

Singapur jako pierwszy kraj zatwierdził sprzedaż mięsa laboratoryjnego



Singapur dał zielone światło amerykańskiemu start-upowi Eat Just do sprzedaży mięsa z kurczaka wyhodowanego w laboratorium, co według firmy jest pierwszym na świecie zezwoleniem regulacyjnym na tak zwane czyste mięso, które nie pochodzi z ubitych zwierząt.

Mięso, które ma być sprzedawane w postaci nuggetsów, będzie wycenione po najlepszych cenach kurczaka, kiedy sprzedaż rozpocznie się w restauracji w Singapurze „w najbliższej przyszłości” – powiedział współzałożyciel i dyrektor generalny Josh Tetrick.

Zapotrzebowanie na alternatywy dla zwykłego mięsa rośnie z powodu obaw o zdrowie, dobrostan zwierząt i środowisko. Roślinne substytuty, spopularyzowane przez takie firmy jak Beyond Meat, Impossible Foods i Quorn, coraz częściej pojawiają się na półkach supermarketów i w menu restauracji.

Ale tak zwane czyste lub hodowane mięso, które jest hodowane z komórek mięśni zwierzęcych w laboratorium, wciąż znajduje się na początkowym etapie, biorąc pod uwagę wysokie koszty produkcji.

Singapur, państwo-miasto zamieszkałe przez 5,7 miliona ludzi, obecnie produkuje tylko około 10 procent swojej żywności, ale

ma [ambitne plany](#) zwiększenia tego w ciągu następnej dekady, wspierając zaawansowane technologicznie rolnictwo i nowe sposoby produkcji żywności.

Tetrick powiedział, że firma z San Francisco rozmawia również z amerykańskimi organami nadzoru.

„Wyobrażam sobie, że Stany Zjednoczone, Europa Zachodnia, i inni zobaczą, co Singapur był w stanie zrobić, rygorystyczne ramy, które stworzyli. I wyobrażam sobie, że będą próbowali wykorzystać to jako szablon do złożenia własnych ram”- powiedział w wywiadzie.

Singapurska Agencja Żywności stwierdziła, że ☐dokonała przeglądu danych dotyczących procesu, kontroli produkcji i testów bezpieczeństwa przed udzieleniem zezwolenia.

Eat Just powiedział, że będzie produkować produkt w Singapurze, gdzie planuje również rozpocząć produkcję substytutu jajka na bazie fasoli mung, który jest sprzedawany komercyjnie w Stanach Zjednoczonych.

Założona w 2011 roku firma Eat Just zalicza do swoich sponsorów potentata z Hongkongu Li Ka-shinga i inwestora stanowego Singapuru, firmę Temasek. Firma zebrała ponad 300 milionów dolarów od momentu powstania, powiedział Tetrick, i jest wyceniana na około 1,2 miliarda dolarów.

Dodał, że celuje w rentowność na poziomie dochodu operacyjnego przed końcem 2021 roku i ma nadzieję, że wkrótce pojawi się na giełdzie.

Na całym świecie ponad dwa tuziny firm testuje hodowane w laboratoriach ryby, wołowinę i kurczaki, mając nadzieję wbić się do niesprawdzonego segmentu alternatywnego rynku mięsnego, którego wartość według Barclays może być warta 140 miliardów dolarów do 2029 roku.

Konkurenci przyciągnęli również wzrok inwestorów.

Memphis Meats z siedzibą w USA zebrał w tym roku fundusze w ramach umowy prowadzonej przez japońską Grupę SoftBank i Temasek, a wśród swoich sponsorów zalicza również Billa Gatesa i Richarda Bransona.

Singapurska firma Shiok Meats, która chce zostać pierwszą firmą, która będzie sprzedawać krewetki hodowane w laboratorium, jest wspierana przez Henry'ego Soesanto z filipińskiego Monde Nissin Corp., który jest również właścicielem Quorn.

Źródło:

theepochtimes.com

Dr Mike Yeadon: Covid-19 i konsekwencje lockdownów



Poniższy materiał filmowy przedstawia jeden z najbardziej erudycyjnych i pouczających spojrzeń na Covid-19 i konsekwencje lockdownów. Nagranie pojawiło się na YouTube i zostało przymusowo usunięte zaledwie 2 godziny po opublikowaniu. Poniżej przedstawiamy transkrypt i kopie nagrania z polskimi napisami. Jest to jeden z lepszych wywiadów o kowidowej tematyce, jakie widzieliśmy w tym roku.

Linki do filmu na różnych portalach:

brighteon.com

bitchute.com

Poniżej transkrypt z materiału video:

Nazywam się dr Micheal Yeadon, posiadam dyplom pierwszego stopnia z chemii biologicznej oraz toksykologii. Następnie zdobyłem doktorat z farmakologii układu oddechowego. Następnie całe życie zawodowe poświęciłem pracy badawczej w przemyśle farmaceutycznych, także w firmach tzw. Wielkiej Farmacji i firmach biotechnologicznych.

Moje pole zainteresowań to wszelkie formy stanów zapalnych, immunologia, alergie w kontekście układu oddechowego, czyli płuca, ale także tkanka skórna. Można zatem powiedzieć, że mam olbrzymie doświadczenie na polu stanów zapalnych, immunologii i pulmonologii oraz badań w tym zakresie.

Po raz pierwszy zaniepokoiłem się sposobem naszej odpowiedzi na pandemię koronawirusa gdzieś w drugiej połowie kwietnia. Stało się wtedy dla mnie jasne, że jeśli spojrzeć na statystykę dziennych zgonów, względem ówczesnych danych, pandemia ta już jest w odwrocie, co cieszy, że fala słabnie i teraz pozostanie nam przyglądanie się malejącej ilości zakażeń w kolejnych miesiącach. I tak się też stało.

Naukowa Grupa Doradcza ds. Sytuacji Nadzwyczajnych (SAGE)

Dlatego zaniepokoiło mnie, narastające obostrzenia odnośnie przemieszczania się i działań mieszkańców mojego kraju. Wtedy nie potrafiłem znaleźć uzasadnienia tych działań i do teraz nie potrafię. Odpowiedź rządu na ten kryzys kierowana jest przez grupę naukowców zasiadającą w **Zespole Doradczym Reagowania Strategicznego w Sytuacjach Kryzysowych, w skrócie SAGE.**

Zadaniem tego zespołu naukowego jest doradzanie rządowi

odnośnie walki z kryzysem, SAGE jednak popełnił kilka fundamentalnych błędów, co w efekcie poskutkowało błędnym doradztwem, które nie tylko ma fatalne skutki dla gospodarki, ale także dotyczy służby zdrowia, a pacjenci nie mają dostępu do skutecznego leczenia.

SAGE przyjął, że ponieważ SARS-CoV-2 jest „nowym” wirusem, **założono, że nikt w populacji nie ma na niego odporności.**

To jest pierwszy błąd. Kiedy po raz pierwszy usłyszałem to stanowisko, to wpadłem w zakłopotanie, ponieważ wiedziałem, jako że przeczytałem dostępną literaturę naukową, że wirus ten jest 80 proc. podobny do innego znanego wirusa zwanego SARS-CoV-1, z którym mieliśmy do czynienia w 2003 r.

Co więcej, jest on podobny w niektórych fragmentach do koronawirusa wywołującego chorobę przeziębieniową.

Kiedy dowiedziałem się o rozprzestrzenianiu się koronawirusa na świecie, nie byłem tak zaniepokojony, jak niektóre osoby, ponieważ wiedziałem, że skoro znane są nam 4 typy koronawirusów przeziębienia, a więc znaczna liczba osób miała już do czynienia z tego typu wirusem, najpewniej już posiadamy wystarczającą odporność jako społeczeństwo.

Słowem wyjaśnienia, dlaczego byłem pewny swego zdania.

Zapewne każdy zna historię Edwarda Jennera i wynalezienia szczepionki, historii o ospie prawdziwej i krowiance. Opowieść o tym, jak to mleczarki miały bardzo gładką skórę, że nigdy nie cierpiały na choroby takie jak ospa prawdziwa, która to choroba jeśli nie kończy się śmiercią, to pozostawia trwałe blizny na skórze.

Przyczyną [hipotezą], dla których osoby takie były odporne było to, że zostały wyeksponowane na mniej groźną wersję wirusa, wirusa krowianki. Edward Jenner wpadł na pomysł, że jeśli ospa krowia pozwala tym kobietom uniknąć ospy

prawdziwej, to rozumował, że można spróbować wystawić organizm innej osoby na wirus krowianki, a być może uda się wykształcić u tej osoby odporność na ospę prawdziwą.

[Szczepienia: Historia mitu – Roman Bystrianyuk i dr Suzanne Humphries](#)

[Termin Szczepienia w 9 wydaniu Encyklopedii Britannica – Dr Charles Creighton](#)

[Antyszczepionkowa Liga z Leicester – 1869 rok](#)

[Metoda Leicester – ospa prawdziwa i nieszczepieni](#)

[Fakty dowodzące, że SZCZEPIENIA są zbędne i niebezpieczne. Na przestrzeni czterdziestu pięciu lat prowadzenia statystyk rejestracji – Alfred R. Wallace](#)

[O krzyczącej niedorzeczności i strasznej szkodliwości szczepienia ospy \[1904\] – Wincenty Pixa](#)

Wykonał on eksperyment, który obecnie nie mógłby być wykonany z powodów etycznych.

Jak się podaje, choć nie mamy do końca pewności, Jenner pozyskał dawkę płynów ustrojowych osoby zakażonej krowianką, choroby krótkiej i o łagodnym przebiegu. Pozyskany materiał wtarł w skórę młodego chłopca.

Kilka tygodni później w podobny sposób pozyskał materiał od osoby umierającej na ospę prawdziwą i zakaził chłopca wirusem. Jak się okazało, chłopiec nie zachorował na ospę. W ten sposób **zapoczątkowano dziedzinę nauki zwaną wakcynologią. Nawa ta pochodzi od słowa „vacos”, łacińskiego określenia na krowę.**

Tak więc nie jest nam obca **idea odporności krzyżowej**. Myślałem również sporo o podatnych osobach przebywających w oddziałach opieki, gdzie oczywiście przestrzegane są standardy ochrony osobistej itd., ale to jest skuteczne tylko do pewnego stopnia w środowisku, gdzie osoby przebywają ze sobą bardzo blisko w zamkniętym budynku.

Cały czas dręczyło mnie pytanie, czy jeśli 1 czy 2 osoby w domu opieki zaraziły się wirusem, to czy z czasem wirusem nie

zarażą się wszyscy pensjonariusze? Tak się nie stało.

Jednym z możliwych wyjaśnień tej sytuacji jest to, że spora liczba osób przebywających w takich ośrodkach posiadała nabytą wcześniej odporność. W tym okresie roku ok. 1 osoba na 30 łapie przeziębienie wywołane jednym z tych koronawirusów.

Podobnie jak w przypadku odporności na ospę prawdziwą nabytej poprzez ekspozycje na wirusa krowianki, osoby, które przeszły przeziębienie wywołane jednym z koronawirusów je wywołujących w ten sposób nabyły odporność na SARS-CoV-2.

Tak więc około 30 procent populacji było odporne jeszcze przed początkiem epidemii. **SAGE twierdziło, że odporność była na poziomie 0 proc. i do dziś zachodzę w głowę, na jakiej podstawie tak stwierdzono.**

Teraz drugi, równie fatalny błąd nieuwzględniony w ich modelu. Odsetek osób w populacji zakażonych dotychczas wirusem wg. SAGE wynosi jakieś 7 proc.

Wiem, że tego się trzymają, co łatwo można sprawdzić zaglądając do ich dokumentu opublikowanego we wrześniu zatytułowanego „Działania poza farmakologiczne”, gdzie czytamy, że niestety ponad 90 proc. populacji jest nadal narażone.

To jest niewiarygodny błąd. Wytłumaczę, dlaczego tak uważam. **Ta statystyka bazuje na odsetku osób w kraju, które posiadają przeciwciała w swojej krwi, a wyłącznie w przypadku osób, które ciężko zachorowały, organizmy miały potrzebę wytworzenia przeciwciał.**

To prawda, że w przypadku osób o dużym stężeniu przeciwciał w istocie mamy do czynienia z osobami zakażonymi, ale w przypadku znacznej części osób mieliśmy do czynienia z lekkimi objawami, a większość ludzi przeszła zakażenie bezobjawowo.

[W czterech więzieniach w USA prawie 3300 osadzonych przeszło](#)

testy na koronawirusa z wynikiem pozytywnym – 96% bez żadnych objawów

Najlepsze szacunki, jakich możemy dokonać, to że osoby te nie wytworzyły przeciwciał lub wytworzyły bardzo mało i te przeciwciała te do tego czasu zaniknęły.

Jedna z najnowszych publikacji naukowych odnośnie odsetka pensjonariuszy domów opieki, którzy posiadają przeciwciała, jest bardzo interesująca. W badaniu tym stosowano bardzo czułe testy na przeciwciała. Testy te wyłapały osoby, które nigdy nie otrzymały pozytywnego wyniku testu PCR, czyli nigdy nie zaraziły się wirusem.

Okazało się że 65 proc. tych osób posiadało przeciwciała w organizmie, choć nigdy się [objawowo] nie zarazili. To każe mi uważać, że mieliśmy do czynienia z wysoką odpornością w populacji przed pojawieniem się wirusa.

Ostatnio dużo się mówiło w mediach odnośnie tego, że **odsetek osób z przeciwciałami spada.** Przedstawiano to jako problem krótkotrwałej odporności na SARS-CoV-2. Ale każdy, kto posiada wiedzę w zakresie immunologii, po prostu takie stwierdzenie by odrzucił. Nie tak działa mechanizm immunologiczny. Dotyczy to limfocytów T.

Jeśli zatem liczba przeciwciał w populacji spada stopniowo z czasem, od wiosny to dnia dzisiejszego, **jedynym sensowym wyjaśnieniem jest to, że częstość występowania wirusa w populacji spada,** stąd mamy stopniowy spadek liczby wytwarzanych przeciwciał.

Mniej niż 40 proc. populacji było podatne na wirusa. Nawet epidemiolodzy zajmujący się czystą teorią powiedzą, że to za mała liczba, by móc przyczynić się do rozprzestrzeniania się epidemii. Odporność zbiorowiskowa, inaczej **odporność stadna.**

SAGE twierdzi, że nawet się nie zbliżyliśmy do wymaganego poziom, ale ja twierdzę, że najlepsi naukowcy z całego świata,

publikujący w najbardziej prestiżowych recenzowanych czasopismach naukowych twierdzą, że SAGE się myli.

Postuluje się, że **ponad 60 proc. populacji posiada odporność na wirusa**, zwyczajnie nie jest możliwe, byśmy mieli do czynienia z nasilającą się pandemią.

Dobra wiadomość, autentycznie dobra wiadomość jest taka, że mamy coraz więcej danych pochodzących z testów klinicznych potencjalnych szczepionek.

Szczepionki te nie tylko zwiększają liczbę przeciwciał, ale także pobudzają odpowiedź w postaci wzmożonej produkcji limfocytów T. To świetna wiadomość płynąca z solidnych badań naukowych, zgodnych z wiedzą z zakresu immunologii. Tak właśnie wyglądają procesy immunologiczne w walce organizmu z wirusami.

Dziwi mnie, a nawet irytuje, że kiedy mówi się o części populacji wciąż podatnej na zakażenie, mówimy wyłącznie o przeciwciałach, jak w przypadków tych 7 proc. podawanych przez SAGE.

[Covid-19: Jak dużo osób posiada istniejącą wcześniej odporność? – dr Peter Doshi](#)

Dlaczego nie mówimy o 50 proc. populacji, która posiada odporność bazującą na limfocytach T? Myślicie sobie zapewne, że skoro dr Mike Yeadon opowiada Wam takie rzeczy, dlaczego pandemia się jeszcze nie skończyła?

To może być dla Was zaskoczeniem, ale uważam, że pandemia w zasadzie już się skończyła. Kraj przeszedł niemalże cały cykl procesu rozprzestrzeniania się wirusa, który teraz się domyka.

Wiosną Londyn został bardzo mocno dotknięty pandemią. W okolicach kwietnia dziennie umierało setki osób. Osoby te miały podobne symptomy, czyli zapaść układu oddechowego i stany zapalne. Obecnie w stolicy z powodu SARS-CoV-2 umiera

mniej niż 10 osób dziennie. **Mamy do czynienia ze spadkiem o ok. 98 proc.** Powodem, dla którego takie spadki odnotowujemy jest to, że w Londynie zbyt mała liczba osób jest narażona na wirusa, by ten mógł się namnażać, przenosić i spowodować wybuch epidemii. **Gdyby było inaczej, to Londyn byłby pierwszym ogniskiem wybuchu drugiej fali, gdyż wiosną to właśnie tam po raz pierwszy wirus się pojawił.**

Myślę, że obecnie mamy do czynienia w północno-wschodniej i północno-zachodniej części kraju z wygaszaniem ostatnich tłących się źródeł zakażeń. Oczywiście mi również jest przykro, że niektórzy wciąż się zakażają i umierają. **Dlaczego w mediach nie mówi się, że pandemia już minęła? Nie skończyła się, ponieważ tak mówi SAGE.**

Zespół SAGE tworzą naukowcy z wielu różnych dziedzin: matematycy, lekarze, itp. Podzieleni są na mniejsze komisje. Ku memu zdziwieniu, czy może raczej przerażeniu, dowiedziałem się, że w okresie od wiosny do lata włącznie SAGE nie miała w swoim gronie immunologa klinicznego z prawdziwego zdarzenia.

Przez wiosnę i lato SAGE miał braki w zakresie odpowiednich ekspertów. Powinni zaprosić do swojego grona osoby, które znają się na rzeczy, ale tego nie uczyniono. Ludzie pytają mnie:

„Mike, skoro w zasadzie epidemia już się skończyła, dlaczego nadal umierają setki osób dziennie z powodu SARS-CoV-2?”

Dużo o tym myślałem. Po pobraniu wymazu z nosogardzieli wykonuje się test, test zwany PCR, na takiej próbce. **Test ma za zadanie wykryć nie wirusa, mogłoby się wydawać, że celem jest wykrycie wirusa, ale nie taki jest cel testu, ale ma za zadanie wykryć fragment sekwencji genetycznej RNA.**

Niestety, ten fragment sekwencji RNA zostanie wykryty w wymazie z nosa czy migdałków nie wtedy, gdy osoby te zachorują niebawem lub już są chore, ale **wykryty zostanie również wtedy, gdy osoba ta przeszła wcześniej zakażenie.**

Tygodnie lub nawet miesiące temu. Już tłumaczę, dlaczego tak się dzieje. Jeśli się zaraziłeś i organizm zwalczył wirusa, jak to ma miejsce najczęściej, w twoim organizmie pozostaną drobne cząsteczki tego wirusa mniejsze niż pojedyncza komórka, zalegające gdzieś w układzie oddechowym, w śluzie, np. w komórkach ścian dróg oddechowych.

Przez okres tygodni czy miesięcy posiadasz w organizmie fragmenty zwalczonego przez układ odpornościowy wirusa. Jednakże test PCR nie jest w stanie wykazać, czy materiał RNA pochodzi od „aktywnego” czy „martwego” wirusa.

Moim zdaniem znaczna część wyników pozytywnych to w istocie jak ja to nazywam „zimne” wyniki pozytywne, to znaczy test poprawnie wykrywa istnienie RNA wirusa w próbce, ale to RNA pochodzi od „martwego” wirusa, który nie stanowi zagrożenia dla organizmu, nie powoduje zachorowania, nie może zostać przeniesiony na inną osobę, nie jest zaraźliwy.

Taka sytuacja dotyczy znacznej liczby wyników pozytywnych. Organizmy tych osób zwalczyły wirusa. **Dlaczego zatem stosujemy testy, które nie odróżniają aktywnego zakażenia od zwalczonego już wirusa.** Ten test nigdy nie był stosowany w ten sposób,

[Testy PCR na COVID-19 z naukowego punktu widzenia są pozbawione sensu – Torsten Engelbrecht i Konstantin Demeter](#)
[Co miał wykrywać test na koronawirusa? – Celia Farber](#)
[Wiara w szybki test \[na krztuśca\] doprowadziła do epidemii, której nie było \[2007\]](#)

Wiem, ponieważ mam na tym polu doświadczenie zawodowe. **To nie jest adekwatna metoda w tym przypadku**, ta technika ma raczej zastosowanie w medycynie sądowej, gdzie chcemy badaniem DNA ustalić, czy dana osoba znajdowała się na miejscu zbrodni.

Takich testów nie przeprowadza się na parkingu przez supermarket w wietrzny dzień, pod jak to wygląda plastikowym stoiskiem namiotowym, na stole piknikowym. Test tego typu nie jest w tej sytuacji odpowiedni i nie powinien być wykonywany w

takich warunkach.

Taki sposób przeprowadzania testów jest podatny na różnego rodzaju błędy i niedopatrzienia w obchodzeniu się z materiałem testowym.

W przypadku zastosowania tego testu w ramach działań śledczych, dochodzenia sądowego np. w celu identyfikacji na podstawie testu DNA, sąd odrzuciłby taki materiał dowodowy jako nie do przyjęcia. **Test ten daje wyniki pozytywne nawet wtedy, kiedy wirusa już dawno został zwalczony przez organizm.**

Taki wynik określa się mianem fałszywie pozytywnego. Wraz ze zwiększeniem dziennej liczby testów, wymagało to zaangażowania mniej doświadczonych laborantów, a teraz do tego zatrudnia się osoby bez jakiegokolwiek doświadczenia na tym polu.

Taka sytuacja **generuje zwiększoną ilość popełnianych błędów i w efekcie mamy do czynienia również ze wzrostem liczby wyników fałszywie pozytywnych.** Jeśli zatem odsetek wyników fałszywie pozytywnych wynosi 1 proc., co jak twierdzi Matt Hancock, z takim mniej więcej odsetkiem mieliśmy do czynienia w sezonie letnim, zatem na 1000 przetestowanych osób, którzy nie są zakażone, 10 z nich otrzyma wynik pozytywny, niestety.

Jeśli zakażona wirusem jest jedna osoba na tysiąc w danej populacji, czyli dotyczy to 0,1 proc. populacji, a taką statystkę podaje Narodowe Biuro Statystyk na sezon letni, to stosowanie testów PCR da zaledwie jeden wynik prawdziwie pozytywny. Ale jeśli odsetek wyników fałszywie pozytywnych wynosi 1 proc., oznacza to tyle, że otrzymamy również 10 wyników fałszywie pozytywnych.

[Dr Mike Yeadon: Jaki jest wskaźnik fałszywie dodatnich wyników? \[17 wrzesień\]](#)

[Wyniki fałszywie pozytywne na COVID-19 – dr Andrew Kaufman](#)

Niektórzy mówi mi, że owszem, ale będziemy mieli większy odsetek osób testujących się poza szpitalnie w ramach tzw.

drugiego filaru, ponieważ od szpitala powinny zgłaszać się wyłącznie osoby, które zauważyły u siebie symptomy choroby, ale ja uważam że to bzdura.

Według mnie to nie jest prawda. Mam znajomych, których pracodawca powiedział im, że skoro przebywali w pobliżu osoby pozytywnej, to nie mają przychodzić do pracy, dopóki nie otrzymają wyniku negatywnego.

Widziałem materiały informacyjne z wielu miast na północy kraju, takich jak Birmingham, Manchester, Bolton, których Rady Miejskie, zapewne ze zwykłej troski o obywateli, rozsyłały po mieszkaniach ulotki informacyjne odnośnie podejmowanych działań mających na celu testowanie mieszkańców na wirusa.

Gdy zaczniemy testować losowo zamiast wyłącznie osoby symptomatyczne [objawowe], otrzymamy te same wyniki częstości występowania wirusa w populacji, które podaje Narodowe Biuro Statystyk, czyli 1 osoba zakażona na 1000.

Przed chwilą powiedziałem, a pan Hancock to potwierdził w przypadku sezonu letniego, że odsetek wyników fałszywie pozytywnych wynosi ok. 1 proc., co oznacza, że **na 1000 przetestowanych, 10 wyników to będą wyniki fałszywie pozytywne, a zaledwie 1 przypadek to będzie wynik prawdziwie pozytywny.**

Ten test jest monstrualnie nieodpowiedni do wykrywania osób z aktywnym wirusem w układzie oddechowym. Jest podatny na mnóstwo zniekształceń, które tylko pogorszą się wraz z nastaniem zimy.

Wraz ze wzrostem liczby testów wykonywanych dziennie liczba błędów popełnianych przez przepracowanych i niekoniecznie przesadnie doświadczonych laborantów również wzrośnie. Nie wydaje mi nie czymś nierozsądnym stwierdzenie, że obecne szacunki odnośnie odsetka wyników fałszywie pozytywnych, czyli tzw. operacyjny szacunek odsetka wyników fałszywie pozytywnych, wynosi jakieś 5 proc. **5 proc. z 300 tys. daje**

liczbę 15 tys. wyników pozytywnych.

Owszem, niektóre z tych wyników to wyniki prawdziwie pozytywne, ale to jest niewielka liczba. Problem z wynikami fałszywie pozytywnymi nie dotyczy wyłącznie samych przypadków zakażenia, ale obejmuje także osoby, które nie czują się dobrze i zgłaszają się do szpitala.

Tak więc osoby przetestowane pozytywnie, które udają się do szpitala, ich wyniki mogą być fałszywie pozytywne, co jak sądzę dotyczy większości tych wyników na chwilę obecną. **Jeśli zgłaszasz się do szpitala, a miałeś wynik pozytywny wcześniej lub taki otrzymałeś już w samym szpitalu, będziesz zaklasyfikowany jako pacjent covidowy.**

Choć przyjeść do szpitala jest więcej, niż miesiąc temu, niestety jest to norma w sezonie jesiennym. Ludzie łapią wirusa układu oddechowego i niektórzy umierają. Ja natomiast uważam, że nie ma to już nic wspólnego z COVID-19.

Obecnie mamy więcej pacjentów na oddziałach intensywnej terapii, niż miesiąc temu czy wcześniej i jest to zupełnie normalne w sezonie jesienno-zimowym, że te łóżka są zagospodarowywane. Ale liczba ta nie jakoś znacząco wyższa, niż normalnie w tym sezonie i zdecydowanie nie przekroczyliśmy jeszcze wydolności systemu na poziomie krajowym.

[Dr Scott Jensen o statystykach śmiertelności COVID-19](#)

Ale pewnie już domyślacie się, do czego zmierzam – jeśli osoba umiera w obecnych warunkach, w akcie zgonu umieszczany jest COVID-19 jako przyczyna zgonu. Ale to nie jest prawda. Tacy pacjenci mogli zgłosić się do szpitala np. ze złamaną nogą, ale 3 proc. z nich i tak otrzyma wynik pozytywny testu, choć nie są chorzy, bo to jest wynik fałszywie pozytywny.

W przypadku zgonu klasyfikowani są jako ofiary COVID-19, choć przyczyna śmierci mogła być inna. Jedną z najbardziej dla niepokojących rzeczy w tym roku była wypowiedź premiera

Johnsona odnośnie „[Operacji Moonshot](#)”, czyli planu testowania wszystkich obywateli, nawet w trybie codziennym i że jest to rzekomo sposób wyjścia z tego kryzysu.

Ja jednak twierdzę, że to jest sposób na niewyjście z tego kryzysu, i siedzenie w tym bagnie. Taka liczba testów jest większa o kilka rzędów wielkości niż liczba obecnie wykonywanych testów, a odsetek wyników fałszywie pozytywnych, jakkolwiek niski by nie był, będzie znacznie wyższy, niż jesteśmy w stanie zaakceptować.

Będziemy mieli do czynienia z ogromną liczbą testów fałszywie pozytywnych. Moim zdaniem powinniśmy zaprzestać masowego testowania nie tylko dlatego, że jest to naruszenie wolności obywatelskich.

Testowanie nic nie poprawi i będzie się wiązać z olbrzymimi kosztami. To będzie patologia sama w sobie. Będziemy zmuszeni walczyć z głupimi ludźmi, najczęściej z urzędnikami rządowymi, którzy nie mają wystarczającej wiedzy z zakresu statystyki.

Jeśli przetestujemy dziennie milion osób testem, który daje 1 proc. wyników fałszywie pozytywnych, 10 tys. osób dziennie otrzyma wynik fałszywie wskazujący, że mają wirusa. Jeśli częstość występowania wirusa w populacji wynosi jakieś 0,1 proc. jak Narodowe Biuro Statystyk podało dla sezonu letniego, to zaledwie 1/10 tej liczby, czyli 1000 osób otrzyma wynik prawdziwie pozytywny.

Ale pośród tych 11 tys. nie jesteśmy w stanie wyróżnić osoby zakażone i osoby z wynikiem fałszywie pozytywnym. Moim zdaniem „Operacja Moonshot” pokaże jeszcze wyższy odsetek wyników fałszywie pozytywnych. Tego nie da się ot tak naprawić. Nie jest to również działanie konieczne. Wraz z zakończeniem pandemii w populacjach Wlk. Brytanii, Europy i zapewne całego świata już niebawem, ta już nie powróci.

Dlaczego nie powróci? Ponieważ **nasze organizmy wykształciły odporność na bazie limfocytów T.** Wskazują na to badania

prowadzone przez najlepszych immunologów komórkowych na świecie. Niekiedy spotkamy się ze stwierdzeniem, że wygląda na to, że odporność zaczyna spadać.

Można się spotkać z takimi wypowiedziami. Kiedy po raz pierwszy natknąłem się na taki nagłówek w wiadomościach, mocno się zdziwiłem, ponieważ mechanizm immunologiczny tak nie działa. Zastanówmy się na chwilę. Gdyby tak funkcjonował nasz układ odpornościowy, infekcja mogłaby zakończyć się śmiercią, więc organizm musi ją zwalczyć.

Po zwalczeniu choroby nie pozostałby żaden ślad w organizmie. Ale taki ślad pozostaje – pamięć o tym, w jaki sposób organizm sobie poradził z chorobą. Uwzględnia pewne receptory rozpoznające wzorce i w konsekwencji powstają wyspecjalizowane komórki pamięci, które pamiętają, z czym przyszło im zwycięsko walczyć.

Jeśli ponownie przyjdzie im się zmierzyć z tym wrogiem, organizm będzie w stanie skuteczniej wysłać te komórki do walki z infekcją w ciągu minut czy godzin, chroniąc organizm.

Najbardziej prawdopodobnym wytłumaczeniem jest ochrona długotrwała. **Przejrzałem literaturę na temat tej „wygasającej odporności” i dotyczy to wyłącznie przeciwciał.**

Nieuzasadnionym jest traktowanie przeciwciał i czasu ich istnienia w organizmie jako miary skuteczności ochrony przeciwko wirusom. Ja oczywiście się z tym nie zgadzam.

Przeprowadzono wiele klasycznych eksperymentów u osób, które posiadają wrodzone wady układu immunologicznego, w tym także wady uniemożliwiające ich organizmom wytwarzanie przeciwciał.

[Agammaglobulinemia, odporność i szczepienia – Roman Bystriany](#)

Co się okazuje? **Organizmy tych osób radzą sobie równie dobrze z wirusami układu oddechowego, jak mój czy Wasze organizmy.** Tak więc przeciwciała same w sobie nie są

szkodliwe, choć niektórzy obawiają się potencjalnie szkodliwego namnażanie się przeciwciał w przypadku stanu zapalnego.

Moim zdaniem są one raczej neutralne dla organizmu i na pewno nie należy wierzyć w historie jakoby zanikające przeciwciała powodują utratę odporności. Znow, ludzki układ immunologiczny tak po prostu nie funkcjonuje.

Najbardziej prawdopodobny okres trwania odporności na wirusa układu oddechowego takiego jak SARS-CoV-2 wynosi kilkanaście lat. Dlaczego o tym mówię? Ponieważ **dysponujemy danymi odnośnie wirusa SARS-CoV-1, który kilkanaście lat temu krążył po świecie.** Pamiętajmy, że SARS-CoV-1 jest w 80 procentach podobny do SARS-CoV-1.

Uważam, że to najlepszy punkt odniesienia można zaproponować. Dowody stanowią jasno. Pewien błyskotliwy immunolog komórkowy zbadał wszystkie te osoby, które wyzdrowiały po zakażeniu SARS-CoV-1. Pobrano próbki krwi i przetestowano, czy zachodzi reakcja na ekspozycję na SARS-CoV-1.

I owszem, taka reakcja nastąpiła. **Osoby te posiadały w pełni sprawną pamięć immunologiczną bazującą na limfocytach T. Oczywiście posiadają także odporność na SARS-CoV-2, co wynika z dużego podobieństwa tych wirusów.**

Odporność krzyżowa

Tak więc twierdzę, że **na podstawie najlepszych dostępnych danych można dojść do wniosku, że czas trwania skutecznej odporności wynosi co najmniej 17 lat, a nawet jest prawdopodobnym, że ma ona charakter dożywotni.**

Odpowiedź limfocytów T w organizmach tych osób miała charakter podobny do testu, czy szczepionka nadal działa po wcześniejszej jej aplikacji, czy odporność nadal jest aktywna.

Uważam, że posiadamy mocne dowody na to, że czas trwania

odporności może wynosić lata a może nawet mieć charakter dożywotni. Mieliśmy zaledwie **kilka przypadków osób, które jak się wydaje zaraziły się ponownie**. To bardzo interesujące przypadki i musimy im się bliżej przyjrzeć. **Najprawdopodobniej osoby te cierpią na zaburzenia układu immunologicznego.**

Nie twierdzę, że ponowne zakażenie nie jest możliwe, zaznaczam tylko, że **dotyczy to zaledwie 5 czy 50 osób**. WHO podało kilka tygodni temu szacunki, że **dotychczas z powodu SARS-CoV-2 ucierpiało ok. 750 mln osób.**

Oznacza to, że większość z tych osób nie zarazi się ponownie. Dlaczego tak się dzieje? Ponieważ jest to normalny proces, tak to właśnie wygląda w przypadku wirusów układu oddechowego.

Niektórzy wysuwają hasła typu „zero COVID”, jakby to było jakieś hasło polityczne. Niektóre osoby podnoszą te hasła wręcz codziennie, choć nie mają jakichkolwiek kompetencji, by nawoływać do czegokolwiek.

Warto wiedzieć, że SARS-CoV-2 to nieprzyjemny wirus. Nie ma co do tego dyskusji. Ale nie jest tym, czym jeszcze wiosną mówiono, że jest.

COVID – dlaczego terminologia ma znaczenie? – dr Malcolm Kendrick

Twierdzono, że śmierć z powodu wirusa poniesie ok. 3 proc. osób zakażonych. To jest straszna liczba, 30 razy wyższa śmiertelność, niż w przypadku grypy.

Mamy tendencję do przeszacowywania śmiertelności nowych chorób zakaźnych, gdy jesteśmy w sytuacji zagrożenia. Według mnie **śmiertelność COVID-19 jest taka sama, jak grypy sezonowej.**

Dlatego **nie ma potrzeby dążenia do zredukowania przypadków COVID-19 do zera. To jest nonsens i nie ma nic wspólnego z tym, jak działa biologia. A metody, które proponuje się, by**

ten cel osiągnąć, są znacznie bardziej destrukcyjne czy nawet patologiczne, niż sam wirus.

[Plusy i minusy środków zaradczych przeciw pandemii grypy – dr Thomas Inglesby, prof. Jennifer Nuzzo, prof. Tara O'Toole i prof. Donald Henderson \[listopad 2006\]](#)

[Dziesięć powodów, dla których paszporty odpornościowe to zły pomysł](#)

Zwyczajnie nie jest możliwym, by wyeliminować każdą jedną kopie wirusa odpowiedzialnego za chorobę COVID-19 a metody, które jakoby miały tego dokonać, po prostu zniszczyłyby społeczeństwo. Pomijając same koszty, który byłyby ogromne.

Wiązało by się to z ograniczeniem naszej wolności, samo poruszanie się ograniczone byłoby wynikiem testu na obecność wirusa. Opisałem, w jaki sposób z perspektywy czysto statystycznej odsetek wyników fałszywie pozytywnych taką wolność by nam odebrał.

Uważam, że nie jest to wykonalne czy realistyczne z naukowego punktu widzenia, jest nierealistyczne z medycznego punktu widzenia i nigdy czegoś na taką skalę nie przedsięwzięto. Gdy wirus pojawił się w Wlk. Brytanii na przełomie zimy i wiosny, ja również byłem zaniepokojony informacją, że szacuje się, że ok. 3 proc. zarażonych umrze.

Gdy premier ogłosił lockdown, nie było mi to w smak, ale rozumiałem, że może powinniśmy spróbować takiej metody.

[Nieoczekiwane wykrycie przeciwciał na SARS-CoV-2 w okresie przed pandemicznym we Włoszech. \[wrzesień 2019\]](#)

[Dane CDC sugerują że COVID-19 był w USA już w listopadzie 2019 roku](#)

[Dr Denis Rancourt: Śmiertelność ze wszystkich przyczyn podczas COVID-19: Żadnej zarazy, prawdopodobna oznaka masowego morderstwa z powodu reakcji rządu \[2 czerwca 2020\]](#)

Ważne jednak by zrozumieć, że gdy spojrzy się na krzywą

przebiegu epidemii w populacji, jasnym stanie się, że liczba dziennych zakażeń przez dłuższy czas spadała po osiągnięciu szczytu i to jeszcze przed zarządzeniem lockdownu.

Covid-19 i konsekwencje lockdownów

Tak więc musieliśmy się zmagać z trudami lockdown przez wiele – już nie pamiętam ile – tygodni na marne. **Jeśli możemy mówić o jakimś istotnym wpływie lockdownów na liczbę czy odsetek zgonów, to powinniśmy zaklasyfikować konkretne przypadki z podziałem na populacje objęte i nieobjęte lockdownem, ale takiego rozróżnienia nie da się dokonać, gdyż kraje, w których występowała duża liczba zakażeń miały takie same statystyki bez względu na wprowadzony lockdown lub jego brak.**

Lockdowny nie działają i nie rozumiem, dlaczego posuwany się do takich radykalnych środków. Sądzę, że nie do końca wiemy, dlaczego niektóre kraje zostały bardziej dotknięte epidemią, niż inne kraje.

Moim zdaniem z naukowego punktu widzenia, najlepiej postawić na miks różnych czynników, poczynając od odporności krzyżowej. Choć Chiny miały ogromny problem w walce z epidemią w Wuhan i prowincji Hubei, jednak wirus nie przeniósł się na inne rejony kraju.

Masowe protesty w Wuhan, pół roku przed oficjalnym wybuchem koronawirusa [lipiec 2019]

Podejrzewam, że stało się tak, ponieważ **wielu obywateli posiadało tę nabytą odporność krzyżową**. Obywatele krajów sąsiadujących, jak sądzę, również taką odporność w większości posiadali. To jest jedna z hipotez. Druga natomiast jest taka, że w kontekście skali epidemii w danej populacji mieliśmy do czynienia z olbrzymią liczbą zgonów w państwach takich, jak Wlk. Brytania czy Belgia, Francja, czy może nawet Szwecja oraz znacznie mniejszą liczbą zgonów w krajach takich jak Grecja czy Niemcy.

Myślicie zapewne, że krajach tych podjęto jakieś działania, które pozwoliły lepiej chronić obywateli. Chciałbym, by to była prawda. Ponieważ jeżeli w istocie zastosowano jakieś środki, które okazały się skuteczne, to moglibyśmy skorzystać z tych doświadczeń i lepiej przygotować się na przyszłość.

Ale niestety nie mamy żadnego dowodu, jakoby do tego przyczyniły się jakiekolwiek działania ludzkie. **Transmisja tego wirusa w populacji ludzkiej to w pełni naturalny proces, który kompletnie miał za nic nasze skromne działania na rzecz kontroli tej transmisji. Istnieje teoria, której nazwa niezbyt przypadłą mi do gustu, teoria „wyschniętego drewna”.**

https://youtu.be/TfggC_-SViw

Jeśli w danym kraju mamy osoby podatne w sezonie zimowym na zgony w wyniku chorób wirusowych głównie układu oddechowego, i jeśli mamy do czynienia z łagodnym sezonem zimowym, jak np. w przypadku Wlk. Brytanii, gdzie taka sytuacja miała miejsce w poprzednim i jeszcze wcześniejszym zimowym sezonie grypowym, podobnie sytuacja wyglądała w Szwecji, w konsekwencji mamy do czynienia z dużą liczbą osób podatnych, które są jeszcze starsze niż wynosi statystyczna norma w tym okresie.

Dlatego właśnie, jak sądzę, obserwowaliśmy tak dużą liczbę zgonów. To nadal było zaledwie 0,06 proc. populacji, co daje liczbę ofiar odpowiadającą jakimś 4 tygodniom przy normalnej statystycznie śmiertelności.

W przypadku krajów, gdzie zima była ostrzejsza, a Grecja i Niemcy doświadczyły w ostatnich 2 latach zimowych sezonów grypowych o dużej śmiertelności co oznaczało, że kraje te posiadały zmniejszoną liczbę osób podatnych w populacji i to było główną przyczyną mniejszej liczby zgonów.

To nie ma nic wspólnego z lockdownem, z testowaniem, śledzeniem i monitorowaniem zakażonych. Osobiście uważam, że żadne z tych środków nie miały jakiegokolwiek wpływu.

[Na całym świecie liczby ujawniają przerażające zniwo śmierci w](#)

domach opieki [16 maja 2020]

Belgia, Wlk. Brytania, Szwecja były szczególnie podatne, a kraje nordyckie – zawsze ciśnienie mi się podnosi, kiedy słyszę, że kraje te obroniły się dzięki wprowadzonym lockdownom – jak miemam te kraje doświadczyły normalnych sezonów grypowych w ostatnich 2, 3 latach. Szwecja, podobnie ja Wlk. Brytania, doświadczyła łagodnego sezonu epidemii grypy.

Wystarczy spojrzeć na statystyki śmiertelności w tym okresie. Mieliśmy do czynienia z niższą niż normalnie liczbą zgonów w Szwecji i Wlk. Brytanii, a obecnie obserwujemy ponad normalną liczbą zgonów z powodu COVID-19.

Być może istnieją inne przyczyny, nie twierdzę, że nie, ale uważam, że **to są dwa główne czynniki, czyli wcześniejsza odporność populacji oraz hipoteza „wyschniętego drewna”, czyli wpływ odsetka osób w populacji podatnych na chorobę w konsekwencji niskiego stopnia intensywności wcześniejszych sezonów grypowych.**

Te czynniki moim zdaniem wyjaśniają znaczącą część zgonów. Covid-19 i konsekwencje lockdownów. Uważam, że jest sporą arogancją czy wręcz czymś niepoważnym to, że **nasze rządy i eksperci mówią nam, że powinniśmy zastosować środki, które nigdy w przeszłości się nie sprawdziły, jak lockdown, że są w stanie zatrzymać transmisję wirusa atakującego układ oddechowy.**

Ani na moment w to nie wierzyłem, nie ma żadnych dowodów naukowych na poparcie takich działań i istnieją znacznie mocniejsze hipotezy naukowe, które wyjaśniają to zjawisko. Może się wydawać, że w kontekście ponad normalnej liczby zgonów, że COVID-19 przyczynił się do znacznego zwiększenia tej liczby, ale okazuje się, że nie za bardzo.

Rok 2020 zapowiada się, że uplasuje się na ósmym miejscu najgorszych lat od 1993 r. pod względem śmiertelności.

W tym kraju rocznie umiera ok. 620 tys. osób, jak to się mówi: „przez całe życie towarzyszy nam śmierć”. To prawda. Oczywiście dla osób osobiście dotkniętych tą chorobą i śmiercią w jej wyniku jest to potworne przeżycie, ale nie jest to nic nadzwyczajnego w kontekście statystyk śmiertelności.

Jedną z rzeczy, które udało mi się zaobserwować w ostatnich latach, to że wydaje się, że zmierzamy w kierunku postnauki, postfaktów, jakby fakty nie miały już znaczenia.

[Poprawność polityczna i postmodernizm – prof. Jordan Peterson](#)
[Rozumienie pojęcia prawdy w różnych systemach sterowania społecznego – Józef Kossecki](#)
[Myślenie pojęciowe, a myślenie stereotypowe – Andrzej Wronka, Kazimierz Ajdukiewicz](#)

Dla kogoś, kto posiada doświadczenie naukowe zdobyte w trakcie 35-letniej praktyki w zawodzie jest to rzecz głęboko niepokojąca. Odradziłbym Wam słuchania moich wywodów, gdybym mówił np. o projektowaniu autostrad czy czymś podobnym. Nie mam o tym żadnego pojęcia. Albo np. o tym, jak prowadzić szkółkę leśną. Nie mam na ten temat pojęcia.

Ale wiem nieco na temat immunologii, infekcji, stanów zapalnych, o tym, jak patogeny wywołujące choroby zakaźne transmitowane są w populacjach.

Nie mam żadnego powodu, by udzielać tego wywiadu poza troską o mój kraj. Musimy wyjść z tego kryzysu. Osobiście uważam, że droga wyjścia z tej sytuacji nie jest trudna i wymaga dwóch kroków.

Musimy wstrzymać testowanie poza szpitalne osób zdrowych, natychmiast. Testy te dają mętne, prowadzące do błędnych wniosków komunikaty, ale nasza polityka jest w całości prawie oparta na tych testach. To jest błąd i należy tego zaprzestać.

Nie mówię, żeby nie testować. Róbmy to w szpitalach. Zaprzestaśmy masowego testowania i na miłość boską nie

zwiększajmy ilości testów. To jest źródło patologii samo w sobie i musi być powstrzymane przez ludzi jasno myślących.

Obawiam się niestety, że ludzie zasiadający w SAGE, którzy dostarczają modeli, budują predykcje i proponują środki zaradcze, wykonują tak fatalną i pełną błędów pracę, rażąco niekompetentną, że powinno się tym ludziom już podziękować. Natychmiast powinno się ich zwolnić.

Skutkiem ich decyzji są niewinne ludzkie życia stracone z przyczyn innych, niż COVID-19. Należy te osoby zdymisjonować. Ten zespół powinien być przebudowany od początku i złożony z osób posiadających stosowne kompetencje, unikając zwłaszcza kandydatów, którzy mogą w najmniejszym nawet stopniu wywoływać podejrzenie zachodzenia konfliktu interesów.

Wydaje się, że jesteśmy od krok od przepaści i mam nadzieję, że się cofniemy.

Źródło:

pubmedinfo.org

Analiza ulotki szczepionki na COVID-19 [video]



Poniżej filmik znaleziony na Facebooku gdzie Robert Brzoza

analizuje ulotkę szczepionki na COVID-19 firmy Pfizer.

Filmik można obejrzeć także na naszym bitchute [pod tym linkiem](#).

Wielka Brytania zostanie pierwszym krajem na Zachodzie oferującym szczepionkę na COVID-19



Wielka Brytania ogłosiła w środę, że zatwierdziła szczepionkę Pfizer-BioNTech do użytku i że zostanie wprowadzona od przyszłego tygodnia.

„Rząd przyjął dziś zalecenie niezależnej Agencji Regulacji Leków i Produktów Opieki Zdrowotnej (MHRA), aby zatwierdzić szczepionkę na COVID-19 firmy Pfizer-BioNTech do użytku” – powiedział rząd.

„Szczepionka będzie dostępna w całej Wielkiej Brytanii od przyszłego tygodnia”.

Posunięcie to sprawia, że Wielka Brytania jest jednym z pierwszych krajów, które rozpoczęły proces szczepienia swojej populacji, próbując wybuchnąć COVID-19.

Premier Boris Johnson powiedział, że szczepionki na COVID-19 „pozwolą nam odzyskać życie”.

Szczepienia mogą rozpocząć się w przyszłym tygodniu

Inne kraje nie są daleko w tyle: Stany Zjednoczone i Unia Europejska również dokładnie przyglądają się szczepionce Pfizera wraz z podobną szczepionką wyprodukowaną przez konkurenta Moderna Inc. Brytyjskie organy regulacyjne również rozważają kolejną szczepionkę wykonaną przez AstraZeneca i Oxford University.

Brytyjskie media podały, że szpitalom w Anglii powiedziano, aby przygotowywały się do szczepień pracowników medycznych już w przyszłym tygodniu, donosi AP.

Pfizer powiedział, że natychmiast rozpocznie wysyłkę ograniczonych dostaw do Wielkiej Brytanii – i przygotowuje się do jeszcze szerszej dystrybucji, jeśli otrzyma podobny sygnał amerykańskiej CDC, decyzja spodziewana jest już w przyszłym tygodniu.

Wszędzie jednak dawki są deficytowe, a początkowe dostawy będą racjonowane, dopóki nie zostanie wyprodukowanych więcej w ciągu pierwszych kilku miesięcy przyszłego roku.

Dyrektor generalny firmy Pfizer, Albert Bourla, nazwał decyzję Wielkiej Brytanii „historycznym momentem”.

„Koncentrujemy się na przeprowadzeniu z takim samym stopniem pilności, aby bezpiecznie dostarczyć wysokiej jakości szczepionkę na całym świecie” – powiedział Bourla w oświadczeniu.

Przed nami ciężka zima

Podczas gdy Wielka Brytania zamówiła wystarczającą ilość szczepionki Pfizer dla 20 milionów ludzi, nie jest jasne, ile

przyjedzie do końca roku. Oprócz wyzwań związanych z dystrybucją, szczepionki Pfizera należy przechowywać w bardzo niskich temperaturach. Do ochrony potrzebne są dwie dawki w odstępie trzech tygodni.

Rząd Wielkiej Brytanii twierdzi, że pierwsi w kolejce do szczepienia będą pracownicy służby zdrowia i mieszkańcy domów opieki, a następnie osoby starsze.

Jednak premier Boris Johnson ostrzegł „najpierw musimy przejść przez ostrą zimę” z ograniczeniami, aby spróbować powstrzymać wirusa, dopóki nie będzie wystarczającej ilości szczepionki dla każdego, kto chce się zaszczepić.

Jednak eksperci ostrzegają, że szczepionka dopuszczona do użytku w nagłych wypadkach jest nadal eksperymentalna, a końcowe testy muszą zostać zakończone. Wciąż nie wiadomo, czy zastrzyki Pfizer-BioNTech chronią przed rozprzestrzenianiem się koronawirusa bez objawów.

Kolejne pytanie dotyczy tego, jak długo trwa ochrona. Szczepionka została również przetestowana na niewielkiej liczbie dzieci, powyżej 12 roku życia i nie ma informacji na temat jej skutków u kobiet w ciąży.

Źródło:

infowars.com

Wyjaśniono, dlaczego grypa bywa śmiertelna



Naukowcy wyjaśnili, dlaczego niektóre infekcje grypowe prowadzą do bakteryjnego zapalenia płuc, które co roku zabija wiele osób. Na łamach PNAS badacze ze Szwecji opisali mechanizm prowadzący do tzw. nadkażeń pneumokokowych płuc. Odkrycie to być może da się przełożyć na sytuację z COVID-19.

Autorzy pracy – naukowcy z Karolinska Institutet w Szwecji – nawiązują do grypy hiszpanki, której pandemia przetoczyła się przez świat w latach 1918-20. W przeciwieństwie do innych plag hiszpanka dotknęła przede wszystkim młodych, zdrowych dorosłych: największe żniwo zebrała wśród osób pomiędzy 20 a 40 rokiem życia. Jednym z powodów takiej sytuacji były nadkażenia wywołane przez bakterie, w szczególności przez pneumokoki.

Chociaż grypę wywołuje oczywiście wirus, to jednak najczęstszą przyczyną śmierci z nią związanych jest wtórne bakteryjne zapalenie płuc, nie sam wirus grypy. Chodzi przede wszystkim o bakterie z grupy pneumokoków – to one są najczęstszą przyczyną pozaszpitalnego zapalenia płuc i wiodącą globalną przyczyną zgonów.

Środowisko sprzyjające rozwojowi bakterii

Już wcześniej podejrzewano, że wcześniejsze infekcje wirusem grypy uwrażliwiają organizm na infekcje pneumokokowe, ale mechanizmy stojące za tym wzrostem wrażliwości nie były wyjaśnione. Dopiero teraz naukowcom z Karolinska Institutet udało się wychwycić wywołane przez grypę zmiany w dolnych drogach oddechowych, które wpływają na wzmożony wzrost pneumokoków w płucach.

Korzystając z modeli zwierzęcych, badacze odkryli, że w czasie zakażenia grypą różne składniki odżywcze oraz przeciwutleniacze, takie jak witamina C czy inne substancje normalnie chroniące komórki, przedostają się z krwi do płuc, tworząc w tych ostatnich środowisko, które sprzyja rozwojowi bakterii. Bakterie dostosowują się do tego środowiska zapalnego, zwiększając produkcję swoistego enzymu HtrA.

Obecność HtrA osłabia układ odpornościowy gospodarza i sprzyja dalszemu rozwojowi bakterii w drogach oddechowych zakażonych grypą. Natomiast brak HtrA hamuje rozwój bakterii.

„Wzmoczona zdolność pneumokoków do wzrostu w dolnych drogach oddechowych podczas infekcji grypowej wydaje się zależeć od bogatego w składniki odżywcze środowiska w płucach. Charakteryzuje się ono wyższymi poziomami przeciwutleniaczy, które występują podczas infekcji wirusowej, a także zdolnością bakterii do przystosowywania się do środowiska i wymykania się mechanizmom obronnym układu odpornościowego” – mówi główna autorka badania prof. Birgitta Henriques Normark.

Jak dodaje, otrzymane przez jej zespół wyniki dostarczają cennych informacji na temat sposobu, w jaki bakterie integrują się ze środowiskiem w płucach. Informacje te będzie można wykorzystać do opracowania nowych terapii infekcji podwójnych, czyli takich, w których organizm walczy jednocześnie z wirusem grypy i bakteriami pneumokokowymi.

„HtrA jest enzymem z rodziny proteaz, który powoduje osłabienie naszego układu odpornościowego i umożliwia pneumokokom penetrację ochronnej warstwy komórek wewnątrz dróg oddechowych – wyjaśnia dr Vicky Sender, kolejna współautorka artykułu. – Możliwą strategią terapeutyczną może zatem być zastosowanie inhibitorów tej proteazy w celu zapobiegania wzrostowi pneumokoków w płucach”.

Sender dodaje, że nadal nie wiadomo na pewno, czy pacjenci

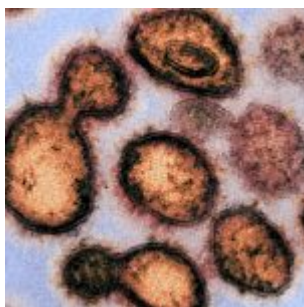
z COVID-19 są równie wrażliwi na wtórne infekcje bakteryjne, ale naukowcy uważają, że w ciężkim przebiegu COVID sytuacja wygląda bardzo podobnie.

„Jest prawdopodobne, że ostre zapalenie płuc, niezależnie od przyczyny, prowadzi do wycieku składników odżywczych i przeciwutleniaczy do płuc oraz do powstania w nich środowiska, które sprzyja rozwojowi bakterii” – podsumowują naukowcy.

Więcej informacji można znaleźć [w artykule opublikowanym w „Proceedings of the National Academy of Sciences”](#) (PNAS).

Źródło: PAP

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: [Y2154Zn50g](#) Search expires on 12-18-27-18 am [Download file](#)
 Program: BLASTN [Citation](#)
 Database: Genome (GRCh38.p13 reference, Annotation Release 109.20200228) [See details](#)
 Query ID: lclQuery_30557
 Description: None
 Molecule type: nucleic acid
 Query Length: 18
 Other reports: [Distance tree of results](#) [MSA viewer](#)

Filter Results
 Organism: only top 20 will appear ☐ exclude
 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 Download Manage columns Show 100

select all	Description	Max Score	Init Score	Query Cover	E value	Per. ident	Accession
☒	Human sapiens chromosome 15, genomic path of type PIR, GRCh38.p13 BACH-PS, H05130, BACH	30.7	56.5	88%	5.7	100.00%	HWI-ST537706.1
☒	Human sapiens chromosome 1, GRCh38.p13 Primary Assembly	30.7	2635	100%	5.7	100.00%	NC_000001.11
☒	Human sapiens chromosome 2, GRCh38.p13 Primary Assembly	30.7	3172	100%	5.7	100.00%	NC_000002.12
☒	Human sapiens chromosome 4, GRCh38.p13 Primary Assembly	30.7	2581	100%	5.7	100.00%	NC_000004.12
☒	Human sapiens chromosome 7, GRCh38.p13 Primary Assembly	30.7	2428	100%	5.7	100.00%	NC_000007.14
☒	Human sapiens chromosome 18, GRCh38.p13 Primary Assembly	30.7	1586	100%	5.7	100.00%	NC_000018.11
☒	Human sapiens chromosome 11, GRCh38.p13 Primary Assembly	30.7	1515	100%	5.7	100.00%	NC_000011.9

[Wytyczne](#) WHO dotyczące [badań 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."

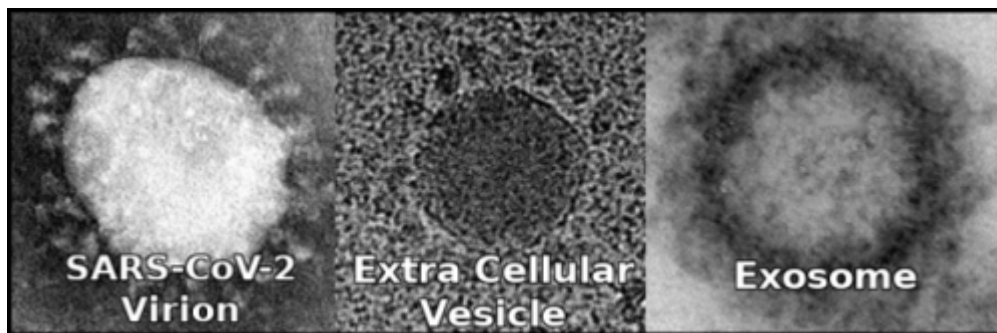
Te dwa oświadczenia WHO jasno sugerują, że wirus SARS-CoV-2 został wyizolowany (co oznacza oczyszczony do badań), a następnie *zidentyfikowano* sekwencje genetyczne z wyizolowanej próbki. Na tej podstawie opracowano i rozprowadzono na całym świecie zestawy diagnostyczne do testowania wirusa w miastach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



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 □□ 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”.

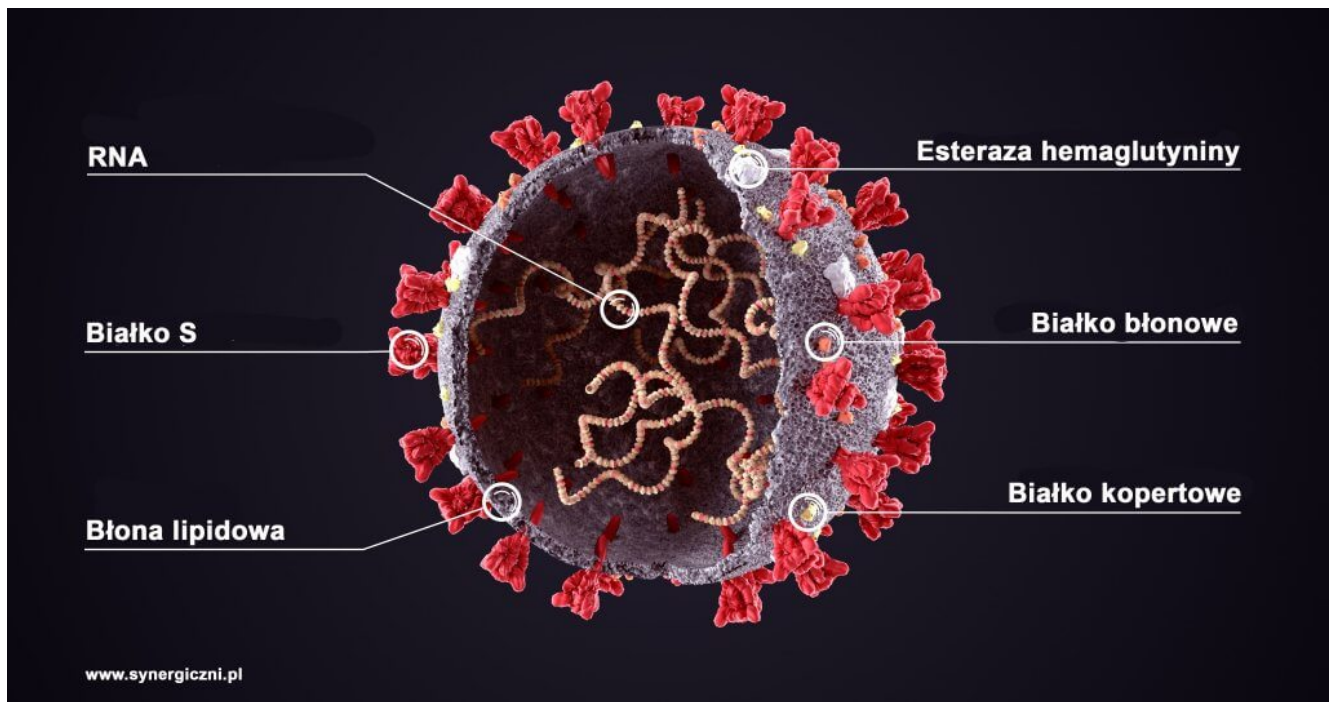
CDC nie zaobserwował żadnego CPE w ludzkich komórkach. Nie widzieli żadnych dowodów na to, że ten rzekomy wirus spowodował jakąkolwiek chorobę człowieka. Ten rzekomy ludzki wirus nie wykazywał też żadnej godnej uwagi replikacji w ludzkich komórkach, co sugeruje, że infekcja z człowieka na człowieka byłaby 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: [MW264019.1](#) Length: 29811 Number of Matches: 1

Range 1: 26288 to 26435 [GenBank](#) [Graphical](#) [▼ Next Match](#) [▲ Previous Match](#)

Score	Expect	Identical	Gaps	Strand
452 bit(228)	4e-125	228/228(100%)	0/228(0%)	Plus/Plus
Query 1	ATGTACTCATTGGTTTCGGAAAGACAGGTACGTTAATAGTTAATAGCGTACTCTCTTTT	60		
Subject 26288	ATGTACTCATTGGTTTCGGAAAGACAGGTACGTTAATAGTTAATAGCGTACTCTCTTTT	26267		
Query 61	CTTGCTTTCGGGATTCCTGCTAGTTACACTAGCCATCTTACTGCGCTTCGATTGGT	120		
Subject 26268	CTTGCTTTCGGGATTCCTGCTAGTTACACTAGCCATCTTACTGCGCTTCGATTGGT	26327		
Query 121	GCGTACTGCTGCAATATTGTTACGTGAGTCTTGTAACCTCTCTTTTACGTTTACTCT	180		
Subject 26328	GCGTACTGCTGCAATATTGTTACGTGAGTCTTGTAACCTCTCTTTTACGTTTACTCT	26387		
Query 181	CGTGTTAAAAATCTGAATCTCTTAGAGTTCCTGATCTCTTGGTCTAA	228		
Subject 26388	CGTGTTAAAAATCTGAATCTCTTAGAGTTCCTGATCTCTTGGTCTAA	26435		

Badając te nieznane sekwencje RNA, stwierdzili, że 57% pasują do bydłęcego 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	Identical	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 11-17-2020 at 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
Dubautia succulenta J11180 supercontig 2, whole genome shotgun sequence	38.2	38.2	76%	0.99	100.00%	NZ_LN531188.1
Shewanella aeraria JCM 15074, whole genome shotgun sequence	38.2	38.2	76%	0.99	100.00%	NZ_LN531188.1
Lactobacillus pasteurii strain JCM 13617 contig1, whole genome shotgun sequence	38.2	38.2	76%	0.99	100.00%	NZ_LN531188.1
Lactobacillus pasteurii strain JCM 13617 contig2, whole genome shotgun sequence	38.2	38.2	76%	0.99	100.00%	NZ_LN531188.1
Lactobacillus pasteurii strain JCM 13617 contig3, whole genome shotgun sequence	38.2	38.2	76%	0.99	100.00%	NZ_LN531188.1
Lactobacillus pasteurii strain JCM 13617 contig4, whole genome shotgun sequence	38.2	38.2	76%	0.99	100.00%	NZ_LN531188.1
Lactobacillus pasteurii strain JCM 13617 contig5, whole genome shotgun sequence	38.2	38.2	76%	0.99	100.00%	NZ_LN531188.1

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 wykonalnego 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 zмовy 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.

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 lekarza, 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 roszada. 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*

Ron Paul: Jeśli chodzi o koronawirusa, nie możemy pozwolić polityce dyktować nauki



W ciągu ostatnich kilku tygodni opublikowano dwa ważne badania, które mogą radykalnie zwiększyć naszą wiedzę na temat

choroby Covid-19. Dodanie do nauki tego, jak rozumiemy i leczymy tę chorobę, jest czymś, co powinno być mile widziane, ponieważ właściwie zrozumiana może uratować życie.

Jedynym problemem jest to, że ponieważ wyniki tych dwóch badań podważają to, co media uznały za konwencjonalną mądrość na temat choroby, raporty są w najlepszym przypadku ignorowane, a w najgorszym są otwarcie zniekształcane przez media głównego nurtu.

Moim zdaniem jest to niebezpieczne i głupie podporządkowanie nauki polityce i może się skończyć o wiele więcej niepotrzebnych zgonów.

Pierwsza z nich to badanie duńskiej maski, które zostało zakończone kilka miesięcy temu, ale dopiero niedawno zostało opublikowane w recenzowanym czasopiśmie. Badanie obejmowało dwie grupy i dało pierwszej grupie maski do noszenia wraz z instrukcjami, jak należy ich używać. Drugą grupą była grupa kontrolna bez maski.

Badanie wykazało, że koronawirus rozprzestrzenia się w ramach statystycznego marginesu błędu w każdej grupie. Innymi słowy, noszenie maski nie pomogło w opanowaniu rozprzestrzeniania się wirusa.

Ponieważ noszenie masek jest nadal obowiązkowe w całym kraju i na świecie, niniejsze badanie należy uznać za ważny element kontrdowodu. Można by się przynajmniej spodziewać, że zaprosi do pędu podobnych badań w celu obalenia lub potwierdzenia wyników.

Jednak, choć w większości ignorowane przez media, kiedy zostało to omówione, spin na badaniu był tak dziwny, że przedstawiony wniosek był przeciwny do wyników. Na przykład Los Angeles Times opublikował artykuł zatytułowany „Próba masek na twarz nie powstrzymała rozprzestrzeniania się koronawirusa, ale pokazuje, dlaczego potrzebne jest częstsze noszenie masek”.

Podobnie, nowe, masowe badanie przeprowadzone w Wuhan w Chinach i opublikowane w szanowanym czasopiśmie naukowym Nature donosi, że osoby bezobjawowe, u których wykryto Covid-19, nie przenoszą zakażenia na innych. Biorąc pod uwagę, że nakaz maskowania i blokady są oparte na teorii, że bezobjawowe „pozytywne przypadki” mogą nadal przenosić chorobę, jest to potencjalnie ważna informacja, która pomoże zaplanować skuteczniejszą reakcję na wirusa.

Przynajmniej ponownie powinno to stymulować dodatkowe, daleko idące badania, aby potwierdzić lub zaprzeczyć badaniu Wuhan.

Wiemy, opierając się na informacjach z powszechnie akceptowanych źródeł, takich jak CDC i Światowa Organizacja Zdrowia, że blokada mogą mieć bardzo poważny negatywny wpływ na społeczeństwo. 14 lipca dyrektor CDC Robert Redfield powiedział na seminarium, że blokady powodują więcej zgonów niż Covid.

Jeśli więc istnieje sposób, aby kontynuować walkę z Covid i chronić najbardziej zagrożonych, jednocześnie drastycznie zmniejszając liczbę zgonów związanych z zamknięciami, czy nie jest to warte rozważenia? Czy nie jest to warte przynajmniej dalszych badań?

Cóż, nie według mediów głównego nurtu. Ustanowili swoją narrację i nie zamierzają ustąpić. Jak podają, te dwa badania są śmiertelnie błędne. Oczywiście może tak być, ale czy nie jest to argument za próbą powtórzenia badań, aby to udowodnić?

To byłoby podejście naukowe. Niestety, „zaufaj nauce” zaczęło oznaczać „zaufaj narracji, którą popieram”. To bardzo niebezpieczny sposób myślenia i może okazać się śmiertelny.

Naukowcy opracowują szczepionkę na koronawirusa, która jest WDYCHANA przez nos lub usta... uważaj, gdzie ODDYCHASZ



Naukowcy zajmujący się szczepionkami badają skuteczność szczepionki przeciwko koronawirusowi z Wuhan (COVID-19), [którą można podawać donosowo](#) (przez nos) lub przez usta. Naukowcy stwierdzili, że istnieją dowody na to, że ten rodzaj szczepionki może lepiej chronić ludzi przed wirusem. Uważają również, że szczepionka donosowa lub wziewna będzie łatwiejsza do dystrybucji na całym świecie.

Większość badaczy zajmujących się szczepionkami koncentruje się na opracowywaniu szczepionek podawanych w zastrzykach domięśniowych. Jednak niektórzy zaczęli się zastanawiać, czy szczepionka podawana doustnie lub donosowo wypadłaby lepiej przeciwko wirusowi infekującemu drogi oddechowe niż szczepionka wstrzyknięta domięśniowo.

„Jeśli chcesz szczepionki, która naprawdę zapobiegnie infekcjom i dalszemu przenoszeniu choroby, potrzebujesz odpowiedzi przeciwciał w nosie i płucach” – powiedział Robin Shattock, specjalista od chorób zakaźnych z [Imperial College London](#). „Najskuteczniejszym sposobem wywołania tego jest zaszczepianie tą drogą”.

Jednym z głównych celów szczepionek wziewnych jest powstrzymanie wzrostu koronawirusa w nosie. Wirus zwykle przenosi się stamtąd do różnych części ciała, a następnie przenosi się na inne osoby. Firma biotechnologiczna Altimmune, Inc. ma nadzieję, że uda jej się zapobiec obydwu dzięki opracowaniu szczepionki donosowej.

Wraz z innymi twórcami i badaczami szczepionek do nosa Altimmune stawia na unikalne cechy nosa, gardła i płuc, które są pokryte błoną śluzową, aby zwiększyć skuteczność szczepionki. Błona śluzowa jest domem dla komórek odpornościowych wytwarzających immunoglobuliny; stąd błona śluzowa zawiera wysoki poziom immunoglobuliny A (IgA). Wiadomo, że przeciwciała to [działa jak bariera śluzówkowa, która powstrzymuje wirusy przed przywieraniem do komórek](#), skutecznie chroniąc przed infekcją. Twórcy szczepionek uważają, że wzmacniając drogi oddechowe i śluzówkowy układ odpornościowy, mogą one blokować rozprzestrzenianie się koronawirusa do płuc.

Inną zaletą szczepionek donosowych, na którą zwracają uwagę twórcy, jest łatwość dystrybucji. Ponieważ te szczepionki nie muszą być przechowywane i wysyłane w bardzo niskich temperaturach, koszty produkcji będą znacznie niższe w porównaniu do szczepionek konwencjonalnych. Szczepionki donosowe będą również łatwiejsze w transporcie. A ponieważ nie są to zastrzyki, nie muszą być podawane przez pracowników służby zdrowia.

„Kiedy myślisz o próbie dostarczenia tego na całym świecie, jeśli nie potrzebujesz szczepionki w zastrzykach, Twoja zgodność rośnie, ponieważ ludzie nie lubią zastrzyków” – powiedziała Frances Lund, immunolog pracująca dla Altimmune. „Ale po drugie, poziom wiedzy niezbędny do podania tej szczepionki jest znacząco inny”.

Oxford i Imperial College testują obecnie szczepionki wziewne

Imperial College London i [University of Oxford](#) rozpoczęły już próby na ludziach z [wziewnymi szczepionkami koronawirusowymi](#). W połowie września brytyjscy naukowcy powiedzieli, że chcą sprawdzić, czy szczepionka wziewna może wywołać miejscową odpowiedź immunologiczną w drogach oddechowych uczestników badania.

Szczepionka Imperial jest na wczesnym etapie badań klinicznych. Zrekrutowali 30 osób, które otrzymały szczepionkę w aerozolu za pomocą ustników, podobnie jak w przypadku zwykłej terapii dla osób z astmą. Wcześniejsze badania sugerują, że inhalacja szczepionki będzie nie tylko bardziej skuteczna, ale także będzie wymagać mniejszych dawek niż zastrzyki domięśniowe.

Szczepionka donosowa Oxford jest licencjonowana przez AstraZeneca. Badanie zostało wstrzymane na początku września, kiedy uczestnik badania doświadczył zapalenia kręgosłupa, częstego efektu ubocznego szczepionek. Na szczęście dla firmy brytyjskie służby bezpieczeństwa pozwoliły na wznowienie procesu.

Badacze z Oksfordu uważają, że dane z ich prób wyjdą w pierwszym kwartale 2021 roku. Dane Imperial zostaną opublikowane w czerwcu.

„Nie wiemy, czy to zadziała” – powiedział Shattock, który współpracuje z Imperialem nad próbami szczepionek. „Ale jeśli tak, to może być bardzo ważne”.

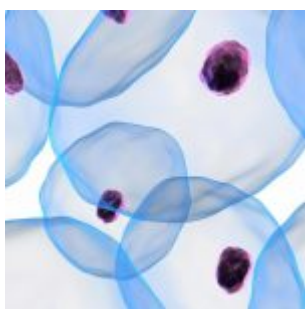
Źródła:

[Bloomberg.com](#)

[JVI.ASM.org](#)

[UK.Reuters.com](#)

Samokanibalizm: Naukowcy tworzą pierwszy „stek” wyhodowany w laboratorium z ludzkimi komórkami i przeterminowaną krwią, dzięki czemu możesz ZJEŚĆ własne CIAŁO



Żaden naukowiec, szalony czy nie, nigdy nie zdołał wyhodować kawałka mięsa w laboratorium bez użycia drogiej surowicy pochodzącej z krwi zwierzęcej. To znaczy aż do teraz, czyli mowa o Ouroboros Steak.

Obecnie prezentowany na wystawie Beazley Designs of the Year w Londynie, Stek Ouroboros to kawałek prawdziwego [mięsa wyhodowanego z ludzkich komórek i przeterminowanej krwi](#).

Nazwany na cześć emblematycznego egipskiego symbolu węża zjadającego własny ogon, Stek Uroboros został zaprojektowany jako inspirujące dzieło sztuki, ukazujące użycie płodowej surowicy bydlęcej (FBS) przez przemysł „czystego” mięsa.

Przyjazny dla środowiska, ale niełudzki

FBS to niezwykle kosztowna, [bogata w białko](#) surowica wzrostowa używana do opracowywania produktów [mięsnych](#) w laboratorium, które są zwykle reklamowane jako bardziej przyjazne dla środowiska niż tradycyjne mięso.

Jednak makabryczna prawda jest taka, że FBS pochodzi z [krwi](#) płodów cieląt, które zostały chirurgicznie pobrane od ciężarnych krów poddanych ubojowi w przemyśle mięsnym i mleczarskim.

Przeciwnicy „czystego” mięsa produkowanego z FBS argumentują, że płody cieląt są narażone na ból i dyskomfort podczas procesu ekstrakcji. To właśnie dzięki zastosowaniu FBS krytycy szybko odrzucają twierdzenia, że „czyste” mięso wyhodowane w laboratorium jest bardziej przyjazne dla środowiska niż tradycyjne.

Ale podczas gdy Stek Uroboros ma na celu ujawnienie tej praktyki branżowej i wprowadzenie alternatywy, która nie szkodzi zwierzętom, nie można też ignorować podtekstów kanibalizmu.

Jeść czy nie jeść

Będąc częścią wystawy sztuki, Stek Uroboros to prawdziwy kawałek mięsa wyhodowany z ludzkich komórek. Naukowcy i projektanci z USA, którzy pracowali nad prototypem, wyobrazili sobie zestaw do samodzielnego wykonania, dzięki któremu ludzie będą pobierać własne komórki z wewnętrznej strony policzków.

Komórki, po nakarmieniu surowicą wzrostową pochodzącą z przeterminowanej ludzkiej krwi, należy następnie odstawić w ciepłym miejscu na trzy miesiące. Gdy to zrobisz, komórki powinny wyrosnąć na mięso, które jest niesamowicie podobne do ludzkiego mięsa.

Aby stworzyć prototyp, naukowcy zakupili ludzkie komórki z American Tissue Culture Collection (ATCC). Komórki karmiono

starą krwią, która w innym przypadku zostałaby wyrzucona. „Przeterminowana ludzka krew jest materiałem odpadowym w systemie medycznym” – powiedziała Grace Knight, projektantka przemysłowa, która pomagała przy projekcie.

Przeterminowana ludzka krew jest również tańsza i na dłuższą metę bardziej zrównoważona niż FBS. Orkan Telhan, projektant i badacz z [University of Pennsylvania](#), który również pracował nad projektem, dodał, że ich projekt jest [naukowo i ekonomicznie wykonalny](#) ze względu na wykorzystywane przez niego zasoby.

Jednak inni mogą wytyczyć granicę w używaniu ludzkiej krwi do produkcji żywności, ponieważ zbliża się ona niebezpiecznie do kwestii kanibalizmu.

„Ludzie myślą, że jedzenie siebie to kanibalizm, a technicznie rzecz biorąc, tak nie jest” – argumentował Knight. Ale rażąco kanibalistyczne podteksty projektu nie pomagają sprawie Knighta.

Pisząc w *The Vegan Review*, dziennikarka Anay Mridul argumentowała, że [gdzieś trzeba](#) wytyczyć [granice](#). „Nie można ignorować faktu, że mówimy o ludziach jedzących ludzkie komórki”. Dodatkowo sama koncepcja działa tylko w kontekście post-czystego mięsnego świata.

Niemniej Mridul przyznał, że projekt wiele mówi o przełomie technologicznym w „alt-meat”. Biorąc to pod uwagę, „to nie jest przyszłość żywności, którą wielu chciałoby widzieć” – napisał.

Mięso wyhodowane w laboratorium nie jest obecnie zatwierdzone do spożycia przez ludzi na całym świecie. Ale ponieważ jest to szybko rozwijająca się branża, mająca ogromne konsekwencje dla przyszłości produkcji żywności na dużą skalę, już przewiduje się, że będzie wart setki milionów dolarów.

Źródła:

Metro.co.uk

Dezeen.com

TheVeganReview.com