

Wielka Brytania potrzebuje „oddziałów reanimacyjnych” w ośrodkach szczepień na COVID po reakcjach alergicznych



Brytyjska służba zdrowia (NHS) potwierdziła w środę, że wdraża „oddziały reanimacyjne” w ośrodkach szczepień przeciwko koronawirusowi po tym, jak ujawniono, że dwóch pracowników służby zdrowia [doznało reakcji anafilaktycznej](#) po otrzymaniu szczepionki Pfizer / BioNTech pierwszego dnia po jej wprowadzeniu.

W następstwie działań niepożądanych, których doświadczyli dwaj pracownicy służby zdrowia, Agencja Regulacyjna ds. Leków i Produktów Opieki Zdrowotnej (MHRA) wydała „poradę zapobiegawczą”, która mówi, że osoby, które mają „historię znaczącej reakcji” na leki, żywność lub szczepionki, powinny unikać szczepionki na koronawirusa.

Nowa rada brzmiała: „Urządzenia do resuscytacji powinny być dostępne przez cały czas dla wszystkich szczepionych. Szczepienia należy wykonywać tylko w placówkach, w których dostępne są środki resuscytacyjne”.

W komentarzach skierowanych do Breitbart London w środę rzecznik NHS England i NHS Improvement Matthew Edwards powiedział, że „wszystkie ośrodki szczepień przestrzegają wytycznych określonych przez MHRA”.

NHS stwierdziło również, że szuka „dalszych informacji i udzieli dalszych porad po przeprowadzeniu dochodzenia”.

Breitbart London zwrócił się do MHRA z prośbą o komentarz, ale organ medyczny nie odpowiedział do czasu publikacji.

NHS opisuje [anafilaksję](#) jako „poważną i potencjalnie zagrażającą życiu reakcję na czynnik wyzwalający, taki jak alergia”, która jest wynikiem „nadmiernej reakcji układu odpornościowego organizmu na czynnik wyzwalający”, taki jak niektóre rodzaje leków.

Profesor farmakoepidemiologii w London School of Hygiene and Tropical Medicine, Stephen Evans [powiedział](#): „Reakcja alergiczna występuje przy wielu szczepionkach, a być może nawet częściej w przypadku leków. Więc nie jest to nieoczekiwane.”

„Dane firmy Pfizer wykazały, że około 0,6% ludzi miało jakąś formę reakcji alergicznej w badaniu na szczepionkę, ale około 0,5% w grupie placebo. Wystąpił więc prawdziwy nadmiar reakcji alergicznej, ale był on niewielki, a prawdziwa częstość nie jest znana, a oszacowanie to jest bardzo niepewne.

„Jedyną rzeczą, która jest przeciwwskazana w przypadku tej szczepionki (co oznacza, że nie wolno jej przyjmować) jest nadwrażliwość na szczepionkę lub którąkolwiek z substancji pomocniczych (inne składniki szczepionki), ale niektórzy ludzie nie będą wiedzieć, czy mają nadwrażliwość na niektóre składniki szczepionki”.

Profesor Evans powiedział, że „mądrze byłoby” dla tych, którzy mieli w przeszłości relacje alergiczne, na przykład ci, którzy muszą nosić automatyczny wstrzykiwacz, taki jak EpiPens, odłożyć szczepionkę do czasu wyjaśnienia przyczyny reakcji alergicznej.”

Brytyjski system opieki zdrowotnej ostrzegał wcześniej, że

kobiety w [ciąży lub karmiące piersią](#) powinny unikać przyjmowania szczepionki do czasu uzyskania większej ilości informacji.

We wtorek Wielka Brytania zaczęła [wprowadzać szczepionkę](#) opracowaną przez amerykańską firmę Pfizer i niemiecką BioNTech, która jest pierwszą szczepionką przeciwko koronawirusowi u ludzi przyjętą przez jakikolwiek zachodni kraj.

Źródło:

[breitbart.com](https://www.breitbart.com)

Szczepionka mRNA COVID-19 w szerszej perspektywie



Sam kod genetyczny biosfery planety, w tym ludzi, jest nadpisywany; Ostatecznym celem jest *zdolność do manipulowania, patentowania i programować na życzenie procesy biologiczne* wszystkiego co żyje.

„W ciągu 50 lat moglibyśmy wynaleźć w laboratorium więcej form życia, niż kiedykolwiek zidentyfikowaliśmy w naturze ”. – [Inwestycje lojalnościowe](#)

[Thinking Big: Synthetic Biology, Fidelity](#) od [Tian](#)

[Hughes](#) na [Vimeo](#).

Tom Knight, profesor w Laboratorium Sztucznej Inteligencji MIT, [powiedział w 2007 roku](#), że „ **Kod genetyczny ma 3,6 miliarda lat. Czas na jego przepisanie.**”

Teraz Ginkgo Bioworks, firma Knighta zajmująca się biologią syntetyczną, [wykorzystuje swoją technologię biologii syntetycznej](#) do opracowywania szczepionek przeciwko COVID-19.

Bill Gates włożył także miliony w biologię syntetyczną. Jak donosi [Newsweek w 2007 roku](#), „UC Berkeley otrzymało 42 miliony dolarów od Billa Gatesa na stworzenie żywych mikrofabryk...”

Genetyk Craig Venter jest pionierem w dziedzinie biologii syntetycznej. [W 2010 roku media okrzyknęły](#) sukces jego zespołu w stworzeniu „*pierwszego samoreplikującego się gatunku, jaki mieliśmy na planecie, którego rodzicem jest komputer*”.

Założyciel Google, Larry Page, spotkał się z Craig Venter w Kalifornii na [spotkaniu miliarderów Edge w 2010 roku](#). Obecni byli także przedstawiciele Departamentu Stanu, Bill Gates, Anne Wojcicki, Bill Joy oraz dziesiątki dyrektorów generalnych i naukowców innych firm technologicznych.

Podczas spotkań miliarderów omawiano przyszłość inżynierii genetycznej, biokomputacji i ponownego projektowania ludzkości w erze transhumanizmu. Fizyk Freeman Dyson [opisał osoby kierujące tą grupą](#) jako posiadające boską moc tworzenia zupełnie nowych gatunków na Ziemi w „New Age of Wonder”. Opisuje je jako:

„... Nowe pokolenie artystów, piszących genomy tak płynnie, jak Blake i Byron pisali wersety, może stworzyć obfitość nowych kwiatów, owoców, drzew i ptaków, aby wzbogacić ekologię naszej planety”.

Patentowanie życia

Inżynieria syntetyczna roślin i zwierząt umożliwiła korporacjom opatentowanie kodu genetycznego i czerpanie z niego korzyści.

Ponieważ biologia syntetyczna jest inną techniką niż starsza technologia inżynierii genetycznej, [Sąd Najwyższy orzekł](#) w 2013 r., że syntetyczne DNA można opatentować, ponieważ nie jest „produktem natury”. Sędzia Clarence Thomas napisał:

„... Technik laboratoryjny niewątpliwie tworzy coś nowego, kiedy robi się cDNA. cDNA zachowuje naturalnie występujące egzony DNA, ale różni się od DNA, z którego został uzyskany. W rezultacie cDNA nie jest „produktem natury” i kwalifikuje się do opatentowania zgodnie z §101, z wyjątkiem sytuacji, gdy bardzo krótkie serie DNA mogą nie mieć intronów interweniujących do usunięcia podczas tworzenia cDNA”.

„Jedzenie 2.0”

Składniki biologii syntetycznej [już po cichu weszły do](#) naszej żywności. [Nature ogłosiło w 2014](#) roku: „W tym roku [Evolva] wyda produkt, który został stworzony przez genetycznie zmodyfikowane drożdże, które przekształcają cukry w wanilinę. Będzie to pierwszy duży syntetyczny dodatek do żywności, który trafi do supermarketów”.

Od tego czasu opracowano inne syntetyczne produkty spożywcze. Biologia syntetyczna stworzyła burgery, jajka i krewetki na bazie roślin. [Raport Forbes](#) ,

„Wraz z pojawieniem się biologii syntetycznej, łatwe czytanie, pisanie i edycja DNA może otworzyć zupełnie nowy świat projektowanych białek o ulepszonych właściwościach odżywczych, smakowych, zapachowych i materiałowych”.

Ludzie przeprojektowali nowe szczepionki

[The New York Times doniósł](#) o rozwijającej się technologii szczepionek zwanej „immunoprofilaktyką poprzez transfer genów” w 2015 roku. Jak donosi The Times, testy na zwierzętach na syntetycznej szczepionce DNA „**polegają zasadniczo na przeprojektowaniu** zwierząt, aby były odporne na choroby”.

W artykule z New York Times powiedziano dalej: „... **perspektywa inżynierii genetycznej, która oprze się chorobom zakaźnym, może budzić niepokój pacjentów**”.

Teraz, w następstwie tzw. pandemii COVID-19, ludzie mają zostać genetycznie zmienieni za pomocą technologii szczepionek mRNA opartej na biologii syntetycznej.

Biolodzy syntetyczni [finansowani przez Gatesa](#) uważają, że dzięki „**samoorganizującym się nanocząstkom**”, które zostaną wstrzyknięte do organizmu, mogą „zrobić coś lepiej” niż natura:

„ Z całym szacunkiem dla przyrody, biolodzy syntetyczni uważają, że mogą działać lepiej. Korzystając z komputerów, projektują nowe, samoorganizujące się nanocząsteczki białkowe z białkami wirusowymi, zwanymi antygenami: te podobne do jeżozwierza cząsteczki byłyby wnętrzościami szczepionki”.

Źródło:

infowars.com

Reparacje nie kontrakty



Komentarz

4 grudnia br. Generalna Dyrekcja Dróg Krajowych i Autostrad (GDDKiA) poinformowała, że oferta chińskiej firmy Stecol Corporation została wybrana jako najkorzystniejsza w przetargu na zaprojektowanie i budowę ostatniego fragmentu autostrady prowadzącej od Mińska Mazowieckiego do Siedlec. Mimo fatalnych doświadczeń sprzed lat z firmą Covec, odpowiedzialną za zawalenie budowy autostrady A2 między Łodzią a Warszawą, znów dopuszczamy Chińczyków do budowy polskich dróg. I znów jest to firma całkowicie kontrolowana przez tamtejszą władzę, a więc przez Komunistyczną Partię Chin (KPCh).

W tej chwili już druga inwestycja od czasu Euro 2012 realizowana dla GDDKiA wpada w ręce chińskiej firmy. W sierpniu ub. roku Stecol Corporation podpisała wart 724 mln zł kontrakt na budowę drogi ekspresowej S14 stanowiącej zachodnią obwodnicę Łodzi.

Zgoda na to, by kontrakty drogowe w naszym kraju otrzymywały podmioty kontrolowane przez KPCh, pada teraz w szczególnym momencie. Polska, tak jak inne kraje, boryka się z pandemią, za którą odpowiedzialne są Chiny, a dokładniej rządząca nimi KPCh. Dziś pozwalając Chińczykom robić interesy na naszych drogach, zamiast wspierać polskie firmy, wspieramy państwo, które jest odpowiedzialne za pandemię. Jest odpowiedzialne za to, że umierają i chorują Polacy, że padają polskie firmy.

Władze ChRL przez dwa miesiące (od połowy listopada 2019 roku do połowy stycznia) nie podjęły działań, które zapobiegłyby pandemii. Co więcej, tych, którzy chcieli ostrzec świat, że dzieje się coś niepokojącego, prześladowali. Taki los

spotkał [lekarza z Wuhan Li Wenlianga](#), który wraz z innymi siedmioma lekarzami jeszcze w grudniu ostrzegał przed epidemią groźnego wirusa wywołującego zapalenie płuc. Za to był dwukrotnie zatrzymywany i kazano mu podpisać dokument, w którym „przyznaje się” on, że rozsiewał plotki i przyczyniał się do zakłócania porządku społecznego. Li potem wrócił do pracy w szpitalu i zarażony przez pacjenta koronawirusem zmarł. Gdyby świat mógł usłyszeć doktora Li, nie byłoby pandemii.

Jest też [badanie naukowców z brytyjskiego Uniwersytetu w Southampton](#), które mówi, że gdyby Chiny podjęły działania służące ograniczeniu wirusa na przełomie grudnia i stycznia, to byłoby o 95 proc. mniej zachorowań. Krótko mówiąc, nie byłoby pandemii.

Komunistyczna Partia Chin, kłamiąc w sprawie wybuchu pandemii, uciszając ekspertów medycznych i naciskając na inne kraje, aby te nie ograniczały podróży do i z Chin na początku roku, co powstrzymałoby rozprzestrzenianie się wirusa, zniszczyła życie i zdrowie wielu Polaków, zniszczyła też naszą gospodarkę. Dziś zamiast przyznawać kontrakty firmom kontrolowanym przez KPCh powinniśmy żądać od Chin odszkodowań. KPCh wypuściła w świat [wirusa](#), który paraliżuje nasze życie. Czas na żądanie reparacji, a nie dogadzanie sprawcom [biologicznego Czarnobyla](#). Oni muszą za wyrządzoną krzywdę zapłacić.

Hanna Shen jest polską dziennikarką i korespondentką polskich mediów w Azji mieszkającą na Tajwanie. Pisze dla polskiej i tajwańskiej prasy oraz portali informacyjnych.

Czy szczepionka na COVID-19 będzie bezpieczna?



Coraz więcej osób pyta mnie, czy proponowana szczepionka na SarsCoV-2 będzie bezpieczna. Jest nowatorska (po raz pierwszy w historii ma to być szczepionka wpływająca na geny). Nie było możliwości wieloletniej obserwacji i dłuższych badań, jak to jest wymagane przy wprowadzaniu na rynek nowej szczepionki. Nie mogę więc mieć informacji na temat jej bezpieczeństwa i ewentualnych odległych skutków ubocznych – z prostego powodu – nie ma ich nikt na świecie. Mogę się opierać na materiałach udokumentowanych, dotyczących tego tematu i takie też informacje mogę obiektywnie przekazywać. Nasze władze informują, że szczepionka będzie bezpieczna. Posłowie kilku klubów zadali w Sejmie dużo konkretnych pytań dotyczących szczepienia na Covid19.

(<https://www.sejm.gov.pl/sejm9.nsf/InterpelacjaTresc.xsp...>)

Zacytuję pytanie nr 21: „Pan Premier powiedział publicznie, że według danych naukowców z firmy Pfizer – szczepionka nie ma skutków ubocznych. Pan Premier zaufał im na słowo, czy jest w posiadaniu jakichkolwiek badań, dowodów na potwierdzenie tej tezy?”Firma Pfizer rzeczywiście zapewnia, że szczepionka może być szeroko stosowana na całym świecie (<https://www.money.pl/.../szczepionka-na-koronawirusa...>).

Tymczasem federalni prokuratorzy USA określili tę firmę mianem notorycznego oszusta i przestępcy. Firma została wielokrotnie ukarana (wypłaciła miliardy dolarów kar) za wprowadzanie w

błąd w kwestii zastosowania wielu leków (np. Zoloft, Lipitor, Lyrica, Bextra). Zarzut dotyczył także nielegalnego testowania antybiotyków na dzieciach w Nigerii. Firma była zainteresowana zwiększeniem wyników sprzedaży nie licząc się ze zdrowiem i bezpieczeństwem pacjentów. W zdecydowanej większości krajów Europy są instytucje, które finansują leczenie osób dotkniętych powikłaniami poszczepiennymi. W Polsce takiej instytucji nie ma. Jej powstanie jest skutecznie blokowane (<https://wpolityce.pl/.../528159-notoryczny-oszust-i...>).

Firma AstraZeneca przyznaje wprost, że skutki uboczne po szczepionce na SarsCoV-2 mogłyby ujawnić się nawet po kilku latach i dlatego firma nie może wziąć na siebie ŻADNEJ odpowiedzialności za ewentualne powikłania (<https://www.politykazdrowotna.com/62459,astrazeneca...>).

Podsumowując: w razie powikłań pacjent zostanie sam ze swoimi chorobami licząc na opiekę totalnie niewydolnych placówek ochrony zdrowia. A gdyby nawet zmarł w wyniku powikłań, to nikt nie zapłaci odszkodowania. Polscy naukowcy i lekarze, podchodząc bardzo merytorycznie do problemu w liście otwartym do Prezydenta i Rządu twierdzą, że szczepienia na koronawirusa NIE SĄ BEZPIECZNE.

„Szczepionki nie zostały właściwie zbadane i ich zastosowanie może doprowadzić do nieoczekiwanych zmian zarówno na poziomie komórkowym, w tym zmian szlaków sygnałowych i zmiany ekspresji genów” – czytamy w piśmie. „Wprowadzane obecnie pośpiesznie szczepionki mają charakter eksperymentu na wielką skalę. Ponieważ mogą obniżyć naszą odporność na inne choroby, na skutek masowych szczepień może więc umrzeć więcej ludzi niż obecnie na COVID-19. Ponadto zmiany genetyczne wywołane przez szczepionki mogą wpłynąć na przyszłe pokolenia” (<https://dorzeczy.pl/.../lekarze-i-naukowcy-ostrzegaja...>).

Autor: *Marcin Lis*

Giuliani mówi, że `szybko wraca do zdrowia' po pozytywnym teście na COVID-19



Były burmistrz Nowego Jorku Rudy Giuliani powiedział w niedzielę, że „szybko dochodzi do siebie” i podziękował swoim sympatykom po pozytywnej diagnozie wirusa KPCh.

„Dziękuję wszystkim moim przyjaciołom i zwolennikom za wszystkie modlitwy i życzenia. Mam dobrą opiekę i czuję się dobrze. Szybko wracam do zdrowia i jestem na bieżąco – powiedział prawnik w [poście w mediach społecznościowych](#) .

Prezydent Donald Trump [ogłosił wcześniej w niedzielę wiadomość](#), że Giuliani zaraził się [wirusem Komunistycznej Partii Chin \(KPCh\)](#), który zdewastował Stany Zjednoczone i inne państwa na całym świecie. Prezydent nie skomentował stanu zdrowia Giulianiego, ale życzył dobrze 76-latkowi.

Giuliani, który stoi na czele wysiłków prawnych kampanii Trumpa w celu zapewnienia integralności wyborów, uzyskał negatywny wynik testu na obecność wirusa bezpośrednio przed jego podróżą do Arizony, Michigan i Georgii, według zespołu prawnego Trumpa. Podróżował do tych stanów, aby przeprowadzić przesłuchania z ustawodawcami stanowymi w sprawie zarzutów fałszowania wyborów.

Zespół prawny Trumpa powiedział również, że burmistrz nie doświadczył żadnych oznak ani objawów ani nie uzyskał pozytywnego wyniku na obecność wirusa przez ponad 48 godzin po powrocie.

„Żaden prawodawca w żadnym stanie ani członkowie prasy nie figurują na liście śledzenia kontaktów zgodnie z aktualnymi wytycznymi CDC” – dodał zespół.

Powiedzieli, że członkowie zespołu prawników, którzy mieli „bliski kontakt” z Giulianiem, teraz przestrzegają oficjalnych wytycznych lekarzy i służby zdrowia w zakresie samoizolacji i testów.

Wcześniej 6 grudnia Giuliani udzielił wywiadu Marii Bartiromo z Fox News i nie wydawał się wykazywać żadnych objawów.

W programie Giuliani odniósł się do nagrania wideo z monitoringu State Farm Arena w Atlancie, które [pokazywało](#) urzędników wyborczych wyciągających czarne pojemniki na kółkach spod stołu po odesłaniu do domu obserwatorów sondaży i pracowników wyborczych. Przedstawiciele stanu powiedzieli, że proces ten nie był niezwykły, ale nie odpowiedzieli na kluczowe pytania zadane przez zespół Trumpa, kiedy skomentowali wideo podczas przesłuchania w legislaturze stanu Georgia.

Stało się to po tym, jak syn Giulianiego, Andrew Giuliani, który obecnie służy jako specjalny asystent prezydenta Donalda Trumpa, uzyskał pozytywny wynik testu na obecność wirusa w zeszłym miesiącu. Młodszy Giuliani [napisał na Twitterze](#), że „doświadczał łagodnych objawów” choroby wywoływanej przez wirusa KPCh i „przestrzegał wszystkich odpowiednich protokołów”, takich jak kwarantanna i śledzenie kontaktów.

CDC zaleca by ludzie nosili maseczki podczas wystąpień publicznych i kiedy są wśród ludzi, którzy nie mieszkają z nimi w celu zapobieżenia rozprzestrzenianiu się wirusa.

Jack Phillips przyczynił się do powstania tego raportu.

Facebook ma teraz usuwać „fałszywe twierdzenia” o szczepionkach na koronawirusa



Facebook ogłosił w czwartek, że zacznie usuwać to, co uważa za błędne informacje na temat szczepionek na koronawirusa.

Decyzja jest zgodna z ogólną polityką platformy mediów społecznościowych dotyczącą usuwania błędnych informacji o wirusie, w tym postów o nieuzasadnionych lekarstwach.

Ale do tej pory, gdy rząd zbliżał się do aprobaty i dystrybucji szczepionki, Facebook nie zajął jeszcze jasnego stanowiska w sprawie szczepionek, z wyjątkiem zakazu reklam promujących teorie spiskowe przeciwko szczepieniom, według [CNBC](#).

Firma powiedziała, że „zacznie usuwać „fałszywe twierdzenia dotyczące tych szczepionek, które zostały obalone przez ekspertów ds. Zdrowia publicznego”.

Dyrektor generalny Facebooka Mark Zuckerberg zasignalizował w poniedziałek zmianę, mówiąc, że platforma pokaże użytkownikom „wiarygodne informacje o szczepionkach”.

Firma od marca do października usunęła 12 milionów postów w wyniku swojej polityki dotyczącej tego, co uważa za dezinformację dotyczącą koronawirusa, donosi serwis informacyjny.

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](#).

„Podobnie jak podczas II wojny światowej” – norweskie wojsko patroluje granica w

celu egzekwowania przepisów dotyczących COVID



Według [doniesień](#) Norwegia rozlokowała wojsko w punktach kontrolnych wzdłuż granicy ze Szwecją w celu egzekwowania przepisów dotyczących podróży w związku z koronawirusem.

Mieszkańcy twierdzą, że kontrole graniczne nadzorowane przez wojsko przypominają czasy II wojny światowej.

„To ogromna zmiana” – powiedział mieszkaniec Mory w Szwecji, który został zmuszony do wymiany prezentów świątecznych z rodziną swojej żony na środku drogi dzielącej oba kraje.

Mężczyzna powiedział, że często przebywa w domu rodzinnym tuż za granicą, ale w tym roku norwescy żołnierze uniemożliwili im przejście.

„Norwegia aktywnie działa, aby zapobiec rozprzestrzenianiu się infekcji i dlatego zdecydowała się ściśle monitorować przejścia graniczne ze Szwecją z siłami wojskowymi Straży Krajowej”, informuje [SamNytt](#).

„Szwedzki reporter na przejściu granicznym w Dalarna powiedział, że sytuacja jest podobna do tego, jak wyglądała podczas II wojny światowej”.

Aby Szwedzi mogli w tej chwili wjechać do Norwegii, muszą najpierw przedstawić negatywny test na COVID-19, a 10-dniowa kwarantanna jest nadal wymagana.

Źródło:

europe.infowars.com

Fauci przyznał wreszcie, że szkoły powinny być otwarte



Zwolennik Lockdown, dr. Anthony Fauci, ostro skrytykowany za to, że w końcu przyznał, że szkoły powinny być otwarte pomimo koronawirusowych ograniczeń, a dzieciom zgotowano osiem miesięcy piekła bez powodu.

Podczas niedzielnego występu w programie ABC „This Week” Fauci stwierdził, że „Domyślną pozycją powinno być staranie się, jak to tylko możliwe, w rozsądnym zakresie, aby zatrzymać dzieci w szkole i sprowadzić je z powrotem do szkoły”.

“Close the bars and keep the schools open,” Dr. Anthony Fauci says, adding that while there is no solution that is “one size fits all,” the “best way to ensure the safety of the children in school is to get the community level of the spread low.”

*<https://t.co/th9oAKhHYa>
pic.twitter.com/pDuTdQ0Vfp*

– ABC News Politics (@ABCPolitics) [November 29, 2020](#)

„Jeśli spojrzeć na dane, rozprzestrzenianie się (wirusa) wśród dzieci i przez dzieci nie jest wcale takie duże, jak można by przypuszczać. Więc spróbujmy odzyskać dzieci ”- powiedział Fauci.

Senator Rand Paul, który [konsekwentnie domaga się wyjaśnienia](#), dlaczego szkoły zostały zamknięte bez żadnego naukowego powodu, powiedział, że Fauci „jest winien [przeprosiny] każdemu samotnemu rodzicowi i dziecku w wieku szkolnym w Ameryce”.

Nawiązując do wyznania Fauciego, Paul powiedział: „Mówiłem mu to wiele razy tego lata”.

No, he owes one to every single parent and school-age child in America. <https://t.co/b0ieJhtuqJ>

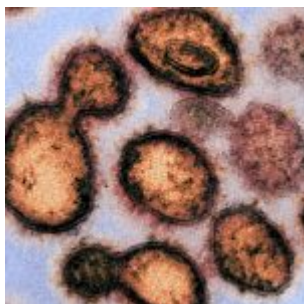
– Rand Paul (@RandPaul) [November 29, 2020](#)

Tucker Carlson skrytykował Fauciego w poniedziałek, zwracając uwagę, że „krajowy zakład zdrowia publicznego 'torturował' dzieci przez osiem miesięcy bez wyraźnego powodu”.

„Władze to przyznały”, nalegał Carlson, dodając, że „najbardziej zdumiewająca część – i to naprawdę jest nagłówek tej historii – polega na tym, że wiedzieli, że się mylili, kiedy to robili. Ale kłamali na ten temat, nawet gdy amerykańskie dzieci zaczęły się zabijać”.

„Dlaczego właśnie to przytrafiło się Tony’emu Fauci?” Tucker zapytał, dodając: „Czy to nie całe zadanie Fauciego: „spójrz na dane?”. Tak jest. A jednak w jakiś sposób nigdy nie pomyślał, żeby to zrobić”.

COVID19 – dowody globalnego oszustwa



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

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

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

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

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

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

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



Identyfikacja ale czego dokładnie?

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

RdRp Gene Matches To Human Chromosomes

Job Title: Nucleotide Sequence
 RID: Y2154ZM5616 Search expires on 12-10-2020 12:38 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: 15
 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

Descriptions	Max Score	Total Score	Query Cover	% Identity	Per. Ident	Accession
Human.sapiens.chromosome.15.gene: path of type RdRp, GRCh38.p13 RefSeq-105.100.100.100	30.7	56.5	100%	100%	100.00%	NC_011557701.1
Human.sapiens.chromosome.15.gene: path of type RdRp, GRCh38.p13 RefSeq-105.100.100.100	30.7	56.5	100%	100%	100.00%	NC_011557701.1
Human.sapiens.chromosome.15.gene: path of type RdRp, GRCh38.p13 RefSeq-105.100.100.100	30.7	56.5	100%	100%	100.00%	NC_011557701.1
Human.sapiens.chromosome.15.gene: path of type RdRp, GRCh38.p13 RefSeq-105.100.100.100	30.7	56.5	100%	100%	100.00%	NC_011557701.1
Human.sapiens.chromosome.15.gene: path of type RdRp, GRCh38.p13 RefSeq-105.100.100.100	30.7	56.5	100%	100%	100.00%	NC_011557701.1
Human.sapiens.chromosome.15.gene: path of type RdRp, GRCh38.p13 RefSeq-105.100.100.100	30.7	56.5	100%	100%	100.00%	NC_011557701.1
Human.sapiens.chromosome.15.gene: path of type RdRp, GRCh38.p13 RefSeq-105.100.100.100	30.7	56.5	100%	100%	100.00%	NC_011557701.1
Human.sapiens.chromosome.15.gene: path of type RdRp, GRCh38.p13 RefSeq-105.100.100.100	30.7	56.5	100%	100%	100.00%	NC_011557701.1

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

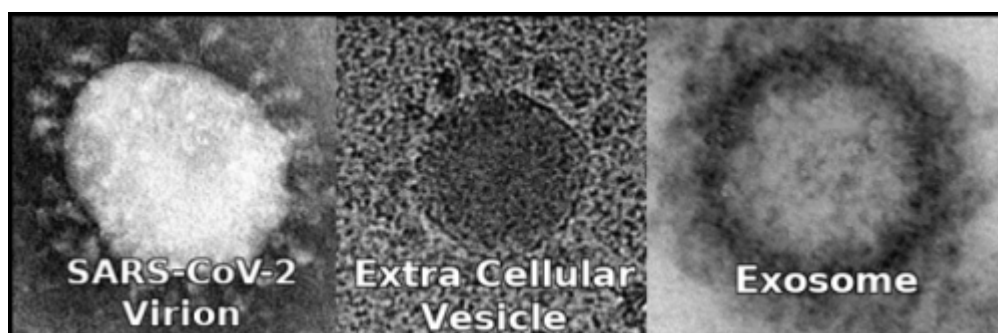
świecie zestawy diagnostyczne do testowania wirusa w miastach i społecznościach na całym świecie. Według WHO i chińskich naukowców testy te wykryją wirusa, który *powoduje* COVID 19.

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

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

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

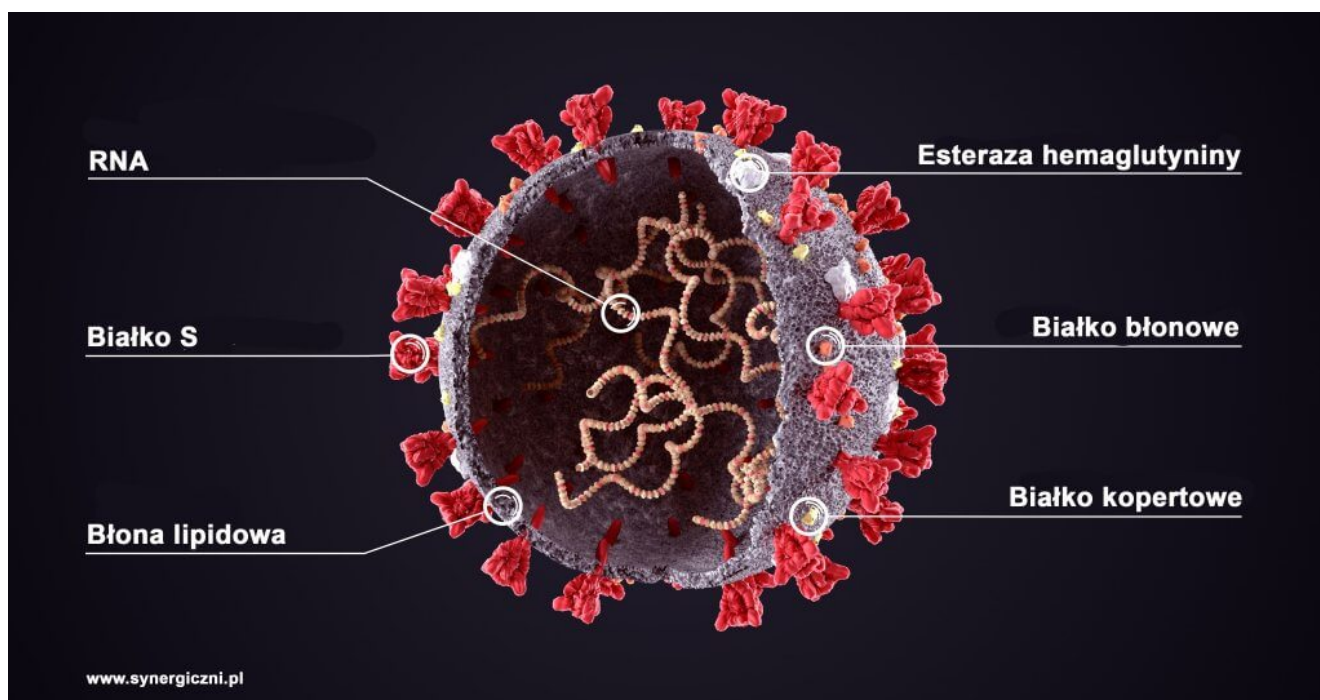
CDC nie zaobserwował żadnego CPE w ludzkich komórkach. Nie widzieli żadnych dowodów na to, że ten rzekomy wirus spowodował jakąkolwiek chorobę człowieka. Ten rzekomy ludzki wirus nie wykazywał też żadnej godnej uwagi replikacji w ludzkich komórkach, co sugeruje, że infekcja z człowieka na człowieka byłaby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

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

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

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

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



Podróż odkrywczą

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

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

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

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

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

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

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

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

Badając te nieznanne 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	Identifiers	Gaps	Strand
34.2 bits(17)	0.67	17/17(100%)	0/17(0%)	Plus/Plus
Query 2	CCTGTGGGTTTTACT 18			
Sbjct 44996991	CCTGTGGGTTTTACT 44997007			

Testowanie po nic

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

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

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

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

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

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

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

naukowców.

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Stwierdzają:

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

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

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

S Gene Matches with Microbes

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

Filter Results

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

Sequences producing significant alignments

Description	Max Score	Total Score	Query Cover	% Ident	Per. Ident	Accession
Dubious bacteriophage YIT 11850 supercontig 2, whole genome shotgun sequence	38.2	38.2	76%	0.99	100.00%	NZ_L3031188.1
Shewanella aeraria JCM 15074, whole genome shotgun sequence	38.2	38.2	76%	0.99	100.00%	NZ_L014610000.1
Lactobacillus plantarum strain JCM 13617, complete genome shotgun sequence	38.2	38.2	76%	0.99	100.00%	NZ_L014610000.1
Lactobacillus plantarum strain JCM 13617, complete genome shotgun sequence	38.2	38.2	76%	0.99	100.00%	NZ_L014610000.1
Lactobacillus plantarum strain JCM 13617, complete genome shotgun sequence	38.2	38.2	72%	0.9	100.00%	NZ_L014610000.1
Lactobacillus plantarum strain JCM 13617, complete genome shotgun sequence	38.2	38.2	72%	0.9	100.00%	NZ_L014610000.1

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

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

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

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

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

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

Ostateczne oszustwo

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

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

Prawna definicja spisku to:

„Połączenie lub konfederacja między dwiema lub więcej osobami

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

W jurysdykcjach Kodeksu Napoleona domniemywa się winy. Aby oskarżeni spiskowcy udowodnili swoją niewinność, muszą wykazać, że pomimo swoich niezmiernych 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.