

Grupa rodziców wysłała maski swoich dzieci do laboratorium do analizy. Oto, co znaleźli..



Grupa zaniepokojonych rodziców z Florydy wysłała do laboratorium maski noszone przez ich dzieci. Na pięciu z sześciu masek znaleziono bakterie, pasożyty i grzyby. Trzy z nich zawierały niebezpieczne bakterie wywołujące zapalenie płuc, pisze strona internetowa [Townhall](#).

Nie znaleziono wirusów, ale maski zawierały 11 niebezpiecznych patogenów:

Streptococcus pneumoniae (zapalenie płuc)

Mycobacterium tuberculosis (gruźlica)

Neisseria meningitidis (zapalenie opon mózgowych, posocznica)

Neisseria meningitidis (zapalenie opon mózgowych, posocznica)

Acanthamoeba polyphaga (zapalenie rogówki i ziarniniakowe pełzakowate zapalenie mózgu)

Acinetobacter baumannii (zapalenie płuc, infekcje krwi, zapalenie opon mózgowych, infekcje dróg moczowych – odporne na antybiotyki)

Escherichia coli (zatrucie pokarmowe)

Borrelia burgdorferi (powoduje boreliozę)

Corynebacterium diphtheriae (błonica)

Legionella pneumophila (choroba legionistów) *Staphylococcus pyogenes* serotyp M3 (ciężkie infekcje – wysoka zachorowalność)

Staphylococcus aureus (zapalenie opon mózgowych, posocznica)

Połowa maseczek zawierała jedną lub więcej odmian bakterii wywołujących zapalenie płuc. 1/3 zawierała jeden lub więcej szczepów bakterii wywołujących zapalenie opon mózgowych. 1/3 zawierała niebezpieczne patogeny odporne na antybiotyki.

Odkryto również mniej niebezpieczne patogeny, które mogą powodować gorączkę, trądzik, infekcje grzybicze, paciorkowce i choroby przyzębia. Maski były nowe lub po prostu wyprane zanim zostały noszone przez dzieci między 5 do 8 godzin.

Jeden z rodziców, który uczestniczył w badaniu, Pani Amanda Donoho, skomentował, że ta niewielka próbka sugeruje jeszcze jedno badanie: „Musimy wiedzieć, co robimy z naszymi dziećmi. Maski zapewniają ciepłe, wilgotne środowisko, w którym mogą rozwijać się bakterie.”

Miejscowi rodzice wynajęli laboratorium, ponieważ obawiali się możliwego zanieczyszczenia masek, które ich dzieci musiały nosić przez cały dzień w szkole.

I to przez zakładanie ich i zdejmowanie, nakładanie na różne powierzchnie, noszenia w łazience itp.

To skłoniło ich do wysłania masek do Centrum Badań i Szkoleń Spektrometrii Masowej Uniwersytetu Florydy w celu analizy.

Może czas wysłać maski waszych dzieci?

(Pytanie skierowane jest do członków grupy, których dzieci (jeszcze) noszą maski. Mam nadzieję, że znajdziecie siłę, by się przed tym szaleństwem obronić)

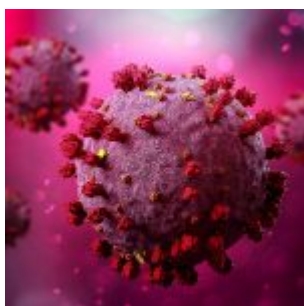
Autor: Lalo Lavie (Piotr)

Grupa: Libertas – Obywatelskie nieposłuszeństwo

Źródło: townhall.com (Bezpośredni link do artykułu został umieszczony powyżej)

Tłumaczenie: Lalo Lavie (Piotr)

SARS-CoV-2 wywołuje silne adaptacyjne odpowiedzi immunologiczne niezależnie od ciężkości choroby



Tzw. pandemia SARS-CoV-2 panuje obecnie na całym świecie. Aby zrozumieć sygnaturę immunologiczną zakażeń SARS-CoV-2 i wspomóc poszukiwanie i ocenę nowych metod leczenia i szczepionek, potrzebna jest kompleksowa charakterystyka adaptacyjnych odpowiedzi immunologicznych na SARS-CoV-2.

Włączono w badanie 203 ozdrowiałych pacjentów zainfekowanych SARS CoV-2 w Danii od 3 kwietnia do 9 lipca 2020 roku, co najmniej 14 dni po odnotowaniu objawów COVID-19. Uczestnicy doświadczyli szeregu nasilenia choroby od bezobjawowej do ciężkiej. Zebraliśmy osocze, surowicę i PBMC do analizy odpowiedzi przeciwciał swoistych dla SARS-CoV-2 za pomocą analizy Meso Scale, w tym innych szczepów koronawirusa, konkurencji ACE2, IgA ELISA, zdolności neutralizacji pseudowirusów i analizy limfocytów T CD8⁺ metodą cytometrii przepływowej dekstrameru. Wyniki immunologiczne porównano między grupami nasilenia w obrębie kohorty i 10 przed pandemią kontroli negatywnych SARS-CoV-2.

Raportujemy szerokie profile serologiczne w kohorcie,

wykrywając wiązanie przeciwciał z innymi ludzkimi koronawirusami. 202 (>99%) uczestników miało przeciwciała specyficzne dla SARS-CoV-2, z neutralizacją SARS-CoV-2 i blokowaniem interakcji kolca-receptor ACE2 obserwowanej u 193 (95%) osób. Zaobserwowano istotną pozytywną korelację ($r=0,7804$) między mianem przeciwciał blokujących ACE2 i siłą neutralizacji. Ponadto odpowiedzi

limfocytów T CD8⁺ specyficzne dla SARS-CoV-2 były wyraźne i możliwe do określenia ilościowego u 95 z 106 (90%) osobników HLA-A2⁺.

Wirusowe białko wypustki powierzchniowej zidentyfikowano jako dominujący cel zarówno dla przeciwciał neutralizujących, jak i odpowiedzi limfocytów T CD8⁺. Ogólnie rzecz biorąc, większość pacjentów miała silną adaptacyjną odpowiedź immunologiczną, niezależnie od ciężkości choroby.

Badanie było wspierane przez duńskie Ministerstwo Badań i Edukacji (dotacja nr 0238-00001B) i Duński Fundusz Innowacji (dotacja nr 0208-00018B)

[Link do artykułu w języku angielskim.](#)

[PDF.](#)

Nawet odpowiednik karty kredytowej – tyle mikroplastiku może mimowolnie

zjeść przeciętny konsument tygodniowo



0 mikroplastiku w żywności pisze się coraz więcej. Australijscy naukowcy postanowili przebadать ryż jako jeden z podstawowych składników pożywienia na świecie. We wnioskach zalecają, aby ryż płukać przed gotowaniem. Ten prosty sposób pozwoli uniknąć spożycia zawartych w nim drobinek plastiku. Z pierwszych na świecie badań mierzących poziom mikroplastiku w ryżu wynika, że najwięcej tworzyw sztucznych znajduje się w ryżu instant. Tymczasem kanadyjski rząd dołączył wyroby z plastiku do oficjalnej listy produktów uznawanych w tym kraju za toksyczne. Umożliwi to Kanadyjczykom określanie zasad ograniczania ryzyka związanego z użyciem plastiku.

„Plastikowy dodatek”

„Wszystkie nasze próbki, niezależnie od opakowania, w którym je dostarczono, miały pewien poziom plastiku” – powiedział australijskiej telewizji 9News główny autor badań dr Jake O’Brien z Uniwersytetu Queenslandu (ang. University of Queensland).

W 100-gramowej porcji zwykłego, niegotowanego ryżu może być od trzech do czterech miligramów mikroplastiku, a ryż instant, który jest poddawany większej obróbce, [zawiera](#) ich aż 13 miligramów.

Jednym ze źródeł zanieczyszczenia ryżu jest opakowanie, ale mikroskopijne fragmenty plastiku dostają się do ryżu

również innymi sposobami. Do skażenia mikroplastikiem dochodzi m.in. podczas procesu uprawy, a także w czasie przetwarzania ryżu jeszcze przed jego zapakowaniem.

Inna analiza przeprowadzona przez Uniwersytet w Newcastle (ang. University of Newcastle) w Australii ([PDF](#)) wykazała, że ludzie co tydzień konsumują [ok. 2000 drobnych kawałeczków](#) plastiku, ok. 5 gramów, co jest wagowo odpowiednikiem karty kredytowej.

„Na tym etapie nie wiemy o żadnych konsekwencjach zdrowotnych wynikających ze spożywania mikrodrobin plastiku zawartych w żywności, uważamy jednak, że istnieje pewne ryzyko” – [powiedział](#) dr O’Brien.

Australijscy naukowcy radzą, by ryż przed gotowaniem dobrze wypłukać. Dzięki tej zwykłej czynności można ograniczyć ilość mikroplastiku o 20-40 proc.



Dzięki zwykłemu płukaniu można ograniczyć ilość mikroplastiku w ryżu o 20-40 proc. Zdjęcie ilustracyjne ([JIb_Enjoy](#) / [Pixabay](#))

Zeszlóroczne badanie przeprowadzone przez stowarzyszenie Queensland Alliance for Environmental Health Sciences, dotyczące tworzyw sztucznych w owocach morza, wykazało zanieczyszczenie plastikiem krewetek, ostryg i krabów. Jednak największą zawartość plastiku stwierdzono w sardynkach, które zwykle są spożywane w całości.

Mikroplastik znaleziono również m.in. w piwie i soli.

W opinii kancelarii Center for International Environmental Law drobinki plastiku przedostające się do organizmu człowieka [mogą prowadzić](#) do różnorodnych negatywnych skutków zdrowotnych, w tym stanu zapalnego oraz obumierania komórek i tkanek. Może to z kolei wywołać choroby nowotworowe, choroby układu krążenia, zapalenie jelit, cukrzycę, reumatoidalne zapalenie stawów, przewlekłe stany zapalne, choroby autoimmunologiczne i neurodegeneracyjne oraz udar.

Toksyczne produkty

Kanada swoją decyzją ogłasza, że wyroby z plastiku, od zabawek po talerze plastikowe, zostały uznane za potencjalne zagrożenie dla środowiska w krótszym lub dłuższym horyzoncie czasowym.

W komunikacie Greenpeace Canada podkreśla, że działania rządu federalnego otwierają drogę do całkowitego zakazu jednorazowych wyrobów plastikowych, zaś „producenci otrzymali jasny komunikat, że rząd nie ugnie się pod presją branży”.

„Plastik jest wszędzie: w żywności, którą spożywamy, wodzie, którą pijemy, i nawet w powietrzu, którym oddychamy. Decyzja rządu [...] była bardzo oczekiwania. Jest to jednak tylko pierwszy etap. [...] Nie ma już czasu do stracenia z fałszywymi rozwiązaniami przemysłu, który zamyka nas w kulturze jednorazowości, obiecując recykling jako rozwiązanie” – napisała Laura Yates z Greenpeace Canada.

Z kolei organizacja branżowa Chemistry Industry Association of

Canada wyraziła odmienny pogląd, stwierdzając, że podjęta przez rząd decyzja daje „niewłaściwe przesłanie do globalnych inwestorów w branży chemicznej w kwestii tego, że Kanada ma niejednoznaczne podejście do olbrzymich możliwości inwestycyjnych dla gospodarki wtórnego obiegu”.

Na stronie internetowej rządu Kanady znajduje się lista ok. 60 organizacji z branży chemicznej, które od 2020 roku zgłosiły swój sprzeciw wobec planowanej decyzji władz, jednak ich wnioski zostały odrzucone.

Kanadyjczycy planują, że w 2030 roku w kraju mają zniknąć plastikowe śmieci, zaś we wciąż trafiających na rynek plastikowych wyrobach połowa surowca ma pochodzić z recyklingu.

1 lipca 2019 roku Wyspa Księcia Edwarda była pierwszą kanadyjską prowincją wprowadzającą zakaz plastikowych toreb. Po roku podliczono, że na wysypiska śmieci przestało trafiać ok. 15-16 mln plastikowych toreb rocznie.

Obrońcy praw zwierząt od lat alarmują o szkodach, jakie plastik wyrządza środowisku i zwierzętom, które tracą życie po połknięciu plastikowych śmieci, m.in. [dryfujących](#) w zbiornikach wodnych czy porzucanych w lasach.

Naukowcy zalecili dalsze prace nad skutkami spożycia mikrocząstek plastiku przez ludzi.

W artykule wykorzystano relacje Jessie Zhang i PAP.

Źródło: epoche.pl

CDC: 5800 w pełni zaszczepionych Amerykanów zaraziło się COVID-19, 74 zmarło



CDC w czwartek 15 kwietnia [potwierdziło około 5800 przypadków przełomowego koronawirusa \(COVID-19\) w USA.](#)

Przełomowy przypadek COVID-19 definiuje się jako osobę, która ma wykrywalny poziom SARS-CoV-2 – wirusa wywołującego COVID-19 – co najmniej 14 dni po całkowitym zaszczepieniu przeciwko tej chorobie.

Prawie 400 przełomowych przypadków wymagało leczenia w szpitalach, a 74 osoby zmarły. Nieco ponad 40 procent zakażeń dotyczyło osób w wieku 60 lat i starszych, a 65 procent stanowiły kobiety. Według doniesień około 29 procent zakażeń spowodowanych przełomem szczepionkowym przebiegało bezobjawowo. Liczby dotyczą przypadków do 13 kwietnia.

Dyrektor CDC Rochelle Walensky powiedziała podczas przesłuchania w Kongresie w czwartek, że badane są przyczyny przełomowych przypadków. „Niektóre z tych przełomów to oczywiście niepowodzenie odpowiedzi immunologicznej u gospodarza. A niektóre z nich, które nas martwią, mogą być związane z wariantem, który jest w obiegu. Więc patrzymy na oba – powiedziała.

CDC monitoruje zgłoszone przypadki „w celu grupowania według

danych demograficznych pacjentów, lokalizacji geograficznej, czasu od szczepienia, typu szczepionki lub numeru serii oraz linii SARS-CoV-2". Stworzyli krajową bazę danych o przełomowych szczepionkach COVID-19, w której stanowe wydziały zdrowia mogą wprowadzać, przechowywać i zarządzać danymi dotyczącymi przypadków w swoim regionie.

Tam, gdzie to możliwe, próbki układu oddechowego, które dały wynik pozytywny na obecność COVID-19, zostaną pobrane do sekwencjonowania genomowego „w celu zidentyfikowania linii wirusa, która spowodowała zakażenie”.

Pozytywny wynik mniej niż dwa tygodnie po pełnym zaszczepieniu nie jest przypadkiem przełomowym

Liczba przypadków zidentyfikowanych przez CDC nie obejmuje osób, które zachorowały na COVID-19 w mniej niż dwa tygodnie po ostatniej dawce. [Znacznik dwóch tygodni jest ważny](#), powiedział ekspert ds. chorób zakaźnych dr Amesh Adalja, starszy naukowiec w Johns Hopkins Center for Health Security.

Po upływie tego czasu organizm ludzki powinien mieć wystarczająco dużo czasu na wytworzenie przeciwciał przeciwko SARS-CoV-2. Wcześniej osoba niekoniecznie będzie miała zbudowaną odporność potrzebną do zwalczania infekcji. Według dr Adalji przypadki, które miały miejsce przed upływem dwóch tygodni, nie są uważane za przypadki przełomowe.

Dr Adalja zauważył również, że potrzebne są dalsze badania, aby określić, czy za przełomowymi przypadkami stoją wysoce zakaźne warianty wirusa. „Konieczne jest zbadanie przełomowych przypadków, aby zrozumieć ich nasilenie, zaraźliwość i jaką rolę odgrywają” – powiedział dr Adalja.

Ponad 78 milionów ludzi zostało w pełni zaszczepionych przeciwko COVID-19 w USA od 15 kwietnia.

„Do tej pory [nie zidentyfikowano nieoczekiwanych wzorców](#) w przypadku cech demograficznych lub charakterystyk

szczepionek", powiedziało CDC w oświadczeniu. „Szczepionki COVID-19 są skuteczne i są kluczowym narzędziem do opanowania pandemii”.

Ale CDC przyznał, że „będzie tysiące przełomowych przypadków poszczepionkowych, mimo że szczepionka działa zgodnie z oczekiwaniami”.

Dr William Schaffner, specjalista od chorób zakaźnych i profesor w [*Vanderbilt University School of Medicine*](#), zgodził się z CDC. „Te szczepionki, których używamy, są wspaniałe, ale nie są doskonałe” – powiedział. „W najlepszym przypadku są skuteczne w 95% w zapobieganiu poważnym chorobom, ale mogą wystąpić drobne choroby”.

Według amerykańskich organów regulacyjnych szczepionka COVID-19 firmy Pfizer jest skuteczna w 95% w zapobieganiu infekcjom. W badaniu klinicznym wykazano, że Moderna jest skuteczna w 94,1%, podczas gdy Johnson & Johnson była skuteczna w 66,9%. Tylko szczepionka Johnson & Johnson, która otrzymała zezwolenie na stosowanie w nagłych wypadkach od FDA 27 lutego, została przetestowana, gdy krąży warianty.

Wartości procentowe oparto na wynikach otrzymanych od osób dwa tygodnie po ostatnim szczepieniu.

Dr Anthony Fauci, szef *National Institute of Allergy and Infectious Diseases*, stwierdził w zeszłym tygodniu, że przełomowe przypadki nie są powodem do niepokoju.

„Myślę, że ważne jest, aby przyjrzeć się mianownikowi osób zaszczepionych. Ponieważ jest bardzo prawdopodobne, że liczba przełomowych przypadków wcale nie jest niezgodna z ponad 90-procentową skutecznością szczepionki”- powiedział. „Więc nie sądzę, żeby trzeba było martwić się jakąkolwiek zmianą lub zmianą w skuteczności szczepionki”.

Potrzeba więcej informacji do wyciągnięcia wniosków z przełomowych przypadków

Odsetek przełomów szczepionkowych w populacji zależy od wielu czynników, w tym skuteczności szczepionki, ilości krążącego wirusa i czasu od zaszczepienia, według Natalie Dean, profesor biostatystyki na [University of Florida](#).

„Uwielbiam widzieć małe liczby tak samo jak każdy, ale wiem, że takich liczb nie można bezpośrednio interpretować jako miary skuteczności szczepionki (choć mam przeczucie, że tak będzie). Możemy je interpretować tylko na tle odsetka osób niezaszczepionych ”- napisała Dean na Twitterze.

„Podobnie, większość przełomów nastąpiła u starszych osób”, ponieważ szczepionka jest mniej skuteczna u osób starszych. Większość szczepień (i najdłuższy okres obserwacji) przeprowadzono u osób starszych. Ponownie potrzebujemy więcej informacji do zinterpretowania”.

Stany zaczęły zgłaszać liczby osób, które zaraziły się pomimo pełnych szczepień w zeszłym miesiącu. (Powiązane: [Szczepionka JEST pandemią: 80% zakonnic zaszczepionych w klasztorze Kentucky dwa dni później uzyskało pozytywny wynik na koronawirusa.](#))

Epidemiolodzy w stanie Waszyngton zidentyfikowali 217 przełomowych przypadków, z których pięć zmarło. W stanie Michigan na 31 marca odnotowano 246 przełomowych przypadków. Trzech z tych pacjentów zmarło. Teksas, Karolina Południowa i Oregon to między innymi stany, które zgłosiły ponad 100 przypadków wśród mieszkańców.

„Znalezienie dowodów na przełomowe przypadki poszczepionkowe przypomina nam, że nawet jeśli zostałeś zaszczepiony, nadal musisz nosić maskę, zachowywać dystans społeczny i myć ręce, aby zapobiec rozprzestrzenianiu się COVID-19 na inne osoby, które nie zostały zaszczepione” – stwierdza Waszyngton Sekretarz zdrowia Umair Shah powiedział w oświadczeniu.

Źródła:

TheEpochTimes.com

Prevention.com

CBS42.com

Maseczki na twarz nie działają – przegląd badania opublikowanego przez CDC



Drodzy obywatele, posłowie, senatorowie, ministrowie, Panie Premierze, Panie Prezydencie, eksperci do spraw zdrowia i doradcy: chcecie badań naukowych? Tylko to jest w stanie was przekonać? Oto nauka, której tak kurczowo się trzymacie.

Odniesienie brzmi: [„Niefarmaceutyczne środki na grype pandemiczną w warunkach innych niż zdrowotne – środki ochrony osobistej i środowiskowe”](#). Opublikowano w: „Emerging Infectious Diseases, Vol. 26, No. 5, May 2020.” (To czasopismo jest publikowane przez CDC.)

Cytuję z abstraktu: „W tym miejscu dokonujemy przeglądu dowodów naukowych dotyczących skuteczności niefarmaceutycznych środków ochrony osobistej i środków higieny środowiska w placówkach niezwiązanych z opieką zdrowotną i omawiamy ich

potencjalne włączenie do planów pandemii. Chociaż badania mechanistyczne* potwierdzają potencjalny wpływ higieny rąk lub maseczek na twarz, dowody z 14 randomizowanych, kontrolowanych badań tych środków nie potwierdzają istotnego wpływu na przenoszenie potwierdzonej laboratoryjnie grypy. Podobnie znaleźliśmy ograniczone dowody na skuteczność poprawy higieny i oczyszczania środowiska”.

Oto cytaty ze stron 970-972 przeglądu: „W naszym systematycznym przeglądzie zidentyfikowaliśmy 10 RCT [randomizowanych kontrolowanych badań], w których podano szacunki skuteczności maseczek na twarz w zmniejszaniu potwierdzonych laboratoryjnie zakażeń wirusem grypy w społeczności na podstawie opublikowanej literatury w okresie 1946–27 lipca 2018 r. W analizie zbiorczej nie stwierdziliśmy znaczącego zmniejszenia przenoszenia wirusa grypy przy użyciu maseczek na twarz... ”

„Jednorazowe maseczki medyczne (znane również jako maski chirurgiczne) to luźne urządzenia, które zostały zaprojektowane do noszenia przez personel medyczny w celu ochrony przed przypadkowym zanieczyszczeniem ran pacjenta oraz ochrony użytkownika przed rozpryskami lub rozpryskami płynów ustrojowych... Istnieją ograniczone dowody ze względu na ich skuteczność w zapobieganiu przenoszeniu wirusa grypy podczas noszenia przez osobę zakażoną w celu kontroli źródła lub podczas noszenia przez osoby niezainfekowane w celu zmniejszenia narażenia. Nasz systematyczny przegląd nie wykazał istotnego wpływu maseczek na twarz na przenoszenie potwierdzonej laboratoryjnie grypy.”

„W tym przeglądzie nie znaleźliśmy dowodów potwierdzających ochronny wpływ środków ochrony osobistej lub środków ochrony środowiska na ograniczenie przenoszenia grypy”.

„Nie znaleźliśmy dowodów na to, że maski na twarz typu chirurgicznego są skuteczne w ograniczaniu przenoszenia wirusa grypy potwierdzonego laboratoryjnie, czy to noszonych przez

osoby zakażone (kontrola źródła), czy przez osoby z ogółu społeczeństwa w celu zmniejszenia ich podatności...”

[*] Jeśli chcesz spierać się o wartość tego, co autorzy nazywają „badaniami mechanistycznymi”, autorzy poprawnie odkładają te badania na bok, na korzyść materiału, który woleli zbadać: randomizowanych badań kontrolowanych. które są powszechnie uważane za bardziej wartościowe, odpowiednie i znaczące.

Więc tak wygląda nauka. Takie są badania. Zdejmij maseczkę i oddychaj swobodnie. W wielu stanach w USA już to zrozumiano.

Źródło:

https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/26/5/19-0994_article

<https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/26/5/pdfs/19-0994.pdf>

(Zwróć uwagę na „wwwnc” – co jest poprawne. To nie jest „www”).

5 pytań do osób planujących przyjąć „szczepionkę” na COVID-19



Wielu z nas ma przyjaciół lub rodzinę, którzy planują się

zaszczepić. Może naprawdę wierzą, że są w niebezpieczeństwie. Może myślą, że lepiej dmuchać na zimne. Może po prostu chcą znowu wychodzić do pubów czy kin.

Jeśli znasz kogoś, kto planuje zaszczerpić się przeciwko COVID-19, zadaj mu te pięć pytań. Upewnij się, że dokładnie rozumieją, o co proszą.

1. CZY WIESZ, ŻE NIGDY NIE ZASZCZEPILIŚMY SKUTECZNIE PRZECIWKO ŻADNEMU KORONAWIRUSOWI?

Nigdy [nie opracowano](#) żadnej skutecznej szczepionki przeciwko koronawirusowi.

Naukowcy od lat próbują opracować szczepionkę na SARS i MERS, bezskutecznie. W rzeczywistości niektóre z [nieudanych szczepionek SARS w rzeczywistości spowodowały nadwrażliwość](#) na wirusa SARS. Oznacza to, że zaszczerpione myszy mogą potencjalnie zachorować na chorobę ciężiej niż myszy nieszczerpione.

2. CZY WIESZ, ŻE PEŁNE OPRACOWANIE SZCZEPIONKI ZAJMUJE ZWYKLE 5–10 LAT?

Rozwój szczepionki to powolny i pracochłonny proces. Zwykle od opracowania przez testy i ostateczne zatwierdzenie do użytku publicznego [mija wiele lat](#). Wszystkie szczepionki przeciwko COVID-19 zostały opracowane i zatwierdzone w mniej niż rok.

Podczas gdy media szybko oferują TONY poradników [„wyjaśniających”](#), które wymieniają [„przewidywanie, ciężka praca i szczęście”](#) jako powody, dla [których otrzymaliśmy szczepionkę na COVID-19](#) tak szybko [„bez pójścia na skróty”](#), wszystkie pomijają kluczowe informacje.

Mianowicie, że żadna ze szczepionek nie została jeszcze [poddana odpowiednim testom](#). Wielu z nich całkowicie pominęło wczesne etapy badań, a późne badania na ludziach albo nie zostały poddane wzajemnej ocenie, nie ujawniły swoich

danych, [nie zakończą się do 2023 r.](#) lub zostały [przerwane po „poważnych niekorzystnych skutkach”](#).

3. CZY WIESZ, ŻE „SZCZEPIONKA” NA COVID-19 JEST OPARTA NA NOWEJ TECHNOLOGII, KTÓRA NIGDY WCZEŚNIEJ NIE ZOSTAŁA ZATWIERDZONA DO STOSOWANIA U LUDZI?

Podczas gdy tradycyjne szczepionki działają, wystawiając organizm na działanie osłabionego szczepu mikroorganizmu odpowiedzialnego za wywoływanie choroby, te nowe szczepionki na COVID-19 są [szczepionkami mRNA](#).

Szczepionki mRNA (informacyjny kwas rybonukleinowy) teoretycznie działają poprzez wstrzykiwanie wirusowego mRNA do organizmu, gdzie replikuje się w komórkach i zachęca organizm do rozpoznawania i wytwarzania antygenów „białek kolców” wirusa. Są [przedmiotem badań](#) od lat 90., ale przed 2020 r. żadna szczepionka mRNA nie została zatwierdzona do użytku.

4. CZY WIESZ, ŻE FIRMY FARMACEUTYCZNE NIE MOGĄ ZOSTAĆ POZWANE, JEŚLI SZCZEPIONKA SPOWODUJE USZCZERBEK NA ZDROWIU LUB ŚMIERĆ?

Wiosną 2020 roku wiele rządów na całym świecie przyznało producentom szczepionek immunitet od odpowiedzialności cywilnej, powołując się na istniejące przepisy lub tworząc nowe.

Amerykańska ustawa o gotowości publicznej i gotowości na wypadek sytuacji nadzwyczajnych (PREP) [przyznaje immunitet do co najmniej 2024 r.](#)

Prawo UE dotyczące licencjonowania produktów [robi to samo](#) i istnieją doniesienia o [klauzulach poufności](#) w [umowach](#) podpisanych przez UE z producentami szczepionek.

Wielka Brytania poszła nawet dalej, przyznając rządowi i wszystkim jego pracownikom [stałą rekompensatę prawną](#) za

wszelkie szkody wyrządzone, gdy pacjent jest leczony z powodu COVID-19 lub „podejrzany o COVID-19”.

5. CZY WIESZ, ŻE 99,8% LUDZI PRZEŻYWA COVID-19?

Współczynnik śmiertelności z powodu zakażenia Sars-Cov-2 był kością niezgody od miesięcy, ale z pewnością jest znacznie niższy niż przewidywano we wszystkich początkowych modelach.

Pierwotnie był znacznie zawyżony, a WHO przyjęła [wartość 3,4%](#).

Późniejsze badania wykazały, że jest on znacznie niższy, w niektórych przypadkach nawet niższy niż 0,1%. Raport opublikowany w październiku we własnym biuletynie badawczym WHO, w którym stwierdzono, że współczynnik CFR wynosi [0,23%](#) „lub być może znacznie niższy”.

Oznacza to, że nawet według WHO co najmniej **99,77%** osób zakażonych wirusem przeżyje.

*

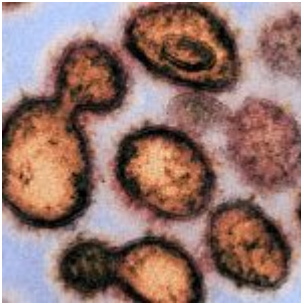
Zadaj znajomym te pytania. Udziel im szczegółowych odpowiedzi.

Jest to pospieszna i niesprawdzona szczepionka, wykonana przy użyciu bezprecedensowej technologii, bez możliwości odwołania się do prawa gdyby zaszkodziła, mająca wyleczyć wirusa, którego 99,8% zakażonych ludzi przeżyje.

Tak więc pytanie, które naprawdę ma znaczenie, brzmi: **Czy naprawdę chcesz lub potrzebujesz podjąć takie ryzyko?**

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). Ogłosiła globalną pandemię COVID-19 11 marca 2020 roku.

RdRp Gene Matches To Human Chromosomes

Job Title	Nucleotide Sequence		
RID	Y2154ZM5016	Search expires on 12-31 22:38 pm	Download All ▼
Program	BLASTN Citation ▼		
Database	Genome [GRCh38.p13 reference, Annotation Release 109.20200228] See details ▼		
Query ID	lcl Query_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

[+ Add organism](#)

Percent Identity to E value to Query Coverage to

[Filter](#) [Reset](#)

[Descriptions](#)

[Graphic Summary](#)

[Alignments](#)

[Taxonomy](#)

Sequences producing significant alignments

[Download](#) ▼ [Manage columns](#) ▼ [Show](#) 100 ▼ [?](#)

☒ select all 74 sequences selected

[GenBank](#) [Graphics](#) [Distance tree of results](#)

	Description	Max Score	Total Score	Query Cover	% identity	Per. Ident	Accession
☒	Homo sapiens chromosome 15 genomic path of type P01_GRCCh38.p13 BACFP5 H05130_BACFP5	30.2	56.5	88%	5.2	100.00%	NW_011337706.1
☒	Homo sapiens chromosome 15_GRCCh38.p13 Primary Assembly	30.2	2635	100%	5.2	100.00%	NC_000001.11
☒	Homo sapiens chromosome 2_GRCCh38.p13 Primary Assembly	30.2	3172	100%	5.2	100.00%	NC_000002.12
☒	Homo sapiens chromosome 4_GRCCh38.p13 Primary Assembly	30.2	2588	100%	5.2	100.00%	NC_000004.12
☒	Homo sapiens chromosome 7_GRCCh38.p13 Primary Assembly	30.2	2470	100%	5.2	100.00%	NC_000007.14
☒	Homo sapiens chromosome 10_GRCCh38.p13 Primary Assembly	30.2	1686	100%	5.2	100.00%	NC_000010.11
☒	Homo sapiens chromosome 11_GRCCh38.p13 Primary Assembly	30.2	1548	100%	5.2	100.00%	NC_000011.9

Wytyczne WHO dotyczące badan laboratoryjnych stanowią:

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

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

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

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

Te dwa oświadczenia WHO jasno sugerują, że wirus SARS-CoV-2 został wyizolowany (co oznacza oczyszczony do badań), a następnie zidentyfikowano sekwencje genetyczne z wyizolowanej próbki. Na tej podstawie opracowano i rozprowadzono na całym świecie zestawy diagnostyczne do testowania wirusa w miastach i społecznościach na całym świecie. Według WHO i chińskich naukowców testy te wykryją wirusa, który powoduje COVID 19.

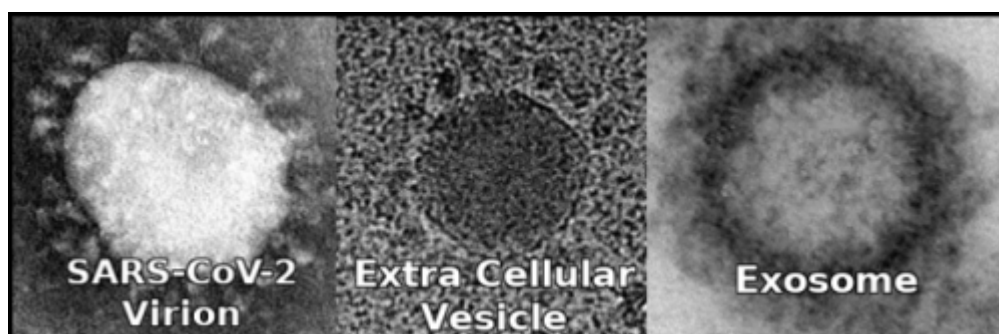
Jednak WHO stwierdza również:

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

Naukowcy z Wuhan opracowali testy amplifikacji genów na

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

Jednak takie struktury białek nie są wyjątkowe. Wyglądają jak inne okrągłe pęcherzyki, takie jak pęcherzyki endocytarne i egzosomy.



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

Kiedy chińscy naukowcy po raz pierwszy zsekwencjonowali pełny genom SARS-CoV-2, zaobserwowali CPE w komórkach Vero E6 i Huh7. Vero E6 to unieśmiertelniona linia komórek małpich, a Huh7 to unieśmiertelnione komórki rakowe (rakotwórcze). Oznacza to, że były one utrzymywane in vitro (w hodowlach na płytkach Petriego) przez wiele lat.

Centralnym punktem oficjalnej historii SARS-CoV-2 jest idea, że □□ 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 gruczołakoraka (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”.

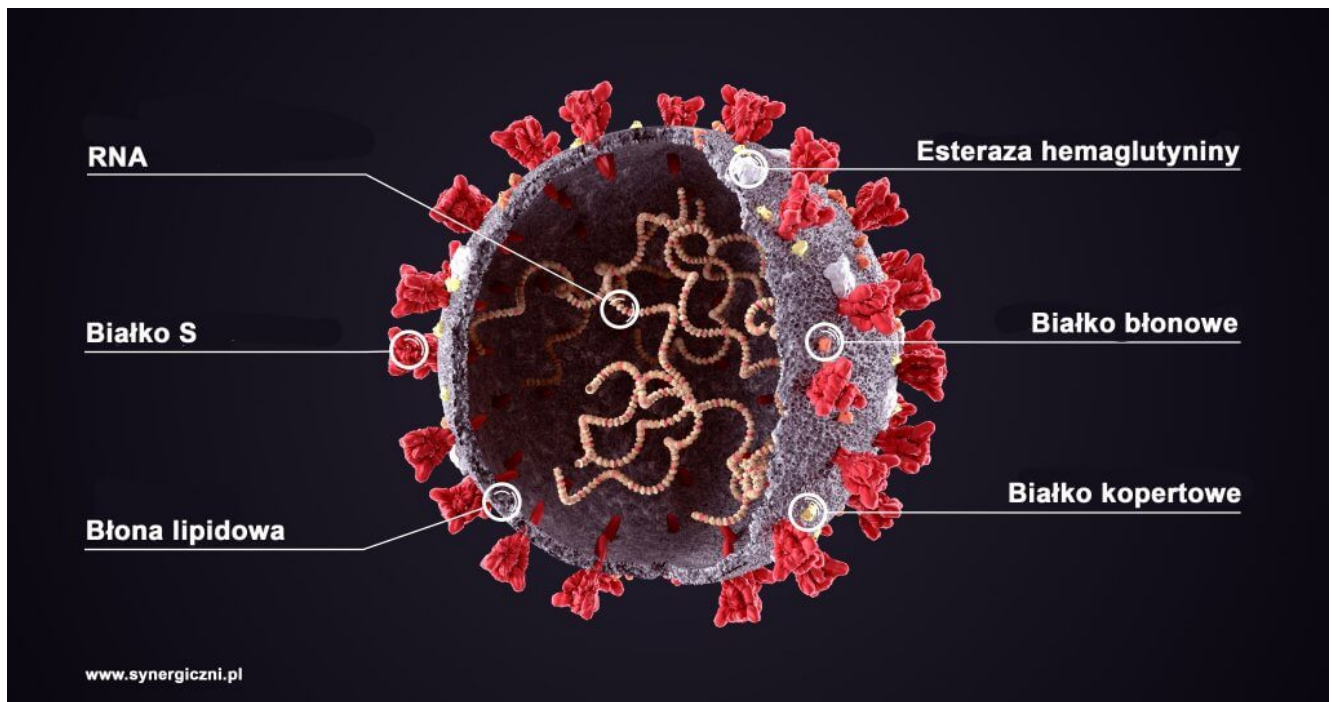
CDC nie zaobserwował żadnego CPE w ludzkich komórkach. Nie widzieli żadnych dowodów na to, że ten rzekomy wirus spowodował jakąkolwiek chorobę człowieka. Ten rzekomy ludzki wirus nie wykazywał też żadnej godnej uwagi replikacji w ludzkich komórkach, co sugeruje, że infekcja z człowieka na człowieka byłaby 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)	8e-125	228/228(100%)	0/228(0%)	Plus/Plus
Query 1	ATGTACTCATTGGTTTCGGAGAGACAGGTACGTTAATAGTTAATAGCGTACTCTCTTTT	60		
Subject 26288	ATGTACTCATTGGTTTCGGAGAGACAGGTACGTTAATAGTTAATAGCGTACTCTCTTTT	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	CCTGTGGGTTTACACT	18		
Sbjct 44996991	CCTGTGGGTTTACACT	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 succinatiphila J111803 supercontig 2, whole genome shotgun sequence	38.2	38.2	76%	0.99	100.00%	NZ_L3031188.1
Shewanella aeraria JCM 15074, whole genome shotgun sequence	38.2	38.2	76%	0.99	100.00%	NZ_L014010003.1
Lactobacillus pastinac strain JCM 15617 contig4, whole genome shotgun sequence	38.2	38.2	76%	0.99	100.00%	NZ_L01516200000.1
Lactobacillus marthiensis strain L3612 chromosome	38.2	38.2	96%	0.99	100.00%	NZ_CP006008.1
Lactobacillus reuteri strain JCM 31204, whole genome shotgun sequence	38.2	38.2	72%	0.9	100.00%	NZ_L015160000.1
Lactobacillus reuteri strain JCM 31204, whole genome shotgun sequence	38.2	38.2	72%	0.9	100.00%	NZ_L015160000.1

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 „śmieciovym” DNA (cDNA).

Na przykład [gen SARS-CoV-2 S](#) ma być wysoce specyficzny dla genomu wirusa SARS-CoV-2. Sekwencja docelowa to – TTGGCAAATTCAAGACTCACTTTC. Wyszukiwanie mikrobiologiczne BLAST zwraca 97 dopasowań drobnoustrojów ze 100% zgodnością

sekwencji. Najniższe dopasowanie procentowe tożsamości, w pierwszej setce, to 95%. Ludzki genom BLAST również znajduje 100% dopasowanie sekwencji do 86 fragmentów ludzkich chromosomów.

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

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

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

Ostateczne oszustwo

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

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

Prawna definicja spisku to:

„Połączenie lub konfederacja między dwiema lub więcej osobami utworzonymi w celu popełnienia, wspólnym wysiłkiem, jakiegoś czynu niezgodnego z prawem lub przestępstwa”

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

Aby nastąpiło oszustwo, oszustwo musi być umyślne. Intencją musi być celowe pozbawienie innych ich praw lub zranienie ich w inny sposób. Jeśli istnieją dowody zмовы 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.

**15% zgonów spowodowanych
koronawirusem na całym
świecie można przypisać
zanieczyszczeniu powietrza**



Długotrwałe narażenie na zanieczyszczenie powietrza wiąże się

ze zwiększonym ryzykiem śmierci z powodu koronawirusa z Wuhan (COVID-19). Według nowych badań na [odsetek zgonów z powodu COVID-19 na całym świecie, może mieć wpływ zanieczyszczenie powietrza](#).

Opublikowany pod koniec października w czasopiśmie *Cardiovascular Research* badania, [wykazały, że około 15 procent](#) (lub więcej niż 180.000) zgonów z powodu COVID-19 na całym świecie można przypisać długotrwałej ekspozycji na zanieczyszczenia powietrza.

W Azji Wschodniej, która ma jedne z najwyższych poziomów zanieczyszczenia powietrza na Ziemi, naukowcy oszacowali, że 27 procent zgonów spowodowanych COVID-19 można przypisać powikłaniom wynikającym ze szkodliwych skutków narażenia na zanieczyszczenie powietrza. W Europie uważa się, że 19 procent zgonów z powodu COVID-19 było związanych z zanieczyszczeniem powietrza, tylko o dwa procent więcej niż szacunki dotyczące zgonów z powodu COVID-19 w Ameryce Północnej.

Połączone, długotrwałe narażenie na [zanieczyszczenie powietrza i COVID-19 może mieć niekorzystny wpływ na zdrowie](#), zwłaszcza na serce i naczynia krwionośne – powiedział współautor badania Thomas Munzel, szef oddziału kardiologii w Uniwersyteckim Centrum Medycznym [Johannes Gutenberg University](#) w Niemczech.

Zgony spowodowane COVID-19 można przypisać zanieczyszczeniu powietrza

Aby oszacować odsetek zgonów spowodowanych COVID-19 na całym świecie, które można przypisać narażeniu na zanieczyszczenie powietrza, naukowcy przeanalizowali dane dotyczące zdrowia i chorób z USA i Chin dotyczące zanieczyszczenia powietrza i COVID-19. Połączyli to z danymi satelitarnymi dotyczącymi globalnego narażenia na pył zawieszony, a także danymi z naziemnych sieci monitorowania zanieczyszczeń.

Pył zawieszony to mieszanina mikroskopijnych cząstek stałych i kropelek cieczy w powietrzu. Wdychane mogą wpływać na serce i

płuca, powodując niekorzystne skutki zdrowotne.

Ogólnie dane pokazały zróżnicowany obraz różnych krajów. Na przykład zanieczyszczenie powietrza ze źródeł antropogenicznych, takich jak spalanie, jest powiązane z 29% zgonów z powodu COVID-19 w Czechach, 27% w Chinach i 26% w Niemczech.

Z drugiej strony 15 procent zgonów z powodu COVID-19 we Włoszech można przypisać zanieczyszczeniu powietrza, a 14 procent w Wielkiej Brytanii. Tymczasem kraje o surowych normach jakości powietrza i stosunkowo niskim poziomie zanieczyszczenia powietrza, takie jak Nowa Zelandia i Australia, miały najniższe jednocyfrowe szacunki z wszystkich badanych krajów.

Podczas wdychania zanieczyszczonego powietrza te mikroskopijne cząsteczki w powietrzu mogą przeniknąć przez barierę płucną i dostać się do krwiobiegu, powodując stan zapalny i silny stres oksydacyjny – wyjaśnił Munzel. Co gorsza, cząstki stałe mogą uszkodzić wewnętrzną wyściółkę tętnic i śródbłona, powodując ich zwężenie i sztywność.

Kiedy wirus wywołujący COVID-19 infekuje płuca, atakuje komórki płuc i powoduje podobne uszkodzenia naczyń krwionośnych. Jeśli płuca i naczynia krwionośne są już słabe w wyniku narażenia na zanieczyszczone powietrze, COVID-19 może spowodować jeszcze większe szkody, powodując poważne komplikacje.

Sugeruje to, że cząstki stałe są kofaktorem zaostrzającym COVID-19, powiedział współautor Jos Lelieveld z Instytutu Chemii im. Maxa Plancka w Niemczech.

Tymczasem sytuacja może być znacznie gorsza w przypadku osób z istniejącymi wcześniej chorobami, takimi jak [choroby serca](#). W przypadku narażenia na zanieczyszczenie powietrza i zakażenia SARS-CoV2 osoba z chorobą serca prawdopodobnie będzie narażona na zwiększone ryzyko zawału [serca, niewydolności](#)

[serca](#) i [udaru](#).

Ogólnie rzecz biorąc, ustalenia te zgadzają się z wynikami wcześniejszego raportu, który powiązał zanieczyszczenie powietrza ze zgonami spowodowanymi przez COVID-19. W tym badaniu naukowcy z [Harvard TH Chan School of Public Health](#) odkryli, że pacjenci z COVID-19 z regionów USA o wysokim poziomie zanieczyszczenia powietrza byli [bardziej narażeni na śmierć z powodu tej choroby](#) niż pacjenci z mniej zanieczyszczonych regionów.

W pierwszym tego rodzaju badaniu naukowcy przeanalizowali poziomy zanieczyszczenia powietrza drobnymi cząstkami stałymi przed tzw. pandemią COVID-19 w 3089 hrabstwach USA, a także całkowitą liczbę zgonów z powodu COVID-19 w tych krajach.

Ich analiza wykazała, że [mały, niewielki, jednostkowy wzrost zanieczyszczenia cząsteczkami 15–20 lat przed tzw. pandemią](#) wiązał się z 15-procentowym wzrostem śmiertelności z powodu COVID-19. Francesca Domini, która kierowała analizą, również brała udział w najnowszych badaniach opublikowanych w *Cardiovascular Research*.

Łagodzenie zanieczyszczenia powietrza w celu zmniejszenia liczby zgonów z powodu COVID-19

Ogólnie rzecz biorąc, wyniki nowych badań sugerują, że 15 procent wszystkich zgonów z powodu COVID-19 na świecie można by uniknąć, gdyby powietrze było czyste. Odkrycia podkreślają również potrzebę skutecznych polityk mających na celu redukcję emisji antropogenicznych.

Jednak badania te nie wykazują związku przyczynowo-skutkowego między zanieczyszczeniem powietrza a COVID-19. Podkreśla to potrzebę przeprowadzenia większej liczby badań, które potwierdzą taki związek, zanim rządy będą mogły rozpocząć opracowywanie i egzekwowanie polityki łagodzenia zanieczyszczenia powietrza.

Źródła:

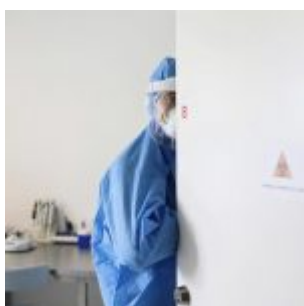
[TheGuardian.com 1](#)

[TheGuardian.com 2](#)

[Academic.OUP.com](#)

[Aljazeera.com](#)

Poľscy naukowcy poszukuj genu odpornego na koronawirusa



600 osb z caľej Polski, kre nie zaraziły si wirusem SARS-CoV-2, mimo e miały kontakt z osob zarażon, zostanie przebadanych przez naukowcw. Finałem projektu ma by uzyskanie testu, kóry wskaże osoby, na kóre w czasie trwajcej pandemii trzeba szczególnie uwaać.

„Jest bardzo mała liczba osb w kadej populacji i dotyczy to kadego wirusa, kóre si nigdy nie zaraż. Znaalezienie tych osb pomoże nam zrozumie, co w ich przypadku jest tym mechanizmem obronnym. Za pomoc prostych testw genetycznych bdziemy mogli stwierdzi, kóre osoby z populacji nie powinny si w ogle martwi tym, e zachoruj na koronawirusa” – powiedzia PAP dr Paweł Zawadzki z MNM Diagnostics i Polskiego

Centrum Biobankowania.

Zdaniem naukowca Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, jest duże prawdopodobieństwo istnienia genu, który chroni te osoby przed koronawirusem. Dodał, że podobnie jest z innymi wirusami.

„Są osoby, które nigdy nie będą miały opryszczki, bo są odporne na działanie wirusa, który je wywołuje. Jesteśmy przekonani, że w przypadku wirusa SARS-CoV-2 jest podobnie” – zaznaczył Zawadzki. Dlatego Naukowcy z MNM Diagnostics i Centralnego Szpitala Klinicznego MSWiA w Warszawie chcą przebadać 600 osób z całego kraju, które się nie zaraziły koronawirusem, mimo że miały kontakt z osobą zarażoną.

W badaniu mogą uczestniczyć: domownicy, osoby spokrewnione, bądź mieszkające z pacjentami, które przeszły infekcję, a same pozostały zdrowe, albo zakażenie SARS-CoV-2 było u nich bezobjawowe. Do tej pory zgłosiło się około 250 osób. „Szukamy dalej, bo nie wszystkie osoby, które się zgłoszą zostaną zakwalifikowane do programu. Mogło się bowiem okazać, że ktoś mieszkał z osobą zakażoną, nie miał żadnych symptomów, przeszedł COVID-19 nawet o tym nie wiedząc, bo ma przeciwciała. My szukamy osób, które tych przeciwciał nie będą miały” – podkreślił dr Zawadzki.

Dla osób zainteresowanych udziałem w badaniu został uruchomiony formularz online odporninacovid.pl. „Po wypełnieniu bardzo krótkiego formularza, pracownik naszej firmy upewnia się, że dana osoba spełnia kryteria i kieruje ją do najbliższego laboratoriów ALAB. Tam czeka komplet dokumentów, pobierana jest też krew do badań serologicznych i genetycznych. Każda osoba otrzyma wynik testu, w ten sposób dowie się, czy przechodziła koronawirusa czy nie” – powiedział naukowiec.

W ramach projektu, po zebraniu materiału, badacze z MNS Diagnostics i szpitala MSWiA w Warszawie, porównywać będą

profile ludzi zdrowych, którzy mieli kontakt z zakażonym, z profilami pacjentów, którzy chorobę przeszli ciężko. „Opieramy się na idei, że infekcja wirusem i jej ciężkość przebiegu, jest uzależniona od genów pacjenta” – podkreślił dr Zawadzki, który w tej tematyce współpracuje z badaczami z całego świata, z 200 ośrodków klinicznych, w ramach konsorcjum „The COVID Human Genetics Efforts”.

Finałem projektu ma być uzyskanie testu, który wskaże osoby na które w czasie trwającej pandemii trzeba szczególnie uważać. Zawadzki dodał, że wstępne wyniki projektu powinny być znane za około pół roku.

Autor: *Janusz Majewski*

Szczepionka Sputnik V budzi krytykę – eksperci potępiają brak przejrzystości wyników Rosyjskich badań



Eksperci medyczni walczą z planem Rosji, aby [przyspieszyć dystrybucję kontrowersyjnej szczepionki Sputnik V](#), mimo że szczepionka COVID-19 nie przeszła jeszcze badań klinicznych na dużą skalę. Wyrazili również swoje zaniepokojenie „dziwnymi wzorami” w wynikach pierwszej fazy badania kandydata na

szczepionkę. Szczepionka jest obecnie opracowywana w państwowym Instytucie Badawczym Epidemiologii i Mikrobiologii Gamaleya we współpracy z *Ministerstwem Obrony*.

Eksperci żądają publikacji surowych danych

Eksperci medyczni z 12 krajów – w tym USA, Wielkiej Brytanii, Szwajcarii, Japonii, Niemiec i Francji – [podpisali list otwarty, w którym](#) domagają się, aby Instytut Gamaleya udostępnił informacje dotyczące szczepionki. W szczególności ich obawy wynikają z artykułu opublikowanego w czasopiśmie medycznym *Lancet* na temat wyników badań fazy 1 Sputnika V. Twierdzili, że powielanie wyników dotyczących produkcji przeciwciał u uczestników jest „wysoce nieprawdopodobne”. Zauważyli również, że w badaniach wzięło udział tylko 76 ochotników – zbyt mało, aby określić bezpieczeństwo i skuteczność szczepionki.

W odpowiedzi, za pośrednictwem państwowej agencji informacyjnej TASS, Gamaleya Institute utrzymywał, że wszystkie dane dotyczące kandydata na szczepionkę [zostały podwójnie sprawdzone](#), a kwestie poruszone przez międzynarodową społeczność medyczną to tylko zbieg okoliczności.

„Zbieżności, które się pojawiły, zwłaszcza na wczesnym etapie (wartości są niskie i bliskie wartości wyjściowej), są związane z nieciągłością danych, a także z małą liczbą uczestników” – napisali naukowcy z Gamaleya. „Uznaliśmy to za ograniczenie badania w sekcji dyskusyjnej [artykułu *The Lancet*]”.

Pomimo sprzeciwu raport TASS odnotował, że Rosja otrzymała zamówienia na ponad miliard dawek Sputnika V z około 20 krajów. Gamaleya Institute nie poczynił dalszych komentarzy dotyczących apeli o publikację surowych danych z badań fazy 1.

Rosja przyspieszyła zatwierdzenie drugiej

szczepionki na koronawirusa

W środę 14 października prezydent Rosji Władimir Putin ogłosił, że druga szczepionka przeciwko koronawirusowi, EpiVacCorona, [uzyskała zgodę organów regulacyjnych](#).

„Musimy teraz zwiększyć produkcję pierwszej i drugiej szczepionki” – powiedział Putin podczas [telewizyjnego spotkania z przedstawicielami rządu](#). Prezydent Rosji powiedział, że priorytetem kraju będzie zapewnienie wystarczających dawek zarówno EpiVacCorony, jak i Sputnika V dla własnych obywateli.

Szczepionka została opracowana przez Vector State Research Center of Virology and Biotechnology, [byłe laboratorium badawcze](#) w Związku Radzieckim.

Drugą fazę badania EpiVacCorona przeprowadzono wśród 100 ochotników. Żadne dane dotyczące badań nie zostały opublikowane, ale naukowcy zaangażowani w opracowywanie szczepionki stwierdzili, że EpiVacCorona może zapewnić osobie do sześciu miesięcy odporności na koronawirusa.

Proces zatwierdzania EpiVacCorona przebiegał szybko, mimo że nie ukończył trzeciej fazy swoich badań klinicznych.

Tatyana Golikova, wicepremier Rosji, powiedziała, że □ EpiVacCorona będzie przechodzić porejestracyjne badania kliniczne. Próba obejmie 40 000 wolontariuszy z całej Rosji. Golikova powiedziała również, że sama przetestowała EpiVacCorona i nie doświadczyła żadnych skutków ubocznych.

Źródła:

[TheEpochTimes.com](https://www.theepochtimes.com)

[TASS.com](https://tass.com)

[IBTimes.sg](https://ibtimes.sg)

MedicalDialogues.in

WSJ.com