

Szpital nie może wymagać wykonania testu PCR



Narodowy Fundusz Zdrowia oraz Rzecznik Praw Pacjenta po ponad dwóch latach wolnej amerykanki, jaką Naczelnik Niedzielski dał szpitalom i przychodniom w zakresie świadczeń medycznych potwierdza wcześniej prezentowane przez nas stanowisko o braku podstawy prawnej żądania wykonania testu PCR przed przyjęciem do szpitala.

W komunikacie zamieszczonym na stronie RPP czytamy:

Jeśli ktoś w placówce medycznej wymaga od Ciebie udowodnienia, że nie jesteś chory na COVID19 i od negatywnego wyniku testu uzależnia np. przyjęcie Cię do poradni lub do szpitala, narusza prawa pacjenta! Rzecznik Praw Pacjenta i Narodowy Fundusz Zdrowia przypominają, że podstawowym warunkiem właściwej realizacji prawa pacjentów do świadczeń zdrowotnych jest zapewnienie odpowiedniej dostępności tych świadczeń. Przepis ten obejmuje także ograniczanie barier, które mogą utrudniać dostanie się do lekarza lub skorzystanie z leczenia, a które nie są niezbędne. Właśnie dlatego niezgodne z prawem jest wymaganie negatywnego testu w kierunku SARS-CoV-2 lub uzależnianie udzielenia świadczenia, w tym przyjęcia pacjenta do: poradni lub szpitala (w trybie planowym albo nagłym), ośrodka rehabilitacji, uzdrowiska czy sanatorium. Zachęcamy do kontaktu z Telefoniczną Informacją Pacjenta pod bezpłatnym numerem 800-190-590!

W najnowszych zaleceniach postępowania diagnostycznego –

wydanych w sytuacji zmniejszenia zagrożenia epidemicznego związanego z COVID-19, które w świetle prawa nie stanowią źródła prawa – przekazano, że nie zaleca się rutynowego testowania w kierunku SARS-CoV-2 pacjentów bezobjawowych (bez gorączki lub objawów infekcji dróg oddechowych) przed wizytą w podstawowej opiece zdrowotnej (POZ) i przed planową lub nagłą hospitalizacją.

Ponadto NFZ przekazał, że: **„Podstawowym warunkiem właściwej realizacji prawa pacjentów do świadczeń zdrowotnych jest zapewnienie odpowiedniej dostępności tych świadczeń. W tym mieści się również ograniczanie barier, które mogą utrudniać dostanie się do lekarza lub skorzystanie z leczenia, a które nie są niezbędne”.**

Fundusz wskazał, że nieuprawnione jest wymaganie wyniku testu lub uzależnianie udzielenia świadczenia, w tym przyjęcia pacjenta do poradni lub szpitala (w trybie planowym albo nagłym), ośrodka rehabilitacji lub uzdrowiska czy sanatorium, od negatywnego testu w kierunku SARS-CoV-2.

KONIEC SPECJALNEGO FINANSOWANIA

We wtorek NFZ przekazał również informację, że od 1 kwietnia wstrzymane zostanie odrębne finansowanie procedury wykonywania testów w ramach diagnostyki SARS-CoV-2 przez apteki ogólnodostępne, laboratoria i mobilne punkty pobrań, a także inne podmioty lecznicze włączone w system testowania z Funduszu Przeciwdziałania COVID-19. Podjętą w tym zakresie decyzję Fundusz uzasadnia utrzymującą się tendencją spadkową związaną ze średnią liczbą nowych zakażeń koronawirusem i z wejściem w życie rozporządzeń ministra zdrowia i Rady Ministrów.

Niezauważony upadek wielkiego kłamstwa



Jest 5 kwietnia 2022 roku. Dwa tygodnie temu Agencja Oceny Technologii Medycznych i Taryfikacji opublikowała zalecenia dotyczące postępowania diagnostycznego w związku z epidemią Covid-19, które to zalecenia stały się podstawą do wycofania przez ministra zdrowia Adama Niedzielskiego obowiązku testowania pacjentów bezobjawowych m.in. przed hospitalizacją. W opracowaniu AOTMiT przyznano, że testowanie takich osób jest niewskazane, ponieważ w zależności od stopnia rozpowszechnienia choroby oraz typu testu wyniki fałszywie pozytywne mogą sięgać nawet 91%. I nie ma tu znaczenia, czy wirus jest mniej lub bardziej groźny. Wynik fałszywie pozytywny jest wynikiem fałszywie pozytywnym bez względu na to, czy mamy do czynienia z Delta, Omikronem, czy innym zajązajerem.

Co oznacza publikacja AOTMiT i wycofanie obowiązku testowania osób bezobjawowych? To jest przyznanie się do winy! Minister Niedzielski przyznał się do winy polegającej na poddawaniu izolacji i odcinaniu od leczenia osób, które na podstawie fałszywie pozytywnego wyniku testu nie otrzymały niezbędnej pomocy medycznej. To również przyznanie się do winy polegającej na tym, że na podstawie fałszywie pozytywnego wyniku testu zamykano w aresztach domowych miliony Polaków, a niektórzy siedzieli w nich nawet kilka tygodni. To też przyznanie się do winy, polegającej na tym, że osoby cierpiące na poważne schorzenia kierowano na oddziały zakaźne, gdzie zarażały się kowidem. A jeśli byli to schorowani seniorzy, to narażano ich w ten sposób na poważne zagrożenie z ryzykiem

zgonu włącznie. Nie zapominajmy też o tym, że na testy fałszujące obraz rzeczywistości NFZ wydał miliardy złotych. To były pieniądze wyrzucone w błoto i za to również odpowiada minister Niedzielski.

Zalecenia wydane przez AOTMiT to upadek wielkiego kłamstwa. Ale czy ten upadek został powszechnie zauważony? Nie! Większość Polaków w ogóle o tym nie usłyszała. Zmiany w zasadach testowania wprowadzono po cichutku, nie nagłaśniając tematu w mediach. Z dnia na dzień skończyła się „największa epidemia od 100 lat”, media zajęły się wojną na Ukrainie, a minister Niedzielski dostał nagrodę „Wizjoner Zdrowia”. Władza przeszła do porządku dziennego nad tym, że swoimi decyzjami doprowadziła do prawie 200 tysięcy nadmiarowych zgonów. Nie mamy Pańskiego płaszcza i co nam Pan zrobisz?

2 kwietnia 2022 roku Niedzielski zamieścił na Twitterze wpis, w którym zaapelował, aby osoby po czterdziestce „poświęciły swój cenny czas” na wypełnienie ankiety dotyczącej programu Profilaktyka40+. Komentując ten wpis napisałam, że poświęcę swój cenny czas, aby Niedzielski odpowiedział za 200 tysięcy zgonów, do których doprowadził. I właśnie to robię. Jak? Informując ludzi o upadku wielkiego kłamstwa. Dziś poinformowałam o tym mojego fryzjera, który złapał się za głowę, gdy usłyszał, jakim błędem obarczone jest testowanie osób bezobjawowych. I że władza przyznała, że tak faktycznie jest. Nie dowiedziałyby się o tym, gdybym mu tego nie powiedziała. Media nabrały wody w usta, więc skąd miałyby wiedzieć?

Szanowni Państwo, to jest zadanie dla każdego z nas. Ci, którzy już wiedzą, że wielkie kłamstwo upadło, a władza przyznała, że było to wielkie kłamstwo, muszą docierać z tą informacją do jak największej liczby osób. Jeśli macie do czynienia z zatwardziałym wyznawcą kowidianizmu, poproście go, aby przeczytał to, co na temat testowania osób bezobjawowych napisano w zaleceniach AOTMiT.

Zapewne wielu z Was pomyśli, że takie działanie i tak nic nie da, więc szkoda czasu i atłasu. Nie zgadzam się z tym. Informacja to potężna broń. Upadek wielkiego kłamstwa musi zostać nagłośniony. Skoro nie robią tego media, ludzie muszą zrobić to sami. Informując o tym, że władza przyznała się do winy, dotrzemy do tych, którzy na podstawie tej wiedzy być może zdecydują się na wytoczenie procesów o odszkodowania za bezpodstawne areszty domowe i za zgony bliskich, którzy zmarli, ponieważ odcięto ich od leczenia przypisując im kowid na podstawie fałszywie pozytywnego wyniku testu.

Informując o upadku wielkiego kłamstwa zabezpieczamy się też przed kolejnym powrotem tego kłamstwa. Im więcej osób będzie o tym wiedziało, tym większe szanse na to, że nie dadzą się po raz kolejny wkręcić w wielkie kłamstwo. Ale trzeba działać konsekwentnie i bez popadania w zwątpienie. Nie od razu Rzym zbudowano, a kropla drąży skałę. Nie pozwólmy Niedzielskiemu zamieść tej sprawy pod dywan. Nie pozwólmy, żeby Polacy po raz kolejny zostali poddani terrorowi sanitarnemu usprawiedliwianemu hasłem „Stop Covid”. Informujmy, informujmy i jeszcze raz informujmy, że władza przyznała się do wielkiego kłamstwa, ale robiła to po chichu, żeby nie ponieść konsekwencji. Na to nie może być zgody. Winni muszą ponieść konsekwencje. Jeśli nie karne, to przynajmniej polityczne. I to jest zadanie każdego z nas. Wielkie kłamstwo upadło. Teraz trzeba sprawić, żeby wszyscy się o tym dowiedzieli.

Źródło: wPrawo.pl

UWAGA ! Agencja doradcza

Ministerstwa Zdrowia przyznaje, że testy kowidowe są niewiarygodne



22 marca 2022 roku Agencja Oceny Technologii Medycznych i Taryfikacji (jednostka opiniotawczo-doradcza dla Ministra Zdrowia) opublikowała zalecenia dotyczące postępowania diagnostycznego w związku z epidemią Covid-19. W dokumencie przyznano, że zarówno testy PCR oraz testy antygenowe są niewiarygodne, dają wyniki fałszywie pozytywne i nie należy ich stosować do testowania osób bez objawów infekcji.

W dokumencie stwierdzono też, że „nie zaleca się populacyjnych badań przesiewowych”. Co więcej, nie zaleca się rutynowego testowania pacjentów z objawami infekcji. Testowanie można rozważyć wyłącznie w przypadku osób z wysokich grup ryzyka. Całe opracowanie [TUTAJ](#).

2. Testowanie w kierunku SARS-CoV-2

- 2.1. **Nie zaleca się rutynowego testowania w kierunku SARS-CoV-2 pacjentów bezobjawowych (bez gorączki i/lub objawów infekcji dróg oddechowych) przed wizytą w POZ oraz planową lub nagłą hospitalizacją.**

Uzasadnienie:

Trafność diagnostyczna zarówno testów antygenowych, jak i genetycznych w pacjentów bezobjawowych jest niższa niż u pacjentów objawowych – wysoki odsetek wyników fałszywych:

- przy niskim rozpowszechnieniu choroby (1%) - odsetek wyników fałszywie pozytywnych wśród osób z pozytywnym wynikiem testu: 85-91% dla testów PCR; 53-63% dla testów antygenowych;
- przy wysokim rozpowszechnieniu choroby (10%) – odsetek wyników fałszywie pozytywnych wśród osób z pozytywnym wynikiem testu: 34-66% dla testów PCR; 87-91% dla testów antygenowych.

W sytuacji spadającej liczby przypadków SARS-CoV-2 zastosowanie testów PCR lub testów antygenowych w populacji osób bezobjawowych może prowadzić do uzyskania wyników fałszywie dodatnich, co może powodować niepotrzebne odsunięcie w czasie m.in. planowych hospitalizacji, leczenia chorób podstawowych pacjenta, a tym samym potencjalnie wpływać na pogorszenie stanu zdrowia.

Źródła: [1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8]

- 2.2. **W POZ nie zaleca się rutynowego testowania w kierunku SARS-CoV-2 pacjentów z gorączką i/lub objawami infekcji dróg oddechowych³. Testowanie z wykorzystaniem szybkich testów antygenowych, w celu ewentualnego zróżnicowania postępowania terapeutycznego, należy rozważyć w grupach wysokiego ryzyka ciężkiego przebiegu COVID-19 (Załącznik 2).**

Jednym z konsultantów merytorycznych opracowania jest prof. Andrzej Horban. Ten sam, który opowiadał o czekającym nas kowidowym tsunami i milionie pacjentów w szpitalach. Co się stało, że Horban nagle zaczął mówić ludzkim głosem?

O tym, że kowidowe testy są niewiarygodne, mówili już na początku pandemii niezależni naukowcy i lekarze, ale wtedy opluwano ich jako „foliarzy”. Po raz kolejny okazało się, że „foliarze” mieli rację, ale oczywiście nikt ich nie przeprosił. Nikt też nie przeprosił pacjentów, którym na podstawie fałszywie pozytywnych wyników odwołano lub przesunięto planową diagnostykę i hospitalizację. A co z tymi, którzy zmarli nie otrzymawszy pomocy, ponieważ najważniejsze było testowanie? I to wielokrotnie, żeby w końcu wyszedł „plus” i żeby można wrzucić ich na lepiej płatny oddział kowidowy. Czy ktoś za to odpowie?

Na podstawie fałszywych wyników niewiarygodnych testów zamykano ludzi w aresztach domowych, a posłowie PiS złożyli

projekt ustawy wprowadzającej masowe testowanie w miejscu pracy. Testowano zdrowych sportowców, którym fałszywie pozytywny wynik testu zamykał drogę do startu w zawodach. Szykanowano i stygmatyzowano osoby, które mówiły, że ten testowy obłęd jest absurdem. A teraz po cichutku i bez wielkich fanfar władza wycofuje się rakiem z idiotyzmów, przy których trwała dwa lata wmawiając Polakom, że to dla ich dobra. Nic się nie stało, Polacy, nic się nie stało.

Źródło: nfz.gov.pl

COVID-19 NIE istnieje jako nowy, wyizolowany wirus



[Sprawa sądowa](#) jednego odważnego Kanadyjczyka [stanowi podstawę](#) i ustanawia zwycięski precedens we wszystkich sprawach, w których ludzie są nękani, karani grzywnami lub aresztowani za rzekome naruszenie zasad i przepisów „bezpieczeństwa” COVID-19, na dowolnym poziomie.

Możesz wnieść sprawę przeciwko tym niekonstytucyjnym, antynaukowym „akcjom zdrowotnym” i wygrasz w sądzie, ponieważ wirus nigdy nie został wyizolowany od pacjentów z objawami i nie udowodniono, że powoduje jakąkolwiek chorobę lub dolegliwości, więc szczepionka i fanatycy COVID-19 nie mają odwołania czy nauki, na których można by polegać, aby

udowodnić swoje twierdzenia.

Innymi słowy, jeśli nie można udowodnić, że SARS-CoV-2 (COVID-19) istnieje jako „nowy” koronawirus, który niesie ze sobą egzystencjalne zagrożenie dla ludzkości, nie możemy ponosić odpowiedzialności za nieprzestrzeganie zasad i przepisów opartych na jego istnieniu i zagrożeniu. Oznacza to brak szczepionek, masek, zdystansowania społecznego, zamykania małych firm, blokad, ograniczających zgromadzeń, wirtualnej szkolnej „nauki na odległość”, a przede wszystkim pandemii.

Precedensowa sprawa sądowa chroni przez wiele lat wszystkich oskarżonych o łamanie zasad i przepisów bezpieczeństwa COVID-19

„Próbują zbankrutować nasz kraj pod przykrywką fałszywej pandemii”, mówi Patrick King, ojciec dwójki dzieci, człowiek, który właśnie wygrał w sądzie, ponieważ tyrańska, hiper-paranoiczna społeczność medyczna nie może udowodnić za pomocą nauki tej całej pandemii, ponieważ wszystko opiera się na wirusie, którego nikt nie może wyizolować w laboratorium, aby udowodnić, że w ogóle istnieje.

Przełomowa sprawa to sprawa sądowa, która jest badana i będzie cytowana przez wiele lat, ponieważ ma znaczenie prawne i historyczne. Najistotniejsze sprawy mają trwały wpływ na stosowanie niektórych nowych ustaw, często dotyczących praw i wolności jednostki. To z pewnością kwalifikuje się jako przełomowy przypadek.

Teraz ten Kanadyjczyk jest całkowicie cenzurowany i umieszczany na czarnej liście przez media, ponieważ opowiada swoją historię, która może pomóc milionom ofiar tego scamdemii, a przede wszystkim ofiarom szczepionek przeciwko Covidowi, które powodują krzepnięcie krwi. Ludzie stracili

środki do życia – a niektórzy stracili życie – z powodu wirusa, którego istnienia naukowcy nie mogą nawet udowodnić.

To wszystko jest odkrywane, a dokumenty zostaną udostępnione do wglądu na naszym portalu.

Wirusy przeziębienia i fragmenty wirusa mały z poprzednich szczepionek na gripę we krwi oznaczone jako COVID-19 pozytywne w testach PCR

Testy na COVID nie są oparte na SARS-CoV-2 (COVID-19), ponieważ jest to wirus fantomowy. Zamiast tego wszystkie testy PCR zostały wykonane w celu zbadania wszystkich wirusów, w tym każdego rodzaju koronawirusa, SARS, przeziębień i szczepów grypy (których jest około 15). Wiele osób, u których wynik testu na COVID jest pozytywny, będzie miał pozytywny wynik tylko na obecność fragmentów wirusa w ich systemie z poprzedniego zastrzyku na gripę. Ponadto „hałas” mierzony przez te testy może obejmować bardzo małe, nieszkodliwe ilości wirusa, który jest tylko w tle, ale został tak wiele razy wzmocniony przez fałszywe testy PCR, że każdy w dowolnym momencie może uzyskać pozytywny wynik testu na „COVID”. To wszystko było kłamstwem.

Medyczny i naukowy „organ” całkowicie sfabrykował te testy na COVID-19 przy użyciu mieszanki wirusów przeziębienia i szczepów grypy, istnieją [dokumenty HHS](#), które jednoznacznie opisują, w jaki sposób CDC nie wyizolowało jeszcze żadnego „wirusa Covid-19”. Okres.

Tak więc, z naukowego punktu widzenia, nie ma czegoś takiego jak „izolowany certyfikowany materiał referencyjny” dla wirusa wywołującego COVID-19, a wszystkie testy PCR zostały

opracowane bez żadnych wyizolowanych próbek wirusa COVID-19. A teraz wiemy to dzięki FOIA (ustawa o wolności informacji) zażądała i odzyskała dokumenty, które ujawniają prawdę. To była jedna wielka symulacja. Fałszywka. Syntetyczna historia oparta na syntetycznym wirusie i poparta fałszywymi wiadomościami, która stanowi około 90 procent wszystkich wiadomości, jakie codziennie ogląda świat.

Co gorsza, szczepionki są fałszywe. Nie powstrzymują COVIDa. Nie pomogą ci w mniejszym, słabszym przypadku, jeśli go złapiesz. Są to uzbrojone szczepionki z białkami kolczastymi i toksycznymi nanocząsteczkami, które zatykają naczynia krwionośne i powodują choroby oraz zaburzenia. Szczepionki są „zastrzykami skrzepu” dla owiec, które wpadły w zły schemat Ponzi.

Dostrój swoją częstotliwość internetową aby być na bieżąco na temat tych zbrodni przeciwko ludzkości wywołanych szczepionkami, a także informacje na temat nadchodzącego holokaustu „Delta” i „szczepionek wzmacniających”, część II. Zdaj sobie również sprawę, że jeśli ktoś, kogo znasz, jest teraz za szczepionkami, oznacza to również, że jest przeciwny nauce, ponieważ gdyby spojrzeli na naukę, wyraźnie zobaczyliby, że szczepionki nie są bezpieczne ani skuteczne, ale raczej niebezpieczne i wadliwe.

Odrzuć WSZYSTKIE narracje strachu



Wmiarę jak ta walka o prawdę i wolność nabiera tempa, musimy uważać na zagmatwane wiadomości i stopniowany język, który ustępuje ważnej dziedzinie.

Musimy skupić się na kilku kluczowych punktach we *wszystkim*, co tam publikujemy, czy to przyjaciołom, rodzinie, czy całemu światu.

1. Pandemia jest fałszywa. *Nie przesadzona i oportunistycznie wykorzystana – FAŁSZYWA.*

2. Testy PCR NIE DZIAŁAJĄ w diagnozowaniu infekcji, więc niekończące się „testy” są w dużej mierze tylko oszustwami finansowymi, a „przypadki” są bez znaczenia.

3. Większość diagnoz „COVID” to po prostu przeziębienie lub grypa plus bezsensowny test PCR, a 99,9% osób, które „zrozumieją” lub powiedziano im, że to mają, będzie w porządku, a ci, którzy na nią umrą, prawie wszyscy będą bardzo starzy i bardzo chorzy i już umierający na coś innego. Tak jak przed 2020 rokiem, kiedy „COVID” był po prostu grypą lub zapaleniem płuc.

4. Szczepionka jest całkowicie niepotrzebna, nie działa i może cię skrzywdzić lub zabić.

5. Twoja uступliwość nigdy nie sprawi, że to zniknie. Tylko opór może to zrobić.

Jak powiedziałem w [niedawnym artykule](#), wszyscy możemy zapomnieć o tych podstawowych faktach i zacząć kupować części narracji, nie zdając sobie z tego sprawy.

Jest to szczególnie prawdziwe, ponieważ ci, którzy sprzedają to oszustwo, są bardzo dobrzy w dostarczaniu nowych historii, które pozornie wydają się pomagać naszej stronie, ale po bliższej analizie po prostu tylnymi drzwiami promują pornografię strachu przed wirusami.

Uważaj na wszelkie wiadomości z głównego nurtu, a nawet „alternatywne” wiadomości, które ostatecznie promują śmiertelnego wirusa – *dowolną* drogą.

Wliczam w to wszystkie historie o „przecieku laboratoryjnym” w Wuhan, wszelkie rzekome badania nad „wzmocnieniem funkcji”, wydzielanie „białka kolczastego”, „przełomowe infekcje”, superwirus stworzony przez szczepienie, a nawet twierdzenia, że *chloroquina* i HCQ mogą „wyleczyć COVIDa”.

Wszystkie te historie, niezależnie od tego, czy zawierają ziarna prawdy, czy są całkowicie zmyślane, i jakkolwiek uczciwie są promowane, działają w tym samym celu – aby przekonać Cię, że istnieje nowy i śmiertelny wirus, naturalnie występujący, wytworzony w laboratorium lub zmutowany w ciałach 'zaszczepionych’.

Nawet promowane w dobrej wierze służą ostatecznemu programowi strachu, wyobcowania i kontroli.

Twórcy tej narracji nie dbają o to, jak się boisz. Nie obchodzi ich, jaki smak infekcji cię tam zaprowadził. Chcą tylko, żebyś się bał niejasno przerażającego wirusa i ludzi, którzy mogą go nosić.

Jeśli więc jakaś konkretna narracja kieruje cię w stronę skalistego i ubitego przez fale 'punktu strachu', zatrzymaj się i pomyśl, zanim tam dotrzesz.

Pamiętaj, że pandemia jest kłamstwem, a testy PCR nie mogą zdiagnozować aktywnej infekcji, a 96% ludzi, którzy zmarli „na COVIDa” było już bardzo starych i / lub umierało z powodu czegoś innego, gdy zrobiono im naukowo bezsensowny test PCR i

stali się w dużej mierze bezsensowną statystyką.

Całą reszta – wszystko, co zaczyna się zapętlać po okrężnej drodze z powrotem do historii o „śmiercionośnym robalu”, jest po prostu sprytną dywersją.

Nie czepiaj się kurczowo skały w 'punkcie strachu', krzycząc o wirusie, jego wariantach lub super-duper, przełomowych, zabójczych robalach. Tam właśnie cię chcą. Przerażonego, nieefektywnego niewolnika wszystkiego, co łagodzi twój strach.

Pozostań na twardym gruncie. Pozostań przy zdrowych zmysłach. Pozostań przy jedynej wiadomości, która ma znaczenie.

Nie ma się czego bać poza podżegaczami strachu, ich „Wielkim Resetem” reform społecznych i ich olejem z węża, „eksperymentalnym”, całkowicie niepotrzebnym „leczeniem”.

**Ryzyko śmiertelności
związanej z COVIDem u dzieci
wynosi zasadniczo ZERO, ale
„naukowcy” nie przejmują się
tym i nadal chcą maskować
wszystkie dzieci**



Wyniki najbardziej kompleksowego badania dotyczącego COVID-19 zostały opublikowane w Wielkiej Brytanii, ujawniając, że wytyczne rządu dotyczące masek i szczepionek są całkowicie nienaukowe.

Artykuł, który został całkowicie zignorowany przez media głównego nurtu, wykazał, że osoby w wieku 17 lat i młodsze mają zerowe ryzyko śmierci na Grypę Fauciego. A jednak to właśnie ta grupa demograficzna jest najczęściej celem wezwania do noszenia maseczek i „zaszczepienia się”.

W całej Wielkiej Brytanii w ciągu pierwszych 12 miesięcy „pandemii” zmarło tylko 25 osób poniżej 17 roku życia, które uzyskały „pozytywny” wynik testu na obecność chińskich zarazków. Prawie wszystkie te osoby miały wcześniej istniejące „przewlekłe choroby współistniejące” i/lub „ograniczające życie” schorzenia, co sugeruje, że te inne czynniki były przyczyną śmierci.

Tylko kilka osób w wieku 17 lat bez „podstawowych warunków zdrowotnych” zmarło po uzyskaniu pozytywnego wyniku na C-19 poza krajem, w którym jest ponad 12 milionów dzieci i młodzieży w tej grupie wiekowej. Oznacza to, że śmiertelność z powodu C-19 w Wielkiej Brytanii wśród młodych ludzi wynosi około 0,002 procent lub mniej.

Zdecydowana większość młodych ludzi nie ma przewlekłych schorzeń i ogólnie jest w dobrej formie, co oznacza, że „złapanie” choroby nie jest zagrożeniem. Mimo to rząd chce, aby młodzi ludzie cierpieli z powodu blokad i masek, a teraz kazano im zakasać rękawy po szczepionkę.

Tylko ludzie, którzy już umierają na coś innego, kończą „umieraniem z powodu COVIDa”

Najnowsza i naprawdę jedyna legalna nauka pokazuje, że jedynymi ludźmi, którzy kończą „umieraniem z powodu COVIDa”, są ci, u których zdiagnozowano już „choroby bez uzasadnionej nadziei na wyleczenie, które ostatecznie będą śmiertelne”.

Innymi słowy, „śmierć nosicielki” jest w rzeczywistości po prostu śmiercią spowodowaną przez coś innego po tym, jak [fałszywy test PCR wykrył](#) coś innego, co rząd zdecydował się nazwać „COVID-19”.

Choć może to zabrzmieć głupio, dokładnie tak się działo przez ostatnie półtora roku, gdy urzędnicy rządowi nadal rozpowszechniają kłamstwa na temat „wybuchów epidemii” i „napływów” nowych „wariantów”.

Co ciekawe, jeśli chodzi o badania w Wielkiej Brytanii, nawet osoby uważane za narażone na wysokie ryzyko infekcji dróg oddechowych, takich jak astma i mukowiscydoza, w 100 procentach przeżyły pozytywną „diagnozę” chińskiego wirusa, pomimo wszystkich mediów i podżegania rządu.

Po skorygowaniu o inne czynniki, które zostały ocenione w ramach badania, naukowcy doszli do wniosku, że odsetek zgonów „nosicielskich” wśród zdrowych dzieci w Wielkiej Brytanii wynosi około 1 na 5,066 milionów, czyli około 0,0001 procent. To nie jest do końca rewelacja, która ma na celu powstrzymanie prasy.

„Chociaż wiedziałem, że te szanse są mikroskopijne, nie wiedziałem, że to TEN mikroskop”, pisze Bill Rice dla *Uncover DC*.

„Wskaźnik śmiertelności 0,0001 jest tak bliski 0,0000. W rzeczywistości, gdyby te prawdopodobieństwa były wyrażone z trzema miejscami po przecinku (zamiast czterech), procent śmiertelności wyniósłby 0,000. Rzeczywiście, ponieważ

zdecydowana większość dzieci w Wielkiej Brytanii jest biała i nie cierpi na chroniczne lub ograniczające życie schorzenia, prawdopodobieństwo zgonu na COVID dla ogromnej większości młodych ludzi w tym kraju wynosiło 0.000 (do 28 lutego, 2021).”

Tymczasem w ciągu ostatniego roku było zero zgonów z powodu grypy – i zero infekcji grypowych, jeśli o to chodzi. W magiczny sposób, grypa sezonowa całkowicie zniknęła w momencie pojawienia się COVIDa, co sugeruje, że „pandemia” to tylko przepakowana choroba, która towarzyszy nam od zawsze.

„I wszystkie blokady, maski, mandaty, „szczepionki” itp. były oparte na liczbie fałszywych pozytywnych przypadków PCR” – napisał nasz komentator. „W zasadzie nie było pandemii”.

Artykuł przetłumaczono z: newstarget.com

Prof. zw. dr hab. Roman Zieliński “0 szczepionce genetycznej Pfizera i testach PCR”



Poniżej wywiad z **prof. zw. dr hab. Romanem Zielińskim** jaki ukazał się na portalu stolikwolności.pl.

15.12.2020 r.

Panie Profesorze, jest Pan bardzo aktywnym użytkownikiem mediów społecznościowych, gdzie na swoim koncie na FB uświadamia Pan ludzi, korzystając ze swojej obszernej wiedzy z dziedziny genetyki i biologii. W jednym z postów nazwał Pan Narodowy Plan Szczepień „Narodowym Planem pogoni za społeczeństwem z igłą i strzykawką”. Dlaczego?

Roman Zieliński: W istocie tak to właśnie wygląda. Konsultacje tego kuriozalnego dokumentu, który bardziej przypomina biuletyn reklamowy niż opracowanie rządowo-eksperskie, trwały trzy dni. Nie sądzę też, że jakiegokolwiek uwagi zostaną uwzględnione. A przecież proponowana technologia mRNA nigdy nie była stosowana u ludzi. Nie znamy skutków ubocznych, które mogą pojawić się po wielu miesiącach lub latach. Rządowi pseudoeksperci zapewniają, że produkt jest bezpieczny, ale żadnego dowodu nie dostarczają. Natomiast producent został zwolniony z odpowiedzialności za działania uboczne. Czyli wyprodukował coś, czego nie jest pewny.

Był Pan jednym z naukowców, którzy podpisali „Apel naukowców i lekarzy o powstrzymanie szczepień na SARS-CoV-2 i powrót do normalności”, pod agidą dr. hab. Korab-Karpowicza, w którym

ustosunkowujecie się do Narodowego Planu Szczepień oraz wskazujecie, że szczepionki są niebezpieczne, niezbadane i niepotrzebne. Adresatem Apelu jest Prezydent RP i Rząd.

Czy adresaci w jakikolwiek sposób ustosunkowali się do Waszego apelu? Była jakaś reakcja?

RZ: Apel o który Pani pyta był drugim Apelem jaki został wystosowany do Prezydenta RP i Rządu w dniu 14.12.2020 r. i jeszcze nie doczekał się odpowiedzi. Powiem nieskromnie, że miałem swój udział w zredagowaniu obu tych Apeli. Na pierwszy pierwszy Apel do Prezydenta RP i Rządu „W sprawie szczepień na koronawirusa SARS-CoV-2”, z dnia 30.11.2020 r. odpowiedzi udzielili: Minister Zdrowia, dr n. ekon. Adam Niedzielski, Prezes Rejestracji Produktów Leczniczych, Wyrobów Medycznych i Produktów Biobójczych, dr Grzegorz Cessak oraz Dyrektor Narodowego Instytutu Zdrowia Publicznego i Państwowego Zakładu Higieny, dr hab. n. o zdr. Grzegorz Juszczak.

W obszernej odpowiedzi z dnia 16.12.2020 r na pierwszy Apel poinformowano, że szybkie uruchomienie szczepień na koronawirusa jest reakcją rządu na pilne społeczne zapotrzebowanie związane z pandemią koronawirusa, a „wszelkie działania podejmowane w celu otrzymania skutecznych szczepionek przeciwko COVID-19, podlegają rygorystycznym procedurom i gwarantują nam wszystkim najwyższe możliwe bezpieczeństwo”.

Na stronie nr 5. autorzy tej odpowiedzi wyjaśniają: „Należy podkreślić , że mRNA podawane w szczepionce replikuje się w cytoplazmie, nie dostając się do jądra komórkowego, a co za tym idzie – nie może integrować się z DNA człowieka”.

W ten sposób dowiedzieliśmy się, że ten preparat, nazywany „szczepionką”, jest produktem inżynierii genetycznej, w postaci konstruktu jakim jest zrekombinowany RNA. Jego zadaniem jest nie tylko pobudzenie naszego układu immunologicznego do wytworzenia przeciwciał na białko S koronawirusa, lecz również replikowanie się w naszym organizmie. Tak więc, obcy element genetyczny, super wirus, jakim jest konstrukt mRNA, będzie angażował aparat translacyjny naszego organizmu w celu wyprodukowania białka S, a także aparat replikacyjny, w celu namnożenia aktywnych, wirusowych cząstek mRNA.

W ten sposób autorzy tej „nowoczesnej technologii” poszli o krok dalej niż dotychczasowi producenci GMO. Przypomnijmy, że do otrzymywania GMO wykorzystuje się konstrukt DNA z obcym genem, który wprowadza się do komórek roślin lub zwierząt. Od tego momentu konstrukt ten żyje własnym życiem, na co eksperymentator nie ma już wpływu. Konstrukt ten jednak nie namnaża się w cytoplazmie, ani też nie podlega translacji. Konstrukt ten jedynie włącza się w dowolnych miejscach w genom gospodarza, w dowolnej liczbie kopii. Skutkuje to zmianą ekspresji genów oraz ich mutacjami. Ponadto, w odpowiedzi na stres, jakim jest ten obcy konstrukt DNA, w genomie biorcy uruchamiane zostają transpozony, które również mogą zmieniać ekspresję genów i działać mutagennie. Również konstrukt mRNA ze „szczepionki” może zostać włączony do genomu, w tym przypadku ludzkiego i wywołać podobne efekty jakie występują u GMO.

W odniesieniu do „szczepionki” na koronawirusa wprowadzone cząstki mRNA będą dodatkowo podlegać replikacji i translacji. Tak więc w „szczepionce” otrzymamy inwazyjną cząstkę, podobną do złośliwego wirusa lub złośliwych komórek nowotworowych, rzekomo dla naszego dobra. Osoby, które wahają się jeszcze przed przyjęciem tej genetycznej „szczepionki” niech uświadomią sobie, że po jej przyjęciu wprowadzą do swojego organizmu pasożytniczą cząsteczkę mRNA, podobną do wiroidów

wykrytych do tej pory jedynie u roślin. Wiroidy roślinne nazywane są pasożytami transkrypcji, ponieważ przejmują one aparat transkrypcyjny swojego gospodarza, doprowadzając go do choroby lub śmierci.

Producent, firma Pfizer, w ulotce pisze, że nie jest znany wpływ szczepienia na płodność. Czy to oznacza, że to szczepienie może wpływać na płodność?

RZ: Tego preparatu nie można nazywać szczepionką. To nie jest szczepionka w swojej istocie. Nazywam to konstruktem mRNA, rekombinowanym RNA, preparatem, który jest dziełem inżynierii genetycznej. W ulotce producenta preparatu przeciwko C-19 jest jasno napisane, że nie badano wpływu tego produktu na płodność. Czyli nie wiemy czy mogą być skutki uboczne czy nie.

Niemieccy lekarze, wskazują na fakt, że białko wirusa, które ma być produkowane przez nasz organizm jest podobne do syncytyny – białka, które jest niezbędne w zagnieżdżeniu płodu. Podobieństwo to stwarza ryzyko, że wytworzone przeciwciała mogą również atakować syncytynę i w ten sposób wpływać na płodność. Syncytyna jest wytwarzana w tylko w krótkim okresie czasu podczas zagnieżdżania płodu. Ponieważ nie prowadzono badań w tym kierunku, takiej możliwości nie można ani potwierdzić, ani wykluczyć. Być może dlatego producent nie zaleca podawania konstruktu mRNA kobietom w ciąży, a uczestniczki badań klinicznych instruowano aby przez kolejne dwa miesiące nie zachodziły w ciążę.

Tak, ta informacja znajduje się również w ulotce producenta...

RZ: Okazuje się jednak, że problem utrzymania ciąży nie jest jedynym związanym z podobieństwem pomiędzy białkiem

produkowanym przez konstrukt mRNA przeciwko C-19 a syncytyną.

Syncytyna podlega silnej ekspresji w plemnikach ludzkich. W tym samym czasie w ludzkich oocytach ekspresji podlegają receptory syncytyny 1. Wskazuje to na istotną rolę syncytyny w fuzji komórek, w tym podczas łączenia się plemnika i komórki jajowej. Tym samym syncytyna 1 jest nie tylko istotna dla zagnieżdżenia zarodka, ale również dla prawidłowego funkcjonowania plemników. Zbadanie wpływu tego konstruktu na płodność kobiet i mężczyzn powinna być obowiązkowa przed jakimkolwiek wprowadzeniem tego produktu na rynek.

Oprócz syncytyny 1 wytwarzana jest również syncytyna 2, której rola polega na osłabianiu reakcji immunologicznej matki przeciwko zagnieżdżonemu zarodkowi w błonie śluzowej macicy. Istnieje homeostaza pomiędzy syncytyną 1 i syncytyną 2, będącymi białkami związanymi z rozrodczością. Wykazano, że podczas infekcji przez wirusa grypy również wydzielana jest syncytyna. Ta delikatna homeostaza może być w znacznej mierze zakłócona. Białka S koronawirusa są homologiczne do białek syncytyny i dlatego istnieje uzasadniona obawa, że przeciwciała wytworzone na białko S wirusa będą również wiązać się z syncytyną, co może zakłócić rozwój zarodka, zahamować rozwój plemników oraz utrudnić efektywne zapłodnienie. Może też powstać reakcja autoimmunologiczna, gdyż przeciwciała mogą zostać również skierowane na białka S, które znajdują się na powierzchni komórek.

Czyli potencjalna bezpłodność może dotyczyć nie tylko kobiet, ale także mężczyzn? Jest to naprawdę przerażająca wizja, szczególnie dla młodych osób w wieku rozrodczym.

Jednak osoby starsze, nasi seniorzy, też nie mogą się czuć bezpieczni przyjmując ten preparat zwany potocznie szczepieniem na COVID. Według danych jakie przedstawia producent w ulotce, badania były prowadzone wyłącznie na osobach zdrowych w wieku do 55 lat. Tymczasem nasz rząd ogłosił, że seniorzy będą pierwszymi w kolejce do szczepień.

Jaki może być wpływ takiego szczepienia na seniorów? Co im grozi?

RZ: Medykament przeciwko C-19 nie ma ukończonych badań, nadal jest w fazie testowej. Tak naprawdę wszystko się może wydarzyć po przyjęciu go przez seniora.

- Z pomocą skutecznych terapii rząd umożliwi seniorom skrócenie ich czasu na ziemskim padole, a środki zgromadzone w ramach emerytur kapitałowych zostaną ochoczo zagospodarowane na zasypanie dziury budżetowej. Należy wykazać się solidarnością pokoleniową i zmniejszyć cierpienia rządu przez ochocze nastawienie ramion do podania mRNA znanego nam wirusa.
- Eksperci pracujący na zlecenie rządu twierdzą, że podanie mRNA seniorom powinno stanowić bezwzględne zalecenie ponieważ straszny wirus zniszczy ich płuca w szalonym tempie. Na dowód porównują, że podatność na śmiertelne powikłania u 25 latka wynosi 1/200, a u 85 latka 20/200. Faktycznie mamy 20-krotny wzrost podatności i nie brzmi to dobrze. Założę się, że niejedna osoba czytając to przestraszy się i ochoczo wystawi ramię.

Tymczasem jest to klasyczna manipulacja statystyką i liczbami, aby pokazać zagrożenie większe niż faktycznie jest. Jest to stary chwyt z serii pułapek myślenia, w których nasz mózg zapisuje liczby ale nie wysiła się na przeliczenia i zastanowienie co te liczby oznaczają. Prawdopodobieństwo powikłań u zdrowego 25-latka wynosi $1/200$, co daje 0,5%, a więc jest ono bardzo małe.

Natomiast dane odnośnie 85-latka dotyczą grupy schorowanych 85-latków, czyli mamy pierwszą manipulację: zdrowy młody człowiek kontra schorowany senior. Porównanie nieuprawnione, gdyż należałoby najpierw podać prawdopodobieństwo u zdrowego 85-latka, a dopiero potem u schorowanego. Założę się, że u tego pierwszego będzie znacznie niższe. Ale niestety, to jest typowa manipulacja, a także częsty błąd w środowisku medycznym, w którym panuje przekonanie, że każda osoba starsza jest chora. Nie jest to prawdą. Faktycznie wzrasta częstość chorób z wiekiem, ale wiele z nich jest efektem niezdrowego stylu życia i można im skutecznie zapobiegać. Co więcej, zmiana stylu życia u osoby 60+ ma kolosalny wpływ na stan zdrowia.

Stare powiedzenie: Jak dbasz, tak masz...

RZ: Wracając do liczb. Pierwsza manipulacja to porównanie zdrowego z chorym. Druga manipulacja polega na podaniu liczb zamiast procentów. Otóż 20 osób na 200 w przypadku schorowanych 85 latków to 10%. Jest to nadal 20 razy więcej niż dla 25-latka, ale 10% może wciąż być akceptowalne zwłaszcza biorąc pod uwagę, że skutki uboczne podania mRNA mogą też wystąpić z taką częstością. O ile 10% przez nasz mózg zostanie odebrane jako mała liczba, to 20 osób już nie. I o to chodzi. O zmylenie mózgu i wykorzystanie szybkiej ścieżki myślenia: stereotypu lub przyzwyczajenia. Nasz mózg jest dość leniwy i gdy może iść na skróty to tak robi. Ośrodki korowe, które przeprowadziłyby analizę danych uruchamiane są później. Nim się uruchomią to układ podkorowy, stereotypowy da

odpowieź. I tę cechę naszego mózgu perfekcyjnie wykorzystują manipulatorzy. Dlatego czytając artykuł o bezwzględnej konieczności podania seniorom mRNA można mieć pewność, że nie o ich dobro chodzi, a o dobro ZUS. Dlatego wszyscy, nie tylko seniorzy powinni jak najszybciej włączyć myślenie, aby nie dać się ogłupić kolorowym reklamom propagującym przyjmowanie mRNA, sami wiecie jakiego wirusa.

No właśnie, w debacie na temat innowacyjności proponowanych nam „szczepień” na wirusa SARS-CoV-2, potocznie na C-19, padają stwierdzenia, że mRNA zawarty w „szczepionce” może wpływać na nasze ludzkie DNA. W jaki sposób? Co to właściwie oznacza dla przeciętnego człowieka?

RZ: Pani pytanie nawiązuje do zagadnienia jakim jest Centralny Dogmat Biologii Molekularnej, przedstawiony przez Watsona i Crick’a. Wymienieni naukowcy otrzymali wcześniej nagrodę Nobla za opracowanie modelu podwójnej nici DNA. W sformułowanym przez nich Dogmacie, stanowiącym podstawę biologii molekularnej, informacja genetyczna jest przekazywana zarówno od DNA, poprzez RNA do białka, jak i od RNA do DNA. Tak więc informacja ta krąży pomiędzy tymi dwoma kwasami nukleinowymi. Oznacza to, że każda cząstka RNA, jaka znajdzie się w cytoplazmie komórki może zostać przekształcona na DNA i włączona do genomu.

Tak rzeczywiście się dzieje, czego przykładem są włączane do genomu człowieka retrotranspozony, wirusowego pochodzenia, które stanowią około 60% ludzkiego genomu. W podobny sposób przemieszcza się do jądra tRNA i mRNA. W komórce występują enzymy, zwane odwrotną transkryptazą, umożliwiające przepisanie RNA na DNA. Należą do nich ludzka telomeraza oraz

odwrotna transkryptaza pochodzenia wirusowego.

Proces odwrotnej transkrypcji, czyli przepisywania w komórce kwasu rybonukleinowego na deoksyrybonukleinowy, jest starym ewolucyjnie mechanizmem. Byłoby dziwne gdyby z tego procesu zostały wyłączone cząstki mRNA wprowadzone do naszych komórek wraz z tą „szczepionką”. Zagrożeń związanych z wprowadzeniem tego konstrukt mRNA w „szczepionce” jest wiele i jednym z nich jest możliwość jego włączenia się do genomu człowieka i związany z tym wpływ na zmianę ekspresji genów i ich mutacje. Potencjał wpływu transgenu na genom jest nie do przecenienia, o czym świadczą wyniki badań genetycznych nad GMO u roślin. Ich mutageny wpływ na genom jest nawet silniejszy niż po zastosowaniu mutagenów chemicznych.

Samoreplikujące się cząsteczki RNA zawarte w „szczepionce”, oprócz bardzo prawdopodobnej ingerencji w nasz genom, o czym wcześniej mówiłem, mogą wywołać jeszcze wiele innych niekorzystnych efektów. Zacznę od tego, że ten konstrukt genetyczny musi przedostać się przez błonę komórkową, aby wniknąć do wnętrza komórki. W tym celu jest on otoczony osłonką lipidową z udziałem glikolu polietylenowego (PGE), który jest nierozpuszczalny w komórce i działa na nią toksycznie. Cząstki wirusowego RNA znajdujące się w cytoplazmie są bardzo reaktywne i mogą rekombinować z innymi wirusami, zarówno w procesie rekombinacji homologicznej jak i heterologicznej.

Może to dotyczyć również konstrukt mRNA znajdującego się w szczepionce. Ten konstrukt może być też identyfikowany jako obcy mRNA, ponieważ mRNA gospodarza jest odpowiednio znakowany. Może to skutkować reakcją autoimmunologiczną. Trwałość konstrukt mRNA mają zapewnić wstawione w tym celu zmodyfikowane nukleotydy, toksycznie oddziałujące na komórkę. RNA komórkowe uczestniczy w rozlicznych szlakach sygnałowych, a obcy konstrukt mRNA może szlaki te zakłócać. Generalnie, nasza wiedza dotycząca szlaków sygnałowych w komórce jest bardzo skromna i dlatego z wielką obawą należy patrzeć na

możliwe efekty tej manipulacji genetycznej po przyjęciu „szczepionki”.

Czy to możliwe, że osoby po szczepieniu „szczepionkami” firmy Pfizer będą rozsiewać wirusa SARS-CoV-2, podobnie jak po szczepieniu przeciw odrze. Czy osoby zaszczepione mogą zarażać?

RZ: Dla porównania powiem, że szczepionka na wirusa grypy ma efektywność około 50%, to znaczy chroni ona tylko co drugą zaszczepioną osobę. Ochrona ta nie musi być całkowita, to znaczy przebieg choroby może być jedynie łagodniejszy. Trzeba zwrócić uwagę, że połowiczny efekt szczepionki na grypę ma miejsce w sytuacji gdy szczepionka jest każdego roku dostosowywana do aktualnie występujących zmutowanych szczepów wirusa grypy, a na jej zawartość składa się „koktajl” tych atenuowanych szczepów.

W odniesieniu do szczepionki mRNA na SARS-CoV-2 odpowiedź immunologiczną ma wywołać jedynie pojedynczy antygen, jedno białko S, wytwarzane przez nasz organizm na wirusowej matrycy. Najnowsze badania wskazują, że taka szczepionka, np. u kotów wzmacnia ich zachorowalność i śmiertelność. Podobnego zdania są naukowcy odnośnie możliwych efektów zastosowania tej szczepionki u ludzi.

Tak więc, odpowiadając na Pani pytanie, odpowiedź nasuwa się taka: osoby zaszczepione na SARS-CoV-2 nie uchronią się przed zakażeniem koronawirusem, a nawet mogą mieć poważniejsze objawy COVID-19, a co za tym idzie, będą rozsadnikiem tego wirusa.

W jaki sposób seniorzy mogą się ochronić

przed zachorowaniem na koronawirusa, jeśli nie szczepieniem?

RZ: Nie mówmy tylko o seniorach, każdy z nas w ten sam sposób może uniknąć ciężkiego zachorowania. Rządzący zamykają w domach osoby 70+ ku ich zgubie. A potem dziwią się, że wzrasta liczba zgonów. Tymczasem to nie wiek, a styl życia jest głównym czynnikiem ryzyka. O tym wiedziały nasze babcie, które rzadko chorowały, ale jadły własnoręcznie zrobione produkty z zebranych we własnym ogrodzie warzyw. Dzisiaj mało kogo stać na taki luksus.

Żyjemy w małych mieszkaniach na kredyt, stłoczeni w blokach, zabiegani, niewyspani. Jesteśmy w wiecznym stresie. Od dawna wiadomo, że stres pogarsza przebieg każdej infekcji. Ile razy dopadała nas grypa, gdy skończyliśmy ważny projekt i po wielu nieprzespanych nocach sądziliśmy, że odpoczniemy, nadrobimy zaległości w treningu. A tu kłapa: zostaliśmy przykuci do łóżka.

Nie inaczej jest z COVID. Nie stanowi on zbytniego zagrożenia dla organizmu zdrowego nawet jeżeli jest to osoba nieco starsza. Zagrożeniem są choroby współistniejące, które wynikają z niezdrowego trybu życia, a więc otyłość, cukrzyca, nadciśnienie. Pan dr Marek Wasiluk w obszernym artykule na Onet, właśnie otyłość uważa za jedną z przyczyn ostrego przebiegu COVID. Otyłość jest wynikiem braku ruchu i niezdrowego żywienia. Szacuje się, że 9% wszystkich rocznych zgonów w Europie jest spowodowana brakiem ruchu. Choroby wynikające z braku ruchu kosztują rocznie UE około 80 mld dolarów (wg. WHO). I tę kwotę można zaoszczędzić promując ruch i zdrowy styl życia.

Niestety, w dobie kowidianizmu zapomniano o podstawowej zasadzie, która obowiązywała od wieków. Wprowadzono zalecenia, które przeczą prastarej wiedzy i istocie człowieka jako gatunku biologicznego. Zakaz wychodzenia z domu, maseczki,

przesadna sterylizacja pomieszczeń i ciała – to są zalecenia prowadzące do zwiększenia podatności na zachorowanie, a nie takie, które chronią przed nimi. Zwłaszcza dla osób starszych zalecenia te są wyrokiem śmierci. Dlatego trudno uwierzyć, że są one wydawane dla naszego dobra. Należałoby bowiem założyć, że politycy i wielu ekspertów nagle doznało zbiorowej amnezji pod wpływem niegroźnego wirusa.

Zalecenia tak bardzo przeczące dotychczasowej wiedzy o odporności człowieka na choroby bardziej przypominają działania eugeniczne niż dbałość o interes społeczny. I za te działania rządy powinny być rozliczone, gdyż naraziły one zdrowie i życie tysięcy ludzi. To właśnie obniżenie zdrowotności społeczeństwa przez tzw. środki zaradcze doprowadziły do gwałtownego wzrostu zgonów jesienią. Nie dość, że mamy poważną chorobę zwaną syndromem przewlekłej niewydolności służby medycznej, to dodatkowo mamy obniżoną odporność na skutek wielomiesięcznego noszenia inkubatorów mikroorganizmów na twarzy, siedzenia w domu i w związku z tym ograniczenia w przyjmowaniu witaminy D.

Zdrowie polega na zdolności organizmu do ochrony przed wirusami, a nie na tworzeniu sterylnego organizmu. Hodowla w warunkach sterylnych zawsze prowadzi do dużej śmiertelności, gdy organizmy hodowane w taki sposób stykają się ze środowiskiem naturalnym. Zapewne wie to każdy ogrodnik, który do produkcji kwiatów wykorzystuje kultury in vitro (sterylne). Dzisiaj rządy uczyniły z ludzi organizmy hodowane in vitro i trudno się dziwić, że takie osoby po zetknięciu ze środowiskiem nie są w stanie się przed nim bronić.

Dlatego nie dajmy się zwariować i prowadźmy zdrowy styl życia bez maseczek i z pełnią ruchu. Ja już zacząłem i z tej okazji przygotowałem 30 kg kiszanej kapusty. W razie czego zimę przeżyję suplementując się własnoręcznie wyprodukowaną „bombą witaminową”.

My również wychodząc z inicjatywą Stoлик Wolności staramy się propagować wśród ludzi niezakładanie masek, przebywanie na świeżym powietrzu i oddychanie pełną piersią oraz uświadamiać ludzi w temacie szczepień, w czym wywiad z Panem zapewne odegra istotną rolę.

RZ: Dzisiaj ofiarą psychopatycznych działań padło całe społeczeństwo, któremu wmówiono, że przeziębienie to zabójczy wirus, a jedynym sposobem ochrony jest całkowita eksterminacja społeczeństwa. Jasna koncepcja: nie będzie ludzi, nie będzie wirusa. Tzw. obostrzenia to nic innego niż zarządzenia kapo z obozu pracy, których jedynym celem jest upodlenie, złamanie kręgosłupa, zniszczenie woli walki i stworzenie z człowieka „zombie”, który nie myśli i nie czuje.

Taka osoba staje się marionetką, z którą można zrobić wszystko. Nakazy noszenia maseczek utrudniających oddychanie i stanowiących wylęgarnię mikroorganizmów, zakaz spacerów, śpiewu, tańców, spotkań w połączeniu z przymuszaniem do niechcianych terapii i straszeniem szczepionkami to bezprecedensowa przemoc prowadząca de facto do uśmiercenia znacznej części populacji. Może być ona jedynie porównana z podobnymi praktykami, które miały miejsce w czasie II wojny światowej, szczególnie w stosunku do określonych grup ludności lub z działaniem sekt zniewalających ludzi.

Ta bezprecedensowa przemoc spotyka się z akceptacją większości społeczeństwa, które potulnie dostosowuje się do bezmiaru okrucieństwa serwowanego przez zdrajców. Społeczeństwo zachowuje się tak jakby doszło do zbiorowego syndromu sztokholmskiego. Nie tylko zgadza się na bezprawie narzucane przez warszawskich oprawców, ale niczym ofiary omawianego syndromu zdaje się z tymi sprawcami współdziałać prowadząc do

jeszcze większych strat w ludziach.

Gdzie są naukowcy, profesorowie, którzy zawsze mieli usta pełne frazesów, a teraz milczą w obliczu zagłady? Dlaczego milczą medycy, biolodzy, psychologowie, socjologowie? Dlaczego głosy rozsądku nie są powszechne?

W zamian mamy pseudoekspertów udowadniających każdym słowem, że sprzedali się za kilka srebrników. Dlaczego te tzw. elity zamykają oczy na jawne pogwałcenie godności osoby ludzkiej i jej prawa do życia zgodnie z własnymi przekonaniem, prawa do nietykliwości własnego ciała? Żadna epidemia, nawet prawdziwa nie uprawnia do rujnowania ludziom życia, do zabrania korzystania z dobroci Natury.

Dla przypomnienia, chorym na hiszpankę zalecano przebywanie na świeżym powietrzu. Żadna epidemia nie uprawnia do narażania ludzi na chorobę i śmierć wskutek irracjonalnych zarządzeń. W październiku już wzrosła liczba zgonów jako efekt odłożonych operacji, braku diagnostyki nowotworowej (40-50% mniej osób kierowanych jest na szybką ścieżkę), skierowaniu wszystkich działań medycznych na niezbyt groźnego wirusa.

W kolejnych miesiącach liczba zgonów dalej będzie wzrastała jako efekt wielomiesięcznych zaniedbań. Dodatkowo, w okresie jesienno-zimowym towarzyszy nam gwałtowny wzrost liczby osób cierpiących na grypę, stany grypopodobne oraz przeziębieniowe, które zostaną okrzyknięte jako te powodowane przez koronawirusa.

Na własne życzenie, wielu zamiast leczyć przeziębienie domowymi sposobami, odda się w ręce Marsjan, którzy zamkną ich za kolczastymi drutami i poddadzą eksperymentom z niesprawdzonymi terapiami. Część się podda, bo spanikuje. Inni, gdyż przeziębienie nieco dłużej potrwa, nieco silniejsze będą objawy nie wykluczając ostrych ze względu na drastyczne obniżenie odporności całego społeczeństwa.

Osoby 70+ już są poddawane powolnej eutanazji ze względu na

zakaz wychodzenia z domu, który przeszedł bez echa. W końcu kogoś trzeba poświęcić, przy okazji ratując ZUS. Czy to się różni od segregacji na rampie? Genialny pomysł psychopaty.

Żadne racjonalne głosy nie przemawiają do zamaskowanych tłumów. Nie obrażając baranów, te tłumy jak „baran” idą na rzeź. To ci zamaskowani, którzy stracili odporność, ci, którzy ograniczyli spacery i aktywność fizyczną ponoszą winę za wzrosty zgonów. To oni są winni przepełnionym szpitalom, gdyż unikając spacerów i słońca znacznie obniżyli zawartość witaminy D w swoim organizmie, doprowadzając do większej podatności na choroby. Tłumy na plażach i basenach opalające się w масечkach – to im zawdzięczamy kolejne restrykcje.

Trzeba wyraźnie powiedzieć, że pandemia to ściema. Obostrzenia dotyczące масечek, dystansu społecznego i kwarantanny są przeciwdrozwotne. Nie ma żadnego uzasadnienia na sianie paniki i stosowanie terroru biomedycznego w odniesieniu do obecności wirusa przeziębieniowego, którego 80% z nas przechodzi bezobjawowo. Szczepionki są niepotrzebne. Wirusy są wszędzie, od zawsze. Jediną skuteczną obroną jest budowanie własnej odporności. Szczepienia to droga donikąd. Wirusów jest wiele.

Nie zaszczepimy się na wszystkie z nich. Każde zaszczepienie, czyli próba farmakologicznej obrony nas przed nimi, jedynie nas osłabi i w zdwojony sposób wystawi na kolejne wirusy. One tylko na to czekają. Szczepienia powszechne, czyli dla wszystkich i na wszystko to marzenie przemysłu farmaceutycznego. Oni chcą abyśmy byli coraz słabsi i całkowicie uzależnieni od farmakoterapii. Oni manipulują szczepionkami, wymyślając te szkodliwe dla nas specyfiki, na rzecz których wymyślają pandemię. Skończył się 20. letni okres ochrony patentowej dla szczepionki na grypę i dlatego grypa musiała zniknąć. W jej miejsce pojawił się COVID. Następne patogeny i choroby są już w przygotowaniu.

Ja jednak liczę, że jakąś część społeczeństwa uda nam się wybudzić z tego letargu. Jak dotąd idzie nam to całkiem dobrze. Korzystamy ze wsparcia wspaniałych, odważnych ludzi, którzy są autorytetami, jak Pan i nie boją się głosić prawdy. Jest Was mniejszość, ale mam wrażenie, że ostatnio coś jakby ruszyło i coraz więcej lekarzy i naukowców mówi tym samym głosem co Pan.

Pan jest przedstawicielem środowiska naukowego. Sądzi Pan, że prawda kiedyś wyjdzie na jaw?

RZ: Jedną z pozytywnych stron działalności naukowej jest to, że prawda zawsze kiedyś ujrzy światło dzienne. Zawsze znajdzie się naukowiec, który bliżej przyjrzy się publikacji lub zechce powtórzyć opisany wcześniej eksperyment. Czasami sprawa jest oczywista, dosłownie rzuca się w oczy. Tak było z procedurą testu RT-qPCR do diagnostyki koronawirusa.

Mówiliśmy już od marca-kwietnia, czyli od samego początku, że test ten jest niewiarygodny i powinien być natychmiast wycofany. W tym co twierdziliśmy nie było żadnej nieoczywistości, gdyż o tym uczymy studentów, to abecadło biologii molekularnej. Dziwiło nas jedynie to, że żaden polski naukowiec nie przyznał nam racji, a wręcz przeciwnie, przesądzał o naszej niewiedzy.

Mogę jedynie powtórzyć, że szkoda pieniędzy na taką naukę i takich naukowców.

No właśnie, Pan wraz z żoną jesteście genetykami, biologami i od kilkudziesięciu lat zajmowaliście się badaniami roślin, zwierząt i bakterii, wykorzystując do tego testy PCR, takie same, jakimi dziś bada się nas pod kątem diagnostyki zakażenia wirusem SARS-CoV-2. Oglądałam uważnie Wasz wywiad w Alter Shot TV dotyczący tego tematu. Utkwiło mi w pamięci to jak łatwo można zafałszować wyniki i jak bardzo niemiarodajny jest to sposób diagnozowania wirusów (o czym sam wynalazca pisał). Czy może Pan w uproszczeniu wyjaśnić dlaczego tak się dzieje? Czy idąc na taki test, płacąc za to niemałe pieniądze dowiem się czy mam COVID-19?

RZ: Wykonanie testu PCR polega na przeprowadzeniu bardzo precyzyjnej reakcji molekularnej, w której istotną rolę odgrywają nawet takie elementy jak to z jakiej firmy pochodzi termocykler, w którym reakcja ta jest przeprowadzana lub firma w której zostały zakupione odczynniki chemiczne. Ponadto jest to reakcja bardzo złożona, tym bardziej gdy wyjściowym materiałem genetycznym jest RNA, a nie DNA. Taka sytuacja ma miejsce w odniesieniu do koronawirusa, którego RNA należy najpierw przekształcić na cDNA w procesie odwrotnej transkrypcji (RT), aby następnie poddać go namnożeniu za pomocą reakcji PCR. Dlatego w odniesieniu do tego wirusa przeprowadza się dwie reakcje, określane jako RT-qPCR.

RT oznacza przekształcenie wirusowego RNA na cDNA, za pomocą

enzymu zwanego odwrotną transkryptazą, a „q” oznacza ilościowy pomiar namnażania się cDNA za pomocą reakcji PCR. Kolejną cechą tej reakcji jest jej ogromna czułość, polegająca na możliwości namnażania DNA przy niewielkiej już liczbie cząstek. Warunkiem niezbędnym dla prawidłowego przeprowadzenia reakcji PCR jest czystość DNA, ponieważ przy jej braku może zostać namnożony także inny materiał genetyczny. W praktyce laboratoryjnej reakcję tę optymalizuje się w przypadku analizy każdego obiektu badawczego, np. kolejnego gatunku lub w przypadku użycia kolejnego systemu markerowego. Możliwość manipulowania parametrami tej reakcji wpisana jest w jej optymalizację. Błędne odczyty można więc uzyskać nie znając do końca mechanizmu biochemicznego tej reakcji lub popełniając błędy w jej przeprowadzeniu, albo też nie dotrzymując wymogów dotyczących czystości matrycy użytej do jej powielenia w reakcji PCR.

W odniesieniu do diagnostyki koronawirusa, te wszystkie błędy często kumulują się. Mogą też być one celowo generowane, poprzez zmianę parametrów tej reakcji, w tym manipulowanie profilami termicznymi lub liczbą cykli namnażania DNA. Przy podniesieniu temperatury tego namnażania możliwość wykrycia cząstek DNA w próbce maleje ponieważ startery użyte do tego namnażania tracą możliwość przyłączenia się do matrycy. I odwrotnie, przy obniżeniu tej temperatury reakcja staje się mało specyficzna, co skutkuje zwiększoną możliwością wykrywania obcego DNA.

Istotny wpływ na specyfikę reakcji mają też same startery. Muszą one spełniać określone wymogi odnośnie ilości G+C, których zawartość powinna przekraczać 50%. W przeciwnym razie będą one niespecyficzenie przyłączać się do matrycy. Problem z uzyskaniem wiarygodnych wyników w odniesieniu do diagnozowania zakażeń koronawirusem za pomocą testu RT-qPCR polega na tym, że w próbce biologicznej jaką stanowi wymaz z nosogardzieli znajduje się mieszanina kwasów nukleinowych pochodzących od różnych patogenów w niej występujących oraz

znajdującego się tam również ludzkiego materiału genetycznego. Możliwość namnażania się tego obcego materiału genetycznego wynika z tego, że zawiera on sekwencje homologiczne do starterów użytych w tej reakcji.

Niespecyficzność reakcji RT-qPCR wpisana jest w testy za pomocą których usiłuje się zdiagnozować obecność koronawirusa. Świadczy o tym sposób skonstruowania starterów, które nie spełniają wymogów aby być specyficznymi, ponieważ udział występujących w nich zasad G+C jest poniżej 50%. Twórcy patentów na testy na koronawirusa, których udziałowcem jest amerykański panel CDC, zastrzegają się, że tymi testami można wykryć również inne mikroorganizmy, a wynik pozytywny testu nie oznacza zakażenia koronawirusem, a wynik negatywny nie wyklucza braku jego obecności. Wspomniany wyżej panel CDC szacuje wiarygodność swoich testów do diagnostyki koronawirusa na 35%. Obecnie istnieją również inne oszacowania tej wiarygodności, które jej poziom zaniżają do około 10%.

Powstaje więc pytanie po co w takim razie stosować te testy. Odpowiedź jest taka, że ich intencją nie jest wykrycie obecności koronawirusa w badanej próbce z wymazu z nosogardzieli, ponieważ testy te do tego się nie nadają. Ich rola jest zgoła inna. Mają one za zadanie uwiarygodnić pandemię koronawirusa. Testy te w zależności od ustawionych parametrów przeprowadzenia analizy zawsze mogą coś wykryć lub nie. Daje to możliwość manipulowania przebiegiem pandemii w zależności od zapotrzebowania politycznego. Przykłady tego mieliśmy w odniesieniu do testowania górników na Śląsku. Podobne przykłady płynęły z USA, gdzie w niektórych hrabstwach uzyskiwano 100% testów pozytywnych. Wyników testów PCR nie koreluje się z objawami chorobowymi, ani nie prowadzi się różnicującej diagnostyki, np. na zakażenia wirusem grypy. Test sobie i choroba sobie.

Jak się więc znaleźć w tym testowaniu. Po prostu należy starać się unikać tego testowania. Niewiarygodne testy PCR do diagnostyki koronawirusa mają uwiarygadniać nieistniejącą

pandemię tegoż wirusa, o ile on w ogóle istnieje. Wielu naukowców przypuszcza, że SARS-CoV-2 może być wirusem złożonym komputerowo na bazie wcześniej zsekwencjonowanych wirusów SARS. Należy pamiętać, że do tej chwili nie zsekwencjonowano wirusa SARS-CoV-2, który zostałby uzyskany z hodowli komórkowej. Oznacza to brak wzorca tego wirusa (brak złotego standardu). Wirusa tego nie uzyskano również w formie krystalicznej.

Bardzo dziękuję za rozmowę i poświęcony mi czas.

Życzę Państwu zdrowych i wesołych Świąt Bożego Narodzenia i nadziei na to, że przyszły rok będzie przełomowy dla nas, wolnych ludzi.

RZ: Jest to wspaniałe życzenie, którym chciałbym także obdarzyć zarówno Panią jak i wszystkich ludzi dobrej woli organizujących Stoliki Wolności, a także wszystkich naszych Rodaków.

**Rozmowę prowadziła
Agnieszka Kisielewska
Stolik Wolności**

Prof. zw. dr hab. Roman Zieliński

Roman Zieliński jest profesorem biologii o specjalności genetyka z prawie 40-letnim doświadczeniem w pracy naukowej i dydaktycznej. Studiował biologię, ze specjalizacją genetyka, na Uniwersytecie im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, w latach 1971-1976.

Doktorat z genetyki (1980 r.) i habilitację z genetyki (1986 r.) uzyskał na Uniwersytecie im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, tytuł profesora (1998 r.) również na UAM w Poznaniu. W 2007 r. został profesorem zwyczajnym. Tworzył od podstaw Katedrę Genetyki na Uniwersytecie Szczecińskim, która była jedną z pierwszych jednostek wprowadzających analizę PCR do badań genetycznych (1995 r.).

Stworzył Katedrę Genetyki na nowopowstałym Wydziale Biologii Uniwersytetu Warmińsko-Mazurskiego w Olsztynie, gdzie pracował do 2014 r.

W ciągu 16 lat pracy na UWM działania Prof. Romana Zielińskiego doprowadziły do powstania jednostki zajmującej się genetyką molekularną i rozpoznawalnej na poziomie międzynarodowym. Potwierdzeniem wysokiej pozycji jednostki oraz dorobku Prof. Romana Zielińskiego było pozyskanie 9 międzynarodowych projektów badawczych, w tym koordynowanego przez Profesora, prestiżowego projektu w ramach 6 Programu Ramowego UE (Contract MTKD-CT-2004-509834) oraz sieci badawczej COST (FA0603).

Rangę kierowanej przez Prof. Zielińskiego jednostki podkreślały także liczne prośby o odbycie stażu z zakresu metod molekularnych w kierowanej przez niego Katedrze Genetyki. W latach 2004-2007 w Katedrze Genetyki przebywało 14 stażystów z różnych państw europejskich oraz kilkunastu stażystów z ośrodków w Polsce. W sumie Katedra Genetyki kierowana przez Prof. R. Zielińskiego współpracowała z 41 partnerami zagranicznymi uczestniczyła jako koordynator lub partner w 19 międzynarodowych konsorcjach badawczych.

Prof. zw. dr hab. Roman Zieliński ma duże doświadczenie dydaktyczne. Organizował i prowadził zajęcia z genetyki, diagnostyki medycznej, genetyki człowieka, cytogenetyki, biologii komórki, biologii medycznej, cytofizjologii, biologii molekularnej, genetyki molekularnej, ewolucji molekularnej, genetyki populacyjnej, mutagenezy, regulacji prawnych w

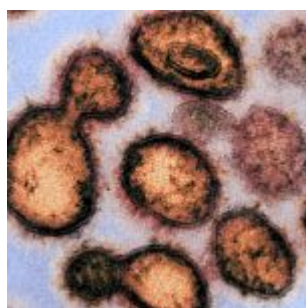
biotechnologii. W trakcie pracy na UWM w Olsztynie prowadził zajęcia na trzech kierunkach studiów: Biologia, Biotechnologia oraz Pielęgniarstwo. Profesor R. Zieliński był promotorem 36 prac licencjackich, 49 prac magisterskich, 9 prac doktorskich, w tym pracy z zakresu nauk medycznych, obronionej na Akademii Medycznej w Lublinie.

Prof. R. Zieliński opublikował 110 artykułów naukowych w recenzowanych czasopismach międzynarodowych, 45 doniesień konferencyjnych, w tym 30 na konferencjach międzynarodowych, sporządził liczne raporty do Komisji Europejskiej i ekspertyzy dla jednostek prywatnych i państwowych, w tym dla Stoczni Szczecińskiej, jednostek policji, parków narodowych, szpitali. Prace Prof. R. Zielińskiego były cytowane 363 razy, a indeks H = 10.

Źródło:

stolikwolnosci.pl

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: [Y2154Zn56g](#) Search expires on 12-18-27-18 am [Download file](#)
 Program: BLASTN [Citation](#)
 Database: Genome (GRCh38.p13 reference, Annotation Release 109.20200228) [See details](#)
 Query ID: lclQuery_30557
 Description: None
 Molecule type: nucleic acid
 Query Length: 18
 Other reports: [Distance tree of results](#) [MSA viewer](#)

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

Sequences producing significant alignments Download Manage columns Show 100

select all	Description	Max Score	Init Score	Query Cover	E value	Per. ident	Accession
☒	Human sapiens chromosome 15, genomic path of type PIR, GRCh38.p13 BACH-PS-HS1136_BACH	30.7	56.5	88%	5.7	100.00%	HWI-ST5337.66.1
☒	Human sapiens chromosome 1, GRCh38.p13 Primary Assembly	30.7	2635	100%	5.7	100.00%	NC_000001.11
☒	Human sapiens chromosome 2, GRCh38.p13 Primary Assembly	30.7	3172	100%	5.7	100.00%	NC_000002.12
☒	Human sapiens chromosome 4, GRCh38.p13 Primary Assembly	30.7	2581	100%	5.7	100.00%	NC_000004.12
☒	Human sapiens chromosome 7, GRCh38.p13 Primary Assembly	30.7	2428	100%	5.7	100.00%	NC_000007.14
☒	Human sapiens chromosome 18, GRCh38.p13 Primary Assembly	30.7	1586	100%	5.7	100.00%	NC_000018.11
☒	Human sapiens chromosome 11, GRCh38.p13 Primary Assembly	30.7	1515	100%	5.7	100.00%	NC_000011.9

[Wytyczne](#) WHO dotyczące [badań laboratoryjnych](#) stanowią:

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

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

W WHO'wskim [Novel Coronavirus 2019-nCov Situation Report 1](#) na temat [koronawirusa 2019-nCov 1](#) stwierdza się:

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

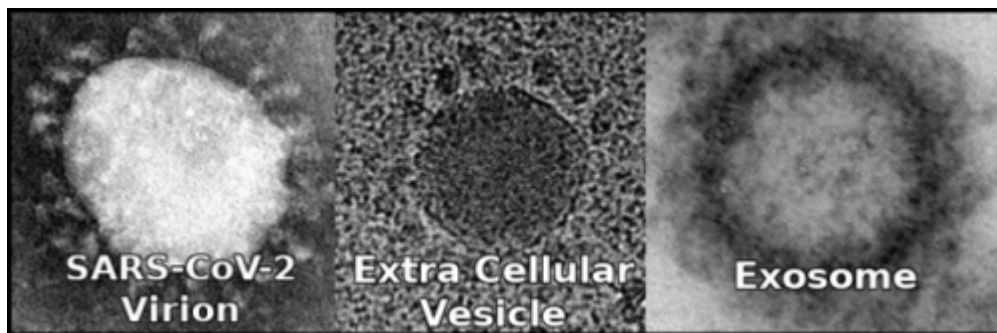
Te dwa oświadczenia WHO jasno sugerują, że wirus SARS-CoV-2 został wyizolowany (co oznacza oczyszczony do badań), a następnie *zidentyfikowano* sekwencje genetyczne z wyizolowanej próbki. Na tej podstawie opracowano i rozprowadzono na całym świecie zestawy diagnostyczne do testowania wirusa w miastach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

Jednak WHO stwierdza również:

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

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

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



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

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

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

Zbadaliśmy zdolność SARS-CoV-2 do infekowania i replikacji w kilku popularnych liniach komórkowych naczelnych i ludzkich, w tym ludzkich komórkach gruczolaka (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”.

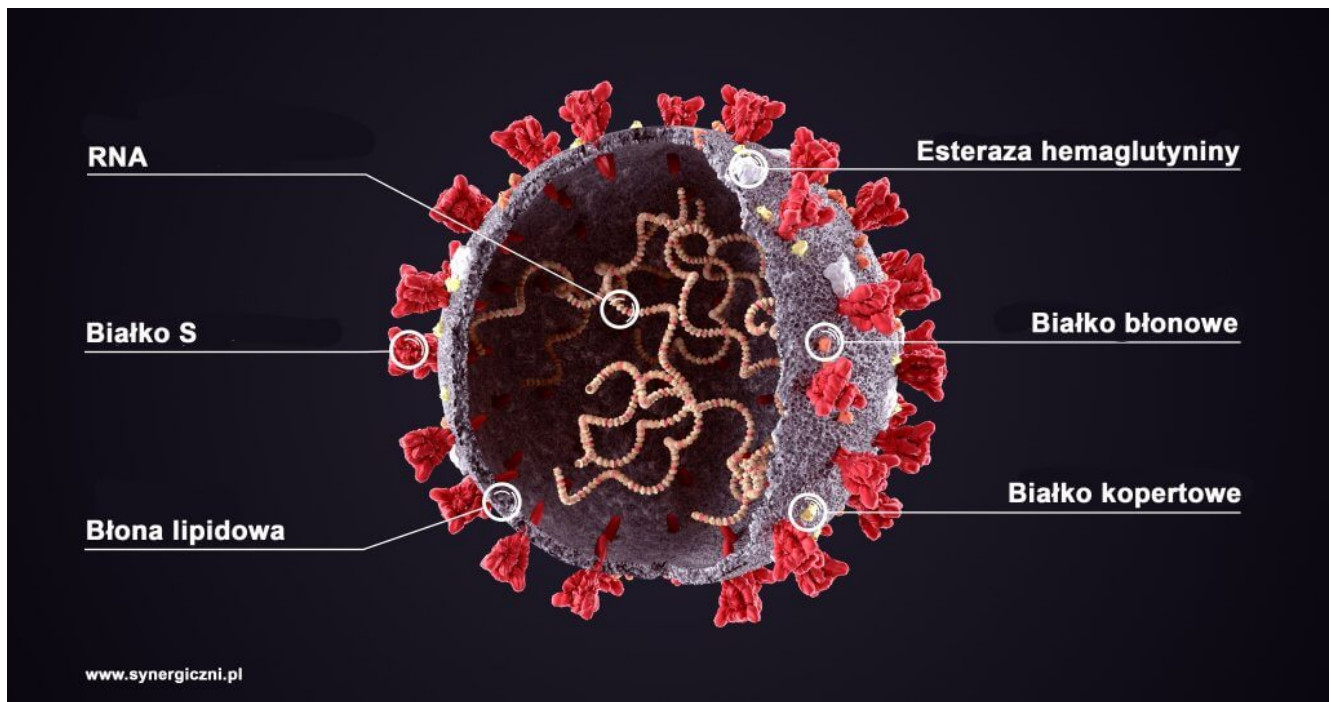
CDC nie zaobserwował żadnego CPE w ludzkich komórkach. Nie widzieli żadnych dowodów na to, że ten rzekomy wirus spowodował jakąkolwiek chorobę człowieka. Ten rzekomy ludzki wirus nie wykazywał też żadnej godnej uwagi replikacji w ludzkich komórkach, co sugeruje, że infekcja z człowieka na człowieka byłaby 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 bits(228)	4e-125	228/228(100%)	0/228(0%)	Plus/Plus
Query 1	ATGTACTCATTGGTTTCGGAAAGACAGGTACGTTAATAGTTAATAGCGTACTCTCTTTT	60		
Subject 26288	ATGTACTCATTGGTTTCGGAAAGACAGGTACGTTAATAGTTAATAGCGTACTCTCTTTT	26267		
Query 61	CTTGCTTTCGGGATTCCTGCTAGTTACACTAGCCATCTTACTGCGCTTCGATTGGT	120		
Subject 26268	CTTGCTTTCGGGATTCCTGCTAGTTACACTAGCCATCTTACTGCGCTTCGATTGGT	26327		
Query 121	GCGTACTGCTGCAATATTGTTACGTAATCTTGTAAACCTTCTTTTACGTTTACTCT	180		
Subject 26328	GCGTACTGCTGCAATATTGTTACGTAATCTTGTAAACCTTCTTTTACGTTTACTCT	26387		
Query 181	CGTGTTAAAAATCTGAATCTCTTAGAGTTCCTGATCTCTTGGTCTAA	228		
Subject 26388	CGTGTTAAAAATCTGAATCTCTTAGAGTTCCTGATCTCTTGGTCTAA	26435		

Badając te nieznane sekwencje RNA, stwierdzili, że 57% pasują do bydłowego koronawirusa i mysiego wirusa zapalenia wątroby i wywnioskowali, że należy do rodziny Coronaviridae. Biorąc pod uwagę te sekwencje, aby sugerować nowo odkryty wirus SARS-CoV (nowe odkrycie to ambrozja dla naukowców), zaprojektowali startery RT-PCR do testowania tego nowego wirusa. Naukowcy stwierdzili:

Startery do wykrywania nowego wirusa zaprojektowano do wykrywania RT-PCR tego genomu koronawirusa związanego z zapaleniem płuc u ludzi w próbkach klinicznych. Spośród 44

próbek z jamy nosowo-gardłowej dostępnych od 50 pacjentów z SARS, 22 miało dowody na obecność RNA koronawirusa związanego z zapaleniem płuc u ludzi.”

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

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

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

Nic nie wyizolowano

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

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

W Australii naukowcy z [Instytutu Doherty](#) ogłosili,

że [wyizolowali wirusa SARS-CoV-2](#). Poproszeni o wyjaśnienie naukowcy powiedzieli:

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

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

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

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

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

Do tej pory nie otrzymali odpowiedzi.

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

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

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

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

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

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

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

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

Orf1 Gene Human Chromosome Match				
Homo sapiens chromosome 6, GRCh38.p13 Primary Assembly				
Sequence ID: NC_000006.12 Length: 170805979 Number of Matches: 481				
Range 1: 44996991 to 44997007 GenBank Graphics ▼ Next Match ▲ Previous Match				
Score	Expect	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.

Ilekoć 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 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 J11103 supercontig 2, whole genome shotgun sequence	38.2	38.2	76%	0.99	100.00%	NZ_LN531188.1
Shewanella aeraria JCM 15074, whole genome shotgun sequence	38.2	38.2	76%	0.99	100.00%	NZ_LN531188.1
Lactobacillus pasteurii strain JCM 13617 contig1, whole genome shotgun sequence	38.2	38.2	76%	0.99	100.00%	NZ_LN531188.1
Lactobacillus pasteurii strain JCM 13617 contig2, whole genome shotgun sequence	38.2	38.2	76%	0.99	100.00%	NZ_LN531188.1
Lactobacillus pasteurii strain JCM 13617 contig3, whole genome shotgun sequence	38.2	38.2	76%	0.99	100.00%	NZ_LN531188.1
Lactobacillus pasteurii strain JCM 13617 contig4, whole genome shotgun sequence	38.2	38.2	76%	0.99	100.00%	NZ_LN531188.1
Lactobacillus pasteurii strain JCM 13617 contig5, whole genome shotgun sequence	38.2	38.2	76%	0.99	100.00%	NZ_LN531188.1

Testy RT-PCR nie sekwencjonują całego genomu. Poszukują przypadków specyficznej fluorescencji sondy, aby wskazać obecność sekwencji, o których mówi się, że istnieją. Sekwencje te są zdefiniowane w MN908947.1 i kolejnych aktualizacjach. Te startery i sondy nie mogą ujawnić niczego poza dopasowaniami RNA wyekstrahowanymi z niekodującego, czasami nazywanego „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 zmywy 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.

Do 90% „pozytywnych” wyników testów COVID-19 jest fałszywych



Według [The New York Times](#), przytłaczająca większość ludzi, którzy rzekomo mają pozytywny wynik testu na koronawirusa z Wuhan (COVID-19), jest w rzeczywistości wolna od wirusów .

Jak się okazuje, testy PCR, na które nabrano miliony przestraszonych Amerykanów, są lipne. Wychwytyją tylko częściowe fragmenty wirusa, a nie całe wirusy i nie są „złotym standardem”, jak twierdzą zwolennicy.

Chociaż *The Times* mówi, że testy PCR „diagnozują ogromną liczbę osób, które mogą być nosicielami stosunkowo niewielkich ilości wirusa”, faktem jest, że testy PCR diagnozują ogromną liczbę osób, które *w ogóle nie mają wirusa* .

Analiza danych z Massachusetts, Nowego Jorku, Nevady i innych stanów pokazuje, że ponad 90 procent osób, które uzyskały pozytywny wynik testu na koronawirusa z Wuhan (COVID-19), *nie jest nim zarażonych* .

Ponieważ *Times* w dużej mierze wybiela wiadomości, sugerując, że tak zwana pandemia jest nadal poważna i niepokojąca, można tylko przypuszczać, że nawet te 90 procent liczby jest zbyt niskie. Zgadza się z tym Michael Thau, piszący dla *Red State* .

„Badania cytowane w *Timesie* sugerują, że te fałszywie pozytywne testy, które odkryli, zostały przeprowadzone na ludziach *nie zainfekowanych żadnym wiruse* , a nie tylko nieznacznych ilości, jak podają” – wyjaśnia.

„I [ich] górna granica 90% dla fałszywie pozytywnych wyników jest również prawdopodobnie zbyt niska”.

Wadliwe testy PCR przyniosły korporacjom ponad 13 miliardów dolarów

Amerykańskie Centra Kontroli i Zapobiegania Chorobom (CDC) doskonale zdają sobie sprawę, że fałszywe alarmy są poważnym problemem, twierdząc, że są one „omyłkowo” zgłaszane agencjom zdrowia publicznego. Ale prawda jest taka, że *same testy stanowią problem i nie jest to pomyłka*.

Cała *plandemia* została zbudowana na kłamstwie, że miliony ludzi ma pozytywny wynik testu na koronawirusa z Wuhan (COVID-19), podczas gdy w rzeczywistości większość z nich to zdrowi ludzie, którzy otrzymują fałszywie dodatnie wyniki testów.

Te fałszywe testy PCR przyczyniły się również do błędnego określenia, że „większość rzekomo zakażonych pacjentów jest „bezobjawowymi nosicielami”, dlatego nie wydają się chorzy. Ponownie, rzeczywistość jest taka, że „większość „pozytywnych przypadków” koronawirusa z Wuhan (COVID-19) to *całkowicie fikcyjne* wytwory wyobraźni.

„Masowe oszustwa popełniane na Amerykanach – którym przekonano, że testy PCR stanowią „złoty standard” wykrywania zakażeń COVID-19 – może być jednym z największych oszustw w historii” – pisze Thau.

Jest to jednak oszustwo, które uczyniło niektórych ludzi bardzo bogatymi. Przy cenie 150 dolarów za sztukę, ponad 85 milionów testów PCR, które zostały przeprowadzone właśnie w USA od czasu, gdy koronawirus z Wuhan (COVID-19) zaczął dominować w mediach, przyniosło około 13 miliardów dolarów zysków producentom zestawów testowych i laboratoriom testowym.

W międzyczasie ponad siedem milionów Amerykanów, którzy otrzymali fałszywie pozytywne wyniki testów, prawdopodobnie przeszło przez piekło, wierząc, że są nosicielami przerażającego wirusa z Chin. Niektórzy z nich prawdopodobnie cierpieli na depresję, podczas gdy inni stanęli w obliczu utraty pracy, izolacji lub po prostu strachu i zmartwienia, które prawdopodobnie doprowadziły do „innych problemów zdrowotnych.

O dziwo, *The Times* ledwo donosi o tym, a przynajmniej nie z takim samym rozmachem, jaki wcześniej podawał w testach PCR, które są rzekomym „złotym standardem” testów na koronawirusa w Wuhan (COVID-19).

„Teraz nadszedł czas na masowe pozwy zbiorowe... przeciwko „big pharmie” za te 13 miliardów dolarów i... wkrótce zatwierdzone fałszywe doroczne szczepionki” – napisał jeden z komentatorów *Red State* .

„Jak we wszystkim, jeśli chcesz poznać prawdę, idź za pieniędzmi”.

Źródła:

RedState.com

NaturalNews.com