l'OTAN sur les armes bactériologiques.

Les recherches explosives d'un scientifique allemand

« Collectivement, ces données suggèrent que, au sein du genre Betacoronavirus, le pic MERS-MA30 S1/S2 — un produit de l'année 2017 ou antérieure d'une adaptation dirigée et d'une sélection rationnelle dans un hôte souris artificiel (c'est-à-dire génétiquement modifié) — est le seul exemple d'un motif composite pat7/FCS/O-glycosite complet entièrement analogue au domaine de séquence de pic polyfonctionnel S1/S2 du SARS-CoV-2. »

Faits marquants de Jim Haslam dans son entretien avec l'auteur de la recherche, le professeur Lisewsky.

Pour les plus avertis, nous précisons :

- La barre rouge horizontale pour le pat7 (une « étiquette d'adresse » moléculaire) montre un motif de 7 acides aminés. **Le premier est toujours la proline (P), ce qui explique le site de clivage de la furine du PRRAR. Les scientifiques de l'origine naturelle ont affirmé que personne n'insérerait de proline.**
- (^) pour le site de clivage de la furine (FCS), qui est RRAR. **Cette séquence exacte a également été [publiée par l'UNC en 2018](#).** Le FCS est un ciseau moléculaire qui aide le virus à pénétrer dans la cellule de mammifère et à créer une transmission ultérieure.
- (*) désigne les résidus O-glycosides qui aident le SARS2 à « se cacher » du système immunitaire des mammifères. Les sucres agissent comme un bouclier, ce qui rend plus difficile pour les anticorps de reconnaître et d'attaquer la protéine de pointe. **La glycosylation liée à l'O rend également le processus de clivage plus efficace, augmentant ainsi la transmissibilité du virus.**

« Quand j'ai vu pour la première fois le site de clivage de la furine dans la séquence virale (du SARS-Cov-2 – ndlr), avec ses codons d'arginine, j'ai dit à ma femme que c'était la preuve irréfutable de l'origine du virus ».

C'est ce qu'a déclaré le Dr David Baltimore, virologue américain de renom et co-découvreur de la transcriptase inverse, pour soutenir la thèse (aujourd'hui bien plus qu'une théorie) de **l'origine artificielle du pathogène de la pandémie** qui, pour le résumer de manière simple, s'accroche aux cellules humaines et devient mortel grâce à cette criticité de la furine.



Comme nous l'avons révélé dans [Wuhan-Gates 74 – The Smoking Gun](#) , dans une révélation révolutionnaire, il est apparu que le Dr Peter Hotez, un chercheur respecté dans le domaine des vaccins, a été empêtré dans un réseau de financement, de collaboration et de recherche avec des scientifiques militaires chinois potentiellement impliqués dans le développement de la COVID-19. **Cette histoire enchevêtrée entrelace les meilleurs virologues militaires chinois et culmine avec les preuves accablantes entourant le tristement célèbre site de clivage de la furine de la COVID-19.**

Hotez était l'un des collaborateurs du virologue Fauci qui a financé les recherches du professeur Ralph Baric sur les virus chimériques du SRAS, avec un financement du [ministère américain de la Santé et de l'agence DARPA du Pentagone](#), pendant plusieurs années.

Bien avant Moderna, partenaire du projet d'études militaires, a construit un gène humain avec un nombre élevé de nucléotides identiques au SARS-Cov-2, au point de créer la consternation dans la communauté mondiale des virologues, même ceux PRO-VAX comme l'ancien président de l'Agence italienne des médicaments (AIFA) Giorgio Palù.

Le clone infectieux du virus manipulé aux États-Unis

Ces deux études remontent à 2016. Alors que le scientifique allemand a trouvé des preuves d' **une manipulation du virus MERS réalisée en 2017** qui a produit une altération de la furine identique à celle du SARS-Cov-2.

La souche ancestrale (la plus ancienne) du SRAS2 est la n°16 de Wuhan, tandis que le clone infectieux MERS-MA30 de 2017 est la n°19. [Ralph Baric de l'UNC](#) (université de Caroline du Nord) a fait référence à la n°19 en 2019. Son article de 2019 a prédit le génome du SRAS2, car il détaille un site de clivage de la furine RXXR. Le SRAS2, avec son site de clivage de la furine RRAR unique, est le seul sarbecovirus présentant cette caractéristique. Baric a fréquemment utilisé le MERS (un coronavirus) pour contourner la liste des agents sélectionnés du SRAS.

Selon un article de Jim Haslam d'octobre 2019, il a écrit :

« Il est possible que l'émergence de souches épidémiques de coronavirus nécessite également une modification du clivage des protéases (par exemple, des sites de clivage de la furine) chez l'homme ou chez un hôte intermédiaire, comme les chameaux ou les civettes, en plus d'une affinité de liaison au récepteur accrue. Conformément à cette idée, des rapports ont détaillé l'infection différentielle par le MERS-CoV en fonction de l'expression de la protéase de l'hôte. De même, l'adaptation de la souris au MERS-CoV a entraîné des modifications de la pointe qui altèrent l'activation et l'entrée de la protéase in vivo (#41) ».

La référence n°41 de Baric est le clone infectieux MERS-MA30 de 2017. MA30 signifie « adaptation à la souris 30 fois ». Baric a appelé cela « l'approche virologique classique pour adapter un virus à la souris, en utilisant un passage en série en aveugle ».



SHIVAYA INFO



Toutes les recherches de Baric sur les virus du SRAS ont été financées par l'Institut national des allergies et des maladies infectieuses (NIAID), dirigé par Fauci, qui a également reçu un financement spécifique **du Pentagone et de Moderna**, à tel point qu'il a pu permettre à Big Pharma de Cambridge (Massachusetts) [de breveter le vaccin Covid neuf bons mois avant l'apparition de la pandémie.](#)

Un scientifique est mystérieusement décédé après avoir mené des recherches sur le virus MERS

Mais le mystère déjà intrigant est teinté de mystère noir basé sur les découvertes de Gospa News.

Le scientifique le plus important au monde qui a prélevé des échantillons du MERS en Asie et les a amenés en [Amérique du Nord était le professeur Frank Plummer](#), directeur du Laboratoire national de microbiologie de Winnipeg (Manitoba, Canada), où il a collaboré avec des scientifiques chinois et américains au développement de vaccins à partir [du virus recombinant SARS-VIH](#) (comme le SARS-Cov-2).

[Plummer est décédé d'une maladie soudaine](#) lors d'une conférence en Afrique quelques jours avant la déclaration de la pandémie de Covid.

Andreas Lisevsky a observé que la séquence de 2017 était « stable » et que « le domaine de jonction S1/S2 du MERS-MA30 CoV pré-pandémique est un analogue de séquence précis du domaine S1/S2 multifonctionnel correspondant du SARS-CoV-2 ».

« L'analyse des publications scientifiques sur la translocation nucléaire de la protéine Spike (par exemple, [36778849]), suivie d'une analyse de séquence automatisée, a suffi à identifier cette séquence artificielle unique, qui a été décrite publiquement par des chercheurs américains dès 2017. »

L'étude de référence de 2017 s'intitule [« Le coronavirus MERS adapté à la souris provoque une maladie pulmonaire mortelle chez des souris knock-in DPP4 humaines »](#)

Ces résultats corroborent l'alarme lancée par [le lieutenant-colonel à la retraite de l'armée américaine Lawrence Sellin](#), ancien chercheur expert en armes bactériologiques à Fort Detrick, concernant la toxicité du SARS-Cov-2 déterminée par l'amplification du spike en laboratoire qui serait ensuite également répliqué dans les vaccins Covid en raison du Spike toxique rendu persistant par l'insertion d'une « [double proline](#) » [telle que découverte par le bioimmunologiste italien Mauro Mantovani...](#)

Expériences de la CIA sur les coronavirus

Le rapport final de la CIA sur le SARS-Cov-2 issu du laboratoire présente donc des lacunes macroscopiques savamment construites par ceux qui ont été complices du projet même de transformer les coronavirus en arme biologique.

Voici, en synthèse extrême, les points clés déjà mis en évidence dans les enquêtes précédentes sur le sujet.



SHIVAYA INFO



Les investigations menées sur les laboratoires bactériologiques d'Ukraine par le général Igor Kirillov, commandant des troupes russes de protection biologique, chimique et nucléaire, [récemment assassiné dans un attentat à l'explosif à Moscou organisé par les services secrets de Kiev](#) avec la direction des services secrets occidentaux, avaient conduit à la découverte de recherches à DOUBLE USAGE, c'est-à-dire comme vaccin ou arme biologique, développées par les USA depuis les années 2000 à tel point que l'expert moscovite a soupçonné que même le SRAS de 2003 avait été construit en laboratoire [\(comme l'a également déclaré l'expert en brevets américain David Martin\)](#).

Kirillov a fourni à plusieurs reprises des preuves documentaires selon lesquelles des recherches [sur le Covid-19 ont été menées](#) en Ukraine au moins trois mois avant son apparition en Chine.

Eh bien, ces centres de recherche bactériologique ont été **ouverts et financés par le [Pentagone](#) lorsque [Leon Panetta](#)**, un Américain d'origine calabraise et **ancien directeur de la CIA, est devenu secrétaire du département de la Défense.**

La CIA avait lancé des projets similaires couverts par le **plus grand secret en Géorgie, dans le [Centre Richard Lugar de Tbilissi](#) inauguré en 2011 par le président Barack Obama** qui était le promoteur des projets PREDICT sur les coronavirus supervisés aux USA et à l'étranger par le virologue Fauci.

La dissimulation des renseignements américains sur le SARS-Cov-2 par un laboratoire

Voici le premier lien étroit entre la CIA et le SARS-Cov-2. Mais ça ne s'arrête pas là...

Des enquêtes menées par le Congrès américain, il est ressorti que le virologue américain, [récemment gracié de manière préventive par le président Joe Biden](#), s'est rendu à plusieurs reprises [au siège de la Central Intelligence Agency](#) sans enregistrer son accès pour tromper l'agence de contre-espionnage civile sur la théorie de l'origine d'un laboratoire.

Des preuves ont également été apportées selon lesquelles [des agents de la CIA auraient été payés](#) pour dissimuler la vérité.

Mais le grand [cerveau de ces dissimulations était l'avocate Avril Haines](#), nommée par Biden **directrice du Bureau du renseignement national (ODNI)** qui a continué à publier des rapports discréditants sur le laboratoire SARS-Cov-2 à tel point qu'elle s'est retrouvée dans [la ligne de mire de certains membres républicains du Congrès](#).

Haines n'est pas seulement une grande experte en armes biologiques, mais s'est également distinguée par plusieurs épisodes hautement suspects :

- de 2013 à 2015, elle a été directrice adjointe de la CIA pendant la deuxième administration Obama-Biden qui l'a ensuite promue au poste de conseillère adjointe à la sécurité nationale, précisément dans les années où Fauci avait obtenu une dérogation au moratoire de la Maison Blanche sur l'interdiction de financer des recherches dangereuses avec le Gain de Fonction (amélioration des virus en laboratoire) en 2018 lors d'une conférence publique à Camdem, [elle a prédit l'apparition d'une pandémie de coronavirus](#)



SHIVAYA INFO



- en octobre 2019, elle était la seule consultante en renseignement présente à l'exercice de simulation de pandémie Event 201 financé par Bill Gates
- Trois ans plus tôt, en 2016, elle était en vacances dans les [Colli Senesi, tout près de la ville italienne où](#) est basée la filiale de Big Pharma GSK, financée par Gates et gérée par un directeur de Microsoft, qui a aujourd'hui ouvert un litige [contre Pfizer et Moderna sur les vaccins](#)
- Une enquête récente menée par les autorités russes sur le massacre du concert Crocus City Hall à Moscou (22 mars 2024) a mis en lumière une intrigue internationale entre **des terroristes djihadistes, Kiev, la compagnie énergétique ukrainienne Burisma et un ancien cadre de la CIA.**

Burisma est l'entreprise qui a payé Hunter Biden, fils du président Joseph, comme membre du conseil d'administration, lui permettant ainsi de financer **Metabiota, une société de recherche scientifique biologique qui était un contrat du Pentagone** à la fois pour la gestion de laboratoires en Ukraine et un [partenaire dans les projets PREDICT d'Obama dans la recherche sur le virus du SRAS à l'Institut de virologie de Wuhan.](#)

Dans une prochaine enquête, nous révélerons les erreurs, les omissions et les complicités présumées de Donald Trump qui n'a pas été en mesure de découvrir les expériences dangereuses de Fauci sur l'arme biologique SARS-Cov-2 menées sous son nez lors de sa première présidence américaine.

Fabio Giuseppe Carlo Carisio

directeur de Gospa News

journaliste d'investigation depuis 1991

[chroniqueur VT depuis 2019](#)

© COPYRIGHT GOSPA NEWS

reproduction interdite sans autorisation

suivez Fabio GC Carisio sur Twitter

et [Gospa News sur Telegram](#)

SOURCES PRINCIPALES

[Données génomiques BMC – L'analogue artificiel pré-pandémique du domaine du site de clivage de la furine S1/S2 du SARS-CoV-2 polyfonctionnel du MERS est unique parmi les protéines de pointe du genre *Betacoronavirus*](#)

[Jim Haslam – Baric a fait référence à un schéma moléculaire de 2017 pour la COVID-19](#)

[ACTUALITÉS GOSPA – WUHAN-GATES](#)

[ACTUALITÉS GOSPA – ENQUÊTES – INTEL](#)

[ACTUALITÉS GOSPA – LES GRANDES ENTREPRISES PHARMACEUTIQUES ET LES VACCINS](#)

<https://vtforeignpolicy.com/2025/01/cia-report-sars-cov-2-by-bio-lab-but-us-intel-hides-an-identical-virus-built-by-pentagon-on-2017/>