



**JUNTA ARGENTINA DE
REVISIÓN CIENTÍFICA**

Investigación Independiente Alternativa

JUNTA ARGENTINA DE REVISIÓN CIENTÍFICA

INFORME

CRONOLOGÍA TARGET VACUNA COVID-19

Código del Documento:	INF.01.01.CTV
Fecha de vigencia:	30/07/2020
Informe:	01
Revisión:	01
Páginas	35



junta_arg



JARC



JARC



ArgJunta



junta.arg@gmail.com

La responsabilidad de leer, interpretar, investigar fuentes y divulgar el presente, es de todos los seres humanos interesados en entender la situación actual a nivel mundial, respecto a lo que se nos divulga a todos, en función de lo que se denomina actualmente Covid-19.

© Copyright 2020 Junta Argentina de Revisión Científica | Todos los derechos reservados | Permitida completamente su reproducción, total o parcial y/o copia. Prohibida su modificación, adulteración pública y/o privada sin la autorización explícita y expresa del grupo.

Historial de Revisiones:

Revisión: 01 / Vigencia: 30/07/2020 / INF.01.01.CTV

- Primera versión original

	INFORME				CRONOLOGÍA TARGET VACUNA COVID-19		
	Código del Doc.:		INF.01.01.CVP				
REVISIÓN:	01	VIGENCIA:	30/07/2020	EMITIDO POR:	JUNTA ARGENTINA DE REVISIÓN CIENTÍFICA	V°B°	
<i>La responsabilidad de leer, interpretar, investigar fuentes y divulgar el presente, es de todos los seres humanos interesados en entender la situación actual a nivel mundial, respecto a lo que se nos informa a todos, en función de lo que se denomina comúnmente Covid-19.</i>						PÁGINA:	2 de 35

Índice:

Presentación.....	4
1) Introducción.....	5
2) Difusión.....	5
3) Hipótesis planteada.....	5
4) Análisis cronológico pre pandemia Covid-19.....	8
4.1) Descubrimiento de la ACE2 y su expresión testicular.....	6
4.2) Reconocimiento de la enzima ACE2 por otro equipo de científicos.....	10
4.3) Reafirmación de la expresión preferencial de ACE2 en testículo.....	12
4.4) Reafirmación de la expresión preferencial de ACE2 en testículo y ovario.....	13
4.5) Primera relación del coronavirus con la ACE2.....	14
4.6) Análisis de la detección de intencionalidad o fraude.....	21
4.7) Preparación teórica de la pandemia H1N1.....	22
4.8) Modificación de la definición de pandemia.....	23
4.9) Previsión de escenarios para futuras pandemias.....	28
5) Cronología de la situación actual.....	29
5.1) Análisis de la pandemia por Covid-19.....	30
6) Conclusiones.....	34

		INFORME		CRONOLOGÍA TARGET VACUNA COVID-19			
		Código del Doc.:	INF.01.01.CVP				
REVISIÓN:	01	VIGENCIA:	30/07/2020	EMITIDO POR:	JUNTA ARGENTINA DE REVISIÓN CIENTÍFICA	V°B°	
La responsabilidad de leer, interpretar, investigar fuentes y divulgar el presente, es de todos los seres humanos interesados en entender la situación actual a nivel mundial, respecto a lo que se nos informa a todos, en función de lo que se denomina comúnmente Covid-19.						PÁGINA:	3 de 35

Presentación

El siguiente informe tiene el único propósito de dar a conocer al mundo el resultado de una seria, objetiva y minuciosa investigación por parte de especialistas en el campo de la virología y la genética que arroja devastadoras conclusiones sobre el actual desarrollo de la vacuna para el virus SARS-COV 2 en el contexto de la pandemia declarada por la OMS el 11 de marzo de 2020.

Absolutamente alejados de cualquier denominación o etiqueta alguna, cualquier término utilizado para ridiculizar narrativas o explicaciones que transitan por fuera del relato oficial, este estudio se ha dado en el marco del más riguroso análisis de los datos objetivos y de las publicaciones científicas que lo comprometen.

Es de sumo interés público la difusión de este informe, así como su evaluación por parte de la comunidad científica y de todas las autoridades de carácter tanto públicas como privadas. Exhortamos, por otra parte, a todos los medios de comunicación a dar conocimiento público de forma urgente este documento, ya que sus conclusiones finales evidencian con total claridad que el desarrollo por demás apresurado y falto de todos los estándares apropiados para llevar adelante la vacuna para el virus SARS-COV 2 comprometiéndolo gravemente la salud pública actual y el futuro de la humanidad.

JUNTA ARGENTINA DE REVISIÓN CIENTÍFICA Investigación Independiente Alternativa		INFORME			CRONOLOGÍA TARGET VACUNA COVID-19		
		Código del Doc.:	INF.01.01.CVP				
REVISIÓN:	01	VIGENCIA:	30/07/2020	EMITIDO POR:	JUNTA ARGENTINA DE REVISIÓN CIENTÍFICA	V°B°	
La responsabilidad de leer, interpretar, investigar fuentes y divulgar el presente, es de todos los seres humanos interesados en entender la situación actual a nivel mundial, respecto a lo que se nos informa a todos, en función de lo que se denomina comúnmente Covid-19.						PÁGINA:	4 de 35

Comenzamos analizando el siguiente paper de la revista **Journal of Biological Chemistry (JBC)**, publicado por primera vez el 2 de agosto del 2000, en el cual se anuncia que fue descubierta y caracterizada, una enzima, la que se denomina enzima convertidora de angiotensina 2, ACE2. La médica profesional que está como primera autora, es la **Dra. Sarah R. Tipnis**.



En este paper lo que se explica y lo que se relata en forma completa, es cómo fue identificada y caracterizada una enzima homóloga a una previamente conocida denominada **ACE (Enzima Convertidora de Angiotensina)**, muy estudiada. La ACE tiene un rol preponderante en la regulación de la tensión arterial y tiene relación con la hipertensión, donde hay toda una línea de fármacos que actúa sobre esta molécula -por ejemplo: el enalapril, el *captopril*, son todos los inhibidores clásicos de la enzima ACE-.

Este grupo de investigación tenía identificada de forma parcial una enzima que tenía un alto parecido con la enzima ACE, que era previamente conocida, con un 40% de identidad y un 61% similaridad. La Dra. Tipnis y su equipo llevaron a cabo un desarrollo experimental completo y con toda la objetivación, mediante el uso de todas las técnicas disponibles para el año 2000, para poder caracterizar, purificar, obtener la estructura tridimensional, la secuencia nucleotídica y la secuencia génica, que ellos denominaban *Homólogo de la Enzima Convertidora de Angiotensina (ACEH)*, y que más tarde fue nombrada como ACE2.

JUNTA ARGENTINA DE REVISIÓN CIENTÍFICA Investigación Independiente Alternativa		INFORME			CRONOLOGÍA TARGET VACUNA COVID-19		
		Código del Doc.:	INF.01.01.CVP				
REVISIÓN:	01	VIGENCIA:	30/07/2020	EMITIDO POR:	JUNTA ARGENTINA DE REVISIÓN CIENTÍFICA	V°B°	
La responsabilidad de leer, interpretar, investigar fuentes y divulgar el presente, es de todos los seres humanos interesados en entender la situación actual a nivel mundial, respecto a lo que se nos informa a todos, en función de lo que se denomina comúnmente Covid-19.						PÁGINA:	6 de 35

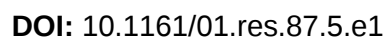


Arriba, en la figura (Fig. 1), donde dice A, hay una secuencia del 1 al 15. Toda esa primera fila de imágenes corresponde a la ACE2, o lo que ellos denominaban “Homólogo de la Enzima Convertidora de Angiotensina”, y ahí se puede ver bien que, en la corredera N° 4, que es el tejido de pulmón, no hay expresión alguna. Las “manchitas” negras marcan cuanta expresión de ARN hay, y si hay expresión de ARN, significa que la enzima está presente y actuando en dicho tejido. Entonces, en la corredera N° 4, vemos que no hay “manchitas”, lo cual significa que la enzima ACE2 **no se expresa en tejido pulmonar**, y por otro lado podemos ver un fuerte manchón en la corredera N° 12, un fuerte manchón que nos está mostrando que el ARN de la enzima “homologa de la ACE” o ACE2, **se expresa fuertemente en tejido testicular**, porque la corredera N° 12 porque hace referencia al testículo.

También lo que podemos denotar a la fecha, es que del equipo de científicos autores de este paper, Sara Tipnis, Nigel Hooper, Ralph Hyde, Eric Karran, Gary Christie y Anthony Turner, de todos ellos, no se encuentra información actual de la autora principal, la Dra. Tipnis.

	INFORME				CRONOLOGÍA TARGET VACUNA COVID-19		
	Código del Doc.:		INF.01.01.CVP				
REVISIÓN:	01	VIGENCIA:	30/07/2020	EMITIDO POR:	JUNTA ARGENTINA DE REVISIÓN CIENTÍFICA	V°B°	
<i>La responsabilidad de leer, interpretar, investigar fuentes y divulgar el presente, es de todos los seres humanos interesados en entender la situación actual a nivel mundial, respecto a lo que se nos informa a todos, en función de lo que se denomina comúnmente Covid-19.</i>						PÁGINA:	9 de 35

El siguiente paper que se encuentra en el sitio web **PubMed.gov**, publicado el 1 de septiembre del 2000, anuncia la enzima convertidora de angiotensina 2, ACE2, que se expresa solamente en el corazón, riñones, y testículos. La investigadora que está como primera autora es la **Dra. Mary Donoghue**.



En la siguiente figura (Fig. 3), donde dice A, hay una secuencia de 23 tejidos humanos. Toda esa primera fila de imágenes corresponde a la ACE2, y ahí se puede ver bien que, en la corredera N° 4, que es el tejido de pulmón, no hay expresión alguna, evidenciando nuevamente que la enzima ACE2 **no se expresa en tejido pulmonar**. Por otro lado, podemos ver una expresión en las correderas N° 12 y N° 13, lo que manifiesta nuevamente que la ACE2 **se expresa en tejido testicular, y también en ovario**.

	INFORME				CRONOLOGÍA TARGET VACUNA COVID-19		
	Código del Doc.:		INF.01.01.CVP				
REVISIÓN:	01	VIGENCIA:	30/07/2020	EMITIDO POR:	JUNTA ARGENTINA DE REVISIÓN CIENTÍFICA	V°B°	
<i>La responsabilidad de leer, interpretar, investigar fuentes y divulgar el presente, es de todos los seres humanos interesados en entender la situación actual a nivel mundial, respecto a lo que se nos informa a todos, en función de lo que se denomina comúnmente Covid-19.</i>						PÁGINA:	10 de 35

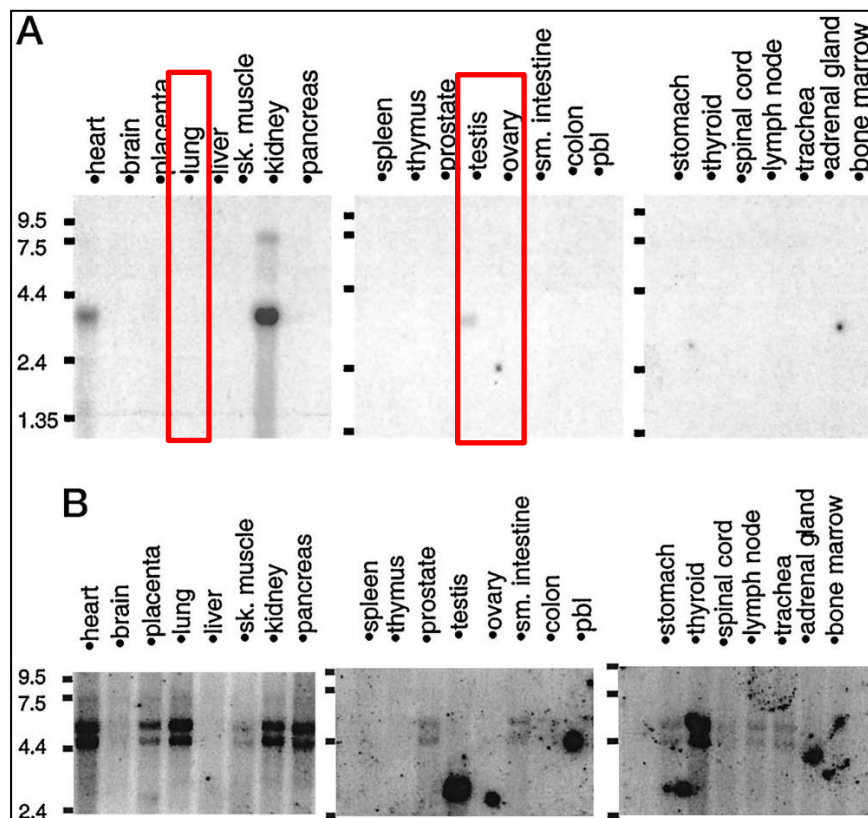


Fig. 3

Tissue-restricted expression of human ACE2. Northern blots representing multiple human tissues were hybridized with probes from either ACE2 (A) or ACE (B) (see Materials and Methods). RNA standards (kb) are shown at left. sk. muscle indicates skeletal muscle; sm. intestine, small intestine; and pbl, peripheral blood leukocyte.

JUNTA ARGENTINA DE REVISIÓN CIENTÍFICA Investigación Independiente Alternativa		INFORME		CRONOLOGÍA TARGET VACUNA COVID-19		
		Código del Doc.:	INF.01.01.CVP			
REVISIÓN:	01	VIGENCIA:	30/07/2020	EMITIDO POR:	JUNTA ARGENTINA DE REVISIÓN CIENTÍFICA	V°B°
La responsabilidad de leer, interpretar, investigar fuentes y divulgar el presente, es de todos los seres humanos interesados en entender la situación actual a nivel mundial, respecto a lo que se nos informa a todos, en función de lo que se denomina comúnmente Covid-19.						PÁGINA: 11 de 35

4.3) Reafirmación de la expresión preferencial de ACE2 en testículo

El 28 de enero de 2002, **Chad Vickers** cita el trabajo de la Dra. Tipnis y refuerza el concepto de que la distribución de ACE2 se restringe a “pocos tejidos”, entre ellos riñón, corazón y testículo.

The screenshot shows the JBC (Journal of Biological Chemistry) website. The main article is titled "Hydrolysis of Biological Peptides by Human Angiotensin-converting Enzyme-related Carboxypeptidase" by Chad Vickers[§], Paul Hales[§], Virendar Kaushik[‡], Larry Dick[¶], James Gavin[¶], Jin Tang[‡], Kevin Godbout^{**}, Thomas Parsons[‡], Elizabeth Baronas^{**}, Frank Hsieh^{**}, Susan Acton[‡], Michael Patane^{§§}, Andrew Nichols[‡] and Peter Tummino^{¶¶}. The abstract states: "Human angiotensin-converting enzyme-related carboxypeptidase (ACE2) is a zinc metalloprotease whose closest homolog is angiotensin I-converting enzyme. To begin to elucidate the physiological role of ACE2, ACE2 was purified, and its catalytic activity was characterized. ACE2 proteolytic activity has a pH optimum of 6.5 and is enhanced by monovalent anions, which is consistent with the activity of ACE. ACE2 activity is increased ~10-fold by Cl⁻ and F⁻ but is unaffected by Br⁻. ACE2 was screened for hydrolytic activity against a panel of 126 biological peptides, using liquid chromatography-mass spectrometry detection. Eleven of the peptides were hydrolyzed by ACE2, and in each case, the proteolytic activity resulted in removal of the C-terminal residue only. ACE2 hydrolyzes three of the peptides with high catalytic activity." The page also includes a "Table of Contents" section and a "Submit your work to JBC" button.

<https://www.jbc.org/content/277/17/14838.long>

DOI: 10.1074/jbc.M200581200

JUNTA ARGENTINA DE REVISIÓN CIENTÍFICA Investigación Independiente Alternativa		INFORME			CRONOLOGÍA TARGET VACUNA COVID-19		
		Código del Doc.:	INF.01.01.CVP				
REVISIÓN:	01	VIGENCIA:	30/07/2020	EMITIDO POR:	JUNTA ARGENTINA DE REVISIÓN CIENTÍFICA	V°B°	
La responsabilidad de leer, interpretar, investigar fuentes y divulgar el presente, es de todos los seres humanos interesados en entender la situación actual a nivel mundial, respecto a lo que se nos informa a todos, en función de lo que se denomina comúnmente Covid-19.						PÁGINA:	12 de 35

En 7 de noviembre de 2002, otro grupo de investigación, liderados por **Harmer**, también observaron que la máxima expresión (*Alta expresión de ACE2*) de esta enzima se da en **testículo**, riñón y corazón; y baja expresión en SNC y tejido linfóide, utilizando otra técnica diferente al Northern Blot, que es la “**Quantitative Real Time PCR**”. Este equipo de investigación utilizó ese método, y volvieron a confirmar lo que había observado la Dra. Tipnis en el año 2000: que la máxima expresión de la enzima ACE2 se da preferencialmente en **testículo**, y adicionalmente la metodología utilizada demuestra expresión minoritaria en otros tejidos, entre ellos pulmón.

Lo que se evidencia, es que Harmer a través de otra técnica refuerza el hallazgo de que la enzima ACE2 se expresa en testículo (mayormente), luego en riñón, luego en corazón y luego con su equipo, arriban a la conclusión de que la función de esta enzima **evidentemente está muy relacionada con la reproducción y la fertilidad.**

	INFORME				CRONOLOGÍA TARGET VACUNA COVID-19		
	Código del Doc.:		INF.01.01.CVP				
REVISIÓN:	01	VIGENCIA:	30/07/2020	EMITIDO POR:	JUNTA ARGENTINA DE REVISIÓN CIENTÍFICA	V°B°	
<i>La responsabilidad de leer, interpretar, investigar fuentes y divulgar el presente, es de todos los seres humanos interesados en entender la situación actual a nivel mundial, respecto a lo que se nos informa a todos, en función de lo que se denomina comúnmente Covid-19.</i>						PÁGINA:	13 de 35

Methods

Immunoprecipitation and identification of ACE2

Vero E6 cells were metabolically labelled for 48 h with [³⁵S]cysteine and [³⁵S]methionine, and lysed in 1.5 ml per 100-mm dish of 0.3% *n*-decyl-β-D-maltopyranoside (DDM, Anatrace) in phosphate-buffered saline (PBS) containing protease-inhibitor cocktails (Sigma and Roche) and 0.2 mM phenylmethylsulphonyl fluoride (Sigma). After removal of cell debris by centrifugation, lysate was incubated for 1 h at room temperature with 2.5 μg purified S1-Ig or human interferon-α receptor 2 (IFNAR2)-Ig fusion constructs and protein A Sepharose. Alternatively, C-terminally C9-tagged forms of the S1 domain (S1-C9) or of control proteins (HIV-1 gp120-C9 and IFNAR2-C9) were incubated with the antibody 1D4 (National Cell Culture Center) together with protein A Sepharose. Precipitates were washed twice in 0.3% DDM/PBS and once in PBS alone. Bound proteins were eluted in reducing Laemmli sample buffer at 55 °C or in non-reducing buffer at 37 °C for 10 min. Proteins were separated by SDS-polyacrylamide gel electrophoresis (PAGE) on 8% Tris-glycine gels (Invitrogen). Using this approach approximately 5×10^7 unlabelled Vero E6 cells were used to generate a distinct band of 110 kDa that could be readily visualized by Coomassie staining. This band was excised from the gel and incubated with trypsin, and the masses of tryptic fragments were determined by matrix-assisted laser desorption ionization time-of-flight mass spectrometry. Masses were compared with possible tryptic fragments of proteins in the GenBank database using Sequest software.

Fig. 4

Nota de la junta: En el desarrollo de la hipótesis (Fig. 5), establecen una “sugestiva” comparación sobre el clivado proteico que experimentan las proteínas víricas del **HIV**, **Influenza** y la proteína S de muchos coronavirus.

Analysis of the SARS-CoV genome suggests that this virus does not belong to any of the three defined coronavirus groups, and that the SARS-CoV S protein is similarly distinct^{14,15}. Similar to the analogous human immunodeficiency virus (HIV) and influenza proteins, the S proteins of some coronaviruses—including MHV and the group III coronavirus infectious bronchitis virus—are cleaved into two subunits (S1 and S2) by a cellular protease in virus-producing cells^{16,17}. The S proteins of other coronaviruses, including those of group I and probably SARS-CoV, are not cleaved in virus-producing cells^{14,15,18}. Nonetheless, S1 and S2 domains of these latter S proteins can be identified through their homology with the S1 and S2 subunits of cleaved coronavirus S proteins. The S1 domains of all characterized coronaviruses mediate an initial high-affinity association with their respective receptors^{19,20,21}.

Fig. 5

		INFORME		CRONOLOGÍA TARGET VACUNA COVID-19			
		Código del Doc.:	INF.01.01.CVP				
REVISIÓN:	01	VIGENCIA:	30/07/2020	EMITIDO POR:	JUNTA ARGENTINA DE REVISIÓN CIENTÍFICA	V°B°	
La responsabilidad de leer, interpretar, investigar fuentes y divulgar el presente, es de todos los seres humanos interesados en entender la situación actual a nivel mundial, respecto a lo que se nos informa a todos, en función de lo que se denomina comúnmente Covid-19.						PÁGINA:	15 de 35

De nuestro análisis, visualizamos que se relata el proceso de identificación de ACE2 como receptor de la proteína S viral (Fig. 6 y 7) de la siguiente manera:

- Incubaron un lisado de células VeroE6 metabólicamente marcadas con una proteína de fusión que incluye residuos del subdominio S1 **de la proteína S viral**.
- Las proteínas inmunoprecipitadas fueron analizadas por SDS-PAGE obteniendo dos bandas: una de aprox 80 KDa y otra de 110 KDa, analizan la banda de 110 KDa mediante digestión con tripsina y espectrometría de masa. Identifican “3 (tres) proteínas humanas” cuyas secuencias eran consistentes con las masas de fragmentos trípticos obtenidos de esta banda. “2 (dos) de estas proteínas no son analizadas por su localización y expresión ubicua”. Por otro lado, identifican 8 (ocho) fragmentos trípticos independientes consistentes con secuencias que comprenden el **17% de la secuencia de aminoácidos de ACE2 humana** (según descripción). Por “su distribución tisular como localización subcelular”, la consideran apropiada para un receptor de SARS-CoV, y “lo clonan a partir de ADN complementario obtenido del pulmón humano para su posterior análisis”.
- Las masas de fragmentos trípticos se determinaron mediante **espectrometría de masa MALDI-TOF-MS**. Las masas se compararon con posibles fragmentos trípticos de proteínas en la base de datos GenBank **utilizando el software Sequest**.



Fig. 8

<https://cobico.com.ar/wp-content/archivos/2020/04/Informe-SAV-AAM-SARS-CoV-2-2020.03.26-VR3-OK-1.pdf>

JUNTA ARGENTINA DE REVISIÓN CIENTÍFICA Investigación Independiente Alternativa		INFORME		CRONOLOGÍA TARGET VACUNA COVID-19			
		Código del Doc.:	INF.01.01.CVP				
REVISIÓN:	01	VIGENCIA:	30/07/2020	EMITIDO POR:	JUNTA ARGENTINA DE REVISIÓN CIENTÍFICA	V°B°	
La responsabilidad de leer, interpretar, investigar fuentes y divulgar el presente, es de todos los seres humanos interesados en entender la situación actual a nivel mundial, respecto a lo que se nos informa a todos, en función de lo que se denomina comúnmente Covid-19.						PÁGINA:	17 de 35

Por otro lado, aclaramos que, en la comunidad microbiológica y de virología, este artículo circula y ha circulado, siendo actualmente de referencia, por ejemplo, **para la Sociedad Argentina de Virología**, en dónde se asume cuál es la puerta de entrada principal al organismo humano para la familia viral coronavirus, y lo que se encuentra, es que a la fecha no ha sido refutado, ni cuestionado.

El informe “SARSCOV2” de la Sociedad Argentina de Virología – División de la Asociación Argentina de Microbiología (Fig. 8), del 26 de marzo de 2020, expresa en su página N° 10 (**Ciclo de replicación de los coronavirus**) “Los coronavirus entran a la célula blanco por medio del contacto entre la proteína S y un receptor ubicado en la membrana celular. **El receptor para el virus SARS-CoV es la proteína ACE2**, por sus siglas en inglés Angiotensin-Converting Enzyme 2 (Li et al., 2003). Esta proteína posee actividad carboxipeptidasa, y está involucrada en la regulación de la presión sanguínea y la función cardíaca. La ACE2 cliva la angiotensina 1 para generar angiotensina 2, molécula que produce vasoconstricción y aumento de la presión arterial. **En humanos, ACE2 se expresa en células epiteliales de pulmón e intestino delgado, los cuales son los blancos primarios de SARS-CoV, así como en corazón, riñón y otros tejidos (Masters and Perlman, 2013). Estudios estructurales de la superficie de unión entre S y ACE2 han demostrado que la mutación de sólo 2 residuos aminoacídicos en el RBD de SARS-CoV de civeta (hospedador intermediario) fue suficiente para que esta proteína ganara la habilidad de unirse al ACE2 de humanos, dando sustento estructural a la hipótesis del salto de especie (Li, 2008; Li et al., 2005). Recientemente se ha demostrado que ACE2 también funciona como receptor para el nuevo SARS-CoV-2 (Zhang et al., 2020)”**

Expresa también en su página N° 17 (**Patogenia de los coronavirus**) “...además de la infección local de las vías respiratorias o entéricas, **varios coronavirus causan enfermedad respiratoria aguda grave como consecuencia de la infección en el tracto respiratorio inferior (Masters and Perlman, 2013). Como se mencionó anteriormente, el SARS-CoV-2 se une con gran afinidad a la enzima convertidora de angiotensina 2 (ACE2), que es utilizada como uno de los receptores de entrada para invadir las células. Este mecanismo permite explicar la eficiente propagación viral en los humanos. La proteína ACE2 se presenta en abundancia en células epiteliales alveolares pulmonares y también en enterocitos del intestino delgado, lo que puede ayudar a comprender mejor las rutas de infección y manifestaciones de la enfermedad (Guo, et al., 2020).”**

		INFORME		CRONOLOGÍA TARGET VACUNA COVID-19			
		Código del Doc.:	INF.01.01.CVP				
REVISIÓN:	01	VIGENCIA:	30/07/2020	EMITIDO POR:	JUNTA ARGENTINA DE REVISIÓN CIENTÍFICA	V°B°	
La responsabilidad de leer, interpretar, investigar fuentes y divulgar el presente, es de todos los seres humanos interesados en entender la situación actual a nivel mundial, respecto a lo que se nos informa a todos, en función de lo que se denomina comúnmente Covid-19.						PÁGINA:	18 de 35

- 1) El receptor del virus SARSCOV2 en humanos es la enzima ACE2 según Li - 2003
- 2) La enzima ACE2 está presente en pulmón, intestino delgado (blancos primarios del virus), así como en corazón, riñón y “otros tejidos”, según Masters y Perlman – 2013
- 3) El SARS-CoV-2 se une con gran afinidad a la enzima ACE2, por lo cual se explica la eficiente propagación viral en humanos.
- 4) La presencia “en abundancia” de la enzima ACE2 en células epiteliales pulmonares y en enterocitos del intestino delgado nos lleva a la comprensión de las manifestaciones de la enfermedad, según Guo y col. – 2020 **Esto explica (en teoría) la amplia afectación y enfermedad generalizada del SARS-CoV-2.**

- Lo más importante es que **no describe cómo obtiene la proteína de fusión con el subdominio S1 de la proteína S viral**: Si es una secuencia de síntesis, si es un clivado de proteína S purificada de cultivo viral, cómo y cuál sería éste. **No se demuestra que experimentó con una proteína viral.**
- Para el periodo 2000-2003 las publicaciones insistían en la fuerte expresión de ACE2 en testículo, **y no se entiende por qué alega el Dr. Li y sus investigadores que por “su localización tisular consideraron más apropiada esta proteína como candidata a receptor de SARS-CoV”**, sin fundamentar en base a cuáles, y cuántos antecedentes experimentales realizaron.

La Dra. Tipnis, descubridora de ACE2, y otros grupos, sostenían para la misma época, que ACE2 es una enzima de prioritaria expresión en testículo..., y ausente en pulmón.

		INFORME			CRONOLOGÍA TARGET VACUNA COVID-19		
		Código del Doc.:	INF.01.01.CVP				
REVISIÓN:	01	VIGENCIA:	30/07/2020	EMITIDO POR:	JUNTA ARGENTINA DE REVISIÓN CIENTÍFICA	V°B°	
<i>La responsabilidad de leer, interpretar, investigar fuentes y divulgar el presente, es de todos los seres humanos interesados en entender la situación actual a nivel mundial, respecto a lo que se nos informa a todos, en función de lo que se denomina comúnmente Covid-19.</i>						PÁGINA:	19 de 35

- **Asumiendo que se hubiera utilizado en la experimentación una proteína S viral REAL**, el proceso ha consistido en la **comparación de masas obtenidas con espectrometría de masas (MALDI-TOF-MS), con posibles fragmentos trípticos de proteínas en la base de datos GenBank utilizando el software Sequest** (se usaron células de mono). Se describe la “identificación de ocho fragmentos trípticos independientes consistentes con secuencias que comprenden el **17%** de la secuencia de aminoácidos de ACE2 humana”. Nos preguntamos, por qué no se ha hecho un análisis funcional de los fragmentos trípticos, y por qué no se han planteado herramientas adicionales de investigación proteómica para fortalecer la hipótesis, disponibles para la época, como por ejemplo: CE-ESI-TOF MS peptide mapping.

- **El software Sequest presentaba tremendas limitaciones para la época.**

Jane Razumovskaya y colaboradores (2004), en su publicación en revista Proteomics, expresa que “La identificación de proteínas en la espectrometría de masas se logra predominantemente identificando primero los péptidos trípticos mediante una búsqueda en la base de datos, y luego combinando las coincidencias peptídicas para la identificación de proteínas. Una de las herramientas populares utilizadas para la búsqueda en la base de datos es SEQUEST.

Las puntuaciones SEQUEST no están normalizadas con respecto a la composición, longitud y otros parámetros de los péptidos.

Además, no hay una estimación rigurosa de confiabilidad asignada a las identificaciones de proteínas derivadas de estos puntajes. Por lo tanto, su interpretación generalmente requiere la participación humana, lo que dificulta la ampliación del proceso de identificación para aplicaciones a escala del genoma”. La publicación de Li (Nature – 2003) marca un llamativo punto de inflexión en el relato experimental de numerosas publicaciones en relación a la expresión de ACE2: Comienza a “establecerse su presencia en pulmón” y progresivamente pasa al “olvido” su presencia en testículo. Es necesario replicar ahora experimentos de expresión tisular de la enzima ACE2 por laboratorios independientes con todas las técnicas disponibles (incluida Northern Blot) y definir la expresión de mRNA de ACE2 en pulmón y testículo.

Por estos puntos anteriores expuestos, **consideramos que este artículo no tiene validez alguna**, y que tiene que ser puesto a consideración de la comunidad científica y en especial de los biólogos moleculares de forma urgente.

JUNTA ARGENTINA DE REVISIÓN CIENTÍFICA Investigación Independiente Alternativa		INFORME			CRONOLOGÍA TARGET VACUNA COVID-19		
		Código del Doc.:		INF.01.01.CVP			
REVISIÓN:	01	VIGENCIA:	30/07/2020	EMITIDO POR:	JUNTA ARGENTINA DE REVISIÓN CIENTÍFICA	V°B°	
La responsabilidad de leer, interpretar, investigar fuentes y divulgar el presente, es de todos los seres humanos interesados en entender la situación actual a nivel mundial, respecto a lo que se nos informa a todos, en función de lo que se denomina comúnmente Covid-19.						PÁGINA:	20 de 35

La intención de todo esto, desde nuestro análisis y lo que venimos detallando, es que al descubrirse una enzima que prácticamente se expresa, no en forma exclusiva pero mayoritariamente en los órganos reproductivos del ser humano, y se intenta, **sin argumentación científica completa**, a través de una secuencia cronológica, demostrar que esta enzima está ampliamente distribuida en el organismo humano, y que sería la puerta de entrada de un virus corona. Esto serviría como estrategia para hipotetizar que una infección, por un coronavirus mutado, podría tener un efecto multiorgánico y, eventualmente, a mayor tasa de mutabilidad de un virus corona por transfección zoonótica (es decir, que, al ir saltando de una especie a otra, la variante se volvería más letal). De esta manera, se puede observar cómo se ha ido preparando la línea argumental para decir que un virus corona mutado podría tener una afectación multiorgánica y, por otro lado, desviar a la comunidad científica del conocimiento original de que esta enzima tiene en realidad fuertes funciones reproductivas en el ser humano (y tal vez sea ésta su principal función).

		INFORME			CRONOLOGÍA TARGET VACUNA COVID-19		
		Código del Doc.:	INF.01.01.CVP				
REVISIÓN:	01	VIGENCIA:	30/07/2020	EMITIDO POR:	JUNTA ARGENTINA DE REVISIÓN CIENTÍFICA	V°B°	
<i>La responsabilidad de leer, interpretar, investigar fuentes y divulgar el presente, es de todos los seres humanos interesados en entender la situación actual a nivel mundial, respecto a lo que se nos informa a todos, en función de lo que se denomina comúnmente Covid-19.</i>						PÁGINA:	21 de 35

4.7) Preparación Teórica de la pandemia H1N1

A partir de este momento, luego de la cronología desde el 2003 al 2005, comienza el relato teórico de lo que va a ser la pandemia H1N1 del año 2009, a través de una hipótesis inverosímil, en la que se dice que de un inuit (que es un esquimal) enterrado en Alaska y hallado por dos soldados norteamericanos, en ese cadáver se aisló una variante viral influenza antigua, relacionada con el brote de gripe del año 1918, conocida como la gripe española (Fig. 9).

Investigación [editar]

El origen de la pandemia de gripe de 1918 y la relación entre los brotes casi simultáneos en humanos y cerdos han sido controvertidos. Una hipótesis es que la cepa del virus se detectó en Fort Riley, Kansas, en virus en aves de corral y cerdos que el fuerte crió para alimento; Los soldados fueron enviados desde Fort Riley alrededor del mundo, donde propagaron la enfermedad.⁵¹ Las similitudes entre una reconstrucción del virus y los virus aviarios, combinada con la pandemia humana que precede a los primeros informes de influenza en cerdos, llevaron a los investigadores a concluir que el virus de la influenza saltó directamente de las aves a los humanos, y los cerdos contrajeron la enfermedad de los humanos.^{52 53}

Otros no están de acuerdo,⁵⁴ y una investigación más reciente ha sugerido que la cepa puede haberse originado en una especie de mamífero no humano.⁵⁵ Se ha establecido una fecha estimada para su aparición en huéspedes mamíferos en el período 1882-1913.⁵⁶ Este virus ancestro divergió alrededor de 1913–1915 en dos clados (o grupos biológicos), lo que dio origen a los linajes clásicos de la gripe porcina H1N1. El último antepasado común de las cepas humanas data de febrero de 1917 a abril de 1918. Debido a que los cerdos se infectan más fácilmente con los virus de la gripe aviar que los humanos, se sugirió que eran los receptores originales del virus, transmitiendo el virus a los humanos en algún momento entre 1913 y 1918.

Un esfuerzo por recrear la cepa de la gripe de 1918 (un subtipo de cepa aviar H1N1) fue una colaboración entre el Instituto de Patología de las Fuerzas Armadas, el Laboratorio de Investigación de Aves de Corral del Sureste del USDA y la Escuela de Medicina Mount Sinai en la ciudad de Nueva York. El esfuerzo resultó en el anuncio (el 5 de octubre de 2005) de que el grupo había determinado con éxito la secuencia genética del virus, utilizando muestras históricas de tejido recuperadas por el patólogo Johan Hultin de una víctima de gripe inuit enterrada en el permafrost de Alaska y muestras preservadas de soldados estadounidenses Roscoe Vaughan y James Downs.

El 18 de enero de 2007, Kobasa et al. (2007) informaron que los monos (*Macaca fascicularis*) infectados con la cepa de la gripe recreada exhibieron síntomas clásicos de la pandemia de 1918 y murieron a causa de tormentas de citoquinas,⁵⁷ una reacción exagerada del sistema inmunitario. Esto puede explicar por qué la gripe de 1918 tuvo un efecto sorprendente en las personas más jóvenes y saludables, ya que una persona con un sistema inmunitario más fuerte podría tener una reacción exagerada más fuerte.⁵⁸

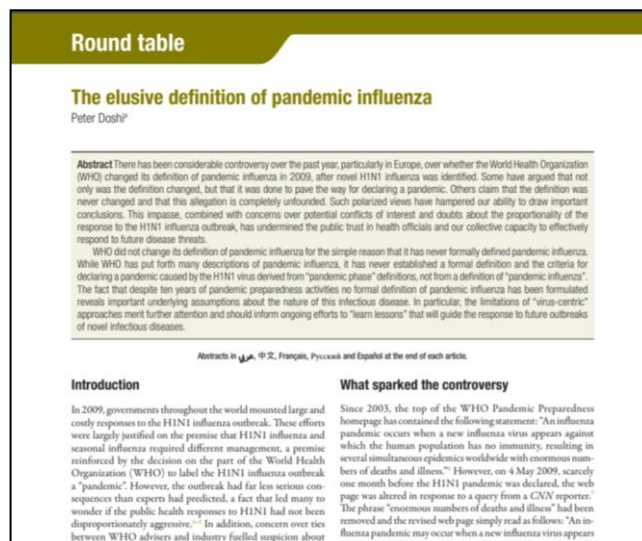
Fig. 9

https://es.wikipedia.org/wiki/Pandemia_de_gripe_de_1918

JUNTA ARGENTINA DE REVISIÓN CIENTÍFICA Investigación Independiente Alternativa		INFORME		CRONOLOGÍA TARGET VACUNA COVID-19			
		Código del Doc.:	INF.01.01.CVP				
REVISIÓN:	01	VIGENCIA:	30/07/2020	EMITIDO POR:	JUNTA ARGENTINA DE REVISIÓN CIENTÍFICA	V°B°	
La responsabilidad de leer, interpretar, investigar fuentes y divulgar el presente, es de todos los seres humanos interesados en entender la situación actual a nivel mundial, respecto a lo que se nos informa a todos, en función de lo que se denomina comúnmente Covid-19.						PÁGINA:	22 de 35

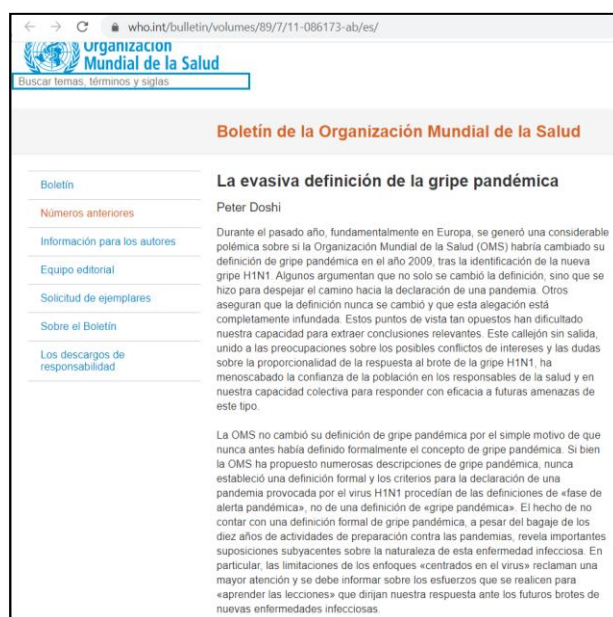
4.8) Modificación de la definición de Pandemia

Encontramos un punto de inflexión muy interesante a analizar, que es la modificación de la definición de “Pandemia” realizada en el año 2009 por la OMS y que está documentada en este paper: **“La elusiva definición de la pandemia por influenza”**. El autor es Peter Doshi del MIT (Instituto tecnológico de Massachussets) y este artículo fue publicado en un boletín de la OMS 2011 Bull World Health Organ, y explica que se ha removido el ítem que decía que: **“tiene que haber un enorme número de muertes y enfermos para que una pandemia sea considerada pandemia”**.



<https://www.who.int/bulletin/volumes/89/7/11-086173.pdf?ua=1>

DOI: 10.2471/BLT.11.086173



<https://www.who.int/bulletin/volumes/89/7/11-086173-ab/es/>

JUNTA ARGENTINA DE REVISIÓN CIENTÍFICA Investigación Independiente Alternativa		INFORME		CRONOLOGÍA TARGET VACUNA COVID-19			
		Código del Doc.:	INF.01.01.CVP				
REVISIÓN:	01	VIGENCIA:	30/07/2020	EMITIDO POR:	JUNTA ARGENTINA DE REVISIÓN CIENTÍFICA	V°B°	
La responsabilidad de leer, interpretar, investigar fuentes y divulgar el presente, es de todos los seres humanos interesados en entender la situación actual a nivel mundial, respecto a lo que se nos informa a todos, en función de lo que se denomina comúnmente Covid-19.						PÁGINA:	23 de 35

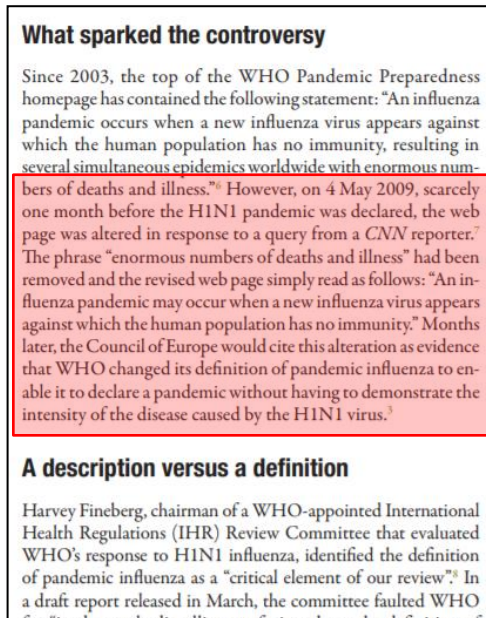


Fig. 10

Cabe resaltar que el **4 de mayo de 2009, 1 mes antes de que la pandemia H1N1 fuese declarada**, la página web de la OMS fue alterada en respuesta a la solicitud de un reportero de la CNN (Fig. 10 y 11).

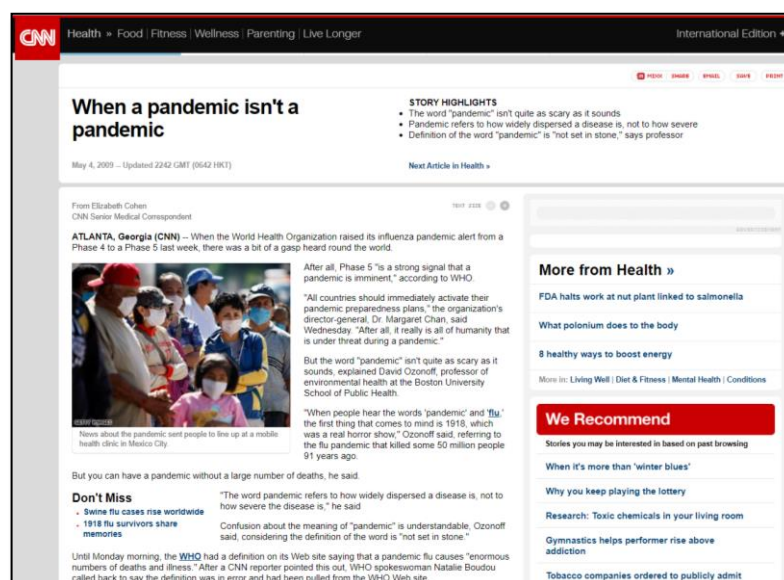


Fig. 11

<http://edition.cnn.com/2009/HEALTH/05/04/swine.flu.pandemic/index.html>

Por ello, a partir de ese momento, la definición de pandemia cambia y esto se puede considerar una estrategia, porque si no tomamos en cuenta el número de muertes, ese mismo año y pocos meses después casi inmediatamente, El 12 de agosto de 2009, en la revista "The Journal Infectuos Decise" se publica un artículo: "**¿Qué es una pandemia?**" donde encontramos que entre los tres

JUNTA ARGENTINA DE REVISIÓN CIENTÍFICA Investigación Independiente Alternativa		INFORME		CRONOLOGÍA TARGET VACUNA COVID-19			
		Código del Doc.:	INF.01.01.CVP				
REVISIÓN:	01	VIGENCIA:	30/07/2020	EMITIDO POR:	JUNTA ARGENTINA DE REVISIÓN CIENTÍFICA	V°B°	
La responsabilidad de leer, interpretar, investigar fuentes y divulgar el presente, es de todos los seres humanos interesados en entender la situación actual a nivel mundial, respecto a lo que se nos informa a todos, en función de lo que se denomina comúnmente Covid-19.						PÁGINA:	24 de 35

 OXFORD
ACADEMIC

The Journal of
Infectious Diseases

 IDSA
Infectious Diseases Society of America

 hivm
hiv medicine association

Sign In ▼ Register ▼

Issues More Content ▼ Publish ▼ Purchase Advertise ▼ About ▼

DOI: 10.1086/644537

es.euronews.com/2020/04/24/margaret-chan-directora-general-de-la-oms

euronews.

Europa Mundo Business Deportes Cultura Sci-tech Viaje Video

Programas

estoy?

¿Cree que las recomendaciones de la OMS deben ser vinculantes? Margaret Chan "Usted acaba de tocar en un punto muy importante. Existen ciertas cosas que si deberían ser más vinculantes, como por ejemplo algunas normas sanitarias internacionales, por ello empezamos a trabajar sobre el nuevo virus H1N1 en abril de este año. México fue el primer país afectado y tuvo que anunciar la existencia del virus. Esta es una obligación, compartir la información lo antes posible. Ahora tengo que decir que tras seis meses de trabajo todos los países han cumplido su parte de obligaciones. Este es un buen ejemplo de que para ciertos asuntos las recomendaciones deberían ser vinculantes, es decir, obligatorias, pero por otra parte tengo que decir que respetamos las decisiones de las autoridades de cada país". euronews ¿Cuál ha sido el nivel de mortalidad del virus H1N1 por ahora? Margaret Chan

No ha sido muy elevado puesto que ya podemos ver cuántas muertes ha causado y no han sido muchas. Pero el impacto de ese virus no debe ser medido solamente a través del número de muertes" euronews ¿Por ello decidieron cambiar la definición de pandemia en el mes de mayo? Decidieron que el número de muertos ya no sería determinante, ¿Porqué? Margaret Chan "La definición de una pandemia es la aparición de un nuevo virus y la capacidad de ese virus para expandirse por el mundo. La dimensión de la gravedad es muy importante pero no será la que determine el momento en el que debemos realizar un anuncio. Necesitamos anunciar algo cuando detectamos el nuevo virus y podemos saber su capacidad para expandirse por el mundo". euronews ¿Cree que es necesario un nivel de pandemia 5 ó 6 para que las compañías farmacéuticas puedan empezar a trabajar en una vacuna. La alerta máxima fue establecida en junio justo después de que la definición de pandemia fuese simplificada. Eso ocurrió cuando su integridad moral fue desafiada por sus detractores públicamente. La acusaron de jugar el juego de la industria farmacéutica. ¿Qué puede responder a eso? Margaret Chan "Por supuesto que he escuchado a muchas personas pero... estableciendo recomendaciones la OMS mantiene su independencia. No nos dejamos influenciar por ningún sector. Esta es la primera pandemia en la historia de la humanidad que se puede detectar antes de que provoque estragos" euronews ¿Seguirá recomendando a los gobiernos que almacenen vacunas y Tamiflu? Margaret Chan "Los gobiernos ya tienen sus reservas de vacunas y Tamiflu pero usted está hablando sólo de aquellos países que pueden permitírselo". euronews ¿Entonces, qué ocurre con los países pobres? Margaret Chan "No me importa decir que muchos países en este mundo no tienen los medios necesarios para comprar vacunas o medicamentos. Esto da que pensar...Unos 100 países hoy en día no tienen acceso a la vacuna. Necesitamos preguntarnos, pero, ¿en qué mundo vivimos? euronews ¿Qué podría decirle a la gente de Occidente que se pregunta si las vacunas son lo suficientemente seguras puesto que han sido fabricadas de urgencia? Margaret Chan "Entiendo que mucha gente dude sobre la vacuna. Pero la experiencia de diferentes países que ya han empezado con sus campañas de vacunación, nos indica que produce los mismos efectos que una vacuna de la gripe estacional. Sólo existe una diferencia en esta ocasión y es respecto al número de personas que serán vacunadas, muchas más de lo normal. Por todo esto no es tan raro que existan algunos efectos secundarios" euronews ¿Es mucho peor el virus H1N1 que la gripe estacional? Margaret Chan "Estamos viendo que provoca enfermedades graves en gente joven y la gripe estacional causa enfermedades sobre todo en la gente más mayor. El virus H1N1 provoca graves neumonías e incluso la muerte en jóvenes adultos, niños hasta los dos años y mujeres embarazadas y esta es nuestra principal preocupación". euronews ¿Cree que este nuevo virus marcará un antes y un después en nuestras sociedades en lo que se refiere a hábitos de higiene... no, euronews?

<https://es.euronews.com/2009/10/24/margaret-chan-directora-general-de-la-oms>

	INFORME				CRONOLOGÍA TARGET VACUNA COVID-19		
	Código del Doc.:		INF.01.01.CVP				
REVISIÓN:	01	VIGENCIA:	30/07/2020	EMITIDO POR:	JUNTA ARGENTINA DE REVISIÓN CIENTÍFICA	V°B°	
<i>La responsabilidad de leer, interpretar, investigar fuentes y divulgar el presente, es de todos los seres humanos interesados en entender la situación actual a nivel mundial, respecto a lo que se nos informa a todos, en función de lo que se denomina comúnmente Covid-19.</i>						PÁGINA:	25 de 35

El 8 de junio de 2010, la Directora General de la Organización Mundial de la Salud, Margaret Chan, expide una carta en respuesta a las acusaciones, por parte de British Medical Journal (BMJ), de haber tenido conflicto de intereses por la pandemia de la gripe H1N1, en beneficio de la industria farmacéutica (Fig. 13).

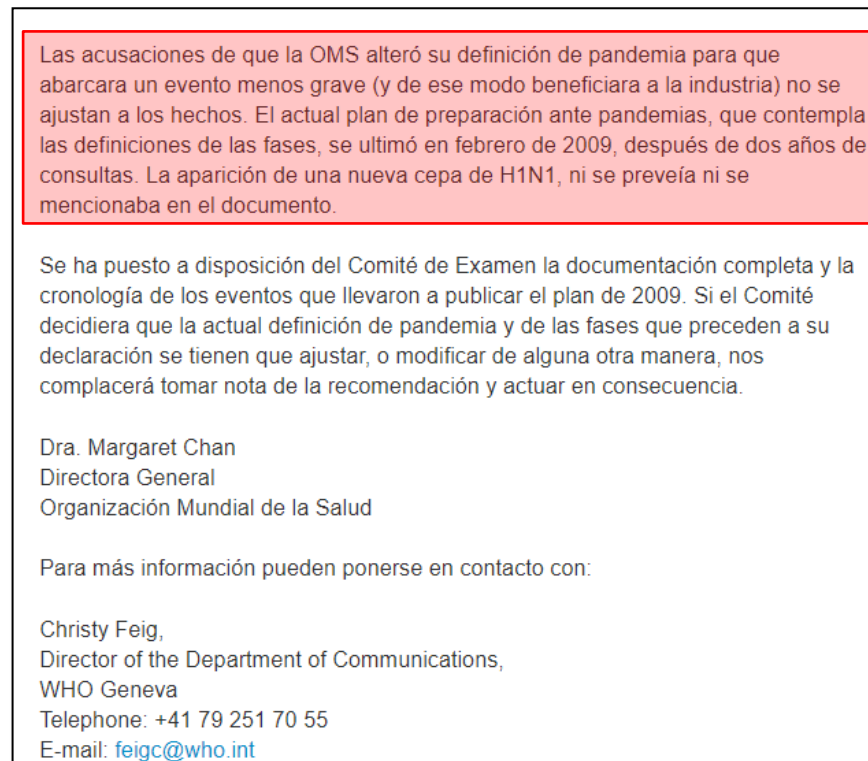


Fig. 13

https://www.who.int/mediacentre/news/statements/2010/letter_bmj_20100608/es/

Nota de Junta: Podemos considerar que todo esto es muy importante ya que sólo de esa manera lo que está ocurriendo puede ser declarado como pandemia, porque no tenemos un grupo de muertos que supere a las estadísticas de muertes anuales por causas habituales, como la gripe común, el cáncer, los accidentes de tránsito, etc.

De hecho, la cantidad de muertes en el mundo entero, cuando fue declarada la pandemia tenía una tasa de mortalidad global del 0,003 %. Entonces los autores van relativizando cada uno de los aspectos epidemiológicos para poder declarar pandemia y en las conclusiones manifiestan: **“pareciera ser entonces que habría un único denominador común invariable: la amplia extensión geográfica de la enfermedad”.** Todos los otros aspectos fueron relativizados.

		INFORME		CRONOLOGÍA TARGET VACUNA COVID-19			
		Código del Doc.:	INF.01.01.CVP				
REVISIÓN:	01	VIGENCIA:	30/07/2020	EMITIDO POR:	JUNTA ARGENTINA DE REVISIÓN CIENTÍFICA	V°B°	
La responsabilidad de leer, interpretar, investigar fuentes y divulgar el presente, es de todos los seres humanos interesados en entender la situación actual a nivel mundial, respecto a lo que se nos informa a todos, en función de lo que se denomina comúnmente Covid-19.						PÁGINA:	26 de 35

Por ejemplo, entre ellos la novedad del patógeno, que es lo que está ocurriendo hoy en día con el virus corona 19 que sería una variante novedosa. Sin embargo, lo único que se tiene en cuenta es la extensibilidad regional.

*El Dr. Fauci estaba relacionado con la investigación y difusión del HIV, y en el artículo de la revista Nature de Wenhui Li (**ver punto 4.5**), donde formaba parte de un equipo de investigación de HIV, se establece una muy sugestiva relación entre HIV (pandemia de la que el mundo salía), e influenza y corona (próximas pandemias en las que el mundo iba a entrar).*

JUNTA ARGENTINA DE REVISIÓN CIENTÍFICA Investigación Independiente Alternativa		INFORME			CRONOLOGÍA TARGET VACUNA COVID-19		
		Código del Doc.:		INF.01.01.CVP			
REVISIÓN:	01	VIGENCIA:	30/07/2020	EMITIDO POR:	JUNTA ARGENTINA DE REVISIÓN CIENTÍFICA	V°B°	
La responsabilidad de leer, interpretar, investigar fuentes y divulgar el presente, es de todos los seres humanos interesados en entender la situación actual a nivel mundial, respecto a lo que se nos informa a todos, en función de lo que se denomina comúnmente Covid-19.						PÁGINA:	27 de 35

4.9) Previsión de escenarios para futuras pandemias

En mayo de 2010, la Fundación Rockefeller y el Global Business Network, emiten un reporte titulado “**Scenarios for the future of technology and International development**” planteando y previendo un escenario futuro de pandemias (entre otros), con la necesidad de implementar acciones consecuentes (control poblacional) (Fig. 14).

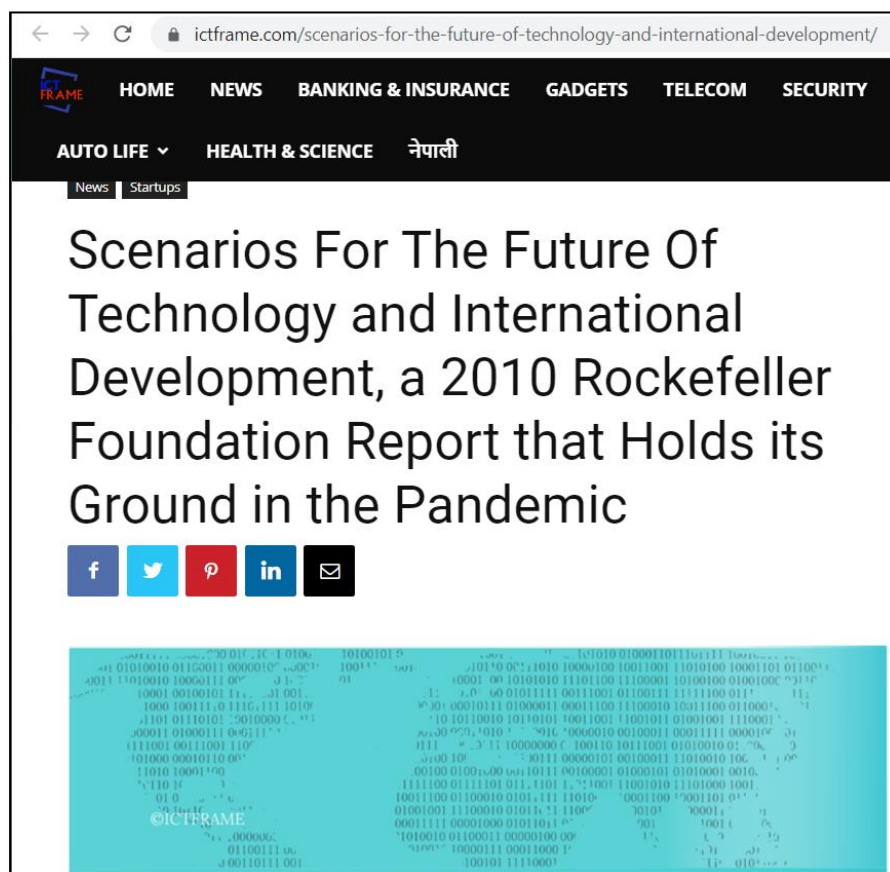


Fig. 14

<https://ictframe.com/scenarios-for-the-future-of-technology-and-international-development/>

Nota de la Junta: Recién salidos de la pandemia influenza H1N1, la Fundación Rockefeller, plantea que ellos prevén dentro de los escenarios futuros en el mundo entero, otras posibles pandemias que requieran acción sobre el control poblacional.

JUNTA ARGENTINA DE REVISIÓN CIENTÍFICA Investigación Independiente Alternativa		INFORME			CRONOLOGÍA TARGET VACUNA COVID-19		
		Código del Doc.:		INF.01.01.CVP			
REVISIÓN:	01	VIGENCIA:	30/07/2020	EMITIDO POR:	JUNTA ARGENTINA DE REVISIÓN CIENTÍFICA	V°B°	
La responsabilidad de leer, interpretar, investigar fuentes y divulgar el presente, es de todos los seres humanos interesados en entender la situación actual a nivel mundial, respecto a lo que se nos informa a todos, en función de lo que se denomina comúnmente Covid-19.						PÁGINA:	28 de 35

5) Cronología de la situación actual

Para comenzar a delinear la situación que estamos viviendo actualmente, hacemos un resumen en retrospectiva:

Un grupo de investigación de la Universidad de Leeds (Inglaterra), en el año 2000 descubre y caracteriza una enzima del organismo humano. Ésta se relaciona con la reproducción humana, y a partir de ahí es necesario comenzar un relato en la que esa enzima es la puerta de entrada de un virus, y que está ampliamente distribuida en todo el organismo. Podemos visualizar una marcada intención de la correlación de estos sucesos, (con todo el análisis anterior en el presente documento), donde inferimos que sirve para plantear que un posible virus mutante pueda llegar a desencadenar una enfermedad catastrófica de desenlace fatal.

Mencionamos esto, dado que se impone que la enzima ACE2 estaría distribuida en todo el organismo **(donde evidenciamos que no hay comprobación completa y científica que la respalde)**, y a partir de ahí, plantear una vacuna cuyo target de acción no sería un virus, sino que es el ligando natural hipotético de ese virus, que es la enzima ACE2, **y esa enzima que está en los órganos reproductivos del ser humano, sería inhibida mediante la aplicación de una vacuna.**

	INFORME				CRONOLOGÍA TARGET VACUNA COVID-19		
	Código del Doc.:		INF.01.01.CVP				
REVISIÓN:	01	VIGENCIA:	30/07/2020	EMITIDO POR:	JUNTA ARGENTINA DE REVISIÓN CIENTÍFICA	V°B°	
<i>La responsabilidad de leer, interpretar, investigar fuentes y divulgar el presente, es de todos los seres humanos interesados en entender la situación actual a nivel mundial, respecto a lo que se nos informa a todos, en función de lo que se denomina comúnmente Covid-19.</i>						PÁGINA:	29 de 35

El 24 de enero de 2020, se publica (según nota del editor), en la revista The New England Journal of Medicine, el artículo titulado “A NOVEL CORONAVIRUS FROM PATIENTS WITH PNEUMONIA IN CHINA,2019” (Con fecha DOI el 20 de febrero de 2020), con el **Dr. Na Zhu** como primer autor, en el que se relata cómo se “identificó y cultivó” un nuevo coronavirus a partir de muestras de fluidos respiratorios de pacientes con neumonía de causa desconocida, identificados en Wuhan desde el 21 de diciembre de 2019, describiendo un proceso de “cultivo y aislamiento viral”. Este artículo comienza a ser referenciado por numerosísimos otros posteriores y por la propia OMS como prueba del primer aislamiento de un “nuevo virus”.

DOI: 10.1056/NEJMoa2001017

Nota de la Junta: Se puede visualizar que el autor del artículo, el Dr. Na Zhu, relata cómo se identificó y cultivó una nueva variante de la familia coronavirus a partir de muestras respiratorias de pacientes con neumonía de causas desconocidas identificados en ciudad de Wuhan (China), en el mercado de productos marinos, desde el día 21 de diciembre en adelante.

		INFORME			CRONOLOGÍA TARGET VACUNA COVID-19		
		Código del Doc.:	INF.01.01.CVP				
REVISIÓN:	01	VIGENCIA:	30/07/2020	EMITIDO POR:	JUNTA ARGENTINA DE REVISIÓN CIENTÍFICA	V°B°	
<i>La responsabilidad de leer, interpretar, investigar fuentes y divulgar el presente, es de todos los seres humanos interesados en entender la situación actual a nivel mundial, respecto a lo que se nos informa a todos, en función de lo que se denomina comúnmente Covid-19.</i>						PÁGINA:	30 de 35

Se observa que se describe un cultivo y aislamiento viral incompleto, y el propio artículo explica que no cumple con los postulados de Koch, y tampoco hay datos de autopsias de los pacientes de donde fueron obtenidas las muestras. Se resalta, que si el aislamiento y cultivo viral no es completo y no responde a los postulados de Koch, y al postulado de Koch adaptado a las técnicas moleculares, **no se está en condiciones de decir que se identificó una nueva variante viral.**

La OMS, toma como muestra de aislamiento viral de un nuevo virus, este artículo, y el investigador Jesús García Blanca como representante de la revista Discovery Salud, pide a Hong Kong y a la OMS que le faciliten el artículo en el cual se describe que esta nueva variante viral fue debidamente cultivada y descripta, y ambos organismos le entregan este artículo en referencia.

Bajo el título “DETECTION AND ISOLATION OF A NOVEL CORONAVIRUS”, los autores expresan en dicho artículo que **se han tomado muestras de fluidos respiratorios en el hospital Jinyintan de Wuhan el día 30/12/19.**

En este artículo se menciona, que se extrajo **RNA** de tales muestras (**RNA de múltiples orígenes – endógeno - exógeno**), y de sobrenadante **de UNO de los cultivos**, que fue usado como templado para “secuenciar y clonar” un genoma. Además, que hubo un “match” de los “alineamientos” de las lecturas realizadas con el “genoma del linaje Beta del género Coronavirus”, mostrando un 86.9% de identidad con el batSARS-like CoV (coronavirus del murciélago), **según comparación informática** con genomas previamente publicados; en adición, con el “aislamiento viral”, en el que se observó acción citopática en una de las líneas celulares usadas (células epiteliales respiratorias), junto con la **realización de RT-PCR para detectar ácidos virales en sobrenadante de cultivo** (sin especificar qué secuencias, ni la procedencia), y la posterior aplicación de microscopía electrónica, al 6° día post inoculación, y con todo esto, se anuncia una “nueva” variante viral llamada 2019-nCoV, **sin evidencia de un proceso de “purificación viral”.**

Desde nuestro análisis, ponemos en cuestionamiento: cómo es posible deducir que lo “obtenido del cultivo” es un virus, sin haber demostrado al menos su “patogenicidad”.

“El aislamiento viral en cultivo clásico es el ensayo patrón (gold standard). Sin embargo, dada la gran variedad de virus respiratorios potencialmente involucrados en un cuadro respiratorio, se requieren diferentes tipos de cultivos celulares y **de métodos de detección posteriores a la aparición de la acción citopática (ACP).** Por ello, **el aislamiento de los virus respiratorios es**

JUNTA ARGENTINA DE REVISIÓN CIENTÍFICA Investigación Independiente Alternativa		INFORME			CRONOLOGÍA TARGET VACUNA COVID-19		
		Código del Doc.:	INF.01.01.CVP				
REVISIÓN:	01	VIGENCIA:	30/07/2020	EMITIDO POR:	JUNTA ARGENTINA DE REVISIÓN CIENTÍFICA	V°B°	
La responsabilidad de leer, interpretar, investigar fuentes y divulgar el presente, es de todos los seres humanos interesados en entender la situación actual a nivel mundial, respecto a lo que se nos informa a todos, en función de lo que se denomina comúnmente Covid-19.						PÁGINA:	31 de 35



Fig. 15

<https://www.who.int/es/dg/speeches/detail/who-director-general-s-opening-remarks-at-the-media-briefing-on-covid-19---11-march-2020>

JUNTA ARGENTINA DE REVISIÓN CIENTÍFICA Investigación Independiente Alternativa		INFORME			CRONOLOGÍA TARGET VACUNA COVID-19		
		Código del Doc.:	INF.01.01.CVP				
REVISIÓN:	01	VIGENCIA:	30/07/2020	EMITIDO POR:	JUNTA ARGENTINA DE REVISIÓN CIENTÍFICA	V°B°	
La responsabilidad de leer, interpretar, investigar fuentes y divulgar el presente, es de todos los seres humanos interesados en entender la situación actual a nivel mundial, respecto a lo que se nos informa a todos, en función de lo que se denomina comúnmente Covid-19.						PÁGINA:	33 de 35

6) Conclusiones

La industria farmacéutica siempre está con los ojos puestos en los investigadores y a qué hallazgos arriban los investigadores serios, los investigadores nobles y los que describen adecuadamente su trabajo, en forma completa, como ocurrió con la Dra. Tipnis en el año 2000.

La Dra. Tipnis descubre una nueva proteína y demuestra que cumple una importantísima función en la reproducción humana a partir de haber demostrado fehacientemente bajo el método científico y con todas las estrategias disponibles para ese momento, de que esa enzima expresa su acción principalmente en el testículo del ser humano. A partir de ahí, ocurre un relato desde la virología, en el cual cronológicamente, se va introduciendo el concepto, a partir de una primera descripción totalmente fraudulenta que es la del año 2003, del Dr. Li de la revista Nature. No sólo fraudulenta, sino con un relato experimental incompleto, falta de rigor científico, y **a partir de ahí la comunidad virológica internacional y microbiológica asume con todo peso de prueba de que la puerta de entrada al organismo humano es la enzima ACE2 y al mismo tiempo asumen también la amplia distribución de esa enzima a todo el organismo,** algo que venimos manifestando en el presente informe que nunca fue demostrada con el peso de prueba que utilizó la Dra. Tipnis e investigadores posteriores para decir que la enzima se expresa mayormente en los testículos **y no se expresa en ninguna parte el tracto respiratorio.**

Llamamos a toda la comunidad científica, genetistas y biólogos moleculares en especial, a hacer esta revisión y abordar a sus propias conclusiones, con la mirada objetiva y científica.

De todo lo analizado y expuesto en el presente informe, la hipótesis planteada es verdadera: *“La enzima ACE2 es el target de acción de la vacuna para prevención del Covid-19”*, hasta tanto no se evidencien científicamente, a través de los siguientes puntos:

- Llevar a cabo un proceso experimental completo, una secuencia experimental que demuestre cabalmente que la enzima ACE2 se expresa en el epitelio respiratorio del ser humano, desde la nariz hasta el pulmón, pudiendo de este modo la ACE2 ser considerada como el receptor natural de un virus respiratorio.
- Demostrar con todo peso de prueba que existen las variantes virales SARS, SARS-CoV, BATSARS, BATSARS-CoV2.
- Evidenciar artículos científicos que satisfagan todos los criterios, no sólo de Koch si no las modificaciones de Thomas Rivers, la variante de los criterios de Koch para determinaciones moleculares y los nuevos lineamientos, por ejemplo Inglis del año 2017, que también

	INFORME				CRONOLOGÍA TARGET VACUNA COVID-19		
	Código del Doc.:		INF.01.01.CVP				
REVISIÓN:	01	VIGENCIA:	30/07/2020	EMITIDO POR:	JUNTA ARGENTINA DE REVISIÓN CIENTÍFICA	V°B°	
<i>La responsabilidad de leer, interpretar, investigar fuentes y divulgar el presente, es de todos los seres humanos interesados en entender la situación actual a nivel mundial, respecto a lo que se nos informa a todos, en función de lo que se denomina comúnmente Covid-19.</i>						PÁGINA:	34 de 35

Satisfaciendo todos estos criterios, se puede evidenciar con todo peso de prueba que un virus o cualquier patógeno existe realmente.

--- FIN DEL DOCUMENTO ---

	INFORME				CRONOLOGÍA TARGET VACUNA COVID-19		
	Código del Doc.:		INF.01.01.CVP				
REVISIÓN:	01	VIGENCIA:	30/07/2020	EMITIDO POR:	JUNTA ARGENTINA DE REVISIÓN CIENTÍFICA	V°B°	
<i>La responsabilidad de leer, interpretar, investigar fuentes y divulgar el presente, es de todos los seres humanos interesados en entender la situación actual a nivel mundial, respecto a lo que se nos informa a todos, en función de lo que se denomina comúnmente Covid-19.</i>						PÁGINA:	35 de 35