

ADIEUX À LA VIROLOGIE

(ÉDITION EXPERTE)

Dr. Mark Bailey

Publié le 15 septembre 2022

Traduit par Claude, Novembre 2022 (v1)

Note: Veuillez noter que, malgré ma vigilance, la traduction peut contenir des erreurs et des traductions douteuses. En cas de doute, veuillez-vous référer au document original cité dans le lien écrit dans le bas-de-page.

Le document original prévaut.

Table des matières

Extrait	3
PREMIÈRE PARTIE	5
SRAS-COV-2 INTROUVABLE	5
DR. SIOUXSIE WILES - PARTISAN DE L'»ISOLATION» DE LA VIROLOGIE	6
POURQUOI L'ISOLEMENT EST IMPORTANT	10
QU'EST-CE QUE LA VIROLOGIE?	15
LE MANQUE DE CONTRÔLES EN VIROLOGIE (CE N'EST PAS UNE POURSUITE SCIENTIFIQUE)	22
LA MALTRAITANCE DES ANIMAUX ET LES ÉTUDES "ANTICORPS"	24
LE PARADOXE DE LA QUANTITÉ DE VIRUS	28
DEUXIÈME PARTIE	30
<i>FAN WU ET AL.</i> Deus ex machina	30
DES TORTUES JUSQU'EN BAS	37
LA REVENDICATION DU CDC SUR LE SRAS-COV-2	42
LES DIVULGATIONS DE PENG ZHOU ET AL.	44
PLUS DE TROMPERIE DE WUHAN?	46
L'AMORÇAGE D'UNE PANDÉMIE PCR PAR LE PROFESSEUR STEPHEN BUSTIN	48
Note sur la PCR	53
TROISIÈME PARTIE	55
"PETIT CHIEN DE MONTAGNE" — NAÏF OU MANIPULATION ?	55
LA DISTRACTION "FUITE DE LABORATOIRE"	59
VIROLOGIE ET SOCIÉTÉ FERMÉE	63
SÉQUENCE METAGENOMIQUE - LE DERNIER SOUFFLE DE LA VIROLOGIE ?	67
POURQUOI REMETTRE EN QUESTION L'EXISTENCE DU VIRUS PENDANT UNE GUERRE ?	71
POSTSCRIPTUM	73
À PROPOS DE L'AUTEUR	73

ADIEUX A LA VIROLOGIE (ÉDITION EXPERTE)

Extrait

La virologie a inventé le modèle du virus, mais n'a toujours pas satisfait à ses propres exigences. Il est affirmé que les virus causent des maladies après avoir transmis entre les hôtes comme les humains et, cependant, les preuves scientifiques de ces allégations manquent. L'un des plus grands échecs de la virologie a été l'incapacité d'obtenir des particules virales directement des tissus des organismes qui prétendent avoir des maladies "virales". Pour étouffer cet état de choses, les virologues ont utilisé la création de leurs propres méthodes pseudo-scientifiques pour remplacer la méthode scientifique de longue date, ainsi que pour changer la signification du dictionnaire des mots afin de soutenir leurs pratiques anti-scientifiques. Par exemple, une souche virale "isolée " ne nécessite pas l'existence physique des particules pour obtenir un statut d'isolation.

Une particule virale doit satisfaire aux propriétés physiques et biologiques définies, y compris être un parasite intracellulaire compétent en réplication capable de causer des maladies chez un hôte comme un humain. Cependant, les "virus" comme le SRAS-CoV-2 ne sont que des constructions fantômes, qui existent seulement dans des imaginations et des simulations informatiques. Dans ce paradigme, les cas de maladies inventées telles que le COVID-19 ne sont que la détection de séquences génétiques et de protéines sélectionnées qui sont soi-disant "virales". L'existence d'un virus n'est pas nécessaire dans cette boucle de raisonnement circulaire et les "pandémies" entières peuvent donc être construites sur des créations numériques et fausement soutenues par des réactions moléculaires in vitro ("tube d'essai").

Cet essai contient trois parties.

La première partie décrit une partie de l'histoire de la virologie et les échecs des virologues à suivre la méthode scientifique. Les nombreuses et longues affirmations des virologues peuvent être démontrées comme défectueuses en raison de: (a) l'absence de preuves directes, et (b) l'invalidation de "vérité" indirecte en raison de la nature incontrôlée des expériences. Les exemples fournis couvrent tous les aspects principaux de la fraude virologique, y compris les cas présumés d'isollements, d'effets dopaminergiques, de génomiques, d'anticorps et d'études de pathogénicité animale.

La deuxième partie examine la fraude utilisée pour propager la "pandémie" COVID-19. Une ventilation de la méthodologie utilisée par les inventeurs originaux Fan Wu et al. montre comment le fictif SRAS-CoV-2 a été "créée" par des méthodes anti-scientifiques et des jeux de mains linguistiques. Il fait partie d'une tromperie continue où il est affirmé qu'ils existent en utilisant les modèles de "virus" précédents. En utilisant le SRAS-CoV-2 comme exemple, la trace de modèles génomiques de "coronavirus" datant des années 1980 révèle qu'aucune de ces séquences

généétiques n'a prouvé venir de l'intérieur d'aucune particule virale - les arbres phylogénétiques sont des fantômes. La mauvaise application de la réaction en chaîne par polymérase a propagé cet aspect de la fraude virologique et créé les “cas” pour maintenir l'illusion d'une pandémie.

La troisième partie fournit une analyse de la façon dont certains acteurs clés, les institutions de “santé” et les médias principaux maintiennent l'illusion du virus par le contrôle de l'information et des narrations qui répètent comme perroquets les affirmations de la virologie. À titre de hasard, la fraude virologique se trouve maintenant face et au centre de la fraude COVID-19. D'ici, cependant, il peut être évalué critiqueusement par ceux qui sont hors de la virologie, ce que le paradigme pseudo-scientifique de la virologie a construit autour de lui, peut finalement être démantelé et enterré.

L'objectif de cet essai est de réfuter plusieurs allégations selon lesquelles les virus pathogènes existent et causent des maladies. Le SRAS-CoV-2 a été utilisé comme exemple principal, mais les principes s'appliquent à tous les présumés virus. Ce qui suit aborde la littérature souvent arcane de la virologie dans ses propres termes, ce qui, il faut le dire, peut faire de parties de cet essai une lecture quelque peu lourde. Cependant, cette contribution devrait remplir une niche pour le lecteur qui cherche une compréhension plus technique de l'hypothèse du virus, car il cherche à exposer le fondement même des prétendues pandémies et pratiques médicales frauduleuses. La menace de la virologie pour l'humanité est en augmentation, donc il est temps de se débarrasser de ces pratiques pseudoscientifiques destructrices et de nous libérer des craintes inutiles.

PREMIÈRE PARTIE

SRAS-COV-2 INTROUVABLE

Peut-être que la preuve principale que la théorie virale pathogène est problématique est qu'aucun article scientifique publié n'a jamais démontré que les particules répondant à la définition du virus ont été directement isolées et purifiées de tout tissu ou fluide corporel de tout homme ou animal malade. En utilisant la définition communément acceptée de l'isolation, qui est la séparation d'une chose de toutes les autres, il est généralement admis que cela n'a jamais été fait dans l'histoire de la virologie. - Dr Thomas Cowan et al., La déclaration dans "Settling the Virus Debate", 2022. ¹

À partir du 11 septembre 2022 et à la suite de recherches approfondies sur des demandes de "Liberté d'accès à l'information" (FOI) coordonnées par Christine Massey, aucun des 209 établissements de santé ou de science de plus de 35 pays n'a été en mesure de fournir des preuves directes du virus présumé SRAS-CoV-2.² Les institutions ont été priées de présenter tout document démontrant "la purification de" SRAS-CoV-2", qu'elle a causé des maladies chez l'homme (par macération, filtration et utilisation d'une ultracentrifugatrice; aussi, elle se réfère parfois par certaines personnes comme "isolement"), directement d'un humain malade... À de nombreuses reprises, après avoir admis que de telles preuves n'étaient pas disponibles, des institutions telles que le ministère néo-zélandais de la Santé suggèrent que : "Il y a plusieurs exemples du virus isolé et cultivé dans un environnement de laboratoire".³ Toutefois, les exemples auxquels il est fait référence sont universellement des expériences indirectes de culture de tissus, dans lesquelles le mot "isolation" a été séparé de son sens original et il n'a pas été démontré qu'aucune particule, représentée ou imaginée, ait les propriétés d'un virus qui cause des maladies. . Quoi qu'il en soit, c'est une distraction du problème plus large exposé par les demandes de FOI, qui est que les particules qui sont prétendument des virus n'ont jamais été trouvées chez des sujets humains. La virologie a fait des excuses pour cette preuve perdue, mais même en permettant cette carence embarrassante, il manque des endroits où se cacher au fur et à mesure que ses différentes méthodes sont examinées de plus en plus par ceux qui sont hors du champ. Cet essai décrit les

1 Thomas Cowan, et al., "Settling the Virus Debate", Déclaration du 14 juil. 2022:
<https://drsambailey.com/resources/settling-the-virus-debate/>

2 Christine Massey, "209 établissements de santé/science au niveau mondial n'ont même pas cité 1 registre de purification" SARS-COV-2 "pour n'importe qui, n'importe où, jamais":
<https://www.fluoridefreepeel.ca/68-health-science-institutions-globally-all-failed-to-cite-even-1-record-of-sars-cov-2-purification-by-anyone-anywhere-ever/> (accédé le 11 sept 2022.)

3 NZ Ministère de la santé, "Official Information Act response Ref: H202102878":
https://drive.google.com/drive/folders/1okJiB4PdWN3tiei_g67zTUfok92kuqS

nombreux aspects de l'anti-science de la virologie qui ont été utilisés pour maintenir l'illusion que les virus pathogènes existent. La situation est devenue de plus en plus dangereuse et, depuis le début de 2020, la "pandémie" du COVID-19 a été utilisée comme cheval de Troie pour mettre à genoux l'humanité.

DR. SIOUXSIE WILES - PARTISAN DE L'«ISOLATION» DE LA VIROLOGIE

La centrifugation en gradient de densité est la technique standard scientifiquement requise pour la démonstration de l'existence d'un virus. Bien que cette méthode soit décrite dans tous les manuels de microbiologie comme "la technique d'isolement des virus", elle ne s'applique jamais aux expériences destinées à démontrer l'existence de virus pathogènes. - Dr Stefan Lanka, 2015.⁴

La défense des méthodologies de la virologie est évidemment essayée par ses promoteurs, y compris le gouvernement de la Nouvelle-Zélande et la microbiologiste favorisée par les médias d'État Siouxsie Wiles.⁵ Son employeur, l'Université d'Auckland, est parmi les institutions qui ont maintenant confirmé que, "il n'a fait aucun travail lié à la purification d'aucun virus COVID-19"⁶ et par conséquent n'a pas trouvé dans, ni isolé, aucun sujet humain le soi-disant virus SRAS-CoV-2. Ce professeur associé, qui a conseillé au pays que, "le monde est en feu", en mars 2020⁷, a été ordonné néo-zélandais de l'année en 2021 par, "en aidant des millions de personnes dans le monde à voir au-delà de la peur et des complexités de la pandémie [...] et à nous aider à rester en sécurité".⁸ Dans son article de novembre 2020, "Les postulats de Koch, de COVID et les trous de lapin de désinformation", Wiles a affirmé que "les personnes qui demandent la preuve de l'existence du virus SRAS-CoV-2 responsable de la COVID-19 sont spécifiquement en train de formuler leur demande pour exclure l'obtention de toute preuve que le virus existe".⁹ Son article a rapidement pris une

4 Stefan Lanka, "The Virus Misconception", WISSEnSCHAFFTPLUS magazine, 06/2015:
https://www.researchgate.net/publication/316280466_Virology_State_of_the_Art

5 <https://unidirectory.auckland.ac.nz/profile/s-wiles>

6 Christine Massey, <https://www.fluoridefreepeel.ca/fois-reveal-that-health-science-institutions-around-the-world-have-no-record-of-sars-cov-2-isolation-purification/>

7 "Microbiologist Siouxsie Wiles gives advice on preventing coronavirus", 1News, 16 Mar 2020:
https://www.youtube.com/watch?v=u_YVN7KYzhA&t=43s

8 Nikki Preston,

(1) «La microbiologiste passionnée Siouxsie Wiles nommée néo-zélandaise de l'année», NZ Herald, 1er avril 2021 :
<https://www.nzherald.co.nz/passionate-microbiologist-siouxsie-wiles-named-as-new-zealander-of-the-year/> ; "Dr Siouxsie Wiles MNZM", New Zealander of the Year Awards (non daté, consulté le 22 mai 21),
(2): <https://nzawards.org.nz/winners/dr-siouxsie-wiles-mnzm/> .

" La citation pour le prix se lit comme suit: "Face à une critique considérable - sur son autorité, dans son apparition, dans son genre - Siouxsie a continué à répondre à l'un des plus grands défis de notre temps avec empathie, innovation et courage, et son travail a été vu par des millions et même utilisé par des gouvernements et des organisations dans le cadre de ses communications de pandémies officielles ."

9 Siouxsie Wiles, "Les postulats de Koch, Covid, et les trous de lapin de désinformation", 16 Nov 2020:

tangente sur les postulats de Koch comme étant inadaptés aux virus et elle les a donc déclarés invalides dans ce contexte. Il n'est pas clair pourquoi il n'a pas mentionné les Postulats de Rivers,¹⁰ qui ont été conçus spécifiquement pour inclure des virus, mais peut-être parce qu'il devrait admettre que ces postulats n'ont jamais été remplis non plus. Et pendant que les Postulats de Koch sont liés à l'établissement de la cause des maladies et de la contagion, au lieu de la question spécifique de savoir si les particules virales peuvent être trouvées sur ou à partir des sujets humains, elle aurait simplement pu expliquer que les virologues ont passé une grande partie du 20ème siècle à essayer d'identifier des virus directement d'humains malades sans aucun succès. Wiles a ensuite introduit fallacieusement les Postulats Moléculaires de Falkow¹¹ dans son argument, sans fournir aucune explication sur la façon dont ils pourraient être employés pour démontrer l'existence physique des prétendus SRAS-CoV-2 dans un être humain ou ailleurs.

Gênant pour Wiles, l'Organisation Mondiale de la Santé (OMS) a déclaré en 2003 qu'en ce qui concerne le SRAS-CoV-1, "l'identification concluante d'un [agent] causal doit répondre à tous les critères du soi-disant "postulat de Koch [sic]." Les expériences supplémentaires nécessaires pour satisfaire à ces critères sont actuellement en cours dans un laboratoire aux Pays-Bas". L'article de l'OMS¹² a été supprimé de son site Web sans explication en 2021, mais il est toujours accessible via les archives sur Internet.¹³ L'affirmation fantastique selon laquelle les Postulats de Koch ont été accomplis en 2003 par Fouchier et al. avec SRAS-CoV-1 a été réfuté ailleurs.¹⁴ Son expérience sur les singes a non seulement été annulée par son manque de contrôles et son itinéraire d'exposition contre nature, mais comme toutes les publications de virologie, ils n'ont pas réussi à démontrer une particule conforme à la définition du virus. Wiles semblait également en désaccord avec Na Zhu et al., l'une des premières équipes qui ont déclaré avoir découvert SRAS-CoV-2, parce qu'ils ont admis

<https://www.auckland.ac.nz/en/news/2020/11/16/kochs-postulates-covid-and-misformation-rabbit-holes.html>

10 Thomas Rivers, "Viruses and Koch 's Postulates", Journal of Bacteriology, 33/1, 1937.

11 Postulats moléculaires de Falkow:

"(1) Le phénotype ou propriété à l'étude doit être associé à des membres pathogènes d'un genre ou de souches pathogènes d'une espèce.

(2) L'inactivation spécifique du gène ou des gènes associés au trait de virulence suspect doit entraîner une perte mesurable de pathogénicité ou de virulence.

(3) La réversion ou le remplacement alélique du gène mutant doit conduire à la restauration de la pathogénicité." - Stanley Falkow, "Molecular Koch 's Postulate Applied to Microbial Pathogenicity", Reviews of Infectious Diseases, Jul-Aug 1988:

<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/3055197/>

12 OMS, "Syndrome respiratoire aigu sévère (SARS) - épidémie multinationale - Mise à jour 12", 27 mars 2003.

13 https://web.archive.org/web/20030802232208/http://www.who.int/csr/don/2003_03_27b/en/

14 Torsten Engelbrecht, et al., Virus Mania, 3e édition en anglais, Livres à la carte, 2021, 2: Samantha Bailey, "What Happened to SARS-1?" 27 janv. 2021:

<https://drsambailey.com/resources/videos/viruses-unplugged/what-happened-to-sars-1/>

que, “ bien que notre étude ne respecte pas les postulats de Koch, nos analyses fournissent des preuves qui impliquent 2019-nCoV [plus tard “ SRAS-CoV-2”] dans l'épidémie de Wuhan. Les tests supplémentaires pour confirmer l'importance étiologique de 2019-nCoV dans l'épidémie de Wuhan comprennent des expériences sur des animaux (singes) pour fournir des preuves de pathogénicité”.¹⁵

- Cependant, que différents virologues veuillent ou non entretenir la validité des postulats de Koch, il s'agit simplement d'une autre distraction car les postulats nécessitent l'isolement physique d'un microbe plutôt que des affirmations selon lesquelles il existe par des moyens tels que des simulations informatiques, l'imagerie de vésicules de fonction biologique inconnue, ou prétendant que les soupes biologiques non purifiées données aux animaux contiennent des “virus”.

Wiles a également décidé de défendre l'utilisation abusive du mot “isolement “ de la part de la virologie quand il a dit, “en ce qui concerne l'utilisation de l'isolement au sens quotidien du mot, au lieu de la définition qui est pertinente pour la question posée? Eh bien, c'est ridicule et un signe clair que ces demandes de preuves ne sont pas faites de bonne foi”.¹⁶ Il semblait incrédule que d'autres avaient indiqué que la définition d'un mot qui est utilisé scientifiquement a été unilatéralement changée par les virologues pour supposer qu'une certaine preuve a été obtenue. Cependant, si votre utilisation de l'isolement ne signifie pas ce que la plupart des gens pensent que cela signifie, alors il est probable que la plupart du public est mal informé. A ce titre, Wiles participe activement à la diffusion de la désinformation, qu'il s'agisse d'un acte d'aveuglement volontaire ou autre. Wiles doit se montrer son jeu en tant qu'experte et expliquer au public ce que signifie la définition de l'isolement en virologie, notamment en ce qui concerne la démonstration de l'existence putative de virus. Peut-être pensez-vous qu'il l'a expliqué quand il a écrit: “ Quand les virologues veulent isoler un virus d'un échantillon, ils prendront l'échantillon ou une partie de celui - ci et l'ajouteront à certaines cellules - généralement relativement faciles à cultiver en laboratoire - et chercheront ensuite si les cellules meurent et/ou s'il y a des particules de virus libérées dans le bain de nutriments liquides dans lequel les cellules se développent”.¹⁷ Il n'est pas clair si Wiles implique que “l'isolat de virus” est établi par: (a) la prise de l'échantillon, (b) voir certaines cellules mourir in vitro, (c) la libération de soi-disant “particules de virus” dans la culture

15 Na Zhu et al., "A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019", The New England Journal of Medicine, 382 (20 février 2020, première publication le 24 janvier 2020, mise à jour le 29 janvier 2020), 728: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31978945/>

16 Siouxsie Wiles, "Les postulats de Koch, Covid, et les trous de lapin de désinformation", 16 Nov 2020: <https://www.auckland.ac.nz/en/news/2020/11/16/kochs-postulates-covid-and-misinformation-rabbit-holes.html>

17 Ibid.

de tissus, ou (d) toute ou une combinaison de ces éléments. Cependant, rien de ce qu'elle a décrit ne nécessite l'existence de virus - c'est un jeu de tromperie, qu'il soit connu ou non. Cela implique simplement l'affirmation qu'un virus se trouvait dans l'échantillon, blâmant la dégradation des cellules stressées expérimentalement dans le tube à essai sur le virus imaginé, puis déclarant que certaines des vésicules (dont la composition biologique et la fonction n'ont pas été établies) étaient les virus. Il y a une autre faille fatale dans cet exercice. Comme le détaillera cet essai, les affirmations selon lesquelles le SRAS-CoV-2 s'est avéré exister à travers cette méthodologie sont scientifiquement invalides car aucune des expériences n'a été effectuée avec des contrôles valides.

C'est un exemple de la façon dont Wiles a agi dans son rôle de l'une des principales influenceuses de la campagne de désinformation du gouvernement néo-zélandais et de son programme meurtrier de déploiement d'un produit injectable appelé Comirnaty™ - affirmant que des expériences de culture de tissus non spécifiques vérifient l'existence du virus alors que rien de tel n'a été démontré. Le problème s'étend au-delà de SRAS-CoV-2 - chaque virus affirmé qui existe est basé sur une pseudoscience similaire. L'histoire de la virologie révèle que les types de cellules finalement sélectionnés pour ces expériences ont été ceux qui ont une propension à se décomposer avec l'allégation d'«effets cytopathiques» (CPE) induits par le virus, plutôt que ceux qui sont «relativement faciles à cultiver dans le laboratoire, comme Wiles l'a affirmé dans son article. Par exemple, les cellules de singe Vero E6¹⁸ ont été longtemps favorisées par les virologues, prétendument en raison de leur “idonéité” pour abriter de nombreux virus, mais suspectement aussi, parce que la lignée rénale aneuploïde¹⁹ est plus susceptible d'insultes toxiques d'ingrédients supplémentaires tels que les antibiotiques ubiquotoxiques et antifongiques ajoutés au mélange de culture. Lorsqu'un groupe a essayé de cultiver le SRAS-CoV-2, ils n'ont pas eu le résultat souhaité avec des cellules humaines d'adénocarcinome (A549), des cellules humaines du foie (HUH7.0), des cellules embryonnaires du rein (HEK-293T) et une grande lignée cellulaire de rein de chauve-souris brun (EFK3B), mais ont ensuite déclaré qu'ils avaient une “souche virale” après l'observation de C6.²⁰

18 ATCC, "Vero C1008 [Vero 76, clone E6, Vero E6]":
<https://www.atcc.org/products/crl-1586>

19 Aneuploidie signifie la présence d'un nombre anormal de chromosomes dans une cellule.

20 Jennifer Harcourt, et al., "Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 from Patient with Coronavirus Disease, United States", Emerging Infectious Diseases, Juin 2020:
https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/26/6/20-0516_article

Comme c'est typique, il ne semblait pas y avoir d'ironie pour eux que le prétendu virus respiratoire humain ne puisse pas être démontré qu'il "infecte" le type de cellule concerné, sans parler de l'espèce concernée. Et ses expériences ont été de nouveau annulées par l'absence de cultures de contrôle appropriées.

POURQUOI L'ISOLEMENT EST IMPORTANT

Celui qui contrôle la langue contrôle les masses. - Saul Alinsky²¹

Une autre honte pour la virologie est que les particules supposées virales qui ont été purifiées avec succès n'ont pas prouvé qu'elles étaient compétentes pour la réplication ou causent elles-mêmes des maladies. En d'autres termes, ce qui a été physiquement isolé ne peut être considéré que comme des vésicules extracellulaires (VE). En mai 2020, une publication est parue dans la revue *Viruses* qui affirmait : "de nos jours, il est presque impossible de séparer les véhicules électriques et les virus au moyen de méthodes canoniques d'isolement des vésicules, telles que l'ultracentrifugation différentielle, car ils sont fréquemment co-granulés en raison de leur dimension similaire".²² "De nos jours" signifie en contraste avec le passé et il n'est pas clair comment un tel changement technique observé peut être concilié avec les lois biologiques. Il semble plus probable que les virologues s'éloignent de leurs propres techniques pour éviter la réfutation de leurs propres postulats. Ils devront peut-être accepter que la raison pour laquelle l'ultracentrifugation différentielle ne permet pas de séparer les virus des autres vésicules est que leur affirmation selon laquelle des virus sont présents dans l'échantillon est mal fondée.

Les virologues détournent clairement l'attention de la question fondamentale de l'isolement car ils n'ont pas été en mesure de livrer sur ce front. Au lieu d'aborder le problème honnêtement et scientifiquement, ils ont brouillé la langue. En 2017, The Perth Group a déclaré dans son magnum opus, "VIH - un virus comme aucun autre" que, "en virologie, tandis que la purification conserve sa signification quotidienne, 'isolement' est un terme expéditif que les virologues assignent aux données qu'ils prétendent être la preuve de l'existence d'un virus particulier".²³ En d'autres termes, c'est commode et pratique, mais en ce qui concerne les revendications qui sont faites et les actions

21 Règles pour les radicaux, Random House, 1971.

22 Flavia Giannesi, et al., "Le rôle des glandes extracellulaires en tant qu'alliés des virus VIH, VHC et SARS", *Viruses*, 22 mai 2020: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7519827/>

23 The Perth Group, "VIH - un virus comme aucun autre", 12 juil. 2017: <http://thepertgroup.com/HIV/TPGVirusLikeNoOther.pdf>

ultérieures qui sont menées contre l'humanité, cela devrait être considéré comme inapproprié et immoral. Dans le même essai, The Perth Group a documenté les exemples suivants de virologues en adaptant le langage scientifique, selon qu'il convient, à leurs propres fins:

L'expert du VIH Jay Levy définit l'isolement du virus comme "un échantillon d'un virus d'une source définie", White et Fenner comme la capacité à "identifier un virus totalement imprévu, ou même à découvrir un agent entièrement nouveau". Montagnier et Weiss comme "en les propageant [virus] dans des cellules en culture". La sixième édition 2013 de Fields Virology définit l'isolement comme "les virus peuvent être isolés d'un hôte infecté par la collecte de matériel excrété ou crypté, de sang, de tissus et de tests pour l'incitation des symptômes d'origine chez l'hôte identique, ou l'incitation d'une pathologie anormale chez un hôte remplaçant... Une fois établie la présence d'un virus, il est souvent souhaitable de préparer un clone génétiquement pur". Il va sans dire que si l'isolement du virus est destiné à "prendre un échantillon d'un virus d'une source définie" ou à les "propager en cellules en culture", il faut d'abord avoir la preuve que le virus existe dans "une source définie" ou "en cellules en culture". L'isolement du virus n'est pas non plus "l'induction d'une pathologie anormale" ou "une fois que la présence d'un virus a été établie".²⁴

C'est une farce que cet état de choses existe et la pratique grossièrement trompeuse fait beaucoup d'affirmations d'isolement de la virologie comme infondé. Mais les virologues eux-mêmes peuvent-ils expliquer pourquoi ils n'ont cessé d'abuser de l'anglais? En 2021, le vétéran virologue Vincent Racaniello a expliqué, même en ce qui concerne la définition de termes fondamentaux comme "souche virale" que, "ce qui se passe, c'est que vous êtes formé dans le laboratoire de quelqu'un et que vous l'entendez dire des choses et que vous leur associez une signification et c'est ce que vous faites, et ils peuvent ou non avoir raison".²⁵ Dans la même présentation, Racaniello lui-même ne semblait pas remarquer un problème avec sa propre définition de ce qui est censé être des termes scientifiques quand il a continué à dire, "un isolat est un virus que nous avons isolé d'un hôte infecté et nous l'avons propagé dans la culture". Ironiquement, dans un article de 2015, sur la terminologie scientifique appropriée et le mot "transfection",²⁶ Racaniello a déclaré, "si vous voyez la langue anglaise comme un moyen dynamique de communication qui évolue continuellement et fournit des mots avec de nouvelles significations, alors cette mauvaise utilisation de la transfection ne vous

24 Ibid.

25 Vincent Racaniello, "Virus isolates, variants, strains - what are they?", Vincent Racaniello, 2 Mar 2021: <https://www.youtube.com/watch?v=G2G2bWUAef0&t=75s>

26 "La transfection est un processus d'introduction de l'acide nucléique dans les cellules eucaryotes à l'aide de diverses méthodes chimiques ou physiques", Comprehensive Biotechnology, 2nd edition, Elsevier, 2011.

dérange probablement pas. Mais les scientifiques doivent être précis dans leur utilisation du langage, sinon leur capacité à communiquer sera compromise”.²⁷ Une analyse de la présentation de Racaniello sur l'isolement viral et la mauvaise utilisation du langage dans la science a déjà été traitée par le Dr. Samantha Bailey dans, “La vérité sur l'isolement du virus”.²⁸ Il est illustratif du problème où de nombreuses générations de virologues apparaissent coincées dans un monde de raisonnement circulaire sémantique, mais avec des degrés de perspicacité différents.

La virologie a inventé l'hypothèse des virus de sorte que toute méthode utilisée pour prouver leur existence doit répondre à cette définition. Le cœur de la question est un concept simple et nous devons voir la preuve que les particules présumées responsables de maladies causent de nouvelles particules qui sont des clones des précédentes. Il n'est pas possible d'affirmer que les protéines détectées et les acides sont d'une origine virale spécifique, à moins que les particules présumées virales n'aient été réellement isolées par la purification et qu'il soit prouvé qu'elles présentent ces caractéristiques biologiques essentielles. Comme le décrit The Perth Group dans “VIH - un virus comme aucun autre”²⁹, la purification est nécessaire pour prouver l'existence de virus pour plusieurs raisons, y compris les suivantes:

1. *Les virus ne se reproduisent que sur les cellules vivantes. Étant donné que les cellules et les virus sont composés des mêmes composants biochimiques, la séparation des particules de la matière cellulaire est essentielle pour définir l'acide et les protéines qui appartiennent aux particules virales.*
2. *Pour prouver que les particules sont infectieuses. En d'autres termes, ce sont les particules, et non d'autres facteurs, qui sont responsables de la production de nouvelles particules. Cela nécessite la purification des deux ensembles de particules.*
3. *Pour démontrer ses effets biologiques et pathologiques.*
4. *Pour l'obtention d'antigènes (protéases) et d'acides stéroïdiens destinés à être utilisés dans les tests d'anticorps et de génomiques respectivement.*

27 Vincent Racaniello, "Que signifie la transfection ?", blog de Virologie, 12 février 2015:
<https://www.virology.ws/2015/02/12/what-does-transfection-mean/>

28 Samantha Bailey, "The Truth About Virus Isolation", 14 avril 2021:
<https://drsambailey.com/resources/videos/viruses-unplugged/the-truth-about-virus-isolation/>

29 The Perth Group, "VIH - un virus comme aucun autre", 12 juil. 2017:
<http://thepertgroup.com/HIV/TPGVirusLikeNoOther.pdf>

Bien qu'il soit moins commun, les virologues font parfois aussi allusion à la notion de "purification". Le 23 mai 2022, le professeur belge de virologie Marc Van Ranst ³⁰ a déclaré qu'en ce qui concerne le SRAS-CoV-2, "dans un autre article (<https://europepmc.org/article/pmc/pmc7122600>) ils ont encore purifié le virus par ultracentrifugation dans la bêta-cyclodextrine".³¹ Van Ranst faisait référence à un article de 2008 qui décrivait: "Préparation à grande échelle des virions du SRAS inactifs par UV", qui était lié au soi-disant virus SRAS-CoV-1.³² Cependant, cet article décrit simplement un protocole qui vise à purifier les virions et il n'y a aucune partie de l'article qui démontre l'existence d'une particule compétente en réplication - tout ce qui a été montré étaient des images de mauvaise qualité qui prétendaient montrer des cellules Vero E6 "infectées". (Voir la section ci-dessous sur les "effets pénisiatiques".) En ce qui concerne le "contrôle des virions purifiés" après le centrifugement, aucune image n'a été fournie, mais il a été affirmé que "la concentration de virions purifiés est déterminée par un essai de BCA [acide bicinchonique] avec BSA [albumine sérique bovine] comme norme". C'était une conclusion non fondée puisque l'essai BCA mesure simplement la concentration totale de protéines dans une solution - la technique est incapable de fournir la preuve qu'il y a des "virions" présents dans un échantillon.

La figure 1 ci-dessous est une image qui vise à montrer des virions purifiés de "coronavirus type SRAS de chauve-souris" et a été publiée dans Nature en 2013 - le titre explique pourquoi une telle déclaration est ridicule. (Il semble que la variation souhaitable de la taille des particules soit due au fait que "[les coronavirus] ont généralement un diamètre, à l'exclusion des projections, compris entre 80 et 120 nm, bien que, dans des cas extrêmes, le diamètre puisse varier entre 60 et 220 nm".³³) De même, l'affirmation de l'article cité de Van Ranst selon laquelle "il est préférable de confirmer la quantité de virion par 10% SDS-PAGE"³⁴ est aussi erronée que cela est simplement un procédé d'électrophorèse de gel pour séparer les protéines par leur masse moléculaire - ne peut pas fournir la preuve que les protéines appartiennent à un virus. Van Ranst a également déclaré: "Nous pouvons déjà détecter l'ARN viral dans des échantillons cliniques. Nous pouvons compléter le déchiffrement du génome viral.

30 "Marc Van Ranst", Wikispooks:
https://wikispooks.com/wiki/Marc_Van_Ranst

31 Par courrier électronique de Marc Van Ranst, "Purification de la SARS-CoV-2", 23 mai 2022:
<https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/06/Belgium-Marc-Van-Ranst-May-2022-PACKAGE.pdf>

32 Yasuko Tsunetsugu-Yokota, "Large-scale preparation of UV-inactivated SARS coronavirus virions for vaccine antigen", *Methods in Molecular Biology* 1 jan 2008:
https://doi.org/10.1009-7-8-1-59745-181-9_11

33 Malcom MacNaughton and Heather Davies, "Coronaviridae", in *Animal Virus Structure*, Elsevier, 1987.

34 Sodium Dodecyl Sulfate-PolyAcrylamide Gel Electrophoresis

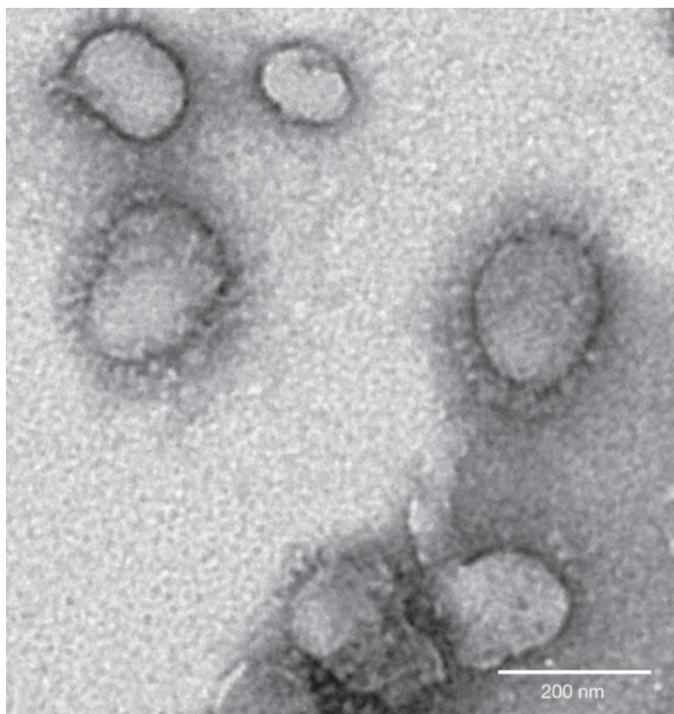


Figure 1. Cette image a été décrite comme “une micrographie électronique de virions purifiés”, obtenue par “ultracentrifugation à travers un coussin de saccharose de 20% (5 ml) à 80 000g pendant 90 min à l'aide d'un Ty90 rotor (Beckman) “. Hormis le fait que les propriétés biologiques de ces vésicules imagées n'ont pas été établies, rien n'indique que quoi que ce soit dans la culture cellulaire Vero E6 ait été purifié et aucune autre image contextuelle n'a été fournie. De plus, aucune micrographie de culture témoin n'a été documentée. Source: Xing-Yi Ge, et al., “Isolation and characterization of a bat SRAS-like coronavirus that uses the ACE2 receptor”, Nature, 30 octobre 2013: <https://doi.org/10.1038/nature12711> (Voir aussi page 60 concernant l'affirmation selon laquelle Ralph Baric et al. ont utilisé ces “virus” pour en créer de nouveaux.)

Nous pouvons cultiver le virus dans des cultures cellulaires et l'inoculer dans des modèles animaux et induire des maladies”.³⁵ On ne sait pas si Van Ranst a compris que les méthodologies incontrôlées employées dans toutes ces expériences ne fournissent pas les preuves requises pour un “virus”. Ainsi, lorsque Van Ranst a affirmé qu'«aucun scientifique ne doute de l'existence du SRAS-CoV-2»³⁶, on se demande si les virologues devront désormais modifier la définition de «scientifique» pour maintenir les pratiques délirantes ?

Van Ranst n'était pas le seul virologue à avoir fait des déclarations sur la purification du virus. En réponse à une question par courrier électronique, le Dr. Marica Grossegeesse³⁷ de l'Institut Robert Koch a répondu que “nous purifions les particules SRAS par gradient de densité. Cependant,

35 Par courrier électronique de Marc Van Ranst, "Purification de SARS-CoV-2", 23 mai 2022:

<https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/06/Belgium-Marc-Van-Ranst-May-2022-PACKAGE.pdf>

36 Ibid.

37 <https://www.researchgate.net/profile/Marica-Grossegeesse>

seulement du virus dérivé de la culture cellulaire, comme vous l'avez écrit. Le défi de purifier le SRAS d'échantillons de patients est que vous n'obtiendrez pas une bande visible".³⁸ Outre la terminologie imprécise dans le remplacement du nom d'un syndrome ("SRAS" est un syndrome respiratoire aigu sévère) par un virus postulé, aucune preuve supplémentaire n'a été fournie de la manière dont ces affirmations ont été établies. Vraisemblablement, Grossegessse utilise également les définitions de « purification » et de « virus » comme le montre la figure 1 ? Quoi qu'il en soit, quand on l'a poussé à obtenir plus de détails sur la façon dont les expériences ont été contrôlées, il a répondu: "Nous ne sommes pas autorisés à partager un protocole avec une personne privée. Je ne peux me référer qu'à nos publications, où les expériences d'infection sont décrites en détail". Il semble que le "détail" ait également pris une signification différente, car les publications n'ont pas révélé les réponses simples concernant les contrôles recherchés.

La zone d'isolement est l'un des domaines où la virologie est complètement déséquilibrée et comme cet essai le soulignera, le SRAS-CoV-2 ne reste rien de plus qu'une construction informatique hypothétique, assemblée à partir de fragments génétiques de provenance non prouvée. Il n'y a jamais eu de particule physiquement isolée (c'est-à-dire purifiée) responsable de la production de particules identiques ou d'une particule dont il est prouvé qu'elle est la cause d'effets pathologiques sur tout être humain ou sur un modèle animal expérimental. Ainsi, la déclaration de virologues comme Van Ranst, avec l'OMS et ses adhérents, selon laquelle une particule infectieuse appelée "SRAS-CoV-2" est à l'origine d'une pandémie de maladie s'avère être une fraude scientifique et intellectuelle flagrante.

QU'EST-CE QUE LA VIROLOGIE?

Lorsqu'il est surpris, l'oiseau décollera et volera dans des cercles de plus en plus petits jusqu'à ce qu'il parvienne à voler sur son propre dos, disparaissant complètement, ce qui ajoute à sa rareté.

- Le mythique oiseau 'oozlum'.³⁹

Il est difficile de savoir exactement comment caractériser la virologie, mais ce n'est pas de la science. Les pratiquants actuels participent à une forme quelconque de spéculation algorithmique ou statistique ajoutée au raisonnement circulaire et au biais de confirmation, avec une absence

38 Par courrier électronique de Marica Grossegessse, Institut Robert Koch, "SARS-CoV-2/questions", 1 avril 2022:

<https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/07/RKI-Marcia-Grossegessse-controls-PACKAGE-redacted.pdf>

39 Bill Wannan, Crooked Mick of the Speewah: And Other Tall Tales, Lansdowne, 1966.

complète de ce qui devrait être le processus correspondant de réfutation qui se trouve au cœur de la méthode scientifique. Alors que l'abandon de la méthode scientifique peut passer inaperçu ou accidentel par les participants de niveau inférieur, il est presque certain qu'il y a des motivations conspiratrices à des niveaux supérieurs de la hiérarchie globale. Par exemple, l'OMS, le Center for Disease Control (CDC) et l'Agence de sécurité sanitaire du Royaume-Uni sont tous impliqués dans les pratiques trompeuses de la virologie, comme cela sera exposé dans cet essai. Toutefois, les pratiques anti-scientifiques sont répliquées dans la plupart des autres pays, qu'il s'agisse d'allégations d'isolement du virus et de la mauvaise application massive de la réaction en chaîne par polymérase (PCR) pour les diagnostics cliniques⁴⁰, ou de l'absence de divulgation des détails de contrôle cruciaux impliqués dans la culture du virus et à la création du génome, qui est au centre de cette grande partie de l'essai.

Comment se fait-il que nous testions une théorie scientifique? Karl Popper a exprimé la centralité de la réfutation d'une théorie ou d'une hypothèse, ainsi :

C'est donc, selon moi, la possibilité de le renverser, ou sa falsifiabilité, qui constitue la possibilité de le tester, et donc le caractère scientifique d'une théorie ; et le fait que tous les tests d'une théorie sont des tentatives de falsification des prédictions obtenues avec son aide, fournit la clé de la méthode scientifique. Cette vision de la méthode scientifique est corroborée par l'histoire des sciences, qui montre que les théories scientifiques sont souvent renversées par les expériences, et que le renversement des théories est bien le véhicule du processus scientifique. L'affirmation selon laquelle la science est circulaire ne peut être retenue. ⁴¹

C'est donc une question raisonnable de demander: "La virologie a-t-elle jamais été une recherche scientifique ?" En ce qui concerne la méthode scientifique, les virologues créent des hypothèses infaillibles en établissant des paradigmes où tout nombre d'observations, qu'il s'agisse de maladie ou de prétendus résultats de tests, peuvent être attribuées à leurs "virus". Les observations sont transmises comme preuve de l'existence du virus à la manière d'une boucle circulaire de raisonnement qui n'exige plus l'existence démontrable d'un virus. Toute affirmation de représentativité, par exemple, sous la forme d'un processus de PCR ou d'un soi-disant génome viral,

40 Mark Bailey & John Bevan-Smith, "The COVID-19 Fraud & War on Humanity", 11 Nov 2021: <https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/>

41 Karl Popper, *The Open Society and its Enemies: Volume II The High Tide of Prophecy: Hegel, Marx, and the Aftermath* (London: Routledge & Kegan Paul (1962, publié pour la première fois en 1947), 260.

est simplement plus de circuits de la même boucle.

Historiquement, la virologie s'est caractérisée par un manque d'expériences de contrôle valides et aucune de ses affirmations fondatrices n'a été établie par l'exercice approprié de la méthode scientifique. Le premier virus qui aurait été découvert était le virus Mosaïque du tabac et l'une des preuves en est qu'il est contenu dans le traité de Dmitri Ivanovsky de 1903 "Über die Mosaikkrankheit der Tabakspflanze" (sur la maladie mosaïque de l'usine de tabac).⁴² Toutefois, il est clair que les expériences décrites par Ivanovsky n'avaient pas de comparaison de contrôle valable et n'étaient donc ni scientifiques ni concluantes. Il a même fait remarquer que "cette maladie ne trouve des conditions favorables d'existence que dans les régions côtières. Cette conclusion est tout à fait conforme aux observations ci-dessus concernant l'influence de l'humidité sur le développement de la maladie. La maladie mosaïque semble être unique dans les climats humides et chauds".⁴³ Cependant, comme la théorie germinale se développait dans l'idéologie dominante de cause de maladies à l'époque, au lieu de conclure que la maladie mosaïque était causée par des conditions environnementales, Ivanovsky a conclu qu'il avait découvert un virus invisible.

Il est peut-être tentant de pardonner aux premiers pionniers que leurs méthodes incontrôlées et peu scientifiques étaient simplement des pratiques typiques à cette époque. Cependant, la critique de la théorie des germes Claude Bernard a offert l'aperçu suivant sur l'importance des contrôles lors de l'adhésion à la méthode scientifique des décennies plus tôt en 1865 : "Si en fait nous caractérisons l'expérience par une variation ou perturbation introduite dans un phénomène, c'est seulement dans la mesure où nous supposons que la perturbation doit être comparée à l'état normal. Comme les expériences, en effet, ne sont que des jugements, elles exigent nécessairement la comparaison entre deux choses ; et l'élément intentionnel ou actif dans une expérience est réellement la comparaison que l'esprit se propose de faire".⁴⁴ Bernard était en train de recommander la nécessité d'avoir un contrôle valide, ou une comparaison appropriée pour s'assurer que ce n'était que le nouvel élément expérimental qui était à l'origine d'un résultat. Ainsi, la chose la plus charitable que nous puissions être est de suggérer que peut-être certains des premiers chasseurs de virus n'étaient pas conscients de l'importance de la méthode scientifique dans leur quête enthousiaste et effrénée d'ennemis invisibles.

42 Dmitri Ivanovsky, "Über die Mosaikkrankheit der Tabakspflanze", Zeitschrift für Pflanzenkrankheiten, Vol. 13, No 1, 1903, 1-41.

43 Ibid.

44 Claude Bernard, Introduction à l'étude de la médecine expérimentale, 1865, traduit par Henry Greene, Schuman Inc., 1949.

Vers une nouvelle découverte précoce du virus, le livre *Rétrovirus* nous apprend qu'en 1911, Peyton Rous au *Rockefeller Institute de New York* rapporte la transmission sans cellules d'un sarcome chez les poulets... Le virus isolé par Rous porte le nom de son découvreur: le virus Rous sarcome".⁴⁵ Cependant, une révision de l'article de Rous, "*A Sarcoma of the Fowl*" (Un sarcome des oiseaux)⁴⁶, révèle qu'il n'a pas affirmé isoler quoi que ce soit, et encore moins rien qui corresponde à la définition du virus. Sa méthode consistait à moudre le matériau tumoral du poulet, à le filtrer et à l'injecter directement dans d'autres poulets, en observant que certains d'entre eux développeraient également des tumeurs. Il a indiqué que les expériences de "contrôle" consistaient à injecter du matériel tumoral non filtré dans des poulets qui tendaient à provoquer des tumeurs beaucoup plus grandes. Rous a postulé la présence d'un organisme ultramicroscopique causatif, mais a admis que "une autre agence n'est pas hors de question". En fait, l'expérience n'a fourni aucune preuve d'une particule infectieuse et répliquatives. Il a simplement montré que le tissu malade introduit par une voie antinaturelle et invasive dans un autre animal pourrait faire apparaître un processus de maladie similaire.

L'affirmation selon laquelle en 1925, le pathologiste William Gye a prouvé que Rous avait trouvé un virus est également fautive. Il a simplement affirmé qu'un virus était à l'œuvre dans ces expériences et a ostensiblement déclaré: "Je tiens particulièrement à souligner un aspect de la recherche des virus invisibles, à savoir que l'expérimentation animale est la preuve définitive de la présence de l'organisme dans un inoculum".⁴⁷ Une fois de plus, le "test final" n'a pas impliqué l'identification réelle d'un organisme infecté dans un inoculum - il a simplement démontré la formation tumorale après l'injection de tissu malade. En outre, il a été établi en 1927 que le sarcome des oiseaux pourrait être induit par l'injection d'acide arsénieux dilué et de pulpe embryonnaire étrangère.⁴⁸ Les effets cancérogènes ont également été reproduits après la filtration bactériologique équivalente de Rous et il a été démontré que la maladie est née du tissu étranger, et non des tissus hôtes. L'hypothèse virale aurait dû être rejeté, mais un demi-siècle plus tard, l'establishment l'a maintenue en vie et a

45 *Retrovirus*, Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York, 1997.

46 Peyton Rous, "A Sarcoma of the Fowl Transmissible by an Agent Separable from the Tumor Cells", *J Exp Med*, 1 Apr 1922: <https://doi.org/10.1084/jem.13.4.397>

47 William Gye, "Discussion on Filter-Passing Viruses and Cancer", *BMJ*, 1 août 1925: <https://www.jstor.org/stable/25445900>

48 A. W. M. White, "A Study of Sarcoma of the Fowl Produced by Arsenic and Embryonic Pulp", *The Journal of Cancer Research*, 1 Mar 1927: <https://aacrjournals.org/jcancerres/article/11/1/111/449689/A-Study-of-Sarcoma-of-the-Fowl-Produced-by-Arsenic>

récompensé Rous d'un prix Nobel en 1966 pour "sa découverte des virus induisant des tumeurs".⁴⁹

En 1954, lorsque John Enders et Thomas Peebles ont affirmé avoir propagé le virus de la rougeole dans des cellules humaines et des reins de singe⁵⁰, aucune tolérance supplémentaire n'aurait dû s'étendre aux expériences non scientifiques de la virologie. Enders et Peebles ont ajouté un lavage de gorge et de sang à leurs cultures cellulaires et en observant des CPE, ou en mourant et en décomposant des cellules dans leurs tubes d'essai, ils ont conclu que les apparitions in vitro, "pourraient être associées au virus de la rougeole". Ils ont mis en garde contre le fait que "les effets pénistiques qui ressemblent superficiellement à ceux résultant de l'infection par les agents de rougeole peuvent être induits par d'autres agents viraux présents dans le tissu rénale du singe ou par des facteurs inconnus", mais ils ont conclu de manière inappropriée que "ce groupe d'agents est composé de représentants des espèces virales responsables de la rougeole"⁵¹. Enders et Peebles n'ont pas effectué des expériences de contrôle pour vérifier si le procédé de culture lui-même, c'est-à-dire l'accent mis sur les cellules dans un tube d'essai, produirait les mêmes CPE, invalidant ainsi les preuves pour leur conclusion. Idéalement, plusieurs expériences de contrôle auraient dû être réalisées: certaines sans échantillons d'origine humaine ajoutés, d'autres avec des échantillons d'origine humaine provenant de sujets en bonne santé, et d'autres avec des échantillons d'origine humaine provenant de sujets malades, mais dont on dit qu'ils n'ont pas la rougeole cliniquement ou d'autres allégations "état viral".

Cependant, les virologues ont continué à répéter la méthodologie incontrôlée d'Enders et jusqu'à présent ils affirment que ces CPE sont des preuves incontestables de virus. Le Dr Stefan Lanka a documenté l'histoire de ces pratiques non scientifiques⁵², et en 2021 il a montré que les CPE pourraient être induits dans des cultures cellulaires par le processus de laboratoire lui-même⁵³. Les résultats des expériences de Lanka sont décrits dans la figure 2. De nombreuses publications de virologie mentionnent une expérience de contrôle ou "simulacro-infecté" mais les détails de ces expériences sont évidents par leur absence.

49 "Le Prix Nobel de physiologie ou médecine 1966":

<https://www.nobelprize.org/prizes/medicine/1966/summary/>

50 John Enders and William Peebles, "Propagation in Tissue Cultures of Cytopathogenic Agents from Patients with Measles", *Proceedings of the Society for Experimental Biology and Medicine (PSEBM)*, 86 (reçus le 16 mai 1954), 277-286.

51 Ibid.

52 Stefan Lanka, "The Virus Misconception", *WISSENSCHAFTPLUS* magazine, 01/2020, 4.

53 Dean Braus, "CPE - Control Experiment - 21 April 2021 - English version":

<https://odysee.com/@DeansDanes:1/cpe-english:f>

Un site Web de l'Université Northwestern, Illinois, affirme que le simulacre d'infection signifie “un contrôle utilisé dans les expériences d'infection.

D. Passage 6 – Set 2, CPE in confluent cultures (Crystal Violet)

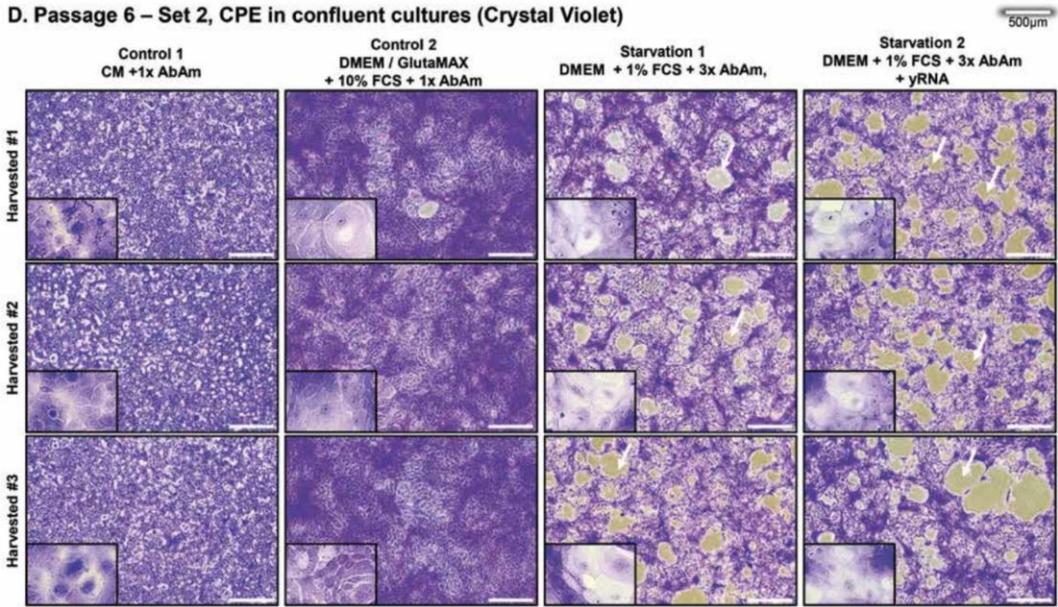


Figure 2. Les expériences du Dr Stefan Lanka: les CPE (flèches blanches) ont été induites par l'accentuation des cellules épithéliales avec des passages et des antibiotiques. L'ajout d'ARN de levure (4ème colonne) a entraîné encore plus de CPE. Aucun virus n'a été ajouté et les expériences ont été réalisées en triple exemplaire. Source: Stefan Lanka, et al., “Präliminäre Fraulte der Kontrollversuche - Die ReakEon primärer humaner Epithelzellen auf stringente Virusamplifikationens-Bedingungen widerlegen die Existenzbehauptungen aller Viren und von SRAS-CoV-2”, 25 Mar 2022: <https://coldwelliantimes.com/eilmeldung/kontrollexperiment-phase-1-mehrere-labore-bestatigen-die-widerlegung-der-virologie-durch-den-cytopathischen-effekt/>

Deux spécimens sont utilisés, l'un est infecté par le virus/vecteur d'intérêt et l'autre est traité de la même manière, sauf sans le virus”⁵⁴. La définition est déjà problématique, car des termes tels que “virus” et “additifs” ont été introduits et sont donc présumés exister avant leur mise en place. Dans tous les cas, comme cela deviendra clair, les personnes impliquées dans l'isolement présumé du virus et la création du génome ne traitent certainement pas le spécimen infecté de la même manière moins le «virus», et peuvent être malhonnêtes ou manifestation obstructionnistes lorsqu'elles sont pressées d'admettre ce fait.

En juin 2022, en réponse à une loi sur la demande d'information officielle (“Accès ouvert à l'information”) concernant le document, “Caractérisation des premières isolations SRAS-CoV-2 d'Aotearoa Nouvelle-Zélande dans le cadre d'une réponse rapide à la pandémie de COVID-19”⁵⁵,

⁵⁴ Northwestern University, Illinois, définition "exercice d'infection":

<https://groups.molbiosci.northwestern.edu/holmgren/Glossary/Definitions/Def-M/mock-infected.html>

⁵⁵ Rhodri Harfoot, et al., "Caractérisation des premières souches virales SARS-CoV-2 d'Aotearoa Nouvelle-Zélande dans le cadre d'une réponse rapide à la pandémie de COVID-19", Virus, 10 fév 2022:

<https://doi.org/10.3390/v14020366>

L'Université d'Otago a déclaré, "le document publié par le professeur Quinones-Mateu et ses collègues était un document descriptif⁵⁶. En bref, la réponse a peut-être involontairement résumé l'état des choses dans la virologie. En 2008, la revue "Infection and Immunity" a présenté un commentaire invité intitulé "Science descriptive" qui explique pourquoi "la recherche descriptive à elle seule est rarement concluante" et peut simplement servir de point de départ pour orienter de nouvelles recherches.⁵⁷ Les auteurs ont fait observer que "la microbiologie et l'immunologie sont maintenant des sciences expérimentales et que les chercheurs peuvent donc aller au-delà de la simple description d'observations pour formuler des hypothèses, puis effectuer des expériences pour les valider ou les réfuter". Comme l'indique cet essai, l'établissement de virologie ne divulguera pas et n'effectuera pas ces expériences nécessaires, apparemment pour ne pas se réfuter. Il se limite intentionnellement à des expéditions de pêche opportunistes en cours soutenues par un biais de confirmation, se disqualifiant ainsi de la méthode scientifique en raison de son incohérence avec l'approche fondée sur des hypothèses et falsifiable décrite par Popper.

L'auteur a écrit précédemment dans un postdata dérivé du livre de A. F. Chalmers Qu'est-ce que cette chose appelée Science?, que l'un des thèmes fondamentaux avec la virologie a été qu'il s'est inventé comme un champ avant d'établir si les virus existaient vraiment. Il essaie de se justifier depuis ses débuts:

Dans ce cas, une particule du virus n'a pas été observée en premier et la théorie virale et la pathologie ont ensuite été développées. Les scientifiques du milieu et de la fin du XIXe siècle s'inquiétaient de l'identification d'entités pathogènes contagieuses imaginables. Les observations de l'inductionniste naïf n'ont pas identifié un virus a priori, puis ont été dédiées à l'étude de ses propriétés et caractéristiques. L'hypothèse de l'époque était qu'il existait une très petite particule germinale qui pourrait expliquer la contagion. Ce qui est venu après est venu pour se conformer à la prémisse présomptueuse.⁵⁸

Parce qu'une théorie scientifique exige des preuves qui ont été maintes fois prouvées et corroborées selon la méthode scientifique, il est clair que les "virus" n'ont jamais atteint le stade d'une théorie.⁵⁹

56 Lettre de Kelsey Kennard, Université d'Otago, "Demande d'information officielle sur le document 'Caractérisation des premiers isolats de SRAS-CoV-2 d'Aotearoa Nouvelle-Zélande dans le cadre d'une réponse rapide à la pandémie de COVID-19' ", 22 juin 2022.

57 Arturo Casadevall et Ferric Fang, "'Descriptive Science'", Infection and Immunity, 14 juil. 2008: <https://doi.org/10.1128/iai.00743-08>

58 Mark Bailey, "Warnings Signs You Have Been Tricked By Virologists... Again", 25 juil. 2022: <https://drsambailey.com/warnings-signs-you-have-been-tricked-by-virologists-again/>

59 Ibid.

Selon la science, ils restent de simples spéculations.

LE MANQUE DE CONTRÔLES EN VIROLOGIE (CE N'EST PAS UNE POURSUITE SCIENTIFIQUE)

Les demandes d'“Accès ouvert à l'information” ont révélé que l'Institut néo-zélandais de la science et de la recherche environnementales (ESR), qui a invoqué l'isolement et le séquençage génomique de la particule SRAS-CoV-2 dans les Antipodes, est également coupable de ne pas effectuer de contrôle valable.⁶⁰ Dans la tradition d'Enders, ils ne se sont pas arrêtés pour vérifier si les CPE dont ils ont été témoins, ou les génomes qu'ils ont assemblés via des simulations informatiques, pourraient également être créés dans des comparaisons de contrôle valides. C'est-à-dire en effectuant des expériences sur d'autres spécimens issus de l'homme, de sujets bien et mal à l'aise qu'on dit n'avoir pas la soi-disant maladie COVID-19. Au lieu de cela, ESR a décrit leur “contrôle négatif” insuffisant dans lequel “le flacon subit les mêmes conditions que les flacons utilisés pour la culture virale, mais nous n'utilisons que des milieux d'infection”.

Le chef d'orchestre central de ces poursuites anti-scientifiques est l'OMS. Il est très révélateur que dans son document de 94 pages “Séquence génomique de SRAS-CoV-2”, il n'y a que quatre phrases qui discutent “des échantillons de contrôle”:

6.4.2 Echantillons de contrôle

Les échantillons de contrôle négatif, tels que le tampon ou l'eau, doivent toujours être inclus dans toute séquence contenant plusieurs échantillons. Ils doivent être inclus dans la phase la plus précoce possible et faire l'objet d'échantillons à travers toutes les étapes du tuyau de séquençage. Ceci est extrêmement important pour exclure la contamination lors d'une exécution de séquençage qui se produit dans le laboratoire ou pendant le traitement bio-informatique.

Les échantillons de contrôle positif avec des séquences génétiques connues peuvent être utiles pour valider les tuyaux bio-informatiques récemment adoptés ou adaptés pour les appels de consensus, mais ils n'ont pas besoin d'être inclus dans chaque exécution de séquence.⁶¹

Cependant, aucun de ces contrôles n'est suffisant pour valider les “génomes” que les virologues

60 Mark Bailey, "Fact-check: New Zealand can't find the 'SARS-CoV-2 virus'", 12 Février 2022:

<https://drsambailey.com/covid-19/fact-check-new-zealand-cant-find-the-sars-cov-2-virus/>

61 Organisation mondiale de la santé, "Séquence génomique du SRAS-CoV-2 - Un guide de mise en œuvre pour le maximum d'impact sur la santé publique", 8 janvier 2021.

produisent grâce à ces techniques car ils ne peuvent servir qu'à calibrer le pipeline. Comme il est devenu évident, l'OMS ne peut pas indiquer une seule expérience de contrôle positif valide, mais le 11 février 2020, ils ont nommé la nouvelle maladie qu'ils avaient inventée, "COVID-19" avec l'affirmation associée qu'elle a été causée par un nouveau coronavirus.⁶² Ils ont donné le feu vert à quiconque dans le monde pour «trouver» le SRAS-CoV-2 dans son jardin sans avoir besoin d'expériences de contrôle valides non plus. Mais il y a un besoin évident de contrôles comparatifs où des échantillons similaires de patients, mais sans le virus présumé, sont traités de la même manière pour qu'une seule variable soit testée. Comparer les résultats d'un échantillon censé contenir le virus à l'un des contrôles négatifs décrits dans le document précédent de l'OMS ne peut valider le processus car les derniers échantillons ne contiennent pas la soupe génétique qui fait partie du premier. En tout cas, même selon leurs propres termes, le contrôle négatif auquel l'ESR en Nouvelle-Zélande fait référence n'est pas en mesure de fournir une validation de la méthodologie qu'ils utilisent pour créer ces génomes de virus, car comme l'indique l'OMS, il s'agit simplement d'un contrôle de précaution de la contamination. .

Avec tous les échecs de la culture des virus postulés, la virologie moderne favorise désormais la métagénomique directe⁶³ d'échantillons bruts, souvent avec un séquençage de fusil de chasse⁶⁴ et un assemblage artificiel ultérieur de ces fragments génétiques pour créer de nouveaux « virus » *in silico*⁶⁵ à partir de rien. Cette invention fournit ensuite à d'autres chasseurs de virus des panels d'amorces PCR préconçus⁶⁶ afin qu'ils puissent également découvrir les mêmes séquences et prétendre qu'il s'agit du même virus. ESR ont participé à une publication dans laquelle ils ont

62 "Observations du Directeur général de l'OMS lors de la réunion d'information des médias sur 2019-2020, le 11 février 2020", OMS, 11 février 2020:
<https://www.who.int/director-general/speeches/detail/who-director-general-s-remarks-at-the-media-briefing-on-2019-ncov-on-11-february-2020>

63 "La métagénomique est l'étude de la structure et de la fonction de séquences complètes de nucléotides isolés et analysés de tous les organismes (typiquement microbes) dans un échantillon en vrac. La métagénomique est souvent utilisée pour étudier une communauté spécifique de micro-organismes, tels que ceux qui résident dans la peau humaine, dans le sol ou dans un échantillon d'eau." - NIH National Human Genome Research Institute, "Metagenomics":
<https://www.genome.gov/genetics-glossary/Metagenomics> (consulté le 27 avril 2022).
C'est une méthodologie illégitime lorsqu'elle est utilisée par les virologues comme aucune des séquences qui sont obtenues et déclarées "viraux" il a été démontré qu'elles proviennent d'un virus à tout moment comme cet essai détaillera.

64 Le séquençage Shotgun est une méthode qui fragmente de manière aléatoire l'ADN d'un échantillon en segments courts, par exemple de 150 paires de bases de longueur. Ces fragments courts sont séquencés pour obtenir des "lectures." Ces courts fragments sont séquencés pour obtenir des « lectures ». À partir de ce point, le processus s'appuie sur un logiciel d'assemblage de séquences pour organiser les lectures qui se chevauchent en « contigs ».

65 "In or on a computer: done or produced by using computer software or simulation".:
<https://www.merriam-webster.com/dictionary/in%20silico>

66 Exemple de panneaux SARS-CoV-2: "xGen™ SARS-CoV-2 Amplicon":
<https://sg.idtdna.com/pages/products/next-generation-sequencing/workflow/xgen-ngs-amplicon-sequencing/predesigned-amplicon-panels/sars-cov-2-amp-panel>

proclamé la découverte du SRAS-CoV-2 dans neuf sujets à travers cette méthodologie.⁶⁷ Mon collègue leur a demandé de fournir “tous les détails du groupe de contrôle qui a été utilisé en comparant les résultats de la séquence”, mais au lieu de répondre à la question, l'ESR a fait une excuse pour ne pas s'impliquer dans la “génération de nouvelles données”, et a fourni quelques liens vers les protocoles de séquence SRAS-CoV-2.⁶⁸ Si ESR utilisait de tels protocoles, comme détaillé sur le site protocol.io, nous pouvons voir qu'ils approuvent des contrôles insuffisants qui sont décrits comme “[a] contrôle négatif de l'eau sans nucléase”, tandis qu'un “contrôle positif facultatif peut également être inclus, qui peut être une construction d'ARN synthétique ou un échantillon clinique à titre élevé qui peut être dilué”.⁶⁹ Encore une fois, ces types de contrôles ne peuvent servir que de techniques d'étalonnage de pipeline, et non de validation ou de signification clinique des “génomomes” qu'ils assemblent.

Malgré les ressources dont ils disposent, apparemment ESR ne croit pas à la nécessité de vérifier par lui-même s'il peut être prouvé qu'il existe SRAS-CoV-2. Le 19 juillet 2022, en réponse à une demande d'“Accès ouvert à l'information”, ils ont déclaré que “l'ESR n'a effectué aucune expérience pour prouver scientifiquement l'existence du SRAS-COV-2 virus et ne peut donc lui fournir aucun enregistrement”.⁷⁰ Le 17 août 2022, en réponse à une autre demande, ils ont admis que “ESR n'a réalisé aucune expérience pour prouver scientifiquement que [le] virus SRAS-COV-2 cause des COVID-19 et ne peut donc lui fournir aucun enregistrement”.⁷¹ Personne d'autre n'a réalisé ces expériences scientifiques requises non plus.

LA MALTRAITANCE DES ANIMAUX ET LES ÉTUDES “ANTICORPS”

Dans l'incapacité de démontrer l'isolement physique d'une particule pathogène répondant à la définition d'un virus, les virologues se sont lancés dans des expérimentations animales pour convaincre les non-initiés que de telles particules pathogènes existent. La caractéristique de ces

67 Nick Eichler, et al., "Transmission du syndrome respiratoire aigu coronavirus 2 pendant la quarantaine et les voyages aériens, Nouvelle-Zélande (Aotearoa) ", *Emerg Infect Dis.*, Mai 2021: <https://doi.org/10.3201/eid2705.210514>

68 (Lettre de l'ESR, "Demande de loi sur l'information officielle: OIA Request for records from doi: 103201/eid2705.210514", 25 mars 2022.)

69 protocols.io, "nCoV-2019 sequencing protocol v3 (Locost) V.3": <https://www.protocols.io/view/ncov-2019-sequencing-protocol-v3-locost-bp2l6n26rgqe/v3?step=1> (accessed 28 Mar 2022).

70 (Letter from ESR, "Official Information Act Request: FOIA: SARS-CoV-2 Proof of existence", 19 Jul 2022.)

71 Lettre d'ESR, "Demande de loi sur l'information officielle: SARS-CoV-2 Proof of Causation", 17 Aug 2022: <https://mega.nz/file/68QBkIpQ#R58RAyD7bf3iq0ilUJAavQnCPruXDlvvlBEs8f8eei8>

publications est qu'elles manquent de contrôles valides, donc même sur la prémisse non établie qu'elles manipulent des «virus», elles révèlent un autre aspect de l'antiscience de la virologie. Un exemple illustratif était l'article «Pathogénèse comparative du COVID-19, du MERS et du SRAS dans un modèle de primate non humain», publié en mai 2020 par une équipe qui comprenait Christian Drosten et Ron Fouchier.⁷² Le non-sens de ce qui a été publié dans Science peut se résumer comme suit:

1. Les huit singes cynomolgus dans les expériences ont été, “inoculés avec SRAS-CoV-2 sous anesthésie à travers une combinaison de routes intra-traquales (4,5 ml) et intranasales (0,65 ml par narine)”⁷³ ... - Ce n'est pas une voie d'exposition naturelle et 4.5 ml déversés dans un petit (3.5 - 5.0 kg) poumons de singe est équivalent à verser environ 80 ml (1/3 tasse) de matériel biologique étranger dans les poumons d'un humain, pendant qu'ils sont endormis. Ce volume de matière à lui seul est suffisant pour causer des dommages et une inflammation dans le tissu pulmonaire.
2. L'inoculum versé dans leurs poumons a été fabriqué à partir de « SRAS-CoV-2 (isolat BetaCoV/Munich/BavPat1/2020) obtenu à partir d'un cas clinique en Allemagne » et, « le virus a été propagé au passage trois sur des cellules Vero E6 dans Opti-MEM I (1X) + GlutaMAX (Gibco), additionné de pénicilline (10 000 UI/mL) et de streptomycine (10 000 UI/mL). — **Ils ont affirmé détenir un «isolat» viral alors que ni eux ni leur fournisseur⁷⁴ n'ont démontré l'existence d'un virus dans l'échantillon.** Tout ce que l'on peut dire, c'est que l'échantillon contient du matériel biologique étranger provenant de l'échantillon clinique d'origine humaine et des cellules rénales de singe, en plus des produits de dégradation cellulaire et de deux antibiotiques.
3. “Aucun signe clinique manifeste n'a été observé chez l'un des animaux infectés, à l'exception d'une sécrétion de nez séropositive chez un animal vieilli le 14ème jour après l'inoculation (p.i.). Aucune perte de poids significative n'a été observée chez aucun animal au cours de l'étude”. - En d'autres termes, malgré l'entrée directe dans les poumons avec ce qu'ils prétendaient être le virus SRAS-CoV-2, cela n'a rendu aucun des singes sensiblement malades.
4. “Au jour 14 p.i., tous les animaux restants se sont séro-convertis, comme l'a révélé la présence de SRAS CoV-2 - des anticorps spécifiques contre le domaine S1 du virus et les protéines de la nucléocapside dans leur sérum”. - Les protéines S1 et les nucléocapsid ne se sont pas révélées d'origine virale, qu'elles provoquent la détection (à travers un essai in vitro) d'autres protéines appelées “anticorps” chez un hôte. Les virologues utilisent une fois de plus le raisonnement circulaire pour affirmer que la détection d'un anticorps prouve l'existence d'un virus parce qu'il est déclaré que l'anticorps est spécifique au présumé virus.
5. “Pour mesurer l'excrétion du virus, des prélèvements nasaux, de gorge et rectaux ont été testés pour le virus par transcription inverse-amplification en chaîne par polymérase quantitative (RT-qPCR)..”. - Il n'y a pas eu de “démantèlement de virus”, les mêmes séquences que celles qui se sont récemment déversées dans les voies respiratoires des singes ont simplement été détectées. Ces séquences d'acides nucléiques étrangers ont sans surprise disparu du corps des singes au cours des

72 Barry Rockx, et al., "Pathogénèse comparative de COVID-19, MERS et SARS dans un modèle de primate non humain", Science, 29 May 2020:

<https://www.science.org/doi/10.1126/science.abb7314>

73 Ibid., documentation complémentaire.

74 Archives du virus européen global, "Human 2019-nCoV Isolate":

<https://www.european-virus-archive.com/virus/human-2019-ncov-isolate>

jours suivants grâce à des mécanismes de clairance naturels.

6. “L'ARN SRAS-CoV-2 n'a été détecté que dans un hisope rectal d'un animal le 14 p.i., et aucun ARN viral n'a été détecté dans le sang entier à aucun moment de l'étude”. - Encore une fois, cela indique que vous ne trouviez que le matériel génétique introduit dans les mêmes endroits qu'il avait été introduit. (Le seul hisope rectal positif peut avoir été un faux positif ou le singe avait avalé une partie du matériel biologique introduit.) En aucun cas ils n'ont pu démontrer que le “virus” postulé présentait des caractéristiques invasives.
7. Quatre des singes ont été tués et autopsiés 4 jours après l'inoculation avec la soupe biologique étrangère. Deux des quatre ont été signalés comme ayant de petits foyers de consolidation dans leurs poumons, et les auteurs ont déclaré que “la principale lésion histologique dans les tissus pulmonaires consolidés des animaux jeunes et âgés concernait les alvéoles et les bronchioles et consistait en des zones avec DAD aigu ou plus avancé [lésions alvéolaires diffuses”. Les caractéristiques histologiques ont été affirmées comme caractéristiques de “SRAS-CoV-2” - voir figure 3 ci-dessous pour une explication des raisons pour lesquelles ces affirmations sont totalement infondées.
8. “L'expression de l'antigène SRAS-CoV-2 a été détectée dans un nombre modéré de pneumocytes de type I et dans quelques pneumocytes de type II dans les foyers EA”. - Ceci a été réclamé par une technique de coloration d'immunohistochimie (IHC) basée sur “un anticorps polyclonal de lapin contre la nucléogénicité SRAS-CoV (40143-T62, Sino Biological, Chesterbrook, PA, USA) “. Malheureusement pour eux le fournisseur de ce produit déclare, “IHC, FCM, IF, IP et al. les applications n'ont pas été validées. (Les applications d'anticorps n'ont pas été validées avec les échantillons positifs de virus correspondants.)”⁷⁵

Quoi qu'il en soit, cet exemple peut être utilisé pour exposer la fausseté la plus large en ce qui concerne les anticorps comme des “preuves” de virus. Sino Biological affirme que les anticorps ont été le résultat de l'injection de leur “protéine nucléocapside SRAS-CoV (His Tag)”⁷⁶ chez les lapins. Cette protéine de nucléocapside a été à son tour produite à partir « d'une séquence d'ADN codant pour le SRAS-CoV (isolat:Tor2) nucléoprotéine”. Nous verrons à la page 33 que la séquence “Tor2” était l'un des deux modèles *in silico* utilisés par Fan Wu et al. pour inventer SRAS-CoV-2, un autre modèle *in silico*.

En résumé, il s'engage dans un raisonnement plus circulaire : aucune protéine n'a été démontrée comme provenant d'un virus, y compris la protéine de nucléocapside dans ce cas. Il a simplement été affirmé qu'ils ont injecté des protéines “virales” chez les animaux et en réponse les animaux ont produit d'autres protéines que l'on prétend être des “anticorps”. Cependant, il n'a pas été démontré qu'un virus existait, ni qu'il existait pour ce type d'exercice. (A titre d'autre exemple, la génération d’“anticorps VIH” chez 100% de volontaires sains injectés avec un vaccin candidat de l'Université du Queensland de l'U.S.R.⁷⁷)

75 “SARS-CoV/SARS-CoV-2 Nucleocapsid Antibody, Rabbit PAb, Antigen Affinity Purified”, Sino Biological: <https://www.sinobiological.com/antibodies/cov-nucleocapsid-40143-t62>

76 “SARS-CoV Nucleocapsid Protein (His Tag)”, Sino Biological: <https://www.sinobiological.com/recombinant-proteins/sars-cov-nucleocapsid-40143-v08b>

77 Dr Sam Bailey, “Covid-19 Shots, Cancer and HIV”, 14 Jul 2021: <https://drsambailey.com/resources/videos/vaccines/covid-19-shots-cancer-and-hiv/>

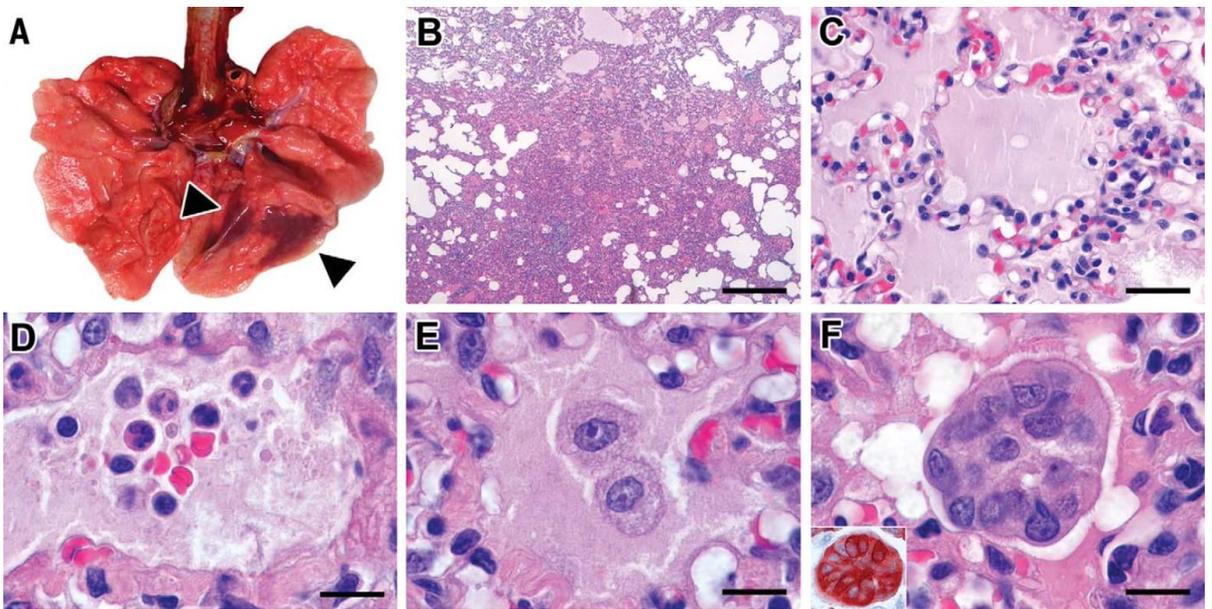


Figure 3. Certaines des images présentées dans le [document](#) "Patogénèse comparative de COVID-19, MERS et SRAS dans un modèle de primate non humain" ont affirmé être des "changements pathologiques caractéristiques" du SRAS-CoV-2. Les changements pulmonaires dans (A) - (C) sont cohérents avec la pneumopénie, causée par le rejet d'un liquide contenant du matériel biologique étranger directement dans la trachée du singe pendant qu'il était anesthésié. Les changements d'histologie (D) - (F) ne représentent que des cellules inflammatoires telles que les macrophages et les neutrophiles, comme on pourrait s'y attendre dans une pneumonite infligée. Aucune expérience de contrôle n'a été réalisée.

Toutefois, l'aspect le plus défectueux de l'expérience animale est qu'elle n'a pas suivi la méthode scientifique car elle n'a pas fait l'objet de contrôles. C'est-à-dire qu'un groupe comparable de singes n'a pas été soumis à un assaut interne avec la même composition et le même volume de soupe biologique, sans le soi-disant "virus", étant déversé directement dans leurs poumons. Pour être clair, l'auteur ne soutient pas une telle expérience, car c'est une procédure cruelle qui n'a rien à voir avec les routes d'exposition naturelles - c'est simplement signaler le concept d'une expérience correctement contrôlée. Malheureusement, de telles méthodologies non scientifiques sont malheureusement reproduites dans toutes les études sur les animaux qui ont été examinées. Aucune d'entre elles n'indique: a) une méthode naturelle d'exposition utilisant les échantillons prétendument contenant des virus; b) des "infections simulées" valides (par exemple, l'utilisation désinvolte du sel stocké dans le phosphate uniquement); ou c) la transmission de maladies animales à des animaux. C'est, bien sûr, en plus de la question fondamentale qu'aucune des études ne montre l'existence réelle d'une particule infectieuse qu'ils prétendent tester.

En outre, si les virus sont si infectieux, pourquoi ne pas simplement pulvériser un échantillon dans les cages animales pour l'inhaler ? Une fois de plus, de telles expériences sont évitées afin que les virologues ne se réfutent pas en ce qui concerne les allégations de contagion impliquant les particules imaginées.

LE PARADOXE DE LA QUANTITÉ DE VIRUS

Nous sommes amenés à croire qu'à l'intérieur d'un hôte comme un humain, les particules virales se produisent dans un nombre si grand qu'elles peuvent briser les mêmes cellules qu'elles contiennent, alors qu'en même temps elles sont présentes en quantités si minuscules que les virologues disent qu'elles ne peuvent être vues sur aucun échantillon de patient. En ce qui concerne la prétendue particule SRAS-CoV-2, il a été estimé qu'"un éternuement d'un patient COVID-19 contient 200 millions de virus".⁷⁸ Cependant, si nous obtenons un échantillon (physiquement plus grand) directement du nez ou des poumons d'un sujet, il n'y en a pas. Pour dissimuler ce problème gênant, les virologues ont eu recours à la présentation de «preuves» indirectes par le biais de cultures de tissus dans le but de retirer le virus manquant du chapeau. Comme nous l'avons souligné dans *The COVID-19 Fraud & War on Humanity*, cela implique la deuxième partie de la double tromperie de la virologie qui est, "la substitution du faux proxy d'induction d'effets cytopathiques (CPE) en inoculant des lignées cellulaires généralement anormales in vitro pour le proxy postulé d'infecter un hôte sain ou non malade in vivo pour établir la causalité entre le prétendu agent pathogène et la maladie".⁷⁹ Nous sommes donc censés croire que les voies respiratoires humaines, qui sont tapissées de prétendues cellules hôtes parfaites, ne produisent pas suffisamment de virus pour qu'ils soient vus, mais une expérience en tube à essai impliquant des tissus d'une espèce et d'un type de cellule différents le fait ?

Par définition de la virologie, les particules hypothétiques sont passives et ne produisent aucun produit de déchets, ce qui en fait un mystère quant à la manière dont elles infligent une mauvaise santé à un hôte humain. Pfizer a suggéré à la personne léguée que, "le système immunitaire réagit à la blessure de ces cellules corporelles en s'accélégrant" mais n'a cité aucune preuve scientifique pour cette affirmation imaginative.⁸⁰ La 4ème édition de "*Médical Microbiology*" s'est aventurée de plus en plus et a déclaré:

78 "Number of the day: one sneeze of a COVID-19 patient contains 200 million viruses", Новые известия, 22 May 2020: <https://en.newizv.ru/news/science/22-05-2020/digit-of-the-day-200-million-viruses-are-contained-in-one-sneeze-of-a-patient-of-covid-19>

79 Mark Bailey & John Bevan-Smith, "The COVID-19 Fraud & War on Humanity", 11 Nov 2021: <https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/>

80 "Comment les virus nous rendent-ils malades?", Pfizer.com: https://www.pfizer.com/news/articles/how_do_viruses_make_us_sick (accessed 20 May 2022)

Les dommages cellulaires directs et la mort par infection virale peuvent résulter de (1) la déviation de l'énergie de la cellule, (2) la fermeture de la synthèse macromoléculaire cellulaire, (3) la compétence de l'ARNm viral pour les ribosomes cellulaires, (4) la compétence des promoteurs viraux et des boosters transcriptionnels pour des facteurs transcriptionnels cellulaires tels que les ARN-RH, et l'inhibition des mécanismes de défense de l'interféron. Les dommages cellulaires indirects peuvent résulter de l'intégration du génome viral, l'incitation de mutations dans le génome hôte, l'inflammation et la réponse immunitaire de l'hôte.⁸¹ [Mon emphase]

Essentiellement, les virologues ont offert de multiples mécanismes pathogénétiques hypothétiques pour qu'une particule hypothétisée existe dans un organisme comme un humain. Et encore une fois, même si ces mécanismes spéculatifs étaient en jeu, il faudrait d'énormes quantités de cellules pour être affectés pour produire des symptômes. Mais d'énormes quantités de cellules se traduiraient par des quantités astronomiques de particules virales qui en sortent - alors pourquoi ne peut-on jamais trouver de particules virales? La virologie a l'habitude de détourner l'attention de tels aspects qui soulèvent des doutes sur son modèle fantôme.

81 Samuel Baron, et al., "Patogenèse Virale" en Microbiologie Médicale, 4th edition, 1996:
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK8149/>

DEUXIÈME PARTIE

FAN WU ET AL. Deus ex machina

Ils étaient obligés, déterminés à trouver un virus comme la cause de ce type. Donc ils ont fait ce réseau pour tout cet ARN, des millions de petits fils d'ARN sur cette personne, utilisant la technologie appelée méta-transcriptomique. Et c'est une de ces choses génétiques... vous pouvez regarder tout l'ARN, tout l'ADN, le séquencer, l'amplifier... Il est alimenté par la technologie, pas par la science... et ils ont eu une séquence et ont ensuite décidé qu'ils avaient découvert un "virus", bien qu'ils n'aient jamais touché un virus du tout, et ils ont dit que c'était la cause de la pneumonie de ce type. - Dr David Rasnick, sur la "découverte" de SRAS-CoV-2 par Fan Wu al.⁸²

Dans le document *"The COVID-19 Fraud & War on Humanity"*⁸³, nous documentons l'invention du SRAS-CoV-2 par l'équipe de Fan Wu qui a réuni un "génomé" *in silico* à partir de fragments génétiques d'origine inconnue, trouvés dans le lavage pulmonaire brut d'un seul "cas" et documentés dans *"Un nouveau coronavirus associé à la maladie respiratoire humaine en Chine"*.⁸⁴ Une analyse supplémentaire de ce travail montre comment la pandémie frauduleuse de COVID-19 a été créée au moyen d'un "génomé" inventé par séquençage méta-transcriptomique profond, qui cherchait simplement à détecter tout l'ARN dans un échantillon cru, et comment il a été mal utilisé pour inventer un pathogène inexistant. L'affirmation selon laquelle tout le monde peut déclarer, "identifié une nouvelle souche du virus ARN de la famille Coronaviridae, qui est désignée ici "WH-Human 1' coronavirus"⁸⁵, d'un seul sujet humain diagnostiqué avec pneumonie est absurde en soi. Les auteurs ont essayé de justifier cela en affirmant que "bien que l'isolement du virus d'un seul patient ne soit pas suffisant pour conclure qu'il a causé ces symptômes respiratoires, nos conclusions ont été confirmées indépendamment chez d'autres patients dans une étude séparée". Premièrement, il n'y a pas eu d'isolement physique d'un virus tel qu'il sera discuté en détail momentanément. Deuxièmement, son affirmation d'être "corroborés indépendamment" est une référence au document de février 2020 de Peng Zhou et al. - un document qui ne peut rien corroborer et dont la fraude est discutée dans la section "LES DIVULGATIONS DE PENG ZHOU ET AL".

82 Épisode 1: La pseudoscience tragique du SARS-CoV-2", *The Viral Delusion, Paradigm Shift*, 2022:
<https://paradigmshift.uscreen.io/>

83 Mark Bailey & John Bevan-Smith, "The COVID-19 Fraud & War on Humanity", 11 Nov 2021:
<https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/>

84 Fan Wu, et al., "Un nouveau coronavirus associé à la maladie respiratoire humaine en Chine", *Nature*, 579, 265 - 269, 3 Feb 2020:
<https://doi.org/10.1038/s41586-020-2008-3>

85 Ibid.

Tout ce que vous pouvez dire c'est que si vous utilisez un raisonnement circulaire, alors trouver des séquences génétiques similaires à plus d'une occasion est considéré comme une confirmation d'un virus. La base de données GISAID est le trésor de cette folie virale et, au 29 août 2022, elle avait plus de 12,8 millions de réclamations d'avoir “trouvé” SRAS-CoV-2.⁸⁶ Cependant, aucun d'entre eux ne peut signaler un virus réel, ils appellent simplement “bingo” par le montage de séquences similaires qui ont été alignés avec Fan Wu et al. et d'autres ensembles précédents, aucun virus réel n'est requis.

Il convient également de noter que, bien que l'auteur ne se prononce pas sur la cause d'une pneumonie ou d'un syndrome respiratoire hémorragique aigu, la communauté médicale générale reconnaît qu'aucun “pathogène” n'est identifié dans environ la moitié des cas.^{87 88} Alors, pour quelle raison Fan Wu et al. doivent soupçonner que leur patient était porteur d'un tout nouveau virus ? Apparemment parce que “les recherches épidémiologiques du *Wuhan Center for Disease Control and Prevention* ont révélé que le patient travaillait sur un marché local de fruits de mer sous abri”.⁸⁹ Cela semble être une raison très faible étant donné que ces marchés humides sont extrêmement courants en Chine et qu'en dépit des théories d'origine chauve-souris, Fan Wu et al. a déclaré qu'il n'y avait “pas de chauves-souris disponibles à la vente”.

Quoi qu'il en soit, ils ont obtenu un peu de liquide de lavage de latex (BALF) de leur patient et, avec ce spécimen cru, ils ont indiqué que “l'ARN total de BALF a été extrait de 200µl”. Sa section de méthodes a précisé que cela a été réalisé, “en utilisant le kit *RNeasy Plus Universal Mini (Qiagen)*”, c'est - à - dire à travers la centrifugeuse de colonne de rotation. Ils ont affirmé que “l'épuisement de l'ARN ribosomique a eu lieu au cours de la construction de la bibliothèque”, mais se reporter à la section “Plus de déception de Wuhan?” en ce qui concerne les raisons pour lesquelles cela est douteux, car il y a toujours une forte coïncidence pour les séquences d'ARN humains connus. Ils ont ensuite procédé à la séquence *Shotgun* du breuvage, en commençant par la fragmentation aléatoire

86 GISAID:

<https://www.gisaid.org/> (accessed 29 Aug 2022).

87 Catia Cilloniz, et al., "Etiologie microbiologique de la pneumonie: épidémiologie, diagnostic et modèles de résistance", *Int. J. Mol. Sci.*, 17 (12), 2120, 16 Dec 2016.

88 Gao Liu, et al., "Etiologie virale et bactérienne du syndrome respiratoire hémorragique aigu chez les patients à Qinghai, en Chine", *Biomed Environ Sci*, Jun 2019:
<https://www.besjournal.com/article/doi/10.3967/bes2019.058>

89 Fan Wu, et al., "Un nouveau coronavirus associé à la maladie respiratoire humaine en Chine", *Nature*, 579, 265 - 269, 3 Feb 2020:
<https://doi.org/10.1038/s41586-020-2008-3>

du matériel génétique en courtes longueurs d'une moyenne de 150 nucléotides et la conversion de l'ARN en ADN à l'aide d'une enzyme transcriptase inverse.⁹⁰ 56.565.928 lectures courtes ont été générées et ces informations ont été introduites dans *Megahit et Trinity*, plates-formes logicielles pour le montage à base d'algorithmes de novo. Par l'intermédiaire de *Megahit*, 384 096 contigs, ou des séquences hypothétiques superposées, ont été générés et il a été déclaré que la plus longue (30 474 nucléotides) avait une "identité nucléotide de 89,1%" pour la chauve-souris SL-CoVZC45, autre construction fictive qui sera traitée ultérieurement. (Trinity a généré plus de 1,3 million de contigs mais le plus long était seulement 11.760 nucléotides - en d'autres termes, ils n'auraient pas trouvé le "génom" si seulement ils avaient utilisé cette plate-forme logicielle.) Le mot "virus" est apparu soudainement quand ils ont déclaré "la séquence du génome de ce virus, ainsi que ses termes, ont été déterminés et confirmés par la PCR de la transcription inverse". Il s'agit d'une manche à main car la PCR amplifie simplement des séquences pré-sélectionnées et n'a pas la capacité de confirmer un génome précédemment inconnu. Comme l'expert en PCR Stephen Bustin l'a expliqué, "PCR exige que vous sachiez quelle est la séquence de votre cible... donc une fois que vous saurez qu'il y a quelque chose dans votre échantillon, alors vous essayeriez de l'isoler, oui. Et une fois que vous l'aurez isolé, vous le séquencerez à nouveau, ou PCR"⁹¹. En d'autres termes, le PCR ne peut pas lui-même identifier les origines des séquences et la méthodologie de Fan Wu et al. n'a pas établi l'origine de ses séquences décrites. Cependant, dans la phrase suivante, ils annoncent au monde que "cette souche du virus a été désignée comme coronavirus WH-Human 1 (WHCV) ".

- Nous devons faire une pause à ce stade car c'est là que le virus frauduleux, qui sera bientôt renommé SRAS-CoV-2, a été inventé à partir de rien. Un virus qui, selon l'OMS, sans aucun élément de preuve, est l'agent causal du COVID-19.

Parce que c'est ce "génom" qui a été présenté à GenBank le 5 janvier 2020⁹² qui a été saisi par Drosten et al. pour aider à produire ses fausses séquences d'analyse du protocole PCR⁹³, qui à son

90 Illumina, Collection des méthodes de séquençage de l'ARN, 2017:

https://www.illumina.com/content/dam/illumina-marketing/documents/products/research_reviews/rna-sequencing-methods-review-web.pdf

91 Planet Waves FM with Eric F. Coppolino, "Interview avec le Dr Stephen Bustin ", 1 Feb 2021:

(1) <https://planetwaves.net/planet-waves-fm-interview-with-dr-stephen-bustin/>

transcripción de Joshua Halinen:

(2) <https://cormandrostenreview.com/wp-content/uploads/2021/02/bustin-transcript.pdf>

92 Zhang, et al., " Wuhan seafood market pneumonia virus isolate Wuhan -Hu-1, génome complet, GenBank: MN908947.1", présenté 5 jan 2020:

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MN908947.1>

93 Victor Corman and Christian Drosten, et al., "Detection of 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) by real-time RT-PCR", Euro Surveill, 23 Jan 2020:

<https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.3.2000045>.

En plus de GenBank: MN908947.1, qui a d'abord été mis à la disposition du public sur Virological.org

<https://virological.org/t/novel-2019-coronavirus-genome/319>, Drosten et al. a également utilisé "autres quatre génomes

tour ont été publiées avec impatience par l'OMS pour que tout le monde les utilise, en transformant WH-Human 1 en génome de référence du monde pour un pathogène réclamé. C'est cette invention qui est responsable de tout le sac d'armoiries destructrices imposées au monde après l'annonce de la pandémie par l'OMS le 11 mars 2020⁹⁴.

Cependant, quiconque prête attention peut voir qu'il n'y a aucune preuve d'un virus dans le rôle de Fan Wu et al.. Un virus est prétendu être un petit parasite intracellulaire obligatoire capable de se répliquer, constitué d'un génome entouré d'une enveloppe protéique : c'est une particule infectieuse qui provoque une maladie chez un hôte. Tout ce que Fans Wu et al. avait était un homme de 41 ans avec pneumonie et un modèle de "génome" monté par logiciel fait de séquences d'origine non établie trouvées dans les lavages pulmonaires de l'homme. Pour être légitime, ils ont déclaré que "l'organisation du génome viral du WHCV a été déterminée par alignement de séquence à deux membres représentatifs du genre Betacoronavirus: un coronavirus associé à l'homme (SRAS-CoV Tor2, numéro d'adhésion de GenBank AY274119) et un coronavirus associé à des chauves-souris (bat SL-CoVZC45, numéro d'adhésion de GenBank MG772933)". Ces génomes présumés sont également simplement construits "*in silico*" qui n'ont jamais été démontrés qu'ils existent dans leur totalité dans la nature, et encore moins qu'ils proviennent d'un virus. Par exemple, la chauve-souris SL-CoVZC45 a été inventée en 2018 par le processus de "19 paires dégénérées de PCR... conçus par alignement multiple de séquences disponibles de SRAS-CoV et de bat SL-CoV déposés sur GenBank "⁹⁵.

Les génomes du virus sont devenus ce qui est peut-être la plus grande illusion de la virologie, une illusion qui propage la croyance que l'existence de virus est démontrée. Les virologues eux-mêmes ne semblent pas apprécier le défaut fatal de leurs méthodologies même lorsqu'ils le déclarent eux-mêmes :

Actuellement, trois méthodes principales fondées sur le HTS [séquence à haut rendement] sont utilisées pour séquencer le génome entier viral: séquençage métagénomique, séquençage d'enrichissement objectif et séquençage d'amplicons de PCR, chacun présentant des avantages et des inconvénients (Houldcroft et al., 2017).

déposés le 12 janvier dans la base de données de séquence virale guérie par l'Initiative mondiale pour le partage de toutes les données d'Influenza (GISAID) " dans la conception de ses protocoles de PCR.

94 OMS, "Paroles d'ouverture du Directeur général de l'OMS lors de la réunion d'information sur la lutte contre le VIH/sida - 19 - 11 mars 2020", 11 mars 2020.

95 Dan Hu, et al. "Efficacité génomique et infectivité d'un nouveau coronavirus similaire au SRAS dans les chauves-souris chinois", *Microbes émergents et infections*, 12 sept. 2018: <https://doi.org/10.1038/s41426-018-0155-5>

Dans le séquençage métagénomique, l'ADN total (et/ou ARN) est extrait et séquencé d'un échantillon comprenant l'hôte, mais aussi des bactéries, des virus et des champignons. C'est une approche simple et rentable, et c'est la seule approche qui ne nécessite pas de séquences de référence. Au lieu de cela, les deux autres approches HTS, l'enrichissement cible et le séquençage des amplicons, dépendent toutes deux d'informations de référence pour concevoir des appâts ou des amorces. La limitation du séquençage métagénomique est qu'elle nécessite une profondeur de séquençage très élevée pour obtenir suffisamment de matériel du génome viral. ⁹⁶

La limitation la plus importante avec le séquençage "viral" est que le processus lui-même ne détermine pas la provenance des fragments génétiques, donc comment peut-il être utilisé pour établir la séquence d'un génome précédemment inconnu? Pour plus de clarté, nous ne parlons pas de situations dans lesquelles la provenance des séquences peut être vérifiée indépendamment, par exemple, des cellules bactériennes physiquement isolées. De plus, il est absurde de déclarer arbitrairement que des séquences sont virales par un processus d'élimination, c'est-à-dire en se basant sur le fait qu'elles n'ont pas d'attribution antérieurement conflictuelle sur les banques de données génétiques. Aucun des virologues ne prouve que les séquences soient de nature virale lorsqu'ils assemblent le premier modèle et déclarent qu'ils ont découvert un virus pathogène. À aucun moment, des particules virales présumées n'ont été purifiées pour prouver leur lien avec les séquences. Et pourtant, le premier génome de novo inventé devient la pierre de touche avec laquelle d'autres chasseurs de virus aligneront leurs propres génomes "*in silico*" ou concevront des protocoles "confirmateurs".

D'après ce que l'auteur sait, les virologues n'ont aucune technique de laboratoire qui puisse vérifier directement s'il y a un bout complet d'ARN de 30 kilobase dans l'un de leurs échantillons. La technologie existante d'électrophorèse de gel de champ pulsé ne peut distinguer de manière fiable les fils d'ADN de cette taille.⁹⁷ Quoi qu'il en soit, ces simulations restent une distraction parce que même si l'existence physique d'un génome *in silico* SRAS-CoV-2 - une séquence complète d'ARN de 30 kilobase - peut être démontrée dans la nature, les virologues auraient encore beaucoup de travail à faire. Tout d'abord, ils devraient démontrer que cette séquence appartient à une particule

96 Florence Mauricer, et al., "Un protocole complet pour le séquençage complet du génome du virus à partir d'échantillons cliniques: Application au coronavirus" OC43, *Virologie*, 531, mai 2019:
<https://doi.org/10.1016/j.virol.2019.03.006>

97 David Schwartz et Charles Cantor, "Separation des COV de taille chromosomique de levure par électrophorèse de gradient de champ pulsé", *Celda*, vol. 37, mai 1984:
[https://doi.org/10.1016/0092-8674\(84\)90301-5](https://doi.org/10.1016/0092-8674(84)90301-5)

compétente pour la réplique cause de maladies qui peuvent rendre malade une personne et non pas seulement l'affirmer.

Sur cette note, l'auteur a eu un échange d'e-mails avec un biologiste de l'évolution du *Wellcome Sanger Institute* qui a suggéré que le séquençage de l'ARN à lecture longue (par opposition au séquençage 'en aveugle' uniquement) fournissait la preuve nécessaire de l'existence du "SRAS-CoV-2".⁹⁸ Il a fait référence à une publication d'avril 2022 qui impliquait la séquence d'ARN à travers les longues lectures d'*Oxford Nanopore Technologies* (ONT)⁹⁹, dans laquelle il était affirmé qu'elle confirmait la validité des génomes du "virus" qui avaient été construits précédemment par séquençage 'en aveugle'. L'étude proposée décrit une expérience comparant les réponses entre diverses lignées cellulaires «infectées par le SRAS-CoV-2» et «simulées». Il a été allégué que les cellules expérimentales étaient "infectées par le virus Australie SRAS-CoV-2 (Australie/ VIC01/2020, NCBI: revendiqué par l'auteur Leon Caly et al. être un « isolat »¹⁰⁰, alors que l'isolement d'un virus n'a jamais été démontré, comme expliqué dans la figure 4 ci-dessous, et comme nous l'avons souligné dans *The COVID-19 Fraud & War on Humanity*¹⁰¹. Ainsi, l'argument du biologiste de l'évolution reposait sur la comparaison du produit frauduleux d'une expérience frauduleuse avec une "infection fictive", où le premier est invalidé par la déclaration trompeuse d'"isolement du virus" et le second s'invalide car les virologues ont changé son définition pour permettre à d'autres variables d'être modifiées. L'obtention de lectures plus longues ne change rien à ces problèmes fondamentaux. Le biologiste évolutionnaire affirmait que les variations dans les séquences et les protéines surveillées au fil du temps représentaient la preuve d'un virus en évolution¹⁰².

98 Par e-mail de Zachary Ardern:

<https://www.fluoridfreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/06/Mark-Bailey-Zachary-Ardern-emails-redacted.pdf>

99 Jessie Chang, et al., "Séquence d'ARN à lecture longue identifie l'émission de polyadénylation et de transcription différentielle Utilisation des transcriptions de l'hôte lors de l'infection par SARS-CoV-2 In Vitro", *Front. Immunol.*, 6 avril 2022:

<https://doi.org/10.3389/fimmu.2022.832223>

100 Leon Caly, et al., "Isolation et échange rapide du nouveau coronavirus 2019 (SARS-CoV-2) du premier patient diagnostiqué avec le COVID-19 en Australie", *Med. J. Aust.*, 1 avril 2020:

<https://doi.org/10.5694/mja2.50569>

101 Mark Bailey et John Bevan-Smith, "The COVID-19 Fraud & War on Humanity", 11 nov 2021:

<https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/>

102 Par e-mail de Zachary Ardern:

<https://www.fluoridfreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/06/Mark-Bailey-Zachary-Ardern-emails-redacted.pdf>

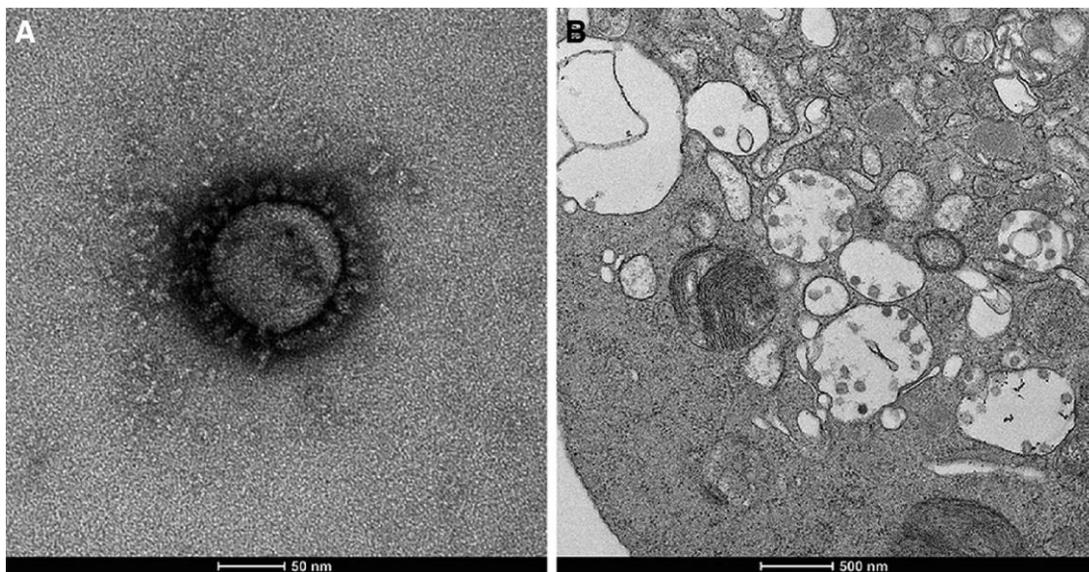


Figure 4. [Caly et al.](#) "isolation" du SRAS-CoV-2. Les micrographes à électrons proviennent d'un supernatant de culture cellulaire Vero/hSLAM: (A) a été déclaré comme un "virion" lorsqu'il s'agit simplement d'une particule de provenance inconnue. De plus, les «pointes» capsulaires ont été produites après que l'enzyme trypsine a digéré les protéines externes pour créer l'apparence souhaitée. (B) nous informe simplement de la taille des particules dans un mélange de tissu. Il n'y a pas eu d'expérience de contrôle valable sur un spécimen similaire dérivé de l'homme.

Il est une autre victime de la tromperie de la virologie par leur attachement spéieux du mot «viral» à ces entités. Lorsque toutes ces séquences et protéines ont été détectées à l'origine dans des expériences de culture de tissus, il n'a pas été démontré qu'elles appartiennent à des virus pathogènes, mais l'affirmation qu'elles sont "viraux" continue jusqu'à aujourd'hui.

Dans le même ordre d'idées et quelques mois après cet échange, le pathologiste/virologue Dr Sin Hang Lee a affirmé que son article pré-imprimé¹⁰³ fournissait « des preuves irréfutables de séquençage de Sanger que le virus [SRAS-CoV-2] existe et continue de muter », avec un invitation ouverte à défier son travail¹⁰⁴. Encore une fois, le présent auteur a fourni une réponse, détaillant l'utilisation abusive continue de la terminologie scientifique par la virologie ainsi que le problème sous-jacent de la provenance non établie des séquences génétiques analysées :

Pour exposer les problèmes de la virologie il est crucial d'examiner la section de méthodologie de toute publication et dans ce cas il n'est pas différent... Ceux d'entre nous qui contestent le récit du virus soulignent qu'aucune séquence d'ARN (ou d'ADN)

103 Sin Lee, "Mise en œuvre de la recommandation d'eCDC/OMS pour le diagnostic moléculaire des subvariants omychroniques SARS-CoV-2 et leurs défis", preprints.org, 14 juin 2022:

<https://www.preprints.org/manuscript/202206.0192/v1>

104 Mark Bailey, "Warnings Signs You Have Been Tricked By Virologists... Again", 25 juil. 2022:

<https://drsambailey.com/warnings-signs-you-have-been-tricked-by-virologists-again/>

n'a jamais été démontrée comme provenant de l'intérieur d'une particule identifiable spécifique répondant à la définition d'un virus. Ainsi, tous les ARN ne peuvent être exprimés que par un organisme connu, introduit artificiellement (par exemple injections synthétiques d'ARN) ou d'origine inconnue. Les « mutations » n'existent que dans des modèles in silico qui ne se sont pas révélés être des entités indépendantes dans la nature. Il y a d'autres raisons pour lesquelles les séquences d'ARN peuvent varier et varier en systèmes biologiques dynamiques et je ne peux imaginer qu'aucun virologue ne soit en désaccord avec ce fait. La simple détection des ARN ne suffit pas pour tirer des conclusions sur leur provenance. D'autres expériences sont nécessaires pour faire cette détermination¹⁰⁵.

En fait, aucune quantité de technologie génomique ou protéomique ne peut échapper au fait qu'en ce qui concerne ces données on suppose des preuves de virus, ce sont des tortues jusqu'en bas.

DES TORTUES JUSQU'EN BAS

Comme indiqué plus haut, 'bat SL-CoVZC45' a été un génome *in silico*, 29,802 nucléotides de longueur, inventé en 2018¹⁰⁶, qui a été utilisé par Fan Wu et al. comme un modèle de génome pour l'invention du génome SRAS-CoV-2. Il était censé provenir du tissu intestinal d'une chauve-souris qui a été capturé dans la province de Zhejiang, en Chine. Dans cette étude, les auteurs ont rapporté que "toutes les chauves-souris semblaient en bonne santé et ne présentaient aucun signe clinique évident lors de la capture", mais ont déclaré qu'un virus avait été détecté chez 89 des 334 chauves-souris sur la base d'un « test transcription inverse pan-coronavirus (RT)-PCR ». La folie de prétendre «l'isolement» de tout virus en induisant des CPE a déjà été décrite, mais dans ce cas, ils n'ont même pas observé ce phénomène dans les cultures de cellules Vero E6. En revanche, ils ont essayé une autre méthode pour "tester la pathogénicité de l'agent ZC45". Il s'agissait de prendre 20 µl du tissu intestinal de la chauve-souris moulue et de l'injecter directement dans le cerveau des rats BALB/c âgés de 3 jours. (En poids, ce serait l'équivalent de l'injection de plusieurs centaines de cerceaux de matériau dans un cerveau humain¹⁰⁷.) Le non-sens d'injecter un tel tissu biologique directement dans le cerveau d'animaux nouveau-nés consanguins et fragilisés ne devrait pas nécessiter

105 Ibid.

106 Dan Hu, et al. "Efficacité génomique et infectivité d'un nouveau coronavirus similaire au SRAS dans les chauves-souris chinois", *Emerging microbes & infections*, 12 sept. 2018: <https://doi.org/10.1038/s41426-018-0155-5>

107 [Gouvernement de l'Australie](https://www.arc.wa.gov.au/?page_id=125) occidentale - Centre des ressources animales, "Rat and Mice Weights": https://www.arc.wa.gov.au/?page_id=125

d'explication supplémentaire. Comme c'est généralement le cas dans les expériences de virologie, il n'y avait pas de groupe témoin dans lequel du matériel biologique similaire, censé ne pas contenir le virus, était injecté directement dans le cerveau d'autres bébés rats. Ils ont rapporté que des “particules virales suspectes” ont été observées dans certains cerveaux de rats, mais à aucun moment ils n'ont démontré la composition ou la fonction biologique de ces “particules virales suspectes” observées dans leurs lames. De plus, «l'infection» a été déclarée sur la base de tests RT-PCR positifs qui ont détecté les mêmes séquences d'ARN chez les bébés rats au moment de leur sacrifice que celles qui leur avaient été injectées récemment - évidemment pas quelque chose qui nécessitait l'existence d'un virus.

Ainsi, sans isoler physiquement aucune particule virale présumée ont procédé à homogénéiser, centrifuger et filtrer les échantillons intestinaux avant de déclarer, “l'ARN viral a été extrait avec un Mini Kit d'ARN viral (Qiagen, Hilden, Allemagne) conformément aux recommandations du fabricant”. (Voir [page 53](#) pour une explication de la raison pour laquelle il n'est pas possible pour les kits de ce type d'extraire sélectivement l'ARN sur la base de sa provenance, que les virus existent ou non.) Une étape de transcription inversée a alors eu lieu avant l'amplification PCR du mélange. Ils ont prétendu séquencer le génome complet de [SL-CoV] ZC45 à travers 19 paires d'amorces PCR dégénérées, “conçues par alignement multiple des séquences disponibles du SRAS-CoV et du SL-CoV de chauve-souris déposées dans GenBank”. En d'autres termes, sa déclaration de découverte d'un génome viral ne reposait pas sur des preuves directes d'un virus, mais sur la détection de séquences de provenance non établies alignées sur des modèles de virus encore plus fictifs. Il n'a pas été divulgué combien d'amplification PCR a eu lieu à cette étape, mais l'étape de « criblage RT-PCR » impliquait un premier cycle de 40 cycles, suivi d'un second cycle de 30 cycles. Une telle amplification ridicule entraînerait un artefact, ce qui signifie que les séquences cibles sont « trouvées » simplement à la suite du processus lui-même plutôt que d'être nécessairement physiquement présentes dans les échantillons.

Il convient de noter que l'histoire du virus de la chauve-souris est en jeu depuis «l'explosion» de SRAS de 2003 et apparemment, après des milliers d'années, la race humaine est maintenant sous la menace constante des virus qui percolent dans les grottes de chauves-souris chinoises.

En 2005, le président de l'EcoHealth Alliance, le Dr Peter Daszak, a co-écrit un article paru dans Science intitulé, “Bats Are Natural Reservoirs of SRAS-Like Coronaviruses”¹⁰⁸. Dans cette étude, Daszak et co. n'a pas pu trouver de “coronavirus” dans leur sélection de chauves-souris grâce à la technique frauduleuse habituelle d'observation des CPE in vitro, déclarant qu’“aucun virus n'a été isolé à partir d'écouvillons fécaux d'échantillons PCR-positive utilisant des cellules Vero E6”. Cependant, ils étaient heureux de déclarer qu'ils avaient des preuves de ces virus grâce à leurs produits de PCR à cycle absurde élevé (35-45) obtenus à partir d'échantillons bruts de chauves-souris. Celles-ci ont été prétendues être des « séquences virales » parce que, dans le cadre du raisonnement circulaire de la virologie, elles ont « trouvé » les séquences très « virales » que leur protocole de PCR était conçu pour détecter. Ils ont averti à juste titre le monde que “la diversité génétique existe parmi les virus zoonotiques dans les chauves-souris en augmentant la possibilité que les variantes traversent la barrière de l'espèce et provoquent des épidémies chez les populations humaines”. Malheureusement, ce folklore zoonotique s'est étendu de la littérature de virologie à l'imagination du public. Daszak est un grand promoteur et bienfaiteur de l'histoire du virus des chauves-souris et, en 2015, il a conseillé à ses collègues que pour maintenir les revenus qui arrivent, ils auraient besoin, “ d'accroître la compréhension publique de la nécessité de MCM [contre-mesures médicales] comme un vaccin pan-influenza ou pan-coronavirus”¹⁰⁹

Dans tous les cas, une branche de l'une des pistes imaginaires du modèle de coronavirus ramène à l'une des affirmations originales concernant le génome du SRAS-CoV, qui serait la cause de la première “épidémie” de SRAS. En avril 2003, Yijun Ruan et al. a soumis à GenBank son « génome complet du coronavirus SRAS-Sin2500 », qui est devenu le numéro d'adhésion AY283794.1.¹¹⁰ Cependant, ce génome a été inventé non pas en séquençant directement des particules virales présumées, bien sûr, mais en séquençant l'ARN dans une expérience de culture de cellules Vero par « des approches à la fois shot-gun (aléatoire) et spécifiques d'amorçage », avec un alignement sur « la séquence du génome du virus de l'hépatite de la souris ». (NC_001846) comme pilier¹¹¹. Le

108 Wendong Li, et al., “Bats Are Natural Reservoirs of SARS-Like Coronaviruses”, Science, 29 sept. 2005: <https://doi.org/10.1126/science.1118391>

109 “Developing MCMs for Coronaviruses”, dans Rapid Medical Countermeasure Response to Infectious Diseases: Permettre des capacités durables grâce à des partenariats continus entre les secteurs public et privé : résumé de l'atelier, Washington DC : National Academies Press, 12 février 2016: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK349040/>

110 GenBank, “SAS Coronavirus Sin2500, génome complet - AY283794.1”, 27 avril 2003: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/30468042>

111 Yijun Ruan, et al., “Analyse comparative de séquence complète du génome de 14 souches virales du coronavirus SARS et mutations communes associées à des origines putatives d'infection”, Lancet, 24 mai 2003: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7140172/>

génom NC_001846.1 a été inventé en 1997 et il a été déclaré qu'il découlait d'un virus qui était, à l'origine, « obtenu par le Dr Lawrence Sturman » et séquencé, « en utilisant comme modèles, l'ARN pénoplasmique extrait de monocouches de cellules L2 infectées par MUV-A59, C12, C3, C5, C8, B11 ou B12»¹¹². L'affirmation selon laquelle ils ont commencé avec un virus semble être basée sur l'assurance du Dr Sturman que l'échantillon qu'il a fourni contenait une telle chose.

Il devrait être clair à ce stade que chaque génome de coronavirus a été modélisé par rapport à d'autres soi-disant génomes sans que les virologues démontrent qu'aucune des séquences ne provient d'un virus. Il est donc instructif de revenir au prétendu premier génome complet du coronavirus à être publié, qui était le « Avian Infectious Bronchitis Virus »¹¹³ (IBV) par Bournsnel et al. en 1987, et ensuite utilisé par d'autres comme l'un des modèles originaux. Ils n'ont pas séquencé aucune particule virale postulée directement, mais ont utilisé, « 17 clones de cDN qui couvrent le tiers du génome avec 27 569 kb », notant que les clones « ont été dérivés d'ARN isolés du virus purifié par degré de la souche Beaudette & Hudson, 1937; Brown & Bournsnel, 1984 ». L'article précité de Brown & Bournsnel affirme que « la préparation des clones de cDNA a été décrite ci-dessus (Brown et Bournsnel, 1984) »¹¹⁴. Cette citation subséquente est leur publication intitulée « L'ARN génomique du virus de la bronchite infectieuse aviaire contient des homologies de séquence aux frontières intergéniques »¹¹⁵. Dans cet article, ils affirment que la « souche IBV Beaudette a été cultivée dans des œufs embryonnés âgés de 11 jours. Les virions ont été isolés du liquide alantoïque et purifiés par centrifugement isopycnic¹¹⁶ en gradients de saccharose ». Cependant, aucune preuve n'a été fournie dans aucun de ces documents qu'ils: (a) avait purifié quoi que ce soit, sans parler des « virions », sous la forme de micrographies électroniques de confirmation, ou (b) effectué des expériences de contrôle valides. Tout ce que nous pouvons voir, c'est qu'ils ont supposé que les virus étaient présents dans leur mélange de culture et après le centrifugement ont affirmé que les séquences d'ARN détectées étaient de ces virus imaginés.

112 Isabelle Leparç-Goffart, et al., "Altered Pathogenesis of a Mutant of the Murine Coronavirus MUV-A59 Is Associated with a Q159L Acid Substitution in the Spike Protein", *Virology*, 8 déc. 1997:
<https://doi.org/10.1006/viro.1997.8877>

113 Michael Bournsnel, et al., "Finalisation de la séquence du génome du virus de la bronchite infectieuse aviaire coronavirus", *J gene Virol*, 1 jan 1987:
<https://doi.org/10.1099/0022-1317-68-1-57>

114 T.D.K. Brown & Michael Bournsnel, "Séquençage de l'ARN génomique du coronavirus IBV : un cadre de lecture ouvert de 195 bases codé par l'ARNm B", *Gene*, Jul-Aug 1984:
[https://doi.org/10.1016/0378-1119\(84\)90169-0](https://doi.org/10.1016/0378-1119(84)90169-0)

115 T.D.K. Brown & Michael Bournsnel, *Virus Research*, jan 1984:
[https://doi.org/10.1016/0168-1702\(84\)90031-5](https://doi.org/10.1016/0168-1702(84)90031-5)

116 La centrifugeuse isopycnic sépare les particules par densité cf. taux de centrifugement zonal sépare les particules par taille:
<https://www.differencebetween.com/difference-between-rate-zonal-and-isopycnic-centrifugation/>

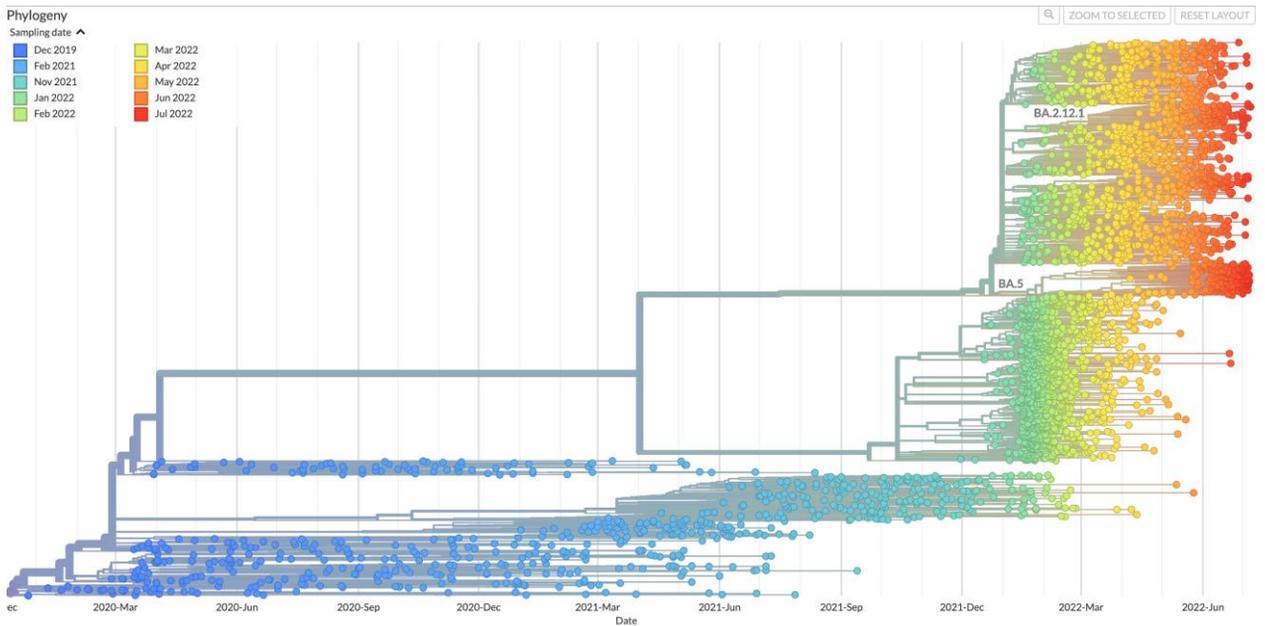


Figure 5. L'arbre phylogénétique SRAS-CoV-2 sur [Gisaid.org](https://gisaid.org), au 15 juillet 2022. Il n'a jamais été démontré que le premier "génom" de décembre 2019 (Fan Wu et al.) provenait d'un virus, mais grâce au raisonnement circulaire de la virologie, des séquences similaires trouvées ailleurs sont présentées comme la preuve d'un "virus" en évolution. Cependant, les méthodes incontrôlées qui sont utilisées en font un arbre généalogique fictif, *in silico*. Détecter, ou prétendre détecter des séquences génétiques sélectionnées dans l'environnement ne confirme pas l'existence d'un virus puisque la provenance des séquences n'a pas été établie ou a été erronée. Il en va de même pour les protéines détectées.

L'affirmation originale selon laquelle ils avaient affaire à un virus (IBV) remonte aux années 1930 et était basée sur les mêmes conclusions erronées tirées de la méthodologie employée dans les expériences sur le "virus" du sarcome de Rous en 1911 (voir page 18). Dans le cas de l'IBV, le matériel a été pris à partir de poulets malades, passé à travers les filtres bactériens de Berkefeld puis introduit dans les voies respiratoires d'autres poulets.¹¹⁷ Au motif que cela pourrait également rendre les oiseaux receveurs malades, il a été déclaré que « ces résultats démontrent que la maladie est causée par un virus filtrable ». Cependant, aucune expérience n'a montré qu'une particule infectieuse est responsable des effets toxiques. En résumé, les arbres phylogénétiques "coronavirus" suivants qui ont été créés depuis les années 1980 ne sont pas la preuve de "virus en évolution", ils sont la preuve d'un schéma de commercialisation à plusieurs niveaux qui n'a aucun produit physique établi.

Le danger pour l'humanité est que les génomes putatifs du coronavirus qui ont été modélisés à partir des spéculations des virologues sont maintenant utilisés comme modèles pour créer et

117 J. R Beach & O. W. Schalm, "A Filterable Virus, DisEnt from that of LaryngotracheiEs, the Cause of a Respiratory Disease of Chicks", Poultry Science, mai 1936: <https://doi.org/10.3382/ps.0150199>

injecter des produits à de malheureux destinataires qui ont été dupés et dupés en leur faisant croire que la dernière invention de la virologie était réelle. En d'autres termes, les inventions génomiques fictives de la virologie ont été confiées pour créer des interventions médicales et des politiques totalement inutiles. La dangereuse et hautement expérimentale ARNm et la biotechnologie nanoliptique ont tué plus de personnes que tous les autres vaccins combinés au cours des 30 dernières années, et nous avons à peine commencé à compter.¹¹⁸

LA REVENDICATION DU CDC SUR LE SRAS-COV-2

Avec le retard déjà connu, le CDC a mis huit mois à répondre à une demande de liberté d'information concernant ses affirmations d'“isoler le SRAS-CoV-2” dans sa publication *Emerging Infectious Diseases* de juin 2020, “*Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 from Patient With Coronavirus Disease, United States*” de Jennifer Harcourt et al.¹¹⁹ Les questions posées au CDC par mon collègue étaient simples et incluaient les éléments suivants: « Le scientifique de cet article a-t-il utilisé des groupes de contrôle ? Si oui, les groupes de contrôle ont-ils utilisé les mêmes formulations de mélanges de culture cellulaire que les groupes expérimentaux sans l'échantillon contenant les virus présumés? (...) En résumé, si des groupes de contrôle ont été utilisés, veuillez énumérer les détails des groupes de contrôle »¹²⁰. Au lieu de demander à Jennifer Harcourt ou à l'un des membres de son équipe de répondre à cette simple demande, le 29 mars 2022, le CDC a répondu qu'ils avaient “localisé 37 pages d'enregistrements réactifs et une feuille de calcul Excel”, prétendument conformément au matériel demandé.¹²¹ En résumé, les “registres de réponse” du CDC comprenaient:¹²²

1. Les e-mails internes du CDC partageant des images telles que la figure 6 prétendent montrer, «des photos de portée du N-CoV potentiel 2019 du 1er cas américain». Les microbiologistes de recherche du CDC, Azaibi Tamin, espéraient que “certains de ces 7 lysats montrent que les CPE sont causés par le N-CoV 2019”, tandis que Stephen Lindstrom a commenté qu'il s'agissait de “très belles cellules malheureuses”. L'équipe d'immunologie du virus respiratoire leader, Natalie Thornburg a alors demandé si “, vous

118 <https://vaersanalysis.info/> (consulté le 25 juin 2022).

119 Jennifer Harcourt, et al., “Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 from Patient with Coronavirus Disease, United States”, *Emerging Infectious Diseases*, Juin 2020: https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/26/6/20-0516_article

120 Par courrier électronique à une demande d'information FOIA (CDC), “FOIA: Control Group Information requested for SeverAcute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 from Patient with Coronavirus Disease, United States”, 1 août 2021.

121 Lettre de Roger Andoh, officier de FOIA du CDC/ATSDR, “# 21-01704-FOIA”, 29 mars 2022: <https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/05/CDC-Harcourt-mock-infected-MS-PACKAGE-redacted.pdf>

122 Ibid.: document PDF de 37 pages de Roger Andoh, Officier de FOIA des CDC/ATSDR, “USA CDC - Controls - Records Responsive.pdf”, 29 mars 2022.

pourriez envoyer les fichiers JPEG ou TIFF originaux pour vos images CPE? Je veux commencer à travailler sur une figure de qualité de publication”.



Figure 6. Dans sa réponse sur la liberté d'accès à l'information du 29 mars 2022, les détails de la diapositive de l'expérience "simulée" n'ont pas été fournis par le CDC, bien qu'ils soient spécifiquement demandés. Les autres diapositives sont censés être la preuve des effets du SRAS-CoV-2 (et donc de l'existence implicite).

2. Numéros d'adhésion de GenBank MT020880 et MT020881, qui figuraient dans la publication Harcourt et al. /CDC et étaient déjà disponibles au public.
3. L'article "*A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019*"¹²³ de Na Zhu et al. dans la publication *New England Journal of Medicine*, qui, selon l'électron microscopiste Cynthia Goldsmith du CDC, "a 2 très belles images EM dans la Figure 3, une d'épithéliale des 'voies respiratoires humaines'". Nous avons traité des folies de cet article dans *The COVID-19 Fraud & War on Humanity*, avec Na Zhu et al. également coupables d'expériences de dégradation incontrôlées de cultures de tissus dans lesquelles ils ont baptisé des micrographies électroniques de vésicules extracellulaires de composition et de fonction biologique non prouvées "2019-nCoV".¹²⁴ (L'un des co-auteurs de l'article, Wenjie Tan, a déclaré à Torsten Engelbrecht le 18 mars 2020 qu'ils avaient "une image de particules virales sédimentées, et non purifiées".¹²⁵ Ainsi, l'affirmation selon laquelle ce sont des "particules virales" est simplement une affirmation, car aucune partie de l'article ne démontre la composition ou la fonction biologique de ces vésicules imagées).
4. Une feuille de calcul avec des résultats de seuil de cycle de PCR non informatifs pour « 4

123 Na Zhu et al., "A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019", *New England Journal of Medicine*, 382 (20 fév. 2020, publié pour la première fois 24 jan 20, mis à jour 29 jan. 2020), 728:

<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31978945/>

124 Mark Bailey et John Bevan-Smith, "The COVID-19 Fraud & War on Humanity", 11 nov 2021:

<https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/>

125 Torsten Engelbrecht & Konstantin Demeter, « Les tests PCR COVID19 sont scientifiquement dénués de sens », *off-Guardian*, 27 juin 2020:

<https://off-guardian.org/2020/06/27/covid19-pcr-tests-are-scientifically-meaningless/>

virus » qui ont été soumis au laboratoire de diagnostic des virus respiratoires du CDC.

5. Une page qui commence par, “par commodité administrative et pour répondre pleinement à votre demande, le personnel du programme a fourni les informations suivantes avec des liens Web correspondants”, qui n'a absolument pas fourni d'informations relatives à la façon dont les expériences de “isolation virale” du CDC ont été correctement contrôlées.

Le 23 décembre 2021, Christine Massey a également présenté une demande au CDC pour obtenir des détails complets sur l'expérience de « simulacro infecté » de Harcourt et al., qui comprend « la quantité de matériel de spécimens d'hisopo nasofaringe et d'oropharynx non infectés qui a été ajoutée au groupe de contrôle de la culture cellulaire ». ¹²⁶ Le CDC a finalement répondu à la demande de Massey le 10 mai 2022 avec 36 pages d'information tout aussi inutile et l'excuse que:

En ce qui concerne certaines parties de votre demande, une recherche de nos dossiers n'a révélé aucun document lié à votre demande. Ces portions concernent votre demande de... “...Culture cellulaire - Détails du groupe expérimental :” et “Culture cellulaire - Détails du groupe “infecté”/témoin :” et “Séquençage du “génomome entier” - Détails sur la pureté et le contrôle : » Votre demande a été envoyée au Centre national de vaccination et de maladies respiratoires (NCIRD) pour la recherche. Ils ont répondu que certains détails de votre demande n'étaient pas disponibles en tant que dossiers contrôlés ou conservés par le CDC. ¹²⁷

En d'autres termes, le CDC semble ignorant du fait qu'ils ne suivent pas la méthode scientifique ou qu'ils se rendent compte que le jeu est en cours et participent à des réponses désinvoltes. Quoi qu'il en soit, ils ne peuvent pas être pris au sérieux comme source d'informations scientifiques fiables s'ils favorisent également des expériences incontrôlées comme test de virus.

LES DIVULGATIONS DE PENG ZHOU ET AL.

Il y a eu des cas où les chercheurs ont donné des réponses à leurs méthodes dans lesquelles, intentionnellement ou non, ils sont étonnamment francs à propos de leurs expériences non scientifiques. Le 3 février 2020, Peng Zhou et al. a publié son article, « Une épidémie de pneumonie associée à un nouveau coronavirus d'origine probablement chauve-souris », dans Nature, alléguant,

¹²⁶ Christine Massey, par e-mail à CDC, « FOIA request to CDC: Harcourt et al. » SARS-COV2 isolation « paper - inublished details » ,23 déc. 2021:

<https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/05/CDC-Harcourt-mock-infected-CM-PACKAGE-redacted.pdf>

¹²⁷ Lettre d'Emerique Magyar, officier de FOIA du CDC/ATSDR à Christine Massey, "# 22-00578-FOIA", 10 mai 2022:

<https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/05/CDC-Harcourt-mock-infected-CM-PACKAGE-redacted.pdf>

« l'identification et la caractérisation d'un nouveau coronavirus (2019-nCoV) ». ¹²⁸ Dans leur expérience d'isolation, les auteurs ont produit des images montrant des CPE apparentes sur les cellules soi-disant « 2019-nCoV-infectées » Vero E6, mais pas de CPE dans les « cellules simulacre d'infection » ¹²⁹, ces dernières prétendaient être un « contrôle ». Mais quelle était la nature de cette apparente expérience de contrôle ? Les détails n'ont pas été fournis dans leur article publié, ils ont donc été contactés par l'un de mes collègues en août 2021 qui a extrait des aveux surprenants de l'un des co-auteurs de l'article, Xing-Lou Yang. Premièrement, mis à part le fait qu'il n'y avait pas d'expériences de contrôle positives (c'est-à-dire avec des échantillons humains comparables moins le virus présumé), Yang a déclaré qu'ils avaient doublé la dose de pénicilline et de streptomycine dans le groupe expérimental. ¹³⁰ Lorsqu'on lui a demandé pourquoi cette variable avait été modifiée, la réponse a été : « l'intention des anti-anti [les deux antibiotiques] est d'empêcher la contamination par des bactéries ou des champignons pendant l'isolement du virus, donc une concentration de 1 % ou 2 % n'a pas affecté la croissance cellulaire. 2% de la première génération n'était que pour éviter la contamination des échantillons ». ¹³¹

Mon collègue a suggéré de procéder à l'expérience de “contrôle” à nouveau avec les antibiotiques à doses plus élevées pour s'assurer que ce n'était pas l'un des facteurs qui provoquent des CPE dans la lignée cellulaire du rein. Yang a ensuite fourni la réponse évasive, “si vous pouviez vous assurer qu'il pourrait prévenir la contamination de bac [bactéries] ou de champignons, vous n'avez pas besoin d'utiliser l'Anti-Anti” ¹³² apparemment en ignorant le point crucial qu'ils pourraient être les antibiotiques supplémentaires qui étaient toxiques pour les cellules (en particulier comme streptomycine est connu qu'il est cancérrogénicité). Au moins, ils avaient modifié d'autres variables par rapport à leurs contrôles et avaient donc encore affaibli leurs résultats.

Une autre révélation stupéfiante des auteurs était que dans leur groupe expérimental, seul un ‘mélange’ sur 24 contenant des cultures de cellules rénales Vero E6 présentait des preuves d'ECP. ¹³³

128 Peng Zhou, et al., "Une épidémie de pneumonie associée à un nouveau coronavirus d'origine probable de chauve-souris", Nature, 579, 12 mars 2020 :

<https://www.nature.com/articles/s41586-020-2012-7>

129 Ibid. "Données étendues Fig. 6: Isolation et caractérisation antigénique de 2019-nCoV:

<https://www.nature.com/articles/s41586-020-2012-7/figures/9>

130 (Correspondance personnelle par courrier électronique de Xing-Lou Yang, 5 août 2021.)

131 Ibid.

132 Ibid.

133 Ibid.

Par conséquent, ce qui doit être considéré comme une marge expérimentale d'erreur est la base d'une des déclarations d'un nouveau pathogène mortel réclamé, décrit dans un article qui, à partir de juillet 2022, a été accédé 1,34 million de fois et cité plus de 10 mille fois.¹³⁴ Les autres auteurs qui rédigent cet article réalisent-ils l'in vraisemblable faiblesse des « preuves » sur lequel repose ce château de cartes appelé COVID-19 ? Peut-être ne seraient-ils pas dérangés par une telle révélation alors que les expériences biologiques sont de plus en plus abandonnées alors que les « génomes » *in silico* sont absurdement revendiqués comme fournissant une preuve suffisante de l'existence des virus. Dans le cas de Zhou et al., sa simulation par ordinateur a été proclamée fièrement comme "96% identique au niveau du génome complet à un coronavirus de chauve-souris". Ils ont décidé de modeler leur nouvelle invention virale contre cette séquence, en se fondant sur le fait que "des études précédentes ont montré que certaines chauves-souris SRASr-CoV ont le potentiel d'infecter les humains".¹³⁵

Control Group Vero E6

- Cell Culture Plate: 24 wells
- Cell Lines: Vero E6
- DMEM: 0.5 ml per well
- FBS: 2%
- Anti-Anti: 1%
- Trypsin: None

Experimental Group Vero E6

- Cell Culture Plate: 24 wells
- Cell Lines: Vero E6
- DMEM: 0.5ml per well
- FBS: 2%
- Anti-Anti: 2%(1st gen), 1% (next gen)
- Trypsin: None

Figure 7. L'étude de Peng Zhou et al. et sa méthodologie non révélée précédemment: dupliquer les antibiotiques dans le groupe expérimental pour voir CPE dans un seul des 24 mélanges. Il est déclaré que cela constitue la preuve d'un nouveau pathogène viral "2019-nCoV", plus tard pour être renommé SRAS-CoV-2.

Son logiciel a joint ce qui est devenu des numéros d'adhésion de GenBank MN996527-MN996532 et cette forme de fausse "vérification", qui n'a pas également de contrôles valides, a été documentée dans cet essai.

PLUS DE TROMPERIE DE WUHAN?

Au début de 2022, un mathématicien travaillant avec le Dr Stefan Lanka a lancé une analyse des données de séquence associées produites par Fan Wu et al.¹³⁶ Étonnamment, il a été conclu que:

134 Mesures de l'article, « Une épidémie de pneumonie associée à un nouveau coronavirus d'origine probable de chauve-souris », Nature : <https://www.nature.com/articles/s41586-020-2012-7/metrics> (consulté le 1er avril 2022).

135 Peng Zhou, et al., "Une épidémie de pneumonie associée à un nouveau coronavirus d'origine probable de chauve-souris", Nature, 579, 12 mars 2020 : <https://www.nature.com/articles/s41586-020-2012-7>

136 "Strukturelle Analyse von Sequenzdaten in der Virologie- tablen und Abbildungen", magazine WISSENSCHAFFtPLUS, janvier

Une répétition de l'assemblée du de novo avec Megahit (v.1.2.9) a montré que les résultats publiés ne pouvaient pas être reproduits. Il est possible que nous ayons détecté des acides ribonucléiques (ribosomales) d'origine humaine, contrairement à ce qui a été rapporté [par Fan Wu et al.]... Il y a des preuves que seuls des acides se sont utilisés pour construire le génome viral réclamé pour le SRAS- CoV-2. En outre, en ce qui concerne la construction du brin de génome viral revendiqué, aucun résultat d'éventuelles expériences de contrôle n'a été publié. Ceci est également vrai pour toutes les autres séquences de référence envisagées dans le présent travail. Dans le cas du SRAS-CoV-2, un contrôle évident serait que le génome viral revendiqué ne puisse pas être assemblé à partir de sources d'ARN insoupçonnées d'origine humaine, voire autre.

Outre le fait que les méthodes actuelles de virologie pour trouver des virus doivent être rejetées, l'absence de représentativité de votre propre expérience soulève instantanément des questions sur les circonstances dans lesquelles les inventeurs originaux de SRAS-CoV-2 ont annoncé leur nouveau virus au monde. En fait, cette analyse indépendante n'a obtenu que 28 459 contigs, soit nettement moins que le nombre (384 096) décrit par Fan Wu et al. En outre, le contig le plus long obtenu indépendamment était 29.802 nucléotides, qui était 672 nucléotides plus court que celui de Fan Wu, ce qui signifie que, "les données de séquence publiées ne peuvent pas être les lectures originales utilisées pour l'assemblage". L'analyse du mathématicien a également conclu que:

L'alignement sur la base de données des nucléotides du 05/12/2021 a montré une forte coïncidence (98,85%) avec "Homo sapiens RNA, 45S preribosomal N4 (RNA45SN4), ribosomal RNA" (GenBank: NR_146117.1, daté du 04/07/2020). Cette observation contredit l'affirmation de [1] selon laquelle l'épuisement de l'ARN ribosomique a été réalisé et les lectures de la séquence humaine ont été filtrées à l'aide du génome de référence humain (libération humaine 32, GRCh38.p13). D'une importance particulière ici est le fait que la séquence NR_146117.1 n'a été publiée qu'après la publication de la séquence de la bibliothèque SRR10971381 considérée ici. Cette observation met l'accent sur la difficulté de déterminer a priori l'origine exacte des fragments individuels d'acidemuyine utilisés pour construire des séquences de génome viral.

Quoi qu'il en soit, les problèmes ne s'arrêtent pas là. La distribution de couverture pour certains des contigs a été extrêmement inhomogénéisée et étant donné le taux élevé d'erreur, il a posé la question de savoir si certaines des séquences étaient simplement celles générées par les conditions d'amplification PCR elle-même. Une fois de plus, il s'agit d'une méthode anti-scientifique car il n'y a

2022. Version anglaise:

<https://brandfolder.com/s/3z266k74ppmnwkvfrxs6jjc>

pas d'expériences de contrôle appropriées (avec des échantillons similaires dérivés humains) pour examiner ces possibilités. L'analyse indépendante a révélé que Fan Wu et al. aurait pu trouver mieux *in silico* des correspondances consensuelles pour le «VIH» et le «virus de l'hépatite D» qu'un «nouveau coronavirus» chez leur homme de 41 ans de Wuhan, qui s'est présenté avec une pneumonie comme l'un des premiers cas déclarés de COVID-19. Si les virologues veulent trouver un virus, tout dépend de la façon dont ils conçoivent leurs protocoles et de ce qu'ils demandent à l'ordinateur de chercher - et comment ces devins sauront-ils quoi chercher ?

L'AMORÇAGE D'UNE PANDÉMIE PCR PAR LE PROFESSEUR STEPHEN BUSTIN

Les scientifiques ont tendance à supposer que tout en dehors de leur domaine d'intérêt est vrai et qu'ils ne peuvent faire confiance qu'à lui.

- David Crowe après son entretien avec Stephen Bustin en avril 2020.¹³⁷

Pour soutenir l'illusion de la "pandémie" COVID-19, il a fallu des cas. Ceux-ci ont été fournis par le plus grand programme de tests humains au monde qui implique des milliards de kits PCR répartis dans le monde entier. Il n'est pas clair pourquoi Stephen Bustin, qui est un « expert de renom mondial en QR quantitatif, et ses recherches se concentrent sur la traduction de techniques moléculaires en outils pratiques, robustes et fiables pour l'utilisation clinique et le diagnostic »¹³⁸ n'a pas mis en évidence de manière décisive l'utilisation inappropriée du processus de PCR. Bustin a été l'auteur principal de la publication de 2009 "The MIQE Guidelines: Informations minimales pour la publication d'expériences quantitatives de PCR en temps réel"¹³⁹, dans lequel les principales considérations conceptuelles pour les expériences de PCR en temps réel ont été décrites comme suit :

1. 2.1 La sensibilité analytique se rapporte au nombre minimal de copies dans un échantillon qui peut être mesuré avec précision lors d'un essai, tandis que la sensibilité clinique est le pourcentage d'individus présentant un trouble puisque l'essai identifie comme positif pour cette condition...
2. 2.2 *La spécificité analytique concerne l'essai qPCR qui détecte la séquence de destination appropriée au lieu d'autres objectifs non spécifiques également présents*

137 Le mythe infecté avec David Crowe - "Simplifier RT-PCR" 21 avril 2020:
<https://infectiousmyth.podbean.com/e/the-infecioso-mito-simplificador-rt-pcr/>

138 <https://aru.ac.uk/people/stephen-bustin>

139 Stephen Bustin, et al., "The MIQE Guidelines: Minimum Information for Publication of Quantitative Real-Time PCR Experiments", *Chimie clinique*, 1 avril 2009:
<https://doi.org/10.1373/clinchem.2008.112797>

dans un échantillon. La spécificité diagnostique est le pourcentage d'individus sans condition que l'essai identifie comme négatif pour cette condition.

Si Bustin est resté fidèle à la science, il aurait dû mettre un terme à la pandémie de PCR en janvier 2020 lorsque les protocoles de PCR Corman-Drosten ont été publiés.¹⁴⁰ Le mot “spécificité” n'apparaît qu'une fois dans le document de Corman-Drosten et n'a rien à voir avec le diagnostic d'une condition clinique, et encore moins avec une infection virale. Il n'y a pas eu de « détection 2019-nCoV », comme le document l'indique, tout ce qui a été établi était la spécificité analytique de son essai pour détecter des séquences de destination sélectionnées. Il s'agissait d'une expérience de réaction moléculaire in vitro avec la technologie de l'acide cérebrostatique synthétique qui n'exige pas l'existence d'un virus. De plus, il n'y a pas eu d'établissement de la relation entre le résultat de la PCR et une condition clinique, c'est-à-dire qu'il n'a jamais été démontré que les kits de PCR COVID-19 diagnostiquent quoi que ce soit chez un sujet humain. Une maladie inventée sur la base d'un virus fictif.

Mis à part la question de la spécificité, il n'a pas été très médiatisé que l'expert mondial de la PCR ait déclaré à David Crowe en avril 2020 que, (même selon les propres termes de la virologie), qualifiant un résultat de PCR de coronavirus de “positif” à 36-37 cycles, comme cela se passait dans le monde entier était «un non-sens absolu. Ça ne veut absolument rien dire. »¹⁴¹ Cependant, la fraude PCR a été encore plus évidente quand Eric Coppelino a interviewé Bustin à *Planet Waves FM* en février 2021.¹⁴² L'intention de Coppelino était d'en savoir plus sur la transcription inversée problématique (RT) passage du processus RT-PCR, mais il a été surpris après l'interview pour se rendre compte que ce qu'il pensait était un test parfois inexact était complètement frauduleux.¹⁴³ Bustin semblait mal à l'aise quand Coppelino a noté que tous les résultats positifs de PCR étaient appelés un “cas confirmé d'infection”, même s'ils n'avaient pas de symptômes.¹⁴⁴ Au lieu d'admettre que la spécificité diagnostique des kits PCR n'avait jamais été établie, Bustin a proposé des explications périphériques comme l'affirmation que « les UCI sont dépassés en ce moment. »

140 Victor Corman, et al., "Detection of 2019 novel Coronavirus (2019-nCoV) by real-time RT-PCR", Euro Surveill, 23 Jan 2020: <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.3.2000045>

141 Le mythe de l'infection avec David Crowe, "Stephen Bustin on Challenges with RT-PCR", 14 avril 2020 : <https://infectiousmyth.podbean.com/e/the-infectious-myth-stephen-bustin-on-challenges-with-rt-pcr/>

142 Planet Waves FM avec Eric F. Coppelino, "Interview avec le Dr Stephen Bustin", 1 Feb 2021: <https://planetwaves.net/planet-waves-fm-interview-with-dr-stephen-bustin/>

143 (Correspondance personnelle d'Eric Coppelino.)

144 Planet Waves FM avec Eric F. Coppelino, "Interview avec le Dr Stephen Bustin", 1 Feb 2021: <https://planetwaves.net/planet-waves-fm-interview-with-dr-stephen-bustin/>

Il a en outre défendu les protocoles PCR utilisés en affirmant que « cette pneumonie était causée par ce virus. Et ce virus a commencé à apparaître là où de plus en plus de personnes tombaient avec les mêmes symptômes. Et ces amorces détectaient ce virus. » Lorsque Coppelino l'a poussé sur le manque d'isolement du virus pour pouvoir faire ces affirmations, Bustin a répondu que « la façon dont la séquence a été établie en prélevant les échantillons du patient d'origine, en faisant grandir quelque chose, puis en le séquençant puis en démontant la séquence et ce qui en est ressorti, c'est le virus du SRAS. » Malheureusement, Bustin a soutenu le mauvais usage du mot "isolation" par la virologie et la terminologie lâche impliquée dans la détection d'un "virus". La question cruciale est que peu importe la qualité de la conception des amorces - si la provenance ou la signification des séquences génétiques amplifiées par PCR sont inconnues, alors rien de plus ne peut être conclu par leur simple présence. Bustin peut rassurer le monde sur le potentiel très haute performance analytique d'un protocole PCR, mais l'établissement de ses performances diagnostiques est où le caoutchouc rencontre la route. Même s'il avait été démontré que le SRAS-CoV-2 existe physiquement et que la PCR était acceptée comme un outil de diagnostic valide, Bustin devrait admettre qu'aucun des tests PCR n'a été développé comme le précisent ses directives MIQE et qu'aucun ne se qualifie comme étant cliniquement validé.

Ce fut une surprise au cours de la même interview qu'il ait nié toute connaissance préalable de la fausse épidémie de coqueluche à Dartmouth-Hitchcock, New Hampshire en 2006 lorsque le kit PCR qui a été déployé a entraîné un taux de faux positifs de 100 %.¹⁴⁵ Bustin a déclaré en avoir pris connaissance pour la première fois quelques jours avant l'entretien, environ 15 ans après l'événement, lorsqu'il l'a lu sur le site de Coppelino, à partir d'un article fourni aux fins de l'entretien. Pourtant, l'incident était bien connu et a été couvert par le New York Times, avec des commentaires de nombreux professionnels de la santé publique et des tests de diagnostic.¹⁴⁶ En 2006, Bustin était professeur de biologie moléculaire et il est très surprenant que le spécialiste PCR n'ait reçu aucune demande de collègues médicaux en 2006 lorsque l'incident s'est produit. En effet, à l'époque, il y avait très peu d'experts en PCR à contacter et c'était une première indication de la manière dont la PCR pouvait être utilisée de manière catastrophique comme outil de diagnostic clinique. Si cela ne suffisait pas, cela était lié à un incident où le microbe prétendument causal (la bactérie *Bordetella*

145 CDC, "Éclosions de maladies respiratoires attribuées à tort à la coqueluche - New Hampshire, Massachusetts et Tennessee, 2004-2006 », Morbidity and Mortality Weekly Report, 24 août 2007 : <https://www.cdc.gov/mmwr/preview/mmwrhtml/mm5633a1.htm>

146 Gina Kolata, "La foi dans le test rapide conduit à une épidémie qui n'était pas" (The New York Times, 22 janv. 2007: <https://www.nytimes.com/2007/01/22/health/22whoop.html>)

pertussis) est quelque chose qui peut être physiquement isolé et ses séquences génétiques confirmées pour que la PCR soit calibrée. En revanche, les protocoles PCR SRAS-CoV-2 sont simplement calibrés à des fragments génétiques d'origine inconnue. Quand Coppilino l'a poussé sur ce point, Bustin a répondu: « Eh bien, vous savez, c'est une façon standard de le faire, donc je ne peux vraiment pas en dire plus, sauf que pour moi, c'est parfaitement acceptable et c'est la façon de le faire. »¹⁴⁷

Au moment où Bustin a été interrogé par Coppolino, il avait déjà été coauteur et présenté un document intitulé « COVID-19 et tests diagnostiques pour SRAS-CoV-2 par RT-qPCR - Faits et mensonges » qui a été publié plus tard en février 2021.¹⁴⁸ Dans cet article, Bustin et co ont déclaré que « le test [de Corman-Drosten] a fonctionné et était spécifique et a démontré une sagacité et un altruisme étonnants de la part des scientifiques impliqués, ainsi que la rapidité remarquable avec laquelle les tests basés sur la PCR peuvent être développés et mis en place en pratique. » Ignorant les éloges flatteurs, la question évidente demeure, est spécifique à quoi ? Bustin et co sous-entendaient-ils que les tests PCR sont spécifiques pour (a) de courtes séquences d'ARN ciblées, (b) un coronavirus connu sous le nom de SRAS-CoV-2, ou (c) la maladie inventée par l'OMS connue sous le nom de COVID-19 ? L'article de Corman-Drosten n'a établi que la spécificité analytique pour amplifier certaines séquences d'ARN sélectionnées, cela n'avait rien à voir avec l'établissement d'un virus ou le diagnostic d'une maladie. Le développeur des lignes directrices MIQE sait certainement que sur les trois, seul le premier a été scientifiquement établi et rien n'était, ou a été, validé pour son application clinique. Et pourtant, son article poursuit en faisant le ridicule non sequitur (non logique) que « les tests PCR conviennent parfaitement aux tests à grande échelle, comme le démontrent quotidiennement les millions de tests effectués à ce jour ». Bustin a-t-il oublié que les “tests” ne sont qu'un outil d'amplification moléculaire ? Comme l'a mis en garde l'inventeur de la PCR, le Dr Kary Mullis, en 1993, « Je ne pense pas que l'on puisse mal utiliser la PCR, non, les résultats, l'interprétation de celle-ci [est mal utilisé] ». ¹⁴⁹

La PCR amplifie simplement des séquences génétiques sélectionnées et la réaction moléculaire elle-

147 Planet Waves FM avec Eric F. Coppolino, "Interview avec le Dr Stephen Bustin ", 1 Feb 2021:

<https://planetwaves.net/planet-waves-fm-interview-with-dr-stephen-bustin/>

148 Stephen Bustin, et al., "COVID-19 and Diagnostic Testing for SARS-CoV-2 by RT-qPCR - Facts and Falacies", Int. J. Mol. Sci., 28 Feb 2021:

<https://doi.org/10.3390/ijms22052459>

149 David James, « Inventeur de la PCR: 'Elle ne vous dit pas que vous êtes malade' », Off-Guardian, 5 Oct 2020:

<https://off-guardian.org/2020/10/05/pcr-inventor-it-doesnt-tell-you-that-you-are-sick/>

même n'a pas la capacité de déterminer leur provenance ou la pertinence de leur présence. Si un protocole PCR particulier est réalisé correctement et a une sensibilité et une spécificité analytique à 100% connue, on peut dire qu'un résultat positif n'a fait que confirmer la présence d'une séquence cible. Cependant, si l'on prétend que la PCR est un outil de diagnostic, il devrait être évident que des études de validation clinique devraient être réalisées avant que le test ne soit introduit dans la pratique clinique. L'article de Corman-Drosten a sauté cette étape et l'OMS a accepté la fraude en plaçant des versions du protocole PCR sur son site Web le 13 puis le 17 janvier 2020, avant même que l'article n'ait été publié.¹⁵⁰ Après cela, la PCR a été utilisée simplement à travers des raisonnements circulaires pour faire des affirmations sur le diagnostic des "infections" chez les personnes.

La phase suivante dans les premiers stades de la pandémie présumée impliquait des «experts» tels que le spécialiste australien des maladies infectieuses, le professeur agrégé Sanjaya Senanayake, promulguant des allégations non fondées sur l'exactitude des tests au public. Lors d'une interview du 26 avril 2020, il a déclaré qu'en ce qui concerne les tests COVID-19, "il n'y a pas de norme de référence réel pour comparer cela avec... pour le COVID-19, nous n'avons pas de norme de référence ainsi les tests actuels que nous utilisons, les tests PCR (...) ils sont notre de norme de référence, mais essayant de travailler autour de cela, nous pensons qu'il recueille probablement environ 70% des cas ».¹⁵¹ Senanayake a laissé entendre que si vous n'avez pas une norme de référence vous pouvez simplement supposer qu'un nouveau test PCR peut être validé. Cependant, cela va à l'encontre de toutes les études concernant la validation des tests. On ne sait pas à travers cet écart par rapport aux principes établis de la logique de validation comment il a calculé que cela fonctionnait «environ 70%» du temps, sans parler de la gymnastique mentale impliquée dans un «étalon-or» qui ne se détecte que 70% du temps. Il serait convenu qu'avec son aveu par inadvertance, « il n'y a pas de véritable étalon-or » dans les tests COVID-19 parce que le véritable étalon-or est quelque chose qui n'existe pas - c'est-à-dire l'isolement physique et la preuve d'une particule virale.

L'OMS n'était pas préoccupée par l'absence d'étalon-or ou de preuve d'un virus et a cimenté la fraude par PCR en déclarant qu'un cas de COVID-19 était «une personne avec une confirmation en

150 Victor Corman, et al., "Diagnostic de détection 2019-nCoV par RT-PCR en temps réel", OMS, 17 jan 2020: https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/protocol-v2-1.pdf?sfvrsn=a9ef618c_2

151 Sanjaya Senanayake interrogé par Jeremy Fernández à The Virus, ABC News, 26 avril 2020: <https://iview.abc.net.au/show/virus/series/0/video/NC2032H003S00>

laboratoire [en 2020, généralement par PCR] de l'infection au COVID-19, quels que soient les signes cliniques et les symptômes ». ¹⁵² Dans cette seule phrase, ils proclament que les tests PCR cliniquement non validés ont une spécificité diagnostique de 100 % et déforment de manière absurde le sens du mot « infection » pour inclure les personnes qui ne présentent aucun signe ou symptôme. L'étymologie du mot « infection » dérive du latin *inficere*, qui signifie « tacher ». *Mosby's Medical Dictionary 2009* affirme que la définition de l'infection est: « (1) l'invasion du corps par des micro-organismes pathogènes qui se reproduisent et se multiplient, entraînant une maladie due à une lésion cellulaire locale, la sécrétion d'une toxine, ou une réaction antigène-anticorps chez l'hôte, et (2) une maladie due à l'invasion du corps par des micro-organismes pathogènes ». ¹⁵³ Bien que l'auteur ne se prononce pas sur le fait que des microbes soient pathogènes, le sens établi d'"infection" se rapporte à un état pathologique - sinon, un terme tel que "commensalisme" ¹⁵⁴ devrait être utilisé. L'OMS a inventé une nouvelle définition absurde de la « pandémie » ¹⁵⁵ et maintenant est en train de subvertir la définition de l'infection - celle qui déconnecte le concept de la maladie par l'utilisation exclusive des résultats de la PCR. Kary Mullis n'aurait pas pu l'exprimer plus simplement quand il a dit que la PCR est « juste un processus qui est utilisé pour faire beaucoup de quelque chose à partir de quelque chose ». ¹⁵⁶ Malheureusement, à plus d'une occasion à l'ère du COVID-19, des figures influentes comme Bustin et Senanayake ont soutenu les virologues en utilisant un outil de fabrication moléculaire pour faire toutes sortes d'affirmations sans fondement, y compris la capacité non qualifiée à diagnostiquer une nouvelle infection et la détection d'un virus présumé.

Note sur la PCR

Il convient de noter qu'une mauvaise interprétation biaisée de la PCR semble commencer avant même que le processus d'amplification n'ait commencé. Par exemple, le kit Roche « High Pure Viral RNA », utilisé pour la préparation d'échantillons pour la PCR, affirme qu'il « isole rapidement l'ARN viral du plasma des mammifères, du sérum, des fluides corporels et des supernatants de culture cellulaire ». ¹⁵⁷ Il n'est pas clair dans les informations du produit fourni comment le kit séparerait le

152 WHO, "WHO COVID-19: Définitions des cas", 7 août 2020:

https://www.who.int/publications/i/item/WHO-2019-nCoV-Surveillance_Case_Definition-2020.1

153 Mosby's Medical Dictionary - 8e édition, 2009, Elsevier.

154 Le Dictionnaire Merriam-Webster définit le convivialisme comme "une relation entre deux types d'organismes dans lesquels l'un tire de la nourriture ou d'autres bienfaits de l'autre sans l'endommager ou en tirer profit":

<https://www.merriam-webster.com/dictionary/commensalism> (consulté le 14 mai 2022).

155 Ron Law, "OMS et la pandémie de grippe " conspirations ", Réponse rapide, 6 juin 2010:

<https://www.bmj.com/rapid-response/2011/11/02/who-changed-definition-influenza-pandemic>

156 David James, « Inventeur de la PCR: 'Elle ne vous dit pas que vous êtes malade' », Off-Guardian, 5 Oct 2020:

<https://off-guardian.org/2020/10/05/pcr-inventor-it-doesnt-tell-you-that-you-are-sick/>

157 Roche, "High Pure Viral RNA Kit - Numéro de produit 11858882001":

soi-disant ARN viral d'autres ARN présents dans l'échantillon.¹⁵⁸ Le processus comprend une étape additive de liaison "poly (A) ARN porteur", mais les séquences polyadénylées ne sont pas spécifiques¹⁵⁹, et les étapes suivantes de tamponnage et de centrifugation qu'elles décrivent ne seraient pas non plus en mesure de différencier la provenance de l'ARN. Malgré cela, la section des "protocoles" proclame que le produit final est de « l'ARN viral purifié »¹⁶⁰, de sorte que quiconque crée cette affirmation infondée pense que son résultat positif ultérieur de RT-PCR est la preuve d'un virus. Il en va de même pour le "High Pure Viral Nucleic Acid Kit" de Roche, utilisé par des équipes comme Na Zhu et Peng Zhou dans leurs affirmations d'avoir découvert SRAS-CoV-2 sur des spécimens de patients et des expériences de culture cellulaire. Roche déclare une fois de plus que les mesures décrites dans la section des "protocoles" se traduiraient par des "acides régénératifs viraux purifiés"¹⁶¹.

Incidemment, Bustin a été interrogé spécifiquement sur les affirmations de Roche lorsque ce qui suit lui a été posé : "Je suppose que le kit doit être capable de distinguer les NA [acides nucléiques] viraux de tous les autres. Les NA viraux ont-ils une propriété chimique unique ? » Il a répondu, "le processus d'extraction n'est pas spécifique pour un acide méthamphétamine en particulier, mais il peut être spécifique pour les types d'acide stéarate. Certains kits peuvent différer [sic] d'extraire de l'ADN ou de l'ARN, mais cela signifie que n'importe quel ADN et ARN sera présent dans l'échantillon prélevé [mon accent]... Une petite quantité de matériel extrait est alors soumise à la réaction PCR. C'est ce que fournit la spécificité ".¹⁶² En d'autres termes, Bustin n'a pas tenté de fournir une explication aux allégations frauduleuses de Roche, mais a obscurci le problème en remplaçant la spécificité de provenance des acides nucléiques par la spécificité des séquences sélectionnées pour la PCR. Cela équivaut à un tour de passe-passe linguistique qui a permis à un « virus » d'apparaître à partir de rien.

https://lifescience.roche.com/en_au/products/high-pure-viral-rna-kit.html

158 Roche", 'High Pure Viral RNA Kit - Version: 20, Cat. No. 11 858 882 001' Instructions d'utilisation", Oct 2020:

<https://pim-eservices.roche.com/LifeScience/Document/96aae49e-ad12-eb11-fe90-005056a772fd>

159 Mary Edmonds, "A history of poly A sequences: from formation to factors to function", Prog Nucleic Acid Res Mol Biol, Vol 71, 2002:

[https://doi.org/10.1016/S0079-6603\(02\)71046-5](https://doi.org/10.1016/S0079-6603(02)71046-5)

160 Roche", 'High Pure Viral RNA Kit - Version: 20, Cat. No. 11 858 882 001' Instructions d'utilisation", Oct 2020:

<https://pim-eservices.roche.com/LifeScience/Document/96aae49e-ad12-eb11-fe90-005056a772fd>

161 Roche, "'High Pure Viral Nucleic Acid Kit - Version: 20, Cat. No. 11 858 874 001' Instructions d'utilisation", Oct 2020:

<https://pim-eservices.roche.com/LifeScience/Document/d927229f-ad12-eb11-0091-005056a71a5d>

162 (Correspondance personnelle de Stephen Bustin à mon collègue, 15 octobre 2021.)

TROISIÈME PARTIE

“PETIT CHIEN DE MONTAGNE” — NAÏF OU MANIPULATION ?

Je ne l'aurais jamais vu si je ne l'avais pas cru.

- Ashleigh brilliant¹⁶³

Nous connaissons l'allégation selon laquelle il serait impossible pour la majorité de la communauté médicale et scientifique d'être tous sciemment complices des méthodologies non scientifiques de la virologie dans la fraude au COVID-19. L'auteur n'avance pas une telle hypothèse, même si l'on se demande si et pour combien de temps l'ignorance peut être invoquée comme moyen de défense ? En fait, c'est pourquoi il a été suggéré précédemment dans cet essai (dans “Qu'est-ce que la virologie?”) que, “l'abandon de la méthode scientifique peut être inaperçu ou accidentel par les participants de niveau inférieur”. Les virologues fraîchement formés sont formés pour suivre les méthodologies de leurs aînés et il est peu probable qu'ils aillent loin dans la carrière qu'ils ont choisie, et bien sûr dans le financement, s'ils contestent la base du travail de leur laboratoire.

Le 29 janvier 2020, un apparemment scientifique chinois en virologie connu sous le nom de “*Winjor Little Mountain Dog*” a publié un texte intitulé “Documenter la première expérience de découverte d'un nouveau coronavirus”.¹⁶⁴ Pour ceux d'entre nous qui sont conscients de la tromperie qui a eu lieu dans la farce COVID-19, le texte est certainement suspect dans le cadre d'une opération de manipulation. Sinon, la relative facilité à déduire de quel laboratoire provient l'histoire fait paraître l'auteur extrêmement naïf pour un habitant de l'État communiste chinois. Cependant, le document sera présenté tel qu'il est décrit; c'est avec le narrateur croyant qu'ils découvraient des virus dans les passages suivants sélectionnés.

Je viens d'aller travailler le 26 décembre 2019. Comme d'habitude, je vais d'abord examiner les résultats de l'interprétation automatique des micro-organismes pathogènes mNGS pour ce jour.

L'auteur a décrit ici son laboratoire en réalisant des NGS métagénomique sur des spécimens de patients crus comme décrit dans les sections précédentes de cette étude. Il a fixé le sujet du texte

163 <https://www.ashleighbrilliant.com/>

164 “记录□下□次发现新型冠状病毒的经历”, 29 Jan 2020:

<https://freewechat.com/a/MzAxMjMyMDk0Ng==/2650112053/1/1580318101>

L'une des traductions en anglais: "Documenter la première expérience de découverte d'un nouveau coronavirus":

https://github.com/flodebarre/covid_origin_documents/blob/main/2020-01-30_LittleDog.md

de l'auteur, qui a décrit “virus” en termes de séquences génétiques qui peuvent être détectées dans l'environnement et assemblées par logiciel.

Inespérablement, il a été constaté qu'un échantillon a rapporté un agent pathogène sensible - coronavirus SRAS, avec des dizaines de séquences, et cet échantillon n'a qu'un agent pathogène aussi significatif.

Il s'agit d'un saut incroyable de plusieurs séquences qui ont été détectés dans un spécimen cru au rapport d'un “pathogène”, apparemment sur la base que cela peut être établi par un programme d'ordinateur. Non seulement cela, mais l'ordinateur a trouvé un “coronavirus SRAS” de sorte qu'on sait d'une certaine façon qu'il est associé à l'état clinique “syndrome respiratoire aigu sévère”.

... ce pathogène est plus similaire au SRAS de chauve-souris comme le coronavirus, avec une similitude globale d'environ 87%, et une similitude avec le SRAS [SRAS-CoV-1] d'environ 81%. Le nombre de séquences dans l'alignement est passé de douzaines à plus de 500. En outre, 5 contigs, soit plus de 1200 bp, ont été montés. En ce moment, vous pouvez confirmer que c'est un coronavirus... Dans une situation aussi urgente, nous n'avons pas le temps d'étudier la littérature, En outre, nous avons analysé des milliers de génomes de coronavirus de manière similaire à un tapis, et les ont évalués en termes de similitude, de couverture et même de distribution du génome, et finalement trouvé les deux génomes les plus similaires, bat-SL-CoVZC45 et bat-SL-CoVZXC21.

De même, il est “confirmé” que le virus existait sur la base de la comparaison de nouvelles assemblées *in silico* avec d'autres assemblées *in silico* précédemment soumises à des bases de données génétiques. L'auteur continue de décrire sa prochaine activité d'analyse des arbres phylogénétiques et de construire un chemin évolutif pour le dernier ajout à l'arbre généalogique fictif de la virologie. Il existe une absence totale d'appréciation du fait qu'un virus doit avoir une existence physique réelle comme une particule discrète avec des caractéristiques biologiques spécifiques, y compris la capacité d'infecter les hôtes et de causer des maladies. L'auteur a simplement déclaré que “l'analyse a fondamentalement confirmé qu'il y avait un virus dans l'échantillon de ce patient”. Plus tard dans le texte, ils ont l'air prudents en ce qui concerne la pathogénicité clinique, mais ils restent convaincus de son existence en faisant le commentaire suivant: “Si la pneumonie a été causée par ce virus, nous ne l'avons pas analysé et nous n'avons pas pu l'analyser. La détection du virus ne signifie pas que la pneumonie a été causée par le virus”.

...au 30 décembre, j'ai entendu dire qu'il y avait beaucoup de patients présentant des symptômes similaires... Ce qui m'a rendu vraiment nerveux, c'est qu'un ami et un homme d'affaires partagent la séquence pour qu'on l'analyse. Je l'ai analysé, et en fait c'était le

même virus ! La première pensée dans le subconscient est “ce virus est contagieux” !

Il n'est pas clair si l'auteur savait que “symptômes similaires” affectant les patients décrits dans Wuhan étaient tous des symptômes respiratoires non spécifiques. À l'heure actuelle, le COVID-19 n'est pas une condition clinique légitimement définie, comme les cas “confirmés” se réfèrent simplement au résultat d'un processus de détection moléculaire.¹⁶⁵ En outre, nous avons déjà traité le raisonnement circulaire et le processus auto-référentiel d'inventer un “génomme du virus” à travers la méthodologie de la virologie et ensuite affirmer que la détection d'ensembles presque identiques ailleurs est la confirmation que “le même virus” a été trouvé.¹⁶⁶

La nervosité est que ce virus inconnu peut être aussi effrayant que le SRAS; l'excitation est que nous détectons et confirmons ce pathogène tôt à travers la technologie mNGS, et mis en quarantaine le patient, et il peut être possible de prévenir et de contrôler le virus avant qu'il se propage largement, J'espère aussi qu'après avoir connu ce nouvel incident de coronavirus, la capacité du pays à gérer de grands événements de santé publique a fait de grands progrès... nous aurions dû être les premiers à découvrir ce virus, parce que c'était après avoir rapporté les résultats que le système de contrôle des maladies a commencé à intervenir.

Il appartient au lecteur de décider si l'auteur pense vraiment qu'ils ont été les premiers à découvrir SRAS-CoV-2 et que les experts de la santé publique ont ces compétences, ou si ce texte a été conçu et “filtré” comme une autre partie de la propagande COVID-19. Il n'y a jamais eu de virus pour se propager. La seule chose qui s'est répandue dans le monde entier, à part la peur, a été la fictive “génomme” WH-Human 1 et les tests PCR qui ont été calibrés à ses séquences. La “pandémie” aurait pu être arrêtée pour le rejet de ces preuves; au lieu d'ignorants “experts” de la santé publique achetés dans la virologie anti-science et ont été parties à la fraude COVID-19 depuis lors.

Little Mountain Dog aurait voulu qu'on sache que son laboratoire était, “le premier à découvrir le virus”, après la collecte de son échantillon de Wuhan le 24 décembre 2019, et la présentation ultérieure à la base de données GISAID le 11 janvier 2020 comme identification d'adhésion “EPI_ISL_402123”. Avec la séquence *in silico* de Fan Wu et al., EPI_ISL_402123 a été utilisé dans la

165 "WHO COVID-19 Définitions des cas: Mis à jour dans Surveillance de la santé publique pour COVID-19 | COVID-19 Surveillance, investigation des cas et protocole épidémiologique », 16 décembre 2020 :

https://www.who.int/publications/i/item/WHO-2019-nCoV-Surveillance_Case_Definition-2020.2

(La petite note de bas de page indique : « Les définitions de cas de surveillance ne doivent pas être utilisées comme seule base pour guider la prise en charge clinique. »)

166 Mark Bailey et John Bevan-Smith, "The COVID-19 Fraud & War on Humanity", 11 nov 2021:

<https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/>

conception des protocoles PCR par l'équipe de Christian Drosten (voir figure 8 ci-dessous). Cependant, comme l'a souligné David Rasnick, "ils n'ont jamais touché un virus du tout". Cela donne un élément d'ironie à l'hypothèse de "fuite de laboratoire", un récit qui est apparu dans les médias principaux au début de février 2020.¹⁶⁷ Le "virus" a certainement été inventé dans un laboratoire, mais c'était un laboratoire d'ordinateurs et la seule entité qui s'est filtrée intentionnellement était une simulation d'ordinateur. Les résultats de la simulation ont été envoyés dans le monde entier sous forme de code numérique sur Internet et les amorces PCR résultantes qui ont été déployées en masse dans des kits ont créé les «cas» de la fraude COVID-19.

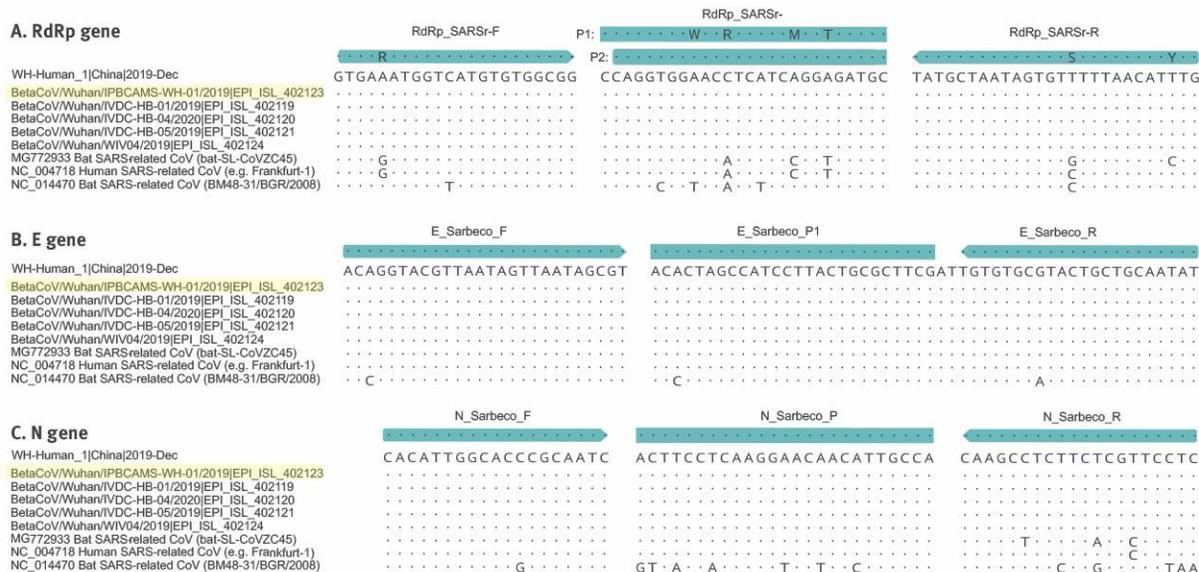


Figure 8. Dépôt GISAID de Little Mountain Dog "EPI_ISL_402123". Il est apparu aux côtés de Fan Wu et al. dépôt 'WH-Human_1|Chine|2019-Dec' pour le protocole Corman-Drosten RT-PCR où il était indiqué, "l'alignement [WH-Human_1|Chine|2019-Dec] a été complété par des séquences supplémentaires publiées indépendamment sur GISAID. Source: "Détection du nouveau coronavirus 2019 (2019-nCoV) par RT-PCR en temps réel (Figure 2)".

L'histoire de "Little Mountain Dog" s'est poursuivie quand un éditorial intitulé « Quand la pandémie éclate, un chercheur a vu le danger. Les dirigeants chinois ont gardé le silence » apparu dans le Washington Post le 22 avril 2022.¹⁶⁸ Ils ont rapporté que *Little Mountain Dog* était basé dans un laboratoire commercial «Vision Medicals» à Guangzhou, dans le sud de la Chine, et «son histoire indique une dissimulation aux conséquences tragiques aux proportions historiques. Un grave danger a été dissimulé jusqu'à ce qu'il soit trop tard. L'éditeur a promu toutes les affirmations virologiques

167 "Chronologie de Covid & SARS-CoV-2PCR et Metagénomique":

<https://chironreturn.org/>

168 Editorial Board, "Quand la pandémie a éclaté, un chercheur a vu le danger. Les dirigeants chinois ont gardé le silence ", The Washington Post, 22 avril 2022:

<https://www.washingtonpost.com/opinions/interactive/2022/china-researcher-covid-19-coverup/>

à valeur nominale et a déclaré ironiquement que “l'épisode sert à souligner une fois de plus pourquoi une recherche sérieuse est nécessaire pour atteindre le fond des choses sur la façon dont la pandémie a commencé”. Une enquête sérieuse sur ce sujet montre qu'au fond de cette “pandémie” il n'y a que des sottises, inventées par les virologues et promulguées par des moyens tels que le Washington Post.

LA DISTRACTION “FUITE DE LABORATOIRE”

Ici, vous supposez que la variole est une chose, une entité. Cette erreur est commise par presque tous les disciples de la soi-disant “école ordinaire”, et ce sera probablement une nouvelle idée pour vous de vous dire que ni la variole ni aucune autre maladie n'est une entité, mais c'est une condition.

- Dr Montague R. Levenson, 1909.¹⁶⁹

Le 19 mai 2022, Jeffrey Sachs, président de la Commission de Lancet, Coauteur d'un document avec Neil Harrison intitulé “Un appel à une enquête indépendante sur l'origine du virus SRAS-CoV-2”.¹⁷⁰

La publication a été ouverte dans le cadre du COVID-19:

Depuis l'identification du SRAS-CoV-2 à Wuhan, en Chine, en janvier 2020, l'origine du virus a été un sujet de discussion scientifique intense et de spéculation publique. Les deux principales hypothèses sont que le virus est né de l'exposition humaine à un animal infecté (“zoonose”) ou qu'il est apparu lors d'un incident lié à l'enquête.

Cependant, au motif qu'il y a “deux hypothèses principales” est basée sur l'acceptation que, “l'identification de SRAS-CoV-2” signifie que la particule a une existence physique, et les propriétés biologiques spécifiques nécessaires pour se conformer à la définition d'un virus. C'est-à-dire qu'une répllication contre-indiquée - parasite intracellulaire compétent qui provoque la prétendue nouvelle maladie “COVID-19”. Comme indiqué dans *The COVID-19 Fraud & War on Humanity*, rien ne prouve que la particule ou la nouvelle maladie proposée existe.¹⁷¹ De plus, dans le présent essai, il y a eu une analyse plus détaillée de l'étude de Fan Wu et al. et leur fausse affirmation concernant «l'identification» d'un virus à Wuhan au début de 2020. D'autre part, les défenseurs des fuites de

169 "Anglais Ville de Leicester comme exemple de bénéfices de l'abolition de la vaccination", Bridgeport Evening Farmer, 21 août 1909.

170 Neil Harrison et Jeffrey Sachs, "Un appel à une recherche indépendante sur l'origine du virus SARS-CoV-2", Actes de l'Académie nationale des sciences, 19 mai 2022:

<https://www.pnas.org/doi/abs/10.1073/pnas.2202769119>

171 Mark Bailey et John Bevan-Smith, "The COVID-19 Fraud & War on Humanity", 11 nov 2021:

<https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/>

laboratoire comme Sachs et Harrison commencent leur analyse en acceptant de tout cœur les prémisses non établies de la virologie.

Dans leur article, ils ont poursuivi en citant des aspects tels que «la collecte de CoV de chauve-souris de type SRAS sur le terrain... [et]... l'analyse et la manipulation de ces virus», se plaignant que «la nature précise des expériences qui ont été menée, y compris la gamme complète de virus collectés sur le terrain et le séquençage et la manipulation ultérieurs de ces virus, reste inconnue”. Ils ne se rendent évidemment pas compte que les «CoV de chauve-souris de type SRAS» ne sont rien de plus que des intestins de chauve-souris broyés, prétendument «pathogènes» en injectant la boue directement dans le cerveau des rats nouveau-nés. La manipulation de tels échantillons peut être un moyen d'obtenir un financement et d'impressionner les non-initiés, mais cela ne change pas la réalité biologique. De telles expériences n'établissent pas que leurs échantillons contiennent des virus ou ont des propriétés pathogènes dans le monde naturel. S'ils ne peuvent même pas démontrer l'existence de virus dans leurs tentatives de promotions publiques, il n'y a pas grand-chose à craindre - peu importe ce qui se passe à huis clos parce qu'ils n'ont pas de virus pour commencer.

En ce qui concerne le “génomome SRAS-CoV-2” que les virologues ont proféré, Sachs et Harrison ont affirmé que “ils ne savent pas si l'insertion du FCS [site de décolleté de furin ¹⁷²] est le résultat de l'évolution naturelle - peut-être à travers un événement de recombinaison dans un mammifère intermédiaire ou un humain - ou est le résultat d'une introduction délibérée du SCF dans un virus similaire au SRAS dans le cadre d'une expérience de laboratoire”. Il serait préférable d'étudier comment il a été établi que toutes les séquences ou protéines qu'ils analysent appartiennent à un virus pathogène. Le débat de ces dernières années sur les entrailles du FCS est simplement un microcosme au sein du paradigme défectueux plus large de la génomique “viral” et de la protéomique.

De même, leur mention de prétendues recherches sur les virus en cours à l'Université de Caroline du Nord (UNC) ou de propositions de subventions « divulguées » telles que « DEFUSE » faites à la *US Defense Advanced Research Projects Agency* ne constituent pas des preuves de virus.¹⁷³ Pour

172 Furin est une enzyme qui divise les protéines qui est présente chez l'homme et d'autres animaux. Les virologues affirment que lorsque le SARS-CoV-2 est produit dans une cellule, la furine coupe la protéine d'épi dans le "site d'encolure de furine" avant de quitter la cellule.

173 Samantha Bailey, “Gain of Function Garbage”, 18 jan 2022:

<https://drsambailey.com/resources/videos/covid-19/gain-of-function-garbage/>

être clair, il n'est pas contesté que des institutions telles que l'UNC expérimentent des entités telles que les protéines de pointe depuis des décennies. Certaines de ces séquences ont été brevetées et utilisées dans le développement d'agents biologiques injectables, récemment imposées à de nombreuses personnes sous le couvert de vaccins COVID-19.¹⁷⁴ Cependant, rien de tout cela ne nécessite l'existence de particules qualifiées de virus.

Malheureusement, le livre des revendications de la virologie est devenu si alambiqué que la plupart des lecteurs ne réalisent pas qu'il est en grande partie composé d'absurdités. Quelques jours après que Sachs et Harrison ont publié leur article, *The Intercept* a pensé qu'ils étaient également sur une piste d'investigation impliquant, “la théorie intrigante de l'ingénierie virale”.¹⁷⁵ Ils ont rapporté dans une étude de 2016 de *Chapel Hill*¹⁷⁶ associé à Ralph Baric, “les scientifiques ont créé un nouveau virus en utilisant le pic d'un coronavirus de chauve-souris qui avait été isolé et caractérisé par l'Institut Wuhan de virologie [WIV]”. On peut supposer en toute sécurité que l'auteur n'apprécie pas à quel point les virologues utilisent le mot «isolé» de manière trompeuse. En outre, la figure 1 expose l'absurde affirmation selon laquelle la WIV avait des “virions purifiés” qui auraient ensuite été utilisés par Baric et al. plus tard comme eux, “créé un nouveau virus”.

Il n'y avait aucune preuve qu'aucun des deux laboratoires n'avait autre chose que de la soupe anormale de culture de cellules rénales de singe.

L'hypothèse d'une fuite de laboratoire est simplement un autre récit de l'ère COVID-19 qui maintient vivante dans l'imagination du public l'illusion de l'existence matérielle du SRAS-CoV-2, ainsi que des virus pathogènes et de la contagion liée aux microbes en général. Au cours des derniers mois, le récit basé sur la peur a continué avec des déclarations de poussées de variole mono, soi-disant détection de “virus” de la poliomyélite à Londres, et la théorie des fuites de laboratoire de COVID-19 a même reçu l'appui du Directeur général de l'Organisation Mondiale de la Santé à l'appui de la maladie fantôme et de la pandémie qu'il a nommé.¹⁷⁷ Il semble probable qu'il y aura plus d'histoires de “fuite de laboratoire” à l'avenir si elles continuent à attirer l'attention avec une telle efficacité.

174 Mark Bailey et John Bevan-Smith, “The COVID-19 Fraud & War on Humanity”, 11 nov 2021: <https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/>

175 Sharon Lerner, “Jeffrey Sachs présente des preuves de l'origine potentielle d'un laboratoire de COVID-19”, *The Intercept*, 20 mai 2022: <https://theintercept.com/2022/05/19/covid-lab-leak-evidence-jeffrey-sachs/>

176 Vineet Menachery, et al., “SARS-like WIV1-CoV ready for human emergence”, *PNAS*, 14 mars 2016: <https://doi.org/10.1073/pnas.1517719113>

177 Mark Bailey, “Lab Leaks and other Legends”, 28 juin 2022: <https://drsambailey.com/covid-19/lab-leaks-and-other-legends/>

Comme l'histoire de “*Little Mountain Dog*”, l'histoire de filtration de laboratoire n'est basée sur aucune démonstration scientifique d'un virus, il est simplement basé sur la croyance qu'il y a un virus, aidé par quelques preuves de soutien apparent. Dans la même ligne, en novembre 2020, l'Institut Lowy, qui se décrit lui-même comme un “groupe de réflexion international” australien, a publié un article avec l'introduction suivante:

En avril 2020, le Dr Ai Fen, chef du service des urgences de l'hôpital central de Wuhan, a donné une interview à la revue chinoise Renwu. Il a décrit en détail comment, à la fin de décembre 2019, il avait commencé à recevoir de nombreux patients aux urgences présentant des symptômes similaires à la grippe qui résistaient aux traitements habituels. Elle a raconté comment elle “avait eu des sueurs froides” lorsque le premier rapport de virus de l'un de ces patients est revenu. Il a rapidement entouré les mots “coronavirus SRAS”, a projeté le rapport et l'a envoyé à ses collègues. Très rapidement, son rapport a circulé dans les cercles médicaux de Wuhan. Mais au lieu de mobiliser l'hôpital et les autorités, les actions du Dr. Ai l'ont vue réprimandée par le comité de discipline de l'hôpital pour “propagation de rumeurs” et “atteinte à la stabilité”. Plutôt que d'avertir le personnel et le public, les autorités hospitalières ont dit au personnel de ne pas porter d'équipement de protection individuelle et ont relayé les instructions du comité local de protection de la santé selon lesquelles, pour éviter de semer la panique, il était interdit aux médecins de partager des messages et des rapports liés au virus.¹⁷⁸

Pour les crédules, cela peut sembler une tentative des autorités de dissimuler le début de la «pandémie virale», mais ceux qui connaissent les absurdités de la virologie peuvent voir clair dans les erreurs - aucun de ces cadrages ne nécessite un virus réel. Encercler le “coronavirus du SRAS” sur un “rapport de virus” n'est basé sur rien de plus que ce que Fan Wu et d'autres équipes ont fait dans leurs simulations de laboratoire sec.

Un autre médecin, Li Wenliang, salué par la BBC comme un “lanceur d'alerte”¹⁷⁹, a également été signalé comme étant censuré par les autorités chinoises après avoir partagé le rapport du Dr Ai. Le docteur Li, âgé de 33 ans, serait mort par la suite d'un virus à l'hôpital central de Wuhan après avoir “contracté le virus pendant qu'il travaillait à l'hôpital central de Wuhan”. Les médias d'entreprise et

178 Lydia Khalil, "L'autoritarisme numérique, la Chine et le COVID", Lowy Institute, 2 nov. 2020: <https://www.lowyinstitute.org/publications/digital-authoritarianism-china-and-covid>

179 " Li Wenliang: Coronavirus tue le médecin indic chinois", BBC, 7 fév. 2020: <https://www.bbc.com/news/world-asia-china-51403795>

la somptueuse promotion de la “dissimulation” par Wikipédia¹⁸⁰ seraient comiques si cela ne faisait pas partie d'une guerre contre l'humanité. Toutes ces histoires ramènent au même récit de peur impliquant un «virus mortel» contagieux. Elle permet de propager cette fraude et ouvre la voie à d'autres fraudes similaires dans l'avenir. Il étonne l'auteur que tant de membres de la communauté “liberté de santé” ne se fient à aucune des affirmations des milieux d'affaires au sujet de COVID-19, sauf la déclaration qu'un virus mortel est en fuite, le plus grand mensonge de toutes.

L'affirmation selon laquelle les demandes de brevet de “coronavirus” fournissent la preuve de l'existence d'un virus peut être traitée avec risque. En 2021, le Dr David Martin de M·CAM[®] International a publié “Le dossier Fauci/COVID-19”¹⁸¹ dans le cadre des activités de l'entreprise...

surveiller les éventuelles violations du Protocole de 1925 sur l'interdiction de l'utilisation à la guerre de gaz asphyxiants, toxiques ou autres et de méthodes de guerre bactériologiques (Protocole de Genève) Convention de 1972 sur l'interdiction de la mise au point, de la production et du stockage de substances bactériologiques et les armes à toxines et leur destruction (la BTWC).

Malgré les nombreux brevets impliqués, “méthodes de production de coronavirus recombinant” et subventions fédérales à des personnes comme le “spécialiste du gain de fonction” Dr. Ralph Baric et son équipe à UNC Chapel Hill, il n'y a rien dans ces documents qui contiennent des preuves scientifiques de l'existence de virus. Le personnel du bureau des brevets et ceux qui approuvent des bourses de recherche ne sont pas des arbitres de la plausibilité biologique et ne font que faire avancer les demandes des virologues. Le dossier n'était pas une arme fumeuse pour les activités de “gain de fonction” impliquant des virus pathogènes. Peut-être que ceux qui pensaient que c'était le cas n'ont pas tenu compte de l'avertissement initial de Martin selon lequel, “tout au long de ce document, les utilisations de termes communément acceptés dans la littérature médicale et scientifique n'impliquent pas l'acceptation ou le rejet du dogme qu'ils représentent”.

VIROLOGIE ET SOCIÉTÉ FERMÉE

Je ne suis pas un scientifique, mais c'est le droit et le devoir de chaque citoyen de regarder et de voir ce que les scientifiques ont dit, de l'analyser par lui-même et d'en tirer des conclusions de bon sens. Nous sommes tous parfaitement capables de le faire, et il n'y a aucune raison

180 «Li Wenliang», Wikipedia: https://en.wikipedia.org/wiki/Li_Wenliang

181 David Martin, "The Fauci/COVID-19 Dossier" Apr 2021:

https://www.davidmartin.world/wp-content/uploads/2021/01/The_Fauci_COVID-19_Dossier.pdf

particulière pour que la nature scientifique du problème signifie que nous devons remettre notre liberté entre les mains des scientifiques.

- Lord Sumption, 2020 ¹⁸²

C'est l'Agence de Sécurité Sanitaire du Royaume-Uni (UKHSA) qui a fourni l'une des réponses les plus étranges jamais vues en ce qui concerne la véritable nature des contrôles présumés dans ses prétendues "expériences d'isolement et de séquençage SRAS-CoV-2". Le 27 octobre 2021, en ce qui concerne une demande de liberté d'information concernant l'isolement des virus, ils ont suggéré que l'image décrite à la figure 9 ci-dessous fournissait "l'évidence" du virus SRAS-CoV-2.¹⁸³ Mon collègue, qui a fait la demande, ne s'est pas laissé tromper du tout par une image générée par ordinateur qui venait sans information sur la source de l'image ou comment elle s'est produite. L'UKHSA a continué à tâtonner avec la science, déclarant que les virus «nécessitent un substrat de cellule hôte pour se répliquer. L'isolement de n'importe quel virus sans aucun milieu n'est donc pas possible.... Ces milieux et tous les produits ajoutés sont tous stériles et ne contiennent pas de matériel génétique supplémentaire. »¹⁸⁴ Nous ne pouvons que spéculer sur ce que l'UKHSA pense que les cellules hôtes contiennent sinon du matériel génétique ! Comme le CDC, l'équipe de réponse a également semblé impliquer que l'article de Na Zhu et al., "A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China", 2019, a donné l'assurance que la particule imaginaire du virus SRAS-CoV-2 avait une existence physique.

Mon collègue a fait remarquer à l'UKHSA qu'ils n'avaient aucune preuve d'un virus et qu'en tant que tels, ils s'impliquaient en « blessant inutilement tout le monde en leur instillant la peur, en leur supprimant sommairement leurs droits et en les contraignant à un traitement inutile et préjudiciable qui est moralement répréhensible. »¹⁸⁵ Sans interruption, ils ont de nouveau écrit à l'UKHSA quelques mois plus tard pour demander la divulgation de la méthodologie complète des expériences de culture cellulaire et de tout contrôle comparatif dans le document de Public Health England, "Durée de l'infection et corrélation avec les valeurs de seuil du cycle RT-PCR dans les cas de COVID-19, Angleterre, janvier-mai 2020".¹⁸⁶

182 Interview de Jonny Dymond a Lord Sumption, BBC Radio 4 "s The World at One, 30 mars 2020. Transcription:

<https://www.conservativewoman.co.uk/a-hysterical-slide-into-a-police-state-judge-warns-of-liberty-being-forced-into-lockdown/>

183 (Par e-mail de l'Information Rights Team, UKHSA, "Case ref: 1409 - FOI Purification of SARS-CoV-2 and Variants (CF) ", 27 oct 2022.)

184 Ibid.

185 Par courrier électronique à UKHSA, "Case ref: 1409 - FOI Purification of SARS-CoV-2 and Variants (CF) ", 27 Oct 2022.

186 Anika Singanayagam, et al., "Durée de l'infectiosité et corrélation avec les valeurs seuils du cycle RT-PCR dans les cas de COVID-19, Angleterre, janvier à mai 2020", Euro Survey, 25 (32), 13 août 2020:

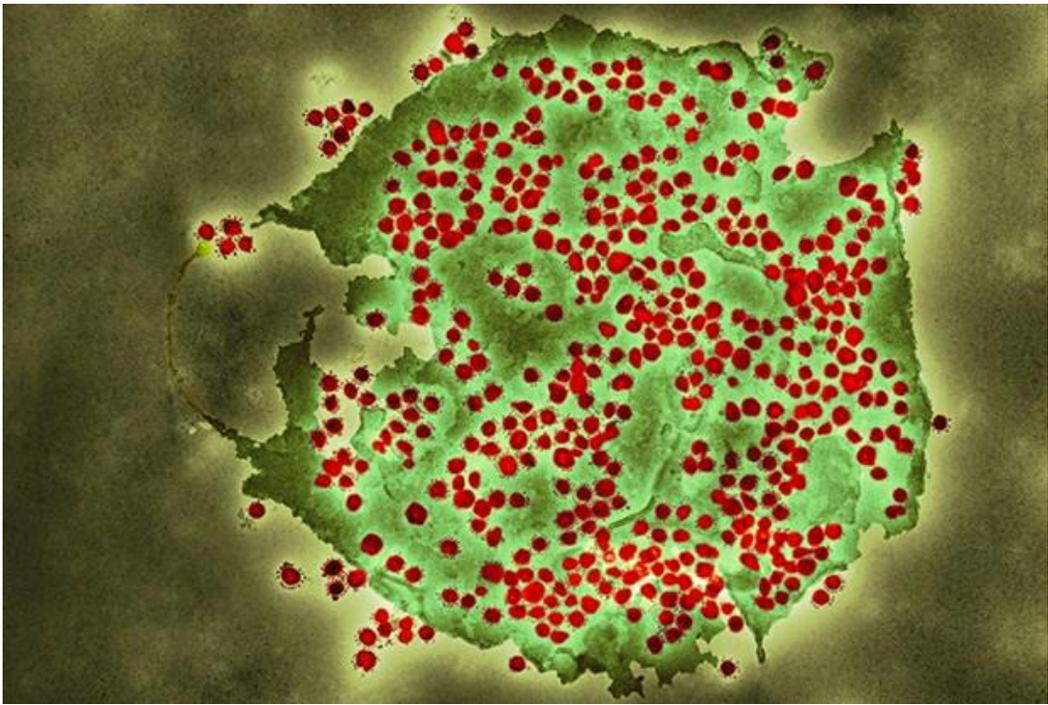


Figure 9. La farce de l'UKHSA a revendiqué la "preuve" du SRAS-CoV-2 le 27 octobre 2021.

La lettre de réponse de l'UKHSA datée du 25 mars 2022 contenait un texte qui représentait une conspiration entre l'OMS et les États-nations souverains afin de ne pas divulguer les détails de la tromperie de la "culture virale" qui est au centre de la fraude de la SHID-19 ou d'une profonde ignorance de la part de l'UKHSA en décrivant le SRAS-CoV-2 comme un "virus à haut risque":¹⁸⁷

Conformément à l'article 1(1)(a) de la loi, l'UKHSA peut confirmer qu'elle détient les informations demandées concernant les questions ci-dessus. Cependant, les informations demandées sont exemptées de divulgation conformément à l'article 24(1) - Exemption relative à la sécurité nationale. L'article 24(1) prévoit que les informations sont exemptées si l'exemption de l'article 1(1)(b) est requise aux fins de la sauvegarde de la sécurité nationale. Dans ce cas, requis signifie que l'utilisation de l'exemption est raisonnablement nécessaire...

Les facteurs justifiant le maintien de l'exemption comprennent :

- *La divulgation d'informations constituerait une information technique très détaillée, transférant du savoir-faire, ce qui contreviendrait directement à une demande explicite de l'Organisation mondiale de la santé (OMS) à Public Health England (PHE maintenant UKHSA) en 2020 de ne pas divulguer ou rendre largement disponibles les*

<https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.32.2001483>

187 L'UKHSA elle-même a déclaré qu'"à partir du 19 mars 2020, le COVID-19 n'est plus considéré comme une maladie infectieuse à forte conséquence au Royaume-Uni."

<https://www.gov.uk/guidance/high-consequence-infectious-diseases-hcid>

détails de amplification en culture du SRAS-CoV-2 ;

- La divulgation de ces informations consisterait à préciser la méthodologie exacte utilisée pour l'amplification des virus pour un virus à haut risque désigné, qui nécessite un niveau de confinement 3, et pourrait constituer une menace pour la biosécurité nationale et mondiale si elle est fournie à un membre du public ou à des agents ayant une mauvaise intention non avérée ou non reconnue;
- La divulgation de ces informations fournirait une capacité significative de “ connaissance “ qui, dans certaines circonstances, pourrait être considérée comme une menace pour la biosécurité.¹⁸⁸

La révision de cette décision a été demandée par mon collègue, mais la décision a été confirmée par la UKHSA le 3 mai 2022, sur la base du fait que fournir les détails de l'expérience de culture cellulaire, “a été surmontée par la menace à la sécurité nationale que représente la divulgation”.¹⁸⁹ On ne voit pas clairement pourquoi les détails de sa méthodologie expérimentale sont nécessaires aux efforts déployés par le Royaume-Uni pour “sauver la sécurité nationale”. Il a été révélé que les virologues n'effectuent pas d'expériences de contrôle valides et que leurs affirmations “d'isolement des virus” n'ont pas été établies dans la littérature scientifique. Les autorités sont-elles préoccupées par le fait que s'ils admettent officiellement une telle révolte, il y aura une révolte lorsque le grand public se rendra compte des crimes qui ont été commis sur la base d'allégations issues d'expériences virologiques frauduleuses? Son obstruction officielle à la divulgation de cette information au public, citant “biosécurité”, est paradoxale car il ne peut être démontré que le soi-disant “virus à haut risque” existe.

Les réponses stupides de l'UKHSA n'ont peut-être été surmontées que par Maggie Throup, la sous-secrétaire d'État parlementaire aux vaccins et à la santé publique. Dans un e-mail adressé à sa collègue députée Rachael Maskell le 27 juin 2022, Throup a déclaré que,

« L'Agence britannique de sécurité sanitaire (UKHSA) n'utilise pas les postulats de Koch dans COVID-19, car ils sont trop restrictifs, suggérant une association plus qu'une causalité. Koch a également abandonné ses postulats lorsqu'il a découvert un portage asymptomatique. Les critères de Bradford-Hill sont plus couramment utilisés pour associer un virus et une maladie. Cependant, il convient de noter que le SRAS-CoV-2 remplit les postulats de Koch comme démontré dans l'article suivant où [un] modèle

188 Lettre de UKHSA, "25/01/2022/ag/2334, Re: FOIA: SARS-CoV-2 Expériences d'isolation et de séquençage" Contrôles ", 25 mars 2022:

<https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/05/UK-HSA-isolation-sequencing-methods-PACKAGE-redacted.pdf/>

189 Lettre de UKHSA ", 01/0422/ag/005 Re: Affaire ref 2334 - FOIA: SARS-CoV-2 Expériences d'isolation et de séquençage" Contrôles ", 3 mai 2022.

Comme indiqué précédemment dans cette section de l'essai, il est absurde d'affirmer que les postulats pourraient être remplis lorsque l'existence du microbe postulé n'a jamais été établie. En outre, l'article de 2020 auquel se réfère Throup est "La pathogénicité du SRAS-CoV-2 chez les souris transgéniques hACE2".¹⁹¹ Cet article n'a jamais établi qu'il y avait un virus dans ses échantillons, qu'il n'avait aucun contrôle valable, qu'il ne suivait pas les postulats de Koch, et qu'il exposait d'autres aspects de la fraude.¹⁹² Cependant, Throup a ensuite continué à promouvoir des absurdités virologiques en affirmant qu'une autre étude¹⁹³ "démontre l'évolution de la maladie COVID-19, à partir du moment où une personne a rencontré le SRAS-CoV-2 pour la première fois, tout au long de l'infection jusqu'au point où le virus est apparemment éliminé". Une fois de plus, l'article affirmait simplement qu'il y avait un virus dans leurs échantillons et n'avait aucun contrôle valide, sans parler des autres aspects non scientifiques de l'étude qui ont été traités ailleurs, y compris la réfutation complète par *ViroLIEgy* de l'article alors qu'il s'agissait d'une pré-impression.¹⁹⁴ En d'autres termes, les politiciens comme Throup répètent les absurdités de la virologie et, par conséquent, soumettent leurs électeurs à une gamme obscène de conséquences inutiles et parfois mortelles.

SÉQUENCE METAGENOMIQUE - LE DERNIER SOUFFLE DE LA VIROLOGIE ?

L'ambition réductionniste de la biologie moléculaire risque-t-elle d'être contrecarrée par le volume des données qu'elle produit, voire par l'intérêt absorbant de sa collection ?

- Sir John Maddox¹⁹⁵

Le coût du séquençage a chuté de façon spectaculaire depuis 2001, alors qu'il dépassait \$5000 par

190 Par courriel de Maggie Throup MP à Rachael Maskell MP, Ref: ZA50772, 27 juin 2022:

<https://www.parliament.parliament.co.uk/question/315/coronavirus>

191 Linlin Bao, et al., "La pathogénicité du SARS-CoV-2 chez les souris transgéniques hACE2", Nature, 7 May 2020:

<https://www.nature.com/articles/s41586-020-2312-y>

192 Samantha Bailey, "Koch 's Postulate: Germ School Dropout", 8 sept. 2022:

<https://drsambailey.com/resources/videos/germ-theory/kochs-postulate-germ-school-dropout/>

193 Ben Killingley, et al., "Sûreté, tolérance et fièvre virale pendant le défi humain SARS-CoV-2 chez les jeunes adultes", Nat Med, 31 mars 2022:

<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/35361992/>

194 Mike Stone, "Challenge" SARS-COV-2 ", 11 Feb 2022:

<https://viroliegry.com/2022/02/11/challenging-sars-cov-2/>

195 "Trouver du bois parmi les arbres", Nature, 5 mai 1988:

<https://www.nature.com/articles/333011a0.pdf>

mégabase brute (Mb), jusqu'en 2007 quand il était environ \$500 par Mb, après quoi il est tombé précipitamment à \$0.005 par Mb au milieu de 2021.¹⁹⁶ En outre, l'apparition de Séquence de Prochaine Génération (NGS) vers 2005 a entraîné une réduction massive du temps nécessaire pour séquencer les génomes. Comme indiqué dans un article de Médecine et Biologie 2017...

... le génome humain, par exemple, se compose de 3 milliards de bps [paires de bases]... le séquençage du génome humain en utilisant le séquençage de Sanger a pris près de 15 ans, a exigé la coopération de nombreux laboratoires dans le monde entier et a coûté environ 100 millions de dollars US, tandis que le séquençage par séquenceurs NGS en utilisant le 454 Genome Séquencer FLX a pris deux mois et pour environ un centième du coût.¹⁹⁷

Le même article poursuit: "Malheureusement, les NGS sont incapables [sic] de lire la séquence complète de l'ADN du génome, se limitent à séquencer de petits fragments d'ADN et générer des millions de lectures. Cette limite reste un point négatif, en particulier pour les projets de montage du génome, car elle nécessite des ressources informatiques élevées".

En ce qui concerne la virologie, une préoccupation beaucoup plus grande que les "ressources informatiques" est qu'un procédé qui peut être utilisé pour séquencer du matériel génétique d'origine connue (par exemple, cellules humaines, bactériennes et cancéreuses) a été transformé en assemblage épisynthique de fragments génétiques d'origine inconnue. C'est la base des chasseurs de virus pour identifier ce qu'ils prétendent être des virus. Les ressources informatiques ne sont plus un problème pour les virologues car ils extraient des informations de leurs méthodologies complètement anti-scientifiques de "pipeline de laboratoire humide" impliquant des échantillons bruts et alimentent ces lectures non filtrées générées dans leur "pipeline de laboratoire sec" théorique et ses modèles *in silico*.

Il semblerait que la combinaison de coûts de séquençage massivement réduits et de délais raccourcis ait accéléré la descente de la virologie vers une anti-science plus poussée, pour laquelle l'humanité paie très cher des virus inexistantes qui sont inventés à volonté et utilisés comme excuses, pour les interventions fallacieuses et l'asservissement.

196 National Human Genome Research Institute, "DNA Sequencing Costs: Data":
<https://www.genome.gov/about-genomics/fact-sheets/DNA-Sequencing-Cost-Data>
(consulté le 23 avril 2022).

197 Mehdi Kchouk, et al., "Generations of Sequencing Technologies: From First to Next Generation", *Biology and Medicine*, 6 mars 2017:
<https://www.walshmedicalmedia.com/abstract/generations-of-sequencing-technologies-from-first-to-next-generación-24326.html>

Une publication d'octobre 2019 dans *Critical Reviews in Microbiology* a déclaré que “le mNGS [métagénomique NGS] fonctionne bien dans l'identification des agents pathogènes rares, nouveaux, difficiles à détecter et co-infectants directement à partir d'échantillons cliniques”.¹⁹⁸ Cependant, « fonctionne bien » en ce qui concerne l'identification de nouveaux « agents pathogènes viraux » n'a pas de sens car ils sont eux aussi tombés dans le vortex de raisonnement circulaire de la virologie.



Figure 10. Le système Illumina MiniSeq - comment l'équipe de Fan Wu et d'autres trouvent des “virus” *in silico* au 21e siècle grâce à des algorithmes informatiques. Il a lieu dans le tuyau de laboratoire sec sans démontrer l'existence d'une particule réelle cause de maladies infectieuses.

La plupart des “nouveaux agents pathogènes” qu'ils ont répertoriés dans leur article étaient des virus dérivés de la technique moderne prétendument avantageuse “indépendante de la culture” du mNGS. Une fois de plus, cependant, si personne ne peut cultiver ou isoler physiquement des soi-disant virus, comment peut-on affirmer que plusieurs séquences génétiques dans des échantillons environnementaux proviennent d'eux? Comme indiqué ci-dessus, la déclaration de Fan Wu et al. d'un “nouveau coronavirus” à Wuhan était entièrement basée sur de telles séquences génétiques préférées. La tentative de la virologie de passer cette méthodologie comme test de particules de virus a introduit une hypothèse infalsifiable qui est incompatible avec la méthode scientifique.

La spécialisation (et de plus en plus d'automatisation) du processus génomique conduit à une situation dans laquelle peu de gens peuvent apprécier le tableau général depuis l'évaluation clinique d'un patient jusqu'aux séquences de nucléotides générées sur un écran d'ordinateur. Les virologues invalident le processus du “génomique du virus” dès la première étape en ne jamais établir qu'ils ont une particule qui répond à la définition d'un virus. Ils ne montrent certainement jamais que les séquences qu'ils prétendent être “viraux” proviennent de l'intérieur d'une particule si imaginaire. En revanche, ils affirment que de telles déclarations peuvent être faites par des décisions

198 Donsheng Han, et al., “mNGS en laboratoire de microbiologie clinique: sur le chemin de la maturité”, *Commentaires en microbiologie*, 6 nov. 2019: <https://doi.org/10.1080/1040841X.2019.1681933>

consensuelles, que les séquences soient étiquetées “non humaines” ou “nouvelles” et qu’elles coïncident avec des séquences “virales connues” qui ont été précédemment déposées dans les banques de données génétiques. Cependant, la nature n’obéit pas aux histoires créées par l’humanité.

Le processus de métagénomique permet l’invention de ‘de novo’ de telles séquences virales et a permis au manège de la virologie de continuer à tourner au XXI^e siècle. Cependant, en raison de l’incapacité de la virologie à remplir ses propres postulats au cours du siècle dernier, son avenir sera presque certainement construit autour de cette mauvaise utilisation, ou du moins de l’application incorrecte, de la métagénomique. On pourrait s’attendre à ce que l’échec récent de plusieurs organisations à démontrer qu’elles effectuent des expériences de contrôle valides indique que les pandémies virales sont sur leurs dernières pattes scientifiquement. Ils ne peuvent se propager que si cette fraude finale est cachée au public. On pourrait s’attendre à ce que dans le dernier soupir de la virologie, la métagénomique reste trompeusement vendue comme un “progrès technologique” convenablement déclaré qui a laissé périssables les preuves scientifiques appropriées.

Comme indiqué ci-dessus, les folies d’une telle “avance technologique” peuvent généralement être exposées par une simple question pour vérifier s’il adhère à la méthode scientifique. Par exemple, en 2020, une équipe canadienne a déclaré qu’elle comparait plusieurs techniques pour “séquence complète du génome de SRAS-CoV-2” d’hysopes nasaux prélevés sur deux individus qui auraient une SRAS-CoV-2.¹⁹⁹ L’un des auteurs était le Dr Andrew McArthur, professeur associé de biochimie et de sciences biomédicales à l’Université McMaster, Canada. On lui a demandé s’ils “[essayaient] d’extraire l’ARN de témoins sains (personnes en bonne santé ou échantillons PCR négatifs) ou de surnageant non infecté mais sans virus”, pour voir s’ils pouvaient également assembler un “génom du SRAS-CoV-2 » à travers leur méthodologie ? McArthur a répondu que “nous n’avons pas d’hysopes de contrôles sains, mais l’étude incluait des contrôles négatifs pour les applications/bibliothèques, c’est-à-dire n’incluait pas d’ARN d’échantillon”.²⁰⁰ En effet, il n’y avait qu’une seule mention d’un “contrôle” dans l’article où il était indiqué “qu’une bibliothèque de contrôle négatif sans entrée d’extrait d’ARN du SRAS-CoV-2 a été incluse à l’aide de l’amplification

199 Jalees Nasir, et al., “A Comparison of Whole Genome Sequencing of SARS-CoV-2 Using Amplicon-Based Sequencing, Random Hexamers, and Bait Capture”, *Viruses*, 15 Aug 2020:
<https://www.mdpi.com/1999-4915/12/8/895>

200 Par courrier électronique d’Andrew McArthur, 31 mai 2022:
<https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/06/Mubareka-Mossman-etc-no-válido-controles-PACKAGE-redacted.pdf>

ARTIC”. Une fois de plus, l'absence d'un contrôle valide, étant un échantillon d'origine humaine sans le prétendu “virus”, place cet article dans les vastes archives de l'absurdité métagénomique de la virologie. Ironiquement, son travail a également affirmé que, “ le COVID-19 est causé par le syndrome respiratoire aigu coronavirus 2 (SRAS-CoV-2), un nouveau coronavirus, qui est né en décembre 2019 “ avec la citation de l'article de Peng Zhou et al., dont la fraude a été exposée précédemment dans cet essai.

POURQUOI REMETTRE EN QUESTION L'EXISTENCE DU VIRUS PENDANT UNE GUERRE ?

L'auteur a observé et été en contact avec un certain nombre d'individus du mouvement de la « liberté de la santé » qui contestent qu'il est inutile d'entretenir des discussions pour savoir si le SRAS-CoV-2 ou tout autre virus pathogène a été démontré. Certains des arguments avancés incluent qu'il distrait les crimes qui sont commis contre l'humanité, qui est une erreur stratégique puisqu'il cause plus de division, et que si l'hypothèse virale (ou la “théorie” germinale plus large) est discutée alors une théorie alternative doit être présentée. Il n'est pas nécessaire de fournir une liste de blanchisserie des personnes qui promeuvent de telles affirmations, mais un exemple a été l'universitaire britannique Dr Roger Watson qui a déclaré en mars 2022, “il est difficile de comprendre comment Sam Bailey parvient à ses points de vue et il n'est pas nécessaire d'être un renieur de virus pour être très critique de la façon dont la pandémie a été gérée”.²⁰¹ La critique de Watson illustre ce que l'on attend d'elle comme une opinion mal informée qui se fonde sur les affirmations de la virologie du perroquet. Notre point de vue ne devrait pas être difficile à comprendre pour ceux qui ont longuement enquêté sur l'histoire, les méthodologies anti-scientifiques et les déclarations des virologues, y compris la déclaration d'un «nouveau coronavirus» en 2020, et fait des efforts pour communiquer cette fraude au public dans un langage clair.

Dans certains cas, ces critiques affirment que tout au sujet de la pandémie est une fraude, à l'exception de l'affirmation des virologues (et de l'OMS) selon laquelle le SRAS-CoV-2 a une existence physique en tant que particule pathogène. Ils ne peuvent pas voir que le fondement même de la fraude est aussi une fraude. La difficulté pour certains, même ceux dans le mouvement de la liberté, pourrait être que la répudiation de l'existence du virus viendrait au prix de mettre en doute une grande partie du travail de leur vie. Cependant, au cours d'une enquête, on ne doit pas s'arrêter

201 Samantha Bailey, “The COVID ‘Sceptics’ Who Spread Viral Dogma”, 17 mars 2022:
<https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-escépticos-que-propagan-viral-dogma/>

pour des raisons de commodité ou parce que son état actuel de connaissance ne va pas plus loin. Au contraire, il est une grave erreur de permettre que les “faits” fondateurs soient dictés par l'établissement de virologie. Le cœur de la fraude COVID-19 est basé sur les affirmations de la virologie. Ce n'est pas une erreur stratégique de diriger notre énergie vers l'exposition des erreurs de la virologie, sinon, vaincre la crise COVID-19 tout en laissant le non-sens virologique intact, cela ouvre la porte à un certain nombre de déclaration de «pandémies virales» dans le futur. Obtenir une vision de toute la fraude élimine la peur infondée de la contagion et nous équipe avec un chemin plus robuste vers une liberté durable.

POSTSCRIPTUM

Peu importe la longueur d'un essai couvrant ce sujet, il y aura toujours plus de questions sous la forme de "mais qu'en est-il de...?" La volonté d'adapter les phénomènes observés au modèle du virus est fortement programmée à plusieurs niveaux. Ce n'était pas l'intention de cet essai d'expliquer les observations périphériques ou la cause de diverses maladies chez des organismes tels que les humains. Comme cela a été détaillé, il suffit de démontrer que l'hypothèse virale a été réfutée dans ses propres termes. Les virologues n'ont pas fourni de preuves directes de virus pathogènes, mais ont eu recours à des observations indirectes qui sont invalidées en raison de la nature incontrôlée des expériences. De plus, adhérer à la méthode scientifique ne nous oblige pas à fournir une explication alternative à ces phénomènes - lorsqu'une hypothèse a été falsifiée, ne serait-ce qu'une fois, c'est fini. Tragiquement, les explications à beaucoup de questions "mais qu'en est-il de... ?" ont déjà été répondues ailleurs, mais la séduction du "virus" et le juggernaut des intérêts environnants ont constitué une barrière de connaissance artificielle pour beaucoup de personnes. Dans cette lumière, je me suis efforcé de servir le but le plus élevé que je connaisse et j'espère que mes contributions aideront l'humanité à se débarrasser des chaînes virales imaginaires une fois pour toutes.

*Le progrès consiste non pas à augmenter la vérité, mais à la libérer de ses enveloppes.
La vérité est obtenue comme l'or, non pas en la laissant grandir, mais en la lavant tout
ce qui n'est pas de l'or. - Leo Tolstoy.*²⁰²

À PROPOS DE L'AUTEUR

Dr Mark Bailey MB ChB, PGDipMSM, MHealSc (Otago)

Il est un chercheur en microbiologie, industrie médicale et santé qui a travaillé dans la pratique médicale, y compris les essais cliniques, pendant deux décennies.

202 [Journals de Tolstoï](#), édité et traduit par R. F. Christian, Flamingo, 1994.