

# UN ADDIO A VIROLOGIA

**(EDIZIONE ESPERTA)**

Il dottor Mark Bailey

# CONTENUTI

<b>Astratto</b>	<b>4</b>
 <u>PRIMA PARTE</u>	
<b>SARS-CoV-2 non trovato</b>	<b>5</b>
Dott.ssa Siouxsie Wiles: accolta "IsolaCon" della virologia	6
<b>Perchè IsolaCon MaGers</b>	<b>9</b>
<b>Cos'è la virologia?</b>	<b>14</b>
La mancanza di controlli della virologia significa che non è un'attività scientifica	20
<b>Abusi sugli animali e studi "AnCbody".</b>	<b>22</b>
Il paradosso della quantità dei virus	26
 <u>SECONDA PARTE</u>	
<b>Fan Wu et al. Deus ex machina</b>	<b>27</b>
<b>Tartarughe fino in fondo</b>	<b>33</b>
L'affermazione del CDC sulla SARS-CoV-2	38
<b>Le rivelazioni di Peng Zhou et al.</b>	<b>41</b>
<b>Altri DecepCon da Wuhan?</b>	<b>43</b>
Preparazione di una pandemia di PCR da parte del professor Stephen BusCn	44
 <u>PARTE TERZA</u>	
<b>"LiGle Mountain Dog" – Ingenuo o gaslighCng?</b>	<b>50</b>
<b>Il DistracCon "Lab Leak".</b>	<b>54</b>
<b>Virologia e società chiusa</b>	<b>59</b>
Sequenziamento metagenomico: il sussulto finale della virologia?	62

**Perché il virus QuesCon esiste durante una guerra?**

**65**

POSTSCRIPT

**Circa l'autore**

**67**

# UN ADDIO ALLA VIROLOGIA (EDIZIONE ESPERTA)

## ASTRATTO

**La virologia ha inventato il modello del virus** ma ha costantemente mancato di soddisfare le proprie esigenze. Si sostiene che i virus causino malattie che si trasmettono tra ospiti come gli esseri umani, eppure mancano le prove scientifiche per queste affermazioni. Uno dei più grandi fallimenti della virologia è stata l'incapacità di ottenere particelle virali direttamente dai tessuti di organismi che si ritiene abbiano malattie "virali". Per offuscare questo stato di cose, i virologi sono ricorsi alla creazione di propri metodi pseudoscientifici per sostituire il metodo scientifico di lunga data, oltre a cambiare il significato del dizionario delle parole al fine di supportare le loro pratiche anE-scientifiche. Ad esempio, un isolato "isolato" non richiede l'esistenza fisica dei frammenti per ottenere lo status di "isolato".

**Una particella virale** deve soddisfare proprietà fisiche e biologiche definite, incluso essere un parassita intracellulare replicabile e capace di *causare* malattia in un ospite come un essere umano. Tuttavia, i "virus" come SARS-CoV-2 non sono altro che costrutti fantasma, esistenti solo nell'immaginazione e nelle simulazioni computerizzate. In questo paradigma, i casi di malattie inventate come il COVID-19 non sono altro che il rilevamento di sequenze genetiche e proteine selezionate *presunte* essere "virale". L'esistenza di un virus non è richiesta in questo ciclo di ragionamento circolare e quindi tutte le "pandemie" possono essere costruite su creazioni digitali e falsamente sostenute attraverso *in vitro* ("provetta") reazioni molecolari.

**Questo saggio contiene tre parti.** Prima parte delinea parte della storia della virologia e i fallimenti dei virologi nel seguire il metodo scientifico. È possibile dimostrare che le numerose e di vasta portata affermazioni dei virologi sono errate a causa: (a) della mancanza di prove dirette e (b) dell'invalidazione delle "prove" indirette a causa della natura incontrollata degli esperimenti. Gli esempi forniti coprono tutti gli aspetti principali della frode virologica, compresi il presunto isolamento, gli effetti citopatici, la genomica, gli anticorpi e gli studi sulla patogenicità animale.

Seconda parte esamina la frode utilizzata per propagare la "pandemia" di COVID-19. Un'analisi della metodologia su cui si basano gli inventori originali Fan Wu et al., mostra come il immaginario SARS-CoV-2 sia stato "creato" attraverso metodi anE-scientifici e giochi di prestigio linguistici. Fa parte di un deceptio in corso in cui si sostiene che esistano virus templando contro precedenti modelli di "virus". Usando SARS-CoV-2 come esempio, la traccia dei modelli genomici del "coronavirus" risalenti agli anni '80 rivela che nessuna di queste sequenze geneEc ha mai dimostrato di provenire dall'interno di alcun parEcle virale: gli alberi filogenetici sono fantasie. L'errata applicazione della reazione a catena della polimerasi ha propagato questo aspetto della frode virologica e ha creato i "casi" per mantenere l'illusione di una pandemia. Parte terza fornisce un'analisi di come alcuni partecipanti chiave, istituzioni "sanitarie" e media mainstream mantengono l'illusione del virus attraverso il controllo dell'informazione e le narrazioni che ripetono a pappagallo le affermazioni della virologia. Per pura coincidenza, la frode virologica si trova ora al centro della frode relativa al COVID-19. Da qui, tuttavia, può essere valutato criticamente da chi è esterno alla virologia e il paradigma pseudoscientifico che la virologia ha costruito attorno a sé può finalmente essere smantellato e messo a tacere.

**Lo scopo di questo saggio** è quello di fornire confutazioni a varie affermazioni secondo cui i virus patogeni esistono e causano malattie. SARS-CoV-2 è stato utilizzato come esempio principale, ma i principi si applicano a tutti i presunti virus. Ciò che segue affronta la letteratura arcana della virologia oRen nei suoi termini, il che, va detto, può rendere alcune parti di questo saggio una lettura piuttosto pesante. Tuttavia, si spera che questo contributo riempia una nicchia per il lettore che cerca una comprensione più tecnica dell'ipotesi del virus poiché cerca di esporre le basi stesse delle presunte pandemie e delle pratiche mediche fraudolente. La minaccia della virologia per l'umanità è in aumento, quindi è ora che diamo addio a queste pratiche pseudoscientifiche distruttive e ci liberiamo da paure inutili.

## PRIMA PARTE

### SARS-COV-2 NON TROVATO

*Forse la prova principale che la teoria virale patogena è problematica è che nessun articolo scientifico pubblicato ha mai dimostrato che le particelle che soddisfano la definizione di virus siano state direttamente isolate e purificate da qualsiasi tessuto o fluido corporeo di qualsiasi essere umano o animale malato. Usando la definizione comunemente accettata di "isolamento", che è la separazione di una cosa da tutte le altre, c'è accordo generale sul fatto che ciò non è mai stato fatto nella storia della virologia.—Dr Thomas Cowan et al., Dichiarazione "Segling the Virus Debate", 2022.<sup>1</sup>*

A partire dall'11 settembre 2022 e a seguito di ampie indagini attraverso le richieste Freedom of InformaEon (FOI) coordinate da ChrisEne Massey, nessuno dei 209 istituti principalmente sanitari o scientifici in oltre 35 paesi è stato in grado di fornire prove dirette del presunto SARS-CoV-2 virus.<sup>2</sup> Agli istituti è stato chiesto di produrre qualsiasi documento che dimostri che "la purificazione di 'SARS-CoV-2' si ritiene abbia causato malattie negli esseri umani (tramite macerazione, filtrazione e uso di un'ultracentrifuga; a Emes da alcune persone indicato anche come 'isolaEon'), direttamente da un essere umano malato..." In molte occasioni, in seguito all'ammissione che non esiste alcuna prova del genere, istituzioni come il Ministero della Salute neozelandese suggeriscono poi che, "ci sono diversi esempi di virus isolato e coltivato in una sessione di laboratorio.<sup>3</sup> Tuttavia, gli esempi a cui si fa riferimento sono universalmente esperimenti proxy della cultura Essue, in cui la parola "isola" si è staccata dal suo significato inteso e non è stato dimostrato che nessun parEcle, immaginato o immaginato, abbia le proprietà di un virus patogeno. . In ogni caso, si tratta di una distrazione dal problema più ampio esposto dalle richieste FOI, ovvero che i frammenti dichiarati virali non potranno mai essere trovati in soggetti umani. La virologia ha trovato scuse per questa mancanza di prove ma, anche tenendo conto di questa imbarazzante carenza, sta esaurendo i posti in cui nascondersi poiché le sue varie metodologie sono sempre più esaminate da coloro che sono al di fuori del campo. Questo saggio delinea i molti aspetti della scienza anE della virologia che sono stati impiegati per mantenere l'illusione che esistano virus patogeni.

---

<sup>1</sup>Thomas Cowan, et al., "The 'Segling the Virus Debate' Statement", 14 luglio 2022: <https://drsambailey.com/resources/segling-thevirus-debate/>

<sup>2</sup>ChrisEne Massey, "209 istituzioni sanitarie/scientifiche a livello globale non sono riuscite a citare nemmeno 1 record di purificazione da 'SARS-COV-2', da parte di chiunque, ovunque, mai": <https://www.fluoridefreepeel.ca/68-health-science-insEtuEons-globally-all-failed-to-cite-even-1-record-of-sarscov-2-purificaEon-by-anyone-anywhere-ever/> (accesso l'11 settembre 2022.)

<sup>3</sup>Ministero della Salute neozelandese, "Risposta all'Official InformaEon Act Rif: H202102878": [https://drive.google.com/drive/folders/1okjiB4PdWN3Eei\\_g67zTUfok92kuqgS](https://drive.google.com/drive/folders/1okjiB4PdWN3Eei_g67zTUfok92kuqgS)

*La centrifugazione in gradiente di densità è la tecnica standard scientificamente richiesta per dimostrare l'esistenza di un virus. Nonostante questo metodo sia descritto in tutti i manuali di microbiologia come "tecnica di isolamento del virus", non viene mai applicato negli esperimenti volti a dimostrare l'esistenza di virus patogeni. —Dottor Stefan Lanka, 2015.<sup>4</sup>*

La difesa delle metodologie della virologia è ovviamente intensificata dai suoi promotori, tra cui il governo neozelandese e la microbiologa favorita dai media finanziati dallo stato, Siouxsie Wiles.<sup>5</sup> Il suo datore di lavoro, l'Università di Auckland, è tra quegli istituti che hanno ora confermato che "[non] ha svolto alcun lavoro relativo alla purificazione di alcun virus Covid-19",<sup>6</sup> e pertanto non ha né trovato né isolato da alcun soggetto umano il cosiddetto virus denominato SARS-CoV-2. Questo professore associato, che nel marzo 2020 ha informato il paese che "il mondo è in fiamme",<sup>7</sup> è stato ordinato neozelandese dell'anno nel 2021 per "aver aiutato milioni di persone in tutto il mondo a superare la paura e le complessità della pandemia... e aver contribuito a tenerci al sicuro".<sup>8</sup> Nel suo articolo del novembre 2020, "I postulati di Koch, il COVID e la disinformazione sulle tane dei conigli", Wiles ha affermato che "le persone che chiedono prove dell'esistenza del virus SARS-CoV-2 responsabile del COVID-19 stanno specificatamente formulando la loro richiesta di escludere di ottenere qualsiasi prova dell'esistenza del virus".<sup>9</sup> Il suo articolo andò subito per la tangente affermando che i postulati di Koch non erano adatti ai virus e lei li dichiarò quindi non validi in quel contesto. Non è chiaro il motivo per cui non abbia menzionato i postulati di Eon Rivers,<sup>10</sup> che sono stati progettati specificamente per includere i virus, anche se forse perché dovrebbe ammettere che neanche questi postulati sono mai stati soddisfatti. E mentre i Postulati di Koch si riferiscono alla definizione della causa della malattia e del contagio, piuttosto che alla questione specifica se il virus sia virale o meno.

---

<sup>4</sup>Stefan Lanka, "Il malinteso del virus", *Rivista WISSEnSCHAFFTPLUS*, 06/2015: [https://www.researchgate.net/publication/316280466\\_Virology\\_State\\_of\\_the\\_Art](https://www.researchgate.net/publication/316280466_Virology_State_of_the_Art)

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

<sup>6</sup>ChrisEne Massey, <https://www.fluoridefreepeel.ca/fois-reveal-that-health-science-insEtuEons-around-the-world-have-no-recordof-sars-cov-2-isolaEon-purificaEon/>

<sup>7</sup>"La microbiologa Siouxsie Wiles dà consigli sulla prevenzione del coronavirus", *1Novità*, 16 marzo 2020: [https://www.youtube.com/watch?v=u\\_YVN7KYzhA&t=43s](https://www.youtube.com/watch?v=u_YVN7KYzhA&t=43s)

<sup>8</sup>Nikki Preston, "L'appassionata microbiologa Siouxsie Wiles nominata neozelandese dell'anno", *Herald neozelandese*, 1 aprile 2021: <https://www.nzherald.co.nz/nz/passionate-microbiologist-siouxsie-wiles-named-as-new-zealander-of-the-year>; "Dr Siouxsie Wiles MNZM", New Zealander of the Year Awards (senza data, accesso il 22 maggio 21), 2: <https://nzawards.org.nz/winners/dr-siouxsie-wiles-mnzm/>. La motivazione del premio recita come segue: "A fronte di considerevoli critiche – sulla sua autorità, sul suo aspetto, sul suo genere – Siouxsie ha continuato a rispondere a una delle più grandi sfide della nostra America con empatia, innovazione e coraggio, e il suo lavoro è stato visto da milioni di persone e persino utilizzato da governi e organizzazioni come parte delle loro comunicazioni ufficiali sulla pandemia".

<sup>9</sup>Siouxsie Wiles, "I postulati di Koch, il Covid e la disinformazione sulle tane dei conigli", 16 novembre 2020: <https://www.auckland.ac.nz/en/news/2020/11/16/kochs-postulates-covid-and-misinformaEon-rabbit-holes.html>

<sup>10</sup>Thomas Rivers, "I virus e i postulati di Koch", *Giornale di batteriologia*, 33/1, 1937.

possono essere trovati in o da soggetti umani, avrebbe potuto semplicemente spiegare che i virologi hanno trascorso gran parte del 20° secolo cercando di identificare i virus direttamente da esseri umani malati senza alcun successo. Wiles poi introdusse erroneamente i Postulati Molecolari di Falkow<sup>11</sup> nella sua argomentazione, non fornendo alcuna spiegazione su come potrebbero essere utilizzati per dimostrare l'esistenza fisica del presunto SARS-CoV-2 in un essere umano o in qualsiasi altro luogo.

In modo imbarazzante per Wiles, l'Organizzazione Mondiale della Sanità (OMS) ha dichiarato nel 2003 che, per quanto riguarda la SARS-CoV-1, "l'identificazione conclusiva di un causaEve [agente] deve soddisfare tutti i criteri del cosiddetto "Postulato di Koch [s]". Gli ulteriori esperimenti necessari per soddisfare questi criteri sono attualmente in corso in un laboratorio nei Paesi Bassi".<sup>12</sup> L'articolo dell'OMS è stato rimosso dal suo sito Web senza spiegazione nel 2021, ma è possibile accedervi tramite l'Archivio Internet.<sup>13</sup> La fantasiosa affermazione secondo cui i Postulati di Koch furono soddisfatti nel 2003 da Fouchier et al. con SARS-CoV-1 è stato confutato altrove.<sup>14</sup> Il loro esperimento sulle scimmie non solo è stato invalidato dalla mancanza di controlli e dalla via di esposizione innaturale ma, come tutte le pubblicazioni di virologia, non sono riusciti a dimostrare un pezzo che soddisfacesse la definizione di virus. Wiles sembrava anche essere in disaccordo con Na Zhu et al., uno dei primi team che affermavano di aver scoperto SARS-CoV-2, perché ammettevano che, "sebbene il nostro studio non soddisfi i postulati di Koch, le nostre analisi forniscono prove implicanti 2019-nCoV [in seguito "SARS-CoV-2"] nell'epidemia di Wuhan. Ulteriori prove per confermare il significato ecologico del 2019-nCoV nell'epidemia di Wuhan includono... esperimenti su animali (scimmie) per fornire prove di patogenicità".<sup>15</sup>

— *Tuttavia, che i diversi virologi vogliano o meno prendere in considerazione la validità dei Postulati di Koch, si tratta semplicemente di un'altra distrazione in quanto i postulati richiedono l'isolamento fisico di un microbo piuttosto che affermare che uno esiste attraverso mezzi come simulazioni computerizzate, imaging di vescicole con funzioni biologiche sconosciute o affermare che le zuppe biologiche non purificate somministrate agli animali contengono "virus".*

---

<sup>11</sup>Postulati molecolari di Falkow: "(1) Il fenotipo o la proprietà sotto invesEgaEon dovrebbero essere associati a membri patogeni di un genere o a ceppi patogeni di una specie. (2) L'inattivazione specifica del gene o dei geni associati al sospetto tratto di virulenza dovrebbe portare a una perdita misurabile di patogenicità o virulenza. (3) La reversione o la sostituzione allelica del gene mutato dovrebbe portare al ripristino della patogenicità. - Stanley Falkow, "I postulati molecolari di Koch applicati alla patogenicità microbica", *Recensioni di malattie infettive*, luglio-agosto 1988: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/3055197/>

<sup>12</sup>OMS, "Sindrome respiratoria acuta grave (SARS) - epidemia nei paesi mule - Aggiornamento 12", 27 marzo 2003.

<sup>13</sup>[https://web.archive.org/web/20030802232208/hqp://www.who.int/csr/don/2003\\_03\\_27b/en/](https://web.archive.org/web/20030802232208/hqp://www.who.int/csr/don/2003_03_27b/en/)

<sup>14</sup>Torsten Engelbrecht, et al., *Mania virale*, 3a edizione inglese, Books on Demand, 2021, 2: Samantha Bailey, "Che cosa è successo alla SARS-1?", 27 gennaio 2021: <https://drsambailey.com/resources/videos/viruses-unplugged/what-happened-to-sars-1/>

<sup>15</sup>Na Zhu et al., "Un nuovo coronavirus da pazienti affetti da polmonite in Cina, 2019", *The Giornale di medicina del New England*, 382 (20 febbraio 2020, pubblicato per la prima volta il 24 gennaio 2020, aggiornato il 29 gennaio 2020), 728: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31978945/>

Wiles ha anche deciso di sostenere l'uso palesemente improprio della parola 'isolamento' da parte della virologia quando ha affermato: "per quanto riguarda l'uso dell'isolamento nel senso quotidiano della parola, piuttosto che nella definizione che è rilevante per la domanda posta? Ebbene, questo è dannatamente ridicolo ed è un chiaro segno che queste richieste di prove non vengono avanzate in buona fede."<sup>16</sup> Sembrava incredula che altri avessero sottolineato che la definizione di una parola usata a livello scientifico era stata modificata unilateralmente dai virologi per implicare che fosse stata ottenuta una certa prova. Tuttavia, se il loro uso dell'isolamento non significa ciò che la maggior parte delle persone pensa che significhi, allora è probabile che la maggior parte del pubblico sia male informata. Per questo motivo, Wiles è un partecipante attivo nella diffusione della disinformazione, sia che si tratti di un atto di cecità intenzionale o meno. Wiles deve mostrarsi come esperta e spiegare al pubblico cosa significa la definizione di isolamento in virologia, in particolare per quanto riguarda la dimostrazione della presunta esistenza dei virus. Forse pensa di aver spiegato quando ha scritto,<sup>17</sup> Non è chiaro se Wiles stia insinuando che l'"isolamento del virus" sia stabilito da: (a) il prelievo del campione, (b) vedendo alcune cellule morire *in vitro*, (c) il rilascio delle presunte "particelle virali" nella cultura di Essue, o (d) la totalità o una parte della combinazione di questi elementi. Tuttavia, nulla di ciò che ha descritto richiede l'esistenza di virus: è un gioco di inganni, realizzato o meno. Si tratta semplicemente di affermare che nel campione era presente un virus, attribuire la rottura delle cellule stressate sperimentalmente nella provetta al virus immaginario, e poi dichiarare che alcune delle vescicole (la cui composizione biologica e funzione non erano state stabilite) erano i virus. C'è un ulteriore difetto fatale in questo esercizio. Come verrà illustrato in dettaglio in questo saggio, le affermazioni secondo cui è stata dimostrata l'esistenza della SARS-CoV-2 attraverso questa metodologia sono tutte scientificamente non valide in quanto *nessuno* degli esperimenti sono stati eseguiti con controlli validi.

Questo è esemplare di come Wiles ha agito nel suo ruolo di uno dei principali influencer della campagna di disinformazione del governo neozelandese e del suo programma omicida di lancio di un prodotto iniettabile chiamato Comirnaty.™ – sostenendo che esperimenti di colture non specifiche di Essue verificano l'esistenza del virus quando nulla del genere è stato dimostrato. La questione va oltre la semplice SARS-CoV-2: *ogni* virus che si afferma esista si basa su una pseudoscienza simile. La storia della virologia rivela che i tipi di cellule alla fine selezionati per questi esperimenti

---

<sup>16</sup>Siouxsie Wiles, "I postulati di Koch, il Covid e la disinformazione sulle tane dei conigli", 16 novembre 2020: <https://www.auckland.ac.nz/en/news/2020/11/16/kochs-postulates-covid-and-misinformaEon-rabbit-holes.html>

<sup>17</sup>Ibid.

sono stati quelli che hanno una propensione a crollare con la pretesa di "effetti citopatici" (CPE) indotti dal virus, piuttosto che quelli che sono "relativamente facili da coltivare in laboratorio", come ha affermato Wiles nel suo articolo. Ad esempio, le cellule di scimmia Vero E6<sup>18</sup> sono stati a lungo preferiti dai virologi, presumibilmente per la loro "idoneità" a ospitare molti virus, ma anche, sospettosamente, perché i virus aneuploidi<sup>19</sup>

La linea renale è più suscettibile agli insulti tossici derivanti da ingredienti aggiuntivi come gli onnipresenti antibiotici nefrotossici e gli antifungini aggiunti alla miscela di coltura. Quando un gruppo ha tentato di coltivare il SARS-CoV-2, non ha ottenuto i risultati desiderati con cellule di adenocarcinoma umano (A549), cellule di fegato umano (HUH7.0), cellule renali embrionali umane (HEK-293T) e un grande rene di pipistrello marrone linea cellulare (EFK3B), ma poi dichiararono di avere un "isolato virale" in seguito all'osservazione di CPE nelle cellule Vero E6.<sup>20</sup> Come è tipico, non sembrava esserci alcun senso di ironia per loro nel fatto che non si potesse dimostrare che il presunto virus respiratorio umano "infettasse" il tipo di cellula in questione, per non parlare della specie in questione. E i loro esperimenti furono ancora una volta invalidati dall'assenza di colture di controllo adeguate.

PERCHÉ L'ISOLAMENTO È IMPORTANTE

*Chi controlla la lingua controlla le masse.—Saulo Alinsky<sup>21</sup>*

Un ulteriore imbarazzo per la virologia è che le presunte particelle virali che sono state purificate con successo non hanno dimostrato di essere competenti per la replicazione o di causare malattie da sole. In altre parole, ciò che è stato fisicamente isolato può essere considerato solo vescicola extracellulare (EV). Nel maggio 2020 è apparso un'editoriale sulla rivista *Virus* che affermava che "al giorno d'oggi è una missione quasi impossibile separare veicoli elettrici e virus mediante metodi canonici di isolamento delle vescicole, come l'ultracentrifuga differenziale, perché sono spesso co-pellettati a causa della loro dimensione simile".<sup>22</sup> "Oggi" significa in contrasto con il passato e non è chiaro come un cambiamento tecnico così osservato possa essere conciliato con le leggi biologiche. Sembra più probabile che i virologi stiano prendendo le distanze dalle proprie tecniche per evitare la confutazione dei propri postulati. Potrebbero dover accettare che la ragione per cui la diversa ultracentrifuga non è in grado di separare i virus dalle altre vescicole è perché la loro affermazione che i virus sono presenti nelle vescicole

---

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

<sup>19</sup>Per aneuploidia si intende la presenza di un numero anomalo di cromosomi in una cellula.

<sup>20</sup>Jennifer Harcourt, et al., "Sindrome respiratoria acuta grave da coronavirus 2 da paziente affetto da malattia da coronavirus, Stati Uniti", *Malattie infettive emergenti*, giugno 2020: [https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/26/6/20-0516\\_article](https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/26/6/20-0516_article)

<sup>21</sup>*Regole per i radicali*, Casa Casuale, 1971.

<sup>22</sup>Flavia Giannesi, et al., "Il ruolo delle vescicole extracellulari come alleate dei virus HIV, HCV e SARS", *Virus*, 22 maggio 2020: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7519827/>

il campione è infondato.

I virologi si stanno chiaramente distraendo dalla questione fondamentale dell'isolamento poiché non sono stati in grado di raggiungere risultati su questo fronte. Invece di affrontare il problema in modo onesto e scientifico, hanno offuscato il linguaggio. Nel 2017, The Perth Group ha sottolineato nel loro *magnum opus*, "HIV - un virus come nessun altro" che, "in virologia, mentre purificazione mantiene il suo significato quotidiano, 'isolaEon' è un termine opportuno che i virologi assegnano ai dati che sostengono siano la prova dell'esistenza di un virus particolare".<sup>23</sup>In altre parole, è conveniente e pratico ma, rispetto alle affermazioni che vengono fatte e alle conseguenti azioni compiute contro l'umanità, dovrebbe essere visto come improprio e immorale. Nello stesso saggio, il Perth Group ha documentato i seguenti esempi di virologi che hanno adattato il linguaggio scientifico, a seconda delle esigenze, per i propri scopi:

*L'esperto di HIV Jay Levy definisce l'isolamento del virus come un "campione di un virus proveniente da una fonte definita", White e Fenner come la capacità di "identificare un virus totalmente imprevisto o addirittura scoprire un agente completamente nuovo". Montagnier e Weiss come "propagandoli [i virus] nelle cellule in coltura". La sesta edizione di Fields Virology del 2013 definisce l'isolamento come "I virus possono essere isolati da un ospite infetto raccogliendo materiale espulso o secreto, sangue o tessuto ed esaminando l'induzione dei sintomi originali nell'ospite identico o l'induzione di qualche patologia anormale nell'ospite identico". un ospite sostitutivo, o in una coltura cellulare... Una volta stabilita la presenza di un virus, è spesso auspicabile preparare un clone geneticamente puro". Inutile dire che se l'isolamento del virus significa "prelevare un campione di un virus da una fonte definita", o "propagandoli nelle cellule in coltura", bisogna prima avere la prova che il virus esiste in "una fonte definita" o "nelle cellule in coltura". Né l'isolamento del virus è "l'induzione di qualche patologia anormale" o "una volta che è stata stabilita la presenza di un virus".*

24

È una parodia che questo stato di cose esista e che la pratica grossolanamente fuorviante renda infondate le numerose affermazioni di isolamento della virologia. Ma gli stessi virologi offrono qualche spiegazione per il loro incessante abuso della lingua inglese? Nel 2021, il virologo veterano professor Vincent Racaniello ha spiegato, anche riguardo alla definizione di termini fondamentali come 'isolare', che "quello che succede è che sei addestrato nel laboratorio di qualcuno e lo senti dire delle cose e gli associ un significato ed è quello che fai, e loro possono o no

---

<sup>23</sup>The Perth Group, "HIV - un virus come nessun altro", 12 luglio 2017: <http://thepertthgroup.com/HIV/TPGVirusLikeNoOther.pdf>

<sup>24</sup>Ibid.

avere ragione.”<sup>25</sup>Nella stessa presentazione, lo stesso Racaniello non sembrava notare alcun problema con la propria definizione di quelli che dovrebbero essere termini scientifici quando ha continuato dicendo: “un isolato è un virus che abbiamo isolato da un ospite infetto e noi l'hanno propagato nella cultura”.

Ironicamente, in un articolo del 2015, riguardante la terminologia scientifica appropriata e la parola “transfezione”,<sup>26</sup>Racaniello ha affermato: “se consideri la lingua inglese come un mezzo di comunicazione dinamico che si evolve continuamente e fornisce alle parole nuovi significati, allora questo uso errato della transfezione probabilmente non ti disturba. Ma gli scienziati devono essere precisi nell’uso del linguaggio, altrimenti la loro capacità di comunicare sarà compromessa.”<sup>27</sup>Un’analisi della presentazione di Racaniello sull’isolamento virale e sull’uso improprio del linguaggio nella scienza è stata trattata in precedenza dalla dottoressa Samantha Bailey in “La verità sull’isolamento virale”.<sup>28</sup>È un esempio del problema in cui diverse generazioni di virologi sembrano intrappolate in un mondo di ragionamento circolare semestrale, anche se con diversi gradi di intuizione.

La virologia ha inventato l’ipotesi dei virus, quindi qualunque sia il metodo impiegato nel tentativo di dimostrarne l’esistenza, deve soddisfare tale definizione. Al centro del magar c’è un concetto semplice e dobbiamo vedere le prove che le presunte particelle patologiche causano nuove particelle che sono cloni delle prime. Affermare che le proteine e gli acidi nucleici rilevati siano di un’origine virale specifica non è possibile a meno che le presunte particelle virali non siano state veramente isolate mediante purificazione e non sia stato dimostrato che hanno queste caratteristiche biologiche chiave. Come sottolineato da The Perth Group in “HIV - a virus like no other”, purificaEon è necessario per dimostrare l’esistenza dei virus per diversi motivi, tra cui i seguenti:

- 1. I virus si replicano solo nelle cellule viventi. Poiché cellule e virus sono composti dagli stessi costituenti biochimici, la separazione delle particelle dal materiale cellulare è essenziale per definire quali acidi nucleici e proteine appartengono alle particelle virali.*
- 2. Per dimostrare che le particelle sono infette. In altre parole, sono le particelle, e non altri fattori, ad essere responsabili della produzione di nuove particelle. Ciò richiede la purificazione di entrambi i gruppi di particelle.*

---

<sup>25</sup>Vincent Racaniello, “Isolati, varianti, ceppi virali: cosa sono?”, *Vincenzo Racaniello*, 2 marzo 2021: <https://www.youtube.com/watch?v=G2G2bWUAef0&t=75s>

<sup>26</sup>“TransfecEon è un processo di introduzione dell’acido nucleico nelle cellule eucariote utilizzando vari metodi chimici o fisici”, da *Biotechnologia completa*, 2a edizione, Elsevier, 2011.

<sup>27</sup>Vincenzo Racaniello, “Cosa significa transfezione?”, *Blog di virologia*, 12 febbraio 2015: <https://www.virology.ws/2015/02/12/whatdoes-transfecEon-mean/>

<sup>28</sup>Samantha Bailey, “La verità sul virus IsolaEon”, 14 aprile 2021: <https://drsambailey.com/resources/videos/viruses-unplugged/the-truth-about-virus-isolaEon/>

### 3. Dimostrare i loro effetti biologici e patologici.

#### 4. Ottenere geni antigeni (proteine) e acidi nucleici da utilizzare rispettivamente nei test anatomici e genomici.<sup>29</sup>

Sebbene sia meno comune, alcuni virologi offuscano anche il significato di "purificazione". Il 23 maggio 2022, il professore belga di virologia Marc Van Ranst<sup>30</sup> ha affermato che per quanto riguarda SARS-CoV-2, "in un altro articolo (<https://europepmc.org/article/pmc/pmc7122600>) hanno ulteriormente purificato il virus mediante ultracentrifugazione in beta-ciclodestrina."<sup>31</sup> Van Ranst si riferiva a un articolo del 2008 che descriveva la "preparazione su larga scala di virioni di coronavirus SARS inattivati con raggi UV", relativi al presunto virus SARS-CoV-1.<sup>32</sup> Tuttavia, questo documento delinea semplicemente un protocollo *sostenendo* per purificare i virioni e non c'è nessuna parte dell'articolo che dimostri l'esistenza di un qualsiasi articolo competente per la replica: tutto ciò che è stato mostrato erano alcune immagini di bassa qualità che pretendevano di mostrare cellule Vero E6 "infette". (Vedere la sezione successiva riguardante gli "effetti citopatici".) Per quanto riguarda il "controllo dei virioni purificati" dopo la centrifugazione, non sono state fornite immagini ma è stato affermato che "la concentrazione dei virioni purificati è determinata mediante il test BCA [acido bicinchonico] con BSA [albumina di siero bovino] come standard. Questa è stata una conclusione infondata poiché il test BCA misura semplicemente la concentrazione totale di proteine in una soluzione: la tecnica non è in grado di fornire prova della presenza di "virioni" in un campione.

La Figura 1 di seguito è un'immagine proposta per mostrare i virioni purificati del "coronavirus simile alla SARS del pipistrello" ed è stata pubblicata in *Nature* nel 2013 – la didascalia spiega perché una simile dichiarazione è ridicola. (La variazione conveniente nella dimensione del articolo è apparentemente dovuta al fatto che "[i coronavirus] di solito hanno un diametro, escluse le proiezioni, compreso tra 80 e 120 nm, sebbene in casi estremi il diametro possa variare tra 60 e 220 nm."<sup>33</sup>) Allo stesso modo, l'affermazione contenuta nel citato articolo di Van Ranst secondo cui "è meglio confermare la quantità di virione del 10% SDS-PAGE",<sup>34</sup> è altrettanto errato in quanto si tratta semplicemente di un processo di elettroforesi su gel per separare le proteine in base alla loro massa molecolare: non può fornire la prova che le proteine appartengano a un virus. Van Ranst ha inoltre affermato: "possiamo già rilevarlo

<sup>29</sup>The Perth Group, "HIV - un virus come nessun altro", 12 luglio 2017: <http://theperthgroup.com/HIV/TPGVirusLikeNoOther.pdf>

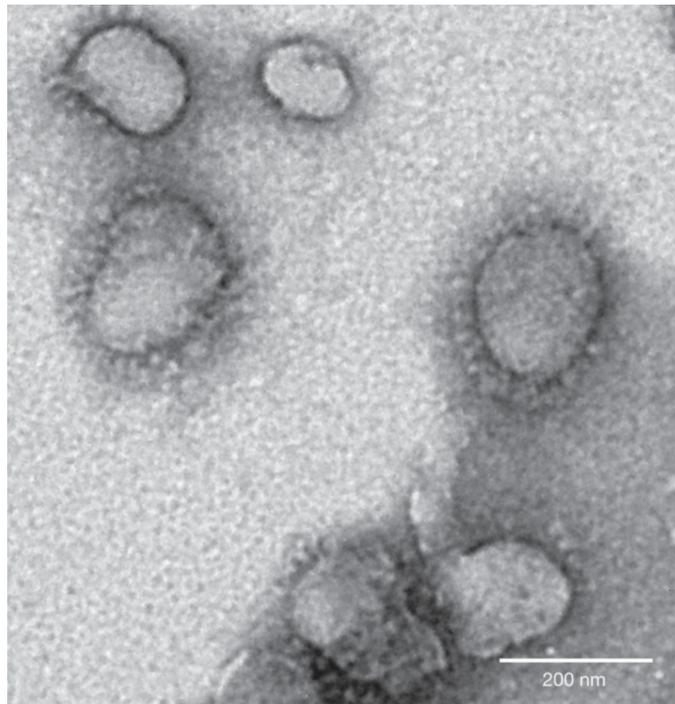
<sup>30</sup>"Marc Van Ranst", Wikispooks: [https://wikispooks.com/wiki/Marc\\_Van\\_Ranst](https://wikispooks.com/wiki/Marc_Van_Ranst)

<sup>31</sup>Via e-mail da Marc Van Ranst, "Purificazione di SARS-CoV-2", 23 maggio 2022: <https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/06/Belgium-Marc-Van-Ranst-May-2022-PACKAGE.pdf>

<sup>32</sup>Yasuko Tsunetsugu-Yokota, "Preparazione su larga scala di virioni di coronavirus SARS inattivati dai raggi UV per l'attivazione del vaccino", *Metodi in biologia molecolare*, 1 gennaio 2008: [https://doi.org/10.1007/978-1-59745-181-9\\_11](https://doi.org/10.1007/978-1-59745-181-9_11)

<sup>33</sup>Malcom MacNaughton e Heather Davies, "Coronaviridae", in *Struttura del virus animale*, Elsevier, 1987.

<sup>34</sup>Elettroforesi su gel di sodio dodecil solfato-poliacrilammide



**Figura 1.** Questa immagine è stata descritta come "[una] micrografia elettronica di virioni purificati", ottenuta mediante "ultracentrifugazione attraverso un cuscino di saccarosio al 20% (5 ml) a 80.000 g per 90 minuti utilizzando un rotore Ty90 (Beckman)." A parte il fatto che le proprietà biologiche di queste vescicole fotografate non sono state stabilite, non vi è alcuna indicazione che qualcosa nella coltura cellulare Vero E6 sia stato purificato e non sono state fornite altre immagini contestuali. Inoltre, non sono state documentate micrografie di colture di controllo. **Fonte:** Xing-Yi Ge, et al., "Isolamento e caratterizzazione di un coronavirus simile alla SARS di pipistrello che utilizza il recettore ACE2", *Natura*, 30 ottobre 2013: <https://doi.org/10.1038/nature12711> (Vedi anche pagina 56 per quanto riguarda l'affermazione secondo cui Ralph Baric et al. avrebbero utilizzato questi "virus" per crearne di nuovi.)

l'RNA virale nei campioni clinici. Possiamo completare la decifrazione del genoma virale. Possiamo far crescere il virus in colture cellulari e inocularlo in modelli animali e indurre la malattia".<sup>35</sup> Non è noto se Van Ranst abbia apprezzato il fatto che le metodologie incontrollate impiegate in tutti questi esperimenti non forniscono le prove richieste per alcun "virus". Quindi, quando Van Ranst affermò che "nessuno scienzaista dubita dell'esistenza della SARS-CoV-2",<sup>36</sup> viene da chiedersi se i virologi dovranno ora cambiare la definizione di "scienzaista" per mantenere le pratiche ingannevoli?

Van Ranst non è stato però l'unico virologo a fare affermazioni sulla purificazione dei virus. In risposta a una richiesta via e-mail, la Dott.ssa Marica Grossegeesse<sup>37</sup> dell'Istituto Robert Koch ha risposto che "abbiamo purificato le particelle della SARS mediante gradiente di densità. Tuttavia, proprio dal virus derivato dalla coltura cellulare, come te

<sup>35</sup>Via e-mail da Marc Van Ranst, "Purificazione di SARS-CoV-2", 23 maggio 2022: <https://www.fluoridfreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/06/Belgium-Marc-Van-Ranst-May-2022-PACKAGE.pdf>

<sup>36</sup>Ibid.

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

ha scritto. La sfida con la purificazione della SARS dai campioni dei pazienti è che non si otterrà una banda visibile".<sup>38</sup>A parte la terminologia imprecisa in subsEtuEng il nome di una sindrome ("SARS" è sindrome respiratoria acuta grave) per un virus postulato, non è stata fornita alcuna ulteriore prova su come siano state stabilite queste affermazioni. Presumibilmente, Grossegeesse utilizza anche le definizioni di "purificazione" e "virus" come illustrato nella Figura 1? In ogni caso, quando le è stato chiesto ulteriori dettagli su come venivano controllati gli esperimenti, ha risposto: "non siamo autorizzati a condividere alcun protocollo con un privato. Posso solo fare riferimento alle nostre pubblicazioni, dove gli esperimenti sulle infezioni sono descritti in dettaglio. Sembra che anche il termine "dettaglio" abbia assunto un significato diverso, poiché le pubblicazioni non sono riuscite a fornire risposte dirette riguardo ai controlli richiesti.

L'area di isolamento è uno dei domini in cui la virologia è completamente scardinata e, come verrà illustrato in questo saggio, SARS-CoV-2 non rimane altro che un ipotetico costruito informatico, assemblato da frammenti genetici di provenienza non dimostrata. Non è mai stato dimostrato che una particella fisicamente isolata (cioè purificata) sia responsabile della produzione di particelle identiche o che si sia dimostrata la causa di effetti patologici in qualsiasi modello umano o animale sperimentale. Pertanto, la dichiarazione di virologi come Van Ranst, insieme all'OMS e ai suoi aderenti, secondo cui un virus infetto chiamato "SARS-CoV-2" sta causando una malattia pandemica, si è rivelata una frode scientifica e intellettuale brevettata.

CHE COS'È LA VIROLOGIA?

*Quando viene sorpreso, l'uccello decolla e vola in cerchi sempre più piccoli finché non riesce a volare sul proprio sedere, scomparendo completamente, il che aumenta la sua rarità.*

— Il mitico 'uccello oozlum'.<sup>39</sup>

È difficile sapere esattamente come chiamare virologia, ma non è scienza. Gli attuali professionisti si stanno impegnando in una qualche forma di speculazione algoritmica o stazionaria aggiunta al ragionamento circolare e al pregiudizio di conferma, con una completa assenza di quello che dovrebbe essere il corrispondente processo di confutazione che sta al cuore del metodo scientifico. Mentre l'abbandono del metodo scientifico può passare inosservato o accidentale da parte dei partecipanti di livello inferiore, ci sono quasi certamente movimenti cospirativi ai livelli più alti della gerarchia globale. Ad esempio, l'OMS, i Centri per il controllo delle malattie (CDC) e l'Agenzia per la sicurezza sanitaria del Regno Unito sono tutti partner

---

<sup>38</sup>Via e-mail da Marica Grossegeesse, Robert Koch InsEtute, "SARS-CoV-2 / quesEons", 1 aprile 2022: <https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/07/RKI-Marcia-Grossegeesse-controls-PACKAGE-redacted.pdf>

<sup>39</sup>Bill Wannan, *Mick storto dello Speewah: e altre storie assurde*, Lansdowne, 1966.

alle pratiche ingannevoli della virologia, come verrà esposto in questo saggio. Tuttavia, le pratiche anscientifiche sono replicate nella maggior parte degli altri paesi, sia che ciò si riferisca alle affermazioni sull'isolamento del virus e all'errata applicazione su larga scala della reazione a catena della polimerasi (PCR) per la diagnosi clinica,<sup>40</sup> o la mancata divulgazione dei dettagli cruciali di controllo coinvolti nella coltura del virus e nella creazione del genoma, che è il fulcro di gran parte di questo saggio.

Com'è possibile che testiamo una teoria scientifica? Karl Popper espresse la centralità della confutazione di una teoria o ipotesi, così:

*Ritengo quindi che sia la possibilità di rovesciarlo, o la sua falsificabilità, a costituire la possibilità di verificarlo, e quindi il carattere scientifico di una teoria; e il fatto che tutte le verifiche di una teoria siano finalizzate alla falsificazione delle previsioni derivate con il suo aiuto, fornisce la chiave per il metodo scientifico. Questa visione del metodo scientifico è corroborata dalla storia della scienza, la quale mostra che le teorie scientifiche vengono spesso rovesciate dagli esperimenti, e che il rovesciamento delle teorie è infatti il veicolo del processo scientifico. La tesi secondo cui la scienza è circolare non può essere accolta.<sup>41</sup>*

È quindi ragionevole chiedersi se la virologia sia mai stata una ricerca scientifica? Per quanto riguarda il metodo scientifico, i virologi creano ipotesi infalsificabili stabilendo paradigmi in cui qualsiasi numero di osservazioni, siano esse malattie o presunti risultati di test, possono essere attribuiti ai loro "virus". Le osservazioni vengono spacciate come prova dell'esistenza del virus secondo un ragionamento circolare che non richiede più l'esistenza dimostrabile di un virus. Qualsiasi pretesa di riproducibilità, ad esempio, sotto forma di un processo PCR o di un presunto genoma virale, sono semplicemente più circuiti dello stesso circuito.

Storicamente, la virologia è stata caratterizzata dalla mancanza di validi esperimenti di controllo e nessuna delle sue affermazioni fondamentali è stata stabilita attraverso il corretto esercizio del metodo scientifico. Il primo presunto virus ad essere scoperto fu il virus del mosaico del tabacco e si dice che una delle prove di ciò sia contenuta nel treatise di Dmitri Ivanovsky del 1903 *Über die Mosaikkrankheit der Tabakspflanze (Sulla malattia del mosaico della pianta del tabacco)*.<sup>42</sup> Tuttavia, questo è palesemente chiaro

---

<sup>40</sup>Mark Bailey e John Bevan-Smith, "La frode del COVID-19 e la guerra all'umanità", 11 novembre 2021: <https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/>

<sup>41</sup>Karl Popper, *La società aperta e i suoi nemici: volume II L'alta marea della profezia: Hegel, Marx e Abermath* (Londra: Routledge & Kegan Paul (1962, pubblicato per la prima volta nel 1947), 260.

<sup>42</sup>Dmitri Ivanovsky, "Über die Mosaikkrankheit der Tabakspflanze", *Zeitschrift für Pflanzenkrankheiten*, vol. 13, n. 1, 1903, 1-41.

Gli esperimenti descritti da Ivanovsky mancavano di confronti di controllo validi e erano quindi non scientifici e inconcludenti. Ha anche commentato che “questa malattia trova condizioni favorevoli di esistenza solo nelle regioni costiere. Tale conclusione concorda pienamente con le osservazioni di cui sopra riguardanti l'influenza dell'umidità sullo sviluppo della malattia. La malattia del mosaico sembra essere unica nei climi umidi e caldi”.<sup>43</sup>Tuttavia, mentre la teoria dei germi si stava sviluppando nell'ideologia predominante della causa di malattia in quel periodo, invece di concludere che la malattia del mosaico fosse causata dalle condizioni ambientali, Ivanovsky concluse di aver scoperto un virus invisibile.

Forse è difficile perdonare ai primi pionieri il fatto che le loro metodologie incontrollate e non scientifiche fossero semplicemente pratiche tipiche di quell'epoca. Tuttavia, decenni prima, nel 1865, il critico della teoria dei germi Claude Bernard aveva offerto la seguente intuizione sull'importanza dei controlli quando si aderiva al metodo scientifico: “Se davvero caratterizziamo l'esperimento mediante una variazione o un disturbo introdotto in un fenomeno, è solo nella misura in cui impliciamo che il disturbo debba essere confrontato con lo stato normale. Poiché gli esperimenti infatti non sono che giudizi, richiedono necessariamente il confronto tra due cose; e l'elemento intenzionale o attivo in un esperimento è proprio il confronto che la mente intende fare”.<sup>44</sup>Bernard stava suggerendo la necessità di avere un controllo valido, o qualche confronto adeguato per garantire che fosse solo il nuovo elemento sperimentale a causare un risultato. Pertanto, la cosa più caritatevole che potremmo essere è suggerire che forse alcuni dei primi cacciatori di virus non erano consapevoli dell'importanza del metodo scientifico nel loro entusiasmo e nella sfrenata ricerca di nemici invisibili.

Passando a un'altra scoperta di virus affermata in anticipo, il libro di testo *Retrovirus* informa che, “nel 1911, Peyton Rous del Rockefeller Institute di New York riferì la trasmissione senza cellule di un sarcoma nei polli... Il virus isolato da Rous porta il nome del suo scopritore: Rous sarcoma virus”.<sup>45</sup>Tuttavia una revisione dell'articolo di Rous, "A Sarcoma of the Fowl",<sup>46</sup> rivela di non aver preteso di isolare nulla, tanto meno nulla che soddisfacesse la definizione di virus. La sua metodologia prevedeva la macinazione del materiale tumorale del pollo, il filtraggio e l'iniezione diretta in altri polli con l'osservazione che anche alcuni di loro avrebbero sviluppato tumori. Ha riferito che gli esperimenti di “controllo” consistevano in iniezione di materiale tumorale nei polli

---

<sup>43</sup>Ibid.

<sup>44</sup>Claude Bernard, *Un'introduzione allo studio della medicina sperimentale*, 1865, tradotto da Henry Greene, Schuman Inc., 1949.

<sup>45</sup>*Retrovirus*, Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York, 1997.

<sup>46</sup>Peyton Rous, “Un sarcoma dei volatili trasmissibile da un agente separabile dalle cellule tumorali”, *J Esp Med*, 1 aprile 1922: <https://doi.org/10.1084/jem.13.4.397>

che tendevano a provocare tumori molto più grandi. Rous ha postulato la presenza di un organismo causaEve ultramicroscopico ma ha ammesso che “un’agenzia di altro tipo non è fuori questione”. In effetti, l'esperimento non è riuscito a fornire alcuna prova dell'esistenza di un parEcolo infettivo e replicabile. Ha semplicemente dimostrato che il tessuto malato introdotto per via innaturale e invasiva in un altro animale potrebbe indurlo a manifestare un processo patologico simile.

Anche l'affermazione secondo cui nel 1925 il patologo William Gye dimostrò che Rous aveva trovato un virus è falsa. Egli si limitò ad affermare che in questi esperimenti era all'opera un virus e affermò in modo evidente: “Desidero sottolineare in particolare un aspetto della ricerca dei virus invisibili, e cioè che il test sugli animali è la prova finale della presenza dell'organismo in questi esperimenti”. un inoculo”.<sup>47</sup>Ancora una volta, la “prova finale” non implicava l'effettiva identificazione di un organismo infettivo nell'inoculo: dimostrava semplicemente la formazione di un tumore in seguito all'iniezione di tessuto malato. Inoltre, nel 1927 fu stabilito che il sarcoma dei polli poteva essere indotto dall'iniezione di acido arsenico diluito e polpa embrionale estranea.<sup>48</sup>Gli effetti cancerogeni furono replicati anche seguendo l'equivalente filtraggio batteriologico eseguito da Rous e si dimostrò che la malattia derivava dal tessuto estraneo, non dal tessuto ospite. L'ipotesi virale avrebbe dovuto essere scartata, ma mezzo secolo dopo l'establishment la mantenne viva e premiò Rous con un premio Nobel nel 1966 per “la sua scoperta dei virus che inducono tumori”.<sup>49</sup>

Nel 1954, quando John Enders e Thomas Peebles affermarono di aver propagato il virus del morbillo nelle cellule renali umane e di scimmia,<sup>50</sup>nessuna ulteriore tolleranza avrebbe dovuto essere estesa agli esperimenti non scientifici della virologia. Enders e Peebles aggiunsero lavaggi della gola e sangue alle loro colture cellulari e, osservando i CPE, o la morte e la disgregazione delle cellule nelle loro provette, conclusero che il *in vitro* apparenze, “potrebbero essere associati al virus del morbillo”. Hanno avvertito che “gli effetti citopatici che assomigliano superficialmente a quelli risultanti dall'infezione da parte degli agenti del morbillo potrebbero essere indotti da altri agenti virali presenti nel tessuto renale della scimmia o da fattori sconosciuti”, ma hanno continuato concludendo in modo inappropriato che “questo gruppo di agenti è composto da rappresentanti delle specie virali responsabili del morbillo”.<sup>51</sup>Enders e Peebles si sono esibiti n

---

<sup>47</sup>William Gye, “Discussione sui virus che passano i filtri e sul cancro”, *BMJ*, 1 agosto 1925: <https://www.jstor.org/stable/25445900>

<sup>48</sup>AWM White, “Uno studio sul sarcoma dei volatili prodotto dall'arsenico e dalla polpa embrionale”, *Il giornale della ricerca sul cancro*, 1 marzo 1927: <https://aacriournals.org/jcancerres/arEcle/11/1/111/449689/A-Study-of-Sarcoma-of-the-Fowl-Produced-by-Arsenic>

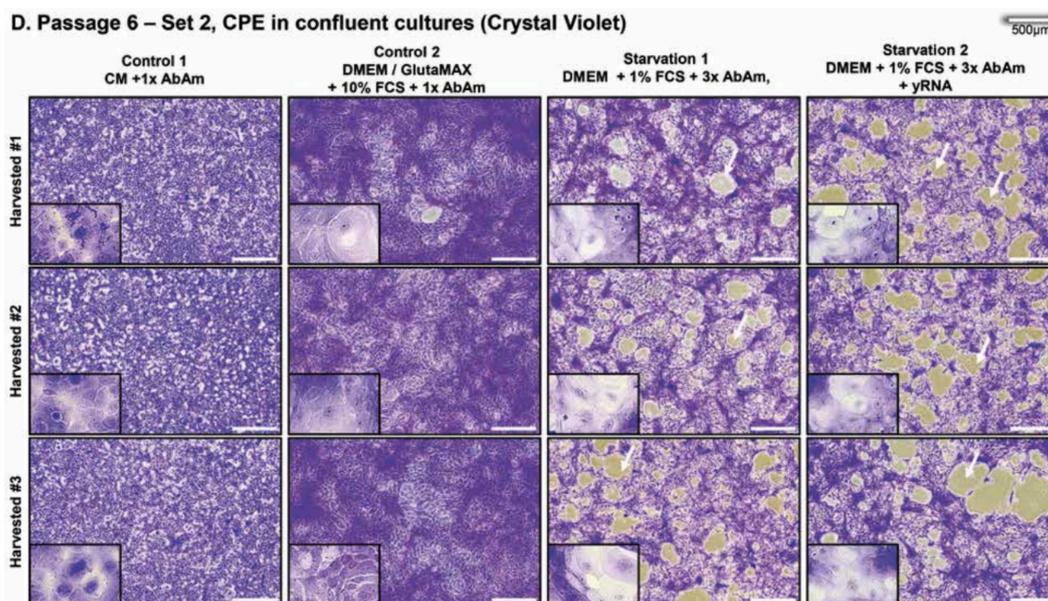
<sup>49</sup>“Il Premio Nobel per la Fisiologia e la Medicina 1966”: <https://www.nobelprize.org/prizes/medicine/1966/summary/>

<sup>50</sup>John Enders e William Peebles, “Propagazione nelle colture tissutali di agenti citopatici da pazienti affetti da morbillo”, *Atti della Società di Biologia e Medicina Sperimentale (PSEBM)*, 86 (ricevuto il 16 maggio 1954), 277-286.

<sup>51</sup>Ibid.

esperimenti di controllo per verificare se la stessa procedura di coltura, cioè lo stress delle cellule in una provetta, produrrebbe gli stessi CPE, invalidando così le prove per la loro conclusione. Idealmente, avrebbero dovuto essere fatti diversi esperimenti di controllo: alcuni senza l'aggiunta di campioni di derivazione umana, alcuni con campioni di derivazione umana da soggetti sani, e alcuni con campioni di derivazione umana da soggetti malati, ma che non avevano il morbillo clinicamente o qualche altro presunto "condizione virale".

I virologi, tuttavia, hanno continuato a ripetere la metodologia incontrollata di Enders e fino ad oggi sostengono che tali CPE siano prove inconfutabili della presenza di virus. Il dottor Stefan Lanka ha documentato la storia di queste pratiche non scientifiche,<sup>52</sup> e nel 2021 ha dimostrato che i CPE potrebbero essere indotti nelle colture cellulari dallo stesso processo di laboratorio.<sup>53</sup> I risultati degli esperimenti di Lanka sono illustrati nella Figura 2. In molte pubblicazioni di virologia viene menzionato un esperimento di controllo o di "finta infezione", ma i dettagli di tali esperimenti brillano per la loro assenza. Una pagina web della Northwestern University, Illinois, afferma che "finto infetto" significa "un controllo utilizzato negli esperimenti sulle infezioni". Vengono utilizzati due campioni, uno dei quali è infetto dal virus/vettore di



**Figura 2.** Esperimenti del dottor Stefan Lanka: i CPE (freccie bianche) sono stati indotti stressando le cellule epiteliali con passaggio e anEbioEcs. L'aggiunta di RNA di lievito (4a colonna) ha indotto ancora più CPE. Non è stato aggiunto alcun "virus" e gli esperimenti sono stati eseguiti in triplice copia. Fonte : Stefan Lanka, et al., "Präliminäre Resultate der Kontrollversuche – Die ReakEon primärer humaner Epithelzellen auf stringente Virusamplifikation-Bedingungen widelegen die Existenzbehauptungen aller Viren und von SARS-CoV-2", 25 marzo 2022: <https://coldwellianEmes.com/eilmeldung/kontrollexperiment>

<sup>52</sup>Stefan Lanka, "Il malinteso del virus", *Rivista WISSEnSCHAFftPLUS*, 01/2020, 4.

<sup>53</sup>Dean Braus, "CPE - Control Experiment - 21 aprile 2021 - Versione inglese": <https://odysee.com/@DeansDanes:1/cpe-english:f>

interesse e l'altro viene trattato allo stesso modo tranne che senza il virus".<sup>54</sup>La definizione è già problematica in quanto termini come "virus" e "infetto" sono stati introdotti e quindi si presume che esistano prima di essere stabiliti. In ogni caso, come risulterà chiaro, coloro che sono coinvolti nel presunto isolamento del virus e nella creazione del genoma certamente non trattano il campione fintamente infetto allo stesso modo senza il "virus", e possono essere falsi o palesemente ostruzionisti quando vengono costretti ad ammettere questo fatto. .

Nel giugno 2022, in risposta a una richiesta dell'Official InformaEon Act (OIA) riguardante il documento "Caratterizzazione dei primi isolati SARS-CoV-2 da Aotearoa in Nuova Zelanda come parte di una risposta rapida alla pandemia di COVID-19",<sup>55</sup>l'Università di Otago ha dichiarato: "l'articolo pubblicato dal professor Quiñones-Mateu e colleghi era un articolo descrittivo... Ciò significa che non c'erano ipotesi da dimostrare o confutare".<sup>56</sup>In poche parole, la risposta forse involontariamente riassume la situazione più ampia in virologia. Nel 2008, la rivista *Infezione e immunità* ha presentato un commento ospite Etled, "DescripEve Science" che ha spiegato perché "la ricerca su descripEve di per sé è raramente conclusiva" e può semplicemente servire come punto di partenza per orientare ulteriori indagini.<sup>57</sup>

Gli autori hanno sottolineato che "la microbiologia e l'immunologia sono ormai scienze sperimentali e di conseguenza i ricercatori possono andare oltre la semplice descrizione delle osservazioni per formulare ipotesi e quindi eseguire esperimenti per convalidarle o confutarle". Come sottolinea questo saggio, l'establishment virologico non divulgherà né eseguirà questi esperimenti richiesti, apparentemente per non smentirsi. Si limita intenzionalmente a continue spedizioni di pesca opportunistiche supportate da pregiudizi di conferma, squalificandosi così dal metodo scientifico a causa della sua incoerenza con l'approccio basato su ipotesi e falsificabile descritto da Popper.

L'autore ha scritto in precedenza in un poscritto derivato dal libro di AF Chalmers *Cos'è questa cosa chiamata Scienza?*, che uno dei problemi cruciali della virologia è stato il fatto che si è inventata come campo prima di stabilire se i virus esistessero effettivamente. Ha cercato di giustificarsi fin dal suo inizio:

---

<sup>54</sup>Northwestern University, Illinois, definizione di "finto infetto":<https://groups.molbiosci.northwestern.edu/holmgren/Glossary/DefiniEons/Def-M/mock-infected.html>

<sup>55</sup>Rhodri Harfoot, et al., "Caratterizzazione dei primi isolati SARS-CoV-2 da Aotearoa in Nuova Zelanda come parte di una risposta rapida alla pandemia di COVID-19", *Virus*, 10 febbraio 2022:<https://doi.org/10.3390/v14020366>

<sup>56</sup>Leger di Kelsey Kennard, Università di Otago, "Richiesta ufficiale di informazioni riguardo al documento 'Caratterizzazione dei primi isolati SARS-CoV-2 da Aotearoa in Nuova Zelanda come parte di una risposta rapida alla pandemia di COVID-19'", 22 giugno 2022.

<sup>57</sup>Arturo Casadevall e Ferric Fang, "DescripEve Science", *Infezione e immunità*, 14 luglio 2008:<https://doi.org/10.1128/iai.00743-08>

*In questo caso, prima non è stata osservata una particella virale e successivamente sono state sviluppate la teoria e la patologia virale. Gli scienziati della metà e della fine del XIX secolo si preoccuparono dell'identificazione di immaginari agenti patogeni contagiosi. Le osservazioni dell'ingenuo induzionista non identificarono un virusa priori, per poi iniziare a studiarne le proprietà e le caratteristiche. Il presupposto esistente del 6° secolo era che esistesse una particella germinale molto piccola che potesse spiegare il contagio. Ciò che venne dopo sorse per soddisfare la premessa presupposta.<sup>58</sup>*

Poiché una teoria scientifica richiede prove che siano state ripetutamente testate e confermate secondo il metodo scientifico, è chiaro che i "virus" non hanno mai nemmeno raggiunto lo stadio di una teoria.<sup>59</sup> Secondo la scienza rimangono mere speculazioni.

LA MANCANZA DI CONTROLLI DELLA VIROLOGIA SIGNIFICA CHE NON È UN'ESECUZIONE SCIENTIFICA

Le richieste dell'OIA hanno rivelato che l'Istituto di scienza e ricerca ambientale (ESR) della Nuova Zelanda, che ha affermato l'isolamento e il sequenziamento genomico del parEcle SARS-CoV-2 negli AnEpodes, è anche colpevole di non aver eseguito alcun controllo valido.<sup>60</sup> Secondo la tradizione di Enders, non si sono soffermati a verificare se i CPE a cui hanno assistito, o i genomi che hanno assemblato tramite simulazioni al computer, potessero essere creati anche in confronti di controllo validi. Cioè, eseguendo esperimenti con altri campioni di derivazione umana, sia da soggetti sani che da soggetti malati che si dice non abbiano la presunta malattia COVID-19. Invece, l'ESR ha descritto il loro insufficiente "controllo negaEve" in cui "la fiaschetta è sottoposta alle stesse condizioni delle fiasche utilizzate per la coltura virale, tuttavia utilizziamo solo i terreni InfecEon".

Il direttore centrale di queste attività anE-scientifiche è l'OMS. È molto significativo che nel loro documento di 94 pagine "Sequenziamento genomico della SARS-CoV-2" ci siano solo quattro frasi che parlano di "campioni di controllo":

#### *6.4.2 Campioni di controllo*

*I campioni di controllo negativi, come tampone o acqua, devono essere sempre inclusi in qualsiasi corsa di sequenziamento che contenga più campioni. Dovrebbero essere inclusi al più presto*

---

<sup>58</sup>Mark Bailey, "Segnali di avvertimento che sei stato ingannato dai virologi... ancora", 25 luglio 2022: <https://drsambailey.com/warnings-signsyou-have-been-tricked-by-virologists-again/>

<sup>59</sup>Ibid.

<sup>60</sup>Mark Bailey, "Verifica dei fatti: la Nuova Zelanda non riesce a trovare il 'virus SARS-CoV-2'", 12 febbraio 2022: <https://drsambailey.com/covid-19/factcheck-new-zealand-cant-find-the-sars-cov-2-virus/>

*fase possibile e si dovrebbe procedere con i campioni attraverso tutte le fasi della pipeline di sequenziamento. Ciò è estremamente importante per escludere la contaminazione durante una corsa di sequenziamento che avviene in laboratorio o durante l'elaborazione bioinformatica.*

*Campioni di controllo positivi con sequenze genetiche note possono essere utili per convalidare pipeline bioinformatiche recentemente adottate o adattate per la chiamata di consenso, ma non è necessario che siano incluse in ogni corsa di sequenziamento.<sup>61</sup>*

Tuttavia, nessuno di questi controlli è sufficiente per convalidare i "genomi" che i virologi stanno producendo attraverso queste tecniche perché possono servire solo a calibrare la pipeline. Come è ormai evidente, l'OMS non può indicare un valido esperimento di controllo positivo, eppure l'11 febbraio 2020 ha chiamato la nuova malattia che aveva inventato "COVID-19" con l'asserzione associata che era causata da un nuovo coronavirus.<sup>62</sup> Hanno dato il via libera a chiunque in tutto il mondo per "trovare" SARS-CoV-2 nei propri cortili senza la necessità di validi esperimenti di controllo. Tuttavia, esiste una chiara necessità di controlli comparativi in cui campioni di pazienti simili, ma senza il presunto virus, vengono elaborati nello stesso modo in modo che venga testata solo una variabile. Confrontando i risultati di un campione che si presume contenga il virus con uno dei controlli negativi descritti dal documento dell'OMS sopra non è possibile convalidare il processo poiché i campioni lager non contengono la zuppa di geni che fa parte del primo. In ogni caso, anche secondo le loro stesse condizioni, il controllo negativo a cui fa riferimento l'ESR in Nuova Zelanda non è in grado di fornire validazione della metodologia che stanno utilizzando per creare i genomi di questi virus, perché, come afferma l'OMS, si tratta semplicemente di un controllo precauzionale di contaminazione. .

Con tutti i fallimenti nella coltura dei virus postulati, la virologia moderna ora preferisce la metagenomica diretta<sup>63</sup> di campioni grezzi, o con sequenziamento shotgun<sup>64</sup> e successivo artificiale

<sup>61</sup>Organizzazione Mondiale della Sanità, "Sequenziamento genomico di SARS-CoV-2 - Una guida all'implementazione per il massimo impatto sulla salute pubblica", 8 gennaio 2021.

<sup>62</sup>"Osservazioni del Direttore Generale dell'OMS al briefing con i media sul 2019-nCoV dell'11 febbraio 2020", OMS, 11 febbraio 2020: <https://www.who.int/director-general/speeches/detail/who-director-general-s-remarks-at-the-media-briefing-on-2019-ncov-on-11-febbraio-2020>

<sup>63</sup>"La metagenomica è lo studio della struttura e della funzione di tutte le sequenze nucleotidiche isolate e analizzate da tutti gli organismi (tipicamente microbi) in un campione globale. La metagenomica viene spesso utilizzata per studiare una comunità specifica di microrganismi, come quelli che risiedono sulla pelle umana, nel suolo o in un campione di acqua". - Istituto di ricerca sul genoma umano NIH National, "Metagenomics": <https://www.genome.gov/geneEcs-glossary/Metagenomics> (accesso il 27 aprile 2022). È una metodologia illegittima quando utilizzata dai virologi poiché nessuna delle sequenze ottenute e dichiarate "virali" ha dimostrato di provenire da un virus in qualsiasi modo, come verrà spiegato in dettaglio in questo saggio.

<sup>64</sup>Il sequenziamento shotgun è un metodo che frammenta casualmente il DNA di un campione in segmenti brevi, ad esempio 150 paia di basi di lunghezza. Questi brevi frammenti vengono sequenziati per ottenere "letture". Da questo punto il processo si basa sul software di assemblaggio di sequenze per organizzare le letture sovrapposte in "contigs".

assemblaggio di questi frammenti geneEc per crearne di nuovi *in silico* "virus" dal nulla. Questa invenzione fornisce quindi ad altri cacciatori di virus pannelli di primer PCR predefiniti in modo che possano anche scoprire le stesse sequenze e affermare che si tratta dello stesso virus. Gli ESR sono stati coinvolti in una pubblicazione in cui hanno proclamato la scoperta del SARS-CoV-2 in nove soggetti attraverso questa metodologia.<sup>67</sup>

Il mio collega ha chiesto loro di fornire "tutti i dettagli del gruppo di controllo utilizzato per confrontare i risultati del sequenziamento", ma invece di rispondere alla domanda, l'ESR ha trovato una scusa per non essere coinvolto nella "generazione di nuovi dati".<sup>68</sup> e ha fornito alcuni collegamenti ai protocolli di sequenziamento della SARS-CoV-2.<sup>68</sup> Se ESR utilizzasse tali protocolli, come dettagliato nel file [protocollo.io](#) sito, allora possiamo vedere che stanno sostenendo controlli insufficienti che sono descritti come "[un] controllo negativo dell'acqua priva di nucleasi", mentre può essere incluso anche un "controllo positivo" opzionale che può essere un costrutto di RNA sintetico o un È un campione clinico che può essere diluito.<sup>69</sup> Ancora una volta, questi tipi di controlli possono servire solo come tecniche di calibrazione della pipeline, non per la validazione o il significato clinico dei "genomi" che assemblano.

Nonostante le risorse a loro disposizione, l'ESR apparentemente non crede nella necessità di verificare personalmente se sia possibile dimostrare l'esistenza della SARS-CoV-2. Il 19 luglio 2022, in risposta a una richiesta dell'OIA, hanno dichiarato che "ESR non ha eseguito alcun esperimento per dimostrare scientificamente l'esistenza del virus SARS-COV-2 e pertanto non può fornirvi alcuna documentazione".<sup>70</sup> Il 17 agosto 2022, in risposta ad un'altra richiesta, hanno ammesso che "ESR non ha eseguito alcun esperimento per dimostrare scientificamente che [il] virus SARS-COV-2 causa COVID-19 e quindi non può fornirvi alcuna documentazione".<sup>71</sup> Nessun altro ha eseguito questi esperimenti scientifici richiesti.

## MALATTIE SUGLI ANIMALI E STUDI SUGLI "ANTICORPI".

Con l'incapacità di dimostrare l'isolamento fisico di un pacchetto patogeno che soddisfi i requisiti

---

<sup>65</sup>In o su un computer: fatto o prodotto utilizzando software o simulazione del computer.": <https://www.merriam-webster.com/dictionary/in%20silico>

<sup>66</sup>Esempio per SARS-CoV-2: "Pannelli ampliconi xGen™ SARS-CoV-2": <https://sg.idtdna.com/pages/products/next-generation-sequencing/workflow/xgen-ngs-amplicon-sequencing/pre-Designed-amplicon-panels/sars-cov-2-amp-panel>

<sup>67</sup>Nick Eichler, et al., "Trasmissione della sindrome respiratoria acuta grave coronavirus 2 durante il quarantene di frontiera e i viaggi aerei, Nuova Zelanda (Aotearoa)", *Emerg Infect Dis.*, maggio 2021: <https://doi.org/10.3201/eid2705.210514>

<sup>68</sup>(Leger da ESR, 'Official Information Act Request: OIA Request for records from doi: 10.3201/eid2705.210514', 25 marzo 2022.)

<sup>69</sup>protocols.io, "protocollo di sequenziamento nCoV-2019 v3 (LoCost) V.3": <https://www.protocols.io/view/ncov-2019-sequencing-protocolv3-locost-bp2l6n26rgqe/v3?step=1> (visitato il 28 marzo 2022).

<sup>70</sup>(Leger di ESR, "Official Information Act Request: FOIA: SARS-CoV-2 Proof of Existence", 19 luglio 2022.)

<sup>71</sup>Leger da ESR, "Official Information Act Request: SARS-CoV-2 Proof of Causation", 17 agosto 2022: <https://mega.nz/file>

definizione di virus, i virologi si sono impegnati in esperimenti su animali per convincere i profani dell'esistenza di tali particelle patogene. La caratteristica di queste pubblicazioni è che mancano di controlli validi, quindi, anche sulla premessa non stabilita che stiano maneggiando "virus", rivelano un altro aspetto dell'anscienza della virologia. Un esempio illustrativo è stato l'articolo "Comparazione patogenesi di COVID-19, MERS e SARS in un modello di primate non umano", pubblicato nel maggio 2020 da un team che comprendeva ChrisEan Drosten e Ron Fouchier.<sup>72</sup>L'assurdità di quanto pubblicato in *Scienza* possono essere riassunti come segue:

1. Le otto scimmie cynomolgus coinvolte negli esperimenti erano: *"inoculato con SARS-CoV-2 sotto anestesia tramite una combinazione di vie intratracheale (4,5 ml) e intranasale (0,25 ml per narice)..."*<sup>73</sup>— Questa non è una via di esposizione naturale e 4,5 ml versati nei polmoni di una piccola scimmia (3,5 - 5,0 kg) equivalgono a versare circa 80 ml (1/3 di tazza) di materiale biologico estraneo nei polmoni di un essere umano mentre dorme. Questo volume di materiale da solo è sufficiente a causare danni e infiammazioni al tessuto polmonare.
2. L'inoculo versato nei loro polmoni è stato costituito da "SARS-CoV-2 (isolato BetaCoV/Munich/BavPat1/2020) ottenuto da un caso clinico in Germania" e "il virus è stato propagato al passaggio tre su Vero E6 cellule in OpE-MEM I (1X) + GlutaMAX (Gibco), integrate con penicillina (10.000 IU/mL) e streptomicina (10.000 IU/mL)." — Hanno affermato di avere un "isolato" virale quando né loro né il loro fornitore<sup>74</sup> hanno dimostrato l'esistenza di un virus nel campione. Tutto ciò che si può dire è che il campione contiene materiale biologico estraneo proveniente dal campione clinico di derivazione umana e cellule renali di scimmia, oltre a prodotti di degradazione cellulare e due anEbioEc.
3. "Nessun segno clinico evidente è stato osservato in nessuno degli animali infetti, ad eccezione di una secrezione nasale sierosa in un animale anziano il giorno 14 dopo l'inoculazione (pi). Durante lo studio non è stata osservata alcuna perdita di peso significativa in nessuno degli animali. — In altre parole, nonostante l'ingresso diretto nei polmoni di quello che sostenevano fosse il virus SARS-CoV-2, non ha fatto ammalare minimamente nessuna delle scimmie.
4. "Entro il giorno 14 pi, tutti gli animali rimanenti si sono sierconvertiti, come rivelato dalla presenza di anEbodies specifici per SARS-CoV-2 contro il dominio S1 del virus e le proteine del nucleocapside nei loro sieri."  
— Non è stato dimostrato che le proteine S1 e il nucleocapside siano di origine virale

<sup>72</sup>Barry Rockx, et al., "Comparazione patogenesi di COVID-19, MERS e SARS in un modello di primate non umano", *Science*, 29 maggio 2020: <https://www.science.org/doi/10.1126/science.abb7314>

<sup>73</sup>Ibid, materiale supplementare.

<sup>74</sup>Archivio globale dei virus europei, "Human 2019-nCoV Isolate": <https://www.european-virus-archive.com/virus/human-2019-ncovisolate>

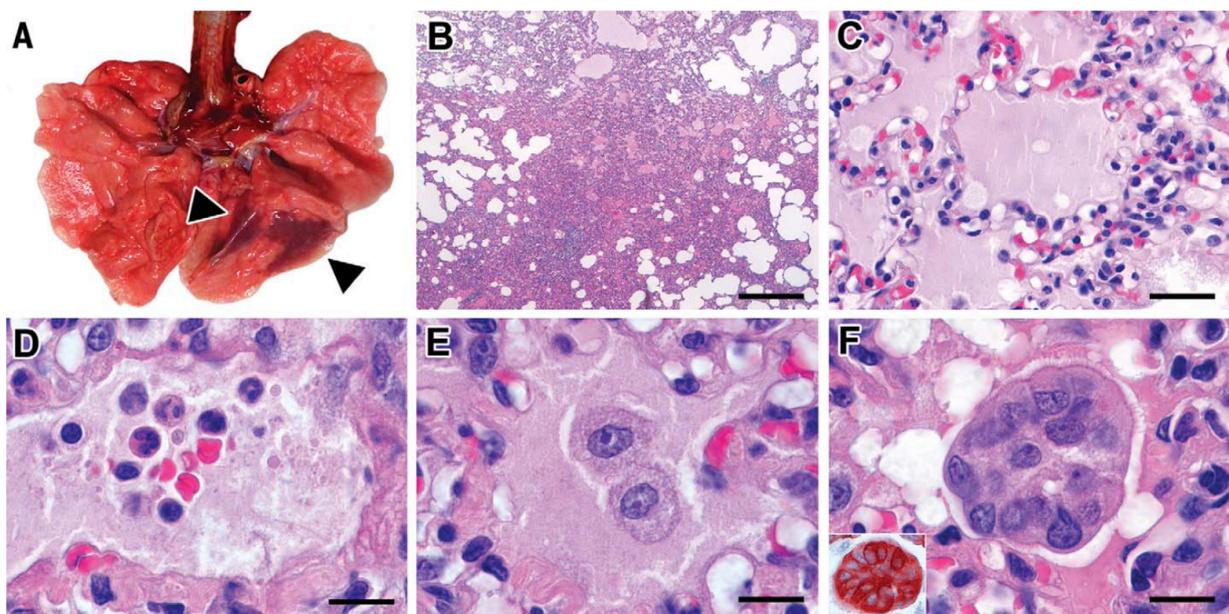
se inducono il rilevamento (attraverso un *in vitro* analisi) di altre proteine chiamate "anEbodies" in un ospite. I virologi utilizzano ancora una volta un ragionamento circolare per affermare che il rilevamento di un corpo dimostra l'esistenza di un virus perché il corpo umano è dichiarato specifico del presunto virus.

5. "Come misura della diffusione del virus, i tamponi nasali, faringei e rettali sono stati analizzati per il virus mediante reazione a catena della polimerasi con trascrizione inversa-quantitative (RT-qPCR)..." - Non c'è stata alcuna "diffusione del virus", è stato semplicemente rilevato le stesse sequenze che erano state recentemente riversate nelle vie respiratorie delle scimmie. Non sorprende che queste sequenze di acidi nucleici estranei siano scomparse dai corpi delle scimmie nei giorni successivi attraverso meccanismi di eliminazione naturale.
6. "L'RNA del SARS-CoV-2 è stato rilevato solo in un tampone rettale di un animale il giorno 14 pi e nessun RNA virale è stato rilevato nel sangue intero in nessun punto Eme durante lo studio". — Ancora una volta ciò indica che stavano trovando il materiale geneEc introdotto solo negli stessi posti in cui era stato introdotto. (L'unico tampone rettale positivo potrebbe essere stato un falso positivo oppure la scimmia aveva ingoiato parte del materiale biologico introdotto.) In nessun caso sono riusciti a dimostrare che il "virus" postulato avesse caratteristiche invasive.
7. Quattro delle scimmie furono uccise e sottoposte ad autopsia 4 giorni dopo l'inoculazione con la zuppa biologica estranea. Due dei quattro soggetti presentavano piccoli focolai di consolidamento nei polmoni e gli autori hanno affermato che "la principale lesione istologica nei tessuti polmonari consolidati sia degli animali giovani che di quelli anziani coinvolgeva gli alveoli e i bronchioli e consisteva in aree con DAD acuto o più avanzato [danno alveolare diffuso]". Si è affermato che le caratteristiche istologiche sono caratteristiche di "SARS-CoV-2" – vedere la Figura 3 di seguito per una spiegazione del motivo per cui queste affermazioni sono completamente infondate.
8. "L'espressione di anEgen di SARS-CoV-2 è stata rilevata in un numero moderato di pneumociti di tipo I e in alcuni pneumociti di tipo II all'interno di focolai di DAD." – Ciò è stato affermato attraverso una tecnica di colorazione immunoistochimica (IHC) basata su "un corpo policlonale di coniglio contro la nucleoproteina SARS-CoV (40143-T62, Sino Biological, Chesterbrook, PA, USA)". Sfortunatamente per loro, il fornitore di questo prodotto afferma: "IHC, FCM, IF, IP et al. le applicazioni non sono state convalidate. (Le applicazioni di AnEbody non sono state convalidate con i corrispondenti campioni positivi al virus.)"<sup>75</sup>In ogni caso, questo esempio può essere utilizzato per smascherare l'errore più ampio relativo ai corpi come "prova" di virus. Sino Biological afferma che gli anEcorpi lo erano

---

<sup>75</sup>"SARS-CoV/SARS-CoV-2 Nucleocapsid AnEbody, Rabbit PAb, AnEgen Affinity Purified", Sino Biological: <https://www.sinobiological.com/anEbodies/cov-nucleocapsid-40143-t62>

il risultato dell'iniezione del loro prodotto "SARS-CoV Nucleocapsid Protein (His Tag)"<sup>76</sup> nei conigli. Questa proteina nucleocapside è stata a sua volta prodotta da "una sequenza di DNA che codifica la nucleoproteina SARS-CoV (isolato: Tor2). Vedremo a pagina 30 che la sequenza "Tor2" era una delle due *in silico* modelli utilizzati da Fan Wu et al. per inventare la SARS-CoV-2, un'altra *in silico* modello. In sintesi, si impegna in un ragionamento più circolare: non è stato dimostrato che nessuna proteina provenga da un virus, inclusa la proteina nucleocapside in questo caso. Si è semplicemente affermato che hanno iniettato proteine "virali" negli animali e in risposta gli animali hanno prodotto altre proteine che si ritiene siano "corpi". Tuttavia, non è stata dimostrata l'esistenza di un virus, né è stato necessario che esistesse per questo tipo di esercizio. (Come altro esempio, la generazione di "corpi HIV" nel 100% dei volontari sani a cui è stato iniettato un vaccino candidato al COVID-19 dell'Università del Queensland risulta motivo di imbarazzo per coloro che promuovono sia l'industria dell'HIV che quella dei corpi.<sup>77</sup>)



**Figura 3.** Alcune delle immagini presentate nel libro "Comparative pathogenesis of COVID-19, MERS and SARS in a non-human primate model" [carta](#) e affermato di essere "cambiamenti patologici caratteristici" della SARS-CoV-2. I cambiamenti polmonari in (A)-(C) sono coerenti con una polmonite, causata dal versamento di un liquido contenente materiale biologico estraneo direttamente nella trachea della scimmia mentre era anestetizzata. I cambiamenti istologici (D)-(F) raffigurano semplicemente cellule infiammatorie come macrofagi e neutrofili come ci si aspetterebbe in una polmonite così inflitta. Non sono stati eseguiti esperimenti di controllo.

<sup>76</sup>"Proteina nucleocapside SARS-CoV (il suo tag)", Sino Biological: <https://www.sinobiological.com/recombinant-proteins/sars-covnucleocapsid-40143-v08b>

<sup>77</sup>Dr Sam Bailey, "Iniezioni di Covid-19, cancro e HIV", 14 luglio 2021: <https://drsambailey.com/resources/videos/vaccines/covid-19-shots-cancer-and-hiv/>

Tuttavia, l'aspetto più difettoso dell'esperimento sugli animali era che non seguiva il metodo scientifico poiché mancavano controlli. Cioè, un gruppo comparabile di scimmie non è stato sottoposto ad un attacco interno con la stessa composizione e volume di zuppa biologica, *senz'altro* presunto "virus", versato direttamente nei loro polmoni. Per essere chiari, l'autore non sostiene un simile esperimento in quanto si tratta di una procedura crudele che non ha nulla a che fare con le vie di esposizione naturali: si limita semplicemente a sottolineare il concetto di un esperimento adeguatamente controllato. Sfortunatamente, tali metodologie non scientifiche sono tristemente replicate in tutti gli studi sugli animali che sono stati esaminati. Nessuno di essi dimostra: (a) un metodo naturale di esposizione che elimina i campioni presumibilmente contenenti virus, (b) valide "finte infezioni" (ad esempio, l'uso disonesto solo di soluzione salina tamponata con fosfato), o (c) da animale ad animale *malattia* trasmissione. Ciò ovviamente si aggiunge alla questione fondamentale che nessuno degli studi dimostra l'effettiva esistenza di una particella infettiva che si propone di testare.

Inoltre, se i "virus" sono così infettivi, perché non semplicemente aerosolizzare un campione nelle gabbie degli animali in modo che lo inalino? Ancora una volta si evitano tali esperimenti affinché i virologi non si smentiscano riguardo alle affermazioni di contagio che coinvolgono le particelle immaginate.

#### IL PARADOSSO DELLA QUANTITÀ DEL VIRUS

Siamo portati a credere che all'interno di un ospite come l'uomo, le particelle virali siano prodotte in numero così grande da poter rompere le stesse cellule che le contengono, mentre nella stessa Eme sono presenti in quantità tali Eny che i virologi dicono di poter non è stato osservato in nessun campione dei pazienti. Apparentemente per quanto riguarda il presunto pacchetto SARS-CoV-2 è stato calcolato che "uno starnuto di un paziente COVID-19 contiene 200 milioni di virus".<sup>78</sup> Tuttavia, se otteniamo un campione (fisicamente più grande) direttamente dal naso o dai polmoni di un soggetto, non ne troveremo proprio nessuno. Per coprire questo scomodo problema, i virologi sono ricorsi a fornire "prove" indirette attraverso le colture di Essue, nel tentativo di estrarre dal cilindro il virus mancante. Come abbiamo delineato in *La frode del COVID-19 e la guerra all'umanità*, questo coinvolge la seconda parte della virologia *doppio inganno* che è "la sostituzione del falso proxy di indurre effetti citopatici (CPE) da parte di inoculazioni di linee cellulari tipicamente anormali *in vitro* per il presunto proxy di infettare un ospite sano o non malato *in vivo* per stabilire la causalità tra il presunto agente patogeno e la malattia."<sup>79</sup> Così siamo

---

<sup>78</sup>"Numero del giorno: uno starnuto di un paziente COVID-19 contiene 200 milioni di virus", *Nuova indagine*, 22 maggio 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-del-covid-19>

<sup>79</sup>Mark Bailey e John Bevan-Smith, "La frode del COVID-19 e la guerra all'umanità", 11 novembre 2021: <https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/>

dovremmo credere che il tratto respiratorio umano, che è rivestito con le presunte cellule ospiti perfette, non produce abbastanza virus per poterli vedere, ma un esperimento in provetta che coinvolge cellule di una specie e di un tipo di cellula diversi lo fa?

Secondo la definizione virologica, le particelle ipotizzate sono passive e non producono alcun prodotto di scarto, quindi è quindi un mistero il modo in cui infliggono malattie a un ospite umano. Pfizer ha suggerito ai non addetti ai lavori che "il sistema immunitario reagisce al danno di queste cellule del corpo accelerando", ma non ha citato alcuna prova scientifica per questa affermazione immaginaria.<sup>80</sup>La 4a edizione di *Microbiologia medica* è avventurato ulteriormente e ha affermato che:

*Danno cellulare diretto e morte per infezione virale* **Maggi** deriva da (1) deviazione dell'energia cellulare, (2) arresto della sintesi macromolecolare cellulare, (3) competizione dell'mRNA virale per i ribosomi cellulari, (4) competizione dei promotori virali e dei potenziatori trascrizionali per i fattori trascrizionali cellulari come le RNA polimerasi, e inibizione dei meccanismi di difesa dell'interferone. Il danno cellulare indiretto può derivare dall'integrazione del genoma virale, dall'induzione di mutazioni nel genoma dell'ospite, dall'infiammazione e dalla risposta immunitaria dell'ospite.<sup>81</sup>[Il corsivo è mio.]

Essenzialmente, i virologi ne hanno offerti molti *ipotetici* meccanismi patogenetici per un particolare che si ipotizza esista in un organismo come quello umano. E ancora, anche se questi meccanismi speculativi fossero in gioco, ciò sarebbe necessario *enorme* numero di cellule che devono essere colpite per produrre i sintomi. Ma un numero enorme di cellule darebbe come risultato la fuoriuscita di quantità astronomiche di particelle virali: allora perché non è mai possibile trovare particelle virali? La virologia ha l'abitudine di allontanarsi molto da quegli aspetti che sollevano dubbi sul suo modello fantasmatico.

## SECONDA PARTE

### FAN WU ET AL. DEUS EX MACHINA

*Erano destinati a farlo, determinati a trovare un virus come causa di questo ragazzo. Quindi hanno creato questa rete per tutto questo RNA, milioni di piccoli filamenti di RNA in questa persona, usando la tecnologia*

---

<sup>80</sup>"In che modo i virus ci fanno ammalare?", Pfizer.com: [https://www.pfizer.com/news/article/how\\_do\\_viruses\\_make\\_us\\_sick](https://www.pfizer.com/news/article/how_do_viruses_make_us_sick) (accesso il 20 maggio 2022).

<sup>81</sup>Samuel Baron, et al., "Patogenesi virale" in *Microbiologia medica*, 4a edizione, 1996: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK8149/>

*si chiama meta-trascrittomica. Ed è una di queste cose sui geni... possono osservare tutto l'RNA, tutto il DNA, sequenziarlo, amplificarlo... È guidato dalla tecnologia, non dalla scienza... E sono arrivati a una sequenza e poi hanno deciso che avevano scoperto un "virus", anche se non hanno mai toccato un virus, e hanno detto che era quella la causa di questo tizio polmonite.* —Il dottor David Rasnick, sulla "scoperta" della SARS-CoV-2 da parte di Fan Wu et al.<sup>82</sup>

In *La frode del COVID-19 e la guerra all'umanità*<sup>83</sup> abbiamo documentato l'invenzione del SARS-CoV-2 da parte del team di Fan Wu che ha assemblato un *in silico* "genoma" da frammenti gene Ec di provenienza sconosciuta, trovati nei grezzi lavaggi polmonari di un singolo "caso" e documentati in "Un nuovo coronavirus associato alla malattia respiratoria umana in Cina".<sup>84</sup> È indicata un'ulteriore analisi di questo articolo in quanto illustra come la pandemia fraudolenta di COVID-19 è stata creata per mezzo di un "genoma" inventato attraverso un sequenziamento meta-trascrittomico profondo, che ha semplicemente cercato di rilevare tutto l'RNA in un campione grezzo, e come è stato utilizzato impropriamente per inventare un agente patogeno inesistente. L'affermazione che chiunque può dichiarare: "[hanno] identificato un nuovo ceppo di virus RNA della famiglia *Coronaviridae*, che qui è designato come coronavirus "WH-Human 1","<sup>85</sup> da unseparare un soggetto umano con diagnosi di polmonite è di per sé ridicolo. Gli autori hanno cercato di giustificare ciò affermando: "sebbene l'isolamento del virus da un solo paziente non sia sufficiente per concludere che abbia causato questi sintomi respiratori, i nostri risultati sono stati confermati in modo indipendente in altri pazienti in uno studio separato". In primo luogo, non vi è stato alcun isolamento fisico di alcun virus, come verrà discusso in dettaglio tra poco. In secondo luogo, la loro affermazione di essere "corroborata in modo indipendente" è un riferimento al documento del febbraio 2020 di Peng Zhou et al. - un documento che non può corroborare nulla e la cui frode è discussa a pagina 41. Tutto ciò che si può dire è che se si utilizza un ragionamento circolare, il ritrovamento di sequenze genetiche simili in più di un'occasione è visto come conferma di un virus.<sup>86</sup> Tuttavia nessuno di loro può indicare un virus reale, lo chiamano semplicemente "bingo" assemblando sequenze simili che hanno allineato con Fan Wu et al. e altri gruppi precedenti, non è richiesto alcun virus effettivo.

---

<sup>82</sup>"Primo episodio: la tragica pseudoscienza della SARS-CoV-2", *L'illusione virale*, Paradigma ShiR, 2022: <https://paradigmshir.uscreen.io/>

<sup>83</sup>Mark Bailey e John Bevan-Smith, "La frode del COVID-19 e la guerra all'umanità", 11 novembre 2021: <https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/>

<sup>84</sup>Fan Wu, et al., "Un nuovo coronavirus associato a malattie respiratorie umane in Cina", *Natura*, 579, 265–269, 3 febbraio 2020: <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2008-3>

<sup>85</sup>Ibid.

<sup>86</sup>GISAIID: <https://www.gisaid.org/> (accesso il 29 agosto 2022).

Va inoltre notato che mentre l'autore non si pronuncia in merito *al causadi* ogni caso di polmonite o di sindromi respiratorie febbrili acute, la comunità medica generale riconosce che in circa la metà dei casi non viene individuato alcun "patogeno".<sup>87,88</sup> Quindi quale ragione hanno Fan Wu et al. devono sospettare che il loro paziente contenesse un virus nuovo di zecca? Apparentemente perché "le indagini epidemiologiche del Centro per il controllo e la prevenzione delle malattie di Wuhan hanno rivelato che il paziente lavorava in un mercato ittico al coperto locale".<sup>89</sup> Sembrerebbe una ragione molto debole dato il fatto che questi mercati umidi sono estremamente comuni in Cina e che, nonostante le teorie sull'origine dei pipistrelli, Fan Wu et al. riferito, "nessun pipistrello era disponibile per la vendita".

In ogni caso, hanno ottenuto del fluido di lavaggio broncoalveolare (BALF) dal loro paziente e con questo campione grezzo hanno riferito che "l'RNA totale è stato estratto da 200µl di BALF". La sezione sui metodi spiega in dettaglio che ciò è stato ottenuto "utilizzando il kit RNeasy Plus Universal Mini (Qiagen)", ovvero attraverso la centrifugazione su colonna. Hanno affermato che "la deplezione dell'RNA ribosomiale è stata eseguita durante la costruzione della libreria", tuttavia, vedere pagina 43 sul motivo per cui ciò è dubbio poiché è rimasta un'elevata corrispondenza per le sequenze di RNA umano conosciute. Hanno quindi proceduto al sequenziamento shotgun della miscela, starEng con frammentazione casuale del materiale geneEc in brevi lunghezze in media di 150 nucleoEdi e conversione dell'RNA in DNA utilizzando un enzima trascrittasi inversa.<sup>90</sup> Sono state generate 56.565.928 letture brevi e queste informazioni sono state inserite in Megahit e Trinity, piattaforme soRware per *de novo* assemblaggio basato su algoritmi. Attraverso Megahit sono stati generati 384.096 conEg, o ipotetiche sequenze sovrapposte, ed è stato dichiarato che quello più lungo (30.474 nucleoEdi) ha una "identità nucleotidica dell'89,1%" per battere SL-CoVZC45, un altro costrutto ficEonale di cui parleremo successivamente. (Trinity ha generato oltre 1,3 milioni di conEg ma il più lungo era di soli 11.760 nucleoEdi - in altre parole, non avrebbero trovato il "genoma" se avessero usato solo questa piattaforma soRware.) La parola "virus" è apparsa all'improvviso quando hanno affermato, "la sequenza del genoma di questo virus, così come i suoi terminali, sono stati determinati e confermati mediante PCR con trascrizione inversa". Si tratta di un gioco di prestigio poiché la PCR amplifica semplicemente sequenze preselezionate e non ha la capacità di confermare un genoma precedentemente sconosciuto. Come ha spiegato l'esperto di PCR Stephen BusEn,

---

<sup>87</sup>CaEa Cilloniz, et al., "Eologia microbica della polmonite: pagine di epidemiologia, diagnosi e resistenza", *interno J.Mol. Sci.*, 17(12), 2120, 16 dicembre 2016.

<sup>88</sup>Gao Liu, et al., "Eologia virale e batterica della sindrome respiratoria febbrile acuta tra i pazienti nel Qinghai, Cina", *Sci ambientale biomedico*, giugno 2019: <https://www.besjournal.com/article/doi/10.3967/bes2019.058>

<sup>89</sup>Fan Wu, et al., "Un nuovo coronavirus associato a malattie respiratorie umane in Cina", *Natura*, 579, 265-269, 3 febbraio 2020: <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2008-3>

<sup>90</sup>illumina, "Collezione di metodi di sequenziamento dell'RNA", 2017: [https://www.illumina.com/content/dam/illumina-marketing/documents/products/research\\_reviews/rna-sequencing-methods-review-web.pdf](https://www.illumina.com/content/dam/illumina-marketing/documents/products/research_reviews/rna-sequencing-methods-review-web.pdf)

c'è qualcosa nel tuo campione, allora proveresti a isolarlo, sì. E poi, una volta isolato, lo sequenzia nuovamente o lo PCR."<sup>91</sup>In altre parole, la stessa PCR non può identificare le origini delle sequenze e la metodologia di Fan Wu et al. non hanno stabilito l'origine delle sequenze descritte. Tuttavia, nella frase successiva annunciano al mondo che "questo ceppo virale è stato designato come coronavirus WH-Human 1 (WHCV)".

— *Dobbiamo fermarci su questo punto poiché è qui che si trova il virus fraudolento, che presto verrà ribattezzato SARS-CoV-2, è stato inventato dal nulla. Un virus che l'OMS sostiene, senza alcun supporto probatorio, sia l'agente eziologico del COVID-19.*

Perché è questo "genoma" che è stato presentato a GenBank il 5 gennaio 2020<sup>92</sup> che è stato colto da Drosten et al. per contribuire a produrre le sequenze di test del protocollo PCR fasullo,<sup>93</sup> che a loro volta furono pubblicati con una fretta indecente dall'OMS affinché tutto il mondo potesse utilizzarli, trasformando così WH-Human 1 nel genoma di riferimento mondiale per un presunto patogeno. È a questa invenzione che si deve tutta la serie di trucchi distruttivi imposti al mondo in seguito all'annuncio della pandemia da parte dell'OMS l'11 marzo 2020.<sup>94</sup>

Tuttavia, chiunque paghi a GenBank può vedere che non c'è alcuna prova di un virus nel test di Fan Wu et al. carta. Si ritiene che un virus sia un parassita intracellulare obbligato. È un parassita che replica in un ospite. È un parassita infettivo che causa malattia in un ospite. Tutti Fan Wu et al. era un uomo di 41 anni affetto da polmonite e un modello di "genoma" assemblato da software costituito da sequenze di origine non stabilite trovate nei lavaggi polmonari dell'uomo. Per farlo apparire legittimo hanno affermato che "l'organizzazione del genoma virale di WHCV è stata determinata dall'allineamento della sequenza di due membri rappresentativi del genere Betacoronavirus: un coronavirus associato agli esseri umani (SARS-CoV Tor2, numero di accesso GenBank AY274119) e un coronavirus associato a pipistrelli (pipistrello SL-CoVZC45, adesione a GenBank

---

<sup>91</sup> *Pianeta On* con Eric F. Coppelino, "Intervista al Dr. Stephen Busby", 1 febbraio 2021: <https://planetwaves.net/planet-wavesfm-interview-with-dr-stephen-busby/>, trascrizione di Joshua Halinen: <https://cormandrostenreview.com/wp-content/uploads/2021/02/busby-transcript.pdf>

<sup>92</sup> Zhang, et al., "Wuhan Seafood Market pneumonia virus isolate Wuhan-Hu-1, genoma completo, GenBank: MN908947.1", presentato il 5 gennaio 2020: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MN908947.1>

<sup>93</sup> Victor Corman e Chris Drosten, et al., "DetecEon del nuovo coronavirus del 2019 (2019-nCoV) mediante real-time RT-PCR", *Surveglianza europea*, 23 gennaio 2020: <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.3.2000045>. Oltre a GenBank: MN908947.1, che è stato reso pubblico per la prima volta su [virological.org](https://virological.org) (<https://virological.org/t/novel-2019-coronavirus-genome/319>), Drosten et al. hanno utilizzato anche "altri quattro genomi depositati il 12 gennaio nel database di sequenze virali curato dal Global Influenza Data (GISAI) nella progettazione dei loro protocolli PCR.

<sup>94</sup> OMS, "Osservazioni di apertura del Direttore Generale dell'OMS al briefing con i media sul COVID-19 - 11 marzo 2020", 11 marzo 2020.

numero MG772933)." Anche questi presunti genomi sono semplicemente *in silico* costrutti di cui non è mai stata dimostrata l'esistenza nella loro interezza in natura, per non parlare della provenienza dall'interno di un virus. Ad esempio, SL-CoVZC45 del pipistrello è stato inventato nel 2018 mediante il processo di "19 coppie di primer PCR degenerate... progettate dall'allineamento multiplo delle sequenze SARS-CoV e SL-CoV del pipistrello disponibili depositate in GenBank".<sup>95</sup>

I genomi dei virus sono diventati quella che forse è la più grande illusione in virologia, un'illusione che diffonde la convinzione che sia effettivamente dimostrata l'esistenza dei virus. Gli stessi virologi non sembrano apprezzare il difetto fatale delle loro metodologie anche quando lo affermano essi stessi:

*Tre metodi principali basati sull'HTS [sequenziamento ad alto rendimento] sono attualmente utilizzati per il sequenziamento dell'intero genoma virale: sequenziamento metagenomico, sequenziamento di arricchimento target e sequenziamento dell'amplicone PCR, ciascuno dei quali mostra vantaggi e svantaggi (Houldcroft et al., 2017). Nel sequenziamento metagenomico, viene estratto e sequenziato il DNA totale (e/o l'RNA) da un campione che include l'ospite ma anche batteri, virus e funghi. Si tratta di un approccio semplice ed economico ed è l'unico approccio che non richiede sequenze di riferimento. Invece, gli altri due approcci HTS, l'arricchimento del target e il sequenziamento degli ampliconi, dipendono entrambi dalle informazioni di riferimento per progettare esche o primer. Il limite del sequenziamento metagenomico è che richiede una profondità di sequenziamento molto elevata per ottenere materiale sufficiente per il genoma virale.*<sup>96</sup>

La limitazione più importante del sequenziamento "virale" è che il processo in sé non determina la provenienza dei frammenti del gene, quindi come può essere utilizzato per stabilire la sequenza di un genoma precedentemente sconosciuto? Per chiarezza non stiamo parlando di situazioni in cui la provenienza delle sequenze può essere verificata in modo indipendente, ad esempio cellule batteriche fisicamente isolate. Inoltre, non ha senso dichiarare arbitrariamente che le sequenze sono virali attraverso un processo di eliminazione, cioè sulla base del fatto che non hanno un'assegnazione precedentemente conflittuale sulle banche dati dei geni. Nessuno dei virologi dimostra che le sequenze sono di natura virale quando assemblano il primissimo modello e dichiarano di aver scoperto un virus patogeno. In nessun momento nessuno di loro purifica presunte particelle virali per dimostrare la loro relazione con le sequenze. Eppure il primo inventato *de novo* il genoma diventa la pietra di paragone con cui altri cacciatori di virus allineeranno il proprio *in silico* genomi o progettazione

---

<sup>95</sup>Dan Hu, et al. "Caratterizzazione genomica e infettività di un nuovo coronavirus simile alla SARS nei pipistrelli cinesi", *Microbi emergenti e infezioni*, 12 settembre 2018: <https://doi.org/10.1038/s41426-018-0155-5>

<sup>96</sup>Florence Maurier, et al., "Un protocollo completo per il sequenziamento dell'intero genoma del virus da campioni clinici: Applicazione al coronavirus OC43", *Virologia*, 531, maggio 2019: <https://doi.org/10.1016/j.virol.2019.03.006>

protocolli PCR “confermativi”.

Per quanto ne sa l'autore, i virologi non dispongono di tecniche di laboratorio in grado di verificare direttamente se esiste un filamento di RNA completo da 30 kilobasi in uno qualsiasi dei loro campioni. La tecnologia dell'elettroforesi su gel a campo pulsato ExisEng può solo differenziarsi in modo affidabile *DNA* fili di queste dimensioni.<sup>97</sup>In ogni caso, queste simulazioni rimangono una distrazione perché anche nel caso in cui l'esistenza fisica di un *in silico* se si potesse dimostrare che il genoma della SARS-CoV-2 – una sequenza completa di RNA di 30 kilobasi – esiste in natura, i virologi avrebbero molto lavoro da fare. Innanzitutto dovrebbero dimostrare che questa sequenza appartiene ad *acausa di malattie* replica Eon-parEcolo competente che può far ammalare una persona e non solo *reclamolo* fa.

A tal proposito, l'autore ha avuto uno scambio di e-mail con un biologo evolucionista del Wellcome Sanger Institute il quale ha suggerito che il sequenziamento dell'RNA a lettura lunga (in contrapposizione al solo sequenziamento del fucile) ha fornito la prova necessaria dell'esistenza di “SARS-CoV-2”.<sup>98</sup>Ha fatto riferimento a una pubblicazione dell'aprile 2022 che coinvolgeva il sequenziamento dell'RNA tramite letture lunghe della Oxford Nanopore Technologies (ONT),<sup>99</sup>sostenendo di aver confermato la validità dei genomi del “virus” che erano stati precedentemente costruiti mediante sequenziamento shotgun. Lo studio offerto descriveva un esperimento che confrontava le risposte tra varie linee cellulari “infette da SARS-CoV-2” e “fintamente infette”. Si presumeva che le cellule sperimentali fossero “infettate dal virus SARS-CoV-2 Australia (Australia/VIC01/2020, NCBI: MT007544.1)” – affermato dall'autore Leon Caly et al. essere un “isolato”,<sup>100</sup>quando l'isolamento di un virus non è mai stato dimostrato, come spiegato nella Figura 4 di seguito e come illustrato in *La frode del COVID-19 e la guerra all'umanità*.<sup>101</sup>Quindi, l'argomentazione del biologo evolucionista si basava sul fatto che il prodotto fraudolento di un esperimento fraudolento viene paragonato a una “finta infezione”, dove il primo viene invalidato dalla fuorviante dichiarazione di “isolamento del virus” e il lager si invalida da solo poiché i virologi hanno cambiato la sua struttura. definizione per consentire la modifica di altre variabili. Ottenere letture più lunghe non cambia questi problemi fondamentali. Il biologo evoluEonario affermava l'Ing

---

<sup>97</sup>David Schwartz e Charles Cantor, "Separazione dei DNA delle dimensioni dei cromosomi di lievito mediante elettroforesi su gel a gradiente di campo pulsato", *Cellula*, vol. 37, maggio 1984:[https://doi.org/10.1016/0092-8674\(84\)90301-5](https://doi.org/10.1016/0092-8674(84)90301-5)

<sup>98</sup>Via email da Zachary Arden:<https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/06/Mark-Bailey-Zachary-Ardenemails-redacted.pdf>

<sup>99</sup>Jessie Chang, et al., "Il sequenziamento dell'RNA a lunga lettura IdenEfiEs PolyadenylaEon ElongaEon e l'utilizzo della trascrizione differenziale delle trascrizioni dell'ospite durante l'infezione in vitro SARS-CoV-2", *Davanti. Immunolo.*, 6 aprile 2022:<https://doi.org/10.3389/fimmu.2022.832223>

<sup>100</sup>Leon Caly, et al., "IsolaEon e rapida condivisione del nuovo coronavirus del 2019 (SARS-CoV-2) dal primo paziente con diagnosi di COVID-19 in Australia", *Med. J. Aust.*, 1 aprile 2020:<https://doi.org/10.5694/mja2.50569>

<sup>101</sup>Mark Bailey e John Bevan-Smith, "La frode del COVID-19 e la guerra all'umanità", 11 novembre 2021:<https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/>

che le variazioni nelle sequenze e nelle proteine monitorate su Eme rappresentavano la prova di un virus in evoluzione.<sup>102</sup> È un'altra vittima dell'inganno della virologia a causa del loro specioso attaccamento della parola "virale" a questi enEEe. Quando tutte queste sequenze e proteine furono originariamente rilevate negli esperimenti sulle colture di Essue, non fu dimostrato che appartenessero a virus patogeni, ma l'affermazione che siano "virali" continua ancora oggi.

Sulla stessa linea e pochi mesi dopo quello scambio, il patologo/virologo dottor Sin Hang Lee affermò che il suo documento prestampato<sup>103</sup> ha fornito "prove inconfutabili del sequenziamento di Sanger che il virus [SARS-CoV-2] esiste e mantiene la mutaEng", con un invito aperto a contestare il suo lavoro.<sup>104</sup>

Ancora una volta, il presente autore ha fornito una risposta, descrivendo in dettaglio il continuo uso improprio della terminologia scientifica da parte della virologia, nonché il problema di fondo della provenienza non stabilita delle sequenze geneEc analizzate:

*Per esporre i problemi della virologia è fondamentale esaminare la sezione metodologica di qualsiasi pubblicazione e in questo caso non è diverso... Quelli di noi che contestano la narrazione del virus sottolineano che non è mai stato dimostrato che nessuna sequenza di RNA (o DNA) provenga dall'interno di qualsiasi specifica particella identificabile che soddisfi la definizione di virus. Pertanto si può dire che tutti gli RNA siano espressi solo da un organismo noto, introdotti artificialmente (ad esempio iniezioni di mRNA sintetico) o di provenienza sconosciuta. Le "mutazioni" esistono solo all'interno in silico modelli che non hanno dimostrato di essere di natura indipendente. Ci sono altri motivi per cui le sequenze di RNA possono variare e variano nei sistemi biologici dinamici e non riesco a immaginare che nessun virologo non sarebbe d'accordo con questo fatto. Il semplice rilevamento degli RNA non è sufficiente per trarre conclusioni sulla loro provenienza. Per arrivare a questa determinazione sono necessari altri esperimenti.<sup>105</sup>*

In effetti, nessuna tecnologia genomica o proteomica può sfuggire al fatto che, per quanto riguarda tali dati come presunta prova di virus, si tratta di tartarughe fino in fondo.

## TARTARUGHE FINO IN FONDO

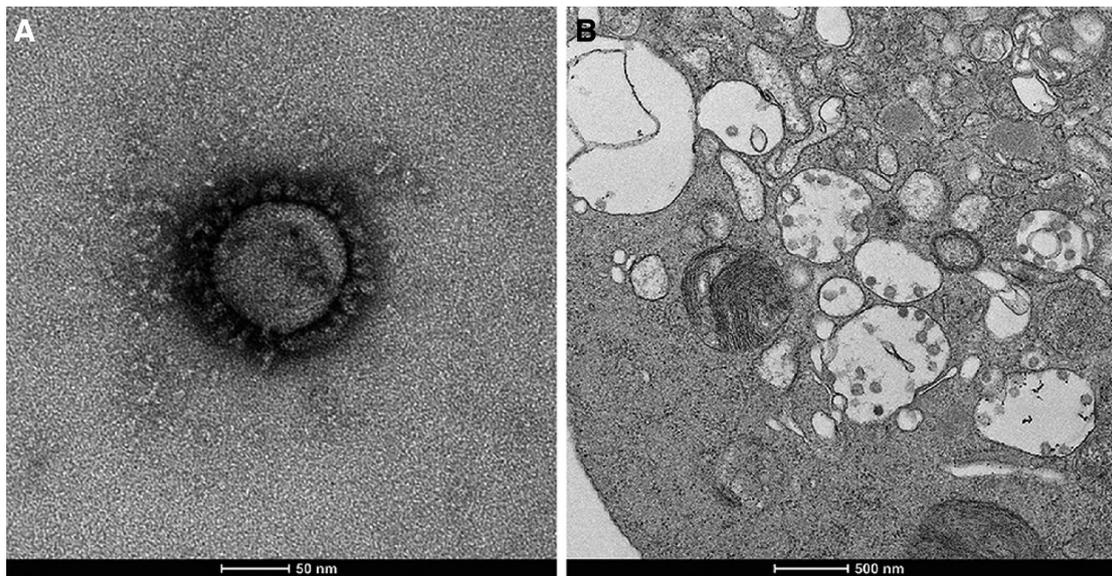
---

<sup>102</sup>Via email da Zachary Ardern: <https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/06/Mark-Bailey-Zachary-Ardernemails-redacted.pdf>

<sup>103</sup>Sin Lee, "Attuazione della raccomandazione eCDC/OMS per la diagnosi molecolare delle sottovarianti Omicron della SARS-CoV-2 e le sue sfide", *preprints.org*, 14 giugno 2022: <https://www.preprints.org/manuscript/202206.0192/v1>

<sup>104</sup>Mark Bailey, "Segnali di avvertimento che sei stato ingannato dai virologi... ancora", 25 luglio 2022: <https://drsambailey.com/warnings-signs-you-have-been-tricked-by-virologists-again/>

<sup>105</sup>Ibid.



**Figura 4.** Cali et al. "isolamento" di SARS-CoV-2. Le micrografie elettroniche mostrano il surnatante di una coltura cellulare Vero/hSLAM: (A) è stato dichiarato essere un "virione", quando è semplicemente una particella di provenienza sconosciuta. Inoltre, sono state prodotte le "punte" capsulari *abe1* l'enzima trypsin ha digerito le proteine esterne per creare l'aspetto desiderato. (B) ci informa semplicemente sulla dimensione delle particelle in una miscela di Essue. Non è stato eseguito alcun esperimento di controllo valido con un campione simile di derivazione umana.

Come è stato notato, "bat SL-CoVZC45" era un virus *in silico* genoma, 29.802 nucleotidi di lunghezza, inventato nel 2018,<sup>106</sup> utilizzato da Fan Wu et al. come genoma modello per l'invenzione del genoma SARS-CoV-2. Si presume provenga dal tessuto interno di un pipistrello catturato nella provincia di Zhejiang, in Cina. In questo studio gli autori hanno riferito che "tutti i pipistrelli apparivano sani e non presentavano segni clinici evidenti al momento della cattura", ma hanno dichiarato che un virus è stato rilevato in 89 pipistrelli su 334 sulla base di una "trascrizione inversa pan-coronavirus (RT)-PCR." È già stata sottolineata la follia di rivendicare l'"isolamento" di qualsiasi virus inducendo CPE, ma in questo caso non sono riusciti nemmeno a osservare questo fenomeno nelle colture cellulari Vero E6. Invece, hanno provato un altro metodo per "testare la patogenicità dell'agente ZC45". Questo consisteva nel prendere 20 µl di sostanza intestinale di pipistrello macinata e iniettarla direttamente nel cervello di ratti BALB/c di 3 giorni.<sup>107</sup> L'assurdità di iniettare tale sostanza biologica direttamente nel cervello di animali neonati compromessi e consanguinei non dovrebbe aver bisogno di ulteriori spiegazioni. Come è tipico negli esperimenti di virologia, non c'era nessun gruppo di controllo in cui si dicesse che materiale biologico simile non contenesse il virus

<sup>106</sup>Dan Hu, et al. "Caratterizzazione genomica e infettività di un nuovo coronavirus simile alla SARS nei pipistrelli cinesi", *Microbi emergenti e infezioni*, 12 settembre 2018: <https://doi.org/10.1038/s41426-018-0155-5>

<sup>107</sup>Governo dell'Australia occidentale - Centro risorse animali, "Pesi di ratti e topi": [https://www.arc.wa.gov.au/?page\\_id=125](https://www.arc.wa.gov.au/?page_id=125)

virus, è stato iniettato direttamente nel cervello di altri cuccioli di ratto. Hanno riferito che "sospette particelle virali" sono state osservate in alcuni cervelli di ratto, ma non hanno mai dimostrato la composizione o la funzione biologica di tali "sospette particelle virali" osservate nei loro vetrini. Inoltre, l'"infezione" è stata dichiarata sulla base di test RT-PCR positivi che hanno rilevato nei ratti neonati all'Eme del loro sacrificio le stesse sequenze di RNA iniettate loro di recente - ovviamente non qualcosa che richiedesse l'esistenza di un virus .

Quindi, senza isolare fisicamente alcuna presunta particella virale, hanno proceduto a omogeneizzare, centrifugare e filtrare i campioni intestinali prima di dichiarare: "l'RNA virale è stato estratto con un Viral RNA Mini Kit (Qiagen, Hilden, Germania) secondo le raccomandazioni del produttore". (Vedere pagina 49 per una spiegazione del motivo per cui non è possibile per kit di questo tipo estrarre selettivamente l'RNA sulla base della sua provenienza, indipendentemente dal fatto che esistano o meno virus.) Ha poi avuto luogo una fase di trascrizione inversa prima dell'amplificazione PCR dei loro preparati. Sostenevano di sequenziare l'intero genoma di [SL-CoV]ZC45 attraverso 19 coppie di primer PCR degenerate, "progettate dall'allineamento multiplo delle sequenze SARS-CoV e SL-CoV di pipistrello disponibili depositate in GenBank". In altre parole, la loro dichiarazione di scoperta di un genoma virale non si basava sulla prova diretta di un virus ma sul rilevamento di sequenze di provenienza non stabilita allineate a modelli di "virus" ancora più fittizi. Non è stato reso noto quanta amplificazione PCR sia stata effettuata in questa fase, ma la fase di "screening RT-PCR" prevedeva un primo ciclo di 40 cicli, seguito da un secondo ciclo di 30 cicli. Una amplificazione così ridicola risulterebbe in un artefatto, nel senso che le sequenze target vengono "trovate" semplicemente come risultato del processo stesso piuttosto che essere necessariamente fisicamente presenti nei campioni.

Da notare che la storia del virus dei pipistrelli è in gioco dall'"epidemia" della SARS del 2003 e, a quanto pare, dopo migliaia di anni, la razza umana è ora sotto costante minaccia da parte dei virus che si infiltrano nelle caverne dei pipistrelli cinesi. Nel 2005, il presidente dell'EcoHealth Alliance, Dr. Peter Daszak, coautore di un articolo apparso in *Scienza* ed, "I pipistrelli sono serbatoi naturali di coronavirus simili alla SARS".<sup>108</sup>In questo studio, Daszak e co. non sono riusciti a trovare alcun "coronavirus" nella loro selezione di pipistrelli attraverso la consueta tecnica fraudolenta di osservazione *in vitro* CPE, affermando che "nessun virus è stato isolato da tamponi fecali di campioni PCR-positivi utilizzando cellule Vero E6". Tuttavia, erano felici di dichiarare di avere prove di tali virus attraverso i loro prodotti PCR a ciclo elevato (35-45) senza senso ottenuti da campioni grezzi di pipistrelli. Si affermava che queste fossero "sequenze virali" perché all'interno del ragionamento circolare della virologia avevano "trovato" proprio le sequenze "virali" per le quali il loro protocollo PCR era stato progettato.

---

<sup>108</sup>Wendong Li, et al., "I pipistrelli sono serbatoi naturali di coronavirus simili alla SARS", *Scienza*, 29 settembre 2005: <https://doi.org/10.1126/science.1118391>

rilevare. Hanno debitamente avvertito il mondo che “la diversità genetica esiste tra i virus zoonoci nei pipistrelli, aumentando la possibilità che varianti attraversino la barriera delle specie e causino epidemie di malattie nella popolazione umana”. Sfortunatamente, questo folklore zootecnico si è diffuso dalla letteratura virologica all'immaginazione del pubblico. Daszak è un appassionato promotore e benefattore della storia del virus dei pipistrelli e nel 2015 ha consigliato ai suoi colleghi che, per mantenere le entrate, avrebbero dovuto “aumentare la comprensione pubblica della necessità di MCM [contromisure mediche] come una padella -vaccino antinfluenzale o pan-coronavirus.”<sup>109</sup>

In ogni caso, un ramo di una delle tracce immaginarie del modello di coronavirus riconduce a una delle affermazioni originali fatte riguardo al genoma della SARS-CoV, ritenuto la causa della prima “epidemia” di SARS. Nell'aprile 2003, Yijun Ruan et al. hanno presentato a GenBank il loro “SARS coronavirus Sin2500, genoma completo”, che è diventato il numero di accesso AY283794.1.<sup>110</sup> Tuttavia, questo genoma è stato inventato non sequenziando direttamente presunte particelle virali, ma sequenziando l'RNA in un esperimento di coltura cellulare Vero attraverso “sia approcci shotgun che specifici priming”, con allineamento alla “sequenza del genoma del virus hepaEEs di topo”. (NC\_001846) come spina dorsale.<sup>111</sup> Il genoma NC\_001846.1 è stato inventato a sua volta nel 1997 e si sosteneva che derivasse da un virus che era stato “ottenuto originariamente dal dottor Lawrence Sturman” e sequenziato “utilizzando come modelli l'RNA citoplasmatico estratto da monostrati di cellule L2 infettate con tipo selvatico MHV-A59, C12, C3, C5, C8, B11 o B12.”<sup>112</sup> L'affermazione che hanno iniziato con un virus sembra essere basata sull'assicurazione del dottor Sturman che il campione da lui fornito conteneva qualcosa del genere.

Dovrebbe essere chiaro a questo punto che ogni genoma di coronavirus è stato modellato rispetto ad altri cosiddetti genomi senza che i virologi lo dimostrino. *Qualunque* delle sequenze provengono da un virus. È quindi opportuno risalire al presunto primo genoma completo del coronavirus mai pubblicato, che era il “Virus dei bronchi infettivi aviari” (IBV) di Bournsnel et al. nel 1987,<sup>113</sup> e successivamente utilizzato da altri come uno dei modelli originali. Non ne hanno sequenziato nessuno

---

<sup>109</sup>“Sviluppo di MCM per i coronavirus”, in Rapid Medical Countermeasure Response to Infectious Diseases: Enabling Sustainable Capabilities Through continued partnership tra il settore pubblico e quello privato: sintesi del workshop, Washington DC: National Academies Press, 12 febbraio 2016: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK349040/>

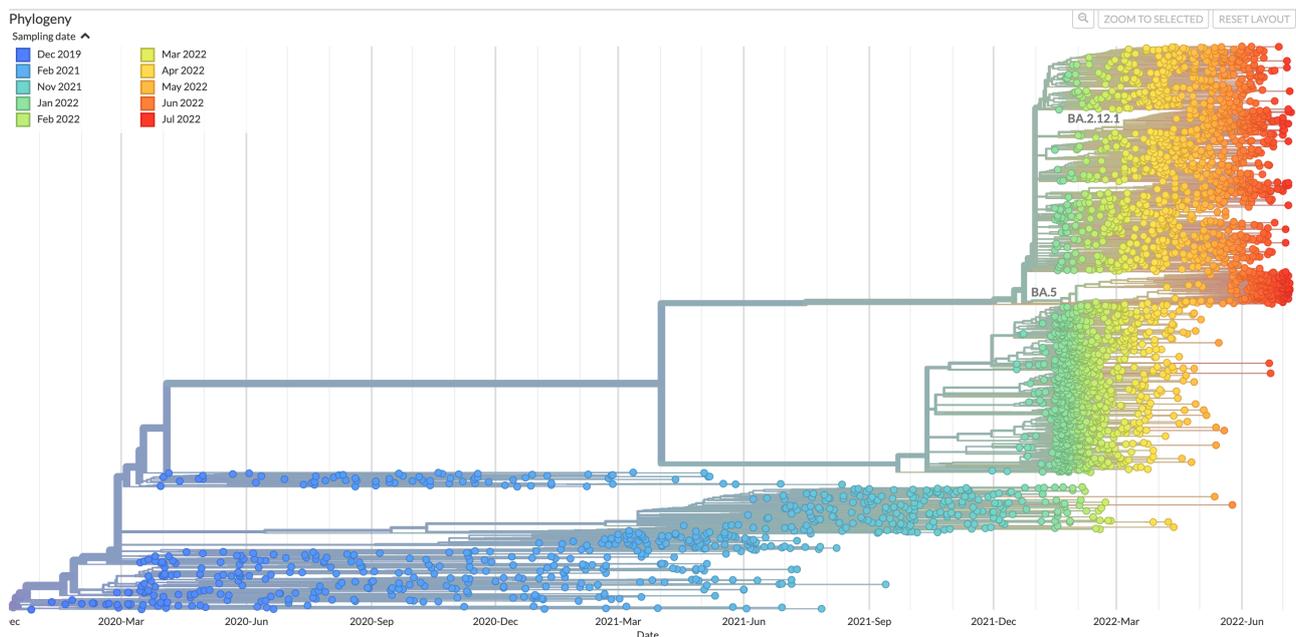
<sup>110</sup>GenBank, “SARS coronavirus Sin2500, genoma completo - AY283794.1”, 27 aprile 2003: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/30468042>

<sup>111</sup>Yijun Ruan, et al., “Analisi comparativa della sequenza genomica a lunghezza intera di 14 isolati di coronavirus SARS e mutazioni comuni associati alle origini putative dell'infezione”, *Lancetta*, 24 maggio 2003: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7140172/>

<sup>112</sup>Isabelle Leparç-Goffart, et al., “La patogenesi alterata di un mutante del coronavirus murino MHV-A59 è associata a una sostituzione di aminoacidi Q159L nella proteina Spike”, *Virologia*, 8 dicembre 1997: <https://doi.org/10.1006/viro.1997.8877>

<sup>113</sup>Michael Bournsnel, et al., “Completamento della sequenza del genoma del virus dei bronchi infettivi aviari del coronavirus”, *Journal of Virology*, 1 gennaio 1987: <https://doi.org/10.1099/0022-1317-68-1-57>

postularono direttamente le particelle virali ma furono usate, "diciassette cloni di cDNA che coprono i 3 -più di 27.569 kb del genoma," noEng che i cloni, "sono stati derivati da RNA isolato da virus purificato con gradiente del ceppo Beadege (Beadege & Hudson, 1937; Brown & Bournnell, 1984)." Il citato articolo di Brown & Bournnell afferma che "la preparazione dei cloni di cDNA è stata precedentemente descritta (Brown e Bournnell, 1984)."<sup>114</sup> Questa citazione successiva è la loro pubblicazione Etled, "L'RNA genomico del virus dei bronchi dell'infezione aviaria contiene omologie di sequenza ai confini intergenici".<sup>115</sup> In questo articolo affermano che il "ceppo IBV Beadege è stato coltivato in uova embrionate di 11 giorni. I virioni sono stati isolati dal fluido allantoico e purificati mediante isopicnic<sup>116</sup> centrifugaEon su gradienti di saccarosio. Tuttavia, in nessuno di questi documenti è stata fornita alcuna prova che essi: (a) avessero purificato qualcosa, per non parlare dei "virioni", sotto forma di micrografie elettroniche di conferma, o (b) avessero eseguito validi esperimenti di controllo. Tutto quello che possiamo vedere è che loro *presunto* i virus erano presenti nella loro miscela di coltura e aRer centrifugaEon ha rivendicato l'RNA rilevato



**Figura 5.** L'albero filogenetico della SARS-CoV-2 su [GISAID.org](https://gisaid.org), al 15 luglio 2022. Non è mai stato dimostrato che il primo "genoma" del dicembre 2019 (Fan Wu et al.) provenga da un virus, ma attraverso il ragionamento circolare della virologia, sequenze simili trovate in altri luoghi vengono proposte come prova di un "virus" in evoluzione. Tuttavia, le metodologie incontrollate utilizzate lo rendono un film fittizio *in silico* albero genealogico. DetecEng, o purporEng per rilevare sequenze genetiche selezionate nell'ambiente, non conferma l'esistenza di un virus poiché la provenienza delle sequenze non è stata stabilita o è stata erroneamente contaminata. Lo stesso vale per le proteine rilevate.

<sup>114</sup>TDK Brown e Michael Bournnell, "Sequenziamento dell'RNA genomico dell'IBV del coronavirus: un frame di lettura aperto di 195 basi codificato dall'mRNA B", *Gene*, luglio-agosto 1984: [https://doi.org/10.1016/0378-1119\(84\)90169-0](https://doi.org/10.1016/0378-1119(84)90169-0)

<sup>115</sup>TDK Brown & Michael Bournnell "L'RNA genomico del virus dei bronchi dell'infezione aviaria contiene omologie di sequenza ai confini intergenici", *Ricerca sui virus*, gennaio 1984: [https://doi.org/10.1016/0168-1702\(84\)90031-5](https://doi.org/10.1016/0168-1702(84)90031-5)

<sup>116</sup>La centrifugazione isopicnica separa le particelle in base alla densità cfr. la velocità di centrifugazione zonale separa le particelle in base alla dimensione: <https://www.differencebetween.com/difference-between-rate-zonal-and-isopycnic-centrifugaEon/>

le sequenze provenivano da questi virus immaginari.

L'affermazione originale secondo cui si trattava di un virus (IBV) risale agli anni '30 e si basava sulle stesse conclusioni errate tratte dalla metodologia impiegata negli esperimenti sul "virus" del sarcoma di Rous del 1911 (vedi pagina 17). Nel caso dell'IBV, il materiale è stato prelevato da polli malati, fatto passare attraverso filtri batterici di Berkefeld e quindi introdotto nelle vie respiratorie di altri polli.<sup>117</sup> Considerando che ciò potrebbe far ammalare anche gli uccelli riceventi, è stato dichiarato che "questi risultati dimostrano che la malattia è causata da un virus filtrabile". Tuttavia in nessun Esme nessun esperimento ha dimostrato che una particella infettiva sia responsabile degli effetti tossici. In breve, i successivi alberi filogenetici del "coronavirus" che sono stati creati a partire dagli anni '80 non sono la prova di "virus in evoluzione", sono la prova di uno schema markEng a livello mulE che non ha un prodotto fisico stabilito.

Il pericolo per l'umanità è che i genomi del presunto coronavirus che sono stati modellati dalle speculazioni dei virologi sono ora utilizzati come modelli per creare e iniettare prodotti in sfortunati destinatari che sono stati ingannati e indotti a credere che l'ultima invenzione della virologia fosse reale. Cioè, si è fatto affidamento sulle invenzioni genomiche fittizie della virologia per creare interventi medici e politici del tutto inutili. La pericolosa e altamente sperimentale biotecnologia dell'mRNA e dei nanolipidi ha ucciso più persone di tutti gli altri vaccini messi insieme negli ultimi 30 anni, e abbiamo appena iniziato a contarli.<sup>118</sup>

#### LE AFFERMAZIONI DEL CDC SULLA SARS-COV-2

Con un ritardo ormai familiare, il CDC ha impiegato otto mesi per rispondere a una richiesta di libertà di informazione riguardante le loro affermazioni di "isolaEng SARS-CoV-2" nella loro dichiarazione di giugno 2020 *Malattie infettive emergenti* pubblicaEon, "Sindrome respiratoria acuta grave Coronavirus 2 da paziente affetto da malattia da coronavirus, Stati Uniti", di Jennifer Harcourt et al.<sup>119</sup> Le domande poste al CDC dal mio collega erano semplici e includevano quanto segue: "Lo scienEst per questo articolo ha utilizzato gruppi di controllo? Se è così, i gruppi di controllo hanno utilizzato le stesse formule di miscele di colture cellulari dei gruppi sperimentali senza il campione contenente i presunti virus?...In sintesi,

<sup>117</sup>J. R Beach & OW Schalm, "Un virus filtrabile, distinto da quello delle laringotrachei, la causa di una malattia respiratoria dei pulcini", *Scienza del pollame*, maggio 1936: <https://doi.org/10.3382/ps.0150199>

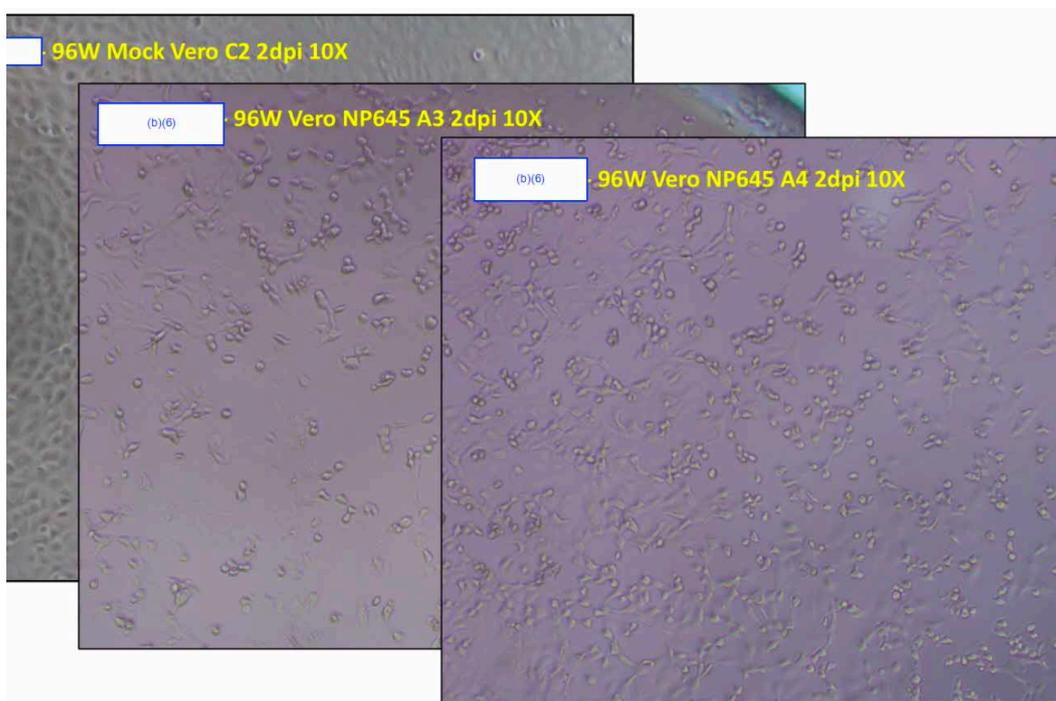
<sup>118</sup><https://vaersanalysis.info/> (accesso il 25 giugno 2022).

<sup>119</sup>Jennifer Harcourt, et al., "Sindrome respiratoria acuta grave da coronavirus 2 da paziente affetto da malattia da coronavirus, Stati Uniti", *Malattie infettive emergenti*, giugno 2020: [https://wwwnc.cdc.gov/eid/arEcle/26/6/20-0516\\_arEcle](https://wwwnc.cdc.gov/eid/arEcle/26/6/20-0516_arEcle)

se sono stati utilizzati gruppi di controllo, elencare i dettagli dei gruppi di controllo."<sup>120</sup>Invece di chiedere a Jennifer Harcourt o a uno dei suoi team di rispondere a questa semplice richiesta, il 29 marzo 2022, il CDC ha risposto di aver "individuato 37 pagine di record reattivi e un foglio di calcolo Excel", presumibilmente in base al materiale richiesto.<sup>121</sup>In sintesi, i "registri di risposta" del CDC includevano quanto segue:<sup>122</sup>

1. E-mail interne del CDC che condividono immagini come la Figura 6 purporEng per mostrare "foto dell'ambito del potenziale N-CoV 2019 del primo caso negli Stati Uniti". I microbiologi della ricerca del CDC Azaibi Tamin speravano che "alcuni di questi 7 lisati mostrano che il CPE è causato dall'N-CoV del 2019", mentre Stephen Lindstrom ha commentato che erano "cellule infelici molto carine". La responsabile del team di immunologia dei virus respiratori, Natalie Thornburg, ha quindi chiesto se "potrebbero inviare i file JPEG o TIFF originali per le immagini CPE?". Voglio iniziare a lavorare su una figura di qualità pubblicaEon.

2. Numeri di adesione GenBank MT020880 e MT020881, elencati nel Harcourt et



**Figura 6.** Nel loro 29 marzo 2022 [Risposta FOIA](#), i dettagli della diapositiva "finta" dell'esperimento non sono stati forniti dal CDC, nonostante fossero stati espressamente richiesti. Le altre diapositive sono presumibilmente la prova degli effetti citopatici (e quindi *implicito*esistenza) di SARS-CoV-2.

<sup>120</sup>Tramite e-mail a FOIA Requests (CDC), "FOIA: Control Group InformaEon request for Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 from PaEnt with Coronavirus Disease, United States", 1 agosto 2021.

<sup>121</sup>Leger di Roger Andoh, funzionario FOIA del CDC/ATSDR, "#21-01704-FOIA", 29 marzo 2022: <https://www.fluoridefreepeel.ca/wpcontent/uploads/2022/05/CDC-Harcourt-mock-infected-MS-PACKAGE-redacted.pdf>

<sup>122</sup>Ibid: documento PDF di 37 pagine di Roger Andoh, funzionario FOIA del CDC/ATSDR, "USA CDC - Controls - Responsive Records.pdf", 29 marzo 2022.

al./CDC pubblica Eon e già disponibile al pubblico.

3. Na Zhu et al. *Giornale di medicina del New England* articolo, "Un nuovo coronavirus da pazienti affetti da polmonite in Cina, 2019",<sup>123</sup> che secondo la microscopista elettronica del CDC Cynthia Goldsmith, "ha 2 immagini EM molto belle nella Figura 3, una dell'epitelio delle vie aeree umane". Abbiamo affrontato le follie di questo articolo in *La frode del COVID-19 e la guerra all'umanità*, con Na Zhu et al. essendo anche colpevoli di esperimenti incontrollati di degradazione della cultura di Essue in cui hanno battezzato micrografie elettroniche di vescicole extracellulari di composizione e funzione biologica non dimostrate "2019-nCoV".<sup>124</sup> (Uno dei coautori dell'articolo, Wenjie Tan, ha detto a Torsten Engelbrecht il 18 marzo 2020 che avevano "un'immagine di particelle di virus sedimentate, non purificate".<sup>125</sup> Pertanto, l'affermazione che si tratta di "particelle virali" è semplicemente un'affermazione, poiché non esiste alcuna parte dell'articolo che dimostri la composizione o la funzione biologica di queste vescicole immaginate.
4. Un foglio di calcolo con i risultati della soglia del ciclo PCR non informativi per "4 virus" inviato al laboratorio Respiratory Viruses DiagnosEc del CDC.
5. Una pagina che inizia con "per comodità amministrativa e per rispondere pienamente alla tua richiesta, lo staff del programma ha fornito le seguenti informazioni con i collegamenti web corrispondenti", che non hanno fornito assolutamente alcuna informazione relativa a come gli esperimenti di "isolamento virale" del CDC sono stati adeguatamente controllato.

Il 23 dicembre 2021, ChrisEne Massey ha anche presentato una richiesta al CDC chiedendo tutti i dettagli del caso Harcourt et al. Esperimento "finto infetto" che include "la quantità di materiale proveniente da campioni di tampone nasofaringeo e orofaringeo non infetti che è stato aggiunto al gruppo di controllo della coltura cellulare".<sup>126</sup> Il CDC alla fine ha risposto alla richiesta di Massey il 10 maggio 2022 con 36 pagine di informazioni altrettanto inutili e la scusa che:

*Per quanto riguarda alcune parti della tua richiesta, una ricerca nei nostri archivi non è riuscita a rivelare alcun documento pertinente alla tua richiesta. Queste parti si riferiscono alla tua richiesta di "...Cell Culture - Experimental Group Details:" e "Cell Culture - 'Mock-"*

---

<sup>123</sup>Na Zhu et al., "Un nuovo coronavirus da pazienti affetti da polmonite in Cina, 2019", *Giornale di medicina del New England*, 382 (20 febbraio 2020, pubblicato per la prima volta il 24 gennaio 20, aggiornato il 29 gennaio 2020), 728: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31978945/>

<sup>124</sup>Mark Bailey e John Bevan-Smith, "La frode del COVID-19 e la guerra all'umanità", 11 novembre 2021: <https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/>

<sup>125</sup>Torsten Engelbrecht e KonstanEn Demeter, "I test PCR COVID19 sono scientificamente privi di significato", *fuori Guardian*, 27 giugno 2020: <https://off-guardian.org/2020/06/27/covid19-pcr-tests-are-scientificamente-privi-di-significato/>

<sup>126</sup>ChrisEne Massey, tramite e-mail al CDC, "Richiesta FOIA al CDC: Harcourt et al. Documento "SARS-COV2 isolaEon" - dettagli non pubblicati", 23 dicembre 2021: <https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/05/CDC-Harcourt-mock-infected-CM-PACKAGE-redacted.pdf>

*infetti"/Dettagli gruppo di controllo:" e "Sequenziamento dell'intero genoma - Dettagli su purezza e controllo:" La tua richiesta è stata inviata al Centro nazionale per l'immunizzazione e le malattie respiratorie (NCIRD) per la ricerca. Hanno risposto che alcuni dettagli nella tua richiesta non erano disponibili come documenti controllati o conservati da CDC.<sup>127</sup>*

In altre parole, i CDC sembrano completamente ignari del fatto che non stanno seguendo il metodo scientifico o si sono resi conto che il gioco è finito e si stanno impegnando in risposte false. In ogni caso, non possono essere presi sul serio come fonte di informazioni scientifiche affidabili se promuovono anche esperimenti incontrollati come prova della presenza di virus.

## LE INFORMAZIONI DI PENG ZHOU ET AL.

Ci sono state occasioni in cui gli investigatori hanno fornito risposte riguardo alle loro metodologie in cui, intenzionalmente o meno, sono stati sorprendentemente sinceri riguardo ai loro esperimenti non scientifici. Il 3 febbraio 2020, Peng Zhou et al. hanno pubblicato il loro articolo, "Un'epidemia di polmonite associata a un nuovo coronavirus di probabile origine da pipistrello", in *Natura*, sostenendo "l'identificazione e la caratterizzazione di un nuovo coronavirus (2019-nCoV)."<sup>128</sup> Nel loro esperimento "isolaEon" gli autori hanno prodotto immagini che mostrano apparenti CPE nelle presunte cellule Vero E6 "infette da 2019-nCoV" ma nessun CPE nelle "cellule finte infette".<sup>129</sup> la lager pretendeva di essere un "controllo". Ma qual era la natura di questo apparente esperimento di controllo? I dettagli non sono stati forniti nel loro articolo pubblicato, quindi sono stati contattati da uno dei miei colleghi nell'agosto 2021 che ha ottenuto alcune sorprendenti ammissioni da uno dei coautori dell'articolo, Xing-Lou Yang. In primo luogo, a parte il fatto che non ci sono stati esperimenti di controllo positivo (cioè con campioni umani comparabili senza il presunto virus), Yang ha dichiarato di aver raddoppiato la dose di penicillina e streptomina nel gruppo sperimentale.<sup>130</sup> Alla domanda sul perché questa variabile fosse alterata, la risposta è stata: "l'intento di AnE-AnE [i due anEbioEc] è quello di prevenire la contaminazione da batteri o funghi durante l'isolamento del virus, quindi una concentrazione dell'1% o del 2% non ha influenzato la crescita cellulare. Il 2% nella prima generazione [generaEon] era solo per prevenire la contaminazione dai campioni."<sup>131</sup>

<sup>127</sup>Leger da Emerique Magyar, funzionario FOIA del CDC/ATSDR a ChrisEne Massey, "#22-00578-FOIA", 10 maggio 2022: <https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/05/CDC-Harcourt-mock-infected-CM-PACKAGE-redacted.pdf>

<sup>128</sup>Peng Zhou, et al., "Un'epidemia di polmonite associata a un nuovo coronavirus di probabile origine da pipistrello", *Natura*, 579, 12 marzo 2020: <https://www.nature.com/articles/s41586-020-2012-7>

<sup>129</sup>Ibid. "Dati estesi Fig. 6: Isolamento e caratterizzazione anEgenica di 2019-nCoV": <https://www.nature.com/articles/s41586-020-2012-7/figures/9>

<sup>130</sup>(Corrispondenza personale via e-mail da Xing-Lou Yang, 5 agosto 2021.)

<sup>131</sup>Ibid.

Il mio collega ha suggerito di eseguire nuovamente l'esperimento di "controllo" con la dose più elevata di anEbioEcs per garantire che questo non fosse uno dei fattori che inducono CPE nella linea cellulare renale. Yang successivamente fornì la risposta evasiva: "se potessi assicurarti di poter prevenire la contaminazione da batteri o funghi, non avrai bisogno di usare AnE-AnE",<sup>132</sup> apparentemente ignorando il punto cruciale che potrebbero essere gli stessi antibiotici aggiuntivi ad essere tossici per le cellule (in particolare perché è noto che la streptomina è nefrotossica). Per lo meno, avevano alterato altre variabili rispetto ai loro controlli e quindi avevano invalidato ulteriormente i loro risultati.

Un'altra sconcertante rivelazione da parte degli autori è stata quella avvenuta solo nel loro gruppo sperimentale *uno* su 24 pozzetti contenenti colture di cellule renali Vero E6 hanno mostrato evidenza di CPE.<sup>133</sup> Quindi, quello che dovrebbe essere considerato un margine di errore sperimentale è la base di una delle dichiarazioni di un presunto nuovo patogeno mortale, descritto in un articolo a cui, a luglio 2022, sono stati consultati 1,34 milioni di Eme e citati oltre 10 mila Eme.<sup>134</sup> Gli altri autori che stanno citando questo articolo si rendono conto della ragnatela di "prove" su cui è costruito questo castello di carte chiamato COVID-19? Forse non sarebbero turbati da una tale rivelazione poiché gli esperimenti biologici vengono sempre più abbandonati *in silico* "genomi" si afferma assurdamente che forniscano prove adeguate dell'esistenza dei virus. Nel caso di Zhou et al., la loro simulazione al computer è stata orgogliosamente proclamata essere "identica al 96% a livello dell'intero genoma a un coronavirus di pipistrello". Hanno deciso di modellare la loro nuova invenzione virale su questa sequenza, basandosi sull'assurdità secondo cui "studi precedenti hanno dimostrato che alcuni SARSr-CoV di pipistrello hanno il potenziale per infettare gli esseri umani".<sup>135</sup> Il loro software

#### 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

**Figura 7.** Peng Zhou et al. studio e la loro metodologia precedentemente sconosciuta: raddoppiare gli anEbioEcs nel gruppo sperimentale per vedere i CPE in solo uno su 24 pozzetti. Si dichiara che ciò costituisce la prova di un nuovo patogeno virale "2019-nCoV", che in seguito sarà ribattezzato SARS-CoV-2.

<sup>132</sup>Ibid.

<sup>133</sup>Ibid.

<sup>134</sup>Mettriche ArEcle, "Un focolaio di polmonite associato a un nuovo coronavirus di probabile origine da pipistrello", *Natura*: <https://www.nature.com/articles/s41586-020-2012-7/metrics> (accesso il 1° aprile 2022).

<sup>135</sup>Peng Zhou, et al., "Un'epidemia di polmonite associata a un nuovo coronavirus di probabile origine da pipistrello", *Natura*, 579, 12 marzo 2020; <https://www.nature.com/articles/s41586-020-2012-7>

hanno assemblato quelli che sono diventati i numeri di accesso di GenBank MN996527–MN996532 e questa forma di falsa "prova", anch'essa priva di controlli validi, è stata documentata in questo saggio.

## ALTRO INGANNO DA WUHAN?

All'inizio del 2022, un matematico che lavorava con il dottor Stefan Lanka ha pubblicato un'analisi dei dati di sequenza associati prodotti da Fan Wu et al.<sup>136</sup> Sorprendentemente, si è concluso che:

*una ripetizione dell'assemblaggio de novo con Megahit (v.1.2.9) ha mostrato che i risultati pubblicati non potevano essere riprodotti. Potremmo aver rilevato acidi ribonucleici (ribosomiali) di origine umana, contrariamente a quanto riportato [da Fan Wu et al.]... Mancano prove che solo gli acidi nucleici virali siano stati utilizzati per costruire il genoma virale dichiarato per SARS-CoV-2. Inoltre, per quanto riguarda la costruzione del filamento del genoma virale rivendicato, non sono stati pubblicati risultati di possibili esperimenti di controllo. Ciò è altrettanto vero per tutte le altre sequenze di riferimento considerate nel presente lavoro. Nel caso della SARS-CoV-2, un controllo ovvio sarebbe che il genoma virale dichiarato non possa essere assemblato da fonti insospettite di RNA di origine umana, o anche di altra origine.*

A parte il fatto che le attuali metodologie della virologia per la ricerca dei virus dovrebbero essere respinte, la mancanza di riproducibilità del loro stesso esperimento solleva immediatamente interrogativi sulle circostanze in cui gli inventori originali della SARS-CoV-2 hanno annunciato al mondo il loro nuovo virus. In effetti, questa analisi indipendente ha ottenuto solo 28.459 conEg, significativamente inferiore al numero (384.096) descritto da Fan Wu et al. Inoltre, il conEg più lungo ottenuto in modo indipendente era di 29.802 nucleoEdi, ovvero 672 nucleoEdi più corto di quello di Fan Wu, il che significa che "i dati della sequenza pubblicata non possono essere le letture originali utilizzate per l'assemblaggio". L'analisi del mathemaEcion ha inoltre concluso che:

*L'allineamento con il database nucleo6de in data 05/12/2021 ha mostrato una corrispondenza elevata (98,85%) con "Homo sapiens RNA, 45S preribosomal N4 (RNA45SN4), ribosomal RNA" (GenBank: NR\_146117.1, datato 04/07/2020). Questa osservazione contraddice l'affermazione in [1] secondo cui è stata eseguita la deplezione dell'RNA ribosomiale e le letture di sequenze umane sono state filtrate utilizzando il genoma di riferimento umano (rilascio umano 32, GRCh38.p13). Di particolare nota qui è il fatto che la sequenza NR\_146117.1 non è stata pubblicata prima della pubblicazione della libreria di sequenze SRR10971381 qui considerata. Questo*

---

<sup>136</sup>"Strukturelle Analyse von Sequenzdaten in der Virologie · tabellen und Abbildungen", *Rivista WiSSENSCHAFFtPLUS*, gennaio 2022. Versione inglese: <https://brandfolder.com/s/3z266k74ppmnwkvfrxs6jic>

*L'osservazione sottolinea la difficoltà di determinare a priori l'esatta origine dei singoli frammenti di acido nucleico utilizzati per costruire le presunte sequenze del genoma virale.*

In ogni caso i problemi non finirono qui. La distribuzione della copertura per alcuni dei conEg era estremamente disomogenea e, dato l'elevato tasso di errore, sollevava la questione se alcune delle sequenze fossero semplicemente quelle generate dalle stesse condizioni di amplificazione della PCR. Ancora una volta, si tratta di un metodo anE-scientifico poiché non vengono eseguiti esperimenti di controllo appropriati (con campioni simili di derivazione umana) per esaminare queste possibilità. L'analisi indipendente ha rivelato che Fan Wu et al. avrei potuto trovare il beger *in silico* il consenso corrisponde per "HIV" e "virus HepaEEs D" rispetto a "un nuovo coronavirus" nel loro uomo di 41 anni di Wuhan, che presentava una polmonite come uno dei primi casi dichiarati di COVID-19. Se i virologi vogliono trovare un virus, tutto dipende da come progettano i loro protocolli e da cosa chiedono al computer di cercare – e come potrebbero questi indovini sapere cosa cercare?

## IL PROFESSORE STEPHEN BUSTIN PREPARA UNA PANDEMIA DA PCR

*Gli scienziati hanno la tendenza a presumere che tutto ciò che è al di fuori del loro campo di interesse sia vero e che possano semplicemente fare affidamento su di esso.*

—David Crowe dopo la sua intervista a Stephen BusEn nell'aprile 2020.<sup>137</sup>

Per sostenere l'illusione della "pandemia" di COVID-19, erano necessari dei casi. Questi sono stati forniti dal più grande programma umano mai realizzato, il "tesEng", che coinvolge miliardi di kit PCR distribuiti in tutto il mondo. Non ci è chiaro il motivo per cui Stephen BusEn, che è un "esperto di fama mondiale sulla PCR quanEtaEve, e la sua ricerca si concentra sulla traduzione di tecniche molecolari in strumenti pratici, robusti e affidabili per uso clinico e diagnostico",<sup>138</sup> non è riuscito a sottolineare in modo decisivo l'uso inappropriato del processo PCR. BusEn è stato l'autore principale della pubblicazione del 2009, "Le linee guida MIQE: informazioni minime per la pubblicazione di QuanEtaEve Real-Time PCR Experiments",<sup>139</sup> in cui le considerazioni concettuali chiave per gli esperimenti di PCR con Eme reale sono state delineate come segue:

### **1.2.1 Sensibilità analitica** si riferisce al numero minimo di copie in un campione che

---

<sup>137</sup>*Il mito infettivo* con David Crowe - "Semplificare la RT-PCR", 21 aprile 2020: <https://infecEousmyth.podbean.com/e/theinfecEous-myth-simplifying-rt-pcr/>

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

<sup>139</sup>Stephen BusEn, et al., "Le linee guida MIQE: informazioni minime per la pubblicazione degli esperimenti PCR in tempo reale QuanEtaEve", *Chimica clinica*, 1 aprile 2009: <https://doi.org/10.1373/clinchem.2008.112797>

*può essere misurato accuratamente con un test, mentre **sensibilità clinica** è la percentuale di individui con un dato disturbo che il test identifica come positivi per quella condizione...*

**2.2.2 Specificità analitica** si riferisce al test qPCR che rileva la sequenza target appropriata piuttosto che altri target non specifici presenti anche in un campione.

**Specificità diagnostica** è la percentuale di individui senza una determinata condizione che il test identifica come negativi per quella condizione.

Se BusEn fosse rimasto fedele alla scienza, avrebbe dovuto porre fine alla pandemia della PCR nel gennaio 2020, quando furono pubblicati i protocolli PCR Corman-Drosten.<sup>140</sup> La parola "specificità" appare solo una volta nell'articolo di Corman-Drosten e non aveva nulla a che fare con la diagnosi di una condizione clinica, per non parlare di un'infezione virale. Non è stato effettuato alcun "rilevamento del 2019-nCoV" come affermato nel documento, tutto ciò che è stato stabilito è stata la specificità analitica del loro test per rilevare sequenze target selezionate. Era un *in vitro* Esperimento di reazione molecolare con tecnologia dell'acido nucleico sintetico che non richiede l'esistenza di un virus. Inoltre, non è stato stabilito in che modo il risultato della PCR fosse correlato a una condizione clinica, vale a dire che i kit PCR COVID-19 non hanno mai dimostrato di diagnosticare nulla in un soggetto umano. Una malattia inventata basata su un virus immaginario.

A parte la questione della specificità, non è stato ben pubblicizzato il fatto che l'esperto mondiale di PCR abbia detto a David Crowe nell'aprile 2020 che, (anche secondo i termini della virologia), chiamare un risultato della PCR del coronavirus "positivo" a 36-37 cicli, quello che stava accadendo in tutto il mondo era "assoluta assurdità. Non ha assolutamente senso."<sup>141</sup> Tuttavia, la frode della PCR è diventata ancora più evidente quando Eric Coppelino ha intervistato BusEn su *Pianeta Onde FM* nel febbraio 2021.<sup>142</sup> L'intenzione di Coppelino era quella di scoprire maggiori dettagli sulla fase problematica della trascrizione inversa (RT) del processo RT-PCR, ma dopo l'intervista è rimasto sbalordito nel rendersi conto che quello che pensava fosse un test in qualche modo impreciso era completamente fraudolento.<sup>143</sup> BusEn si è mostrato a disagio quando Coppelino ha sottolineato che tutti i risultati positivi della PCR venivano definiti "caso confermato di infezione", anche se non presentavano sintomi.<sup>144</sup> Invece di ammettere che la specificità diagnostica dei kit PCR non c'era mai stata

<sup>140</sup>Victor Corman, et al., "DetecEon del nuovo coronavirus del 2019 (2019-nCoV) mediante real-time RT-PCR", *Sorveglianza europea*, 23 gennaio 2020: <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.3.2000045>.

<sup>141</sup>*Il mito infettivo* con David Crowe, "Stephen BusEn sulle sfide con RT-PCR", 14 aprile 2020: <https://infecEousmyth.podbean.com/e/the-infecEous-myth-stephen-busEn-on-challenges-with-rt-pcr/>

<sup>142</sup>*Pianeta Onde FM* con Eric F. Coppelino, "Intervista al Dr. Stephen BusEn", 1 febbraio 2021: <https://planetwaves.net/planet-wavesfm-interview-with-dr-stephen-busEn/>

<sup>143</sup>(Corrispondenza personale di Eric Coppelino.)

<sup>144</sup>*Pianeta Onde FM* con Eric F. Coppelino, "Intervista al Dr. Stephen BusEn", 1 febbraio 2021: <https://planetwaves.net/planet-wavesfm-interview-with-dr-stephen-busEn/>

stabilito, BusEn ha offerto spiegazioni marginali come affermando che "le unità di terapia intensiva sono sovraffollate al momento".

Ha inoltre difeso i protocolli PCR in uso affermando che "questa polmonite è stata causata da questo virus. E questo virus ha iniziato a comparire dove sempre più persone presentavano gli stessi sintomi. E questi primer rilevavano quel virus. Quando Coppelino lo ha insistito sulla mancanza di isolamento del virus per poter fare queste affermazioni, BusEn ha risposto che "il modo in cui la sequenza è stata stabilita prelevando i campioni dal paziente originale, facendo crescere qualcosa e poi sequenziandolo e poi disassemblando la sequenza e ciò che ne venne fuori fu il virus della SARS". Sfortunatamente, BusEn ha fornito sostegno all'uso improprio della parola "isolaEon" da parte della virologia e alla terminologia vaga coinvolta nel rilevamento di un "virus". La questione cruciale è che non si può immaginare quanto siano ben progettati i primer: se la provenienza o il significato delle sequenze geneEc amplificate attraverso la PCR sono sconosciuti, non si può concludere altro con la loro semplice presenza. BusEn può rassicurare il mondo sulle prestazioni analitiche potenzialmente molto elevate di un protocollo PCR, ma l'affermazione delle sue prestazioni diagnostiche è dove la gomma incontra la strada. Anche se fosse stato dimostrato che il SARS-CoV-2 esiste fisicamente e la PCR fosse stata accettata come un valido strumento diagnostico, BusEn avrebbe dovuto ammettere che nessuno dei test PCR è stato sviluppato come suo BusEn può rassicurare il mondo sulle prestazioni analitiche potenzialmente molto elevate di un protocollo PCR, ma l'affermazione delle sue prestazioni diagnostiche è dove la gomma incontra la strada. Anche se fosse stato dimostrato che il SARS-CoV-2 esiste fisicamente e la PCR fosse stata accettata come un valido strumento diagnostico, BusEn avrebbe dovuto ammettere che nessuno dei test PCR è stato sviluppato come suo BusEn può rassicurare il mondo sulle prestazioni analitiche potenzialmente molto elevate di un protocollo PCR, ma l'affermazione delle sue prestazioni diagnostiche è dove la gomma incontra la strada. Anche se fosse stato dimostrato che il SARS-CoV-2 esiste fisicamente e la PCR fosse stata accettata come un valido strumento diagnostico, BusEn avrebbe dovuto ammettere che nessuno dei test PCR è stato sviluppato come suo *Linee guida MIQE* specificare e nessuno si qualifica come validato clinicamente.

È stata una sorpresa durante la stessa intervista che abbia negato qualsiasi conoscenza precedente della falsa epidemia di pertosse a Dartmouth-Hitchcock, nel New Hampshire nel 2006, quando il kit PCR che è stato lanciato ha prodotto un tasso di false positività del 100%.<sup>145</sup> BusEn ha affermato di averlo saputo per la prima volta pochi giorni prima dell'intervista, circa 15 anni dopo, quando lo ha letto sul sito di Coppelino, da un articolo fornito ai fini dell'intervista. Eppure l'incidente era ben noto e ricevette copertura *Il New York Times*, con commenti di molti professionisti della sanità pubblica e dei test diagnostici.<sup>146</sup> Nel 2006 BusEn era professore di biologia molecolare e non sorprende che lo specialista in PCR non avesse ricevuto alcuna domanda da parte dei colleghi medici nel 2006, quando si verificò l'incidente. In effetti, all'Eme c'erano pochissimi esperti di PCR da contattare ed è stata una prima indicazione di come la PCR potrebbe essere catastroficamente

---

<sup>145</sup>CDC, "Epidemie di malattie respiratorie erroneamente attribuite alla pertosse - New Hampshire, Massachusetts e Tennessee, 2004-2006", *Rapporto settimanale sulla morbilità e mortalità*, 24 agosto 2007: <https://www.cdc.gov/mmwr/preview/mmwrhtml/mm5633a1.htm>

<sup>146</sup>Gina Kolata, "La fede nei test rapidi porta a un'epidemia che non c'è stata", *Il New York Times*, 22 gennaio 2007: <https://www.nytimes.com/2007/01/22/health/22whoop.html>

abusato come strumento diagnostico clinico. Se ciò non fosse già abbastanza grave, si trattava di un incidente in cui il microbo presumibilmente causale (il batterio) *Bordetella pertosse* è qualcosa che può essere isolato fisicamente e le sue sequenze geneEc confermate per la calibrazione della PCR. Al contrario, i protocolli PCR SARS-CoV-2 sono semplicemente calibrati su frammenti geneEc di origine sconosciuta. Quando Coppolino lo ha insistito su questo punto, BusEn ha risposto: "beh, sai, questo è un modo standard di farlo, quindi non posso davvero commentare ulteriormente su questo, tranne che per me è perfettamente accettabile e questo è il modo di farlo".<sup>147</sup>

Dall'Eme BusEn è stato intervistato da Coppolino che era già coautore e presentato di un articolo Etled, "COVID-19 and DiagnosEc TesEng for SARS-CoV-2 by RT-qPCR—Facts and Fallacies" che è stato pubblicato più tardi nel febbraio 2021.<sup>148</sup>In questo articolo, BusEn e colleghi hanno affermato che "[il test Corman-Drosten] ha funzionato ed è stato specifico e ha dimostrato una sorprendente sagacia e altruismo da parte degli scienziati coinvolti, nonché la notevole velocità con cui i test basati sulla PCR possono essere sviluppati e sottoposti a test." in pratica." Ignorando gli elogi servili, rimane la domanda ovvia: è specifico per cosa? BusEn e colleghi stavano insinuando che i test PCR siano specifici per (a) brevi sequenze di RNA mirate, (b) un coronavirus noto come SARS-CoV-2 o (c) la malattia inventata dall'OMS nota come COVID-19? L'articolo Corman-Drosten ha stabilito solo la specificità analitica per l'amplificazione di alcune sequenze di RNA selezionate, non aveva nulla a che fare con l'instaurarsi di un virus o con la diagnosi di una malattia. Lo sviluppatore del *Linee guida MIQ* sicuramente sa che dei tre, solo il primo è stato scientificamente stabilito e nulla è stato, o è stato, validato per l'applicazione clinica. Eppure il suo articolo arriva al ridicolo *non conseguente* che "PCR tesEng è altamente adatto per tesEng su larga scala, come dimostrato quotidianamente dai milioni di test effettuati fino ad oggi". BusEn ha dimenticato che i "test" sono semplicemente uno strumento di amplificazione molecolare? Come avvertì nel 1993 l'inventore della PCR, il dottor Kary Mullis, "Non penso che si possa abusare della PCR, no, i risultati, la sua interpretazione [vengono abusati]".<sup>149</sup>

La PCR amplifica semplicemente le sequenze genetiche selezionate e la reazione molecolare stessa non ha la capacità di determinare la loro provenienza o la rilevanza della loro presenza. Se un protocollo di PCR parEcolare viene eseguito correttamente e ha una sensibilità e specificità analitica note del 100%, un

---

<sup>147</sup> *Pianeta Onde FM* con Eric F. Coppolino, "Intervista al Dr. Stephen BusEn", 1 febbraio 2021: <https://planetwaves.net/planet-wavesfm-interview-with-dr-stephen-busen/>

<sup>148</sup> Stephen BusEn, et al., "COVID-19 e DiagnosEc TesEng per SARS-CoV-2 mediante RT-qPCR: fatti e errori", *interno J. Mol. Sci.*, 28 febbraio 2021: <https://doi.org/10.3390/ijms22052459>

<sup>149</sup> David James, "L'inventore della PCR: 'Non ti dice che sei malato'", *fuori Guardian*, 5 ott 2020: <https://off-guardian.org/2020/10/05/pcr-inventor-it-doesnt-tell-you-that-you-are-sick/>

Si può dire che il risultato posiEve non abbia fatto altro che confermare la presenza di una sequenza bersaglio. Tuttavia, se si afferma che la PCR è uno strumento diagnostico, dovrebbe essere ovvio che gli studi di validazione clinica dovrebbero essere eseguiti prima che il test venga introdotto nella pratica clinica. Il documento Corman-Drosten ha saltato questo passaggio e l'OMS ha accettato la frode inserendo le versioni del protocollo PCR sul proprio sito web il 13 e poi il 17 gennaio 2020, prima ancora che il documento fosse stato pubblicato.<sup>150</sup>ARer che la PCR è stata semplicemente utilizzata attraverso un ragionamento circolare per fare affermazioni sulla diagnosi di "infezioni" nelle persone.

La fase successiva nelle prime fasi della presunta pandemia ha coinvolto "esperti" come lo specialista australiano in malattie infettive, il professore associato Sanjaya Senanayake, che ha diffuso al pubblico affermazioni infondate sull'accuratezza dei test. In un'intervista del 26 aprile 2020 ha affermato che per quanto riguarda COVID-19 tesEng, "non esiste un vero gold standard con cui confrontarlo... per COVID-19 non abbiamo un gold standard quindi i test attuali che stiamo utilizzando, i test PCR... sono il nostro standard di riferimento, ma cercando di aggirare questo problema, pensiamo che probabilmente raccolga circa il 70% dei casi."<sup>151</sup>Senanayake ha lasciato intendere che se non si dispone di un gold standard si può semplicemente presumere che un nuovo test PCR possa convalidarsi da solo. Tuttavia, ciò va contro tutte le borse di studio relative alla validazione dei test. Non è chiaro, a causa di questo allontanamento dai principi stabiliti della logica di validazione, come abbia calcolato che funzionasse "circa il 70%" dell'Eme, per non parlare delle palestre mentali coinvolte in un "gold standard" che rileva se stesso solo il 70% dell'Eme. . Sarebbe d'accordo con la sua involontaria ammissione che "non esiste un vero gold standard" nel test COVID-19 perché il vero gold standard è qualcosa che non esiste – ovvero l'isolamento fisico e la prova di un parEcolo virale.

L'OMS non era preoccupata dalla mancanza di un gold standard o di prove di un virus e ha consolidato la frode della PCR affermando che un caso di COVID-19 era "una persona con conferma di laboratorio [nel 2020, tipicamente PCR] dell'infezione da COVID-19, indipendentemente dai segni e sintomi clinici."<sup>152</sup>In questa frase, essi proclamano che i test PCR clinicamente non validati hanno una specificità diagnostica del 100% e distorcono senza senso il significato della parola "infezione" per includere individui che non presentano segni o sintomi. L'etimologia della parola 'infezione' prevede una derivazione dal laEn

---

<sup>150</sup>Victor Corman, et al., "DiagnosEc detecEon of 2019-nCoV by real-Eme RT-PCR", OMS, 17 gennaio 2020:[https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/protocol-v2-1.pdf?sfvrsn=a9ef618c\\_2](https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/protocol-v2-1.pdf?sfvrsn=a9ef618c_2)

<sup>151</sup>Sanjaya Senanayake viene intervistata da Jeremy Fernandez su *Il virus*, Notizie ABC, 26 aprile 2020:<https://iview.abc.net.au/show/virus/series/0/video/NC2032H003S00>

<sup>152</sup>OMS, "OMS COVID-19: Definizioni dei casi", 7 agosto 2020:[https://www.who.int/publicaEons/i/item/WHO-2019-nCoV-Surveillance\\_Case\\_DefiniEon-2020.1](https://www.who.int/publicaEons/i/item/WHO-2019-nCoV-Surveillance_Case_DefiniEon-2020.1)

*inficere*, che significa "macchiare". Il DicEonary medico di Mosby del 2009 afferma che la definizione di infezione è: "(1) l'invasione del corpo da parte di microrganismi patogeni che si riproducono e si moltiplicano, causando la malattia mediante danno cellulare locale, secrezione di una tossina o reazione tra un gene e un corpo nell'ospite, e (2) una malattia causata dall'invasione del corpo da parte di microrganismi patogeni".<sup>153</sup>

Anche se l'autore non si pronuncia in merito al fatto che i microbi siano patogeni, il significato stabilito di "infezione" si riferisce a uno stato patologico - altrimenti un termine come "commensalismo"<sup>154</sup> dovrebbe essere usato. L'OMS ha inventato una nuova definizione assurda di "pandemia"<sup>155</sup> e stanno ora sovvertendo la definizione di infezione, che la disconnette dal concetto di malattia attraverso il solo utilizzo dei risultati della PCR. Kary Mullis non avrebbe potuto dirlo in modo più semplice quando ha detto che la PCR è "solo un processo utilizzato per creare un sacco di qualcosa da qualcosa".<sup>156</sup> Sfortunatamente, in più di un'occasione nell'era del COVID-19, figure influenti come BusEn e Senanayake hanno sostenuto l'uso da parte dei virologi di uno strumento di produzione molecolare per fare ogni sorta di affermazioni infondate, inclusa sia la capacità non dimostrata di diagnosticare una nuova infezione che il rilevamento di un presunto virus.

Da notare che un'errata interpretazione distorta della PCR sembra iniziare prima ancora che il processo di amplificazione sia iniziato. Ad esempio, il "High Pure Viral RNA Kit" di Roche, utilizzato per preparare i campioni per la PCR, afferma che "isola rapidamente l'RNA virale dal plasma dei mammiferi, dal siero, dai fluidi corporei e dai surnatanti di colture cellulari".<sup>157</sup> Dalle informazioni sul prodotto fornite non è chiaro come il kit separerebbe il presunto RNA virale dagli altri RNA presenti nel campione.<sup>158</sup> Il processo include una fase additiva di legame del "poli(A) carrier RNA", ma le sequenze poliadenilate non sono specifiche,<sup>159</sup> e nemmeno le successive fasi di buffering e centrifugazione descritte sarebbero in grado di differenziare la provenienza dell'RNA. Nonostante ciò, la sezione "protocolli" ne proclama la fine

---

<sup>153</sup>Dizionario medico di Mosby - 8a edizione, 2009, Elsevier.

<sup>154</sup>Il Dizionario Merriam-Webster definisce il commensalismo come "una relazione tra due tipi di organismi in cui uno ottiene cibo o altri benefici dall'altro senza danneggiarlo o beneficiarlo":<https://www.merriam-webster.com/dictionary/commensalism> (accesso il 14 maggio 2022).

<sup>155</sup>Ron Law, "L'OMS e le "cospirazioni" sull'influenza pandemica", Risposta rapida, 6 giugno 2010:<https://www.bmi.com/rapid-response/2011/11/02/who-changed-definition-influenza-pandemic>

<sup>156</sup>David James, "L'inventore della PCR: 'Non ti dice che sei malato'", *fuori Guardian*, 5 ott 2020:<https://off-guardian.org/2020/10/05/pcr-inventor-it-doesnt-tell-you-that-you-are-sick/>.

<sup>157</sup>Roche, "Kit RNA virale ad alta purezza - N. prodotto 11858882001":[https://lifescience.roche.com/en\\_au/products/high-pure-viral-rnakit.html](https://lifescience.roche.com/en_au/products/high-pure-viral-rnakit.html)

<sup>158</sup>Roche, "Kit per RNA virale ad elevata purezza - Versione: 20, cat. N. 11 858 882 001' Istruzioni per l'uso", ottobre 2020:<https://pimeservices.roche.com/LifeScience/Document/96aae49e-ad12-eb11-fe90-005056a772fd>

<sup>159</sup>Mary Edmonds, "Una storia delle sequenze di poli A: dalla formazione ai fattori alla funzione", *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)

il prodotto è "RNA virale purificato",<sup>160</sup> in modo che chiunque creda a questa affermazione infondata pensi che il successivo risultato positivo della RT-PCR sia la prova della presenza di un virus. Lo stesso si può dire per il "Kit di acido nucleico virale ad alta purezza" di Roche, utilizzato da team come Na Zhu e Peng Zhou nelle loro affermazioni di aver scoperto SARS-CoV-2 in campioni di pazienti ed esperimenti di colture cellulari. Ancora una volta Roche fa la falsa affermazione che i passaggi delineati nella sezione "protocolli" darebbero come risultato "acidi nucleici virali purificati".<sup>161</sup>

Per inciso, BusEn è stato interrogato specificamente sulle affermazioni di Roche quando gli è stato detto quanto segue: "Presumo che il kit debba essere in grado di distinguere le NA virali [acidi nucleici] da tutti gli altri. Le NA virali hanno una proprietà chimicamente unica?" Ha risposto: "il processo di estrazione non è specifico per nessun acido nucleico particolare ma può essere specifico per tipi di acido nucleico. Alcuni kit possono differire [s] estratto *DNA o RNA*, ma questo significa *qualsiasi DNA e RNA* sarà presente nel campione estratto [enfasi mia]...Una piccola quantità del materiale estratto viene quindi sottoposta alla reazione PCR. Questo è ciò che fornisce la specificità".<sup>162</sup> In altre parole, BusEn non ha tentato di fornire una spiegazione per le affermazioni fraudolente di Roche, ma ha offuscato la questione sostituendo la specificità della provenienza degli acidi nucleici con la specificità delle sequenze selezionate per la PCR. Ciò equivale a un gioco di prestigio linguistico che ha contribuito a consentire a un "virus" di apparire dal nulla.

## PARTE TERZA

### "PICCOLO CANE DI MONTAGNA" – INGEGNO O GASLIGHTING?

*Non l'avrei mai visto se non ci avessi creduto.* —Ashleigh Brillante<sup>163</sup>

Conosciamo l'accusa secondo cui sarebbe impossibile per la maggior parte della comunità medica e scientifica essere consapevolmente complice delle metodologie non scientifiche della virologia nella frode del COVID-19. L'autore non avanza tale ipotesi, anche se ci si chiede se e per quanto tempo l'ignoranza potrà essere utilizzata come difesa? In effetti, è per questo che è stato suggerito prima

---

<sup>160</sup> Roche, "Kit per RNA virale ad elevata purezza - Versione: 20, cat. N. 11 858 882 001' Istruzioni per l'uso", ottobre 2020: <https://pimeservices.roche.com/LifeScience/Document/96aae49e-ad12-eb11-fe90-005056a772fd>

<sup>161</sup> Roche, "Kit di acido nucleico virale ad elevata purezza - Versione: 20, cat. N. 11 858 874 001' Istruzioni per l'uso", ottobre 2020: <https://pimeservices.roche.com/LifeScience/Document/d927229f-ad12-eb11-0091-005056a71a5d>

<sup>162</sup> (Corrispondenza personale di Stephen BusEn al mio collega, 15 ottobre 2021.)

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

in questo saggio (in 'Che cos'è la virologia?') che "l'abbandono del metodo scientifico può essere inosservato o accidentale da parte dei partecipanti di livello inferiore". I virologi appena conati sono formati per seguire le metodologie dei loro colleghi più anziani ed è improbabile che vadano lontano con la carriera prescelta, e ovviamente con i finanziamenti, se mettono in discussione le basi del lavoro del loro laboratorio.

Il 29 gennaio 2020, un apparente scienziato cinese di virologia noto come "Winjor Ligne Mountain Dog" ha pubblicato un testo Etled, "DocumentEng la prima esperienza di scoperta di un nuovo coronavirus".<sup>164</sup> Descriveva la storia appassionata di un insider determinato a far emergere la verità su quanto accaduto a Wuhan il mese precedente e che ha davvero "scoperto" WH-Human 1 alias "WH-01/2019", in seguito ribattezzato "SARS-CoV". -2'. Per quelli di noi a conoscenza dell'inganno avvenuto durante la farsa del COVID-19, il testo è certamente sospetto in quanto parte di un'operazione gaslight. Del resto, la relativa facilità nel dedurre da quale laboratorio abbia avuto origine la storia, fa apparire l'autore estremamente ingenuo per un abitante dello stato comunista cinese. Tuttavia il documento verrà presentato così come descritto; cioè con il narratore che crede di scoprire virus nei seguenti passaggi selezionati.

*Sono appena andato al lavoro il 26 dicembre 2019. Come al solito, esaminerò prima i risultati dell'interpretazione automatica dei microrganismi patogeni mNGS per questo giorno.*

Qui l'autore ha descritto il proprio laboratorio che esegue NGS metagenomica su campioni grezzi di pazienti come delineato nelle sezioni precedenti di questo saggio. Ha posto il tema del testo dell'autore, che descriveva i "virus" in termini di sequenze geneEc che possono essere rilevate nell'ambiente e assemblate dal software del computer.

*Inaspettatamente, si è scoperto che un campione riportava un agente patogeno sensibile: il coronavirus della SARS, con dozzine di sequenze, e questo campione ha solo un agente patogeno così significativo.*

Si tratta di un salto incredibile dalle diverse sequenze rilevate in un campione grezzo alla segnalazione di un "agente patogeno", apparentemente sulla base del fatto che ciò può essere stabilito da un programma per computer. Non solo, ma il computer ha trovato un "coronavirus SARS", quindi è in qualche modo noto che è associato alla condizione clinica "sindrome respiratoria acuta grave".

---

<sup>164</sup>"记录一下首次发现新型冠状病毒的经历", 29 gennaio 2020: <https://freewechat.com/a/MzAxMjMyMDk0Ng==/2650112053/1/1580318101>, Una delle traduzioni in inglese: "DocumentEng la prima esperienza di scoperta di un nuovo coronavirus": [https://github.com/flodebarre/covid\\_origin\\_documents/blob/main/2020-01-30\\_LigneDog.md](https://github.com/flodebarre/covid_origin_documents/blob/main/2020-01-30_LigneDog.md)

*...questo patogeno è molto simile alla SARS dei pipistrelli come il coronavirus, con una somiglianza complessiva di circa l'87% e una somiglianza con la SARS[SARS-CoV-1] di circa l'81%. Il numero di sequenze nell'allineamento è aumentato da decine a più di 500. Inoltre, sono state assemblate 5 sequenze, che ammontano a più di 1200 bp. A questo punto, si può sostanzialmente confermare che si tratta di un coronavirus... In una situazione così urgente, non c'è tempo per ricercare la letteratura e non ci sono molti dati in mano... Abbiamo analizzato ulteriormente migliaia di genomi di coronavirus in un tappeto. allo stesso modo, valutandoli in termini di somiglianza, copertura e persino distribuzione del genoma, e infine trovando i due genomi più simili, bat-SL-CoVZC45 e bat-SL-CoVZXC21.*

E proprio così, sulla base del confronto con alcuni nuovi, viene "confermata" l'esistenza del virus *in silico* assemblee con altri *in silico* assemblee precedentemente inviate ai database geneEc. L'autore prosegue descrivendo la loro prossima attività di analisi dell'albero filogenetico e costruendo un percorso evolutivo per l'ultima aggiunta all'albero genealogico immaginario della virologia. C'è una totale assenza di qualsiasi consapevolezza del fatto che un virus debba possedere un'effettiva esistenza fisica come un insieme distinto con caratteristiche biologiche specifiche, inclusa la capacità di infettare ospiti e virus. *causam* malattia. L'autore ha semplicemente affermato che "l'analisi ha sostanzialmente confermato che esiste effettivamente un virus nel campione di questo paziente". Più avanti nel testo si avverte qualche cautela riguardo alla patogenicità clinica ma restano convinti della sua esistenza facendo il commento fugace che, "se la polmonite fosse causata da questo virus, non l'abbiamo analizzato, né abbiamo potuto analizzarlo. Il rilevamento del virus non significa che la polmonite sia stata causata dal virus".

*...entro il 30 dicembre ho sentito che c'erano parecchi pazienti con sintomi simili... Ciò che mi ha reso di nuovo nervoso è stato che un amico e uomo d'affari ha condiviso la sequenza affinché potessimo analizzarla. L'ho analizzato ed era davvero lo stesso virus! Il primo pensiero nel subconscio è "questo virus è contagioso"!*

Non è chiaro se l'autore sapesse che i "sintomi simili" che affliggevano i pazienti descritti a Wuhan erano tutti sintomi respiratori non specifici. Ad oggi il COVID-19 non è un fenomeno legalmente definito *clinico* condizione, poiché i casi "confermati" si riferiscono semplicemente al risultato di un processo di rilevamento molecolare.<sup>165</sup> Inoltre, abbiamo già affrontato il ragionamento circolare e il processo autoreferenziale di inventare un "genoma virale" attraverso la metodologia virologica e quindi affermare che il rilevamento di assemblee quasi identiche in altri luoghi conferma che "lo stesso virus"

---

<sup>165</sup>"Definizioni dei casi COVID-19 dell'OMS: aggiornato in Sorveglianza sanitaria pubblica per COVID-19 | COVID-19: Sorveglianza, caso invesEgaEon e protocollo epidemiologico", 16 dicembre 2020: [https://www.who.int/publications/item/WHO-2019-nCoV-Surveillance\\_Case\\_Definition-2020.2](https://www.who.int/publications/item/WHO-2019-nCoV-Surveillance_Case_Definition-2020.2) (La piccola nota a piè di pagina afferma: "Le definizioni dei casi di sorveglianza non dovrebbero essere utilizzate come unica base per guidare la gestione clinica.")

è stato trovato.<sup>166</sup>

*Il nervosismo è che questo virus sconosciuto potrebbe essere terrificante quanto la SARS; l'entusiasmo è che abbiamo rilevato e confermato precocemente questo agente patogeno attraverso la tecnologia mNGS e messo in quarantena il paziente, e potrebbe essere possibile prevenire e controllare il virus prima che si diffonda ampiamente, strangolato nella culla!... Spero anche che l'esperienza che abbiamo sperimentato Dopo l'incidente del nuovo coronavirus, la capacità del Paese di gestire i principali eventi sanitari pubblici ha fatto grandi progressi... Per quanto ne so, avremmo dovuto essere i primi a scoprire questo virus, perché è stato aberrio che abbiamo riportato i risultati che il sistema di controllo della malattia ha avviato intervenire.*

Spetta al lettore decidere se l'autore credeva davvero di essere stato il primo a scoprire la SARS-CoV-2 e che gli esperti di sanità pubblica avessero queste capacità, o se questo testo è stato progettato e "trapelato" come un'altra parte del programma COVID -19 propaganda. Non c'è mai stato alcun virus da diffondere. L'unica cosa che si stava diffondendo in tutto il mondo, a parte la paura, era il "genoma" ficEonal WH-Human 1 e i test PCR calibrati sulle sue sequenze. La "pandemia" avrebbe potuto essere fermata sul nascere dal rifiuto di questi test; invece, "esperti" ignoranti di sanità pubblica hanno creduto all'anE-scienza della virologia e da allora sono stati coinvolti nella frode del COVID-19.

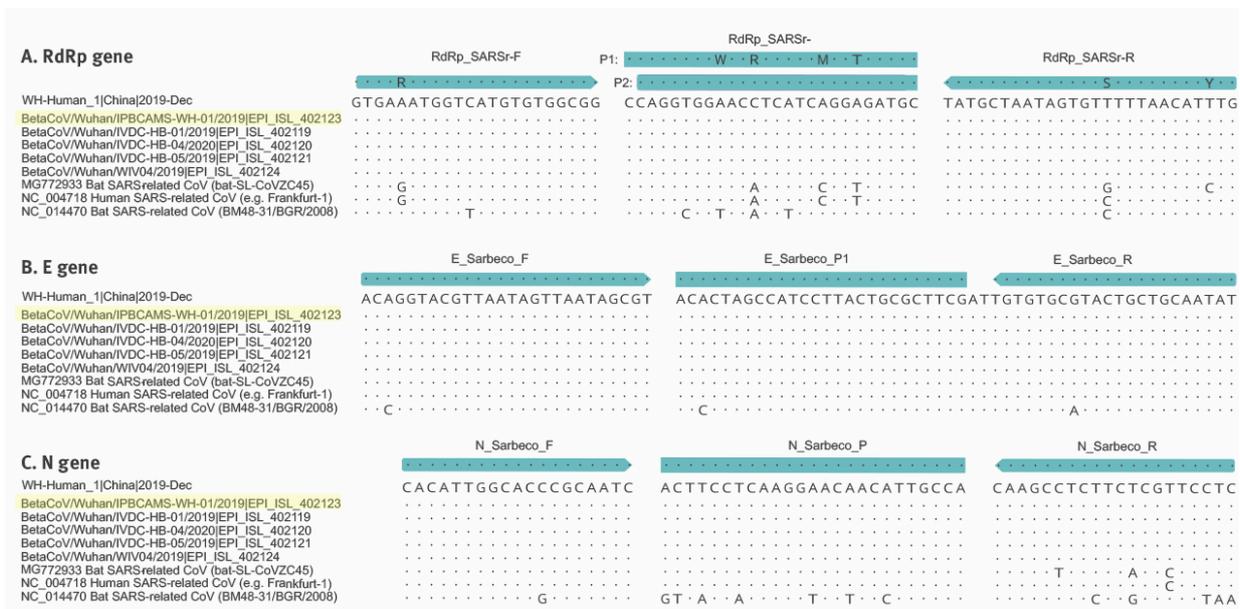
Ligle Mountain Dog presumibilmente voleva che si sapesse che il loro laboratorio era "il primo a scoprire il virus", in seguito alla raccolta del campione di Wuhan il 24 dicembre 2019 e alla successiva presentazione al database GISAID l'11 gennaio 2020 come ID di adesione 'EPI\_ISL\_402123'. Insieme con il *in silico* sequenza di Fan Wu et al., EPI\_ISL\_402123 è stata utilizzata nella progettazione dei protocolli PCR dal team di ChrisEan Drosten (mostrato nella Figura 8 di seguito). Tuttavia, come ha sottolineato David Rasnick, "non hanno mai toccato alcun virus". Ciò fornisce un elemento di ironia all'ipotesi della "fuga di laboratorio"; una narraEve apparsa sui media mainstream all'inizio di febbraio 2020.<sup>167</sup> Il "virus" è stato certamente inventato in un laboratorio, ma era un laboratorio informatico e l'unica cosa che è trapelata intenzionalmente è stata una simulazione al computer. I risultati della simulazione sono stati inviati in tutto il mondo come codice digitale su Internet e i primer PCR resulEng distribuiti in kit *in massa* ha creato i "casi" per la frode COVID-19.

La storia del Ligle Mountain Dog è continuata quando un editoriale intitolato: "Quando la pandemia è esplosa, a

---

<sup>166</sup>Mark Bailey e John Bevan-Smith, "La frode del COVID-19 e la guerra all'umanità", 11 novembre 2021: <https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/>

<sup>167</sup>"Cronologia per Covid & SARS-CoV-2 PCR e metagenomica": <https://chironreturn.org/>



**Figura 8.** Deposito GISAID del Ligure Mountain Dog 'EPI\_ISL\_402123'. È apparso insieme a Fan Wu et al. deposito 'WH-Human\_1 | China | 2019-Dec' per il protocollo Corman-Drosten RT-PCR in cui è stato affermato che "l'allineamento [WH-Human\_1 | China | 2019-Dec] è stato integrato da sequenze aggiuntive rilasciate indipendentemente su GISAID. **Fonte:** "DetecEon del nuovo coronavirus del 2019 (2019-nCoV) mediante real-Eme RT-PCR (figura 2)."

il ricercatore ha visto il pericolo. I leader cinesi sono rimasti in silenzio" è apparso in *Il Washington Post* il 22 aprile 2022.<sup>168</sup> Hanno riferito che Ligure Mountain Dog aveva sede in un laboratorio commerciale 'Vision Medicals' a Guangzhou, nel sud della Cina e che "la sua storia indica un insabbiamento con tragiche conseguenze di proporzioni storiche. Un grave pericolo è stato nascosto finché non era troppo tardi. L'editoriale promuoveva tutte le affermazioni virologiche alla lettera e affermava ironicamente che "l'episodio serve a sottolineare ancora una volta perché è necessaria un'indagine seria per arrivare alla conclusione su come è iniziata la pandemia". Un'indagine seria su questo argomento dimostra che alla base di questa "pandemia" non ci sono altro che sciocchezze, inventate dai virologi e promulgate da organi di stampa come *Il Washington Post*.

LA DISTRAZIONE DELLA "FUGA DI LABORATORIO".

*Qui presumi che il vaiolo sia una cosa, un'entità. Questo errore è commesso da quasi tutti i seguaci della sedicente "scuola normale", e probabilmente sarà per voi un'idea nuova sentirsi dire che né il vaiolo né altre malattie sono un'entità, ma una condizione.*

—Dottor Montague R. Levenson, 1909.<sup>169</sup>

<sup>168</sup> Comitato di redazione, "Quando la pandemia è esplosa, un ricercatore ha visto il pericolo. I leader cinesi sono rimasti in silenzio", *Il Washington Post*, 22 aprile 2022: <https://www.washingtonpost.com/opinions/interacEve/2022/china-researcher-covid-19-coverup/>

<sup>169</sup> "La città inglese di Leicester come esempio dei benefici dell'abolizione dei vaccini", *Coltivatore serale di Bridgeport*, 21 agosto 1909.

Il 19 maggio 2022, Jeffrey Sachs, presidente della Commissione Lancet COVID-19, è coautore insieme a Neil Harrison di un articolo dal titolo "Un appello per un'indagine indipendente sull'origine del virus SARS-CoV-2".  
170La pubblicazione si è aperta con la seguente inquadratura della situazione COVID-19:

*Dall'identificazione del SARS-CoV-2 a Wuhan, in Cina, nel gennaio 2020, l'origine del virus è stata argomento di intenso dibattito scientifico e speculazione pubblica. Le due ipotesi principali sono che il virus sia emerso dall'esposizione umana a un animale infetto ("zoonosi") o che sia emerso in un incidente correlato alla ricerca.*

Tuttavia, affermare che esistono "due ipotesi principali" si basa sull'accettazione che "l'identificazione di SARS-CoV-2" significa che il virus ha sia un'esistenza fisica, sia le proprietà biologiche specifiche richieste per soddisfare la definizione di virus. . Cioè, un parassita intracellulare replicante e trasmissibile che causa la presunta nuova malattia "COVID-19". Come è stato delineato in *La frode del COVID-19 e la guerra all'umanità*, non ci sono prove che esista né il virus né la nuova malattia proposta.<sup>171</sup>Inoltre, in questo saggio c'è stata una ripartizione più dettagliata dello studio di Fan Wu et al. documento e la loro falsa affermazione riguardante l'"identificazione" di un virus a Wuhan all'inizio del 2020. D'altra parte, i sostenitori delle fughe di dati di laboratorio come Sachs e Harrison iniziano la loro analisi accettando con tutto il cuore le premesse non stabilite della virologia.

Nel loro articolo hanno continuato citando aspetti come "la raccolta di CoV di pipistrelli simili alla SARS dal campo... [e]... l'analisi e la manipolazione di questi virus", lamentando che "la natura precisa degli esperimenti che sono stati condotti, compresa la gamma completa di virus raccolti sul campo e il successivo sequenziamento e manipolazione di tali virus, rimane sconosciuto. Ovviamente non si rendono conto che i "CoV di pipistrello simili alla SARS" non sono altro che organi di pipistrello macinati, dichiarati "patogeni" iniettando il letame direttamente nel cervello dei ratti neonati. La manipolazione di tali campioni può essere un modo per assicurarsi finanziamenti e impressionare gli inesperti, ma non cambia la realtà biologica. Tali esperimenti non stabiliscono che i loro campioni contengano virus o abbiano proprietà patogene nel mondo naturale.

---

<sup>170</sup>Neil Harrison e Jeffrey Sachs, "Un appello per un'indagine indipendente sull'origine del virus SARS-CoV-2", *Atti dell'Accademia Nazionale delle Scienze*, 19 maggio 2022: [www.pnas.org/doi/abs/10.1073/pnas.2202769119](http://www.pnas.org/doi/abs/10.1073/pnas.2202769119)

<sup>171</sup>Mark Bailey e John Bevan-Smith, "La frode del COVID-19 e la guerra all'umanità", 11 novembre 2021: <https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/>

Per quanto riguarda il "genoma SARS-CoV-2" presentato dai virologi, Sachs e Harrison hanno dichiarato di "non sapere se l'inserimento della FCS [furina<sup>172</sup>sito di scissione] è stato il risultato di un'evoluzione naturale - forse attraverso un evento di ricombinazione in un mammifero intermedio o in un essere umano - o è stato il risultato di un'introduzione deliberata della FCS in un virus simile alla SARS come parte di un esperimento di laboratorio. Si consiglierebbe loro di esaminare come è stato stabilito ciò *Qualunque* delle sequenze o proteine che stanno analizzando appartengono ad un virus patogeno. Il dibattito degli ultimi anni riguardante le complessità della FCS è semplicemente un microcosmo all'interno del più ampio paradigma imperfetto della genomica e proteomica "virale".

Allo stesso modo, il loro accenno a presunte ricerche sui virus svolte presso l'Università della Carolina del Nord (UNC) o proposte di sovvenzione "trapelate" come "DEFUSE" presentate alla Defense Advanced Research Projects Agency degli Stati Uniti non sono prove di virus.<sup>173</sup> Per essere chiari, non è in discussione il fatto che istituzioni come l'UNC abbiano sperimentato per decenni nei loro laboratori come le proteine spike. Alcune di queste sequenze sono state brevettate e utilizzate nello sviluppo di agenti biologici iniettabili, recentemente imposti a molte persone con il pretesto di vaccini COVID-19.<sup>174</sup> Tuttavia, nulla di tutto ciò richiede l'esistenza di particelle qualificabili come virus.

Sfortunatamente, il libro delle affermazioni della virologia è diventato così contorto che la maggior parte dei lettori non si rende conto che è in gran parte composto da sciocchezze. Pochi giorni dopo Sachs e Harrison pubblicarono il loro articolo, *L'intercettazione* pensavano che fossero anche su un percorso di indagine che coinvolgeva "l'intrigante teoria dell'ingegneria virale".<sup>175</sup> Hanno riferito di uno studio dell'UNC Chapel Hill del 2016<sup>176</sup> in collaborazione con Ralph Baric e Eng, "gli scienziati hanno creato un nuovo virus utilizzando il picco di un coronavirus di pipistrello che era stato isolato e caratterizzato dal Wuhan Institute of Virology [WIV]". Si può tranquillamente presumere che l'autore non si renda conto di quanto ingannevolmente i virologi usino la parola "isolato". Inoltre, la Figura 1 a pagina 13 espone l'assurda affermazione secondo cui il WIV aveva "virioni purificati" che sarebbero stati poi presumibilmente utilizzati da Baric et al. successivamente, poiché "hanno creato un nuovo virus".

---

<sup>172</sup>La furina è un enzima che unisce le proteine ed è presente negli esseri umani e in altri animali. I virologi affermano che quando il SARS-CoV-2 viene prodotto in una cellula, la furina taglia la proteina spike nel "sito di clivaggio della furina" prima che esca dalla cellula.

<sup>173</sup>Samantha Bailey, "Gain of Function Garbage", 18 gennaio 2022: <https://drsambailey.com/resources/videos/covid-19/gain-of-function-garbage/>

<sup>174</sup>Mark Bailey e John Bevan-Smith, "La frode del COVID-19 e la guerra all'umanità", 11 novembre 2021: <https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/>

<sup>175</sup>Sharon Lerner, "Jeffrey Sachs presenta prove della possibile origine di laboratorio del COVID-19", *L'intercettazione*, 20 maggio 2022: <https://theintercept.com/2022/05/19/covid-lab-leak-evidence-jeffrey-sachs/>

<sup>176</sup>Vineet Menachery, et al., "WIV1-CoV simile alla SARS pronto per l'emergenza umana", *PNAS*, 14 marzo 2016: <https://doi.org/10.1073/pnas.1517719113>

Non c'erano prove che nessuno dei due laboratori avesse qualcosa di più di una zuppa anomala di colture cellulari di reni di scimmia.

L'ipotesi della fuga di dati dal laboratorio è semplicemente un'altra narrazione nell'era del COVID-19 che mantiene viva nell'immaginazione del pubblico l'illusione dell'esistenza materiale della SARS-CoV-2, così come dei virus patogeni e del contagio correlato ai microbi in generale. Negli ultimi mesi la narrazione basata sulla paura è continuata con le dichiarazioni di epidemie di vaiolo delle scimmie, con il presunto rilevamento di "virus" della poliomielite a Londra, e la teoria della fuga di dati dal laboratorio del COVID-19 ha ricevuto persino il sostegno del Direttore Generale dell'Organizzazione Mondiale della Sanità a sostegno della malattia fantasma e la pandemia da lui nominata.<sup>177</sup>Sembra probabile che in futuro ci saranno più storie di "fuga di laboratorio" se si riuscirà a catturare l'attenzione dell'agenzia in modo così efficace.

Come la storia del "Ligle Mountain Dog", la storia della fuga di dati dal laboratorio non si basa su alcuna dimostrazione scientifica di un virus, si basa semplicemente sulla *credenza* che esiste un virus, aiutato da alcune prove apparenti a sostegno. Sulla stessa linea, nel novembre 2020, il Lowy InsEtute, che si autodefinisce un "think tank politico internazionale" australiano, ha pubblicato un articolo con la seguente introduzione:

*Nell'aprile 2020 il dottor Ai Fen, capo del pronto soccorso dell'ospedale centrale di Wuhan, ha rilasciato un'intervista alla rivista cinese Renwu. Ha descritto in modo molto dettagliato come, a fine dicembre 2019, aveva iniziato ad accogliere al pronto soccorso numerosi pazienti con sintomi simil-influenzali resistenti ai trattamenti abituali. Ha raccontato di come "è scoppiata in un sudore freddo" quando è arrivata la prima segnalazione di virus di uno di quei pazienti. Ha cerchiato le parole "SARS coronavirus", ha fatto uno screenshot del rapporto e lo ha inviato ai colleghi. Molto rapidamente, il suo rapporto circolò negli ambienti medici di Wuhan. Ma invece di mobilitare l'ospedale e le autorità, le azioni della dottoressa Ai l'hanno vista rimproverata dal comitato disciplinare dell'ospedale per "aver diffuso voci" e "danneggiato la stabilità". Invece di avvisare il personale e il pubblico,<sup>178</sup>*

Agli ingenui può sembrare un tentativo da parte delle autorità di nascondere l'inizio della "pandemia virale", ma chi ha familiarità con le sciocchezze della virologia può vedere dritto attraverso gli errori -

---

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

<sup>178</sup>Lydia Khalil, "Autoritarismo digitale, Cina e COVID", *Lowy Institute*, 2 novembre 2020:<https://www.lowyinsEtute.org/publicaEons/digital-authoritarianism-china-and-covid>

nessuna di queste inquadrature richiede un virus reale. Circondare il "coronavirus SARS" in un "rapporto sul virus" non si basa su altro che ciò che Fan Wu e altri team hanno fatto nelle loro simulazioni in laboratorio.

Un altro medico, Li Wenliang, salutato dalla BBC come un "informatore",<sup>179</sup> è stato anche segnalato come censurato dalle autorità cinesi dopo aver condiviso il rapporto del dottor Ai. È stato affermato che il dottor Li, 33 anni, è successivamente morto di COVID-19 quando "ha contratto il virus mentre lavorava all'ospedale centrale di Wuhan". I media aziendali e Wikipedia<sup>180</sup> la sontuosa promozione dell'"insabbiamento" sarebbe comica se non fosse parte di una guerra contro l'umanità. Tutte queste storie riconducono alla stessa narrazione di paura che coinvolge un virus contagioso e "mortale". Permette la propagazione di questa frode e apre la strada ad altre frodi simili che verranno perpetrate in futuro. Stupisce l'autore che così tanti membri della comunità della "libertà sanitaria" non si fidino di nessuna delle affermazioni dei media aziendali su COVID-19, *tranne* la dichiarazione secondo cui un virus mortale è in circolazione, la bugia più grande di tutte.

L'affermazione secondo cui i brevetti depositati sul "coronavirus" forniscono la prova dell'esistenza dei virus può essere affrontata rapidamente. Nel 2021, il dottor David MarEn di M·CAM® InternaEonal, ha pubblicato "The Fauci/COVID-19 Dossier",<sup>181</sup> nell'ambito delle attività aziendali,

*monitorare possibili violazioni del Protocollo del 1925 per il divieto dell'uso in guerra di gas asfissici, veleni o altri gas e dei metodi di guerra batteriologici (Protocollo di Ginevra) Convenzione del 1972 sul divieto di sviluppo, produzione e stoccaggio di batteri batteriologici e Armi tossiche e la loro distruzione (BTWC).*

Nonostante i numerosi brevetti che coinvolgono "metodi per produrre coronavirus ricombinante" e sovvenzioni federali a "specialisti del guadagno di funzioni" Dr Ralph Baric e il suo team dell'UNC Chapel Hill, non c'è nulla in nessuno di questi documenti che contenga prove scientifiche che i virus esistono. Il personale dell'ufficio brevetti e coloro che approvano gli assegni di ricerca non sono gli arbitri della plausibilità biologica e si limitano a portare avanti le affermazioni dei virologi. Il dossier non era una prova decisiva per le attività di "guadagno di funzione" che coinvolgevano virus patogeni. Forse quelli che pensavano che lo fosse non lo facevano

---

<sup>179</sup>"Li Wenliang: il coronavirus uccide il medico informatore cinese", *BBC*, 7 febbraio 2020: <https://www.bbc.com/news/world-asiachina-51403795>

<sup>180</sup>"Li Wenliang", *Wikipedia*: [https://en.wikipedia.org/wiki/Li\\_Wenliang](https://en.wikipedia.org/wiki/Li_Wenliang)

<sup>181</sup>David MarEn, "Il dossier Fauci/COVID-19" aprile 2021: [https://www.davidmarEn.world/wp-content/uploads/2021/01/The\\_Fauci\\_COVID-19\\_Dossier.pdf](https://www.davidmarEn.world/wp-content/uploads/2021/01/The_Fauci_COVID-19_Dossier.pdf)

prestare attenzione al disclaimer di apertura di MarEn secondo cui, "in tutto questo documento, l'uso di termini comunemente accettati nella letteratura medica e scientifica non implica l'accettazione o il rifiuto del dogma che rappresentano".

## VIROLOGIA E SOCIETÀ CHIUSA

*Non sono uno scienziato, ma è diritto e dovere di ogni cittadino guardare e vedere ciò che hanno detto gli scienziati, analizzarlo da soli e trarre conclusioni di buon senso. Siamo tutti perfettamente in grado di farlo, e non c'è alcuna ragione particolare per cui la natura scientifica del problema debba significare che dobbiamo rimettere la nostra libertà nelle mani degli scienziati.*

—Lord SumpEon, 2020.<sup>182</sup>

È stata l'Health Security Agency (UKHSA) del Regno Unito a fornire una delle risposte più strane mai viste riguardo all'occultamento della vera natura dei presunti controlli nei loro presunti "Esperimenti di isolamento e sequenziamento della SARS-CoV-2". Il 27 ottobre 2021, in relazione a una richiesta di libertà di informazione riguardante l'isolamento del virus, hanno suggerito che l'immagine raffigurata nella Figura 9 di seguito forniva "prova" del virus SARS-CoV-2.<sup>183</sup> Il mio collega, che ha presentato la richiesta, non è stato minimamente ingannato da un'immagine generata dal computer che non conteneva informazioni sulla fonte dell'immagine o su come è stata prodotta. L'UKHSA ha continuato ad armeggiare con la scienza, affermando che i virus "richiedono un substrato della cellula ospite per replicarsi. Pertanto non è possibile isolare alcun virus senza alcun terreno... Questi terreni e tutti i prodotti aggiunti sono tutti sterili e non contengono materiale genetico aggiuntivo.<sup>184</sup> Possiamo solo fare ipotesi su cosa, secondo l'UKHSA, contengano le cellule ospiti se non materiale geneE! Come il CDC, anche il team di risposta sembrava implicare che l'articolo di Na Zhu et al., "A Novel Coronavirus from PaEents with Pneumonia in China, 2019", fornisse rassicurazione sul fatto che l'immaginario parEcle del virus SARS-CoV-2 avesse una origine fisica. esistenza.

Il mio collega ha sottolineato all'UKHSA che non avevano prove dell'esistenza di un virus e come tali si stavano accusando di "ferire inutilmente tutti instillando in loro la paura, rimuovendo sommariamente i loro diritti e costringendoli a un trattamento non necessario e dannoso che è moralmente riprovevole."<sup>185</sup> Imperterriti, scrissero di nuovo all'UKHSA pochi mesi dopo

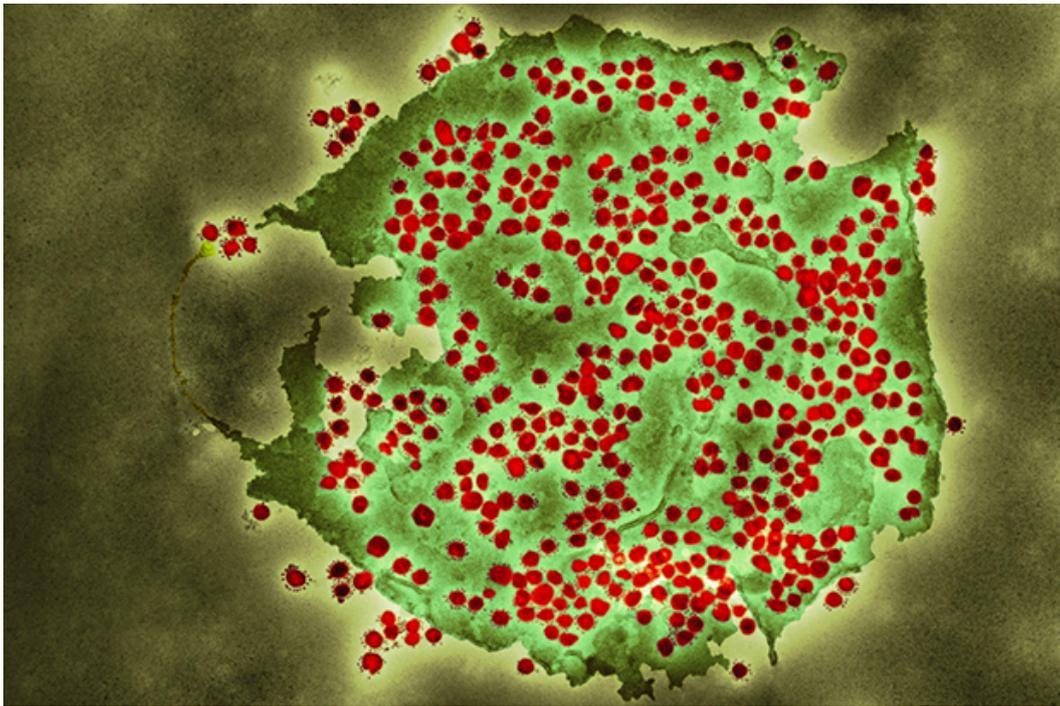
---

<sup>182</sup>Intervista di Jonny Dymond di Lord SumpEon, BBC Radio 4 *Il mondo in uno*, 30 marzo 2020. Trascrizione: <https://www.conservaEewoman.co.uk/a-hysterical-slide-into-a-police-state-judge-warns-of-liberty-being-forced-into-lockdown/>

<sup>183</sup>(Tramite e-mail da InformaEon Rights Team, UKHSA, "Case ref: 1409 - FOI PurificaEon of SARS-CoV-2 and Variants (CF)", 27 ottobre 2022.)

<sup>184</sup>Ibid.

<sup>185</sup>Tramite e-mail all'UKHSA, "Case ref: 1409 - FOI PurificaEon of SARS-CoV-2 and Variants (CF)", 27 ottobre 2022.



**Figura 9.** IL [dell'UKHSA](#) la farsa ha affermato la "prova" della SARS-CoV-2 il 27 ottobre 2021.

richiedere la divulgazione della metodologia completa degli esperimenti di coltura cellulare e di eventuali controlli comparativi nel documento della Public Health England, "DuraEon of infecEousness and correlaEon with RT-PCR cycle Threshold Values in cases of COVID-19, England, January to May 2020".<sup>186</sup>La risposta leger dell'UKHSA datata 25 marzo 2022 conteneva un testo che rappresentava una cospirazione tra l'OMS e gli stati sovrani nazionali per non divulgare i dettagli dell'inganno della "cultura virale" che è al centro della frode COVID-19 o un profonda ignoranza da parte dell'UKHSA nel descrivere SARS-CoV-2 come un "virus ad alto rischio":<sup>187</sup>

*In conformità con la Sezione 1(1)(a) della legge, UKHSA può confermare di possedere le informazioni richieste relative alle domande di cui sopra. Tuttavia, le informazioni richieste sono esenti da divulgazione in conformità con la Sezione 24(1) - Esenzione sulla sicurezza nazionale. La Sezione 24(1) prevede che le informazioni siano esenti se l'esenzione dalla Sezione 1(1)(b) è richiesta ai fini della salvaguardia della sicurezza nazionale. Pertanto, per richiesto si intende che il ricorso all'esenzione è ragionevolmente necessario...*

<sup>186</sup>Anika Singanayagam, et al., "Dura dell'infezione e della correlazione con i valori di soglia del ciclo RT-PCR nei casi di COVID-19, Inghilterra, da gennaio a maggio 2020", *sorveglianza europea*, 25(32), 13 agosto 2020: <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.32.2001483>

<sup>187</sup>La stessa UKHSA aveva dichiarato che "dal 19 marzo 2020, la COVID-19 non è più considerata una malattia infettiva ad alte conseguenze (HCID) nel Regno Unito.": <https://www.gov.uk/guidance/high-consequence-infectious-diseases-hcid>

*I fattori che supportano il mantenimento dell'esenzione includono:*

- *La divulgazione di informazioni costituirebbe un'informazione tecnica molto dettagliata, un trasferimento di know-how, che violerebbe direttamente una richiesta esplicita dell'Organizzazione Mondiale della Sanità (OMS) alla Public Health England (PHE ora UKHSA) nel 2020 di non rilasciare o rendere ampiamente disponibili i dettagli di amplificazione della coltura di SARS-CoV-2;*
- *La divulgazione di ciò rappresenterebbe la descrizione dettagliata dell'esatta metodologia utilizzata nell'amplificazione del virus per un virus designato ad alto rischio, che richiede un livello di contenimento 3 e potrebbe rappresentare una minaccia per la biosicurezza nazionale e globale se fornito a un membro del pubblico o ad agenti non accertati o non rivelati con cattive intenzioni;*
- *La divulgazione di queste informazioni fornirebbe una significativa capacità di "know-how" che in alcune circostanze potrebbe essere considerata una minaccia alla biosicurezza.<sup>188</sup>*

Il mio collega ha richiesto una revisione di questa decisione, ma la decisione è stata confermata dall'UKHSA il 3 maggio 2022, sulla base del fatto che fornire i dettagli dell'esperimento sulla coltura cellulare "è stato controbilanciato dalla minaccia alla sicurezza nazionale posta dalla divulgazione".<sup>189</sup> Non è chiaro il motivo per cui tenere nascosti i dettagli della loro metodologia sperimentale sia necessario per gli sforzi del Regno Unito nella "salvaguardia della sicurezza nazionale". È stato scoperto che i virologi non stanno eseguendo esperimenti di controllo validi e le loro affermazioni sui "virus isolaEng" non sono state stabilite nella letteratura scientifica. Le autorità temono che, se lo ammetteranno ufficialmente, ci sarà una rivolta quando l'opinione pubblica si renderà conto dei crimini che sono stati commessi sulla base di affermazioni derivanti da esperimenti virologici fraudolenti? Il loro ostacolo ufficiale al rilascio di queste informazioni al pubblico, il cosiddetto "biosicurezza", è paradossale dato che non è possibile dimostrare l'esistenza del presunto "virus ad alto rischio".

Le risposte assurde dell'UKHSA sono state forse superate solo da Maggie Throup, sottosegretario di Stato parlamentare per i vaccini e la sanità pubblica. In un'e-mail alla collega parlamentare Rachael Maskell il 27 giugno 2022, Throup ha affermato che,

*"L'Agenzia britannica per la sicurezza sanitaria (UKHSA) non utilizza i postulati di Koch nel COVID-19, poiché sono troppo limitanti, suggerendo un'associazione più che una causa. Anche Koch abbandonò i suoi postulati quando scoprì il portamento asintomatico. I criteri di Bradford-Hill lo sono*

---

<sup>188</sup>Leger dell'UKHSA, "25/01/2022/ag/2334, Oggetto: FOIA: SARS-CoV-2 IsolaEon and Sequencing Experiments' Controls", 25 marzo 2022: <https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/05/UK-HSA-isolaEon-sequencing-methods-PACKAGE-redacted.pdf>

<sup>189</sup>Leger dell'UKHSA, "01/0422/ag/005, Re: Case ref 2334 - FOIA: SARS-CoV-2 IsolaEon and Sequencing Experiments' Controls", 3 maggio 2022.

*più comunemente usato quando si associa un virus e una malattia. Tuttavia, va notato che SARS-CoV-2 soddisfa i postulati di Koch, come dimostrato nel seguente articolo in cui è stato utilizzato [un] modello animale”.*<sup>190</sup>

Come sottolineato in precedenza in questa sezione del saggio, è assurdo affermare che i postulati potrebbero essere soddisfatti quando l'esistenza del microbo postulato non è mai stata stabilita. Inoltre, l'articolo del 2020 a cui fa riferimento Throup è: “La patogenicità di SARS-CoV-2 nei topi transgenici hACE2”.<sup>191</sup>

Questo documento non ha mai stabilito che ci fosse un virus nei loro campioni, non aveva controlli validi, non seguiva i postulati di Koch e mostrava altri aspetti di frode.<sup>192</sup>Tuttavia, Throup ha poi continuato a promuovere sciocchezze virologiche sostenendo che un altro studio,<sup>193</sup>“dimostra il decorso della malattia COVID-19, dal momento in cui una persona ha incontrato per la prima volta la SARS-CoV-2, durante tutta l'infezione fino al punto in cui il virus viene apparentemente eliminato”. Ancora una volta, il documento affermava semplicemente che nei loro campioni c'era un virus e non c'erano controlli validi, per non parlare degli altri aspetti non scientifici dello studio che sono stati trattati altrove, inclusi *ViroLIEgia*. La confutazione completa dell'articolo mentre era una pre stampa.<sup>194</sup>In altre parole, i politici come Throup stanno ripetendo le sciocchezze della virologia e quindi sottopongono i loro elettori a una gamma oscena di conseguenze non necessarie e talvolta mortali.

#### SEQUENZIAMENTO METAGENOMICO: IL RESPIRO FINALE DELLA VIROLOGIA?

*L'ambizione riduzionista per la biologia molecolare rischia di essere contrastata dal volume dei dati che produce, o anche dall'interesse coinvolgente della sua raccolta?*—Sir John Maddox<sup>195</sup>

Il costo del sequenziamento è diminuito drasticamente dal 2001, quando era di oltre 5.000 dollari per megabase (Mb) grezza, fino al 2007, quando era di circa 500 dollari per Mb, per poi crollare precipitosamente a 0,005 dollari per Mb entro la metà del 2021.<sup>196</sup>Inoltre, l'emergere di Next Generation

---

<sup>190</sup>Via e-mail da Maggie Throup MP a Rachael Maskell MP, Rif: ZA50772, 27 giugno 2022: <https://www.parliament.co.uk/ques/Eon/315/coronavirus>

<sup>191</sup>Linlin Bao, et al., “La patogenicità di SARS-CoV-2 nei topi transgenici hACE2”, *Natura*, 7 maggio 2020: <https://www.nature.com/articles/s41586-020-2312-y>

<sup>192</sup>Samantha Bailey, “I postulati di Koch: abbandono scolastico dei germi”, 8 settembre 2022: <https://drsambailey.com/resources/videos/germtheory/kochs-postulates-germ-school-dropout/>

<sup>193</sup>Ben Killingley, et al., “Sicurezza, tollerabilità e kinetics virali durante la sfida umana SARS-CoV-2 nei giovani adulti”, *Nat Med*, 31 marzo 2022: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/35361992/>

<sup>194</sup>Mike Stone, “La sfida del 'SARS-COV-2'”, 11 febbraio 2022: <https://virology.com/2022/02/11/challenging-sars-cov-2/>

<sup>195</sup>“Trovare legna tra gli alberi”, *Natura*, 5 maggio 1988: <https://www.nature.com/articles/333011a0.pdf>

<sup>196</sup>Istituto di ricerca sul genoma umano NaEon, “Costi del sequenziamento del DNA: dati”: <https://www.genome.gov/about-genomics/factsheets/DNA-Sequencing-Costs-Data> (accesso il 23 aprile 2022).

Il sequenziamento (NGS) intorno al 2005 ha portato a una massiccia riduzione dell'Eme richiesto per sequenziare i genomi. Come affermato in un 2017 *Biologia e Medicina* carta,

*il genoma umano, ad esempio, è composto da 3 miliardi di bps [coppie di basi]...il sequenziamento del genoma umano utilizzando il sequenziatore Sanger ha richiesto quasi 15 anni, ha richiesto la collaborazione di numerosi laboratori in tutto il mondo ed è costato circa 100 milioni di dollari USA, mentre il sequenziamento tramite sequenziatori NGS utilizzando il 454 Genome Sequencer FLX ha richiesto due mesi e per circa un centesimo del costo.*<sup>197</sup>

Lo stesso articolo prosegue affermando: "sfortunatamente, gli NGS non sono in grado di [s] per leggere la sequenza completa del DNA del genoma, si limitano a sequenziare piccoli frammenti di DNA e generano milioni di letture. Questo limite rimane un punto negativo soprattutto per i progetti di assemblaggio del genoma perché richiede elevate risorse di calcolo."

Viene sottolineato che per quanto riguarda la virologia, una preoccupazione molto più grande delle "risorse compuEng" è che un processo che può essere impiegato per sequenziare materiale geneEc di provenienza nota (ad esempio cellule umane, batteriche e fungine) si è trasformato in un assemblaggio algoritmico di frammenti di geneEc di provenienza sconosciuta. Questa è la base con cui i cacciatori di virus identificano ciò che sostengono essere virus. Le risorse CompuEng non sono più un problema per i virologi poiché estraggono informazioni dalle loro metodologie completamente anscientifiche di "wet-lab pipeline" che coinvolgono campioni grezzi e inseriscono queste letture generate non filtrate nella loro teorica "pipeline dry-lab" e nella sua *in silico* Modelli.

Sembrerebbe che la combinazione di costi di sequenziamento massicciamente ridotti e di frame Eme accorciati abbia accelerato la discesa della virologia verso un'ulteriore scienza, per la quale l'umanità sta pagando un prezzo molto caro per virus inesistenti che vengono inventati a piacimento e usati come scusa. per interventi spuri e riduzione in schiavitù. Una pubblicazione di ottobre 2019 su Eon in *Recensioni critiche in microbiologia* ha affermato che "mNGS [NGS metagenomico] funziona bene nell'identificare agenti patogeni rari, nuovi, difficili da rilevare e co-infetti direttamente da campioni clinici".<sup>198</sup> Tuttavia, "funziona bene" per quanto riguarda l'identificazione di nuovi "patogeni virali" non ha senso poiché anch'essi sono caduti nel vortice del ragionamento circolare della virologia. La maggior parte dei "nuovi agenti patogeni" elencati nel loro articolo lo erano

---

<sup>197</sup>Mehdi Kchouk, et al., "GeneraEons of Sequencing Technologies: dal primo al prossimo GeneraEon", *Biologia e Medicina*, 6 marzo 2017: <https://www.walshmedicalmedia.com/abstract/generaEons-of-sequencing-technologies-from-first-to-nextgeneraEon-24326.html>

<sup>198</sup>Donsheng Han, et al., "mNGS nei laboratori di microbiologia clinica: sulla strada verso la maturità", *Recensioni critiche in microbiologia*, 6 novembre 2019: <https://doi.org/10.1080/1040841X.2019.1681933>



**Figura 10.** IL *Illumina MiniSeq* sistema: come trovano la squadra di Fan Wu e altri *in silico* "virus" nel 21° secolo attraverso algoritmi computazionali. Si svolge nel laboratorio del dry-lab senza dimostrare l'esistenza di un vero e proprio pacchetto patogeno infettivo.

virus derivati dalla tecnica moderna, presumibilmente vantaggiosa, "indipendente dalla cultura" dei mNGS. Ancora una volta, tuttavia, se nessuno può coltivare o isolare fisicamente i presunti virus, come si può affermare che le varie sequenze geneEc nei campioni ambientali provengono da essi? Come è stato sottolineato, La dichiarazione di Fan Wu e colleghi di un "nuovo coronavirus" a Wuhan si basava interamente su tali sequenze genetiche offerte. Il tentativo della virologia di spacciare questa metodologia come prova della presenza di particelle virali ha introdotto un'ipotesi infalsificabile che è incoerente con il metodo scientifico.

La specializzazione (e la crescente automazione) del processo genomico sta portando a una situazione in cui poche persone possono apprezzare il quadro complessivo, dalla valutazione clinica di un paziente fino alle sequenze nucleodiche generate sullo schermo di un computer. I virologi invalidano il processo del "genoma virale" fin dal primo passo non stabilendo mai di avere un pacchetto che soddisfi la definizione di virus. Certamente non dimostrano mai che le sequenze che sostengono essere "virali" provengano dall'interno di un pacchetto così immaginario. Sostengono invece che tali dichiarazioni possono essere fatte con decisioni consensuali, se le sequenze sono etichettate come "non umane" o "nuove" e in base a quanto coincidono con sequenze "virali conosciute" che erano state precedentemente depositate nelle banche dati genetiche. Tuttavia, la natura non obbedisce alle storie create dall'uomo.

Il processo di metagenomica consente il *de novo* invenzione di tali sequenze virali e ha

ha permesso alla giostra della virologia di continuare a girare nel 21° secolo. Tuttavia, a causa dell'incapacità della virologia di soddisfare i propri postulati nel secolo scorso, il suo futuro sarà quasi certamente costruito interamente attorno a questo uso improprio, o almeno errata applicazione, della metagenomica. Si potrebbe sperare che il recente fallimento di numerose organizzazioni nel dimostrare che stanno eseguendo esperimenti di controllo validi indichi che le pandemie virali sono scientificamente allo stremo. Possono essere propagati solo finché questa frode finale rimane nascosta al pubblico. Ci si potrebbe aspettare che, nel sussulto finale della virologia, la metagenomica continui ad essere ingannevolmente venduta come un "progresso tecnologico" opportunamente affermato per aver reso obsolete le prove scientifiche adeguate.

Come è stato sottolineato, le follie di tale "progresso tecnologico" possono solitamente essere smascherate con una semplice domanda per verificare se si aderisce al metodo scientifico. Ad esempio, nel 2020, un team canadese ha affermato che stava confrontando varie tecniche per il "sequenziamento dell'intero genoma della SARS-CoV-2", da tamponi nasali prelevati da due individui presumibilmente affetti da COVID-19.<sup>199</sup> Uno degli autori è stato il dottor Andrew McArthur, professore associato di biochimica e scienze biomediche presso la McMaster University, in Canada. Gli è stato chiesto se "[hanno provato] a estrarre l'RNA da controlli sani (persone sane o campioni PCR-negaEve) o da surnatante non infetto ma privo di virus", per vedere se potevano anche assemblare un "genoma SARS-CoV-2" attraverso la loro metodologia? McArthur ha risposto che "non avevamo tamponi da controlli sani, ma lo studio includeva controlli negativi per applicazioni/ biblioteche, ovvero nessun campione di RNA incluso".<sup>200</sup>

In effetti, nel documento c'era solo un riferimento a un "controllo" in cui si affermava che "una libreria di controlli negativi senza input di estratto di RNA SARS-CoV-2 è stata inclusa utilizzando l'amplificazione ARTIC". Ancora una volta, la mancanza di un controllo valido, trattandosi di un campione di derivazione umana *senzai* presunto "virus", colloca questo articolo negli estesi archivi delle sciocchezze metagenomiche della virologia. Ironicamente, il loro articolo affermava anche che "COVID-19 è causato dalla sindrome respiratoria acuta grave coronavirus 2 (SARS-CoV-2), un nuovo coronavirus, emerso nel dicembre 2019", citando Peng Zhou et al. documento, la cui frode è stata denunciata in precedenza in questo saggio.

## PERCHÉ DURARE L'ESISTENZA DEL VIRUS DURANTE UNA GUERRA?

L'autore ha osservato ed è stato in contatto con un certo numero di individui del movimento per la "libertà sanitaria" che contestano che sia inutile intrattenere discussioni sulla questione se la SARS-

---

<sup>199</sup>Jalees Nasir, et al., "Un confronto del sequenziamento dell'intero genoma di SARS-CoV-2 utilizzando il sequenziamento basato su ampliconi, gli esameri casuali e la cattura dell'esca", *Virus*, 15 agosto 2020: <https://www.mdpi.com/1999-4915/12/8/895>

<sup>200</sup>Via email da Andrew McArthur, 31 maggio 2022: <https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/06/Mubareka-Mossman-etc-no-valid-controls-PACKAGE-redacted.pdf>

È stata dimostrata l'esistenza del CoV-2 o di qualsiasi altro virus patogeno. Alcuni degli argomenti che sono stati avanzati includono che distrae dai crimini commessi contro l'umanità, che è un errore strategico in quanto causa più divisione, e che se l'ipotesi virale (o più ampia "teoria" dei germi) viene contestata allora deve essere presentata una teoria alternativa. Non è necessario fornire un lungo elenco di individui che avanzano tali affermazioni, ma un esempio è stato il dottor Roger Watson, accademico di BriEsh, che ha dichiarato nel marzo 2022: "è difficile capire come Sam Bailey arrivi alle sue opinioni e non è necessario essere un I negazionisti del virus sono estremamente critici nei confronti del modo in cui è stata gestita la pandemia".<sup>201</sup> La critica di Watson esemplifica ciò che si spera sia stato dimostrato come un'opinione disinformata che si basa sulle affermazioni della virologia parroEng. Le nostre opinioni non dovrebbero essere difficili da comprendere per coloro che hanno studiato a fondo la storia, le metodologie anscientifiche e le dichiarazioni dei virologi, inclusa la dichiarazione di un "nuovo coronavirus" nel 2020, e hanno compiuto sforzi per comunicare questa frode al pubblico in linguaggio semplice.

In alcuni casi questi critici affermano che tutto ciò che riguarda la pandemia è una frode, *tranne* l'affermazione dei virologi (e dell'OMS) secondo cui la SARS-CoV-2 ha un'esistenza fisica come particella patogena. Non riescono a vedere che anche la base stessa della frode è una frode. La difficoltà per alcuni, anche quelli nel movimento per la libertà, potrebbe essere che il ripudio dell'esistenza del virus averrebbe a costo di rimettere in discussione gran parte del lavoro della loro vita. Tuttavia, durante un'indagine non ci si dovrebbe fermare per motivi di comodità o perché le proprie conoscenze attuali non vanno oltre. Al contrario, è un grave errore permettere che i "fatti" fondamentali siano dettati dall'establishment virologico. Il cuore della frode del COVID-19 si basa sulle affermazioni della virologia. Non è un errore strategico indirizzare le nostre energie verso la denuncia degli errori della virologia, altrimenti sconfiggere le risposte al COVID-19 lasciando intatte le sciocchezze virologiche apre le porte a un numero qualsiasi di "pandemie virali" in futuro. Acquisire informazioni dettagliate sull'intera frode elimina la paura infondata del contagio e fornisce un percorso più solido verso una libertà duratura.

## POSTSCRIPT

Non importa quanto lungo possa essere un saggio che tratta questo argomento, ci saranno sempre più domande del tipo: "ma che dire di...?" Il desiderio di adattare i fenomeni osservati al modello del virus è fortemente programmato a molti livelli. Non era intenzione di questo saggio spiegare il periferico

---

<sup>201</sup>Samantha Bailey, "Gli 'ScepEcs' del COVID che diffondono dogmi virali", 17 marzo 2022: <https://drsambailey.com/covid-19/the-covidscepEcs-who-spread-viral-dogma/>

osservazioni o la causa di varie malattie in organismi come gli esseri umani. Come è stato spiegato in dettaglio, resta solo da dimostrare che l'ipotesi virale si è confutata da sola. I virologi non hanno fornito prove dirette di virus patogeni e hanno fatto ricorso invece ad osservazioni indirette che non sono valide a causa della natura incontrollata degli esperimenti. Inoltre, l'adesione al metodo scientifico non ci obbliga a fornire una spiegazione alternativa per questi fenomeni: quando un'ipotesi è stata falsificata, anche una volta, è persa. Tragicamente, le spiegazioni a molti dei "ma che dire di...?" Alle domande è già stata data risposta altrove, ma la seduzione del "virus" e il colosso degli interessi circostanti hanno formato per molte persone una barriera artificiale alla conoscenza. In questa luce,

*Il progresso consiste non nell'accrescere la verità, ma nel liberarla dai suoi involucri. La verità si ottiene come l'oro, non lasciandola ingrandirsi, ma lavando via da essa tutto ciò non è oro. —Leone Tolstoj<sup>202</sup>*

## CIRCA L'AUTORE

**Il dottor Mark Bailey** MB ChB, PGDipMSM, MHealSc (Otago)

È un ricercatore in microbiologia, industria medica e salute che ha lavorato nella pratica medica, compresi gli studi clinici, per due decenni.

---

<sup>202</sup>*I diari di Tolstoj*, edito e tradotto da RF ChrisEan, Flamingo, 1994.