

Minister zdrowia: Najpierw będą szczepione osoby powyżej 80 lat



W pierwszej kolejności z tzw. grupy pierwszej szczepione będą osoby, które ukończyły 80 lat, potem osoby powyżej 70 lat – poinformował podczas posiedzenia senackiej Komisji Zdrowia minister zdrowia Adam Niedzielski. Dodał, że ta „hierarchia” szczepień będzie zapisana w rozporządzeniu epidemicznym.

Minister zdrowia wraz z szefem KPRM, pełnomocnikiem rządu ds. programu szczepień Michałem Dworczykiem przedstawiał w poniedziałek na posiedzeniu senackiej Komisji Zdrowia informację na temat realizacji Narodowego Programu Szczepień. Odnieśli się m.in. do harmonogramu szczepień w poszczególnych grupach priorytetowych. Szef resortu zdrowia zauważył w kontekście określania grup do szczepień, że akcji szczepień przyświecają dwa cele – zmniejszenie śmiertelności i udrożnienie systemu opieki zdrowotnej.

„To są naprawdę dwa fundamentalne cele, które przyświecają definiowaniu hierarchii, czy pewnej priorytetyzacji grup, które będą szczepione. Dlatego z grupy pierwszej zaczniemy od osób najbardziej zaawansowanych wiekowo, które w największym stopniu są narażone na ryzyko zgonu” – powiedział Niedzielski, przypominając też, że od 15 stycznia ruszają zapisy dla najstarszych osób z grupy pierwszej, a od 25 stycznia rozpocznie się ich szczepienie.

Wyjaśnił, że osoby powyżej 80. roku życia będą mogły umawiać się na szczepienie poprzez infolinię NFZ 989, Internetowe Konto Pacjenta czy bezpośrednio w punkcie szczepień. Same szczepienia dla tych pacjentów rozpoczną się od 25 stycznia.

Minister, mówiąc dalej o priorytecie szczepienia najbardziej zaawansowanych wiekowo osób, zaznaczył, że wraz z wiekiem to ryzyko zgonu rośnie wykładniczo. Eksperti wskazują, że w grupie osób powyżej 80. roku życia śmiertelność z powodu zakażenia koronawirusem ([wirusem KPCh](#) – przyp. redakcji) wynosi 20 proc., a nawet więcej.

„Dlatego zaczniemy od grupy 80 plus, a następną podgrupą, jeśli można tak powiedzieć, będzie kolejna grupa osób powyżej 70. roku życia i będziemy stopniowo schodzili” – argumentował. Zauważył, że ta najbardziej zaawansowana wiekowo grupa liczy ponad 1,5 mln osób.



Akcja szczepień medyków w szpitalu tymczasowym na terenie Międzynarodowych Targów Poznańskich, 11.01.2021 r. (Jakub Kaczmarczyk / PAP)

Równocześnie minister zaznaczył też, że grupy priorytetowe będą zapisane w rozporządzeniu epidemicznym. „Tak, żeby oprócz Narodowego Programu Szczepień pojawiła się pewna regulacja, która będzie podstawą formalną do szczepienia” – wyjaśnił, nawiązując do „nadużywania prawa” w kontekście kolejności szczepień, do czego doszło w ostatnich tygodniach w kilku placówkach. Szef resortu stwierdził też, że korzystanie z prawa pierwszeństwa do szczepień musi mieć podstawę formalną, by naruszenia w tym zakresie móc karać. Wytłumaczył, że w rozporządzeniu znajdzie się podział grupy pierwszej na podgrupy.

„Pokazujemy regułę, że jeżeli ktoś wypada z grupy konkretnej, to jest możliwość szczepienia osoby z grupy, która jest następna. Musi być jakaś reguła, żeby nie doprowadzać do marnowania szczepionek” – powiedział minister, przypominając, że do tej pory nie wykorzystano 369 dawek, głównie z powodu ich uszkodzenia.

„Zdecydowana większość to nie kwestie sytuacji, w której nie byłoby osoby do zaszczepienia – to dotyczyło tylko siedmiu dawek, ale w większości to uszkodzenia techniczne nie zawsze wynikające z transportu u nas. Były to przykładowo problemy z denkiem fiolki po zamrożeniu” – powiedział. Wyjaśnił, że takie sytuacje będą „w normalnym trybie reklamowane i zgłaszane do producenta”.

W Polsce szczepienia rozpoczęły się 27 grudnia. W grupie zero szczepieni są pracownicy sektora ochrony zdrowia (np. lekarze, pielęgniarki i farmaceuci), pracownicy DPS-ów i MOPS-ów, personel pomocniczy i administracyjny w placówkach medycznych, w tym w stacjach sanitarno-epidemiologicznych, a także rodzice wcześniaków. Według oficjalnych danych opublikowanych w poniedziałek rano w Polsce zaszczepiono już 203 053 osoby.

Do grupy pierwszej, oprócz seniorów, zaliczono także pensjonariuszy domów pomocy społecznej, nauczycieli i pracowników mundurowych. Do drugiej z kolei osoby poniżej 60

lat z chorobami przewlekłymi, które zwiększają ryzyko ciężkiego przebiegu COVID-19, a także te, które są w trakcie diagnostyki i leczenia wymagającego częstego odwiedzania placówek medycznych, oraz osoby, których praca zapewnia funkcjonowanie podstawowej działalności państwa i narażone są w większym stopniu na zakażenie ze względu na częste kontakty społeczne.

W I kwartale do Polski powinno dotrzeć 6 mln dawek szczepionek przeciw COVID-19, co pozwoli na zaszczepienie w tym okresie około 3 mln osób.

Autorki: Klaudia Torchała, Dorota Stelmaszczyk, PAP.

Siedem chińskich prowincji wchodzi w „tryb wojenny” po wybuchu epidemii COVID-19



Obszary prowincji Hebei, Liaoning, Heilongjiang, Henan i Ningxia, a także Mongolia Wewnętrzna i [Pekin](#) ogłosiły, że w weekend weszły w „tryb [wojenny](#)” z powodu [nagłego wzrostu liczby](#) przypadków [COVID-19](#).

„Tryb wojny” zazwyczaj oznacza, że $\square\square$ narzucane są ograniczenia, kiedy mieszkańcy mogą opuścić swoje domy, a prawie wszystkie obiekty użyteczności publicznej, takie jak

szkoły, sklepy, stadiony i parki, są zamknięte.

Rzecznik władz miasta Pekinu, Xu Hejian, powiedział na konferencji prasowej 8 stycznia: „Obecnie w całym kraju zdiagnozowani są pacjenci i ogniska epidemii”.

Ścisła kontrola

Rząd centralny odradził podróżowanie na zbliżające się święto Nowego Roku Księżycowego, które przypada 12 lutego tego roku. Miliony ludzi zazwyczaj podróżują do swoich rodzinnych miast, aby połączyć się z rodzinami.

W weekend władze miejskie w całym kraju [ogłosiły](#) również nową zasadę, zgodnie z którą osoby, które chcą podróżować w czasie wakacji, muszą uzyskać uprzednią zgodę pracodawców.

Na przykład miasto Meizhou w prowincji Guangdong wydało 8 stycznia zawiadomienie: „Wszyscy pracownicy i obsługa departamentów rządowych, przedsiębiorstw państwowych i firm prywatnych nie powinni opuszczać miasta Meizhou na Księżycowy Nowy Rok... Jeśli naprawdę potrzebujesz urlopu, musisz uzyskać zgodę zespołu zarządzającego firmy / działu. ”

[Shijiazhuang](#)

W międzyczasie Shijiazhuang, 11-milionowe miasto w północnych [Chinach](#), nadal doświadczało nowych infekcji.

Na niedzielnej konferencji prasowej zorganizowanej przez władze miasta urzędnicy orzekli, że wszyscy mieszkańcy muszą przejść drugi test kwasu nukleinowego na obecność COVID-19 w ciągu najbliższych dwóch dni, oraz że wszyscy mieszkańcy nie mogą opuścić swoich domów przez kolejne siedem dni. Tylko kurierzy i personel medyczny posiadający specjalną przepustkę mogą swobodnie poruszać się po ulicach. W zeszłym tygodniu miasto zostało [zamknięte](#).

Początkowo władze nadal zezwalały na otwarcie dla klientów w niedzielę ponad 60 dużych sklepów spożywczych. Jednak

państwowe China National Radio poinformowało w niedzielę wieczorem, że wszystkie sklepy spożywcze w mieście są zamknięte, a ludzie mogą składać zamówienia tylko przez Internet.

W rezultacie ceny żywności gwałtownie wzrosły.

Mieszkaniec Shijiazhuang, Gong Huo, skarżył się na platformie społecznościowej Weibo, że niektóre sklepy odmówiły sprzedaży mu żywności, chyba że kupił kilka produktów w tym samym czasie. „Sklep spożywczy poprosił mnie o zamówienie maki, oleju i ryżu, jeśli chcę kupić warzywa i jajka . Poza tym muszę czekać na dostawę. Ponieważ sklep nie dostarczy, chyba że ponad 100 osób z mojego osiedla również zamówi jedzenie ”- napisał.

Inne regiony

Wang Qiang (pseudonim) z hrabstwa Nanpi, miasta Cangzhou w prowincji Hebei w północnych Chinach, [powiedział](#) chińskojęzycznemu Epoch Times, że jego rodzina została zmuszona do przeniesienia się do ośrodka kwarantanny po tym, jak była izolowana w domu przez siedem dni. Władze stwierdziły, że to dlatego, że on i jego żona niedawno wrócili z innego miasta.

„Moja babcia ma 80 lat, a moi rodzice mają cukrzycę i nadciśnienie. Są podatni na zakażenie COVID-19. Teraz urzędnicy zmusili całą piątkę do opuszczenia domu i przeniesienia się do ośrodka kwarantanny. W przeciwnym razie nakażą policji zatrzymanie nas ”- powiedział Wang w sobotnim wywiadzie.

Wang dodał, że urzędnik odpowiedzialny za kontrolę epidemii w jego okolicy powiedział mu, że wybuch epidemii w pobliskim okręgu Dongguang jest bardzo poważny”. W władze nie ogłosiły oficjalnie wybuchu epidemii w Dongguang.

The Epoch Times zadzwonił do Nanpi Center for Disease Control

and Prevention (CDC). Urzędnik, który odebrał telefon, potwierdził zasadę, że wszystkie rodziny z członkami, którzy niedawno wyjechali poza miasto, muszą zostać poddane kwarantannie w ośrodkach kwarantanny, ale odmówił podania dalszych szczegółów na temat lokalnej epidemii.

Źródło:

theepochtimes.com

Kto morduje naukowców związanych z COVID-19?



Lekarze, naukowców i inni eksperci medyczni zajmujący się badaniami koronawirusa z Wuhan (COVID-19) są [odnajdywani martwi](#) na całym świecie, co wydaje się być masowym pozbywaniem się ludzi, którzy wiedzą zbyt wiele prawdy o *plandemi*.

Jednym z ostatnich zgonów był Aleksander „Sasha” Kagansky, rosyjski naukowiec, który pracował nad opracowaniem szczepionki przeciwko COVID-19, kiedy został brutalnie dźgnięty i wyrzucony z okna swojego mieszkania na 14 piętrze w Petersburgu.

[Raporty wskazują](#), że Kagansky zmarł „w dziwnych okolicznościach”, co jest niedopowiedzeniem, biorąc pod uwagę naturę i czas jego śmierci.

Kagansky otrzymał niedawno grant od rządu rosyjskiego na zbadanie nowych sposobów diagnozowania i leczenia guzów mózgu. Był także głośnym orędownikiem naturalnych środków, takich jak zioła i grzyby, o [których wiadomo](#), że pomagają zabijać komórki rakowe.

Innym, który zmarł w tym roku w podobnych okolicznościach, był Frank Plummer, światowej sławy kanadyjski naukowiec, który również pracował nad szczepionką na COVID-19, kiedy najwyraźniej został wyprowadzony przez 'ciemny typków'.

W styczniu [informowaliśmy](#) o powiązaniach Plummera z komunistyczną chińską siatką szpiegowską, która wydaje się być odpowiedzialna za kradzież szczepów koronawirusa z kanadyjskiego laboratorium i zabranie ich do Wuhan.

Profesor Bing Liu z [University of Pittsburgh](#) to kolejny istotny naukowiec, który został zamordowany w tym roku, w tym przypadku tuż przed upublicznieniem nowego przełomu dotyczącego natury COVID-19.

„Bing był bliski dokonania bardzo znaczących odkryć w celu zrozumienia mechanizmów komórkowych leżących u podstaw infekcji SARS-CoV-2 i komórkowych podstaw następujących komplikacji” – czytamy w oświadczeniu jego kolegów z Wydziału Biologii Obliczeniowej i Systemowej.

Następnie mamy Gite Ramjee, naukowiec zajmująca się HIV, która rzekomo zmarła na COVID-19 podczas wizyty w Londynie, aby wygłosić wykład na temat leczenia i zapobiegania HIV. Po powrocie do Durbanu podobno źle się poczuła i trafiła do szpitala, gdzie niedługo potem zmarła.

Kierowca Światowej Organizacji Zdrowia (WHO), Pyae Sone Win Maung, również zmarł w maju podczas transportu próbek koronawirusa dla ONZ. Prowadził dobrze oznakowany pojazd ONZ w czasie, gdy padały strzały, zabijając go i raniąc innego pasażera.

Szczepionkowa informatorka, Brandy Vaughan, była dyrektorem ds. Sprzedaży z Merck & Co. i założycielką [LearnTheRisk.org](https://www.learntherisk.org/), została również znaleziona martwa w swoim domu na początku tego miesiąca obok swojego dziewięcioletniego syna. Vaughan ciężko pracowała, aby poinformować opinię publiczną o zagrożeniach związanych ze szczepieniami.

Potrzebne dokładne śledztwo w sprawie Peter Daszak i Ron Fouchier

Z drugiej strony, następujące osoby to interesujący badacze, którzy są podejrzani o propagowanie *plandemicznego* strachu i oszustw, i którzy mogą być w jakiś sposób powiązani z wyżej wymienionymi zgonami:

- Peter Daszak, prezes EcoHealth Alliance, jest odpowiedzialny za ukształtowanie mitu, że COVID-19 był zjawiskiem naturalnym. E-maile otrzymane przez *US Right to Know* ujawniają, że pracownicy EcoHealth prowadzili operację, w wyniku której 27 wybitnych naukowców zajmujących się zdrowiem potępiło „teorie spiskowe sugerujące, że COVID-19 nie ma naturalnego pochodzenia”.

Nawiasem mówiąc, EcoHealth to ta sama organizacja „non-profit”, która otrzymała miliony dolarów z funduszy amerykańskich podatników na genetyczne manipulowanie koronawirusami w [Wuhan Institute of Virology](https://www.wuhaninstituteofvirology.com/).

- Holenderski wirusolog Ron Fouchier jest odpowiedzialny za stworzenie najbardziej śmiertelnościowego szczepu wirusa na świecie. Jego eksperymenty z bronią biologiczną są powszechnie potępiane i mogą być odpowiedzialne za uwolnienie COVID-19.

Fouchier jest również odpowiedzialny za izolację koronawirusa SARS, który został przemycony z Arabii Saudyjskiej i wysłany do Franka Plummera, którego, jak wspomniano wcześniej, znaleziono martwego zaledwie tydzień po opublikowaniu [przez Great Game India raportu](#) o skandalu.

Artykuł przetłumaczono z poniższego linku:

vaccines.news

Według najnowszych badań na 10 milionach Chińczyków, bezobjawowe rozprzestrzenianie się COVID nie miało miejsca



W całkowitej sprzeczności z popularną narracją używaną przez demokratów i gubernatorów w całych Stanach Zjednoczonych, a także w wielu krajach, w tym w Polsce, nowe badanie 10 milionów ludzi w Wuhan w Chinach (punkt zerowy dla COVID) wykazało, że bezobjawowe rozprzestrzenianie się COVID nie występuje, unieważniając wszelkie podstawy do wprowadzania lockdownów.

Badanie, opublikowane w listopadowym numerze recenzowanego czasopisma naukowego [Nature Communications](https://www.nature.com/naturecommunications), obejmowało 9 899 828 mieszkańców Wuhan, sprawdzając ich od 14 maja 2020 r. do 1 czerwca 2020 r. Wyniki dostarczyły wyraźnych dowodów na brak możliwości bezobjawowej transmisji wirusa.

Badanie zostało opracowane przez 19 naukowców z Uniwersytetu Nauki i Technologii Huazhong w Wuhan oraz szanowanych instytucji naukowych z Wielkiej Brytanii i Australii.

Badania, zatytułowane [Post-lockdown SARS-CoV-2 nucleic acid screening in nearly 10 million residents of Wuhan, China](#), dokładnie obalają koncepcję bezobjawowej transmisji.

Jesteśmy świadkami przejęcia władzy przez korporację / wymuszonej mutacji ludzkości.

Spośród prawie 10 milionów osób biorących udział w badaniu, wyniki ujawniły „300 bezobjawowych przypadków”. Wykorzystując śledzenie kontaktów, u tych 300 nie wykryto ani jednego przypadku COVID-19.

„Łącznie wykryto 1174 bliskich kontaktów bezobjawowych pozytywnych przypadków i u wszystkich uzyskano wynik negatywny na COVID-19” – podsumowano w badaniu.

Zarówno bezobjawowych pacjentów, jak i ich kontakty umieszczano w izolacji na okres nie krótszy niż dwa tygodnie, a wyniki pozostały takie same. „Żaden z wykrytych pozytywnych przypadków ani ich bliskie kontakty nie stały się objawowe lub nowo potwierdzone w przypadku COVID-19 w okresie izolacji” – stwierdzono w badaniu.

https://twitter.com/naomirwolf/status/1330363543523246080?ref_src=twsrc%5Etfw%7Ctwcamp%5Etweetembed%7Ctwterm%5E1330363543523246080%7Ctwgr%5Eshare_0%7Ctwcon%5Es1_&ref_url=https%3A%2F%2Fwww.infowars.com%2Fposts%2Fwhat-new-study-of-10-million-chinese-finds-asymptomatic-covid-spread-never-existed%2F

Dalsze badanie uczestników badania ujawniło, że wszystkie „kultury wirusa” w pozytywnych i ponownie pozytywnych bezobjawowych przypadkach były ujemne, co „wskazuje na brak, żywego wirusa ”w pozytywnych przypadkach wykrytych w tym badaniu”.

Przedział wiekowy osób bezobjawowych wynosił od 10 do 89 lat. Odsetek pozytywnych objawów bezobjawowych był „najniższy

u dzieci i młodzieży w wieku 17 lat i poniżej”, a najwyższy wśród osób powyżej 60. roku życia.

Badanie zakończyło się również z dużą pewnością, że z powodu osłabienia samego wirusa „osoby nowo zakażone były bardziej narażone na bezobjawowe i z mniejszą wiremią niż wcześniejsze zakażone przypadki”.

W czerwcu 2020 r. Dr Maria Van Kerkhove, kierownik jednostki ds. Nowych chorób i chorób odzwierzęcych Światowej Organizacji Zdrowia, [oświadczyła publicznie](#), że wątpi w narrację klasy politycznej o bezobjawowej transmisji.

Van Kerkhove wyjaśnił podczas konferencji prasowej, że „z danych, które posiadamy, nadal wydaje się rzadkie, aby osoba bezobjawowa faktycznie przekazywała dalej do drugiej osoby”.

W rzeczywistości Van Kerkhove nie mógł wskazać ani jednego przypadku bezobjawowej transmisji, zauważając, że w wielu raportach „nie stwierdzono wtórnej transmisji dalej”.

Fałszywa narracja o bezobjawowej transmisji jest uzasadnieniem stosowanym przez klasy polityczne i aktywistów do blokad wprowadzonych na całym świecie.

Nawet Amerykańskie Centra Kontroli Chorób zostały upolitycznione w rozwijaniu bezobjawowej fałszywej narracji. Fałszywie wysuwają twierdzenia, że „osoby bezobjawowe „odpowiadają za ponad 50 procent transmisji”.

Brak danych naukowych potwierdzających to stanowisko.

Źródło:

infowars.com

Czy szczepionka na COVID-19 będzie bezpieczna?



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

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

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

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

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

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

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

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

Autor: *Marcin Lis*

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



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

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

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

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

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

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

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

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

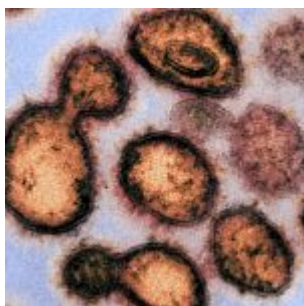
W programie Giuliani odniósł się do nagrania wideo z monitoringu State Farm Arena w Atlancie, które [pokazywało](#) urzędników wyborczych wyciągających czarne pojemniki na kółkach spod stołu po odesłaniu do domu obserwatorów sondaży i pracowników wyborczych. Przedstawiciele stanu powiedzieli, że proces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

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

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

Jack Phillips przyczynił się do powstania tego raportu.

COVID19 – dowody globalnego oszustwa



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

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

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

D-Salud-Discovery oświadcza, że nie ma testów zdolnych do

identyfikacji SARS-CoV-2. W związku z tym wszystkie twierdzenia dotyczące domniemanego wpływu COVID 19 na zdrowie populacji są bezpodstawne.

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

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

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



Identyfikacja ale czego dokładnie?

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

RdRp Gene Matches To Human Chromosomes

Job Title: Nucleotide Sequence
 RID: Y2154ZM5616 Search expires on 12-10-2020 12:38 pm [Download All](#)
 Program: BLASTN [Citation](#)
 Database: Genome (GRCh38.p13 reference, Annotation Release 109.20200228) [See details](#)
 Query ID: lcl|Query_30557
 Description: None
 Molecule type: nucleic acid
 Query Length: 15
 Other reports: [Distance tree of results](#) [MSA viewer](#)

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

Sequences producing significant alignments
 Download Manage columns Show 100

Descriptions	Max Score	Total Score	Query Cover	% Identity	Per. Ident	Accession
Human.sapiens.chromosome.15.geneid: path of type P01_08C006.013 RdRp-IP6 H05130_B0P01	30.7	56.5	100%	5.7	100.00%	NC_011557701.1
Human.sapiens.chromosome.1_08C006.013 Primary Assembly	30.7	2635	100%	5.7	100.00%	NC_000001.11
Human.sapiens.chromosome.7_08C006.013 Primary Assembly	30.7	3172	100%	5.7	100.00%	NC_000002.12
Human.sapiens.chromosome.4_08C006.013 Primary Assembly	30.7	2588	100%	5.7	100.00%	NC_000004.12
Human.sapiens.chromosome.7_08C006.013 Primary Assembly	30.7	2470	100%	5.7	100.00%	NC_000007.14
Human.sapiens.chromosome.18_08C006.013 Primary Assembly	30.7	1686	100%	5.7	100.00%	NC_000018.11
Human.sapiens.chromosome.14_08C006.013 Primary Assembly	30.7	1548	100%	5.7	100.00%	NC_000014.10

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

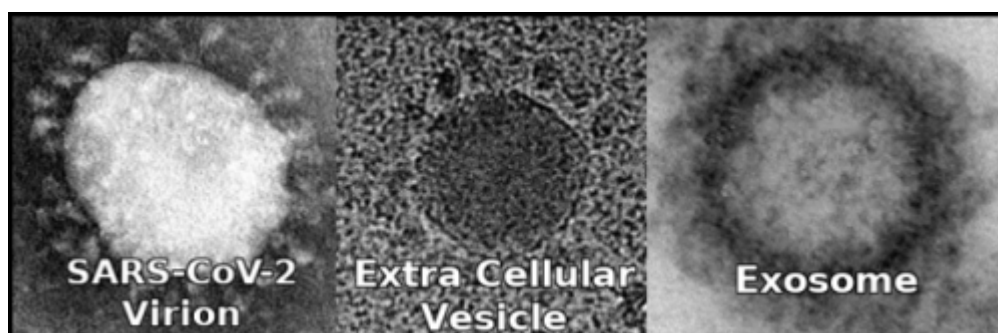
świecie zestawy diagnostyczne do testowania wirusa w miastach i społecznościach na całym świecie. Według WHO i chińskich naukowców testy te wykryją wirusa, który *powoduje* COVID 19.

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 [to jest to wirus odzwierzęcy](#), zdolny do pokonywania dystansu między zwierzętami a ludźmi. Kiedy [naukowcy z amerykańskiego CDC](#) „zainfekowali” różne komórki nowym wirusem, zauważyli, co następuje:

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

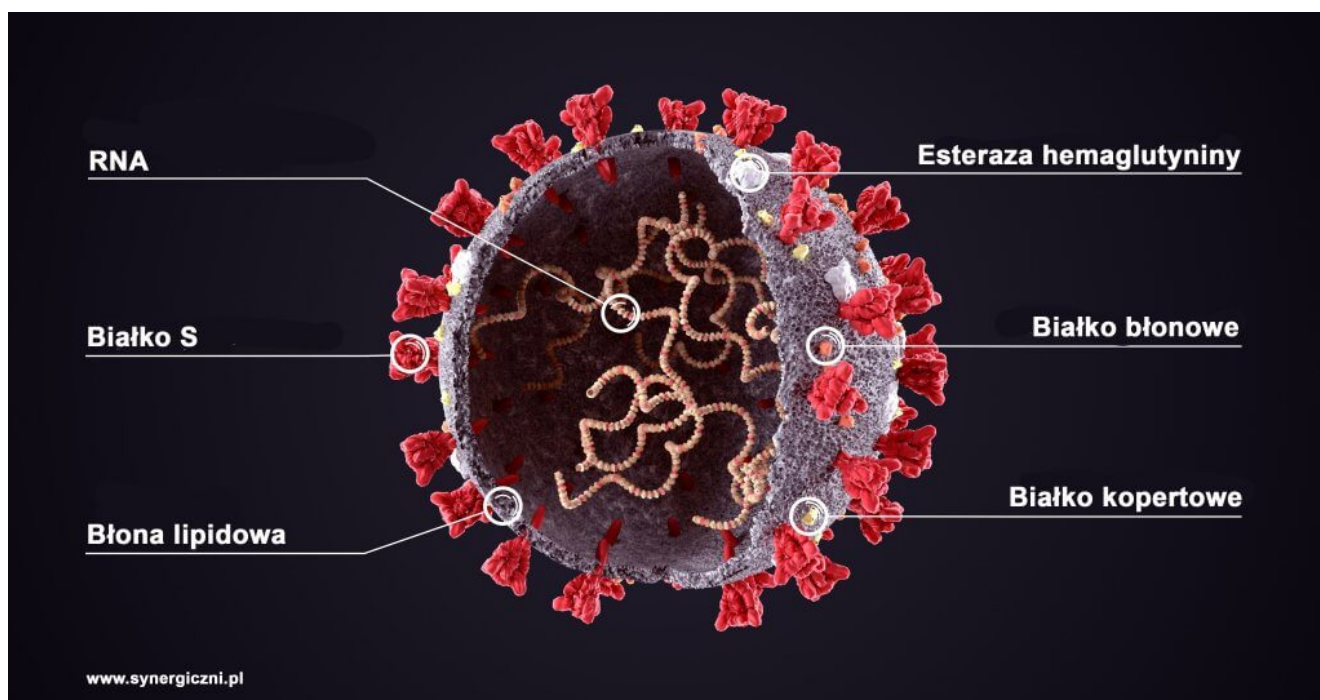
CDC nie zaobserwował żadnego CPE w ludzkich komórkach. Nie widzieli żadnych dowodów na to, że ten rzekomy wirus spowodował jakąkolwiek chorobę człowieka. Ten rzekomy ludzki wirus nie wykazywał też żadnej godnej uwagi replikacji w ludzkich komórkach, co sugeruje, że infekcja z człowieka na człowieka byłaby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

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

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

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

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



Podróż odkrywczą

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Nic nie wyizolowano

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

jak za chwilę odkryjemy, nie jest to szczególnie przekonujące.

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

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

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

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

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

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

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

Do tej pory nie otrzymali odpowiedzi.

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Testowanie po nic

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

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

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

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

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

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

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

naukowców.

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Stwierdzają:

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

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

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

S Gene Matches with Microbes

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

Filter Results

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

Sequences producing significant alignments

Description	Max Score	Total Score	Query Cover	% Ident	Per. Ident	Accession
Dubious bacteriophage YIT 11853 supercontig 2, whole genome shotgun sequence	38.2	38.2	76%	0.99	100.00%	NZ_L3031188.1
Shewanella aeraria JCM 15074, whole genome shotgun sequence	38.2	38.2	76%	0.99	100.00%	NZ_L01461000007.1
Lactobacillus plantarum strain JCM 10617, complete genome shotgun sequence	38.2	38.2	76%	0.99	100.00%	NZ_L01461000008.1
Lactobacillus plantarum strain JCM 10617, complete genome shotgun sequence	38.2	38.2	76%	0.99	100.00%	NZ_L01461000009.1
Lactobacillus plantarum strain JCM 10617, complete genome shotgun sequence	38.2	38.2	72%	0.9	100.00%	NZ_L01461000010.1
Lactobacillus plantarum strain JCM 10617, complete genome shotgun sequence	38.2	38.2	72%	0.9	100.00%	NZ_L01461000011.1

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

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

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

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

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

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

Ostateczne oszustwo

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

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

Prawna definicja spisku to:

„Połączenie lub konfederacja między dwiema lub więcej osobami

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Według eksperta, COVID-19 zahamował walkę z AIDS



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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

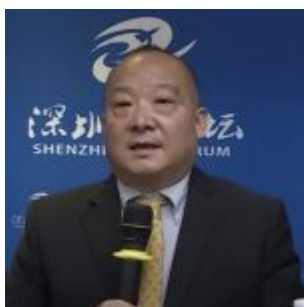
Dlatego kluczowe jest testowanie się w kierunku zakażenia HIV. Terapia daje bowiem najlepsze efekty, gdy zostanie wdrożona możliwie szybko po infekcji, zanim liczba limfocytów CD4 (komórek odporności atakowanych przez HIV) spadnie do niskiego poziomu. Tacy pacjenci mają najlepsze rokowania.

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

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

Źródło: PAP

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



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

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

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

„Przyniósł on najwięcej korzyści Korei Północnej i Chinom”.

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

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

Li zaczął wychwalać ożywienie gospodarcze w Chinach w czasie pandemii.

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

„Ameryka nie może przetrwać” – stwierdził Li.

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Źródło:

theepochtimes.com

Ron Paul: Jeśli chodzi o

koronawirusa, nie możemy pozwolić polityce dyktować nauki



W ciągu ostatnich kilku tygodni opublikowano dwa ważne badania, które mogą radykalnie zwiększyć naszą wiedzę na temat choroby Covid-19. Dodanie do nauki tego, jak rozumiemy i leczymy tę chorobę, jest czymś, co powinno być mile widziane, ponieważ właściwie zrozumiana może uratować życie.

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

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

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

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

wirusa.

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

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

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

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

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

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

dalszych badań?

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

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