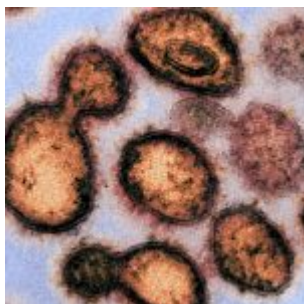


COVID19 – dowody globalnego oszustwa



COVID-19 i późniejsze reakcje rządu wydają się być częścią międzynarodowego spisku mającego na celu popełnienie oszustwa. Wydaje się, że nie ma dowodów na to, że wirus o nazwie SARS-CoV-2 wywołuje chorobę zwaną COVID-19.

Czasami musisz kierować się instynktem. Nie jestem ekspertem w dziedzinie genetyki i, jak zawsze, oczekuję poprawy. Jednak moją uwagę zwróciły niektóre badania opublikowane przez hiszpańskie czasopismo medyczne D-Salud-Discovery. Ich [rada doradcza](#) złożona z wybitnie wykwalifikowanych lekarzy i naukowców nadaje ich badaniom wiarygodność. Ich twierdzenie jest zdumiewające.

Genetyczne startery i sondy używane w testach RT-PCR do identyfikacji SARS-CoV-2 nie są ukierunkowane na nic konkretnego. Postępowałem zgodnie z technikami wyszukiwania przedstawionymi w [tym angielskim tłumaczeniu](#) ich raportu i mogę potwierdzić dokładność ich twierdzeń dotyczących sekwencji nukleotydów wymienionych w protokołach Światowej Organizacji Zdrowia. Możesz zrobić to samo.

D-Salud-Discovery oświadcza, że nie ma testów zdolnych do identyfikacji SARS-CoV-2. W związku z tym wszystkie twierdzenia dotyczące domniemanego wpływu COVID 19 na zdrowie populacji są bezpodstawne.

Cała oficjalna narracja COVID 19 jest oszustwem. Podobno nie ma naukowych podstaw dla jakiegokolwiek części tej narracji.

Jeśli te twierdzenia są trafne, możemy stwierdzić, że nie ma dowodów na pandemię, a jedynie jej złudzenie. Ponieśliśmy nieobliczalne straty bez wyraźnego powodu, poza ambicjami pozbawionych skrupułów despotów, którzy chcą przekształcić globalną gospodarkę i nasze społeczeństwo, aby odpowiadały ich celom.

Czyniąc to, ta „klasa pasożytów” potencjalnie popełniła niezliczone przestępstwa. Przestępstwa te mogą i powinny być przeanalizowane i rozpatrzone przed sądem.



Identyfikacja ale czego dokładnie?

Światowa Organizacja Zdrowia (WHO) [sklasyfikowała COVID-19](#) (choroba COronaVirus 2019). Ogłosili globalną pandemię COVID-19 11 marca 2019 roku.

RdRp Gene Matches To Human Chromosomes

Job Title: Nucleotide Sequence
 RID: Y2154ZM5616
 Program: BLASTN
 Database: Genome (GRCh38.p13 reference, Annotation Release 109.20200228)
 Query ID: lcl|Query_30557
 Description: None
 Molecule type: nucleic acid
 Query Length: 15
 Other reports: Distance tree of results, MSA viewer

Filter Results
 Organism: only top 20 will appear
 Percent Identity: to
 E value: to
 Query Coverage: to

Sequences producing significant alignments

Description	Max Score	Total Score	Query Cover	%	Per. Ident	Accession
Homo sapiens chromosome 15 general path of type P01, GRCh38.p13 RefSeq-HS150130_B01201	30.7	56.5	100%	5.7	100.00%	NC_011557701.1
Homo sapiens chromosome 1, GRCh38.p13 Primary Assembly	30.7	2635	100%	5.7	100.00%	NC_000001.11
Homo sapiens chromosome 2, GRCh38.p13 Primary Assembly	30.7	3172	100%	5.7	100.00%	NC_000002.12
Homo sapiens chromosome 4, GRCh38.p13 Primary Assembly	30.7	2588	100%	5.7	100.00%	NC_000004.12
Homo sapiens chromosome 7, GRCh38.p13 Primary Assembly	30.7	2470	100%	5.7	100.00%	NC_000007.14
Homo sapiens chromosome 10, GRCh38.p13 Primary Assembly	30.7	1686	100%	5.7	100.00%	NC_000010.11
Homo sapiens chromosome 14, GRCh38.p13 Primary Assembly	30.7	1548	100%	5.7	100.00%	NC_000014.9

Wytyczne WHO dotyczące badan laboratoryjnych stanowią:

Czynnik etiologiczny [przyczyna choroby] odpowiedzialny za skupisko przypadków zapalenia płuc w Wuhan został zidentyfikowany jako nowy betakoronawirus (z tej samej rodziny co SARS-CoV i MERS-CoV) poprzez sekwencjonowanie nowej generacji (NGS) z hodowanego wirusa lub bezpośrednio z próbek otrzymanych od kilku pacjentów z zapaleniem płuc."

WHO twierdzi, że wirus SARS CoV-2 jest powodem choroby COVID-19. Twierdzą również, że ten wirus został wyraźnie zidentyfikowany przez naukowców z Wuhan.

W WHO'wskim Novel Coronavirus 2019-nCov Situation Report 1 na temat koronawirusa 2019-nCov 1 stwierdza się:

Chińskie władze zidentyfikowały nowy typ koronawirusa, który został wyizolowany 7 stycznia 2020 r. W dniu 12 stycznia 2020 r. Chiny udostępniły krajom sekwencję genetyczną nowego koronawirusa do wykorzystania przy opracowywaniu określonych zestawów diagnostycznych."

Te dwa oświadczenia WHO jasno sugerują, że wirus SARS-CoV-2 został wyizolowany (co oznacza oczyszczony do badań), a następnie zidentyfikowano sekwencje genetyczne z wyizolowanej próbki. Na tej podstawie opracowano i rozprowadzono na całym

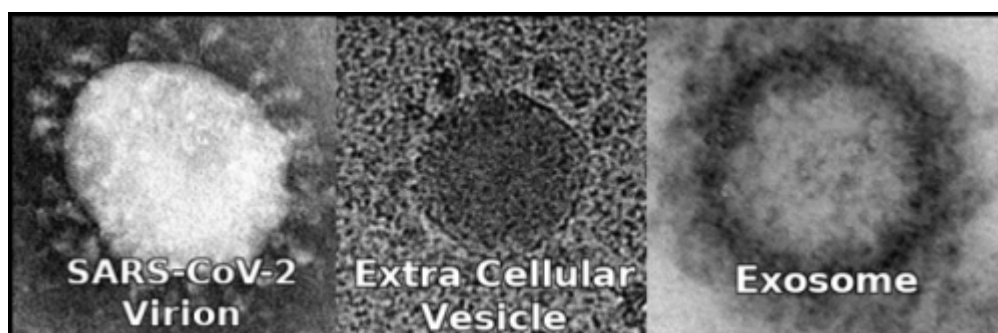
świecie zestawy diagnostyczne do testowania wirusa w miastach i społecznościach na całym świecie. Według WHO i chińskich naukowców testy te wykryją wirusa, który *powoduje* COVID 19.

Jednak WHO stwierdza również:

Pracując bezpośrednio na podstawie informacji o sekwencjach, zespół opracował serię testów amplifikacji genów (PCR) wykorzystywanych przez laboratoria."

Naukowcy z Wuhan opracowali testy amplifikacji genów na podstawie „*informacji o sekwencji*”, ponieważ nie było wyizolowanej, oczyszczonej próbki tak zwanego wirusa SARS-CoV-2. Pokazali również obrazy z mikroskopu elektronowego nowo odkrytych wirionów (kolczastej kulki białkowej zawierającej wirusowe RNA).

Jednak takie struktury białek [nie](#) są [wyjątkowe](#). Wyglądają jak inne okrągłe pęcherzyki, takie jak pęcherzyki endocytarne i egzosomy.



Wirusolodzy twierdzą, że nie jest możliwe „wyizolowanie” wirusa, ponieważ replikuje się on tylko w komórkach gospodarza. Dodają, że [Postulaty Kocha](#) nie mają zastosowania, ponieważ dotyczą bakterii (czyli organizmów żywych). Zamiast tego wirusolodzy obserwują cytopatogenne skutki wirusa (CPE), powodujące mutację i degradację komórek w hodowlach komórkowych.

Kiedy chińscy naukowcy [po raz pierwszy zsekwencjonowali](#) pełny genom SARS-CoV-2, zaobserwowali CPE w komórkach Vero E6 i

Huh7. Vero E6 to unieśmiertelniona linia komórek małpich, a Huh7 to unieśmiertelnione komórki rakowe (rakotwórcze). Oznacza to, że były one utrzymywane in vitro (w hodowlach na płytkach Petriego) przez wiele lat.

Centralnym punktem oficjalnej historii SARS-CoV-2 jest idea, że [to jest to wirus odzwierzęcy](#), zdolny do pokonywania dystansu między zwierzętami a ludźmi. Kiedy [naukowcy z amerykańskiego CDC](#) „zainfekowali” różne komórki nowym wirusem, zauważyli, co następuje:

Zbadaliśmy zdolność SARS-CoV-2 do infekowania i replikacji w kilku popularnych liniach komórkowych naczelnych i ludzkich, w tym ludzkich komórkach gruczolakoraka (A549) [komórki płuc], ludzkich komórkach wątroby (HUH7.0) i ludzkich embrionalnych komórkach nerkowych (HEK-293T), oprócz Vero E6 i Vero CCL81 [komórki małpy]... Nie zaobserwowano efektu cytopatycznego w żadnej z linii komórkowych z wyjątkiem komórek Vero [komórki małpy]... Komórki HUH7.0 i 293T wykazały jedynie niewielką replikację wirusa i Komórki A549 [ludzkie komórki tkanki płucnej] były niezgodne z zakażeniem SARS-CoV-2”.

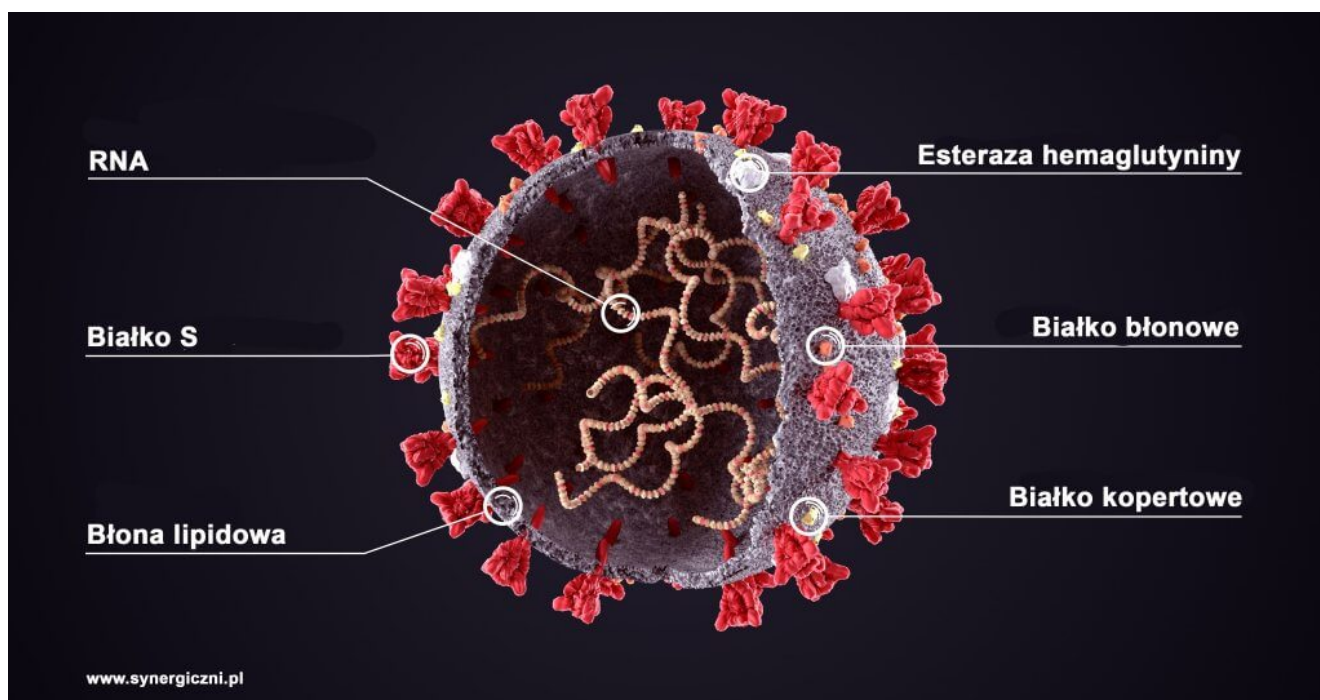
CDC nie zaobserwował żadnego CPE w ludzkich komórkach. Nie widzieli żadnych dowodów na to, że ten rzekomy wirus spowodował jakąkolwiek chorobę człowieka. Ten rzekomy ludzki wirus nie wykazywał też żadnej godnej uwagi replikacji w ludzkich komórkach, co sugeruje, że infekcja z człowieka na człowieka byłaby niemożliwa.

Dostrzegając ten problem, zespół polskich naukowców wprowadził tego sekwencjonowanego „wirusa” do [komórek nabłonka ludzkiego \(dróg oddechowych\)](#). Obserwowali wpływ na te kultury HAE przez 5 dni. Zauważyli znacznie większą replikację niż naukowcy z CDC, ale ostatecznie stwierdzili:

„Nie zaobserwowaliśmy żadnego uwolnienia wirusa z podstawno-bocznej strony hodowli HAE”.

Oznacza to, że nie widzieli żadnych dowodów rzekomych wirionów naruszających błonę ściany komórkowej. Ponownie sugerujemy, że ten tak zwany wirus nie jest zaraźliwy dla ludzi.

Nie jest jasne, czy SARS-CoV-2 jest ludzkim wirusem zdolnym do wywoływania choroby. Może nawet nie istnieć fizycznie. Czy to nic innego jak koncepcja oparta na *predykcyjnych* sekwencjach genetycznych?



Podróż odkrywczą

Wuhan Center for Disease Control and Prevention oraz Shanghai Public Health Clinical Center opublikowały [pierwszy pełny genom SARS-CoV-2](#) (MN908947.1). To było wielokrotnie aktualizowane. Jednak MN908947.1 był pierwszą sekwencją genetyczną opisującą rzekomy czynnik *etiologiczny* COVID-19 (SARS-CoV-2).

Wszystkie kolejne roszczenia, testy, terapie, statystyki, opracowywanie szczepionek i wynikające z nich zasady są oparte na tej sekwencji. Jeśli testy tego *nowego* wirusa nie zidentyfikują niczego, co mogłoby wywołać chorobę u ludzi, cała narracja COVID-19 jest niczym innym jak farsą.

[Badacze z Wuhan, stwierdzili](#), że już skutecznie poskładali sekwencję genetyczną SARS CoV-2, przez dopasowanie fragmentów znajdujących się w próbkach zawierających inne, uprzednio odkryte, sekwencje genetyczne. Z zebranych materiałów stwierdzili, że 87,1% pasuje do koronawirusa SARS (SARS-CoV). Zastosowali [de novo assembly](#) i ukierunkowaną reakcję PCR i znaleźli 29 891 par zasad, które w 79,6% są zgodne z SARS-CoV.

Musieli użyć *de novo assembly*, ponieważ nie mieli wiedzy *a priori* o prawidłowej kolejności lub kolejności tych fragmentów. Po prostu stwierdzenie WHO, że chińscy naukowcy wyizolowali wirusa 7 stycznia, jest fałszywe.

Zespół z Wuhan wykorzystał 40 rund amplifikacji RT-qPCR, aby dopasować fragmenty cDNA (uzupełniające się DNA zbudowane z fragmentów RNA z próbek) z opublikowanym genomem koronawirusa SARS (SARS-CoV). Niestety nie jest jasne, jak dokładny jest oryginalny genom SARS-CoV.

W 2003 roku zespół [naukowców z Hongkongu](#) przebadali 50 pacjentów z ciężkim ostrym zespołem oddechowym (SARS). Pobrali próbki od 2 z tych pacjentów i opracowali hodowlę w komórkach wątroby płodu małpy.

Stworzyli 30 klonów znalezionej materiału genetycznego. Nie mogąc znaleźć dowodów na istnienie żadnego innego znanego wirusa, tylko w jednej z tych sklonowanych próbek znaleźli sekwencje genetyczne „nieznanego pochodzenia”.

Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 isolate SARS-CoV-2/human/USA/MD-MDH-0324/2020, complete genome					
Sequence ID: MW244019.1 Length: 29811 Number of Matches: 1					
Range 1: 26288 to 26435 GenBank Graphics View Next Match Previous Match					
Score	Expect	Identical	Gaps	Strand	
452 bits(228)	4e-123	228/228(100%)	0/228(0%)	Plus/Plus	
Query 1	ATGTACTATTCTGTTTCGGAGAGACAGGTACGTTAATAGTTAATAGCGTACTCTTTTT				60
Sbjct 26288	ATGTACTATTCTGTTTCGGAGAGACAGGTACGTTAATAGTTAATAGCGTACTCTTTTT				26287
Query 61	CTTGCCTTCGTGGTATCTTGTAGTTACACTAGCCATCTTACTGCGCTTCGATTGGT				120
Sbjct 26268	CTTGCCTTCGTGGTATCTTGTAGTTACACTAGCCATCTTACTGCGCTTCGATTGGT				26327
Query 121	GCGTACTGCTGCAATATTGTTACGTGAGTCTTGTAACCTTCTTTTACGTTTACTCT				180
Sbjct 26328	GCGTACTGCTGCAATATTGTTACGTGAGTCTTGTAACCTTCTTTTACGTTTACTCT				26387
Query 181	CGTGTAAAAATCTGAATCTCTTAGAGTTCTGATCTTCTGGTCTAA				228
Sbjct 26388	CGTGTAAAAATCTGAATCTCTTAGAGTTCTGATCTTCTGGTCTAA				26435

Badając te nieznanne sekwencje RNA, stwierdzili, że 57% pasują do bydłowego koronawirusa i mysiego wirusa zapalenia wątroby i

wywnioskowali, że należy do rodziny Coronaviridae. Biorąc pod uwagę te sekwencje, aby sugerować nowo odkryty wirus SARS-CoV (nowe odkrycie to ambrozja dla naukowców), zaprojektowali startery RT-PCR do testowania tego nowego wirusa. Naukowcy stwierdzili:

Startery do wykrywania nowego wirusa zaprojektowano do wykrywania RT-PCR tego genomu koronawirusa związanego z zapaleniem płuc u ludzi w próbkach klinicznych. Spośród 44 próbek z jamy nosowo-gardłowej dostępnych od 50 pacjentów z SARS, 22 miało dowody na obecność RNA koronawirusa związanego z zapaleniem płuc u ludzi."

Połowa badanych pacjentów, którzy mieli te same objawy, uzyskała wynik pozytywny dla tego nowego rzekomego wirusa. Nikt nie wie, dlaczego druga połowa uzyskała wynik negatywny na obecność tego nowego wirusa SARS-CoV. Takie pytanie nie padło.

Ten rzekomy wirus miał tylko 57% dopasowanie sekwencji do rzekomo znanego koronawirusa. Pozostałe 43% „tam” po prostu było. Zsekwencjonowane dane zostały wyprodukowane i zapisane jako nowy genom GenBank Accession No. [AY274119](#).

Naukowcy z Wuhan następnie znaleźli 79,6% dopasowania sekwencji do AY274119 i dlatego nazwali go nowym szczepem SARS-CoV (2019-nCoV – ostatecznie przemianowanym na SARS-CoV-2). Nikt na żadnym etapie tego procesu nie wyprodukował żadnej wyizolowanej, oczyszczonej próbki żadnego wirusa. Jedyne, co mieli, to dopasowania sekwencji procentowej do innych dopasowań sekwencji procentowej.

Nic nie wyizolowano

Naukowcy są bardzo zirytowani, ponieważ wciąż mówią, że wirus został wyizolowany, ale nikt im nie wierzy. Dzieje się tak, ponieważ jak dotąd nikt nie dostarczył ani jednej oczyszczonej próbki wirusa SARS-CoV-2. Zamiast tego mamy kompletny genom i,

jak za chwilę odkryjemy, nie jest to szczególnie przekonujące.

Dziennikarze śledczy Torsten Engelbrecht i Konstantin Demeter poprosili niektórych naukowców, którzy twierdzili, że mają zdjęcia wirionów SARS-CoV-2, aby potwierdzili, że są to obrazy izolowanego, oczyszczonego wirusa. [Żaden z nich tego nie zrobił](#).

W Australii naukowcy z [Instytutu Doherty](#) ogłosili, że [wyizolowali wirusa SARS-CoV-2](#). Poproszeni o wyjaśnienie naukowcy powiedzieli:

„Mamy krótkie (RNA) sekwencje z testu diagnostycznego, które można wykorzystać w testach diagnostycznych”

To wyjaśnia, dlaczego [rząd Australii](#) oświadczył:

Wiarygodność testów COVID-19 jest niepewna ze względu na ograniczoną bazę dowodów... Dostępne są ograniczone dowody pozwalające ocenić dokładność i użyteczność kliniczną dostępnych testów COVID-19”.

W Wielkiej Brytanii w lipcu grupa zaniepokojonych naukowców [napisała list](#) do premiera Wielkiej Brytanii Borisa Johnsona, w którym poprosili go o aby:

Przedstawić niezależnie recenzowane dowody naukowe potwierdzające, że wirus Covid-19 został wyizolowany.”

Do tej pory nie otrzymali odpowiedzi.

Podobnie brytyjski badacz [Andrew Johnson](#) złożył wniosek o wolność informacji do Public Health England (PHE). Poprosił ich o dostarczenie mu swoich danych opisujących izolację wirusa SARS-CoV-2. Na co [odpowiedzieli](#):

PHE może potwierdzić, że nie zawiera informacji w sposób sugerowany w Twojej prośbie”.

Kanadyjska badaczka Christine Massey wystąpiła z podobną prośbą o ujawnienie informacji, prosząc o to samo kanadyjski rząd. Na co [odpowiedział rząd Kanady](#):

Po dokładnym wyszukiwaniu z przykrością informujemy, że nie mogliśmy znaleźć żadnych danych odpowiadających na Państwa żądanie”.

CDC w USA oświadczyło w [RT-PCR Diagnostic Panel](#):

... Obecnie nie są dostępne ilościowo określone izolaty wirusa 2019-nCoVWykrycie wirusowego RNA może nie wskazywać na obecność zakaźnego wirusa lub że 2019-nCoV jest czynnikiem wywołującym objawy kliniczne.”

Ostatnia aktualizacja 13 lipca 2020 r., CDC jeszcze nie pozyskała czystej próbki wirusa od jakiegokolwiek pacjenta, u którego stwierdzono chorobę COVID-19. Otwarcie przyznają, że ich testy niekoniecznie pokazują, czy SARS-CoV-2 jest obecny lub powoduje COVID 19.

Powiedziano nam, że nic z tego nie ma znaczenia. Że jesteśmy ignorantami i po prostu nie rozumiemy wirusologii. Dlatego musimy przyjąć obrazy rzeczy, o których wiemy, że mogą być czymś innym, a sekwencje genetyczne (które mogą być czymś innym) jako ostateczny dowód, że ten wirus i choroba, którą ma wywoływać, są prawdziwe.

Orf1 Gene Human Chromosome Match				
Homo sapiens chromosome 6, GRCh38.p13 Primary Assembly				
Sequence ID: NC_000006.12 Length: 170805979 Number of Matches: 481				
Range 1: 44996991 to 44997007 GenBank Graphics ▼ Next Match ▲ Previous Match				
Score	Expect	Identifiers	Gaps	Strand
34.2 bits(17)	0.67	17/17(100%)	0/17(0%)	Plus/Plus
Query 2	CCTGTGGGTTTTACT 18			
Sbjct 44996991	CCTGTGGGTTTTACT 44997007			

Testowanie po nic

WHO i każdy rząd, think tank, komitet sterujący polityką, rządowy doradca naukowy, instytucje ponadnarodowe i inne

osoby, które promują oficjalną narrację o COVID-19, zapewniają, że SARS-CoV-2 powoduje COVID-19.

Chociaż nikt nigdy nie wyprodukował próbki tego rzekomego wirusa, rzekomy genom SARS-CoV-2 [został opublikowany](#). Jest w domenie publicznej.

Mówi się, że kluczowe [sekwencje genetyczne](#) w genomie SARS-CoV-2 mają określone funkcje. Są to białka docelowe, które naukowcy badają, aby zidentyfikować obecność „wirusa”. Obejmują one:

- Gen polimerazy RNA (Rd-Rp) – umożliwia replikację RNA SARS-CoV-2 w cytoplazmie komórek nabłonka chorych na COVID-19.
- Gen S (Orf2) – ta glikoproteina tworzy kołec na powierzchni wirionu SARS-CoV-2, który rzekomo ułatwia wiązanie SARS-CoV-2 z receptorami ACE2 na komórkach, umożliwiając RNA wewnątrz powłoki białka wirionu (kapsyd) przejście do teraz zainfekowanej komórki.
- Gen E (Orf1ab) – małe białko błonowe używane w składaniu wirusa
- Gen N (Orf9a) – gen nukleokapsydu, który wiąże RNA podczas tworzenia kapsydu

WHO prowadzi [publicznie dostępny rejestr](#) starterów RT-PCR i sond używanych do testowania SARS-CoV-2. Startery to specyficzne sekwencje nukleotydowe, które wiążą się (łączą) z nicią antysensowną i sensowną zsyntetyzowanego cDNA (nazywane odpowiednio starterami do przodu i do tyłu).

Nici cDNA rozdzielają się po podgrzaniu i przekształcają po schłodzeniu. Przed schłodzeniem sekwencje nukleotydowe zwane sondami są wprowadzane do hybrydyzacji z określonymi regionami docelowymi podejrzanego genomu wirusa. Podczas amplifikacji, gdy obszary między starterami wydłużają się, gdy starter uderza w sondę, sonda rozpada się, uwalniając fluorescent lub barwnik, który następnie może zostać odczytany przez

naukowców.

Naukowcy twierdzą, że to identyfikacja tych markerów dowodzi obecności SARS-CoV-2 w próbce.

Coś innego, co jest publicznie dostępne, to [podstawowe narzędzie wyszukiwania lokalnego dopasowania](#) (BLAST). Dzięki temu każdy może porównać opublikowane sekwencje nukleotydów ze wszystkimi zapisanymi w genetycznej bazie danych National Institutes of Health (NIH) Stanów Zjednoczonych o nazwie GenBank. Dlatego możemy BLASTOWAĆ zastrzegane startery SARS-CoV-2, sondy i sekwencje genów docelowych.

Protokoły WHO do przodu i do tyłu oraz protokoły sondy dla rzekomego genomu wirusa SARS-CoV-2 opierają się na profilach genów RdRp, Orf1, N i E. Każdy może przeprowadzić je przez BLAST, aby zobaczyć, co znajdzie.

Istotną sekwencją nukleotydową RdRP, używaną jako starter do przodu, jest – ATGAGCTTAGTCCTGTTG. Jeśli przeprowadzimy nukleotydowy BLAST, jest to rejestrowane jako kompletny *izolat* SARS-CoV-2 ze 100% dopasowaną identycznością sekwencji. Podobnie, odwrotna sekwencja startera genu E – ATATTGCAGCAGTACGCACACA – ujawnia obecność sekwencji Orf1ab, która również *identyfikuje* SARS-CoV-2.

Jednak BLAST umożliwia także przeszukiwanie sekwencji nukleotydów genomów drobnoustrojów i człowieka. Jeśli szukamy sekwencji RdRp SARS-CoV-2, ujawnia ona 99 ludzkich chromosomów ze 100% zgodnością sekwencji. Orf1ab (gen E) zwraca 90 ze 100% identycznością sekwencji z ludzkimi chromosomami.

Robiąc to samo dla tych sekwencji, wyszukując mikroorganizmy, znajdziemy 92 drobnoustroje w 100% zgodne z genem SARS-CoV-2 E i 100 dopasowanych drobnoustrojów o 100% identyczności sekwencji z istotnym genem SARS-CoV-2 RdRp.

Ileokroć sprawdzamy tak zwane unikalne markery genetyczne dla SARS-CoV-2, zapisane w protokołach WHO, znajdujemy pełne lub

wysokoprocentowe dopasowania z różnymi fragmentami ludzkiego genomu. Sugeruje to, że sekwencje genetyczne, które mają identyfikować SARS-CoV-2, nie są unikalne. Może to być wszystko, od sekwencji drobnoustrojów po fragmenty ludzkich chromosomów.

Tak zwane osoby [weryfikujące fakty](#), takie jak projekt *Health Feedback* firmy Reuters, szybko odrzuciły twierdzenia [tych, którzy zauważyli](#) widoczny brak specyficzności w rzekomym genomie SARS-CoV-2.

Używając mnóstwa słomianych argumentów, takich jak: „to twierdzenie sugeruje, że każdy test powinien być pozytywny” (a tak nie jest), ich próba obalenia [wygląda](#) mniej więcej [tak](#):

Startery są zaprojektowane tak, aby wiązały się z określonymi sekwencjami nukleotydów, które są unikalne dla wirusa. Starter do przodu może wiązać się z określonym chromosomem, ale starter do tyłu nie wiąże się z tym samym chromosomem, więc chromosom nie jest obecny w wirusie SARS-CoV-2. Ponadto, ponieważ startery w przód i w tył otaczają sekwencję, która ma być amplifikowana, sekwencja cDNA między starterami jest unikalna dla wirusa.

Wydaje się to celowo przeinaczać znaczenie tych ustaleń, przedstawiając argument, którego nie wysuwa nikt oprócz samych weryfikatorów faktów. Przeszukiwania BLAST pokazują, że te sekwencje docelowe nie są unikalne dla SARS-CoV-2. Nie trzeba też znajdować wszystkich celów, aby wynik był pozytywny.

Marokańscy naukowcy [zbadali epidemiologię](#) rzekomych marokańskich przypadków SARS-CoV-2. Dziewięć procent było pozytywnych dla trzech genów, osiemnaście procent było pozytywnych dla dwóch genów, a siedemdziesiąt trzy procent dla jednego. Jak przed chwilą omówiliśmy, wiele mogło być pozytywnych dla żadnego.

Jest to całkowicie zgodne z [wytycznymi dotyczącymi testów WHO](#).

Stwierdzają:

„Optymalna diagnoza obejmuje NAAT [test amplifikacji kwasu nukleinowego] z co najmniej dwoma niezależnymi od genomu celami SARS-CoV-2; jednakże na obszarach, gdzie transmisja jest powszechna, można zastosować prosty algorytm pojedynczego celu... Jeden lub więcej negatywnych wyników niekoniecznie wyklucza zakażenie SARS-CoV-2.”

Bez względu na fałszywe argumenty dobrze finansowanych weryfikatorów faktów, jeśli startery do przodu i do tyłu identyfikują śmieci, być może jeden jest fragmentem chromosomu, a drugi sekwencją drobnoustrojów, wówczas wzmocniony region między nimi jest prawdopodobnie również śmieciami.

Argument, że RT-PCR znajduje tylko RNA, jest zwodniczy. Naturalna transkrypcja (oddzielenie nici DNA) zachodzi podczas ekspresji genów. Nikt nie mówi, że całe chromosomy lub mikroby są sekwencjonowane w rzekomym genomie SARS-CoV-2. Choć mogą, z tego, co wiemy. Mówią, że rzekome markery używane do testowania tego rzekomego wirusa nie nadają się odpowiednio.

S Gene Matches with Microbes

Job Title: Nucleotide Sequence
RID: UZCMATD016 Search expires on 11-11-2020 11:17:38 pm Download All
Program: BLASTN
Database: Representative genomes (ref_prok_rep_genomes)
Query ID: IdQuery_49871
Description: None
Molecule type: dna
Query Length: 25
Other reports: Distance tree of results MSA viewer

Filter Results

Organism: only top 20 will appear
Type common name, binomial, taxid or group name
+ Add organism
Percent identity: [] to [] E value: [] to [] Query Coverage: [] to []
Filter Reset

Sequences producing significant alignments

Description	Max Score	Total Score	Query Cover	% Ident	Per. Ident	Accession
Dubious bacteriophage YIT 11850 supercontig 2, whole genome shotgun sequence	38.2	38.2	76%	0.99	100.00%	NZ_L3031188.1
Shewanella aeraria JCM 15074, whole genome shotgun sequence	38.2	38.2	76%	0.99	100.00%	NZ_L014010000.1
Lactobacillus plantarum strain JCM 10617, complete genome shotgun sequence	38.2	38.2	76%	0.99	100.00%	NZ_L014010000.1
Lactobacillus plantarum strain JCM 10617, complete genome shotgun sequence	38.2	38.2	76%	0.99	100.00%	NZ_L014010000.1
Lactobacillus plantarum strain JCM 10617, complete genome shotgun sequence	38.2	38.2	72%	0.9	100.00%	NZ_L014010000.1
Lactobacillus plantarum strain JCM 10617, complete genome shotgun sequence	38.2	38.2	72%	0.9	100.00%	NZ_L014010000.1

Testy RT-PCR nie sekwencjonują całego genomu. Poszukują przypadków specyficznej fluorescencji sondy, aby wskazać obecność sekwencji, o których mówi się, że istnieją. Sekwencje te są zdefiniowane w MN908947.1 i kolejnych aktualizacjach. Te

startery i sondy nie mogą ujawnić niczego poza dopasowaniami RNA wyekstrahowanymi z niekodującego, czasami nazywanego „śmieciowym” DNA (cDNA).

Na przykład [gen SARS-CoV-2 S](#) ma być wysoce specyficzny dla genomu wirusa SARS-CoV-2. Sekwencja docelowa to – TTGGCAAATTCAAGACTCACTTTC. Wyszukiwanie mikrobiologiczne BLAST zwraca 97 dopasowań drobnoustrojów ze 100% zgodnością sekwencji. Najniższe dopasowanie procentowe tożsamości, w pierwszej setce, to 95%. Ludzki genom BLAST również znajduje 100% dopasowanie sekwencji do 86 fragmentów ludzkich chromosomów.

Bez względu na to, gdzie spojrzysz w rzekomym genomie SARS-CoV-2, w protokołach testowych WHO nie ma nic, co jasno identyfikuje, co to jest. Cały genom może być fałszywy. Testy nie dowodzą istnienia SARS-CoV-2. Odsłaniają jedynie zupełnieokreślonego materiału genetycznego.

Jeśli tak, ponieważ nie ma wyizolowanych ani oczyszczonych próbek wirusa bez wykonanego testu, nie ma dowodów na istnienie SARS-CoV-2. Dlatego nie ma żadnych dowodów na istnienie choroby zwanej COVID-19.

Oznacza to, że nie ma podstaw naukowych do jakichkolwiek twierdzeń dotyczących liczby przypadków COVID-19, przyjęć do szpitali lub wskaźników śmiertelności. Wszystkie środki podjęte w celu zwalczania tego śmiercionośnego wirusa są prawdopodobnie oparte na niczym.

Ostateczne oszustwo

Oszustwo to przestępstwo. [Prawną definicją](#) oszustwa jest:

„Jakaś podstępna praktyka lub umyślna sztuczka, której celem jest odebranie komuś prawa lub wyrządzenie mu krzywdy”.

Prawna definicja spisku to:

„Połączenie lub konfederacja między dwiema lub więcej osobami

utworzonymi w celu popełnienia, wspólnym wysiłkiem, jakiegoś czynu niezgodnego z prawem lub przestępstwa”

Wydaje się, że ci, którzy twierdzą, że mamy do czynienia z pandemią, nie dostarczyli żadnych dowodów na to, że wirus o nazwie SARS-CoV-2 wywołuje chorobę zwaną COVID-19. Wszystkie informacje silnie sugerujące taką możliwość są łatwo dostępne w domenie publicznej. Każdy może to przeczytać.

Aby nastąpiło oszustwo, oszustwo musi być umyślne. Intencją musi być celowe pozbawienie innych ich praw lub zranienie ich w inny sposób. Jeśli istnieją dowody zmyślenia między osobami i organizacjami w celu popełnienia oszustwa, jest to spisek (w jurysdykcjach prawa zwyczajowego) lub [wspólne przedsiębiorstwo przestępcze](#) (JCE) na mocy prawa międzynarodowego.

Wygląda na to, że COVID-19 był celowo wykorzystywany jako *casus belli* do prowadzenia wojny z ludzkością. Zostaliśmy uwięzieni we własnych domach, nasza wolność przemieszczania się została ograniczona, wolność słowa i wypowiedzi została ograniczona, prawa do protestowania zostały ograniczone, oddzieloni od bliskich, firmy zniszczone, zbombardowani psychicznie, w kagańcach i terroryzowani.

Co gorsza, chociaż nie [ma dowodów](#) na *bezprecedensową* śmiertelność ze wszystkich przyczyn, odnotowano *bezprecedensowy* wzrost liczby zgonów. Są one [ściśle powiązane z lockdownami](#), które doprowadziły do □ wycofania świadczeń zdrowotnych, za które płacimy, i zmiany orientacji publicznych usług zdrowotnych na leczenie jednej domniemanej choroby z wyłączeniem wszystkich innych.

Ponadto ci, którzy przekazali historię COVID-19, sugerują, że ta domniemana choroba stanowi uzasadnienie dla całkowitej restrukturyzacji światowej gospodarki, naszych systemów politycznych, społeczeństw, kultur i [samej ludzkości](#).

Dopuszczenie do udziału w ich tzw. „nowej normalności”, która jest hurtowym przekształceniem całego naszego społeczeństwa

bez naszej zgody, nalegają, abyśmy podporządkowali się ich warunkom.

Obejmują one między innymi biometryczny nadzór nad wszystkimi, scentralizowaną kontrolę i monitorowanie wszystkich naszych transakcji, opresyjne ograniczenia biznesowe i społeczne oraz skuteczne żądanie, abyśmy nie mieli prawa do suwerenności nad naszymi własnymi ciałami. Stanowi to [warunek niewolnictwa](#).

Nie ma wątpliwości, że zostaliśmy pozbawieni naszych praw i zranieni. Dowody na to, że szkoda została celowo spowodowana przez międzynarodową konspirację, są przytłaczające. Niszczycielska polityka, prowadzona przez rządy na całym świecie, najwyraźniej wywodzi się z globalistycznych think tanków i ponadnarodowych instytucji na długo przed pojawieniem się tej nieistniejącej pandemii.

W jurysdykcjach Kodeksu Napoleona domniemywa się winy. Aby oskarżeni spiskowcy udowodnili swoją niewinność, muszą wykazać, że pomimo swoich niezmierzonych zasobów zbiorowo nie byli w stanie uzyskać dostępu ani zrozumieć żadnego z ogólnie dostępnych dowodów sugerujących, że COVID-19 jest mitem.

Osoby odpowiedzialne za przestępstwo spisku w celu popełnienia globalnego oszustwa powinny być sądzone. Jeśli zostaną uznani za winnych, powinni zostać uwięzieni, podczas gdy reszta z nas będzie próbowała naprawić szkody, które już wyrządzili.

Według eksperta, COVID-19 zahamował walkę z AIDS



O ponad 50 proc. spadła w tym roku w Polsce wykrywalność nowych przypadków HIV – wynika z danych Państwowego Zakładu Higieny. Powodem jest zmniejszenie liczby wykonywanych testów w związku z pandemią COVID-19 – ocenia specjalistka w dziedzinie chorób zakaźnych dr Maria Jankowska.

1 grudnia obchodzony jest Światowy Dzień AIDS. Poprzedza go Europejski Tydzień Testowania, którego głównym celem jest zachęcenie jak największej liczby osób do sprawdzenia swojego statusu serologicznego w kierunku HIV. Punkty Konsultacyjno-Diagnostyczne działają we wszystkich województwach w Polsce z uwzględnieniem obowiązujących aktualnie zasad reżimu sanitarnego. Ich pełna lista jest dostępna na stronie krajowego Centrum ds. AIDS (<https://aids.gov.pl/pkd/>).

Badanie w kierunku HIV można wykonać bez skierowania, bezpłatnie i anonimowo – po uprzednim telefonicznym umówieniu wizyty w punkcie, a od niedawna także samodzielnie w domu. Więcej informacji na ten temat można znaleźć na stronie Fundacji Edukacji Społecznej: (www.fes.edu.pl) i pod numerem bezpłatnej infolinii – 800 14 14 23.

Dane Narodowego Instytutu Zdrowia Publicznego – Państwowego Zakładu Higieny wskazują, że do połowy listopada 2020 r. wykryto w naszym kraju 708 zakażeń HIV, podczas gdy w analogicznym okresie ubiegłego roku było ich 1520. Oznacza to spadek liczby nowo wykrytych przypadków aż o 53 proc.

Jest to o tyle niepokojące, że wczesne wykrycie infekcji HIV pozwala wdrożyć skuteczną terapię szybko. Dzięki temu osoby z HIV mogą równie długo cieszyć się życiem, jak osoby zdrowe.

„W czasie lockdownu zostały zamknięte punkty konsultacyjno-diagnostyczne, w których są wykonywane anonimowe testy w kierunku HIV. A po ich otwarciu zaobserwowaliśmy mniejszą frekwencję” – mówiła dr Maria Jankowska z Poradni Leczenia Nabytych Niedoborów Odporności w Pomorskim Centrum Chorób Zakaźnych i Gruźlicy w Gdańsku na listopadowej konferencji pt. „Choroby zakaźne – najnowsze doniesienia”, która odbywała się online.

Jak dodała specjalistka, efektem tego był spadek liczby wykonywanych testów na przełomie lipca-września aż o 40 proc. w porównaniu latami poprzednimi. „To nie znaczy, że zmniejszyła się liczba zakażonych, tylko po prostu mniej osób się testuje” – dodała.

Ponieważ zakażenie HIV u większości pacjentów długo przebiega bezobjawowo, liczba nowo wykrytych zakażeń zależy w znacznej mierze od liczby wykonywanych testów. Tymczasem z różnych badań wynika, że tylko niespełna 10 proc. Polaków kiedykolwiek sprawdziło swój status serologiczny. Oznacza to, że część osób żyjących z HIV nie została jeszcze zdiagnozowana.

Eksperti szacują, że w rzeczywistości liczba osób zakażonych wirusem jest w naszym kraju o kilka tysięcy wyższa, niż pokazują statystyki Krajowego Centrum ds. AIDS. I może wynosić nie 25,5 tys. ale 30-35 tys.

„Wśród przypadków niezdiagnozowanych sporą część stanowią tzw. zakażenia zaawansowane, które są rozpoznawane bardzo późno, po 8-10 latach od zakażenia. Zjawisko to jest obecne we wszystkich krajach Europy. Ponad połowa tych przypadków dotyczy kobiet. Wśród późnych rozpoznań istotną grupę stanowią również osoby powyżej 50. roku życia” – powiedziała dr Jankowska. Według niej oznacza to, że przez 8-10 lat osoby nieświadome swojego zakażenia przenoszą wirusa na innych. „Nie mówiąc o tym, że późne rozpoznanie, w pełnoobjawowym AIDS wiąże się z ryzykiem ciężkiej choroby i zgonu. Nie zawsze bowiem w takiej sytuacji udaje się nam pacjenta uratować, choć

narzędzi mamy bardzo dużo i jest to znacznie bardziej korzystna sytuacja niż przed laty” – zaznaczyła.

Inaczej jest, gdy zakażenie rozpoznane zostanie wcześniej. Nie można go wprawdzie wyleczyć, tak jak nie można usunąć wirusa z organizmu, ale dostępna terapia antyretrowirusowa (w skrócie ARV) – stosowana zgodnie z zaleceniami lekarza – hamuje postęp choroby. W efekcie osoby z HIV mogą normalnie pracować, zakładać rodziny, mieć zdrowe dzieci i – co ważne – żyć tak samo długo jak osoby niezakażone.

Dlatego kluczowe jest testowanie się w kierunku zakażenia HIV. Terapia daje bowiem najlepsze efekty, gdy zostanie wdrożona możliwie szybko po infekcji, zanim liczba limfocytów CD4 (komórek odporności atakowanych przez HIV) spadnie do niskiego poziomu. Tacy pacjenci mają najlepsze rokowania.

„Celem terapii jest redukcja zachorowalności i śmiertelności, żeby ci pacjenci nie chorowali i nie umierali na choroby związane z zakażeniem HIV. Ale celem jest również zapobieganie transmisji zakażenia. Ktoś kto jest leczony, nie zakaża” – podkreśliła dr Jankowska.

Prowadzone w wielu ośrodkach badania wykazały, że u 90 proc. pacjentów, którzy są prawidłowo leczeni, ilość wirusa we krwi znajduje się poniżej poziomu zakaźności (czyli poniżej 200 kopii HIV RNA/ml). W konsekwencji w organizmach pacjentów zmniejsza się aktywność HIV i jego szkodliwy wpływ na układ odpornościowy, co zabezpiecza przed rozwinięciem się AIDS, a ponadto, osoby te przestają być źródłem zakażenia dla innych. Tym samym zmniejsza się ryzyko transmisji HIV w zdrowej populacji.

Źródło: PAP

Teleporady w pewnych obszarach sprawdziły się. Po zakończeniu pandemii ten sposób konsultacji będzie kontynuowany



Teleporady w pewnych obszarach sprawdziły się; chodzi tu przede wszystkim o choroby przewlekłe. W wielu przypadkach konsultacja telefoniczna jest jednak niedopuszczalna, chodzi zwłaszcza o dzieci – oceniła dr n. med. Elżbieta Kryj-Radziszewska z Collegium Medicum UJ w Krakowie.

Zdaniem dr Kryj-Radziszewskiej, teleporady sprawdziły się w przypadku pacjentów prowadzonych przez jednego lekarza, cierpiących na choroby przewlekłe i potrzebujących wystawienia recepty na kontynuację terapii. Lekarz, który zna historię choroby takiego pacjenta, może na podstawie rozmowy stwierdzić, jak go dalej prowadzić, czy zmienić dawkowanie leku, czy przepisać nowy.

Teleporada nie zawsze daje jasny obraz problemu

„Do teleporad w takich sytuacjach lekarze i pacjenci już się przyzwyczaili i myślę, że po zakończeniu [tzw.] pandemii ten sposób konsultacji będzie chwalony” – oceniła dr Kryj-Radziszewska, specjalizująca się w medycynie rodzinnej i pediatrii.

Kolejnym plusem teleporad jest, według lekarz, brak tłumów w poradniach, a co za tym idzie – większe bezpieczeństwo dla pacjentów, którzy zgłaszają osobiście, i dla personelu medycznego.

Ekspert pochwaliła także zapowiadany na od stycznia 2021 obowiązek wypisywania e-skierowań do poradni specjalistycznych; już teraz niektóre placówki coraz chętniej wystawiają i realizują e-skierowania. „Znając pacjenta i schorzenie takie skierowanie można wypisać bez wychodzenia pacjenta z domu. Pacjent nie musi przychodzić do poradni jedynie po dokument w formie papierowej” – powiedziała PAP specjalista.

Odnosząc się do teleporad jako formy kontaktu z pacjentem dr Kryj-Radziszewska przyznała, że w dłuższej perspektywie czasu taka forma konsultacji jest męcząca dla samego lekarza i w wielu przypadkach nie może zastąpić tradycyjnego spotkania.

Bezwzględnie – jak podkreśliła – osobiście w poradniach powinni zjawiać się rodzice z dziećmi do drugiego roku życia, a i w przypadku starszych dzieci ważna jest taka wizyta. Dzieci to ta grupa chorych, u których – zwróciła uwagę ekspert – zebrany wywiad w trakcie teleporady nie zawsze daje jasny obraz problemu, a komunikacja niewerbalna z rodzicami i małego pacjenta może być bardzo pomocna.

Teleporady: „to wbrew pozorom jest czasochłonne”

„W przypadku badań przed szczepieniem i samego szczepienia czy bilansów sześciolatków teleporada też nie wchodzi w grę” – powiedziała specjalista z Collegium Medicum UJ. W tym momencie na lekarzach podstawowej opieki zdrowotnej (POZ) spoczywa też obowiązek wypisywania skierowań na testy w kierunku COVID-19 oraz prowadzenia pacjentów w izolacji, w tym wykonanie telefonu do pacjenta w ósmej dobie izolacji w celu sprawdzenia jego stanu zdrowia. „To wbrew pozorom też jest czasochłonne. Podczas rozmowy odpowiadamy na pytania pacjenta. Nieraz takie

telefony wykonujemy kosztem innej teleporady czy wizyty” – opisywała lekarz.

Zapytana o zachowania osób z podejrzeniem COVID-19 przyznała, że nie wszyscy chcą się udać na testy. „Zaczyna się rozszada. Wielu chce uniknąć testowania. Często biorą skierowanie, ale potem dowiadujemy się, że sami narzucili sobie autoizolację i na test się nie udali” – powiedziała.

Według jej szacunków, dziennie 60-70 proc. czasu lekarze rodzinni poświęcają na teleporady, w tym telefony do osób w izolacji. Jeśli chodzi o pediatrów, to starają się oni wszystkie dzieci przyjąć w gabinecie.

Dr Elżbieta Kryj-Radziszewska zwróciła uwagę na jeszcze jedną sprawę związaną z wizytami osobistymi w niektórych poradniach podstawowej opieki zdrowotnej. Chodzi o obecność studentów VI roku wydziału lekarskiego w trakcie przyjęć dzieci. Opiekun dziecka często ma wątpliwości co do takiej obecności praktykantów i pyta, dlaczego z dzieckiem może wejść tylko jeden opiekun, podczas gdy w pomieszczeniu może przebywać jeszcze dwóch studentów. „Studenci są bardzo potrzebni, robią wiele dobrego. Teraz obecność w czasie wizyty jest dla nich jedyną praktyczną możliwością uczenia się i poznawania specyfiki pracy POZ i problemów pacjentów zgłaszających się do POZ” – zaznaczyła lekarz.

Autor: *Beata Kołodziej*

Ministerstwo

Zdrowia

uruchamia program Domowej Opieki Medycznej



Program opieki medycznej nad osobami mającymi dodatni wynik COVID-19 jest bardzo realnym narzędziem walki z dużą liczbą zgonów, którą odnotowaliśmy w ostatnich dwóch tygodniach – powiedział w poniedziałek minister zdrowia Adam Niedzielski.

Celem programu #DomowaOpiekaMedyczna jest zdalne monitorowanie stanu zdrowia pacjentów.

Szef resortu nauki Adam Niedzielski poinformował na poniedziałkowej konferencji prasowej, że program opieki medycznej nad osobami mającymi dodatni wynik COVID-19 zmienił się, bo resort dokonał jego oceny po dwóch tygodniach działania.

„Ten program tak naprawdę, i to jest najważniejsze dzisiaj stwierdzenie, jest bardzo realnym narzędziem walki niestety z dużą liczbą zgonów, którą odnotowaliśmy w ostatnich dwóch tygodniach” – zaznaczył Niedzielski. Powiedział, że lekarze zwrócili uwagę na to, iż pacjenci za późno trafiają do szpitala.

„Odkładamy na ostatni moment to, kiedy potrzebujemy interwencji medycznej, takiej bardziej specjalistycznej, szpitalnej. Karetki są wzywane zbyt późno” – dodał.

„Żeby dobrze trafić w początek tego procesu (leczenia – PAP) chcemy, żeby wszyscy pacjenci w Polsce, którzy mają dodatki wynik byli objęci właśnie taką domową opieką medyczną, żeby

mieli szansę, mieli możliwość trafić do szpitala w odpowiednim momencie, kiedy te terapia, kiedy te środki będą najskuteczniejsze” – mówił. Dodał, że chciałby, aby wszyscy Polacy mieli zapewnioną taką dostępność.

„Zdecydowaliśmy się razem z panem premierem Mateuszem Morawieckim, że taka dostępność do pulsoksymetru od państwa dla obywatela będzie zapewniona dla każdego, kto ma dodatni wynik testu COVIDowego”.

W czasie poniedziałkowej konferencji prasowej Niedzielski zaprezentował również film promujący program domowej opieki medycznej nad osobami mającymi dodatni wynik COVID-19. W filmie poinformowano, że jeśli ktoś jest zarażony koronawirusem to może liczyć na całodobową opiekę medyczną w domu. Aby było to możliwe, należy wypełnić formularz na stronie internetowej resortu zdrowia lub poprosić lekarza POZ o zgłoszenie. Wówczas zainteresowany otrzyma pulsoksymetr – wynika z zaprezentowanego filmu.

Niedzielski: osoby powyżej 55 roku życia z koronawirusem będą automatycznie zakwalifikowane do programu #DarmowaOpiekaMedyczna

Do programu #DarmowaOpiekaMedyczna można będzie dołączyć po wypełnieniu formularza na stronie MZ lub przez lekarza POZ – powiedział w poniedziałek minister zdrowia Adam Niedzielski. Wyjaśnił, że osoby powyżej 55. roku życia z dodatnim wynikiem na COVID-19 zostaną automatycznie zakwalifikowane do programu.

Podczas poniedziałkowej konferencji prasowej Niedzielski wyjaśnił, na czym będzie polegać program opieki medycznej nad osobami mającymi dodatni wynik COVID-19 #DarmowaOpiekaMedyczna, z wykorzystaniem pulsoksymetru.

Szef resortu zdrowia podkreślił, że w programie chodzi o to, aby „opieka z pulsoksymetrem jak najmniej przeszkadzała pacjentom w codziennym życiu”.

Niedzielski zaznaczył, że „pulsoksymetry przekazywane obywatelom łączą się system Bluetooth z telefonem komórkowym, automatycznie zapisują wyniki z pomiarów i przesyłają je do centrum monitoringu”.

Minister zdrowia objaśnił działanie programu z wykorzystaniem aplikacji PulsoCare. „Program jest przeznaczony dla wszystkich Polaków, którzy otrzymali dodatni wynik na koronawirusa” – przekazał Niedzielski.

W przypadku osób powyżej 55. roku życia nastąpi automatyczna kwalifikacja do programu. Osoby te po otrzymaniu dodatniego wyniku na koronawirusa otrzymają na podany numer telefonu komórkowego SMS-a. Do tych osób zostanie wysłana paczka z pulsoksymetrem, a dostarczy ją Poczta Polska w ciągu 24 godzin – wyjaśnił Niedzielski.

Natomiast w przypadku osób poniżej 55 roku życia, to mogą się one zarejestrować albo na stronie internetowej Ministerstwa Zdrowia przez specjalny formularz (www.gov.pl/koronawirus) albo przez tradycyjną ścieżkę – lekarzy POZ. „Wtedy proces rejestracji będzie robiony w przychodni, gdzie przyjmuje lekarz rodzinny” – dodał szef resortu zdrowia.

Niedzielski wyjaśnił, że po otrzymaniu pulsoksymetru, pacjent instaluje na swoim smartfonie aplikację PulsoCare, i dokonuje pomiaru. „Aplikację można pobrać ze sklepu Google’a i Apple’a. Żeby ją uruchomić, trzeba będzie otrzymać specjalny kod po rejestracji” – podkreślił. „Dane z pomiaru trafiają do lekarza i konsultanci monitorują wyniki. W razie konieczności wzywają pogotowie ratunkowe. Po zakończeniu programu z pulsoksymterem, urządzenie należy zwrócić, a odbierze je Poczta Polska” – powiedział Niedzielski.

Niedzielski: do 17 grudnia medycy zaangażowani w walkę z Covid-19 otrzymają dodatki do

wynagrodzenia

Najpóźniej do 17 grudnia personel medyczny zaangażowany w leczenie chorych na Covid-19 otrzyma dodatki do wynagrodzenia – zapewnił w poniedziałek minister zdrowia Adam Niedzielski. Dodał, że zwiększone wynagrodzenia są naliczane od początku listopada.

Szef resortu zdrowia podczas konferencji prasowej odniósł się do kwestii wypłaty dodatków do wynagrodzenia dla medyków zaangażowanych w leczenie chorych na Covid-19. Minister podkreślił, że chce zdementować kilka „fake newsów”, które pojawiły się w ostatnim czasie na ten temat.

Niedzielski zapewnił, że wszystkie osoby, które zostały skierowane przez wojewodów do walki z epidemią Covid-19 otrzymają 100-procentowy dodatek do wynagrodzenia. Przypomniał, że 1 listopada wydał polecenie prezesowi NFZ, by osoby z personelu medycznego walczące z COVID-19 otrzymywały o 100 proc. większe wynagrodzenie w formie świadczenia dodatkowego.

Dodał, że rozszerzono też grupę uprawnionych do dodatku o ratowników i diagnostów laboratoryjnych.

Jak wskazał, zgodnie z systemem rozliczeniowym NFZ, do 10 grudnia dyrektorzy szpitali mają złożyć wnioski z listami konkretnych pracowników uprawnionych do wypłaty dodatków. „Potem w ciągu 7 dni Narodowy Fundusz Zdrowia ma czas, żeby przekazać środki na wypłatę tych dodatków. Można się spodziewać, że najpóźniej do 15-17 grudnia personel medyczny otrzyma dodatki naliczone za listopad” – powiedział Niedzielski.

W sobotę Sejm opowiedział się za tym, by dodatki w wysokości 100 proc. wynagrodzenia przysługiwały jedynie tym pracownikom medycznym, którzy są zaangażowani w leczenie chorych na Covid-19, ale zostali do tej pracy skierowani przez wojewodę. Sejm odrzucił stanowisko Senatu, który opowiedział się za

odrzuconiem w całości nowelizacji, uzasadniając, że narusza m.in. zawartą w konstytucji zasadę równości.

Nowelizacja ustawy covidowej powstała z inicjatywy posłów PiS, z powodu – jak uzasadniano – ich pomyłki w głosowaniu poprawek Senatu do poprzedniej noweli tzw. ustawy covidowej, w związku z czym do ustawy został wprowadzony zapis, że dodatki należą się wszystkim pracownikom ochrony zdrowia zaangażowanym w walkę z epidemią, a nie tylko – jak pierwotnie zakładano – tym skierowanym do takiej pracy przez wojewodę.

Również w sobotę w Dzienniku Ustaw opublikowana została – podpisana przez prezydenta 3 listopada – poprzednia nowelizacja zakładająca, że 100 proc. dodatki dostaną wszyscy pracownicy ochrony zdrowia zaangażowani w walkę z epidemią Covid-19 – ten przepis wszedł w życie w niedzielę z mocą od 5 września. Opozycja w listopadzie wielokrotnie apelowała o publikację tej nowelizacji. W odpowiedzi politycy PiS, w tym m.in. szef klubu i wicemarszałek Sejmu Ryszard Terlecki informowali, że nowela zostanie opublikowana, gdy przyjęta będzie nowelizacja „naprawiająca błąd” z głosowania.

Niedzielski: w najbliższym czasie każdy obywatel będzie miał prawo wykonać test antygenowy w P0Z

W najbliższym czasie każdy obywatel będzie miał prawo wykonać test antygenowy w P0Z – zapowiedział w poniedziałek szef resortu zdrowia Adam Niedzielski. Przygotowujemy się do tego logistycznie – dodał minister.

Niedzielski zapowiedział też, że w tej sprawie resort przygotowuje w najbliższym czasie oddzielną konferencję lub komunikat.

Pytany z kolei o zapowiedziane badania przesiewowe w trzech województwach – podkarpackim, małopolskim i śląskim – zaznaczył, że w pierwszej połowie stycznia mają być badani „nauczyciele nauczania podstawowego i niżej”.

Niedzielski: liczba zakontraktowanych szczepień zapewnia możliwość zaszczepienia każdego obywatela

Liczba szczepień zakontraktowanych przez Polskę za pośrednictwem europejskiego mechanizmu zakupowego zapewnia możliwość zaszczepienia każdemu obywatelowi – zapewnił w poniedziałek szef resortu zdrowia Adam Niedzielski.

Niedzielski pytany był o to, czy szczepienia na koronawirusa będą refundowane dla wszystkich. Zapowiedział, że szczegóły na ten temat zostaną przedstawione na kolejnym briefingu z udziałem premiera Mateusza Morawieckiego.

„Chcę zapewnić państwa, że liczba szczepień zakontraktowanych przez Polskę za pośrednictwem europejskiego mechanizmu zakupowego zapewnia możliwość zaszczepienia każdemu obywatelowi” – zapewnił.

Niedzielski pytany był też o to, kto jest administratorem danych osobowych przesyłanych przez aplikację PulsoCare do przekazywania i monitoringu danych pacjentów w ramach program Domowej Opieki Medycznej. „Operatorem jest PZU Zdrowie” – poinformował. „Dane są w naszym rejestrze, oni (PZU Zdrowie – PAP) są operatorem” – dodał.

Szef resortu zdrowia pytany był też o to, czy wszyscy Polacy będą objęci badaniami na obecność koronawirusa. „(...) Lekarz rodzinny będzie, jak zwykle zresztą tym gatekeeperem (...), czyli będzie osobą, która pilnuje racjonalności systemu.”

„Będą na pewno przypadki, że nie (każda osoba – PAP) dostanie (skierowania do testu – PAP) jeśli będzie niepotrzebny i lekarz tak uzna” – dodał.

Niedzielski: w poniedziałek wysłaliśmy pulsoksymetry do ponad 7 tys. osób

W poniedziałek wysłaliśmy pulsoksymetry i objęliśmy programem ponad 7 tys. osób, które spełniają kryterium ukończenia 55.

roku życia; stawiamy sobie cel, aby pulsoksymetr był dostępny dla każdego – powiedział w poniedziałek minister zdrowia Adam Niedzielski.

Niedzielski mówił na konferencji prasowej, że w piątek tysiąc pacjentów było zarejestrowanych w programie wyposażania w pulsoksymetry.

„Dzisiaj wysłaliśmy pulsoksymetry i objęliśmy programem ponad 7 tys. osób spełniających to kryterium automatyzmu, czyli 55 lat. Dzisiaj idzie i wysyłka smsów, ale też wysyłka pulsoksymetrów do tej grupy, więc można powiedzieć, że na koniec dnia dzisiejszego (...) mam nadzieję program osiągnie skokowy przyrost do poziomu 10 tys. pacjentów. I stawiamy sobie cel, że ten pulsoksymetr ma być dostępny dla każdego” – mówił szef MZ.

Zachęcał do stosowania pulsoksymetru, ponieważ – jak mówił – może pomóc w uchwyceniu momentu, w którym zakażonemu koronawirusowi potrzeba większej pomocy i konieczna jest interwencja lekarska.

Niedzielski podkreślił, że szczegółowe informacje nt. programu i pulsoksymetrów od poniedziałku będzie można uzyskać za pośrednictwem infolinii TIP (Telefoniczna Informacja Pacjenta) prowadzonej przez NFZ. Numer telefonu to 800-190-590.

Szef MSZ dodał, że infolinia techniczna udzielająca wszelkich porad technicznych ws. korzystania z pulsoksymetru, przesyłania danych będzie działać pod numerem 790-544-988.

Niedzielski dodał, że trzeba też znać numer telefonu (22)735-39-40. „To już jest infolinia, którą wykorzystujemy jak program działa, jak jesteśmy nim objęci, jak trzeba zgłosić saturacje, bo nie zawsze pewnie jest możliwość automatycznego przekazania danych, ale też z tego numeru będą kontaktowali się lekarze bądź konsultanci, którzy monitorują na bieżąco parametry wysyłane przez pulsoksymetr” – wyjaśnił Niedzielski.

Autorzy: Szymon Zdziebłowski, Iwona Pałczyńska, Karolina Kropiwiec, Monika Zdziera, Szymon Zdziebłowski, Karol Kostrzewa

Po sekcji zwłok nadal nie jest znana przyczyna śmierci 30-latki w salonie urody



Sekcja zwłok nie wyjaśniła przyczyny śmierci 30-latki w kabinie sensorycznej w salonie urody w Gdańsku Wrzeszczu. Będą konieczne badania toksykologiczne – informuje prokuratura.

Jak powiedziała PAP w poniedziałek rzeczniczka prasowa Prokuratury Okręgowej w Gdańsku Grażyna Wawryniuk, przeprowadzona sekcja zwłok nie wyjaśniła przyczyny zgonu 30-letniej klientki salonu urody w Gdańsku Wrzeszczu.

„Konieczne będą badania toksykologiczne, na chwilę obecną nie wiemy, jaka była przyczyna śmierci kobiety” – dodała prokurator Wawryniuk.

Do zdarzenia doszło w piątek 20 listopada br. po południu w jednym z salonów urody w Gdańsku Wrzeszczu. Po śmierci kobiety Prokuratura Rejonowa Gdańsk Wrzeszcz wszczęła śledztwo ws. nieumyślnego spowodowania śmierci.

30-letnia kobieta korzystała zabiegu w kabinie izolacji sensorycznej. Kiedy po zakończonym zabiegu klientka nie odpowiadała na wezwanie obsługi, pracownica salonu weszła do kabiny.

Po otwarciu kabiny okazało się, że kobieta jest nieprzytomna. Na miejsce wezwano pogotowie. Reanimacja jednak nic nie dała, a lekarz stwierdził zgon 30-latki.

Wstępnie policja wykluczyła udział osób trzecich w śmierci kobiety.

Autor: *Krzysztof Wójcik*

Nowe przepisy rozwiewają wątpliwości dotyczące nakazu zakrywania nosa i ust



Nowe przepisy rozwiewają wątpliwości dotyczące nakazu zakrywania nosa i ust; dla mnie jest oczywistym, że taki nakaz jest – powiedział PAP dr Mariusz Filipek z Wydziału Prawa i Administracji UMCS. Chodzi o zapisanie podstawy prawnej do jego wydania w ustawie.

W ubiegłą sobotę w Dzienniku Ustaw opublikowana została tzw. nowela covidowa z 28 października, która zmienia przepisy

ustawy z 2008 r. o zapobieganiu oraz zwalczaniu zakażeń i chorób zakaźnych u ludzi. W art. 46a tej ustawy jest mowa m.in. o tym, że w przypadku wystąpienia stanu epidemii Rada Ministrów może określić w drodze rozporządzenia zagrożony obszar wraz ze wskazaniem rodzaju strefy, na którym on wystąpił oraz rodzaj stosowanych rozwiązań.

Wśród wymienionych rozwiązań w art. 46b figuruje teraz „nakaz zakrywania ust i nosa, w określonych okolicznościach, miejscach i obiektach oraz na określonych obszarach, wraz ze sposobem realizacji tego nakazu”. We wcześniejszej wersji przepisów mowa była o obowiązku poddania się badaniom lekarskim oraz stosowaniu innych środków profilaktycznych i zabiegów przez „osoby chore i podejrzane o zachorowanie”.

Pytany przez PAP, czy nowe przepisy rozwiewają wątpliwości wokół podstawy prawnej dla obowiązku noszenia maseczki, dr Mariusz Filipek z Wydziału Prawa i Administracji UMCS potwierdził. „Z punktu widzenia prawnika uważam, że obecna nowelizacja ustawy covidowej jak najbardziej te wątpliwości rozwiązała, dla mnie jest oczywistym, że taki nakaz jest” – powiedział. „Pytanie jest tylko jedno, czy generalnie powinno się w związku z tym karać ludzi, a nie pouczać” – dodał.

Przyznał, że biorąc pod uwagę walkę z [tzw.] pandemią i to, że nigdy nie wiadomo, kiedy i gdzie ktoś może się zarazić, „być może powinny być wprowadzone pewne dolegliwości finansowe”. „Choć ja osobiście jestem na stanowisku, że lepiej uświadamiać niż karać” – podkreślił.

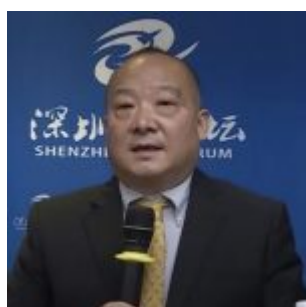
Zgodnie z najnowszym rozporządzeniem Rady Ministrów do 27 grudnia zakrywanie ust i nosa obowiązkowe jest w środkach publicznego transportu zbiorowego, w miejscach ogólnodostępnych, na terenie nieruchomości wspólnych, w obiektach handlowych lub usługowych, placówkach handlowych lub usługowych i na targowiskach.

Ponadto obowiązek ten istnieje także m.in. w zakładach pracy,

jeżeli w pomieszczeniu przebywa więcej niż jedna osoba oraz w określonych budynkach użyteczności publicznej.

Autork: *Sonia Otfinowska*

Chiński uczony przechwala się, że pandemia przyspieszyła realizację planów Pekinu, by prześcignąć Stany Zjednoczone



Niedawno chiński uczony, naśmiewając się, że wirus KPCh zabił około 220 000 Amerykanów w porównaniu z oficjalną niewielką liczbą ofiar śmiertelnych w Chinach, przechwalał się tym, jak Pekin poradził sobie z pandemią.

Li Yi, który jest także rezydentem USA, stwierdził również, że zniszczenie gospodarki spowodowane ogólnoświatową pandemią oznacza, iż realizacja planu Chin prześcignięcia Stanów Zjednoczonych przyspieszyła.

„Ten [COVID-19](#) jest najbardziej niekorzystny dla Europy i Ameryki” – [powiedział](#) Li, socjolog, podczas przemówienia na forum w Shenzhen w południowych Chinach 16 października br.

„Przyniósł on najwięcej korzyści Korei Północnej i Chinom”.

Wskazał na oficjalną liczbę ofiar śmiertelnych podaną przez reżim, wynoszącą ok. 4000 – prawdopodobnie [znacznie niższą](#) od rzeczywistej, biorąc pod uwagę systematyczne i konsekwentne zatajanie oraz zaniżanie liczby zgłaszanych przez reżim wybuchów epidemii w Chinach.

„Ale w porównaniu z 220 000 zgonów w Stanach Zjednoczonych 4000 oznacza brak zgonów, prawda?” – powiedział, śmiejąc się.

Li zaczął wychwalać ożywienie gospodarcze w Chinach w czasie pandemii.

„Przybliżył się dzień, w którym Chiny prześcigną Stany Zjednoczone” – powiedział, dodając, że „do 2027 roku nie będzie problemu”.

„Ameryka nie może przetrwać” – stwierdził Li.

Dodał, że Chińczycy nie zdają sobie sprawy z tego, że „to nie Stany Zjednoczone rozprawiają się z Chinami. W rzeczywistości to my wypieramy Amerykę”.

Przemówienie Li wygłoszone w zeszłym miesiącu przyciągnęło uwagę opinii publicznej dopiero 23 listopada, kiedy to chińskie media zaczęły promować to nagranie wideo na Weibo, chińskiej platformie mediów społecznościowych.

Li, według informacji zawartych na jego profilu na LinkedIn, jest pracownikiem naukowo-badawczym z dziedziny socjologii w chińskim uniwersytecie Renmin University of China, wcześniej studiował w Stanach Zjednoczonych, gdzie otrzymał tytuł magistra na Uniwersytecie Missouri i tytuł doktora na Uniwersytecie Illinois w Chicago.

[Opublikował](#) kilka książek, w tym dwie napisał w języku angielskim na temat chińskiego społeczeństwa.

To nie pierwszy raz, kiedy Li uwłacza Stanom Zjednoczonym.

Naukowiec znany jest z promowania socjalistycznych ideologii reżimu i siłowego zjednoczenia Tajwanu z kontynentem. Regularnie wychwala także wysiłki Wydziału Pracy Zjednoczonego Frontu (ang. United Front Work Department, UFWD), agencji Komunistycznej Partii Chin. UFWD nadzoruje prowadzone przez reżim operacje wywierania wpływu za granicą, których celem jest subwersja społeczeństw na korzyść Pekinu.

W październiku ubiegłego roku w chińskim państwowym serwisie informacyjnym Kunlun Ce [ukazał się](#) wywiad Li z nowojorską radiostacją ICN Chinese American Voice, we Flushing, podczas którego powiedział, że chiński reżim, emitując antyamerykańskie programy wojenne w całym kraju, [z powodzeniem stworzył](#) antyamerykańską atmosferę w czasie wojny handlowej między USA a Chinami.

„Wróciłem do Chin i byłem świadkiem: ciężka choroba, która toczyła Chińczyków przez ostatnie 40 lat [nastawienie proamerykańskie], została wyleczona w ciągu pięciu dni [przez oglądanie filmów i czytanie materiałów propagandowych]” – powiedział Li.

W kwietniu 2019 roku Li został [deportowany z Tajwanu](#) za planowanie przemówienia promującego zjednoczenie wyspy z Chinami, czym naruszył warunki pobytu dla turystów. Li został zaproszony przez organizację UFWD z Tajwanu, aby porozmawiać o planach zjednoczenia Pekinu z Tajwanem w ramach modelu „jeden kraj, dwa systemy”, podobnie jak w Hongkongu i Makau.

Tajwańska agencja imigracyjna oświadczyła wtedy, że Li został zaklasyfikowany „jako persona non grata i w przyszłości nie może odwiedzać Tajwanu”.

Źródło:

theepochtimes.com

Rekonstrukcja chińskiej rewolucji kulturalnej podczas wyborów w USA w 2020 roku



Ostatnie doniesienia mediów głównego nurtu na temat prezydenta Donalda Trumpa przypomniały mi, jako komuś, kto doświadczył życia w komunistycznych Chinach, [rewolucję kulturalną](#). Bez względu na to, jak ktoś jest dobry, Komunistyczna Partia Chin (KPCh) wymyśli kłamstwa, aby zaszkodzić jego reputacji; według KPCh „Kłamstwo powtórzone tysiąc razy staje się prawdą”.

Kampania oszczerstw, która rozpoczęła się, gdy cztery lata temu Trump kandydował na prezydenta, była prowadzona dalej w kierunku skandalu Spygate i bezpodstawnej próby impeachmentu. Wpływowe media głównego nurtu – lewicowa maszyna propagandowa – próbują kontrolować sposób myślenia ludzi. Dlatego media głównego nurtu nie przekazywały prawdy, wliczając w to informacje podawane przez prezydenta oraz wiadomości o jego osiągnięciach; media ignorowały fakty i dodatkowo zamieniały dialog w negatywną narrację.

Co dziwniejsze, media głównego nurtu nie tolerują innych mediów donoszących o faktach; wykorzystują swoje wpływy do atakowania lub tłumienia konkurencyjnych mediów. Przykłady obejmują [stronnicze reportaże śledcze](#) w „The New York Times”

na temat „The Epoch Times”, gazety, która kieruje się prawdomównym dziennikarstwem.

Podejrzewam, że złośliwa kampania przeciwko Trumpowi jest spowodowana jego twardym stanowiskiem wobec KPCh oraz jego chęcią ponownego uczynienia Ameryki wspaniałą. Niestrudzenie pracując dla dobra Ameryki i ludzi, Trump pokazał, że nie boi się oszczerstw i oskarżeń lewicowych mediów.

Lewicowe media głównego nurtu odegrały ogromną rolę w wywieraniu wpływu na opinię publiczną. Jeśli chcą kogoś zniesławić, nagłaśniają historie o negatywnym wydźwięku, bez względu na to, czy są one prawdziwe, czy fałszywe; po pewnym czasie ogół społeczeństwa ma już negatywne wrażenie na temat tego człowieka. A kiedy nadchodzi czas zniszczenia jego reputacji, media z łatwością dorzucają więcej „skandali”, więcej fałszywych oskarżeń.

Następnie elitarni politycy odbierają ofierze władzę lub oskarżają ją o „popełnienie przestępstwa” i w ten sposób lewicowcy osiągają swój cel. W słowniku KPCh nazywa się to „usprawiedliwieniem buntu”. Mao Zedong powiedział, że podstawowym założeniem marksizmu jest to, iż „bunt jest uzasadniony”.

Dla nas, Chińczyków, którzy żyli w reżimie komunistycznym, takie machinacje były na porządku dziennym. Chińczycy, którzy doświadczyli wielu działań zainicjowanych przez KPCh w celu prześladowania Chińczyków, od masakry na placu Tiananmen po brutalne prześladowania i ludobójstwo Falun Gong, dostrzegają poprzez te spiski, czym naprawdę jest KPCh.

Dla założycieli „The Epoch Times”, którzy są chińskimi emigrantami, umyślne manipulowanie opinią publiczną przez tak zwane mainstreamowe media jest jak puszczanie starej płyty; podobnie zmyślanie kłamstw i wzbudzanie obaw przez lewicę postrzegają jako realizowanie tego samego starego scenariusza. Przedstawione w „The Epoch Times” fakty

oraz prawda w pełni zdemaskowały upiorne widmo KPCh i komunizmu.

Sposób, w jaki lewicowe media traktują Trumpa, jest podobny do tego, jak KPCh traktowała dysydentów podczas rewolucji kulturalnej; to, jak zachowywały się podczas [wyborów w 2020 roku](#), jest podobne do tego, jak KPCh uzurpowała sobie władzę i umacniała swój totalitarny reżim w Chinach. Ci, którzy dali się przekupić i wykorzystać, zostaną w końcu porzuceni lub usunięci; prawdopodobnie spotka ich tragiczny los.

KPCh oszukuje i wykorzystuje grupy mniejszościowe oraz większość ubogich ludzi pod pozorem „dbania o nich”. Gdy lewicowi zwolennicy komunistycznego widma zdobywają władzę, grupy służące im za stopnie w schodach na szczyt, stają się ludzkimi ofiarami owego widma. Gdy na stronie internetowej Tuidang czyta się wypowiedzi Chińczyków, którzy wyrzekli się KPCh, można się zorientować, w jaki sposób ci ludzie obudzili się z kłamstw i oszustw KPCh.

To samo dotyczy lewicowych mediów i polityków, którzy atakują „The Epoch Times”. Uważam, że kiedy Joe Biden nie będzie już przydatny dla KPCh, zostanie przez tę partię porzucony. Sami to zobaczymy!

Socjalizm miażdży Amerykę, a terror komunizmu jest niezmiernie nikczemny. Jeśli socjalizm przejmie kontrolę nad Ameryką, to zniesie konstytucję Stanów Zjednoczonych; zniszczy tradycyjne wartości amerykańskie, tak jak stało się to w Chinach za rządów komunistów.

W Chinach komunistyczne przywództwo i [marksizm-leninizm](#) zostały wpisane w konstytucję, a komunizm zniszczył 5000 lat historii i kultury. Chociaż niektóre tak zwane wolności są zapisane w konstytucji Chin, nigdy nie zostały wprowadzone w życie ani nie są chronione. Mnie, jako kogoś, kto przez dziesięciolecia mieszkał w komunistycznych Chinach i przeżył prześladowania, wyryło się to w pamięci.

Ta prawda jest prosta, jednakże lewicowcy – agenci komunistycznego widma w Stanach Zjednoczonych i politycy infiltrowani przez KPCh – okłamywali opinię publiczną i starali się tę prawdę ukryć. Zaatakowali Trumpa, podważając jego reputację, i użyli propagandy, aby zasugerować, że to, co popiera – walkę z komunizmem i socjalizmem – jest również złe..., ponieważ właśnie tym, czego chcą lewicowi politycy i lewicowe media, jest socjalizm.

Dlatego też, opierając się na tych założeniach i celu, wydawcy „The New York Times” musieli zaatakować „The Epoch Times”.

Lewicowe media powtarzały również w kółko, że Falun Gong jest złe. Dlaczego? Czy było tak dlatego, że w Falun Gong wierzy się w prawdomówność, życzliwość i cierpliwość? Dla tych ludzi mam pewną informację, że tylko KPCh sprzeciwia się Falun Gong i prześladowuje Falun Gong od 21 lat. KPCh wierzy w kłamstwa, zło i przemoc, w wyniku czego zmierza w kierunku nieuchronnego zniszczenia. Cały świat zna jej niegodziwość. Jednocześnie świat jako całość również wie, że prawdomówność, życzliwość i cierpliwość są dobre.

Kiedyś zadałem proste pytanie grupie ludzi, wśród których byli przywódcy różnych religii i politycy o różnych poglądach politycznych: „Gdyby Jezus, Siakjamuni i Laozi byli tu z nami w dzisiejszym świecie – zapytałem – czy myślicie, że sprzeciwialiby się prawdomówności, życzliwości i cierpliwości?”. Poważnie się nad tym zastanowili i odpowiedzieli: „Nie”.

Następnie zapytałem: „Kto byłby przeciwny prawdomówności, życzliwości i cierpliwości?”. W tamtej chwili nie potrafili wymienić nikogo.

Powiedziałem im, że KPCh jest przeciwna Falun Gong od ponad 20 lat. Desperacko prześladowuje Falun Gong od ponad 20 lat, ale zwolennicy Falun Gong poinformowali świat o prawdomówności, życzliwości i cierpliwości; w międzyczasie

cały świat poznał zło KPCh. Świat jako całość gardzi KPCh i KPCh zmierza ku zniszczeniu.

Prawdomówność, Życzliwość, Cierpliwość

Marksizm, teoretyczny fundament KPCh, jest zarówno fałszywy, jak i zły, więc zarówno w Europie Wschodniej, jak i w Azji, KPCh udowodniła swe skorumpowanie. KPCh jest fałszywa, okrutna i gwałtowna, stoi w bezpośredniej sprzeczności z prawdą, życzliwością i cierpliwością.

Popatrzmy na Stany Zjednoczone, Chiny, Tajwan, Hongkong i świat jako całość. Jeśli są [kontrolowani przez KPCh](#), to są kontrolowani przez siły ciemności.

Jeśli wybory zostaną przeprowadzane w sposób uczciwy, jeśli będziemy przestrzegać Konstytucji Stanów Zjednoczonych, jeśli będziemy przestrzegać uniwersalnych wartości i jeśli wszyscy będą przestrzegać prawdomówności, życzliwości i cierpliwości, to świat zmieni się na lepsze.

Z fundamentalnego punktu widzenia, jeśli ludzie wierzą w Stwórcę i moralność, to dla takiego kraju i jego poszczególnych ludzi cuda mogą się wydarzyć.

Jeśli standardy moralne każdego będą wzniosłe, a politycy będą lojalnie pracować dla kraju i ludzi, to oszustwa czy korupcja nie pojawią się już więcej; ludzie o szlachetnej moralności będą się wspierać i troszczyć o siebie nawzajem; a nasze życie może się stać naprawdę piękne.

Yangtian Li osobiście doświadczył rewolucji kulturalnej w Chinach. Obecnie mieszka w południowej Kalifornii.

Źródło:

theepochtimes.com