

A FAREWELL TO VIROLOGY

JÄÄHYVÄISET VIROLOGIALLE

(ASiantuntijapainos)

Tri Mark Bailey

Copyright © 2022 Mark Bailey

drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/

Alkuperäisen julkaisu 15.9.2022. Suomenkielisen käännöksen julkaisu 11.3.2024.

SISÄLLYSLUETTELO

Tiivistelmä	4
<u>OSA 1</u>	
SARS-CoV-2:ta ei löydetty	5
Tri Siouxsie Wiles — virologian"eristämisen" akolyytti	6
Miksi eristäminen on tärkeää	9
Mitä on virologia?	14
Virologian kontrollien puute tarkoittaa, että se ei ole tieteellinen pyrkimys	20
Eläinten pahoinpitely ja "vasta-aine" -tutkimukset	23
Virusmäärän paradoksi	26
<u>OSA 2</u>	
Fan Wu ym. Deus ex Machina	27
Kilpikonnat aina alaspäin	33
CDC:n väitteet SARS-COV-2:sta	38
Peng Zhoun ym. paljastukset	41
Lisää petosta Wuhanista?	43
Professori Stephen Bustinin alustus PCR pandemiaan	44
<u>OSA 3</u>	
"Pieni vuoristokoira" - naiivia vai kaasupalotusta?	50

"Labravuoto" harhautus	54
Virologia ja suljettu yhteiskunta	58
Metagenominen sekvensointi - virologian viimeinen henkäisy?	60
Miksi kyseenalaistaa viruksen olemassaolo sodan aikana?	66
<u>JÄLKIKIRJOITUS</u>	
Kirjoittajasta	67

JÄÄHYVÄISET VIROLOGIALLE

(ASiantuntijapainos)

TIIVISTELMÄ

Virologia keksi virusmallin, mutta se on jatkuvasti epäonnistunut täyttämään omia vaatimuksiaan. Väitetään, että virukset aiheuttavat sairauksia isäntien, kuten ihmisten, välillä, mutta tieteellinen näyttö näistä väitteistä puuttuu. Yksi virologian suurimmista epäonnistumisista on ollut kyvyttömyys saada viruspartikkelit suoraan niiden organismien kudoksista, joilla sanotaan olevan "virustauteja". Hämärtääkseen tätä tilannetta virologit ovat turvautuneet luomaan omia pseudotieteellisiä metodeitaan korvaamaan pitkäaikaisen tieteellisen metodin sekä muuttaneet sanojen sanakirjamerkityksiä tukeakseen heidän tieteellisiä käytäntöjään. Esimerkiksi "eristetty" isolaatti ei vaadi partikkelien fyysistä olemassaoloa saadakseen "isolaatio"-statuksen.

Viruspartikkelin on täytettävä määritellyt fyysiset ja biologiset ominaisuudet, mukaan lukien se, että se on replikoitava solunsisäinen loinen, joka pystyy *aiheuttamaan* sairauden isännässä, kuten ihmisessä. SARS-CoV-2:n kaltaiset "virukset" eivät kuitenkaan ole mitään muuta kuin haamurakenteita, jotka ovat olemassa vain mielikuvituksessa ja tietokonesimulaatioissa. Tässä paradigmassa keksityt sairaudet, kuten COVID-19, eivät ole muuta kuin valittujen geenisekvenssien ja proteiinien havaitsemista, joiden *väitetään* olevan "virus". Viruksen olemassaoloa ei vaadita tässä kehäpäättelyssä, ja näin ollen kokonaisten "pandemioiden" varaan voidaan rakentaa digitaalisia luomuksia ja vääriä *in vitro* ("koeputki") molekyylireaktioita.

Tämä essee sisältää kolme osaa. Osassa 1 kuvataan virologian historiaa ja virologien epäonnistumisia tieteellisen metodin noudattamisessa. Virologien monet ja kauaskantoiset väitteet voidaan kaikki osoittaa virheellisiksi johtuen: (a) suorien todisteiden puuttumisesta ja (b) epäsuorien "todisteiden" pätemättömyydestä kokeiden kontrolloimattoman luonteen vuoksi. Esitetyt esimerkit kattavat kaikki virologisen petoksen tärkeimmät näkökohdat, mukaan lukien väitetty eristäminen, sytopaattiset vaikutukset, genomiikka, vasta-aineet ja eläinten patogeneisuustutkimukset.

Osassa 2 tarkastellaan COVID-19-pandemian levittämiseen käytettyjä petoksia. Alkuperäisten keksijöiden, Fan Wu ynnä muut, tukeman metodologian erittely osoittaa, kuinka kuvitteellinen SARS-CoV-2 "luotiin" antitieteellisillä menetelmillä ja kielellisillä tempuilla. Se on osa jatkuvaa petosta, jossa viruksia väitetään olevan olemassa vertaamalla niitä aikaisempiin "virus" malleihin. Esimerkkinä SARS-CoV-2:ta käytettäessä, 1980-luvulta peräisin olevien "koronaviruksen" genomimallien jäljitys paljastaa, että yhdenkään näistä geneettisistä sekvensseistä ei ole koskaan osoitettu tulevan minkään viruspartikkelin sisältä – fylogeneettiset puut ovat fantasioita. Polymeraasiketjureaktion virheellinen soveltaminen on monistanut virologian petoksen tätä näkökohtaa ja luonut "tapauksia" ylläpitämään illuusiota pandemiasta.

Osassa 3 analysoidaan, kuinka jotkut keskeiset osallistujat, "terveyslaitokset" ja valtamedia ylläpitävät virusilluusiota tiedon hallinnan kautta ja narratiiveilla, jotka toistavat virologian väitteitä. Sattumalta virologinen petos on nyt COVID-19 valheen eturintamassa ja keskipisteessä. Sieltä sitä voivat kuitenkin virologian ulkopuoliset arvioida kriittisesti ja virologian itsensä ympärille rakentama pseudotieteellinen paradigma voidaan vihdoin purkaa ja laittaa lepoon.

Tämän esseen tarkoituksena on osoittaa vääräksi erilaisia väitteitä patogeenisten virusten olemassaolosta ja sairauksien aiheuttajista. SARS-CoV-2:ta on käytetty pääesimerkkinä, mutta periaatteet koskevat kaikkia väitettyjä viruksia. Seuraava käsittelee virologian usein vaikeaselkoista kirjallisuutta sen omin ehdoin, mikä, on sanottava, voi tehdä joistakin tämän esseen osista hieman raskasta luettavaa. Tämän panoksen toivotaan kuitenkin kyllästyvän lukijan, joka etsii teknisempää ymmärrystä virushypoteesista, koska se pyrkii paljastamaan väitettyjen pandemioiden ja vilpillisten lääketieteellisten käytäntöjen perustan. Virologian uhka ihmis-kunnalle kasvaa, joten on aika jättää hyvästit näille tuhoisille näennäistieteellisille käytännöille ja vapautua tarpeettomista peloista.

SARS-CoV-2:TA EI LÖYDETTY

Ehkä ensisijainen todiste siitä, että patogeeninen virusteoria on ongelmallinen, on se, että mikään julkaistu tieteellinen tutkielma ei ole koskaan osoittanut, että virusmääritelmän täyttäviä partikkeleita olisi eristetty ja puhdistettu suoraan sairaan ihmisen tai eläimen mistään kudoksesta tai kehon nesteistä. Käyttämällä yleisesti hyväksyttyä "eristämisen" määritelmää, joka erottaa yhden asian kaikista muista asioista, ollaan yleisesti yhtä mieltä siitä, että näin ei ole koskaan tehty virologian historiassa.

- Tri Thomas Cowan ym., "Settling the Virus Debate" -lausunto, 2022.[1]

11. syyskuuta 2022 lähtien ja Christine Massey'n koordinoimien informaation vapautta koskevan lain (FOIA, Freedom of Information Act; Suomessa Julkisuuslaki) mukaisten informaatiopyyntöjen kautta tehtyjen laajojen kyselyjen jälkeen yksikään 209:stä, pääasiassa terveys- tai tiedeinstituutista yli 35 maassa ei ole kyennyt toimittamaan suoria todisteita väitetystä SARS-CoV-2 viruksesta.[2] Instituutioita pyydettiin esittämään kaikki dokumentit, jotka liittyvät "SARS-CoV-2:n puhdistamiseen, jonka sanotaan aiheuttaneen sairauksia ihmisissä (maseroimalla, suodattamalla ja ultrasentrifugin käytön kautta; jotkut kutsuvat sitä joskus "eristykseksi"), suoraan sairaalta ihmiseltä..." Usein sen jälkeen, kun on myönnetty, ettei tällaisia todisteita ole, instituutiot, kuten Uuden-Seelannin terveysministeriö, ehdottavat, että "on useita esimerkkejä viruksen eristämisestä ja viljelystä laboratorio-olosuhteissa".[3] Mainitut esimerkit ovat kuitenkin yleisesti kudosviljelmän korvikekokeita, joissa sana "eristäminen" on irronnut ymmärrettävästä merkityksestään, eikä ole osoitettu, että mikään partikkeli, kuvattu tai kuviteltu, omaa taudin aiheuttavan viruksen oikeat ominaisuudet. Joka tapauksessa se on häiriötekijä FOI-pyyntöjen paljastamasta laajemmasta ongelmasta, joka on se, että viruksiksi väitettyjä partikkeleita ei koskaan löydy ihmisistä. Virologia on esittänyt tekosyitä tälle puuttuvalle todisteelle, mutta vaikka tämä kiusallinen puute otetaan huomioon, siltä on loppumassa paikat piiloutua, sillä alan ulkopuoliset tutkivat sen erilaisia metodologioita yhä enemmän. Tämä essee hahmottaa virologian antitieteen monia näkökohtia, joita on käytetty ylläpitämään illuusiota patogeenisten virusten olemassaolosta. Tilanne on muuttunut yhä vaarallisemmaksi, ja vuoden 2020 alusta lähtien COVID-19-"pandemiaa" on käytetty Troijan hevosena saattamaan ihmiskunta polvilleen.

[1] Thomas Cowan, et al., "The 'Settling the Virus Debate' Statement", 14.7.2022: <https://drsambailey.com/resources/settling-the-virus-debate/>

[2] Christine Massey, "209 health/science institutions globally all failed to cite even 1 record of 'SARS-COV-2' purification, by anyone, anywhere, ever": <https://www.fluoridefreepeel.ca/68-health-science-institutions-globally-all-failed-to-cite-even-1-record-of-sars-cov-2-purification-by-anyone-anywhere-ever/>

[3] NZ Ministry of Health, "Official Information Act response Ref: H202102878": https://drive.google.com/drive/folders/1okJiB4PdWN3Eei_g67zTUfok92kuqqS

TRI SIOUXSIE WILES - VIROLOGIAN "ERISTÄMISEN" AKOLYTTI

Tiheysgradienttisentrifugointi on tieteellisesti vaadittu standarditekniikka viruksen olemassaolon osoittamiseksi. Huolimatta siitä, että tätä menetelmää kuvataan kaikissa mikrobiologian käsikirjoissa "viruksen eristämisen tekniikaksi", sitä ei koskaan sovelleta kokeissa, joiden tarkoituksena on osoittaa patogeenisten virusten olemassaolo. - Tri Stefan Lanka, 2015. [4]

Virologian metodologioita puolustavat ilmeisesti sen edistäjät, mukaan lukien Uuden-Seelannin hallitus ja valtion rahoittaman median suosima mikrobiologi Siouxsie Wiles.[5] Hänen työnantajansa, Aucklandin yliopisto, on yksi niistä instituutioista, jotka ovat nyt vahvistaneet, että "[se] ei ole tehnyt mitään työtä, joka liittyy minkään Covid-19-viruksen puhdistamiseen"[6], eikä ole siksi löytänyt tai eristänyt kenestäkään ihmisestä niin sanottua SARS-CoV-2 nimistä virusta. Tämä apulaisprofessori, joka neuvoi maata, että "maailma on tullessa" maaliskuussa 2020,[7] valittiin vuoden uusi-seelantilaiseksi vuonna 2021, koska hän "auttoi miljoonia maailmanlaajuisesti näkemään ohi pandemian pelon ja monimutkaisuuden... sekä auttoi pitämään meidät turvassa".[8] Marraskuussa 2020 kirjoittamassaan artikkelissa "Kochin postulaatit, COVID ja misinformaation kaninkolot", Wiles väitti, että "ihmiset, jotka pyysivät todisteita COVID-19:stä vastuussa olevan SARS-CoV-2 viruksen olemassaolosta, muotoilevat pyyntönsä nimenomaan sulkeakseen pois todisteiden hankkimisen viruksen olemassaolosta".[9] Hänen artikkelinsa päättyi nopeasti sivuraiteelle, jonka mukaan Kochin postulaatit eivät sovellu viruksille, ja siksi hän julisti ne kelpaamattomiksi tässä yhteydessä. On epäselvää, miksi hän ei

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

[5] <https://profiles.auckland.ac.nz/s-wiles>

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

[7] "Microbiologist Siouxsie Wiles gives advice on preventing coronavirus", *1News*, 16.3.2020: https://www.youtube.com/watch?v=u_YVN7KYzhA&t=43s

[8] Nikki Preston, "Passionate microbiologist Siouxsie Wiles named as New Zealander of the Year", *NZ Herald*, 1.4.2021: <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 (päivämäärätön, käyty 22.5.2021), 2: <https://nzawards.org.nz/winners/dr-siouxsie-wiles-mnzm/>. Palkinnon lainaus kuuluu seuraavasti:

"Kokemassa huomattavaa kritiikkiä – hänen auktoriteettiaan, ulkonäköään, sukupuoltaan vastaan – Siouxsie jatkoi yhteen aikamme suurimmista haasteista empatialla, innovaatiolla ja rohkeudella vastaamista, ja hänen työnsä ovat nähneet miljoonat ja jopa joita hallitukset ja järjestöt käyttävät osana omaa toimintaansa virallisessa pandemiaviestinnässään."

[9] Siouxsie Wiles, "Koch's postulates, Covid, and misinformation rabbit holes", 16.11.2020: <https://www.auckland.ac.nz/en/news/2020/11/16/kochs-postulates-covid-and-misinformation-rabbit-holes.html>

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

maininnut Riversin postulaatteja,[10] jotka oli suunniteltu erityisesti sisältämään virukset, vaikkakin ehkä siksi, että hänen täytyisi myöntää, että nämäkään postulaatit eivät ole koskaan täyttyneet. Ja vaikka Kochin postulaatit liittyvätkin taudin aiheuttajan ja tartunnan määrittämiseen ennemmin kuin erityiskysymykseen siitä, löytyvätkö viruspartikkelit ihmisestä tai ihmisistä, hän olisi voinut yksinkertaisesti selittää, että virologit ovat käyttäneet suuren osan 1900-luvusta yrittäessään tunnistaa viruksia suoraan sairaista ihmisistä ilman menestystä. Wiles esitteli sitten harhaanjohtavasti Falkowin molekulaarisia postulaatteja[11] argumenttiinsa antamatta mitään selitystä siitä, kuinka niitä voitaisiin käyttää osoittamaan väitetyn SARS-CoV-2:n fyysinen olemassaolo ihmisessä tai missä tahansa muualla.

Maailman terveysjärjestö (WHO - World Health Organization) totesi vuonna 2003 Wilesin kannalta kiusallisesti, että SARS-CoV-1:n osalta "aiheuttajan lopullisen tunnistamisen on täytettävä kaikki niin kutsutun "Kochin postulaatin [*sic*]" kriteerit. Näiden kriteerien täyttämiseksi tarvittavat lisäkoeket ovat parhaillaan käynnissä eräessä laboratoriossa Alankomaissa.”[12] WHO:n artikkeli poistettiin verkkosivuiltaan ilman selitystä vuonna 2021, mutta siihen on edelleen pääsy Internet Archive -arkiston kautta.[13] Kuvitteellinen väite, että Fouchier ym. saavuttivat Kochin postulaatit vuonna 2003 SARS-CoV-1:n kanssa on kumottu muualla.[14] Heidän apinakoettaan ei kumottu ainoastaan sen kontrollien puutteen ja epäluonnollisen altistumisreitin vuoksi, vaan kuten kaikki virologian julkaisut, he eivät pystyneet osoittamaan partikkelia, joka täytti viruksen määritelmän. Wiles näytti olevan myös ristiriidassa Na Zhun ynnä muiden kanssa, joka on yksi ensimmäisistä ryhmistä, jotka väittivät löytäneensä SARS-CoV-2:n, koska he myönsivät, että "vaikka tutkimuksemme ei täytä Kochin postulaatteja, analyysimme tarjoavat todisteita yhdistäen 2019-nCoV:n [myöhemmin SARS-CoV-2] Wuhanin epidemiaan. Lisätodisteet, jotka vahvistavat 2019-nCoV:n etiologisen merkityksen Wuhanin taudinpurkauksessa, ovat muun muassa ... eläinkokeet (apinoilla) tarjoten todisteet patogeenisyydestä.”[15]

[11] Falkowin molekulaariset postulaatit: “1) Tutkittavan fenotyypin tai ominaisuuden tulisi liittyä suvun patogeeneihin jäseniin tai lajin patogeeneihin kantoihin. (2) Epäiltyyn virulenssiominaisuuteen liittyvän geenin tai geenien spesifisen inaktivoinnin pitäisi johtaa mitattavissa olevaan patogeenisyyden tai virulenssin heikkenemiseen. (3) Mutatoituneen geenin palautumisen tai alleelisen korvaamisen pitäisi johtaa patogeenisuuden palautumiseen.” - Stanley Falkow, “Molecular Koch's Postulates Applied to Microbial Pathogenicity”, *Reviews of Infectious Diseases*, heinä-elokuu 1988: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/3055197/>

[12] WHO, “Severe Acute Respiratory Syndrome (SARS) - multi-country outbreak - Update 12”, 27.3.2003.

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

[14] Torsten Engelbrecht, et al., *Virus Mania*, 3rd English Edition, Books on Demand, 2021, 2: Samantha Bailey, “What Happened To SARS-1?”, 27.1.2021 <https://drsambailey.com/resources/videos/viruses-unplugged/what-happened-to-sars-1/>

[15] Na Zhu et al., “A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019”, *The New England Journal of Medicine*, 382 (20.2.2020, first published 24.1.2020, updated 29.1.2020), 728: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31978945/>

- Kuinka hyvänsä eri virologit haluavat pitää mielessään Kochin postulaattien pätevyyden tai eivät, se on yksinkertaisesti toinen häiriötekijä, sillä **postulaatit edellyttävät mikrobien fyysistä eristämistä** sen sijaan, että he väittävät, että mikrobi on olemassa esimerkiksi tietokonesimulaatioilla tai kuvaamalla vesikkeleitä, joilla on tuntematon biologinen toiminta, tai väittämällä, että eläimille annetut puhdistamattomat biologiset sopat sisältävät "viruksia".

Wiles päätti myös puolustaa virologian räikeää sanan 'eristäminen' väärinkäyttöä, kun hän totesi: "Käyttäen eristämistä sanan jokapäiväisessä merkityksessä ennemmin kuin esitetyn kysymyksen kannalta merkityksellisen määritelmän suhteen? No, se on aivan helvetin naurettavaa ja selvä merkki siitä, että näitä pyyntöjä todisteista ei ole esitetty hyvässä uskossa." [16] Hän näytti olevan epäuskoinen, että muut olivat huomauttaneet, että virologit muuttivat yksipuolisesti tieteellisesti käytetyn sanan määritelmää tarkoittamaan, että tietty todiste oli saatu. Jos heidän eristämisenä ei kuitenkaan tarkoita sitä, mitä useimmat ihmiset ajattelevat sen tarkoittavan, on todennäköistä, että suurin osa yleisöstä saa väärää tietoa. Tämän ollessa selitys, Wiles osallistuu aktiivisesti disinformaation levittämiseen, olipa kyse sitten tahallisesta sokeudesta tai muusta. Wilesin täytyy näyttää kätensä asiantuntijana ja selittää yleisölle, mitä eristyksen määritelmä virologiassa tarkoittaa, erityisesti mitä tulee virusten oletetun olemassaolon osoittamiseen. Ehkä hän luulee selittäneensä kirjoittaessaan: "Kun virologit haluavat eristää viruksen näytteestä, he ottavat näytteen tai osan siitä ja lisäävät sen joihinkin soluihin – yleensä sellaisiin, joita on suhteellisen helppo kasvattaa laboratoriossa – ja katsoa sitten kuolevatko solut ja/tai onko nestemäiseen ravinnehauteeseen vapautunut viruspartikkeleita, jossa solut kasvavat." [17] On epäselvää, tarkoittaako Wiles, että "virusisolaatti" on näytetty toteen: (a) näytteen ottamisella, (b) joidenkin solujen kuolemisen *in vitro* näkemisellä, (c) väitettyjen "viruspartikkelien" vapautumisella kudosviljelmässä tai (d) kaikki tai jotkin näistä elementeistä. Mikään hänen kuvailemansa ei kuitenkaan edellytä virusten olemassaoloa - kyseessä on petoksen peli, ymmärrettiin se tai ei. Se sisältää yksinkertaisesti väitteen, että otetussa näytteessä oli virus, syytetään kuviteltua virusta koeputkessa olevien, kokeessa rasitukselle altistettujen solujen hajoamisesta ja sitten julistetaan, että jotkut vesikkeleistä (joiden biologista koostumusta ja funktiota ei ole osoitettu) olivat viruksia. Tässä harjoitteessa on toinen kohtalokas virhe. Kuten tässä esseessä kerrotaan yksityiskohtaisesti, väitteet, joiden mukaan SARS-CoV-2:n on osoitettu olevan olemassa tällä metodologialla, ovat kaikki tieteellisesti virheellisiä, koska *yhtäkään* kokeista ei suoritettu kelvollisilla kontrolleilla.

Tämä on esimerkki siitä, kuinka Wiles on toiminut roolissaan yhtenä tärkeimmistä vaikuttajista

[16] Siouxsie Wiles, "Koch's postulates, Covid, and misinformation rabbit holes", 16.11.2020: <https://www.auckland.ac.nz/en/news/2020/11/16/kochs-postulates-covid-and-misinformation-rabbit-holes.html>

[17] Ibid.

Uuden-Seelannin hallituksen disinformaatiokampanjassa ja sen murhaavassa Comirnaty™ nimisen injektiovalmisteen levitysohjelmassa - väittäen, että epäspesifiset kudosisviljelykokeet vahvistavat viruksen olemassaolon, kun mitään vastaavaa ei ole osoitettu. Ongelma ulottuu pidemmälle kuin vain SARS-CoV-2 - *jokainen* väitetty virus perustuu samanlaiseen pseudo-tieteeseen. Virologian historia paljastaa, että näihin kokeisiin lopulta valitut solutyypit ovat olleet sellaisia, joilla on taipumus hajota väitetysti viruksen aiheuttamien "sytopaattisten vaikutusten" (CPE - cytopathic effect) perusteella, eikä niitä, jotka ovat "suhteellisen helppoja kasvattaa laboratoriossa", kuten Wiles väitti artikkelissaan. Esimerkiksi apinan Vero E6 -solut[18] ovat olleet virologien suosiossa jo pitkään, mikä johtuu oletettavasti niiden "soveltuvuudesta" isännöidä monia viruksia, mutta epäilyttävästi myös siksi, että aneuploidi[19] munuaislinja on herkempi muiden ainesosien, kuten kaikkialla esiintyvien nefrotoksisten antibioottien ja viljelyseokseen lisättyjen antifungaalien, aiheuttamille myrkyllisille pahennuksille. Kun yksi ryhmä yritti viljellä SARS-CoV-2:ta, he eivät saaneet toivottua tulosta ihmisen adenokarsinoomasoluilla (A549), ihmisen maksasoluilla (HUH7.0), ihmisalkion munuaissoluilla (HEK-293T) eikä amerikkalaisen pohjanlepakon munuaissolulinjan (EFK3B) kanssa, mutta ilmoitti sitten, että heillä oli "virus-isolaatti" CPE-havainnon jälkeen Vero E6 -soluissa.[20] Kuten on tyypillistä, heillä ei näyttänyt olevan ironista tunnetta siitä, että väitetyn ihmisen hengitystieviruksen ei voida osoittaa "infektoivan" asiaankuuluvaa solutyyppiä, puhumattakaan asiaankuuluvaa lajia. Ja heidän kokeensa kumosivat jälleen kerran asianmukaisten kontrolliviljelmien puuttuminen.

MIKSI ERISTÄMINEN ON TÄRKEÄÄ

Se, joka hallitsee kieltä, hallitsee massoja. - Saul Alinsky[21]

Lisäksi virologian kannalta hämmentävää on se, että väitetyjen viruspartikkelien, jotka on puhdistettu onnistuneesti, ei ole osoitettu olevan replikaatiokykyisiä tai sairauksia aiheuttavia itsessään. Toisin sanoen sen, mitä on fyysisesti eristetty, voidaan sanoa olevan vain solunulkoisia vesikkeleitä (EV:itä). Toukokuussa 2020 *Viruses*-lehdessä julkaistiin julkaisu, jossa väitettiin: "Nykyään on lähes mahdoton tehtävä erottaa EV:t ja virukset kanonisilla vesikkeli-eristysmenetelmillä, kuten differentiaalisella ultrasentrifugoinnilla, koska ne pelleteituvat usein

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

[19] Aneuploidia tarkoittaa kromosomien poikkeavaa lukumäärää soluissa.

[20] Jennifer Harcourt, et al., "Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 from Patient with Coronavirus Disease, United States", *Emerging Infectious Diseases*, 6/2020: https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/26/6/20-0516_article_A444

[21] *Rules for Radicals*, Random House, 1971.

yhdessä samankaltaisen mittasuhteensa vuoksi." [22] "Nykyään" tarkoittaa toisin kuin menneisyydessä, ja on epäselvää, kuinka tällainen havaittu tekninen muutos voidaan sovittaa yhteen biologisten lakien kanssa. Näyttää todennäköisemmältä, että virologit etäännyivät omista tekniikoistaan välttääkseen omien väitteidensä kumoamisen. Heidän on ehkä hyväksyttävä, että syy, miksi differentiaalinen ultrasentrifugointi ei pysty erottamaan viruksia muista vesikkeleistä, johtuu siitä, että heidän väitteensä, että näytteessä on viruksia, on perusteeton.

Virologit harhautuvat selvästi eristämisen peruskysymyksestä, koska he eivät ole kyenneet toimimaan tällä rintamalla. Sen sijaan, että he olisivat käsitelleet ongelmaa rehellisesti ja tieteellisesti, he ovat hämärtäneet kielen. Vuonna 2017 Perth Group huomautti suurteoksessaan "*HIV-virus kuin mikään muu*", että: "Virologiassa, vaikka puhdistaminen säilyttää jokapäiväisen merkityksensä, "eristäminen" on tarkoituksenmukainen termi, jonka virologit antavat datalle, joiden väittävät olevan todisteita tietyn viruksen olemassaolosta." [23] Toisin sanoen se on kätevää ja käytännöllistä, mutta mitä tulee väitteisiin ja myöhempään ihmisyyttä vastaan tehtyyn toimintaan, sitä tulee pitää sopimattomana ja moraalittomana. Samassa esseessä Perth Group dokumentoi seuraavat esimerkit virologeista, jotka mukauttivat tieteellistä kieltä sopivasti omiin tarkoituksiinsa:

HIV-asiantuntija Jay Levy määrittelee viruksen eristyksen "määritetystä lähteestä peräisin olevan viruksen näytteeksi", White ja Fenner kyvyksi "tunnistaa täysin ennennäkemätön virus tai jopa löytää kokonaan uusi tekijä". Montagnier ja Weiss monistavat niitä [viruksia] viljelmän soluissa". Fields Virologyn vuoden 2013 kuudes painos määrittelee eristämisen seuraavasti: "Viruksia voidaan eristää tartunnan saaneesta isännästä keräämällä erittyntä tai erittyvää materiaalia, verta tai kudosta ja testaamalla alkuperäisten oireiden induktio identtissä isännässä tai jonkin epänormaalin patologian induktio sijaisisännässä tai soluviljelmässä... Kun viruksen läsnäolo on todettu, on toivottavaa valmistaa geenipuhdas kloonit." On sanomattakin selvää, että jos viruksen eristyksen tarkoituksena on "ottaa näyte viruksesta määritellystä lähteestä" tai "lisätä niitä soluissa viljelmässä", on ensin oltava todisteet viruksen olemassaolosta "määritetyssä lähteessä" tai soluissa viljelmässä". Viruksen eristäminen ei myöskään ole "jonkin epänormaalin patologian induktio" tai "kun viruksen esiintyminen on todettu". [24]

On irvikuva, että tällainen tilanne on olemassa, ja törkeästi harhaanjohtava käytäntö tekee virologian useista eristämistä koskevista väitteistä perusteettomia. Mutta tarjoavatko virologit itse

[22] Flavia Giannessi, et al., "The Role of Extracellular Vesicles as Allies of HIV, HCV and SARS Viruses", *Viruses*, 22.5.2020: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7291340/>

[23] The Perth Group, "HIV - a virus like no other", 12.7.2017: <http://thepertthgroup.com/HIV/TPGVirusLikeNoOther.pdf>

[24] Ibid.

mitään selitystä englanninkielen säälimättömälle väärinkäytökselle? Vuonna 2021 kokenut virologi professori Vincent Racaniello selitti jopa perustermien, kuten 'eristys', määritelmän osalta, että "mitä tapahtuu on, että sinut koulutetaan jonkun laboratorioissa ja kuulet heidän sanovan asioita ja yhdistät niihin merkityksen, ja niin sinä teet, ja he voivat olla oikeassa tai eivät".[25] Samassa esityksessä Racaniello ei näyttänyt itse havainneen ongelmaa omassa määritelmässään siitä, minkä pitäisi olla tieteellisiä termejä, kun hän jatkoi: "Isolaatti on virus, jonka olemme eristäneet tartunnan saaneesta isännästä ja olemme monistaneet sitä viljelmässä." Ironista kyllä, vuonna 2015 julkaistussa artikkelissa, joka koski asianmukaista tieteellistä terminologiaa ja sanaa 'transfektio',[26] Racaniello totesi: "Jos katsot englanninkielistä dynaamisena viestintävälineenä, joka kehittyy jatkuvasti ja antaa sanoille uusia merkityksiä, tämä virheellinen transfektion käyttö ei luultavasti häiritse sinua. Mutta tutkijoiden on oltava tarkkoja kielenkäytössään, muuten heidän kykynsä kommunikoida heikkenee."[27] Racaniellon viruksen eristämistä ja kielen väärinkäyttöä koskevan esityksen analyysiä on käsitellyt aiemmin tohtori Samantha Bailey videossaan "The Truth About Virus Isolation".[28] Se kuvaa ongelmaa, jossa useat virologien sukupolvet näyttävät olevan loukussa semanttisen kehäpäättelyn maailmassa, vaikkakin eriasteisilla näkemyksillä.

Virologia keksi hypoteesin viruksista, joten mitä tahansa menetelmää se käyttää todisteena niiden olemassaolosta, sen on täytettävä tämä määritelmä. Asian ytimessä on yksinkertainen käsite, ja meidän on nähtävä todisteita siitä, että väitetyt sairauksia aiheuttavat partikkelit saavat aikaan uusia partikkeleita, jotka ovat edellisten klooneja. Väite, että havaitut proteiinit ja nukleiinihapot ovat spesifistä virusalkuperää, ei ole mahdollista, ellei väitettyjä viruspartikkeleita ole todella eristetty puhdistamalla ja niillä on osoitettu olevan nämä keskeiset biologiset ominaisuudet. Kuten Perth Group hahmotteli postauksessa "HIV - virus kuin mikään muu", puhdistus on tarpeen virusten olemassaolon todistamiseksi useista syistä, mukaan lukien seuraavat:

1. *Virukset replikoituvat vain elävissä soluissa. Koska solut ja virukset koostuvat samoista biokemiallisista aineosista, partikkelien erottaminen solumateriaalista on välttämätöntä sen määrittämiseksi, mitkä nukleiinihapot ja proteiinit kuuluvat viruspartikkeleihin.*
2. *Todistaaksesi, että partikkelit ovat tarttuvia. Toisin sanoen partikkelit, eivät muut tekijät, ovat vastuussa uusien partikkelien tuotannosta. Tämä edellyttää molempien partikkeli-*

[25] Vincent Racaniello, "Virus isolates, variants, strains - what are they?", *Vincent Racaniello*, 2.3.2021: <https://www.youtube.com/watch?v=G2G2bWUAef0&t=75s>

[26] "Transfektio on prosessi, jossa nukleiinihappo viedään eukaryoottisoluihin käyttämällä erilaisia kemiallisia tai fysikaalisia metodeja", *Comprehensive Biotechnology*, 2nd edition, Elsevier, 2011.

[27] Vincent Racaniello, "What does transfection mean?", *Virology blog*, 12.2.2015: <https://www.virology.ws/2015/02/12/what-does-transfection-mean/>

[28] Samantha Bailey, "The Truth About Virus Isolation", 14.4.2021: <https://drsambailey.com/resources/videos/viruses-unplugged/the-truth-about-virus-isolation/>

sarjojen puhdistamista.

3. *Osoittaaksesi niiden biologiset ja patologiset vaikutukset.*

4. *Saadaksesi antigeenit (proteiinit) ja nukleiinihapot vasta-aine- ja genomitesteissä käytettäväksi.[29]*

Vaikka on harvinaisempaa, virologit hämärtävät joskus myös "puhdistuksen" merkityksen. Belgialainen virologian professori Marc Van Ranst[30] väitti 23.5.2022 SARS-CoV-2:sta, että "toisessa artikkelissa (<https://europepmc.org/article/pmc/pmc7122600>) he ovat puhdistaneet virusta edelleen ultrasentrifugoimalla betasyklodekstriinissä".[31] Van Ranst viittasi vuoden 2008 tutkielmaan, jossa kuvattiin "UV-inaktivoitujen SARS-koronavirusvirionien laajamittainen preparaatio", joka liittyi väitettyyn SARS-CoV-1-virukseen.[32] Tämä tutkielma kuitenkin yksinkertaisesti hahmottelee protokollan, joka väittää virioneja puhdistettavan eikä tutkielmassa ole mitään osaa, joka olisi osoittanut replikaatiokykyisten partikkelien olemassaolon – kaikki, mitä näytettiin, oli joitain heikkolaatuisia kuvia, joiden väitettiin näyttävän "tartunnan saaneita" Vero E6 -soluja. (Katso seuraava kappale "sytopaattisista vaikutuksista".) Mitä tulee "puhdistettujen virionien tarkastukseen" sentrifugoinnin jälkeen, kuvia ei tarjottu, mutta väitettiin, että "puhdistettujen virionien konsentraatio määritetään BCA [bisinkoniinihappo] -määrityksellä käyttäen BSA:ta [naudan seerumialbumiini] standardina". Tämä oli perusteeton johtopäätös, koska BCA-määritys mittaa yksinkertaisesti proteiinin konsentraation liuoksessa - tekniikka ei pysty osoittamaan, että näytteessä on "virioneja" lainkaan.

Alla olevassa kuvassa 1 on kuva, jonka tarkoituksena on esittää puhdistettuja "lepakoiden SARS:n kaltaisia koronaviruksia", ja se julkaistiin *Nature*-lehdessä vuonna 2013 – kuvateksti selittää, miksi tällainen julistus on naurettava. (Sopiva partikkelikoon vaihtelu johtuu ilmeisesti siitä, että "[koronavirusten] halkaisija on yleensä 80-120 nm, ulokkeita lukuun ottamatta, vaikka äärimmäisissä tapauksissa halkaisija voi vaihdella välillä 60-220 nm.")[33] Samaten, Van Ranstin lainaamassa artikkelissa oleva väite, että "virionien määrä on hyvä vahvistaa 10 % SDS-PAGE:lla" [34] on aivan yhtä virheellinen tämän ollessa yksinkertaisesti geelielektroforeesiprosessi proteiinien erottamiseksi niiden molekyylimassan perusteella - se ei voi todistaa, että proteiinit kuuluvat virukseen. Van Ranst totesi myös: "Voimme jo havaita viraalisen RNA:n kliinisissä

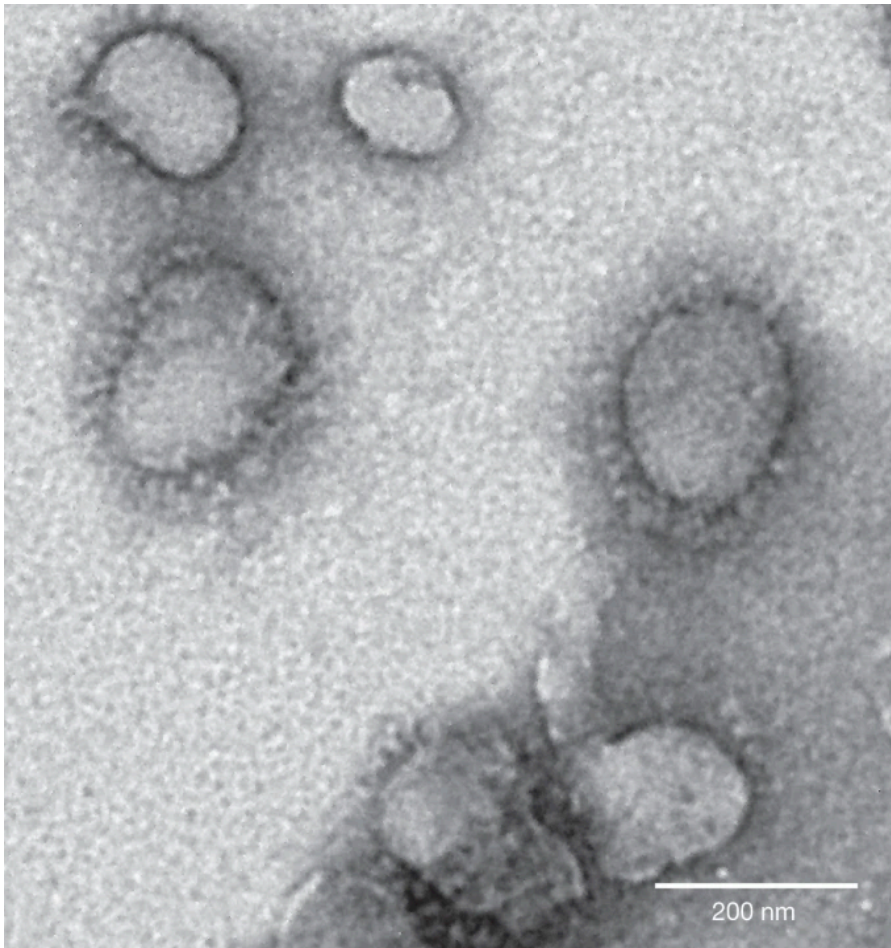
[29] The Perth Group, "HIV - a virus like no other", 12.7.2017: <http://theperthgroup.com/HIV/TPGVirusLikeNoOther.pdf> 30 "Marc Van Ranst", Wikispooks: https://wikispooks.com/wiki/Marc_Van_Ranst

[31] By email from Marc Van Ranst, "Purification of SARS-CoV-2", 23.5.2022: <https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/06/Belgium-Marc-Van-Ranst-May-2022-PACKAGE.pdf>

[32] Yasuko Tsunetsugu-Yokota, "Large-scale preparation of UV-inactivated SARS coronavirus virions for vaccine antigen", *Methods in Molecular Biology*, 1.1.2008: https://doi.org/10.1007/978-1-59745-181-9_11

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

[34] Sodium Dodecyl Sulfate-PolyAcrylamide Gel Electrophoresis



Kuva 1. Tätä kuvaa kuvailtiin "elektronimikroskooppikuvaksi puhdistetuista virioneista", joka on saatu "ultra-sentrifugoimalla 20-prosenttisessa sakkaroosityydyssä (5 ml) 80 000 g:ssä 90 minuuttia käyttäen Ty90-roottoria (Beckman)". Sen lisäksi, että näiden kuvattujen vesikkeleiden biologisia ominaisuuksia ei ole vahvistettu, ei ole viitteitä siitä, että mitään Vero E6 -soluviljelmässä olisi puhdistettu, eikä muita kontekstuaalisia kuvia ole toimitettu. Lisäksi kontrolliviljelmän mikrografeja ei dokumentoitu.

Lähde: Xing-Yi Ge et al., "Isolation and characterization of a bat SARS-like coronavirus that uses the ACE2 receptor," *Nature*, 30.10.2013: <https://doi.org/10.1038/nature12711> (Katso myös sivu 56 väitteen osalta, jonka mukaan Ralph Baric ym. käytti näitä "viruksia" luodakseen uusia.)

näytteissä. Voimme suorittaa viruksen genomin purkamisen. Voimme kasvattaa virusta soluviljelmässä ja inokuloida sitä eläinmalleihin ja indusoida sairauksia."[35] Ei tiedetä, ymmärsikö Van Ranst, että kaikissa sellaisissa kokeissa käytetyt kontrolloimattomat menetelmät eivät tarjoa vaadittua näyttöä millekään "virukselle". Joten, kun Van Ranst väitti, että "yksikään tiedemies ei epäile SARS-CoV-2:n olemassaoloa"[36], se saa miettimään, täytyykö virologien nyt muuttaa "tutkijan" määritelmää säilyttääkseen harhaanjohtavia käytäntöjä?

[35] By email from Marc Van Ranst, "Purification of SARS-CoV-2", 23.5.2022: <https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/06/Belgium-Marc-Van-Ranst-May-2022-PACKAGE.pdf>

[36] Ibid.

Van Ranst ei kuitenkaan ollut ainoa virologi, joka teki väitteitä virusten puhdistamisesta. Vastauksena sähköpostikyselyyn tohtori Marica Grossegeesse[37] Robert Koch -instituutista vastasi, että "puhdistimme SARS-partikkelit tiheysgradientin avulla. Kuitenkin vain soluviljelmästä peräisin olevasta viruksesta, kuten kirjoitit. Haaste SARS:n puhdistamisessa potilasnäytteistä on se, että et saa näkyvää vyöhykettä." [38] Lukuun ottamatta epätäsmällistä terminologiaa, joka korvaa oletetun viruksen oireyhtymän nimellä ('SARS' on vakava akuutti hengitystieoireyhtymä), lisätodisteita siitä, kuinka nämä väitteet on vahvistettu, ei toimitettu. Oletettavasti Grossegeesse käyttää myös "puhdistamisen" ja "viruksen" määritelmiä, kuten kuvassa 1 on esitetty? Joka tapauksessa, kun häneltä pyydettiin lisätietoja kokeiden hallinnasta, hän vastasi: "Emme saa jakaa protokollia yksityishenkilön kanssa. Voin vain viitata julkaisuihimme, joissa infektiokokeita kuvataan yksityiskohtaisesti." Näyttää siltä, että "yksityiskohta" on saanut myös toisen merkityksen, koska julkaisut eivät paljastaneet suoria vastauksia kontrolleja koskeviin kysymyksiin.

Eristyksen alue on yksi niistä alueista, joissa virologia on täysin epävakaa, ja kuten tässä esseessä hahmotellaan, SARS-CoV-2 on vain hypoteettinen tietokonerakennelma, joka on koottu todistettoman alkuperän geneettisistä fragmenteista. Ei ole koskaan ollut fyysisesti eristettyä (eli puhdistettua) partikkelia, jonka on osoitettu olevan vastuussa identtisten partikkelien tuottamisesta tai partikkelia, jonka on osoitettu aiheuttavan patologisia vaikutuksia yhdessäkään ihmisessä tai kokeellisessa eläinmallissa. Näin ollen virologien, kuten Van Ranstin, sekä WHO:n ja sen kannattajien julistus, jonka mukaan SARS-CoV-2 niminen tarttuva partikkeli aiheuttaa tautipandemiaa, on todistettu ilmiselväksi tieteelliseksi ja älylliseksi petokseksi.

MITÄ VIROLOGIA ON?

Säikäytettynä lintu nousee lentoon ja lentää ympäriinsä jatkuvasti pienenevinä ympyröinä, kunnes se onnistuu lentämään omaan takapuoleensa ja katoamaan kokonaan, mikä lisää sen harvinaisuutta.

- Myyttinen "oozlum lintu". [39]

On vaikea tietää tarkalleen, miksi virologiaa kutsuttaisiin, mutta tiedettä se ei ole. Sen nykyiset ammatinharjoittajat ryhtyvät jonkinlaiseen algoritmiseen tai tilastolliseen kehäpäättelyyn lisättyyn spekulatioon ja vahvistusharhaan ilman kumoamisyrityksen prosessia, jonka pitäisi olla tieteellisen metodin ytimessä. Vaikka tieteellisen metodin hylkääminen saattaa olla huomaa-

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

[38] By email from Marica Grossegeesse, Robert Koch Institute, "SARS-CoV-2/questions", 1.4.2022: <https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/07/RKI-Marcia-Grossegeesse-controls-PACKAGE-redacted.pdf>

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

matonta ja tahatonta alemman tason osallistujien kohdalla, globaalien hierarkian korkeammilla tasoilla on lähes varmasti vehkeilyn motivaatioita. Esimerkiksi WHO, Yhdysvaltain tautikeskus (CDC - Centers for Disease Control) ja Yhdistyneen kuningaskunnan terveysturvavirasto ovat kaikki virologian petollisten käytäntöjen osapuolia, kuten tässä esseessä paljastetaan. Tieteenvastaisia käytäntöjä toistetaan kuitenkin useimmissa muissa maissa riippumatta siitä, liittyykö tämä väitteisiin viruksen eristämisestä ja polymeerasiketjureaktion (PCR) yleisestä väärinkäytöstä kliinisessä diagnostiikassa,[40] tai epäonnistumiseen paljastaa keskeisiä kontrollien yksityiskohtia, jotka liittyvät virusviljelyyn ja genomien luomiseen, mikä on suurelta osin tämän esseen painopisteenä.

Kuinka voimme testata tieteellistä teoriaa? Karl Popper ilmaisi teorian tai hypoteesin kumoamisen keskeisen aseman näin:

Näin ollen se on mielestäni mahdollisuus kumota se tai sen valheellisuus, mikä muodostaa mahdollisuuden testata sitä ja siten teorian tieteellistä luonnetta; ja se tosiasia, että kaikki teorian testit ovat sen avulla johdettujen ennusteiden väärennöksiä, antaa vihjeen tieteelliseen menetelmään. Tätä näkemystä tieteellisestä menetelmästä vahvistaa tieteen historia, joka osoittaa, että tieteelliset teoriat kumotaan usein kokeilla ja että teorioiden kumoaminen on todellakin tieteellisen prosessin väline. Väite siitä, että tiede on ympyrän muotoinen, ei voida hyväksyä.[41]

Sen vuoksi on ymmärrettävää kysyä, onko virologia koskaan ollut tieteellistä toimintaa? Mitä tulee tieteelliseen metodiin, virologit luovat hypoteeseja, joita ei voida osoittaa vääriksi, asettamalla paradigmoja, joissa mikä tahansa määrä havaintoja, olipa kyseessä sairaus tai väitetyt testitulokset, voidaan lukea heidän "virustensa" ansioksi. Havainnot esitetään todisteena viruksen olemassaolosta kehäpäätelmänä, joka ei enää edellytä viruksen todistettavaa olemassaoloa. Kaikki toistettavuusvaatimukset, esimerkiksi PCR-prosessin tai väitetyt virusgenomin muodossa, ovat vain saman kehäpäätelyn uusia kierroksia.

Historiallisesti virologialle on ollut ominaista asianmukaisten kontrollikokeiden puute, eikä yhtäkään sen perustavaa laatua olevista väitteistä ole vahvistettu tieteellisen metodin asianmukaisella harjoittamisella. Ensimmäinen oletettu virus, joka löydettiin, oli tupakan mosaiikkivirus, ja yhden todisteen siitä sanotaan sisältyvän Dmitri Ivanovskin vuoden 1903 tutkielmaan *Über die Mosaikkrankheit der Tabakspflanze (Tupakkakasvin mosaiikkitaudista)*. [42] On kuitenkin selvää,

[40] Mark Bailey & John Bevan-Smith, "The COVID-19 Fraud & War on Humanity", 11.11.2021: <https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/>

[41] Karl Popper, *The Open Society and its Enemies: Volume II The High Tide of Prophecy: Hegel, Marx, and the Abermath* (London: Routledge & Kegan Paul (1962, first published 1947), 260.

että Ivanovskin kuvatuista kokeista puuttuivat mitkään pätevät kontrollivertailut ja ne olivat siten epätieteellisiä ja tuloksettomia. Hän jopa kommentoi, että "tämä tauti löytää suotuisat olosuhteet vain rannikkoalueilla. Tällainen johtopäätös on täysin yhtäpitävä edellä olevien havaintojen kanssa kosteuden vaikutuksesta taudin kehittymiseen. Mosaiikkitauti näyttää olevan ainutlaatuinen kosteissa ja lämpimissä ilmastoissa." [43] Kuitenkin, kun bakteeriteoria oli kehittymässä vallitsevaksi taudinaiheuttaja-ideologiaksi tuolloin, sen sijaan että olisi päätelty, että mosaiikkitauti johtui ympäristöolosuhteista, Ivanovsky päätteli löytäneensä näkymättömän viruksen.

On ehkä houkuttelevaa antaa anteeksi varhaisille pioneereille se, että heidän kontrolloimattomat ja epätieteelliset metodit olivat yksinkertaisesti tyypillisiä käytäntöjä sille aikakaudelle. Bakteeriteoriakriitikko Claude Bernard tarjosi kuitenkin seuraavan käsityksen kontrollien tärkeydestä tieteellisiä metodeja noudattaessa vuosikymmeniä aikaisemmin vuonna 1865: "Jos todellakin luonnehdimme koetta ilmiöön tuodulla variaatiolla tai häiriöllä, se on vain siltä osin kuin annamme ymmärtää, että häiriötä on verrattava normaalitilaan. Koska kokeet ovat todellakin vain käsitteitä, ne edellyttävät väistämättä kahden asian vertailua; ja tarkoituksellinen tai aktiivinen elementti kokeessa on todellakin se vertailu, joka mielellä on taipumus tehdä." [44] Bernard neuvoi, että tarvitaan validi kontrolli tai jokin sopiva vertailu sen varmistamiseksi, että vain uusi kokeellinen elementti aiheutti tuloksen. Siten kaikkein hyväntahtoisinta mitä voimme olla, on ehdottaa, että ehkä jotkut varhaisista virusten etsijöistä eivät olleet tietoisia tieteellisen menetelmän tärkeydestä heidän innokkaassa ja hillittömässä näkymättömien vihollisten tavoittelussa.

Siirtyen eteenpäin toiseen varhaiseen väitettyyn viruslöytöön, oppikirja *Retroviruses* kertoo meille, että "vuonna 1911 Peyton Rous New Yorkin Rockefeller-instituutissa raportoi sarkooman soluttomasta leviämisestä kanoissa... Rousin eristämä virus kantaa löytäjänsä nimeä: Rousin sarkoomavirus." [45] Katsaus Rousin artikkeliin "A Sarcoma of the Fowl" [46] paljastaa kuitenkin, että hän ei väittänyt eristäneensä mitään, saati sitten mitään, mikä täytti viruksen määritelmän. Hänen metodologiansa sisälsi kanojen kasvainmateriaalin jauhamisen, suodattamisen ja sen injektioimisen suoraan muihin kanoihin havainnolla, että joillekin niistä kehittyisi myös kasvaimia. Hän raportoi, että "kontrollikokeet" käsittivät *suodattamattoman* kasvainmateriaalin injektioimisen kanoihin, millä oli taipumus johtaa paljon suurempiin kasvaimiin. Rous oletti kausatiivisen

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

[43] Ibid.

[44] Claude Bernard, *An Introduction to the Study of Experimental Medicine*, 1865, translated by Henry Greene, Schuman Inc., 1949.

[45] *Retroviruses*, Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York, 1997.

[46] Peyton Rous, "A Sarcoma of the Fowl Transmissible by an Agent Separable from the Tumor Cells", *J Exp Med*, 1.4.2022: <https://doi.org/10.1084/jem.13.4.397>

ultramikroskooppisen organismin olemassaolon, mutta myönsi, että "toisenlainen tekijä ei ole poissuljettu". Itse asiassa koe ei pystynyt tarjoamaan mitään todisteita tarttuvasta ja replikoituvasta partikkelista. Se yksinkertaisesti osoitti, että sairas kudoks, joka on viety epäluonnollista ja invasiivista reittiä toiseen eläimeen, voi saada sen näyttämään samanlaisen sairausprosessin.

Väite, jonka mukaan patologi William Gye osoitti vuonna 1925 Rousin löytäneen viruksen, on myös väärä. Hän vain väitti, että virus oli toiminnassa näissä kokeissa ja sanoi selvästi: "Haluan erityisesti korostaa yhtä näkökohtaa näkymättömien virusten etsimisessä, ja se on, että eläinkoe on viimeinen todiste organismin läsnäolosta siirrosteessa." [47] Jälleen, "lopullinen todiste" ei sisältänyt infektoivan organismin todellista identifiointia siirrosteessa – se yksinkertaisesti osoitti kasvaimen muodostumisen sairaan kudoksen injektion jälkeen. Lisäksi vuonna 1927 määritettiin, että siipikarjan sarkooma voidaan saada aikaan laimean arseenihapon ja vieraan alkionmassan injektioista. [48] Karsinogeeniset vaikutukset toistettiin myös Rousin suorittaman vastaavan bakteriologisen suodatuksen jälkeen, ja taudin osoitettiin johtuvan vieraasta kudoksesta, ei isännän kudoksesta. Virushypoteesi olisi pitänyt hylätä, mutta puoli vuosisataa myöhemmin järjestelmä piti sen hengissä ja palkitsi Rousin Nobel-palkinnolla vuonna 1966 "hänen kasvaimia aiheuttavien virusten löydöstä". [49]

Vuonna 1954, kun John Enders ja Thomas Peebles väittivät monistaneensa tuhkarokkoviirusta ihmisen ja apinan munuaisten soluissa [50], virologian epätieteellisiä kokeita ei olisi saanut enää sallia. Enders ja Peebles lisäsivät hengitysteiden huuhtelunäytteitä ja verta soluviljelmiinsä, ja havaittuaan sytopaattisen vaikutuksen (CPE - cytopathic effect) tai kuolleita ja hajottavia soluja koeputkissaan he päättelivät, että nämä *in vitro* -ilmiöt "saattavat liittyä tuhkarokkoviirukseen". He varoittivat, että "sytopaattiset vaikutukset, jotka muistuttavat pinnallisesti niitä, jotka ovat seurausta tuhkarokkoa aiheuttavien taudinaiheuttajien tuottamasta infektiosta, voivat mahdollisesti johtua muista apinan munuaiskudoksessa olevista virusperäisistä tekijöistä tai tuntemattomista tekijöistä", mutta jatkoivat edelleen asiattomasti päätellen, että "tämä toimijoiden ryhmä koostuu tuhkarokosta vastuussa olevien viruslajien edustajista". [51] Enders ja Peebles eivät suorittaneet kontrollikokeita tarkistaakseen, tuottaisiko itse viljelymenetelmä, eli solujen

[47] William Gye, "Discussion on Filter-Passing Viruses and Cancer", *BMJ*, 1.8.1925: <https://www.jstor.org/stable/25445900>

[48] A. W. M. White, "A Study of Sarcoma of the Fowl Produced by Arsenic and Embryonic Pulp", *The Journal of Cancer Research*, 1.3.1927: <https://aacrjournals.org/jcancerres/article/11/1/111/449689/A-Study-of-Sarcoma-of-the-Fowl-Produced-by-Arsenic>

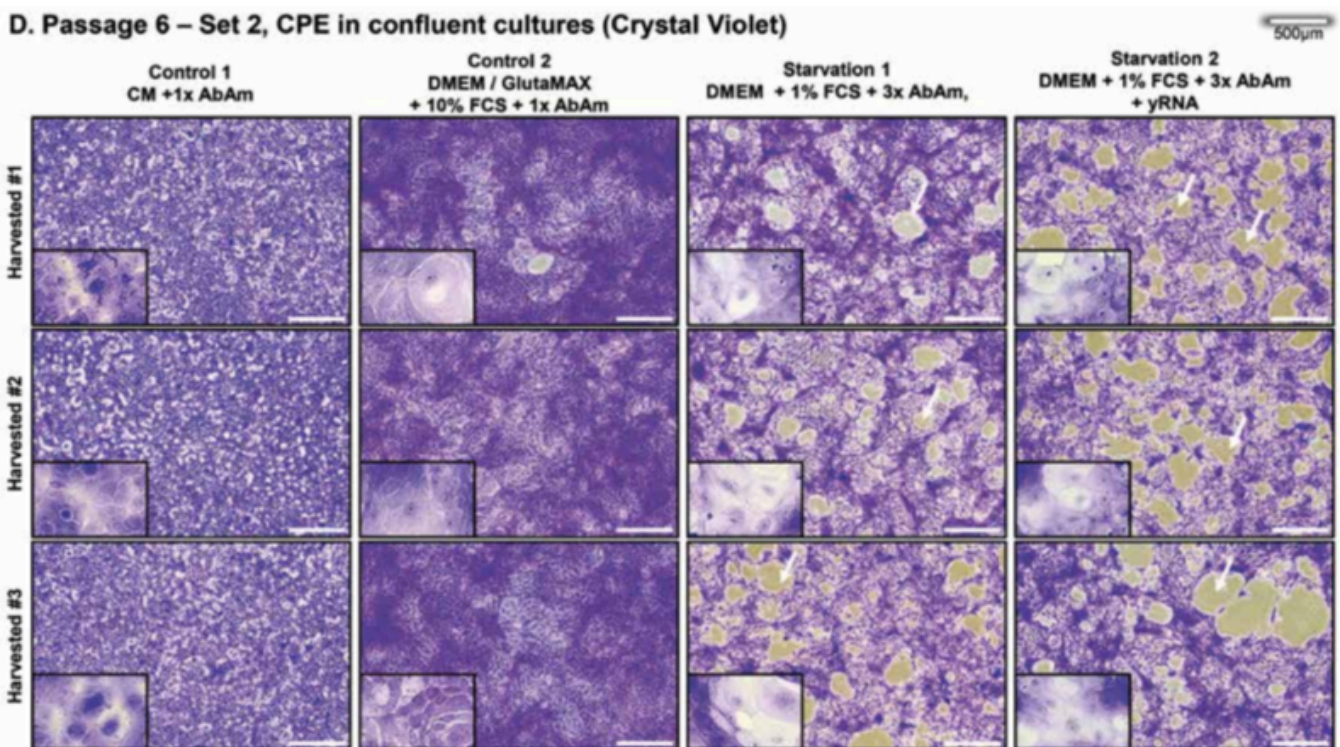
[49] "The Nobel Prize in Physiology or Medicine 1966": <https://www.nobelprize.org/prizes/medicine/1966/summary/>

[50] John Enders and William Peebles, "Propagation in Tissue Cultures of Cytopathogenic Agents from Patients with Measles", *Proceedings of the Society for Experimental Biology and Medicine (PSEBM)*, 86 (vastaanotettu 16.5.1954), 277-286.

[51] *Ibid.*

rasittaminen koeputkessa, saman sytopaattisen vaikutuksen, mikä mitätöi heidän johtopäätöksensä. Ihannetapauksessa olisi pitänyt tehdä useita kontrollikokeita: joitain ilman ihmisperäisten näytteiden lisäämistä, joitain ihmisperäisillä näytteillä terveistä koehenkilöistä ja joitain ihmisperäisiä näytteitä huonovointisilta koehenkilöiltä, mutta joilla ei ole kliinistä tuhkarokkoa tai jotain muuta oletettua "viraalista" terveydentilaa.

Virologit ovat kuitenkin jatkaneet Endersin kontrolloimattoman metodologian toistamista ja väittävät tähän päivään asti, että tällaiset sytopaattiset vaikutukset ovat kiistaton todiste viruksista. Tri Stefan Lanka on dokumentoinut näiden epätieteellisten käytäntöjen historian[52] ja osoittanut vuonna 2021, että itse laboratorioprosessi voi aiheuttaa sytopaattisia vaikutuksia soluviljelmässä.[53] Lankan kokeiden tulokset on kuvattu kuvassa 2. Monissa virologian julkaisuissa kontrollikoe tai "valetartunnan" koe mainitaan, mutta tällaisten kokeiden yksityiskohdat ovat silmiinpistäviä niiden puuttuessa. Northwestern University, Illinois -verkkosivulla todetaan, että valetar-



Kuva 2. Tri Stefan Lankan kokeet: CPE:t eli sytopaattiset vaikutukset (valkoiset nuolet) indusoiitiin rasittamalla epiteelisoluja siirrostuksella ja antibiooteilla. Hiivan RNA:n lisääminen (4. sarake) indusoi vielä enemmän CPE:itä. Mitään "viruksia" ei lisätty ja kokeet suoritettiin kolminkertaistettuna. Lähde: Stefan Lanka, et al., "Präliminäre Resultate der Kontrollversuche – Die Reaktion primärer humaner Epithelzellen auf stringente Virusamplifikations-Bedingungen widerlegen die Existenzbehauptungen aller Viren und von SARS-CoV-2", 25.3.2002 <https://coldwelliantimes.com/eilmeldung/kontrollexperiment>

[52] Stefan Lanka, "The Virus Misconception", *WISSEnSCHAFFTPLUS magazin*, 01/2020, 4.

[53] Dean Braus, "CPE - Control Experiment - 21.4.2021 - English version": <https://odysee.com/@DeansDanes:1/cpe-english:f>

tunnalla tarkoitetaan "infektiokokeissa käytettyä kontrollia. Käytetään kahta näytettä, joista toinen on infektoitunut kiinnostuksen kohteena olevalla viruksella/taudinaiheuttajalla ja toista käsitellään samalla tavalla paitsi ilman virusta." [54] Määritelmä on jo ongelmallinen, koska termit kuten "virus" ja "infektoitunut" on otettu käyttöön ja siten oletettu olevan olemassa ennen vakiinnuttamista. Joka tapauksessa, kuten tulee selväksi, väitettyyn viruksen eristämiseen ja genomien luomiseen osallistuvat eivät todellakaan kohtelee valetartunnan näytettä samalla tavalla miinus "virus", ja voivat olla vilpillisiä tai räikeän peitteleviä, kun heitä painostetaan myöntämään tämä tosiasia.

Kesäkuussa 2022 vastauksena FOIA-tiedonvapauspyyntöön koskien tutkielmaa "Characterization of the First SARS-CoV-2 Isolates from Aotearoa New Zealand as Part of a Rapid Response to the COVID-19 Pandemic" [55], Otagon yliopisto totesi: "Professori Quiñones-Mateun ja kollegoiden julkaisema tutkielma oli kuvaava tutkielma... Tämä tarkoittaa, että ei ollut hypoteesia, joka voitaisiin todistaa tai kumota." [56] Lyhyesti sanottuna vastaus tiivistä ehkä tahattomasti virologian laajemman asiointilan. Vuonna 2008 *Infection and Immunity* -lehdessä oli vieraskommentti otsikolla "Descriptive Science - Kuvaileva tiede", joka selitti, miksi "kuvaileva tutkimus sinänsä on harvoin ratkaisevaa", ja voi yksinkertaisesti toimia lähtökohtana lisätutkimusten suuntaamiselle. [57] Kirjoittajat huomauttivat, että "mikrobiologia ja immunologia ovat nykyään kokeellisia tieteitä, ja näin ollen tutkijat voivat mennä pidemmälle kuin pelkkä havaintojen kuvaaminen hypoteesien laatimiseksi ja sitten suorittaa kokeita niiden vahvistamiseksi tai kumoamiseksi." Kuten tässä esseessä hahmotellaan, virologian järjestelmä ei julkista tai suorita näitä tarpeellisia kokeita, ilmeisesti siksi, ettei se kumoaisi itseään. Se rajoittaa tarkoituksella itsensä meneillään oleviin opportunistisiin kalastusretkiin, joita tukee vahvistusharha, sulkien siten itsensä tieteilisen metodin ulkopuolelle, koska se on ristiriidassa Popperin kuvaaman hypoteesin liikkeelle paneman ja falsifioitavan menettelytavan kanssa.

Kirjoittaja on aiemmin kirjoittanut A. F. Chalmersin kirjasta *What is this thing called Science?* johdettuun jälkikirjoitukseen, että yksi virologian keskeisistä ongelmista oli se, että se keksi itsensä alaksi ennen kuin se näytti toteen, että viruksia todella oli olemassa. Se on yrittänyt perustella itseään perustamisestaan lähtien:

[54] Northwestern University, Illinois, "mock-infected" definition: <https://groups.molbiosci.northwestern.edu/holmgren/Glossary/Definitions/Def-M/mock-infected.html>

[55] Rhodri Harfoot, et al., "Characterization of the First SARS-CoV-2 Isolates from Aotearoa New Zealand as Part of a Rapid Response to the COVID-19 Pandemic", *Viruses*, 10.2.2022: <https://doi.org/10.3390/v14020366>

[56] Leger from Kelsey Kennard, University of Otago, "Official information request for information regarding the paper 'Characterization of the First SARS-CoV-2 Isolates from Aotearoa New Zealand as Part of a Rapid Response to the COVID-19 Pandemic'", 22.6.2022.

[57] Arturo Casadevall and Ferric Fang, "Descriptive Science", *Infection and Immunity*, 14.7.2008: <https://doi.org/10.1128/iai.00743-08>

Tässä tapauksessa viruspartikkelia ei havaittu ensin, ja seuraavaksi kehitettiin virusteoria ja -patologia. 1800-luvun puolivälin ja lopun tutkijoiden ajatukset valtasi kuviteltujen tarttuvien patogeenisten entiteettien tunnistaminen. Naiivin induktionistin havainnot eivät tunnista virusta a priori, ja sitten aloittaneet tutkimaan sen ominaisuuksia ja tunto-merkkejä. Tuon ajan olemassa oleva oletus oli, että olemassa oli hyvin pieni basillipartikkeli, joka saattaa selittää tartunnan. Se, mitä sen jälkeen tuli, syntyi täyttämään oletettoman edellytyksen.[58]

Koska tieteellinen teoria vaatii todisteita, jotka on toistuvasti testattu ja vahvistettu tieteellisen metodin mukaisesti, on selvää, että "virukset" eivät koskaan päässeet edes teorian tasolle.[59] Tieteen mukaan ne pysyvät pelkkänä spekulatiiona.

VIROLOGIAN KONTROLLIEN PUUTE TARKOITTAÄ, ETTÄ SE EI OLE TIETEELLINEN PYRKIMYS

FOIA-pyyntö ovat paljastaneet, että Uuden-Seelannin ympäristötieteen ja -tutkimuksen instituutti (ESR - Institute of Environmental Science and Research), joka on väittänyt SARS-CoV-2 partikkelin eristämisen ja genomisen sekvensoinnin vasta-aineissa, syyllistyy myös siihen, että se ei ole suorittanut mitään valideja kontroleja.[60] Endersin perinteen mukaan he eivät ole pysähtyneet tarkastamaan, voidaanko heidän todistamansa CPE:t tai tietokonesimulaatioiden avulla kootut genomit luoda myös kelvollisissa kontrollivertailuissa. Toisin sanoen tekemällä kokeita muilla ihmisperäisillä näytteillä sekä terveiltä että sairailta koehenkilöiltä, joilla ei väitetä olevan COVID-19-tautia. Sen sijaan ESR kuvaili heidän riittämätöntä "negatiivista kontrollia", jossa "laboratoriopullo käy läpi samat olosuhteet kuin virusviljelyyn käytetyt pullot, mutta käytämme vain infektiolatusaineita".

Näiden tieteen vastaisten toimien keskeinen johtaja on WHO. On hyvin kuvaavaa, että heidän 94-sivuisessa "SARS-CoV-2:n genomisen sekvensointi" -asiakirjassa on vain neljä lausetta, jotka käsittelevät "kontrollinäytteitä":

6.4.2 Kontrollinäytteet

Negatiiviset kontrollinäytteet, kuten puskuriliuos tai vesi, tulee aina sisällyttää kaikkiin

[58] Mark Bailey, "Warnings Signs You Have Been Tricked By Virologists...Again", 25.7.2022: <https://drsambailey.com/warnings-signs-you-have-been-tricked-by-virologists-again/>

[59] Ibid.

[60] Mark Bailey, "Fact-check: New Zealand can't find the 'SARS-CoV-2 virus'", 12.2.2022: <https://drsambailey.com/covid-19/fact-check-new-zealand-cant-find-the-sars-cov-2-virus/>

sekvensointiajoihin, jotka sisältävät useita näytteitä. Ne tulisi ottaa mukaan mahdollisimman varhaisessa vaiheessa, ja jatkaa näytteiden kanssa sekvensoinnin kaikissa vaiheissa. Tämä on erittäin tärkeää, jotta voidaan sulkea pois kontaminaatio laboratoriossa tapahtuvan sekvensointiajon tai bioinformatiivisen käsittelyn aikana. Positiiviset kontrollinäytteet, joilla on tunnetut geneettiset sekvenssit, voivat olla hyödyllisiä validoitaessa äskettäin käyttöön otettuja tai mukautettuja bioinformatiivisia työkaluja konsensuksen nimeämistä varten, mutta niitä ei tarvitse sisällyttää jokaiseen sekvensointiajoon.[61]

Kumpikaan näistä kontrolleista ei kuitenkaan riitä validoimaan "genomeja", joita virologit tuottavat näillä tekniikoilla, koska ne voivat toimia vain työnkulun kalibroinnissa. Kuten on käynyt selväksi, WHO ei kykene osoittamaan yhtäkään asianmukaista positiivista kontrollikoetta, mutta 11.2.2020 he antoivat keksimälleen uudelle taudille nimeksi "COVID-19" siihen liittyvällä väitteellä, että sen aiheuttaja on uusi koronavirus.[62] He ovat tarjonneet vihreää valoa kenelle tahansa ympäri maailmaa SARS-CoV-2:n "löytämiseen" takapihoiltaan ilman, että tarvitaan valideja kontrollikokeita. Silti on olemassa selvä tarve vertaileville kontrolleille, joissa samantaisia potilasnäytteitä, mutta ilman väitettyä virusta, käsitellään samalla tavalla siten, että vain yksi muuttuja testataan. Vertaamalla tuloksia näytteestä, jonka oletetaan sisältävän viruksen, johonkin WHO:n yllä olevassa asiakirjassa kuvattuun negatiiviseen kontrolliin ei voi validoida prosessia, koska jälkimmäiset näytteet eivät sisällä geneettistä soppaa, joka on osa edellistä. Joka tapauksessa, edes omilla ehdoillaan negatiivinen kontrolli, johon ESR viittaa Uudessa-Seelannissa, ei pysty vahvistamaan metodiikkaa, jota he käyttävät näiden virusgenomien luomiseen, koska kuten WHO toteaa, kyseessä on vain ennaltaehkäisevä tarkastus kontaminaation varalta.

Kaikista epäonnistumisista väitettyjen virusten viljelemisessä, moderni virologia suosii nyt raakanäytteiden suoraa metagenomiikkaa[63], usein yhdessä näiden geneettisten fragmenttien haulikkosekvensoinnin[64] ja sen jälkeisen keinotekoisien kokoamisen kanssa, luodakseen uusia

[61] WHO, "Genomic sequencing of SARS-CoV-2 - A guide to implementation for maximum impact on public health", 8.1.2021.

[62] "WHO Director-General's remarks at the media briefing on 2019-nCoV on 11.2.2020", WHO, 11.2.2020: <https://www.who.int/director-general/speeches/detail/who-director-general-s-remarks-at-the-media-briefing-on-2019-ncov-on-11-february-2020>

[63] "Metagenomiikka on kokonaisnäytteen kaikista organismeista (tyypillisesti mikrobeista) eristettyjen ja analysoitujen kokonaisten nukleotidisekvenssien rakenteen ja toiminnan tutkimus. Metagenomiikkaa käytetään usein tutkimaan tiettyä mikro-organismiyhteisöä, kuten sellaisia, jotka elävät ihmisen iholla, maaperässä tai vesinäytteessä." - NIH National Human Genome Research Institute, "Metagenomics": <https://www.genome.gov/genetics-glossary/Metagenomics> (käyty 27.4.2022). Se on virologien käyttämä laiton menetelmä, koska minkään saadun ja "virukseksi" julistetun sekvenssin ei ole koskaan osoitettu olevan peräisin viruksesta, kuten tässä esseessä kerrotaan tarkemmin.

in silico [65] "viruksia" tyhjästä. Tämä keksintö tarjoaa sitten muille virusten metsästäjille ennalta suunnitellut PCR-primerpaneelit[66], jotta he voivat myös löytää samat sekvenssit ja väittää, että se on sama virus. ESR osallistui julkaisuun, jossa he julistivat SARS-CoV-2:n löytyneen yhdeksältä henkilöltä tällä menetelmällä.[67] Kollegani pyysi heitä toimittamaan "kaikki tiedot kontrolliryhmästä, jota käytettiin sekvensoinnin tuloksia verrattaessa", mutta sen sijaan, että ESR olisi vastannut kysymykseen, ESR keksi tekosyn olla osallistumatta "uusien tietojen luomiseen", ja tarjosi joitain linkkejä SARS-CoV-2-sekvensointiprotokolliin.[68] Jos ESR käyttäisi tällaisia protokollia, kuten sivustolla protokolla.io on tarkasti selitetty, voisimme nähdä, että he hyväksyvät riittämättömät kontrollit, joita kuvataan "nukleaasivapaan veden negatiivisena kontrollina", kun taas valinnainen "positiivinen kontrolli voidaan myös sisällyttää, mikä voi olla synteettinen RNA-konstruktio tai korkean titterin kliininen näyte, joka voidaan laimentaa".[69] Jälleen kerran, tämäntyyppiset kontrollit voivat toimia vain työkulun kalibrointitekniikkoina, eivät niiden kokoamien "genomien" validointina tai kliinisenä merkityksenä.

Käytettävissä olevista resursseista huolimatta ESR ei ilmeisesti usko tarpeeseen tarkistaa itse, voidaanko SARS-CoV-2:n olemassaolo osoittaa. He totesivat 19.7.2022 vastauksena FOIA-pyyntöön, että "ESR ei ole suorittanut mitään kokeita todistaakseen tieteellisesti SARS-COV-2-viruksen olemassaolon eikä voi sen vuoksi toimittaa teille mitään asiakirjoja."[70] Vastauksena toiseen pyyntöön he myönsivät 17.8.2022, että "ESR ei ole suorittanut mitään kokeita todistaakseen tieteellisesti, että SARS-COV-2-virus aiheuttaa COVID-19:n, eikä sen vuoksi voi toimittaa teille mitään asiakirjoja."[71] Kukaan muukaan ei ole suorittanut näitä tarpeellisia tieteellisiä kokeita.

[64] Haulikkosekvensointi on menetelmä, joka fragmentoi näytteen DNA:n satunnaisesti lyhyiksi, esimerkiksi 150 emäsparin pituisiksi segmenteiksi. Nämä lyhyet fragmentit sekvensoidaan "lukemien" saamiseksi. Tästä pisteestä lähtien prosessi luottaa sekvenssikokoonpanon ohjelmistoon, joka järjestää päällekkäiset lukemat "jatkeiksi".

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

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

[67] Nick Eichler, et al., "Transmission of severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 during border quarantine and air travel, New Zealand (Aotearoa)", *Emerg Infect Dis.*, 5.2021: <https://doi.org/10.3201/eid2705.210514>

[68] Letter from ESR, 'Official Information Act Request: OIA Request for records from doi: 10.3201/eid2705.210514', 25.3.2022.

[69] protocols.io, "nCoV-2019 sequencing protocol v3 (LoCost) V.3": <https://www.protocols.io/view/ncov-2019-sequencing-protocol-v3-locost-bp2l6n26rgqe/v3?step=1> (käyty 28.3.2022).

[70] Letter from ESR, 'Official Information Act Request: FOIA: SARS-CoV-2 Proof of Existence', 19.7.2022.

[71] Letter from ESR, 'Official Information Act Request: SARS-CoV-2 Proof of Causation', 17.8.2022: <https://mega.nz/file>

ELÄINTEN PAHOINPITELY JA "VASTA-AINE" TUTKIMUKSET

Koska viruksen määritelmän mukaisen sairauksia aiheuttavan partikkelin fyysistä eristämistä ei voida osoittaa, virologit ovat ryhtyneet eläinkokeisiin vakuuttaakseen tietämättömät tällaisten patogeenisten partikkelien olemassaolosta. Näiden julkaisujen tunnusmerkki on, että niiltä puuttuvat validit kontrollit, joten jopa sillä epäselvällä oletuksella, että ne käsittelevät "viruksia", ne paljastavat toisen virologian antitieteen puolen. Havainnollistava esimerkki oli tutkielma "COVID-19:n, MERSin ja SARSin vertaileva patogeenesi A1088 mallissa", jonka julkaisi toukokuussa 2020 ryhmä, johon Christian Drosten ja Ron Fouchier kuuluivat.[72] *Science*-lehdessä julkaistu hölynpöly voidaan tiivistää seuraavasti:

1. Kokeissa mukana olleelle kahdeksalle cynomolgus-apolle "siirrostettiin SARS-CoV-2 nukutuksessa intratrakeaalisen (4,5 ml) ja intranasaalisen (0,25 ml per sierain) yhdistelmän kautta..."[73] — Tämä ei ole luonnollinen altistusreitti ja 4,5 ml kaataminen pienen (3,5-5,0 kg) apinan keuhkoihin vastaa noin 80 ml:n (1/3 kupillisen) vieraan biologisen materiaalin kaatamista ihmisen keuhkoihin hänen nukkuessaan. Tämä materiaalmäärä yksinään riittää aiheuttamaan vaurioita ja tulehdusta keuhkokudoksessa.
2. Heidän keuhkoihinsa kaadettu siirroste tehtiin "SARS-CoV-2:sta (isolaatti BetaCoV/Munich/BavPat1/2020), joka on saatu kliinisestä tapauksesta Saksassa" ja "virusta propagoitiin otteeseen kolme Vero E6 -soluissa OpE-MEM I (1X) + GlutaMAX (Gibco) liuoksessa, penisilliinillä (10 000 IU/ml) ja streptomysiinillä (10 000 IU/ml) täydennettynä". — He ovat väittäneet, että heillä on virus "isolaatti", vaikka he tai heidän toimittajansa[74] eivät ole osoittaneet viruksen olemassaoloa näytteessä. Voidaan vain sanoa, että näyte sisältää vierasta biologista materiaalia ihmisperäisestä kliinisestä näytteestä ja apinan munuais-soluista, solujen hajoamistuotteiden ja kahden antibiootin lisäksi.
3. "Mitään ilmiselviä kliinisiä oireita ei havaittu yhdessäkään tartunnan saaneessa eläimessä, paitsi seroosinen nenäerite yhdellä iäkkäällä eläimellä päivänä 14 rokotuksen jälkeen (p.i.). Mitään merkittävää painonpudotusta ei havaittu yhdelläkään eläimistä tutkimuksen aikana." — Toisin sanoen huolimatta siitä, että heidän väittämänsä SARS-CoV-2-virus pääsi suoraan keuhkoihin, se ei tehnyt yhtäkään apinoista näkyvästi sairaaksi.
4. "Päivään 14 mennessä kaikki jäljellä olevat eläimet serokonversioivat, mikä paljastui SARS-CoV-2-spesifisten vasta-aineiden esiintymisestä viruksen S1-domeenia ja nukleokapsidi-proteiineja vastaan heidän seerumissaan." — S1- ja nukleokapsidiproteiinien ei ole osoi-

[72] Barry Rockx, et al., "Comparative pathogenesis of COVID-19, MERS, and SARS in a nonhuman primate model", *Science*, 29.5.2020: <https://www.science.org/doi/10.1126/science.abb7314>

[73] Ibid, oheismateriaali.

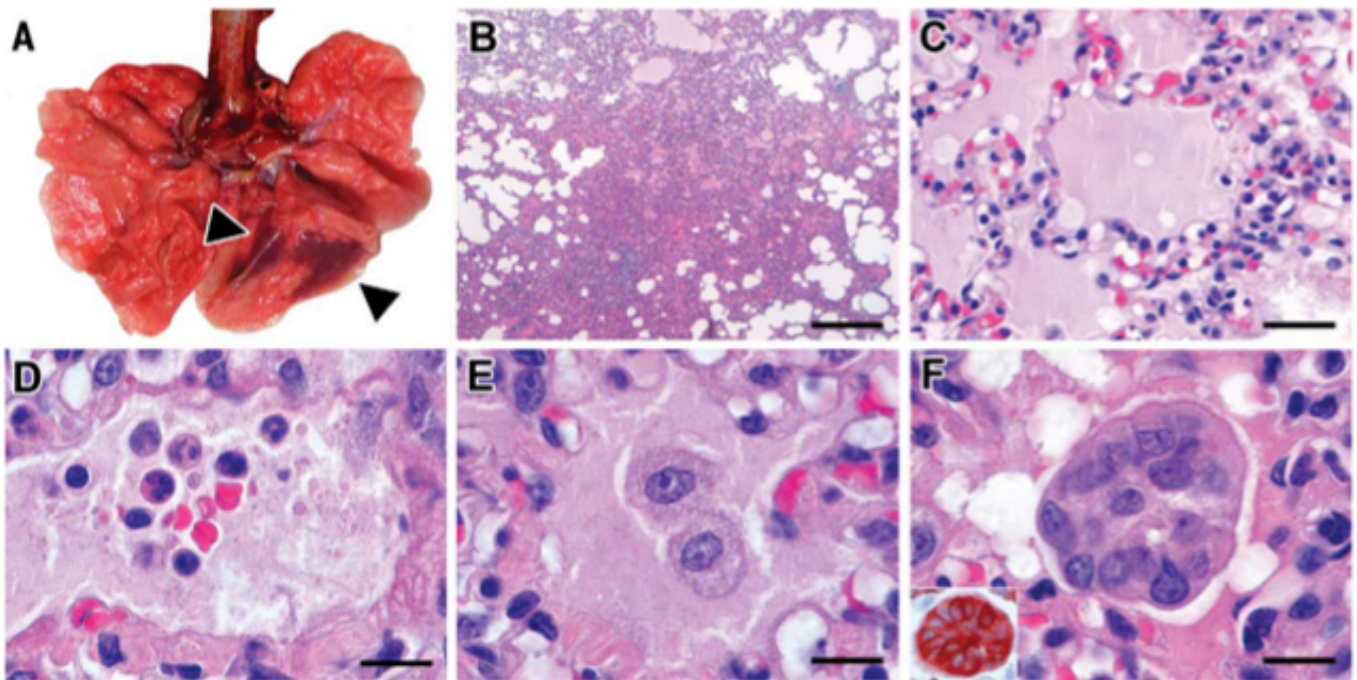
[74] European Virus Archive Global, "Human 2019-nCoV Isolate": <https://www.european-virus-archive.com/virus/human-2019-ncov-isolate>

tettu olevan virusperäisiä, vaikka ne indusoivat isännässä muiden proteiinien, joita kutsutaan vasta-aineiksi, havaitsemisen (*in vitro* -määrityksellä). Virologit käyttävät jälleen kerran kehäpäättelyä väittäessään, että vasta-aineen havaitseminen todistaa viruksen olemassaolon, koska vasta-aineen on julistettu olevan spesifinen väitetylle virukselle.

5. "Viruksen leviämisen mittana nenän, kurkun ja peräsuolen pyyhkäisynäytteet analysoitiin viruksen suhteen kvantitatiivisella käänteistranskriptio-polymeraasiketjureaktiolla (RT-qPCR)..." — "Virusten leviämistä" ei ollut, vaan havaittiin vain samat sekvenssit, joita oli äskettäin kaadettu apinoiden hengitysteihin. Nämä vieraat nukleiinihapposekvenssit hävisivät yllättäen apinoiden kehosta seuraavien päivien aikana luonnollisten puhdistusmekanismien kautta.
6. "SARS-CoV-2 RNA havaittiin peräsuolen vanupuikkonäytteessä vain yhdellä eläimellä päivänä 14 p.i., eikä virus-RNA:ta havaittu kokoverestä missään vaiheessa koko tutkimuksen aikana." — Tämä taas osoittaa jälleen, että he löysivät tuotua geneettistä materiaalia vain samoista paikoista, joihin sitä oli viety. (Yksittäinen positiivinen peräsuolen vanupuikkonäyte saattoi olla väärä positiivinen tai apina oli niellyt osan tuodusta biologisesta materiaalista.) Yhdessäkään tapauksessa he eivät kyenneet osoittamaan, että oletetulla viruksella oli invasiivisia ominaisuuksia.
7. Neljä apinoista tapettiin ja niille tehtiin ruumiinavaus 4 päivän kuluttua inokuloimisesta vieraalla biologisella sopalla. Kahdella neljästä ilmoitettiin, että niillä oli pieniä konsolidaation pesäkkeitä keuhkoissaan, ja kirjoittajat totesivat, että: "Sekä nuorten että ikäntyneiden eläinten konsolidoituneiden keuhkokudosten pääasiallinen histologinen vaurio koski keuhkorakkuloita ja keuhkoputkia ja koostui alueista, joissa oli akuutti tai pitkälle edennyt DAD [diffuusi alveolivaurio]." Histologisten piirteiden väitettiin olevan tyypillisiä SARS-CoV-2:lle — katso alla oleva kuva 3, jossa selitetään, miksi nämä väitteet ovat täysin perusteettomia.
8. "SARS-CoV-2 antigeenin ilmentyminen havaittiin kohtalaisessa määrässä tyypin I pneumosyyttejä ja muutamassa tyypin II pneumosyytissä DAD:n pesäkkeissä." — Tämä väitettiin immunohistokemiallisella (IHC) värjäystekniikalla, joka perustui "kanin polyklonaaliseen vasta-aineeseen SARS-CoV nukleoproteiinia vastaan (40143-T62, Sino Biological, Chesterbrook, PA, USA)". Valitettavasti tämän tuotteen toimittaja ilmoittaa: "IHC, FCM, IF, IP ym. applikaatioita ei ole validoitu. (Vasta-aineapplikaatioita ei ole validoitu vastaavilla viruspositiivisilla näytteillä.)"[75] Joka tapauksessa tätä esimerkkiä voidaan käyttää paljastamaan laajempi harhakäsitys, jonka mukaan vasta-aineet ovat "todiste" viruksista. Sino Biological toteaa, että vasta-aineet olivat seurausta heidän "SARS-CoV Nucleokapsidi Proteiini (hänen nimike)" tuotteen[76] injektoinnista kaneihin. Tämä nukleokapsidiproteiini puolestaan tuotettiin "SARS-CoV (isolaatti: Tor2) nukleoproteiinia koodaavasta

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

DNA-sekvenssistä". Näemme sivulla 30, että "Tor2" sekvenssi oli toinen Fan Wun ym. käyttämästä kahdesta *in silico* -mallista SARS-CoV-2:ta keksiessä, toinen *in silico* -malli. Yhteenvedona, se harjoittaa jälleen kehäpäätelyä: minkään proteiinin ei ole osoitettu olevan peräisin viruksesta, tässä tapauksessa nukleokapsidiproteiini mukaan lukien. Esitettiin vain väite, että he injektoivat "viruksen" proteiineja eläimiin ja vasteena eläimet tuottivat muita proteiineja, joiden väitetään olevan "vasta-aineita". Viruksen ei kuitenkaan osoitettu olevan olemassa eikä tarvitse olla olemassa tällaista harjoitetta varten. (Toisena esimerkkinä "HIV vasta-aineiden" muodostuminen 100 % terveissä vapaaehtoisissa, joihin on injektoitu Queenslandin yliopiston COVID-19 rokote-ehdokas, erottuu hämmäntävänä niille, jotka julistavat sekä HIV- että vasta-aineteollisuutta.[77])



Kuva 3. Joitakin kuvista, jotka on esitetty "Comparative pathogenesis of COVID-19, MERS, and SARS in a non-human primate model - COVID-19:n, MERSin ja SARSin vertaileva patogeenesi kädellisten (ei ihmisten) mallissa" tutkielmassa ja joiden väitettiin olevan SARS-CoV-2:n "tunnusomaisia patologisia muutoksia". Keuhkojen muutokset (A)-(C):ssä ovat yhdenmukaisia keuhkotulehduksen kanssa, jonka aiheuttaa vierasta biologista materiaalia sisältävän nesteen kaataminen suoraan apinan henkitorveen nukutuksen aikana. Histologiset muutokset (D)-(F) kuvaavat yksinkertaisesti tulehduksellisia soluja, kuten makrofageja ja neutrofiileja, kuten olisi odotettavissa tällaisessa keuhkotulehduksessa. Kontrollikokeita ei suoritettu.

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

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

[77] Tri Sam Bailey, "Covid-19 Shots, Cancer and HIV", 14.7.2021: <https://drsambailey.com/resources/videos/vaccines/covid-19-shots-cancer-and-hiv/>

Eläinkokeen virheellisin puoli oli kuitenkin se, että se ei noudattanut tieteellistä metodologiaa, koska kontrollia ei suoritettu. Toisin sanoen vertailukelpoiseen apinoiden ryhmään ei kohdistunut sisäistä pahoinpitelyä kaatamalla suoraan niiden keuhkoihin koostumukseltaan ja määrältään samaa biologista soppaa, ilman väitettyä "virusta". Selvyyden vuoksi kirjoittaja ei tue tällaista koetta, koska se on julma menettely, jolla ei ole mitään tekemistä luonnollisten altistusreittien kanssa – on yksinkertaisesti tarkoitus tuoda esille asianmukaisesti kontrolloidun kokeen käsite. Valitettavasti tällaisia epätieteellisiä menetelmiä toistetaan kaikissa tarkastetuissa eläintutkimuksissa. Yksikään niistä ei osoita: (a) luonnollista altistusmetodia käyttämällä näytteitä, joiden väitetään sisältävän viruksia, (b) luotettavia "valeinfektioita" (käytetään esimerkiksi vilpillisesti vain fosfaattipuskuroitua suolaliuosta) tai (c) tautien eläimestä eläimeen tarttumista. Tämä on tietysti sen perustavanlaatuisen kysymyksen lisäksi, että mikään tutkimuksista ei osoita tarttuvan partikkelin todellista olemassaoloa, jota he ovat testaavinaan.

Lisäksi, jos "virukset" ovat niin tarttuvia, miksi ei yksinkertaisesti toimiteta näytettä aerosolina eläinten häkkeihin niiden sisään hengitettäväksi? Jälleen kerran tällaisia kokeita vältetään, etteivät virologit joudu kumoamaan itseään tartuntaväitteiden suhteen, jotka koskevat näitä kuviteltuja partikkeleita.

VIRUSMÄÄRÄN PARADOKSI

Meidät on saatu uskomaan, että isännässä, kuten ihmisessä, viruspartikkeleita tuotetaan niin suuria määriä, että ne voivat rikkoa juuri ne solut, joiden sisällä ne ovat, vaikka samaan aikaan niitä on läsnä niin pieniä määriä, että virologit sanovat ettei niitä voida nähdä missään potilasnäytteissä. Ilmeisesti väitetyn SARS-CoV-2-partikkelin osalta on laskettu, että "COVID-19-potilaan yksi aivastus sisältää 200 miljoonaa virusta." [78] Mutta, jos saamme (fyysisesti suuremman) näytteen suoraan henkilön nenästä tai keuhkoista, niitä ei juuri löydy. Tämän epämiellyttävän ongelman peittämiseksi virologit ovat turvautuneet tarjoamaan epäsuoria "todisteita" kudosviljelmien kautta pyrkiessään taikomaan puuttuvan viruksen ulos hatusta. Kuten hahmottelimme tutkielmassa *The COVID-19 Fraud & War on Humanity*, tämä käsittää *virologian kaksoispetoksen* toisen osan, joka on "sytopaattisten vaikutusten (CPE) indusoimisen väärennetyin edustajan korvaaminen inokuloimalla tyypillisesti epänormaaleja solulinjoja *in vitro* terveen tai ei-sairaalla isännän *in vivo* infektoimiseksi todetakseen syy-yhteys väitetyn patogeenin ja taudin välillä." [79] Joten meidän pitäisi uskoa, että ihmisen hengitystie, joka on reunustettu väitetyillä täydellisillä

[78] "Number of the day: one sneeze of a COVID-19 patient contains 200 million viruses", *Новые известия*, 22.5.2020: <https://en.newizv.ru/news/science/22-05-2020/digit-of-the-day-200-million-viruses-are-contained-in-one-sneeze-of-a-patient-of-covid-19>

[79] Mark Bailey & John Bevan-Smith, "The COVID-19 Fraud & War on Humanity", 11.11.2021: <https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/>

isäntäsoluilla, ei tuota tarpeeksi viruksia, jotta ne voitaisiin nähdä, mutta koeputkikoe, jossa on mukana eri lajista ja solutyypistä peräisin olevaa kudosta, tuottaa?

Virologian määritelmän mukaan hypoteettiset partikkelit ovat passiivisia eivätkä tuota kuona-aineita, joten on mysteeri, kuinka ne aiheuttavat sairautta ihmisisännälle. Pfizer ehdotti maallikolle, että "immuunijärjestelmä reagoi näiden kehon solujen vaurioihin kiihdyttämällä", mutta ei maininnut mitään tieteellistä näyttöä tälle mielikuvitukselliselle väitteelle.[80] *Medical Microbiologyn* 4. painos uskaltautui pidemmälle ja totesi, että:

Suora soluvaurio ja virusinfektion aiheuttama kuolema voivat johtua (1) solun energian suuntautumisesta toisaalle, (2) solun makromolekyylisynteesin sulkeutumisesta, (3) viruksen mRNA:n kilpailusta solun ribosomeista, (4) viruspromoottorien ja transkription tehostajien kilpailusta solujen transkriptiotekijöistä, kuten RNA-polymeraaseista, ja interferonin puolustusmekanismien estämisestä. Epäsuora soluvaurio voi johtua virusgenomin integraatiosta, mutaatioiden indusoinnista isäntägenomissa, tulehduksesta ja isännän immuunivasteesta.[81] [Oma korostukseni.]

Pohjimmiltaan virologit ovat tarjonneet useita *hypoteettisia* patogeneettisiä mekanismeja partikkelille, jonka oletetaan olevan olemassa organismissa, kuten ihmisessä. Ja jälleen, vaikka nämä spekulatiiviset mekanismit olisivat pelissä mukana, niiden vaikutuksen täytyisi kohdistua *valtavaan* määrään soluja oireiden tuottamiseksi. Mutta valtavat solumäärät johtaisivat siihen, että niistä tulisi ulos tähtitieteellisiä määriä viruspartikkeleita - joten miksi viruspartikkeleita ei koskaan löydetä? Virologialla on tapana kääntää huomio pois sellaisista näkökohdista, jotka herättävät epäilyksiä sen aavemaisesta mallista.

OSA 2

FAN WU YM. DEUS EX MACHINA

He olivat velvoitettuna päättäneet löytää viruksen syyksi tälle kaverille. Joten he tekivät tämän nuotan kaikelle tälle RNA:lle, miljoonille pienille RNA-säikeille tässä henkilössä, käyttämällä teknologiaa, jota kutsutaan metatranskriptomiikaksi. Ja se on yksi näistä geeniasioista... he voivat katsoa kaikkea RNA:ta, kaikkea DNA:ta, sekvensoida sitä,

[80] "How do Viruses Make us Sick?", *Pfizer.com*: https://www.pfizer.com/news/articles/how_do_viruses_make_us_sick (käyty 20.5.2022).

[81] Samuel Baron, et al., "Viral Pathogenesis" in *Medical Microbiology*, 4th edition, 1996: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK8149/>

amplifioida sitä... Se on teknologiavetoista, ei tiedevetoista... Ja he keksivät sekvenssin ja sitten he päättivät, että he olivat löytäneet "viruksen", vaikka he eivät koskaan kajooneet virukseen lainkaan, ja he sanoivat, että se oli syy tämän kaverin keuhkokuumeeseen.
- Tohtori David Rasnick, Fan Wun ym. tekemästä SARS-CoV-2:n "löydöksestä"[82]

Artikkelissa *The COVID-19 Fraud & War on Humanity*[83] dokumentoimme kuinka Fan Wun työryhmä keksi SARS-CoV-2:n kokoamalla kasaan *in silico* "genomin" tuntematonta alkuperää olevista geneettisistä fragmenteista, jotka löytyivät yksittäisen tapauksen käsittelemättömästä keuhkokuumeesta ja dokumentoitiin julkaisussa "A new coronavirus associated with human respiratory disease in China".[84] Tämän tutkielman lisäanalyysi on merkittävää, koska se havainnollistaa, kuinka vilpallinen COVID-19-pandemia luotiin keksityn "genomin" avulla syvän metatranskriptomiikkasekvensoinnin kautta, jolla pyrittiin yksinkertaisesti havaitsemaan kaikki RNA:t raakanäytteestä ja kuinka sitä käytettiin väärin olemattoman patogeenin keksimiseen. Väite, jonka mukaan kuka tahansa voi ilmoittaa, että "[he] tunnistivat uuden RNA-viruskannan *Coronaviridae*-heimosta, joka on tässä nimetty 'WH-Human 1' koronavirukseksi",[85] yhdeltä ihmiseltä, jolla on diagnosoitu keuhkokuume, on sinänsä farssi. Kirjoittajat yrittivät perustella tätä toteamalla: "Vaikka viruksen eristäminen vain yhdestä potilaasta ei riitä päättelemään, että se aiheutti näitä hengitystieoireita, löydöksemme on vahvistettu itsenäisesti muilla potilailla erillisessä tutkimuksessa." Ensinnäkin, minkään viruksen fyysistä eristämistä ei ollut, kuten käsitellään yksityiskohtaisesti pian. Toiseksi heidän väitteensä "riippumattomasti vahvistettu" viittaa Peng Zhoun ym. helmikuun 2020 julkaisuun - tutkielmaan, joka ei voi vahvistaa mitään ja jonka vilppiä käsitellään sivulla 41. Voidaan vain sanoa, että jos käytetään kehäpäättelyä, samanlaisten geneettisten sekvenssien löytäminen useammin kuin kerran nähdään vahvistuksena viruksesta. GISAID-tietokanta on tämän virologisen hölynpölyn aarreaitta, ja 29.8.2022 mennessä siinä oli yli 12,8 miljoonaa väitettä SARS-CoV-2 "löytämisestä".[86] Mikään niistä ei kuitenkaan voi viitata todelliseen virukseen, he vain yksinkertaisesti huutavat "bingo" kokoamalla samanlaisia sekvenssejä, jotka he ovat rinnastaneet Fan Wun ja hänen työryhmänsä kokoaman sekä muiden aikaisempien kokoonpanojen mukaisesti: mitään todellista virusta ei tarvita.

On myös huomattava, että vaikka kirjoittaja ei esitä mitään lausuntoa minkään keuhkokuume-tapauksen tai akuuttien kuumeisten hengitystiesyndroomien syystä, yleinen lääketieteellinen

[82] "Episode One: The Tragic Pseudoscience of SARS-CoV-2", *The Viral Delusion*, Paradigm Shift, 2022: <https://paradigmshift.uscreen.io/>

[83] Mark Bailey & John Bevan-Smith, "The COVID-19 Fraud & War on Humanity", 11.11.2021: <https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/>

[84] Fan Wu, et al., "A new coronavirus associated with human respiratory disease in China", *Nature*, 579, 265–269, 3.2.2020: <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2008-3>

[85] Ibid.

[86] GISAID: <https://www.gisaid.org/> (käyty 29.8.2022).

yhteisö myöntää, että mitään ”patogeeniä” ei tunnusteta noin puolessa tapauksista.[87][88] Joten mitä syytä Fan Wulla ym. oli epäillä, että heidän potilaallaan oli aivan uusi virus? Ilmeisesti siksi, että: "Wuhanin tautien torjunta- ja ehkäisykeskuksen epidemiologiset tutkimukset paljastivat, että potilas työskenteli paikallisella merenelävien torilla." [89] Se vaikuttaisi erittäin heikolta syyllä, kun otetaan huomioon, että nämä märkätorit ovat erittäin yleisiä Kiinassa ja että lepakko-alkuperäteorioista huolimatta Fan Wu ym. raportoivat, että "lepakoita ei ollut myynnissä".

Joka tapauksessa he saivat potilaalta jonkin verran bronkoalveolaarista huuhtelunestettä (BALF) ja raportoivat tällä raakanäytteellä, että "kokonais-RNA uutettiin 200 µl:sta BALF:ia". Heidän menetidin osiossa kerrottiin, että tämä saavutettiin "käyttäen RNeasy Plus Universal Mini -sarjaa (Qiagen)" eli spin-kolonne sentrifugoinnilla. He väittivät, että "ribosomaalisen RNA:n ehdyttäminen suoritettiin kokoelman rakentamisen aikana", katso kuitenkin sivulta 43, miksi tämä on kyseenalaista, koska tunnetuille ihmisen RNA-sekvensseille oli edelleen korkea vastaavuus. Sitten he etenivät haudukseen haulikkosekventointiin, aloittaen geneettisen materiaalin satunnaisesta fragmentoimisesta lyhyiksi pituuksiksi, joiden pituus oli keskimäärin 150 nukleotidia, ja RNA:n konvertoimisesta DNA:ksi käänteiskopioijaentsyymien avulla.[90] Sellaisia lyhyitä lukuja kuin 56, 565, 928 generoitiin ja nämä tiedot syötettiin Megahit ja Trinity -ohjelmistoalustoille *de novo* algoritmipohjaiseen kokoonpanoon. Megahitin avulla luotiin 384 096 jatkumoa tai hypoteettista päällekkäistä sekvenssiä, ja pisimmällä (30 474 nukleotidia) ilmoitettiin olevan "89,1 prosentin nukleotidi-identiteetti" lepakon SL-CoVZC45:een, joka on toinen kuvitteellinen rakennelma, jota käsitellään myöhemmin. (Trinity generoi yli 1,3 miljoonaa jatkumoa, mutta pisin oli vain 11 760 nukleotidia – toisin sanoen he eivät olisi löytäneet "genomia", jos he olisivat käyttäneet vain tätä ohjelmistoalustaa.) Sana "virus" ilmestyi yhtäkkiä, kun he toteavat: "Tämän viruksen genomisekvenssi sekä sen päätepiste määritettiin ja vahvistettiin käänteistranskriptio-PCR:llä." Tämä on silmäkääntötempu, koska PCR yksinkertaisesti vain enentää ennalta valittuja sekvenssejä, eikä sillä ole kykyä vahvistaa aiemmin tuntematonta genomia. Kuten PCR-asiantuntija Stephen Bustin on selittänyt: "PCR edellyttää sinun tietävän, mikä kohteesi sekvenssi on... joten kun tiedät, että näytteessäsi on jotain, silloin yrittäisit eristää sen, eikö vain? Ja sitten, kun olet eristänyt sen, sekvensoit sen uudelleen tai etsit sitä PCR:llä." [91] Toisin sanoen PCR itse ei pysty tunnistamaan

[87] Catia Cilloniz, et al., "Microbial Etiology of Pneumonia: Epidemiology, Diagnosis and Resistance Patterns", *Int. J. Mol. Sci.*, 17(12), 2120, 16.12.2016.

[88] Gao Liu, et al., "Viral and Bacterial Etiology of Acute Febrile Respiratory Syndrome among Patients in Qinghai, China", *Biomed Environ Sci*, 6/2019: <https://www.besjournal.com/article/doi/10.3967/bes2019.058>

[89] Fan Wu, et al., "A new coronavirus associated with human respiratory disease in China", *Nature*, 579, 265–269, 3.2.2020: <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2008-3>

[90] Illumina, "RNA Sequencing Methods Collection", 2017: https://www.illumina.com/content/dam/illumina-marketing/documents/products/research_reviews/rna-sequencing-methods-review-web.pdf

[91] *Planet Waves FM* with Eric F. Coppolino, "Interview with Dr. Stephen Bustin", 1.2.2021: <https://planetwaves.net/planet-waves-fm-interview-with-dr-stephen-bustin/>, käsikirjoitus Joshua Halinen: <https://cormandrostenreview.com/wp-content/uploads/2021/02/bustin-transcript.pdf>

sekvenssien alkuperää eikä Fan Wun ja hänen työryhmänsä metodologia vahvistanut heidän kuvattujen sekvenssiensä alkuperää. Kuitenkin heti seuraavassa virkkeessä he ilmoittavat maailmalle, että "tämä viruskanta nimettiin WH-Human 1 -koronavirukseksi (WHCV)".

*Meidän on pysähdyttävä tässä vaiheessa, koska tässä **keksittiin tyhjästä** valheellinen virus, joka pian nimetään uudelleen SARS-CoV-2:ksi. Virus, jonka WHO väittää, ilman minkäänlaista todisteellista tukea, olevan COVID-19:n aiheuttaja.*

Sillä se oli tämä "genomi", joka lähetettiin GenBank-tietokantaan 5.1.2020[92] ja johon Drosten ym. tarttuivat auttaakseen tuottamaan tekaistuja PCR-protokollan määrityssekvenssejä[93], jotka WHO puolestaan julkaisi säädetyllä kiireellä koko maailman käytettäväksi, muuttaen siten WH-Human 1:n maailman referenssigenomiksi väitetyle taudinaiheuttajalle. Juuri tämä keksintö on vastuussa kokonaisuudesta pussillisesta tuhotempuista, jotka langetettiin maailmalle WHO:n 11.3.2020 antaman pandemia-ilmoituksen jälkeen.[94]

Jokainen huomiota kiinnittävä voi kuitenkin nähdä, että Fan Wun ja työryhmän tutkielmassa ei ole todisteita viruksesta. Viruksen väitetään olevan hyvin pieni, replikaatiokykyinen ehdoton solunsisäinen loinen, joka koostuu genomista, jota ympäröi proteiinihuori: se on tarttuva partikkel, joka aiheuttaa taudin isännässä. Kaikki mitä Fan Wulla ym. oli, oli 41-vuotias mies, jolla oli keuhkokuume ja tietokoneohjelman kokoama "malligenomi", joka tehtiin miehen keuhkokuuh-telunesteistä löydetyistä, tuntematonta alkuperää olevista sekvensseistä. Jotta se näyttäisi päte-vältä, he totesivat, että: "WHCV:n virusgenomin järjestyminen määritettiin sekvenssien kohdis-tuksella kahden tyypillisen Betacoronavirus-suvun jäsenen kanssa: ihmisiin liittyvän koronaviruk-sen (SARS-CoV Tor2, GenBank-tallennusnumero AY274119) ja lepakoihin liittyvän koronaviruksen (lepakko SL-CoVZC45, GenBankin tallennusnumero MG772933)." Nämä väitetyt genomit ovat myös vain *in silico* -rakennelmia, joiden ei ole koskaan todistettu olevan olemassa kokonaisuudessaan luonnossa, puhumattakaan osoitettu olevan peräisin viruksen sisältä. Esimerkiksi lepa-kon SL-CoVZC45 keksittiin vuonna 2018 prosessilla, jossa "19 degeneroitunutta PCR-alueparia ... suunniteltu monella rinnastuksella GenBank-tietokantaan tallennetuista SARS-CoV- ja lepakon

[92] Zhang, et al., "Wuhan seafood market pneumonia virus isolate Wuhan-Hu-1, complete genome, GenBank: MN908947.1", submitted 5.1.2020: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MN908947.1>

[93] Victor Corman and Christian Drosten, et al., "Detection of 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) by real-time RT-PCR", Euro Surveill, 23.1.2020: <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.3.2000045>. In addition to GenBank: MN908947.1, that was first made publicly available at virological.org (<https://virological.org/t/novel-2019-coronavirus-genome/319>), Drosten et al. also employed "four other genomes deposited on 12.1. in the viral sequence database curated by the Global Initiative on Sharing All Influenza Data (GISAID)," in designing their PCR protocols.

[94] WHO, "WHO Director-General's opening remarks at the media briefing on COVID-19 - 11.3.2020", 11.3.2020.

SL-CoV-sekvensseistä."[95]

Virusgenomeista on tullut virologian mahdollisesti suurin illuusio, illuusio, joka levittää uskoa, että virusten todella on osoitettu olevan olemassa. Virologit itse eivät näytä ymmärtävän metodologioidensa kohtalokasta puutetta edes silloin, kun he itse tuovat sen julki:

Viruksen koko genomien sekvensointiin käytetään tällä hetkellä kolmea päämetodia, jotka perustuvat HTS:ään [high-throughput sequencing - korkean käsittelytehon sekvensointi]: metagenominen sekvensointi, kohteen rikastussekvensointi ja PCR-amplikonin sekvensointi, joista jokaisessa on etuja ja haittoja (Houldcrob et al., 2017). Metagenomisessa sekvensoinnissa kokonais-DNA (ja/tai RNA) näytteestä, johon kuuluu isäntä, mutta myös bakteerit, virukset ja sienet, uutetaan ja sekvensoidaan. Se on yksinkertainen ja kustannustehokas lähestymistapa, ja se on ainoa lähestymistapa, joka ei vaadi vertailusekvenssejä. Sen sijaan kaksi muuta HTS-lähestymistapaa, kohteen rikastaminen ja amplikonin sekvensointi, riippuvat molemmat syöttien tai alukkeiden suunnittelun viitetiedoista. Metagenomisen sekvensoinnin rajoitus on, että se vaatii erittäin suuren sekvensointisyvyyden riittävän virusgenomimateriaalin saamiseksi.[96]

Tärkeämpi rajoitus "viruksen" sekvensoinnissa on se, että prosessi ei itse määritä geneettisten fragmenttien alkuperää, joten miten sitä voidaan käyttää aiemmin tuntemattoman genomien sekvenssin osoittamiseen? Selvyyden vuoksi, emme puhu tilanteista, joissa sekvenssien alkuperä voidaan todentaa itsenäisesti, esimerkiksi fyysisesti eristetyt bakteerisolut. Lisäksi on järjetöntä mielivaltaisesti julistaa, että sekvenssit ovat viraalisia eliminaatioprosessin kautta, eli perustuen siihen tosiasiaan, että niillä ei ole aiemmin ristiriitaista määrittystä geneettisissä tietopankeissa. Yksikään virologeista ei osoita, että sekvenssit ovat luonteeltaan virusperäisiä, kun he kokoavat aivan ensimmäisen mallin ja julistavat löytäneensä patogeenisen viruksen. Kukaan heistä ei missään vaiheessa puhdistaa väitettyjä viruspartikkeleita todistaakseen niiden suhteen sekvensseihin. Ja silti ensimmäisestä keksitystä *de novo* -genomista tulee se koetinkivi, jonka kanssa muut virusten metsästäjät kohdistavat omat *in silico* -genominsa tai suunnittelevat "vahvistavia" PCR-protokollia.

Sikäli kuin kirjoittaja tietää, virologeilla ei ole laboratoriotekniikoita, jotka voisivat suoraan tarkistaa, onko edes missään heidän näytteessään kokonaista 30 000 emäksen RNA-rihmaa. Nykyinen pulssikenttägeelielektroforeesitekniikka voi luotettavasti erottaa vain tämän kokoiset DNA-

[95] Dan Hu, et al. "Genomic characterization and infectivity of a novel SARS-like coronavirus in Chinese bats", *Emerging microbes & infections*, 12.9.2018: <https://doi.org/10.1038/s41426-018-0155-5>

[96] Florence Maurier, et al., "A complete protocol for whole-genome sequencing of virus from clinical samples: Application to coronavirus OC43", *Virology*, 531, 5/2019: <https://doi.org/10.1016/j.virol.2019.03.006>

säikeet.[97] Joka tapauksessa nämä simulaatiot pysyvät häiriötekijöinä, koska jopa siinä tapauksessa, että *in silico* SARS-CoV-2-genomin fyysinen olemassaolo - täydellinen 30 kiloemäksen RNA-sekvenssi - voidaan osoittaa olevan olemassa luonnossa, virologeilla olisi vielä paljon työtä tehtävänä. Ensinnäkin heidän olisi osoitettava, että tämä sekvenssi kuuluu *tautia aiheuttavaan* replikaatiokykyiseen partikkeliin, joka voi tehdä ihmisen sairaaksi, eikä vain *väittää* niin.

Tässä yhteydessä kirjoittaja kävi sähköpostikirjeenvaihdon evoluutiobiologin kanssa Wellcome Sanger instituutista, joka ehdotti, että pitkien lukujen RNA-sekvensointi (toisin kuin pelkkä haulikkosekvensointi) tarjosi tarvittavan todisteen "SARS-CoV-2":n olemassaolosta.[98] Hän viittasi huhtikuussa 2022 julkaistuun julkaisuun, joka koski RNA-sekvensointia Oxford Nanopore Technologiesin (ONT) pitkien lukujen kautta,[99] väittäen, että se vahvisti aiemmin haulikkosekvensoinnilla konstruoitujen "virus"-genomien pätevyyden. Tarjottu tutkimus kuvasi kokeen, jossa verrattiin vasteita eri "SARS-CoV-2-infektoituneiden" ja "valeinfektoituneiden" solulinjojen välillä. Koesolujen oletettiin olevan "tartunnan saaneita SARS-CoV-2 Australia -viruksella (Australia/VIC01/2020, NCBI: MT007544.1)" - jonka kirjoittajat Leon Caly ym. väittivät olevan "eristetty", [100] vaikka viruksen eristämistä ei koskaan osoitettu, kuten alla olevassa kuvassa 4 selitetään ja kuten olemme esittäneet teoksessa *The COVID-19 Fraud & War on Humanity*. [101] Näin ollen evoluutiobiologin argumentti perustui valheellisen kokeen valheelliseen tuotteeseen, jota verrataan "valeinfektioon", jossa ensimmäinen mitätöitiin harhaanjohtavalla "viruksen eristämisen" julistuksella ja jälkimmäinen mitätöi itsensä, kun virologit ovat muuttaneet sen määritelmän salliakseen muiden muuttajien muuttamisen. Pidempien lukujen saaminen ei muuta näitä perusongelmia. Evoluutiobiologi väitti, että vaihtelut seuratuissa sekvensseissä ja proteiineissa ajan myötä olivat todisteita kehittyvästä viruksesta.[102] Hän on jälleen yksi virologian petoksen uhri heidän liittäessä harhaanjohtavasti sana "virus" näihin entiteetteihin. Kun kaikki tällaiset sekvenssit ja proteiinit alun perin havaittiin kudosviljelykokeissa, niiden ei osoitettu kuuluvan patogeenisiin viruksiin, mutta väite, että ne ovat "viruksia", jatkuu tähän päivään asti.

[97] David Schwartz and Charles Cantor, "Separation of Yeast Chromosome-Sized DNAs by Pulsed Field Gradient Gel Electrophoresis", *Cell*, Vol. 37, 5/1984: [https://doi.org/10.1016/0092-8674\(84\)90301-5](https://doi.org/10.1016/0092-8674(84)90301-5)

[98] By email from Zachary Ardern: <https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/06/Mark-Bailey-Zachary-Ardern-emails-redacted.pdf>

[99] Jessie Chang, et al., "Long-Read RNA Sequencing Identifies Polyadenylation Elongation and Differential Transcript Usage of Host Transcripts During SARS-CoV-2 In Vitro Infection", *Front. Immunol.*, 6.4.2022: <https://doi.org/10.3389/fimmu.2022.832223>

[100] Leon Caly, et al., "Isolation and rapid sharing of the 2019 novel coronavirus (SARS-CoV-2) from the first patient diagnosed with COVID-19 in Australia", *Med. J. Aust.*, 1.4.2020: <https://doi.org/10.5694/mja2.50569>

[101] Mark Bailey & John Bevan-Smith, "The COVID-19 Fraud & War on Humanity", 11.11.2021: <https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/>

[102] By email from Zachary Ardern: <https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/06/Mark-Bailey-Zachary-Ardern-emails-redacted.pdf>

Samaan tapaan ja muutama kuukausi tuon kirjeenvaihdon jälkeen patologi/virologi tohtori Sin Hang Lee väitti, että hänen koevedostutkielmansa[103] tarjosi "kiistatonta Sanger-sekvensointi-todistetta siitä, että virus [SARS-CoV-2] on olemassa ja mutatoituu jatkuvasti", avoimella kutsulla haastaa hänen työnsä.[104] Jälleen läsnä oleva kirjoittaja tarjosi vastauksen, esittäen yksityiskohtaisesti virologian jatkuvan tieteellisen terminologian väärinkäytön sekä taustalla olevan ongelman, joka liittyy analysoitavien geneettisten sekvenssien toteamattomaan alkuperään:

Virologian ongelmien paljastamiseksi on ratkaisevan tärkeää tarkastella minkä tahansa julkaisun metodologiaosaa, ja tässä tapauksessa se ei ole poikkeava... Ne meistä, jotka kiistävät virusnarratiivin, huomauttavat, että RNA- (tai DNA-) sekvenssejä ei ole koskaan esitetty tulevaksi minkä tahansa tietyn tunnistettavan partikkelin sisältä, joka täyttää viruksen määritelmän. Siten kaikkien RNA:iden voidaan sanoa olevan vain tunnetun organismin ilmentämiä, keinotekoisesti käyttöön otettuja (esim. synteettiset mRNA-injektiot) tai niiden alkuperää ei tunneta. "Mutaatiot" esiintyvät vain in silico -malleissa, joiden ei ole osoitettu olevan itsenäisiä entiteettejä luonnossa. On muitakin syitä, miksi RNA-sekvenssit voivat vaihdella ja vaihtelevat dynaamisissa biologisissa järjestelmissä, enkä voi kuvitella, että yksikään virologi olisi eri mieltä tästä tosiasiasta. Pelkkä RNA:iden havaitseminen ei riitä tekemään johtopäätöksiä niiden alkuperästä. Tämän määrittelyn tekeminen edellyttää muita kokeita.[105]

Itse asiassa mikään genominen tai proteominen teknologia ei voi välttää sitä tosiasiaa, että tällaisten tietojen oletetaan olevan todisteita viruksista - se on kilpikonnat aina alaspäin [ilmaus äärettömän regression ongelmasta].

KILPIKONNAT AINA ALASPÄIN

Kuten on todettu, "lepakko SL-CoVZC45" oli *in silico* genomi, 29 802 nukleotidia pituudeltaan, joka keksittiin vuonna 2018,[106] ja jota Fan Wu työryhmineen käytti malligenomina SARS-

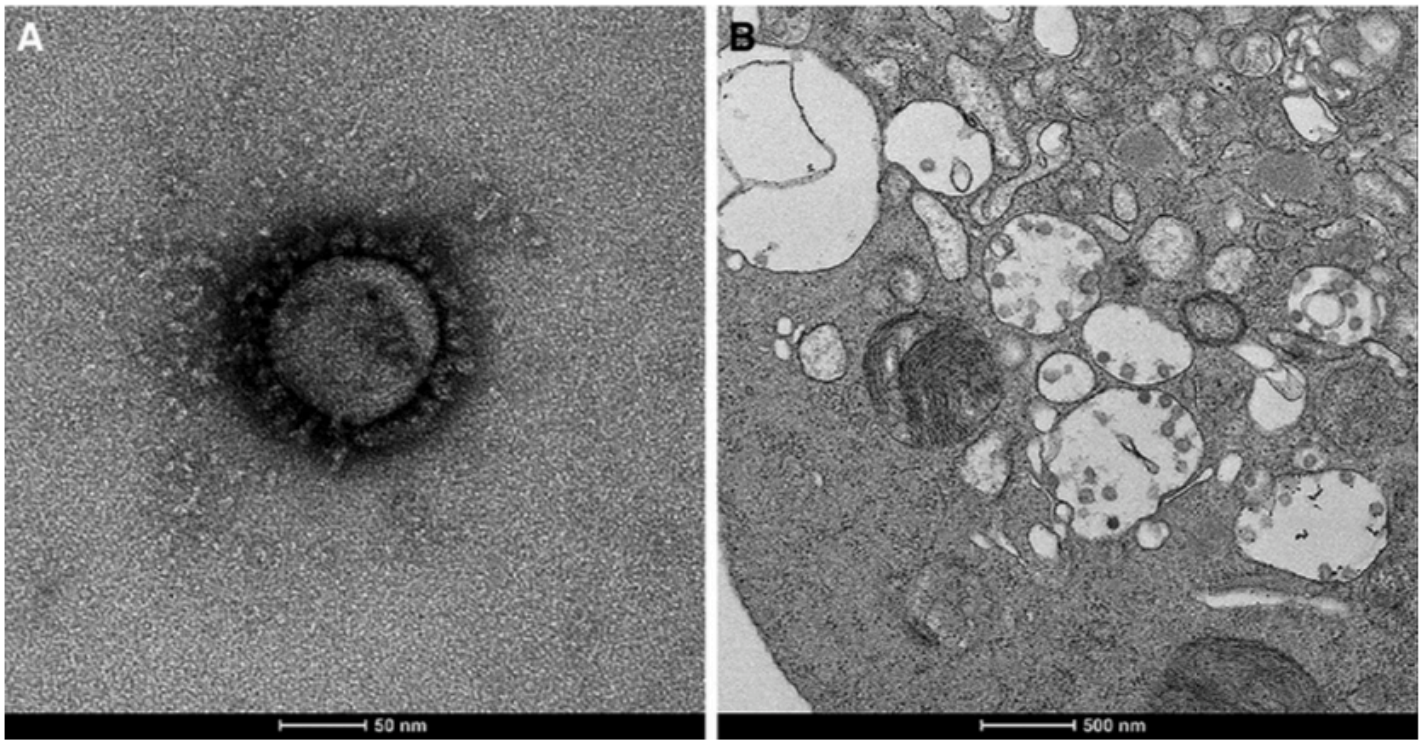
[102] By email from Zachary Ardern: <https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/06/Mark-Bailey-Zachary-Ardern-emails-redacted.pdf>

[103] Sin Lee, "Implementation of the eCDC/WHO Recommendation for Molecular Diagnosis of SARS-CoV-2 Omicron Subvariants and Its Challenges", preprints.org, 14.6.2022: <https://www.preprints.org/manuscript/202206.0192/v1>

[104] Mark Bailey, "Warnings Signs You Have Been Tricked By Virologists...Again", 25.7.2022: <https://drsambailey.com/warnings-signs-you-have-been-tricked-by-virologists-again/>

[105] Ibid.

[106] Dan Hu, et al. "Genomic characterization and infectivity of a novel SARS-like coronavirus in Chinese bats", Emerging microbes & infections, 12.9.2018: <https://doi.org/10.1038/s41426-018-0155-5>



Kuva 4. Caly ym. SARS-CoV-2:n "eristäminen". Elektronimikroskooppikuvat ovat Vero/hSLAM-soluviljelmän supernatantista: (A) julkistettiin "virioniksi", kun se on yksinkertaisesti tuntematonta alkuperää oleva partikkeli. Lisäksi kapselin "piikkejä" tuotettiin sen *jälkeen*, kun trypsiini-entsyymi pilkkoi ulkoiset proteiinit halutun ulkonäön luomiseksi. (B) yksinkertaisesti ilmoittaa meille kudosseoksen partikkelien koon. Samankaltaisella ihmisperäisellä näytteellä ei tehty pätevää kontrollikoetta.

CoV-2 genomin keksimisessä. Sen väitettiin tulevan Zhejiangin maakunnassa Kiinassa kiinnitetun lepakon suolistokudoksesta. Tässä tutkimuksessa kirjoittajat raportoivat, että "kaikki lepakot vaikuttivat terveiltä eikä niillä ollut selviä kliinisiä oireita kiinniotettaessa", mutta ilmoittivat, että virus havaittiin 89:ssä 334 lepakosta "pan-koronaviruksen käänteistranskription (RT)-PCR määrityksen perusteella". Tyyperyys väittää minkä tahansa viruksen "eristys" indusoimalla CPE:itä on jo hahmoteltu, mutta tässä tapauksessa he eivät edes havainneet tätä ilmiötä Vero E6 -soluviljelmissä. Sen sijaan he kokeilivat toista menetelmää "testatakseen ZC45 toimijan patogeenisyyden". Tämä koostui siitä, että otettiin 20 µl lepakon suolistokudosta ja injektoidiin se suoraan 3 päivän ikäisten BALB/c rottien aivoihin. (Painon mukaan se vastaisi useiden satojen millilitrojen materiaalin injektioimista ihmisen aivoihin.)[107] Sellaisen biologisen kudoksen injektioimisen suoraan sisäsiittoisten, vaarantuneiden vastasyntyneiden eläinten aivoihin ei pitäisi tarvita lisäselityksiä. Kuten virologisissa kokeissa on tyypillistä, ei ollut kontrolliryhmää, jossa samantyyppistä biologista materiaalia, jonka ei sanottu sisältävän virusta, olisi injektoitu suoraan muiden rotanpoikasten aivoihin. He raportoivat, että "epäiltyjä viruspartikkeleita" nähtiin joidenkin rottien aivoissa, mutta he eivät missään vaiheessa osoittaneet tällaisten "epäiltyjen viruspartik-

[107] Western Australian Government - Animal Resource Centre, "Rat and Mice Weights": https://www.arc.wa.gov.au/?page_id=125

kelien" koostumusta tai biologista toimintaa objektilaseissaan. Lisäksi "tartunta" julistettiin positiivisten RT-PCR-testien perusteella, jotka havaitsivat rotanpoikasilla niiden uhraamisen hetkellä samat RNA-sekvenssit kuin niihin oli äskettäin injektoitu – ei tietenkään mitään, mikä edellytti viruksen olemassaoloa.

Joten eristämättä väitettyjä viruspartikkeleita fyysisesti, he jatkoivat suolistonäytteiden homogenisointia, sentrifugointia ja suodattamista ennen kuin julistivat, että "viruksen RNA uutettiin Viral RNA Mini Kit -menetelmällä (Qiagen, Hilden, Saksa) valmistajan suositusten mukaisesti". (Katso sivulta 49 selitys sille, miksi tämän tyyppisille menetelmille ei ole mahdollista erottaa selektiivisesti RNA:ta sen alkuperän perusteella, riippumatta siitä, onko viruksia olemassa vai ei.) Sitten tapahtui käänteistranskriptiovaihe ennen heidän haudukseen PCR-monistusta. He väittivät sekvensoivansa [SL-CoV]ZC45:n täyden genomin 19 degeneroituneen PCR-alueparin kautta, jotka "suunniteltiin GenBankiin talletettujen SARS-CoV- ja lepakon SL-CoV-sekvenssien moninkertaisella kohdistuksella". Toisin sanoen, heidän ilmoituksensa viruksen genomin löytämisestä ei perustunut suoriin todisteisiin viruksesta, vaan vahvistamatonta alkuperää olevien sekvenssien havaitsemiselle, jotka oli kohdistettu vielä kuvitteellisempiin "virus"-malleihin. Ei paljastettu, kuinka paljon PCR-monistusta tapahtui tässä vaiheessa, mutta "RT-PCR-seulonta" -vaihe sisälsi ensimmäisen 40 syklin kierroksen, jota seurasi toinen 30 syklin kierros. Tällainen naurettava monistus johtaisi artefaktiin, mikä tarkoittaa, että kohdesekvenssit "löydetään" yksinkertaisesti itse prosessin seurauksena sen sijaan, että ne olisivat välttämättä fyysisesti läsnä näytteissä.

On huomattava, että lepakkovirustarina on ollut pelissä mukana vuoden 2003 SARS-epidemian "puhkeamisesta" lähtien ja ilmeisesti tuhansien vuosien jälkeen, ihmiskunta on nyt jatkuvan uhan alla kiinalaisista lepakkoluolista leviävien virusten takia. Vuonna 2005 EcoHealth Alliance -järjestön puheenjohtaja tri Peter Daszak, toinen kirjoittaja *Science*-lehdessä julkaistulle artikkelille otsikolla: "Bats Are Natural Reservoirs of SARS-Like Coronaviruses - Lepakot ovat SARSin kaltaisten koronavirusten luonnollisia varastoja." [108] Tässä tutkimuksessa Daszak ja muut eivät löytäneet "koronaviruksia" lepakkovalikoimastaan tavallisella, vilpillisellä tekniikalla *in vitro* CPE:iden havainnoimiseksi ilmoittaen, että "virusta ei ole eristetty PCR-positiivisten näytteiden ulostenäytteestä käyttämällä Vero E6 -soluja". He olivat kuitenkin iloisia voidessaan ilmoittaa, että heillä oli todisteita tällaisista viruksista heidän järjettömän korkean (35-45) syklin PCR-tuotannon kautta, jotka oli saatu lepakkojen raakanäytteistä. Näiden väitettiin olevan "virussekvenssejä", koska virologian kehäpäättelyn puitteissa he "löysivät" juuri niitä "virussekvenssejä", jotka heidän PCR-protokollansa oli suunniteltu havaitsemaan. He varoittivat maailmaa asianmukaisesti, että: "Lepakoiden zoonoottisten virusten joukossa on geneettistä diversiteettiä, mikä lisää varianttien mahdollisuutta ylittää lajimuuri ja aiheuttaa tautipesäkkeitä ihmispopulaatioissa." Valitettavasti

[108] Wendong Li, et al., "Bats Are Natural Reservoirs of SARS-Like Coronaviruses", *Science*, 29.9.2005: <https://doi.org/10.1126/science.1118391>

tämä zoonoottinen kansanusko on levinnyt virologian kirjallisuudesta yleisön mielikuvitukseen. Daszak on lepakkovirustarinan innokas edistäjä ja hyväntekijä, ja vuonna 2015 hän neuvoi kollegoitaan, että säilyttääkseen tulojen tulemisen, heidän olisi "lisättävä yleisön ymmärrystä lääketieteellisistä vastatoimista (MCM - medical countermeasures), kuten pan-influenssa- tai pan-koronavirusrokotteen tarpeesta".[109]

Joka tapauksessa yhden kuvitteellisen koronaviruksen mallin haara johtaa takaisin yhteen alkuperäisistä väitteistä, jotka koskivat SARS-CoV-genomia, jonka väitetään olevan ensimmäisen SARS "epidemian puhkeamisen" syy. Huhtikuussa 2003 Yijun Ruan ym. toimitti GenBankille "täydellisen SARS-koronavirus Sin2500 genomin", josta tuli tallennusnumero AY283794.1.[110] Tätä genomia ei kuitenkaan keksitty tietenkään sekvensoimalla suoraan oletettuja viruspartikkeleita, vaan sekvensoimalla RNA Vero-soluviljelykokeen kautta, sekä "haulikko- että spesifisin lähestymistavoin", jotka on kohdistettu "hiiren hepatiittiviruksen genomisekvenssiin (NC_001846) perustana".[111] NC_001846.1 genomi keksittiin vuorostaan vuonna 1997, ja sen väitettiin olevan peräisin viruksesta, joka oli "saatu alunperin tohtori Lawrence Sturmanilta" ja sekvensoitu "käyttämällä mallinteina sytoplasmista RNA:ta, joka oli uutettu L2-solujen yksikerroksisista kerroksista, jotka ovat infektoituneet MHV-A59, C12, C3, C5, C8, B11 tai B12 villityypillä". [112] Väite, jonka mukaan he aloittivat viruksella, näyttää perustuvan tohtori Sturmanin vakuutukseen siitä, että hänen toimittamansa näyte sisälsi sellaista.

Tässä vaiheessa pitäisi olla selvää, että jokainen koronaviruksen genomi on mallinnettu muiden niin sanottujen genomien mallinteiden mukaan ilman, että virologit olisivat osoittaneet, että *mikään* näistä sekvensseistä olisi peräisin viruksesta. Siksi on opettavaista palata väitettyyn ensimmäiseen julkaistuun täydelliseen koronaviruksen genomiin, joka oli Bournsnell ynnä muiden "tarttuva lintuinfluenssavirus" (IBV - Infectious Bronchitis Virus) vuonna 1987, [113] ja muut käyttivät sitä myöhemmin yhtenä alkuperäisistä malleista. He eivät sekvensoineet mitään oletet-

[109] "Developing MCMs for Coronaviruses", in Rapid Medical Countermeasure Response to Infectious Diseases: Enabling Sustainable Capabilities Through Ongoing Public- and Private-Sector Partnerships: Workshop Summary, Washington DC: National Academies Press, 12.2.2016: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK349040/>

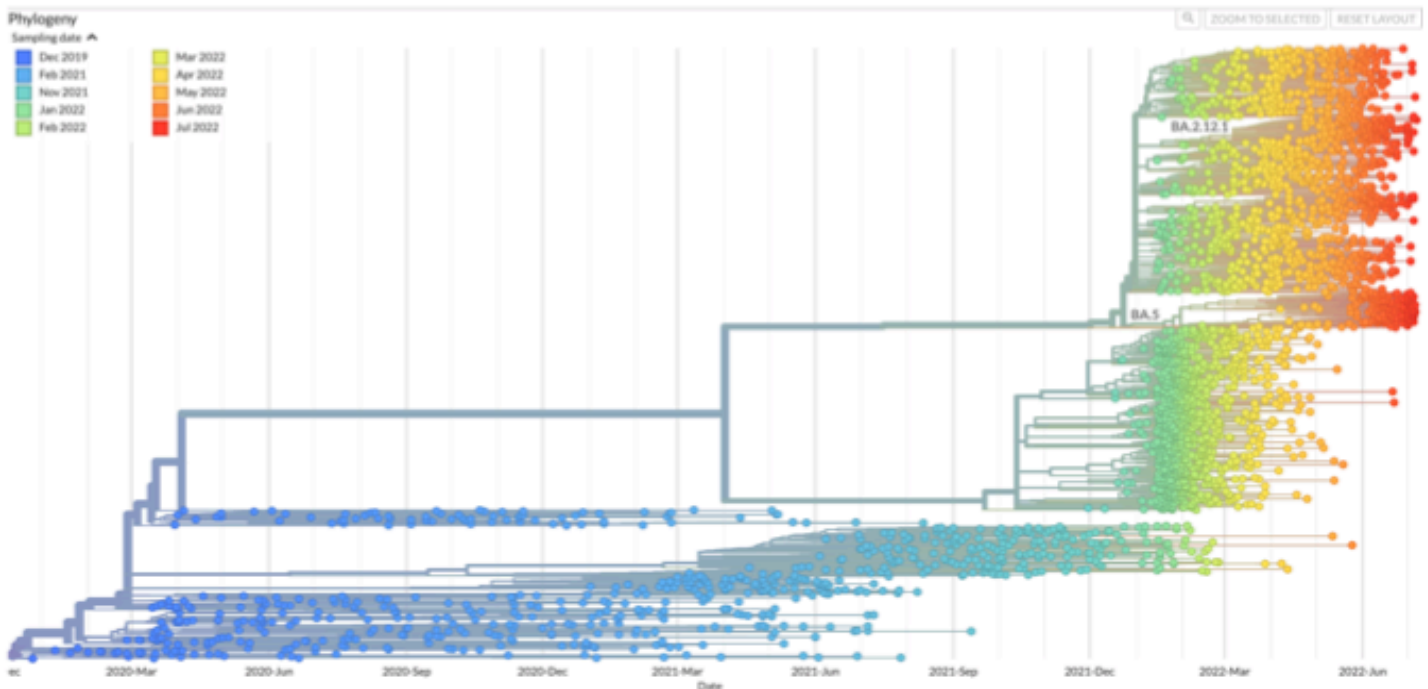
[110] GenBank, "SARS coronavirus Sin2500, complete genome - AY283794.1", 27.4.2003: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/30468042>

[111] Yijun Ruan, et al., "Comparative full-length genome sequence analysis of 14 SARS coronavirus isolates and common mutations associated with putative origins of infection", *Lancet*, 24.5.2003: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7140172/>

[112] Isabelle Leparc-Goffart, et al., "Altered Pathogenesis of a Mutant of the Murine Coronavirus MHV-A59 Is Associated with a Q159L Amino Acid Substitution in the Spike Protein", *Virology*, 8.12.1997: <https://doi.org/10.1006/viro.1997.8877>

[113] Michael Bournsnell, et al., "Completion of the Sequence of the Genome of the Coronavirus Avian Infectious Bronchitis Virus", *J gen Virol*, 1.1.1987: <https://doi.org/10.1099/0022-1317-68-1-57>

tuja viruspartikkeleita suoraan, vaan käyttivät "seitsemäätoista cDNA-kloonia, jotka kattavat genomien 3' suurimman 27 569 kb:n", huomauttaen, että kloonit, "ovat peräisin RNA:sta, joka oli eristetty gradienttipuhdistetusta Beaufort-kannan viruksesta (Beaufort & Hudson, 1937; Brown & Boursnell, 1984)". Mainitussa Brown & Boursnell tutkielmassa todetaan, että "cDNA-kloonien valmistus on kuvattu aiemmin (Brown ja Boursnell, 1984)".[114] Tämä myöhempi lainaus on heidän julkaisunsa otsikolla "Lintujen tarttuvan bronkiittiviruksen genomisen RNA sisältää sekvenssihomologioita geenien välisillä rajoilla".[115] Tässä tutkielmassa he väittävät, että: "IBV-kanta Beaufort kasvatettiin 11 päivän ikäisissä alkiolisissa munissa. Virionit eristettiin allantoisnesteestä ja puhdistettiin isopyknisellä[116] sentrifugoinnilla sakkaroosigradien-teissa." Missään näistä tutkielmissa ei kuitenkaan esitetty todisteita siitä, että he: (a) olisivat puhdistaneet mitään, "virioneista" puhumattakaan, vahvistavien elektronimikroskooppikuvien muodossa



Kuva 5. SARS-CoV-2:n fylogeneettinen puu GISAID.orgissa, 15.7.2022. Ensimmäisen "genomin" joulukuulta 2019 (Fan Wu ym.) ei koskaan osoitettu olevan peräisin viruksesta vaan virologian kehäpäättelyn perusteella samankaltaisia muissa paikoissa löydettyjä sekvenssejä tarjotaan todisteena kehittyvästä "viruksesta". Kuitenkin kontrolloimattomat metodologiat, joita käytetään, tekevät siitä kuvitteellisen *in silico* -sukupuun. Valittujen geneettisten sekvenssien havaitseminen tai havaitsemisen esittäminen ympäristössä ei vahvista viruksen olemassaoloa, koska sekvenssien alkuperää ei ole varmistettu tai niitä on käytetty väärin. Sama koskee havaittuja proteiineja.

[114] T.D.K. Brown & Michael Boursnell, "Sequencing of coronavirus IBV genomic RNA: a 195base open reading frame encoded by mRNA B", *Gene*, heinä-elokuu 1984: [https://doi.org/10.1016/0378-1119\(84\)90169-0](https://doi.org/10.1016/0378-1119(84)90169-0)

[115] T.D.K. Brown & Michael Boursnell "Avian infectious bronchitis virus genomic RNA contains sequence homologies at the intergenic boundaries", *Virus Research*, 01/1984: [https://doi.org/10.1016/0168-1702\(84\)90031-5](https://doi.org/10.1016/0168-1702(84)90031-5)

[116] Isopycnic centrifugation separates particles by density cf. rate zonal centrifugation separates particles by size: <https://www.differencebetween.com/difference-between-rate-zonal-and-isopycnic-centrifugation/>

tai (b) suorittaneet valideja kontrollikokeita. Voimme vain nähdä, että he *olettivat* viruksia esiintyvän viljelyseoksessa ja sentrifugoinnin jälkeen väittivät havaittujen RNA-sekvenssien olevan peräisin näistä kuvitteellisista viruksista.

Alkuperäinen väite, jonka mukaan he olivat tekemisissä viruksen (IBV) kanssa, juontaa juurensa 1930-luvulta ja perustui samoihin virheellisiin johtopäätöksiin, jotka tehtiin vuoden 1911 Rousin sarkooma "virus"-kokeissa käytetystä metodologiasta (katso sivu 17). IBV:n tapauksessa materiaali otettiin sairaista kanoista, käytettiin Berkefeld bakteerisuodattimien läpi ja vietiin sitten muiden kanojen hengitysteihin.[117] Koska tämä voisi myös sairastuttaa vastaanottavia lintuja, todettiin, että "nämä tulokset osoittavat, että taudin aiheuttaa suodatettava virus". Mikään koe ei kuitenkaan ole missään vaiheessa osoittanut, että tarttuva partikkeli olisi vastuussa myrkyllisistä vaikutuksista. Lyhyesti sanottuna myöhemmät "koronaviruksen" fylogeneettiset puut, joita on luotu 1980-luvulta lähtien, eivät ole todisteita "kehittyvistä viruksista", ne ovat todisteita monitasoisesta markkinointijärjestelmästä, jolla ei ole vakiintunutta fyysistä tuotetta.

Vaara ihmiskunnalle on se, että virologien spekuloinneista luotuja oletettuja koronavirusgenomeja käytetään nyt malleina tuotteiden luomiseksi ja injektoitavaksi onnettomiin vastaanottajiin, jotka on huijattu ja narrattu uskomaan, että virologian uusin keksintö oli todellinen. Toisin sanoen virologian kuvitteellisiin genomikeksintöihin on luotettu täysin tarpeettomien lääketieteellisten ja poliittisten interventioiden aikaansaamiseksi. Vaarallinen ja erittäin kokeellinen mRNA- ja nanolipidibioteknologia on tappanut enemmän ihmisiä kuin kaikki muut rokotteet yhteensä viimeisen 30 vuoden aikana, ja olemme vain vasta alkaneet laskea.[118]

CDC:N VÄITTEET SARS-COV-2:STA

Nyt tutun hitauden vuoksi CDC:llä kesti kahdeksan kuukautta vastata tiedonvapauspyyntöön, joka koski heidän väitteitään "SARS-CoV-2:n eristämisestä" kesäkuun 2020 *Emerging Infectious Diseases* julkaisussa otsikolla "Vaikea akuutti hengitystieoireyhtymä koronavirus 2 potilaalta, jolla on koronavirustauti, Yhdysvallat", kirjoittajana Jennifer Harcourt työryhmineen.[119] Kollegani CDC:lle esittämät kysymykset olivat yksinkertaisia ja sisälsivät seuraavan: "Käyttikö tämän tutkielman tutkija kontrolliryhmiä? Jos käytti, käyttivätkö kontrolliryhmät samoja soluviljelyseos-

[117] J. R Beach & O. W. Schalm, "A Filterable Virus, Distinct from that of Laryngotracheitis, the Cause of a Respiratory Disease of Chicks", *Poultry Science*, 05/1936: <https://doi.org/10.3382/ps.0150199>

[118] <https://vaersanalysis.info/> (käyty 25.6.2022).

[119] Jennifer Harcourt, et al., "Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 from Patient with Coronavirus Disease, United States", *Emerging Infectious Diseases*, 06/2020: https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/26/6/20-0516_article

ten koostumuksia kuin koeryhmät *ilman* väitettyjä viruksia sisältävää näytettä? ...Yhteenvetona voidaan todeta, että jos käytettiin kontrolliryhmiä, luettelkaa ystävällisesti kontrolliryhmien tiedot.”[120] Sen sijaan, että CDC olisi pyytänyt Jennifer Harcourtia tai jotakuta hänen tiimistään vastaamaan tähän yksinkertaiseen pyyntöön, CDC vastasi 29.3.2022, että he olivat "paikantaneet 37 sivua responsiivisia tietueita ja yhden Excel-laskentataulukon", väitetysti pyydetyn materiaalin mukaisesti.[121] Yhteenvetona CDC:n "responsiiviset tietueet" sisälsivät seuraavat:[122]

1. CDC:n sisäiset sähköpostit, joissa jaetaan kuvia, kuten kuva 6, joiden tarkoituksena on näyttää "kuvat mahdollisesta 2019 N-CoV:sta ensimmäisestä Yhdysvaltain tapauksesta". CDC:n tutkimusmikrobiologi Azaibi Tamin toivoi, että "jotkut näistä seitsemästä lysaatista osoittavat, että CPE johtuu 2019 N-CoV:sta", kun taas Stephen Lindstrom kommentoi niiden olevan "erittäin mukavia onnettomia soluja". Hengitystievirus-immunologiaryhmän johtaja Natalie Thornburg kysyi sitten, voisivatko he "lähettää alkuperäiset JPEG- tai TIFF-tiedostot CPE-kuvilleen? Haluan alkaa työstää julkaisujen laatua".
2. GenBankin tallennusnumerot MT020880 ja MT020881, jotka on lueteltu Harcourt ym./ CDC-julkaisussa ja jo julkisesti saatavilla.
3. Na Zhu ym. *New England Journal of Medicine* tutkielma, "A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019"[123], jossa CDC elektronimikroskopisti Cynthia Goldsmithin mukaan: "Kuvassa 3 on kaksi erittäin hienoa EM-kuvaa, yksi "ihmisen hengitysteiden epiteelistä". Käsitelimme tämän tutkielman hulluuksia esseessämme *The COVID-19 Fraud & War on Humanity*, Na Zhu työryhmineen on syyllistynyt myös kudosviljelyjen hajoamiskokeisiin ilman kontrollia, joissa he nimesivät elektronimikroskooppikuvat solunulkoisista vesikkeleistä, joiden koostumus ja biologinen toiminta on todistamaton, "2019-nCoV".[124] (Yksi tutkielman kirjoittajista Wenjie Tan sanoi Torsten Engelbrechtille 18.3.2020, että heillä oli "kuva sedimentoituneista viruspartikkeleista, ei puhdistetuista".[125] Näin ollen väite, että ne ovat "viruspartikkeleita", on vain julistus, koska

[120] By email to FOIA Requests (CDC), "FOIA: Control Group Information requested for Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 from Patient with Coronavirus Disease, United States", 1.8.2021.

[121] Leger from Roger Andoh, CDC/ATSDR FOIA Officer, "#21-01704-FOIA", 29.3.2022: <https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/05/CDC-Harcourt-mock-infected-MS-PACKAGE-redacted.pdf>

[122] Ibid: 37-page PDF document from Roger Andoh, CDC/ATSDR FOIA Officer, "USA CDC - Controls - Responsive Records.pdf", 29.3.2022.

[123] Na Zhu et al., "A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019", *New England Journal of Medicine*, 382 (20.2.2020, julkaistu ensin 24.1.2020, päivitetty 29.1.2020), 728: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31978945/>

[124] Mark Bailey & John Bevan-Smith, "The COVID-19 Fraud & War on Humanity", 11.11.2021: <https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/>

[125] Torsten Engelbrecht & Konstantin Demeter, "COVID19 PCR Tests are Scientifically Meaningless", *off-Guardian*, 27.6.2020: <https://off-guardian.org/2020/06/27/covid19-pcr-tests-are-scientifically-meaningless/>

tutkielmassa ei ole osaa, joka osoittaisi näiden kuvailtujen vesikkelien koostumusta tai biologista toimintaa.)



Kuva 6. Heidän 29.3.2022 antamassaan FOIA-vastauksessaan CDC ei toimittanut "valepreparaatin" yksityiskohtia, vaikka niitä erityisesti pyydettiin. Muiden kuvien oletetaan olevan todiste SARS-CoV-2:n sytopaattisista vaikutuksista (ja siten *oletetusta* olemassaolosta).

4. Laskentataulukko ei-informatiivisilla PCR-syklin raja-arvoilla "4 virukselle", jotka oli toimitettu CDC:n hengitystievirusten diagnostiikkalaboratorioon.
5. Sivun alku, joka alkaa sanoilla "hallinnollisen mukavuuden vuoksi ja vastatakseni täysin pyyntööni, ohjelman henkilökunta on toimittanut alla seuraavat tiedot vastaavien verkkolinkkien kanssa", joka ei antanut mitään tietoa siitä, kuinka CDC:n "viruksen eristys" kokeita kontrolloitiin asianmukaisesti.

23.12.2021 Christine Massey esitti myös CDC:lle pyynnön saada täydelliset tiedot Harcourt ym. "valetartunnan" kokeesta, mukaan lukien "soluviljelmän kontrolliryhmään lisättyjen infektoitumattomien nenänielun ja suunnielun vanupuikkonäytteiden materiaalin määrä." [126] CDC

[126] Christine Massey, by email to CDC, "FOIA request to CDC: Harcourt et al. 'SARS-COV2 isolation' paper - unpublished details", 23.12.2021: <https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/05/CDC-Harcourt-mock-infected-CM-PACKAGE-redacted.pdf>

vastasi lopulta Massey'n pyyntöön 10.5.2022 36 sivulla yhtä hyödyttöä tietoa ja tekosyillä, että:

Tiettyjen pyyntönne osien osalta arkistojemme haku ei paljastanut pyyntöönne liittyviä asiakirjoja. Nämä osat liittyvät pyyntöönne koskien tiettyjä "...Soluviljelmän – koeryhmän yksityiskohtia:" ja "Soluviljelmän - "Valetartunnan saaneiden"/kontrolliryhmän yksityiskohtia:" ja "Koko genomien sekvensointi - puhtaus- ja kontrollitietoja:" Pyyntöönne lähetettiin National Center for Immunisation and Respiratory Diseases (NCIRD) hakuun. He vastasivat, että tietyt pyyntöönne tiedot eivät olleet saatavilla CDC:n hallitsemina tai ylläpitäminä tietueina.[127]

Toisin sanoen CDC vaikuttaa täysin tietämättömältä siitä tosiasiasta, että se ei noudata tieteellistä metodologiaa tai se on ymmärtänyt, että peli on paljastunut ja se osallistuu epärehellisiin vastatoimiin. Joka tapauksessa sitä ei voida ottaa vakavasti luotettavan tieteellisen informaation lähteenä, jos se myös edistää kontrolloimattomia kokeita todisteena viruksista.

PENG ZHOUN YM:N PALJASTUKSET

On ollut tilanteita, jolloin tutkijat ovat antaneet metodologioitaan koskevia vastauksia, joissa he, tahallaan tai ei, ovat yllättävän rehellisiä epätieteellisistä kokeistaan. 3.2.2020 Peng Zhou työryhmineen julkaisi *Nature*-lehdessä artikkelinsa "Keuhkokuume-epidemia liitettyä uuteen koronavirukseen, jonka alkuperä on todennäköisesti lepakko", väittäen "uuden koronaviruksen (2019-nCoV) tunnistamisen ja karakterisoinnin".[128] Kirjoittajat esittivät "eristämisen" kokeestaan kuvia, joissa näkyy ilmeisiä CPE:itä oletetuissa "2019-nCoV-tartunnan saaneissa" Vero E6 -soluissa, mutta ei CPE:itä "vale-infektoiduissa soluissa",[129] jälkimmäisen esitettiin olevan kontrolli. Mutta mikä oli tämän näennäisen kontrollikokeen luonne? Yksityiskohtia ei annettu heidän julkaistussa tutkielmassaan, joten yksi kollegani otti heihin yhteyttä elokuussa 2021, hän sai hämmästyttäviä tunnustuksia yhdeltä tutkielman kirjoittajista, Xing-Lou Yangilta. Ensinnäkin sen tosiasian lisäksi, että ei ollut positiivisia kontrollikokeita (eli vertailukelpoisilla ihmisenäytteillä miinus väitetty virus), Yang ilmoitti kaksinkertaistaneensa penisilliinin ja streptomysiinin annok-

[127] Leger from Emerique Magyar, CDC/ATSDR FOIA Officer to Christine Massey, "#22-00578-FOIA", 10.5.2022: <https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/05/CDC-Harcourt-mock-infected-CM-PACKAGE-redacted.pdf>

[128] Peng Zhou, et al., "A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin", *Nature*, 579, 12.3.2020: <https://www.nature.com/articles/s41586-020-2012-7>

[129] Ibid. "Extended Data Fig. 6: Isolation and antigenic characterization of 2019-nCoV": <https://www.nature.com/articles/s41586-020-2012-7/figures/9>

sen koeryhmässä.[130] Kun kysyttiin, miksi tätä muuttujaa muutettiin, vastaus oli: "Anti-Antin [kaksi antibioottia] tarkoituksena on estää bakteerien tai sienten aiheuttama kontaminaatio viruksen eristämisen aikana, joten 1 % tai 2 % pitoisuus ei vaikuttanut solujen kasvuun. 2 % 1. sukupolvessa oli tarkoitettu vain estämään näytteiden aiheuttama kontaminaatio." [131]

Kollegani ehdotti, että heidän pitäisi suorittaa "kontrolli"-koe uudelleen suuremmilla annoksilla antibiootteja varmistaakseen, ettei tämä ollut yksi niistä tekijöistä, jotka indusoivat CPE:tä munuaissolulinjassa. Yang vastasi myöhemmin, että "jos voit varmistaa, että pystyt estämään bakteereiden tai sienten aiheuttaman saastumisen, sinun ei tarvitse käyttää Anti-Antia", [132] jättäen ilmeisesti huomiotta sen ratkaisevan kohdan, että se voisi olla antibioottien lisääminen itsessään, joka oli myrkyllisiä soluille (erityisesti, koska streptomysiinin tiedetään olevan munuaistoksinen). Ainakin he olivat muuttaneet muita muuttujia verrokkeihinsa ja siten mitätöineet tulokset entisestään.

Toinen tekijöiden hämmästyttävä paljastus oli, että heidän koeryhmässään vain yksi 24:stä Vero E6 -munuaissoluviljelmiä sisältävästä kuopasta osoitti todisteita CPE:stä.[133] Joten se, mitä pitäisi pitää kokeellisena virhemarginaalina, on perustana yhdelle väitetyistä tappavasta uudesta taudinaiheuttajasta, joka on kuvattu artikkelissa, jota on heinäkuusta 2022 lähtien katsottu 1,34 miljoonaa kertaa ja lainattu yli 10 tuhatta kertaa.[134] Ymmärtävätkö muut tähän artikkeliin viittaavat kirjoittajat seitinohuen "todisteen", jolle tämä korttitalo nimeltä COVID-19 on rakennettu? Heitä ei ehkä huoleta tällainen paljastus, koska biologisia kokeita hylätään yhä enemmän, kun taas *in silico* "genomien" väitetään absurdisti tarjoavan riittävää näyttöä virusten olemassaolosta. Zhoun ja työryhmän tapauksessa heidän tietokonesimulaationsa julistettiin ylpeänä olevan "96 % identtinen koko genomien tasolla lepakon koronaviruksen kanssa". He päättivät mallintaa uuden viruskeksintönsä tätä sekvenssiä vastaan perustuen hölynpölyyn, että: "Aiemmat tutkimukset ovat osoittaneet, että joillakin lepakoiden SARS-CoV-viruksilla on mahdollisuus tartuttaa ihmisiä." [135] Heidän ohjelmistonsa muodostivat GenBankin tallennusnumerot MN996527–MN996532, ja tämä keinotekoinen "todiste", josta myös puuttuu pätevä kontrolli, on dokumentoitu tässä esseessä.

[130] (Personal correspondence by email from Xing-Lou Yang, 5.8.2021.)

[131] Ibid.

[132] Ibid.

[133] Ibid.

[134] Article metrics, "A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin", *Nature*: <https://www.nature.com/articles/s41586-020-2012-7/metrics> (käyty 1.4.2022).

[135] Peng Zhou, et al., "A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin", *Nature*, 579, 12.3.2020: <https://www.nature.com/articles/s41586-020-2012-7>

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

Kuva 7. Peng Zhou ym. tutkimus ja heidän aiemmin julkistamaton metodologia: kaksinkertaista antibioottien määrä koeryhmässä nähdäkseen CPE:t vain yhdessä 24 kuopasta. Tämän julistetaan olevan todiste uudesta viruspatogeenistä "2019-nCoV", joka myöhemmin nimettiin SARS-CoV-2:ksi.

LISÄÄ PETOSTA WUHANISTA?

Vuoden 2022 alussa matemaatikko, joka työskenteli tohtori Stefan Lankan kanssa, julkaisi Fan Wun ja työryhmän tuottaman analyysin asiaan liittyvistä sekvenssitiedoista.[136] Hämmästyttävästi pääteltiin, että:

de novo -koonpanon toisto Megahitin kanssa (v.1.2.9) osoitti, että julkaistuja tuloksia ei voitu toistaa. Olemme saaneet havaita ihmisperäisiä (ribosomaalisia) ribonukleiinihappoja, toisin kuin raportoidut [Fan Wu ym.]... Ei ole todisteita siitä, että vain virusnukleiinihappoja käytettiin väitetyn SARS-CoV-2-viruksen genomien konstruoimiseen. Edelleen, mitä tulee väitetyn virusgenomijuosteen konstruoimiseen, tuloksia mahdollisista kontrollikokeista ei ole julkaistu. Tämä pätee yhtä lailla kaikkiin muihin tässä työssä tarkasteltuihin referenssi-sekvensseihin. SARS-CoV-2:n tapauksessa ilmeinen kontrolli olisi se, että väitettyä virusgenomia ei voida koota epäilyistä ihmisen tai jopa muun alkuperän RNA-lähteistä.

Sen lisäksi, että virologian nykyiset metodologiat virusten löytämiseksi tulisi hylätä, heidän oman kokeensa toistettavuuden puute herättää välittömästi kysymyksiä olosuhteista, joissa SARS-CoV-2:n alkuperäiset keksijät ilmoittivat uudesta viruksesta maailmalle. Itse asiassa tämä riippumaton analyysi sai vain 28 459 jatkumoa, mikä on huomattavasti vähemmän kuin Fan Wu ym. kuvaama luku (384 096). Lisäksi pisin itsenäisesti saatu jatkumo oli 29 802 nukleotidia, mikä oli 672 nukleotidia lyhyempi kuin Fan Wu:n, mikä tarkoittaa, että "julkaistut sekvenssitiedot eivät voi olla koosteessa käytettyjä alkuperäisiä lukuja". Matemaatikon analyysi päätteli myös, että:

[136] "Strukturelle Analyse von Sequenzdaten in der Virologie · tabellen und Abbildungen", *WiSSeNSCHAFFtPLUS magazin*, 01/2022. English version: <https://brandfolder.com/s/3z266k74ppmnwkvfrxs6jjc>

Kohdistus nukleotiditietokannan kanssa 05/12/2021 osoitti korkean vastaavuuden (98,85 %) "Homo sapiens RNA, 45S preribosomaalinen N4 (RNA45SN4), ribosomaalinen RNA" (GenBank: NR_146117.1, päivätty 04/07/2007) kanssa. Tämä havainto on risti-riidassa väitteen [1] kanssa, jonka mukaan ribosomaalinen RNA depletio suoritettiin ja ihmisen sekvenssilukemat suodatettiin käyttämällä ihmisen referenssigenomia (ihmis-kooste 32, GRCh38.p13). Tässä on erityisen huomionarvoista se tosiasia, että sekvenssi NR_146117.1 julkaistiin vasta tässä tarkasteltavan SRR10971381-sekvenssikirjaston julkaisussa. Tämä havainto korostaa vaikeutta määrittää etukäteen vaadittujen virus-genomisekvenssien konstruktoimiseen käytettyjen yksittäisten nukleinihappofragmenttien tarkka alkuperä.

Joka tapauksessa ongelmat eivät loppuneet tähän. Joidenkin jatkumojen kattavuusjakauma oli äärimmäisen epähomogeeninen, ja korkean virhesuhteen vuoksi se herätti kysymyksen siitä, olivatko jotkin sekvenssit vain itse PCR-amplifikaatio-olosuhteiden tuottamia. Se on jälleen anti-tieteellinen metodi, koska asianmukaisia kontrollikokeita (samanlaisilla ihmisperäisillä näytteillä) ei suoriteta näiden mahdollisuuksien tutkimiseksi. Riippumaton analyysi paljasti, että Fan Wu ja hänen työryhmänsä olisivat voineet löytää parempia *in silico* -konsensusvastaavuuksia HIV:lle ja "hepatiitti D -virukselle" kuin "uudelle koronavirukselle" heidän 41-vuotiaasta, Wuhanista kotoisin olevasta miehestään, joka esiteltiin keuhkokuumeen vuoksi yhtenä ensimmäisistä väitetyistä COVID-19-tapauksista. Jos virologit haluavat löytää viruksen, kaikki riippuu siitä, kuinka he suunnittelevat protokollansa ja mitä he pyytävät tietokonetta etsimään – ja kuinka nämä ennustajat tietäisivät, mitä etsiä?

PROFESSORI STEPHEN BUSTININ ALUSTUS PCR-PANDEMIAN

Tutkijoilla on taipumus olettaa, että kaikki heidän kiinnostuksen kohteensa ulkopuolella oleva on totta ja että he voivat vain luottaa siihen.

- David Crowe Stephen Bustinin haastattelun jälkeen huhtikuussa 2020.[137]

COVID-19-"pandemian" illuusion ylläpitämiseksi tarvittiin tapauksia. Nämä toteutettiin maailman kaikkien aikojen suurimmalla ihmisten "testausohjelmalla", joka käsitti miljardeja ympäri maailmaa jaettuja PCR-tarvikkeita. Meille on edelleen epäselvää, miksi Stephen Bustin, joka on "maailmankuulu kvantitatiivisen PCR:n asiantuntija, ja hänen tutkimuksensa keskittyy molekulaaristen tekniikoiden muuntamiseen käytännöllisiksi, vankoiksi ja luotettaviksi työkaluiksi kliiniseen

[137] *The Infectious Myth* with David Crowe - "Simplifying RT-PCR", 21.4.2020: <https://infectiousmyth.podbean.com/e/the-infectious-myth-simplifying-rt-pcr/>

ja diagnostiseen käyttöön"[138], ei onnistunut ratkaisevasti huomauttaa PCR-prosessin epäasianmukaisesta käytöstä. Bustin oli johtava kirjoittaja vuoden 2009 julkaisussa "The MIQE Guidelines: Minimum Information for Publication of Quantitative Real-Time PCR Experiments"[139], jossa reaaliaikaisten PCR-testien keskeiset käsitteelliset näkökohdat hahmoteltiin seuraavasti:

1. **2.1 Analyttisellä herkkydellä** tarkoitetaan näytteen kopioiden vähimmäismäärää, joka voidaan mitata tarkasti määrityksellä, kun taas **kliininen herkkyys** on niiden yksilöiden prosenttiosuus, joilla on tietty sairaus ja joiden määrittäminen tunnistaa positiiviseksi kyseiselle sairaudelle...
2. **2.2 Analyttinen spesifisyys** viittaa qPCR-määrittämiseen, joka havaitsee sopivan kohdesekvenssin muiden ei-spesifisten kohteiden sijaan, joita näytteessä myös on. **Diagnostinen spesifisyys** on niiden yksilöiden prosenttiosuus, joilla ei ole tiettyä terveydentilaa ja jotka määrittäminen tunnistaa negatiiviseksi kyseiselle tilalle.

Jos Bustin pysyi uskollisena tieteelle, hänen olisi pitänyt pysäyttää PCR-pandemia tammikuussa 2020, kun Corman-Drostenin PCR-protokollat julkaistiin.[140] Sana "spesifisyys" esiintyy Corman-Drostenin tutkielmassa vain kerran, eikä sillä ollut mitään tekemistä kliinisen terveydentilan diagnosoimisen kanssa, virusinfektiosta puhumattakaan. Ei ollut mitään "2019-nCoV:n havaitsemista", kuten tutkielma väitti. Kaikki, mikä vahvistettiin, oli niiden määrittämisen analyttinen spesifisyys valittujen kohdesekvenssien havaitsemiseksi. Se oli *in vitro* molekulaarisen reaktion koe synteettisellä nukleinihappoteknologialla, joka ei vaadi viruksen olemassaoloa. Lisäksi ei ole varmistettu, kuinka PCR-tulos liittyy kliiniseen tilaan, eli COVID-19 PCR-menetelmien ei koskaan osoitettu diagnosoivan mitään ihmisellä. Keksitty sairaus, joka perustuu kuvitteelliseen virukseen.

Spesifisyyskysymystä lukuun ottamatta ei ollut kovin julkista, että PCR:n maailmankuulu asiantuntija sanoi David Crowelle huhtikuussa 2020, että (jopa virologian omin ehdoin) kutsumalla koronaviruksen PCR-tulosta "positiiviseksi" 36-37 syklissä, kuten tapahtui kaikkialla maailmassa, oli "täydellistä hölynpölyä. Siinä ei ole mitään järkeä."[141] PCR-petos oli kuitenkin vieläkin ilmeisempi, kun Eric Coppelino haastatteli Bustinia Planet Waves FM:ssä helmikuussa 2021.[142] Coppelinin tarkoituksena oli saada lisätietoja RT-PCR prosessin ongelmallisesta käännteistrans-

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

[139] Stephen Bustin, et al., "The MIQE Guidelines: Minimum Information for Publication of Quantitative Real-Time PCR Experiments", *Clinical Chemistry*, 1.4.2009: <https://doi.org/10.1373/clinchem.2008.112797>

[140] Victor Corman, et al., "Detection of 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) by real-time RT-PCR", *Euro Surveill*, 23.1.2020: <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.3.2000045>.

[141] *The Infectious Myth* with David Crowe, "Stephen Bustin on Challenges with RT-PCR", 14.4.2020: <https://infectiousmyth.podbean.com/e/the-infectious-myth-stephen-bustin-on-challenges-with-rt-pcr/>

[142] *Planet Waves FM* with Eric F. Coppelino, "Interview with Dr. Stephen Bustin", 1.2.2021: <https://planetwaves.net/planet-waves-fm-interview-with-dr-stephen-bustin/>

kriptiovaiheesta (RT), mutta hän oli tyrmistynyt haastattelun jälkeen ymmärtäessään, että hänen mielestään joskus epätarkka testi oli täysin vilpillinen.[143] Bustin vaikutti vaivaantuneelta, kun Coppolino huomautti, että kaikkia positiivisia PCR-tuloksia kutsuttiin "vahvistetuksi infektiota-paukseksi", jopa jos heillä ei ollut oireita.[144] Sen sijaan, että olisi myöntänyt, että PCR-testien diagnostista spesifisyyttä ei ollut koskaan varmistettu, Bustin tarjosi toisarvoisia selityksiä, kuten väitteen, että "teho-osastot ovat ylikuormittuneet tällä hetkellä".

Lisäksi hän puolusti käytössä olevia PCR-protokollia väittäen: "Tämä keuhkokuume oli tämän viruksen aiheuttama. Ja tämä virus alkoi ilmaantua, kun yhä useammat ihmiset saivat samoja oireita. Ja nämä alukkeet havaitsivat tuon viruksen." Kun Coppolino painosti häntä viruksen eristämisen puutteesta voidakseen esittää nämä väitteet, Bustin vastasi: "Tapa, jolla sekvenssi määritettiin ottamalla näytteet alkuperäisestä potilaasta, kasvattamalla jotain ja sitten sekvensoimalla se ja sitten purkamalla sekvenssi ja se, mitä siitä seurasi, oli SARS-virus." Valitettavasti Bustin tuki virologian sanan "eristys" väärinkäyttöä ja "viruksen" havaitsemiseen liittyvää höllää terminologiaa. Ratkaiseva kysymys on, että se ei vaikuta siihen, kuinka hyvin mitkään alukkeet ovat suunniteltuja – jos PCR:n kautta monistettujen geneettisten sekvenssien alkuperää tai merkitystä ei tunneta, niiden pelkästä läsnäolosta ei voida päätellä mitään. Bustin voi vakuuttaa maailman PCR-protokollan potentiaalisesti erittäin korkeasta analyyttisestä suorituskyvystä, mutta sen diagnostisen suorituskyvyn vahvistaminen on siellä, missä kumi kohtaa tien eli teoria konkretisoituu käytäntöön. Vaikka SARS-CoV-2:n fyysinen olemassaolo olisi osoitettu ja PCR hyväksyttäisiin päteväksi diagnostiseksi työkaluksi, Bustinin olisi myönnettävä, että mitään PCR-määryksiä ei ole kehitetty hänen MIQE-ohjeidensa mukaisesti, eikä yksikään niistä ole kliinisesti validoitu.

Oli yllätys saman haastattelun aikana, että hän kielsi aiemman tietämyksen valheellisesta hinkuyskäepidemiasta Dartmouth-Hitchcockissa, New Hampshirissa vuonna 2006, kun käyttöön otettu PCR-menetelmä johti 100-prosenttiseen väärien positiivisten määrään.[145] Bustin väitti saaneensa tietää siitä ensimmäisen kerran vain päiviä ennen haastattelua, noin 15 vuotta sen tosiasian jälkeen lukiessaan siitä Coppolinon verkkosivuilta haastattelua varten annetusta artikkelista. Silti tapaus oli hyvin tiedossa, ja siitä kerrottiin *New York Times* -lehdessä monin kommentein kansanterveyden ja diagnostisten testien ammattilaisten puolesta.[146] Vuoteen 2006

[143] (Personal correspondence from Eric Coppolino.)

[144] *Planet Waves FM* with Eric F. Coppolino, "Interview with Dr. Stephen Bustin", 1.2.2021: <https://planetwaves.net/planet-waves-fm-interview-with-dr-stephen-bustin/>

[145] CDC, "Outbreaks of Respiratory Illness Mistakenly Attributed to Pertussis - New Hampshire, Massachusetts, and Tennessee, 2004-2006", *Morbidity and Mortality Weekly Report*, 24.8.2007: <https://www.cdc.gov/mmwr/preview/mmwrhtml/mm5633a1.htm>

[146] Gina Kolata, "Faith in Quick Test Leads to Epidemic That Wasn't", *The New York Times*, 22.1.2007: <https://www.nytimes.com/2007/01/22/health/22whoop.html>

mennessä Bustin oli molekyylibiologian professori, ja on pieni ihme, että PCR-asiantuntija ei ollut saanut yhtään tiedustelua lääketieteen kollegoilta vuonna 2006, kun tapaus tapahtui. Itse asiassa tuolloin oli olemassa hyvin vähän PCR-asiantuntijoita, joihin ottaa yhteyttä, ja se oli varhainen osoitus siitä, kuinka PCR:ää voidaan käyttää katastrofaalisesti väärin kliinisenä diagnostisena työkaluna. Jos se ei ollut tarpeeksi pahaa, se liittyi tapaukseen, jossa väitetty syyperäinen mikrobi (*Bordetella pertussis* bakteeri) on jotain, joka voidaan eristää fyysisesti ja sen geneettiset sekvenssit vahvistaa PCR:n kalibroimiseksi. Sitä vastoin SARS-CoV-2 PCR-protokollat yksinkertaisesti kalibroidaan tuntemattoman alkuperän geneettisiin fragmentteihin. Kun Coppolino painosti häntä tästä kohdasta, Bustin vastasi: "No, tiedätkö, tämä on tavallinen tapa tehdä tämä, joten en todellakaan voi kommentoida sitä enempää, paitsi että se on minulle täysin hyväksyttävää ja se on tapa tehdä se." [147]

Kun Coppolino haastatteli Bustinia, hän oli jo ollut mukana kirjoittamassa ja lähettänyt artikkelin 'COVID-19 and Diagnostic Testing for SARS-CoV-2 by RT-qPCR – Facts and Fallacies', joka julkaistiin myöhemmin helmikuussa 2021. [148] Tässä artikkelissa Bustin ja muut totesivat: "[Corman-Drosten] testi toimi ja oli spesifinen ja osoitti siihen osallistuneiden tiedemiesten hämmästyttävää viisautta ja epäitsekkyyttä sekä huomattavaa nopeutta, jolla PCR-pohjaisia testejä voidaan kehittää ja ottaa käyttöön." Jättäen huomioimatta hännystelevän ylistyksen, ilmeinen kysymys jää jäljelle, on spesifinen mihin? Tarkoittivatko Bustin ja kumppanit, että PCR-testit ovat spesifisiä (a) lyhyille kohdistetuille RNA-sekvensseille, (b) koronavirukselle, joka tunnetaan nimellä SARS-CoV-2, tai (c) WHO:n keksimälle taudille, joka tunnetaan nimellä COVID-19? Corman-Drosten tutkielma vahvisti vain analyttisen spesifisyyden joidenkin valittujen RNA-sekvenssien monistamiseksi, sillä ei ollut mitään tekemistä viruksen vakiinnuttamisen tai sairauden diagnosoinnin kanssa. *MIQE-ohjeiden* kehittäjä tietää varmasti, että näistä kolmesta vain ensimmäinen oli tieteellisesti vahvistettu, eikä mitään ollut eikä ole validoitu kliiniseen käyttöön. Ja kuitenkin hänen tutkielmansa tekee naurettavan väärän johtopäätöksen: "PCR-testaus soveltuu erittäin hyvin laajamittaiseen testaukseen, kuten miljoonat tähän mennessä tehdyt testit osoittavat päivittäin."

Onko Bustin unohtanut, että "testit" ovat vain molekulaarinen monistustyökalu? Kuten PCR:n keksijä, tohtori Kary Mullis varoitti vuonna 1993: "En usko, että voit käyttää PCR:ää väärin - ei, tuloksia, sen tulkintaa [käytetään väärin]." [149]

[147] *Planet Waves FM* with Eric F. Coppolino, "Interview with Dr. Stephen Bustin", 1.2.2021: <https://planetwaves.net/planet-waves-fm-interview-with-dr-stephen-bustin/>

[148] Stephen Bustin, et al., "COVID-19 and Diagnostic Testing for SARS-CoV-2 by RT-qPCR—Facts and Fallacies", *Int. J. Mol. Sci.*, 28.2.2021: <https://doi.org/10.3390/ijms22052459>

[149] David James, "PCR Inventor: 'It doesn't tell you that you are sick'", *off-Guardian*, 5.10.2020: <https://off-guardian.org/2020/10/05/pcr-inventor-it-doesnt-tell-you-that-you-are-sick/>

PCR yksinkertaisesti monistaa valittuja geneettisiä sekvenssejä, eikä molekulaarisella reaktiolla itsessään ole kykyä määrittää niiden alkuperää tai niiden läsnäolon merkitystä. Jos tietty PCR-protokolla suoritetaan oikein ja sen analyttinen herkkyys ja spesifisyys tunnetaan 100 %, positiivisen tuloksen voidaan sanoa vain vahvistaneen kohdesekvenssin läsnäolon. Jos kuitenkin väitetään, että PCR on diagnostinen työkalu, pitäisi olla selvää, että kliiniset validointitutkimukset on suoritettava ennen kuin testi otettiin käyttöön kliinisessä käytössä. Corman-Drosten tutkielma ohitti tämän vaiheen, ja WHO hyväksyi petoksen sijoittamalla versiot PCR-protokollasta verkkosivuilleen 13. ja 17. tammikuuta 2020, ennen kuin tutkielma oli edes julkaistu.[150] Sen jälkeen PCR:ää käytettiin yksinkertaisesti kehäpäättelyn avulla tekemään väitteitä "infektioiden" diagnosoinnista ihmisissä.

Väitetyn pandemian alkuvaiheen seuraavaan vaiheeseen osallistuivat "asiantuntijat", kuten australialainen tartuntatautiasiantuntija, apulaisprofessori Sanjaya Senanayake, joka esitti yleisölle perusteettomia väitteitä testien tarkkuudesta. Haastattelussa 26.4.2020 hän totesi, että COVID-19-testauksen osalta: "Ei ole todellista kultastandardia, johon tätä voitaisiin verrata... COVID-19:lle meillä ei ole kultastandarditestiä, joten nykyiset käyttämämme testit, PCR-testit... ovat kultastandardimme, mutta jos asiaa yritetään arvioida, uskomme, että se poimii todennäköisesti noin 70 % tapauksista." [151] Senanayake antoi ymmärtää, että jos sinulla ei ole kultastandardia, voit vain olettaa, että uusi PCR-testi voi validoida itsensä. Tämä on kuitenkin vastoin kaikkea testien validointia koskevaa tiedettä. Tämän validointilogiikan vakiintuneiden periaatteiden poikkeamisen vuoksi on epäselvää, kuinka hän laski sen toimivan "noin 70 %" ajasta, puhumattakaan aivovoimistelusta "kultastandardin" suhteen, joka havaitsee itsensä vain 70 % ajasta. Hänen tahattoman myönnytyksensä myötä olisi yksimielisyys siitä, että COVID-19-testauksessa "ei ole todellista kultastandardia", koska todellinen kultastandardi on jotain, jota ei ole olemassa – sen ollessa viruspartikkelin fyysinen eristäminen ja todiste siitä.

WHO ei ollut huolissaan kultastandardin tai viruksen todisteiden puutteesta ja vahvisti PCR-petoksen toteamalla, että COVID-19-tapaus oli "henkilö, jolla oli laboratorion [vuonna 2020, tyypillisesti PCR] vahvistus COVID-19-tartunnasta, riippumatta kliinisistä merkeistä ja oireista". [152] Tässä yhdessä lauseessa he julistavat, että kliinisesti validoimattomilla PCR-testeillä on 100 % diagnostinen spesifisyys, ja he vääristävät sanan "infektio - tartunta" merkityksen käsittämään henkilöt, joilla ei ole merkkejä tai oireita. Sanan 'infektio' etymologia on johdettu

[150] Victor Corman, et al., "Diagnostic detection of 2019-nCoV by real-time RT-PCR", WHO, 17.1.2020: https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/protocol-v2-1.pdf?sfvrsn=a9ef618c_2

[151] Sanjaya Senanayake being interviewed by Jeremy Fernandez on *The Virus*, ABC News, 26.4.2020: <https://iview.abc.net.au/show/virus/series/0/video/NC2032H003S00>

[152] WHO, "WHO COVID-19: Case Definitions", 7.8.2020: https://www.who.int/publications/i/item/WHO-2019-nCoV-Surveillance_Case_Definition-2020.1

latinalaisesta sanasta *inficere*, joka tarkoittaa 'tahriintua'. Lääketieteellinen sanakirja Mosby's Medical Dictionary 2009 toteaa, että infektion määritelmä on: "(1) patogeenisten mikro-organismien tunkeutuminen kehoon, jotka lisääntyvät ja moninkertaistuvat aiheuttaen sairauden paikallisella soluvauriolla, toksiinin erittymisellä tai antigeeni-vasta-ainereaktiolla isännässä, ja (2) sairaus, jonka aiheuttaa patogeenisten mikro-organismien tunkeutuminen kehoon." [153] Vaikka kirjoittaja ei ota kantaa minkään mikrobin olevan patogeeninen, "infektion" vakiintunut merkitys liittyy sairauden tilaan – muuten termiä, kuten "kommensalismi" [154] tulee käyttää. WHO keksi absurdin uuden määritelmän "pandemialle" [155] ja kumoaa nyt infektion määritelmän sellaiseksi, joka irrottaa sen sairauden käsitteestä käyttämällä pelkästään PCR-tuloksia. Kary Mullis ei olisi voinut ilmaista asiaa yksinkertaisemmin sanoessaan, että PCR on "vain prosessi, jota käytetään tekemään jostakin paljon jotain". [156] Valitettavasti useammin kuin kerran COVID-19 aikakaudella vaikutusvaltaiset hahmot, kuten Bustin ja Senanayake, ovat tukeneet virologien molekulaarisen valmistusvälineen käyttöä kaikenlaisten perusteettomien väitteiden esittämiseksi, mukaan lukien sekä vahvistamaton kyky diagnosoida uusi infektio että väitetyn viruksen havaitseminen.

On huomattava, että PCR:n puolueellinen väärintulkinta näyttää alkavan ennen kuin monistusprosessi on edes alkanut. Esimerkiksi Rochen "High Pure Viral RNA Kit", jota käytetään näytteiden valmistukseen PCR:ää varten, sanoo, että se "eristää nopeasti viraalista RNA:ta nisäkkäiden plasmaplastasta, seerumista, kehon nesteistä ja soluviljelmien supernatanteista". [157] On epäselvää toimitetuista tuotetiedoista, kuinka testi erottaisi väitetyn viraalisen RNA:n muista näytteessä olevista RNA:ista. [158] Prosessi sisältää "poly(A)-kantaja-RNA:ta" sitovan lisäysvaiheen, mutta polyadenylaation sekvenssit ovat epäspesifisiä [159] ja seuraava puskurointi ja niiden kuvaamat sentrifugointivaiheet eivät myöskään kykenisi erottamaan RNA:n alkuperää. Tästä huolimatta "protokollat"-osio julistaa, että lopputuote on "puhdistettu viraalinen RNA" [160], joten jokainen tähän

[153] Mosby's Medical Dictionary - 8th edition, 2009, Elsevier.

[154] Merriam-Webster Dictionary määrittelee kommensalismia "suhteeksi kahdentyyppisten organismien välillä, jossa toinen saa ruokaa tai muuta hyötyä toiselta vahingoittamatta tai hyödyttämättä sitä".: <https://www.merriam-webster.com/dictionary/commensalism> (accessed 14.5.2022).

[155] Ron Law, "WHO and the pandemic flu 'conspiracies'", Rapid response, 6.6.2010: <https://www.bmj.com/rapid-response/2011/11/02/who-changed-definition-influenza-pandemic>

[156] David James, "PCR Inventor: 'It doesn't tell you that you are sick'", *off-Guardian*, 5.10.2020: <https://off-guardian.org/2020/10/05/pcr-inventor-it-doesnt-tell-you-that-you-are-sick/>

[157] Roche, "High Pure Viral RNA Kit - Product No. 11858882001": https://lifescience.roche.com/en_au/products/high-pure-viral-rna-kit.html

[158] Roche, "'High Pure Viral RNA Kit - Version: 20, Cat. No. 11 858 882 001' Instructions for Use", 10/2020: <https://pim-eservices.roche.com/LifeScience/Document/96aae49e-ad12-eb11-fe90-005056a772fd>

[159] Mary Edmonds, "A history of poly A sequences: from formation to factors to function", *Prog Nucleic Acid Res Mol Biol*, Vol 71, 2002: [https://doi.org/10.1016/S0079-6603\(02\)71046-5](https://doi.org/10.1016/S0079-6603(02)71046-5)

[160] Roche, "'High Pure Viral RNA Kit - Version: 20, Cat. No. 11 858 882 001' Instructions for Use", 10/2020: <https://pim-eservices.roche.com/LifeScience/Document/96aae49e-ad12-eb11-fe90-005056a772fd>

perusteettomaan väitteeseen uskova luulee myöhemmän positiivisen RT-PCR-tuloksensa olevan todiste viruksesta. Samaa voidaan sanoa Rochen "High Pure Viral Nucleic Acid Kit" -menetelmästä, jota käyttävät Na Zhun ja Peng Zhoun kaltaiset ryhmät väittäessään löytäneensä SARS-CoV-2:n potilasnäytteissä ja soluviljelykokeissa. Jälleen kerran Roche esittää harhaanjohtavan väitteen, että "protokollat" osiossa kuvatut vaiheet johtaisivat "puhdistettuihin viruksen nukleiinihappoihin".[161]

Sattumalta Bustinilta kysyttiin nimenomaan Rochen väitteistä, kun hänelle esitettiin seuraava: "Oletan, että menetelmän täytyy pystyä erottamaan viraaliset NA:t [nukleiinihapot] kaikista muista. Onko viraalisilla NA:illa kemiallisesti ainutlaatuinen ominaisuus?" Hän vastasi: "Uuttamisprosessi ei ole spesifinen millekään tietylle nukleiinihapolle, mutta se voi olla spesifinen nukleiinihappotyypeille. Jotkut menetelmät voivat erottaa [*sic*] DNA:ta tai RNA:ta, mutta tämä tarkoittaa, että *mitä tahansa DNA:ta ja RNA:ta* on läsnä uutetussa näytteessä [korostukseni]... Pieni määrä uutettua materiaalia altistetaan sitten PCR-reaktiolle. Tämä tarjoaa spesifisyyden."[162] Toisin sanoen Bustin ei vaatinut selitystä Rochen vilpillisille väitteille, vaan hämäsi asian korvaamalla nukleiinihappojen alkuperän spesifisyyden PCR:ää varten valittujen sekvenssien spesifisyydellä. Tämä vastaa kielellistä silmänkääntötempua, joka auttoi "viruksen" ilmestymään tyhjästä.

OSA 3

PIENI VUORISTOKOIRA – NAIIVIA VAI KAASUVALOTUSTA?

En olisi koskaan nähnyt sitä, jos en olisi uskonut siihen.

- Ashleigh Brilliant[163]

Tiedämme väitteen, jonka mukaan lääketieteen ja tiedeyhteisön enemmistön olisi mahdotonta tietoisesti sekaantua virologian epätieteellisiin metodologioihin COVID-19-petoksessa. Kirjoittaja ei edistä tällaista hypoteesia, vaikka on ihmetelty, voidaanko tietämättömyyttä käyttää puolustuksena ja kuinka kauan? Tästä syystä tässä esseessä ehdotettiin (luvussa "Mitä on virologia?") aiemmin, että "tieteellisen metodin hylkääminen saattaa olla huomaamatonta tai tahatonta alemman tason osallistujien kohdalla". Vastavalmistuneet virologit on koulutettu seuraamaan vanhempien kollegoidensa metodologioita, eivätkä he todennäköisesti pääse pitkälle valitsema-

[161] Roche, "High Pure Viral Nucleic Acid Kit - Version: 20, Cat. No. 11 858 874 001' Instructions for Use", 10/2020: <https://pim-eservices.roche.com/LifeScience/Document/d927229f-ad12-eb11-0091-005056a71a5d>

[162] (Personal correspondence from Stephen Bustin to my colleague, 15.10.2021.) 163 <https://www.ashleighbrilliant.com/>

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

laan uralla ja tietysti sen rahoituksessa, jos he asettavat kyseenalaiseksi laboratoriotyönsä perustan.

29.1.2020 näennäisesti kiinalainen virologian tiedemies, joka tunnetaan nimellä "Winjor Pieni vuoristokoira", julkaisi tekstin, jonka otsikko on "Dokumentoidaan ensimmäinen kokemus uuden koronaviruksen löytämisestä".[164] Se kuvasi intohimoista tarinaa sisäpiiriläisestä, joka oli päättänyt saada totuuden esiin siitä, mitä tapahtui Wuhanissa edellisen kuukauden aikana ja kuka todella "löysi" WH-Human 1:n eli WH-01/2019:n, joka nimettiin myöhemmin uudelleen nimellä SARS-CoV-2. Niille meistä, jotka ovat tietoisia COVID-19 huijauksessa tapahtuneesta petoksesta, teksti on varmasti epäilyttävä osana kaasupalotusoperaatiota. Muutoin, suhteellinen helppous päätellä, mistä laboratorion tarina on peräisin, saa kirjailijan näyttämään äärimmäisen naiivilta Kiinan kommunistisen valtion asukkaaksi. Dokumentti esitetään kuitenkin sellaisena kuin se on kuvattu; eli kertoja uskoo heidän löytäneen viruksia seuraavissa valituissa kohdissa.

Kävin juuri töissä 26.12.2019. Kuten tavallista, selailen ensin mNGS patogeenisten mikro-organismien automaattisen tulkinnan tuloksia tälle päivälle.

Tässä kirjoittaja kuvaili heidän laboratoriotaan suorittamassa metagenomista NGS:ää potilaiden raakanäytteillä, kuten tämän esseen edellisissä osissa on kuvattu. Se asetti teeman kirjoittajan tekstille, jossa kuvattiin "viruksia" geneettisinä sekvensseinä, jotka voidaan havaita ympäristössä ja koota tietokoneohjelmistolla.

Yllättäen havaittiin, että yksi näyte raportoi herkän patogeenin - SARS-koronaviruksen, kymmenillä sekvensseillä, ja tässä näytteessä on vain tällainen merkityksellinen patogeeni.

Tämä on uskomaton harppaus moninaisista sekvensseistä, jotka on havaittu raakanäytteestä, raporttiin "patogeenistä", ilmeisesti sillä perusteella, että tämä voidaan määrittää tietokoneohjelmalla. Sen lisäksi tietokone on löytänyt "SARS-koronaviruksen", joten sen tiedetään jotenkin liittyvän kliiniseen tilaan "vakava akuutti hengitystieoireyhtymä".

...tämä patogeeni muistuttaa eniten lepakko-SARSin kaltaista koronavirusta, yleisellä noin 87 % samankaltaisuudella ja noin 81 % samankaltaisuudella SARSin [SARS-CoV-1] kanssa. Linjauksessa olevien sekvenssien määrä on kasvanut kymmenistä yli 500:aan. Lisäksi on koottu 5 jatkumoa, jotka ovat yhteensä yli 1200 bp. Tällä hetkellä voidaan periaatteessa vahvistaa, että kyseessä on koronavirus...Näin kiireellisessä tilanteessa ei ole aikaa tutkia

[164] 29.1.2020: <https://freewechat.com/a/MzAxMjMyMDk0Ng==/2650112053/1/1580318101>, One of the English translations: "Documenting the first experience of discovering a novel coronavirus": https://github.com/flodebarre/covid_origin_documents/blob/main/2020-01-30_LittleDog.md

kirjallisuutta, eikä dataakaan ole paljon käsillä...Analysoimme edelleen tuhansia korona-virusgenomeja mattomaisella tavalla ja arvioimme niitä samankaltaisuuden, kattavuuden ja tasaisen genomien jakautumisen suhteen, ja löysimme lopulta kaksi samankaltaisinta genomia, lepakko-SL-CoVZC45 ja lepakko-SL-CoVZXC21.

Ja näin vain, viruksen olemassaolo "vahvistetaan" vertaamalla joitain uusia *in silico* -kokoonpanoja muihin, aiemmin geneettisiin tietokantoihin toimitettuihin *in silico* -kokoonpanoihin. Kirjoittaja siirtyy kuvailemaan seuraavaa fylogeneettisen puun analyysin toimintaa ja evoluutiopolun rakentamista virologian kuvitteellisen sukupuun uusimpaan lisäykseen. Puuttuu täysin käsitys siitä tosiasiasta, että viruksella on oltava todellinen fyysinen olemassaolo erillisenä partikkelina, jolla on spesifiset biologiset ominaispiirteet, mukaan lukien kyky infektoida isäntiä ja aiheuttaa sairauksia. Kirjoittaja vain vakuutti, että "analyysi on periaatteessa vahvistanut, että tämän potilaan näytteessä todellakin on virus". Myöhemmin tekstissä he tuovat esiin hieman varovaisuutta kliinisen patogeenisyyden suhteen, mutta ovat edelleen vakuuttuneita sen olemassaolosta kommentoimalla ohimennen: "Oli keuhkokuume tämän viruksen aiheuttama tai ei, emme analysoineet sitä, emmekä voineet analysoida sitä. Viruksen havaitseminen ei tarkoita, että keuhkokuume olisi viruksen aiheuttama."

...joulukuun 30. päivään mennessä kuulin, että on melko paljon potilaita samanlaisilla oireilla... Se, mikä todella hermostutti jälleen, oli se, kun ystävä ja liikemies jakoivat meille sekvenssin analysoitavaksi. Analysoin sen, ja se oli todellakin sama virus! Ensimmäinen ajatus alitajunnassa on "tämä virus on tarttuva"!

On epäselvää, tiesikö kirjoittaja, että Wuhanissa kuvailtuja potilaita vaivanneet "samankaltaiset oireet" olivat kaikki epäsosifisiä hengitystieoireita. Tähän päivään mennessä COVID-19 ei ole ollut legitimiä määritelty kliininen tila "vahvistettujen" tapausten viitatessa yksinkertaisesti molekulaarisen havaitsemisprosessin tulokseen.[165] Lisäksi olemme jo käsitelleet kehäpäättelyä ja "virusgenomin" keksimisen itseensä viittaavaa prosessia virologian metodologian avulla ja sitten väittämällä, että lähes identtisten kokoonpanojen havaitseminen muissa paikoissa on vahvistus sille, että "sama virus" on löydetty.[166]

Hermostuneisuutta on se, että tämä tuntematon virus voi olla yhtä pelottava kuin SARS;

[165] "WHO COVID-19 Case definitions: Updated in Public health surveillance for COVID-19 | COVID-19: Surveillance, case investigation and epidemiological protocol", 16.12.2020: https://www.who.int/publications/i/item/WHO-2019-nCoV-Surveillance_Case_Definition-2020.2 (Pienessä alaviitteessä todetaan: "Valvontatapaus-ten määritelmiä ei pitäisi käyttää ainoana perustana ohjattaessa kliinistä hoitoa.")

[166] Mark Bailey & John Bevan-Smith, "The COVID-19 Fraud & War on Humanity", 11.11.2021: <https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/>

jännitystä on se, että havaitsimme ja vahvistimme tämän patogeenin varhaisessa vaiheessa mNGS-teknologian avulla ja asetimme potilaan karanteeniin, ja saattaa olla mahdollista estää ja hallita virusta ennen kuin se leviää laajalle, kehtoon kuristettuna!... Toivon myös, että kun olemme kokeneet tämän uuden koronavirustapauksen, maan kyky käsitellä suuria kansanterveystapahtumia on edistynyt suuresti... Sikäli kuin tiedän, meidän olisi pitänyt löytää tämä virus ensimmäisinä, koska vasta tulosten raportoimisemme jälkeen taudintorjuntajärjestelmä alkoi puuttua asiaan.

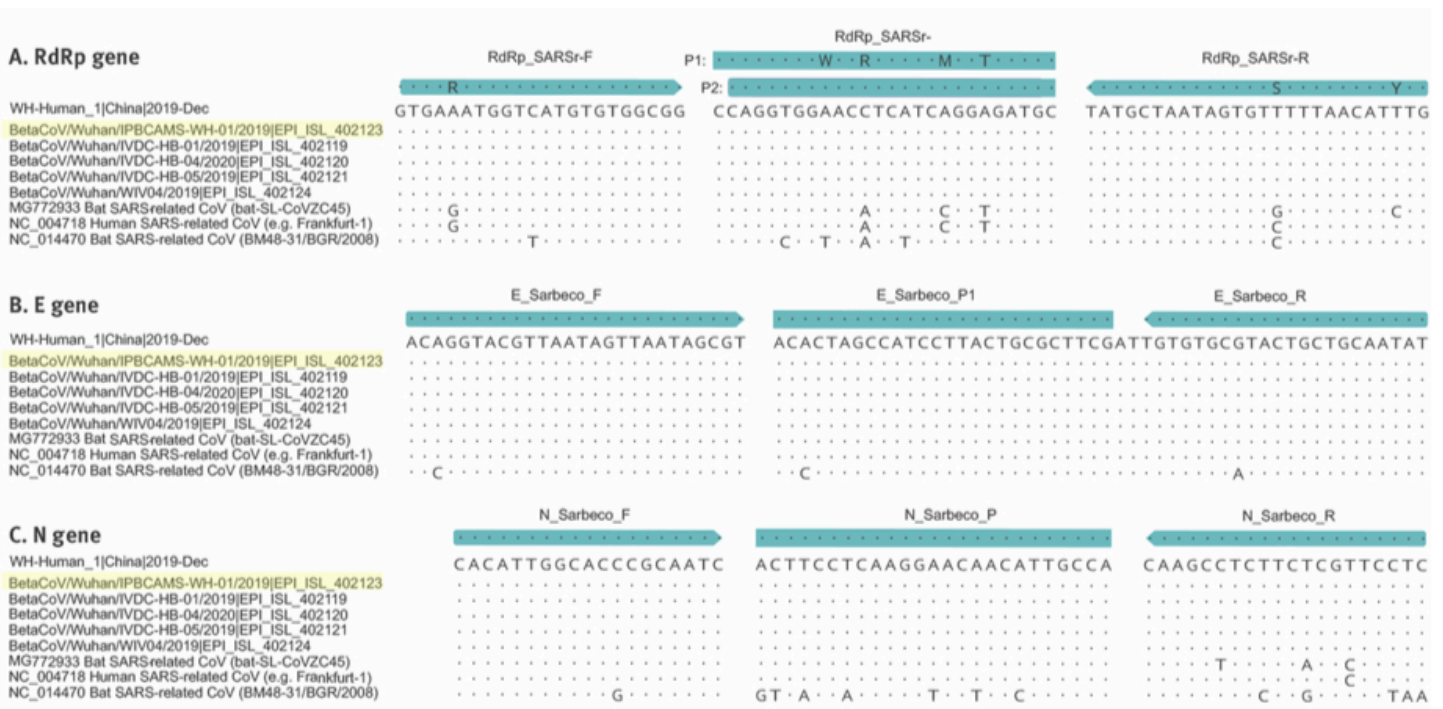
Lukijan asia on päättää, uskoiko kirjoittaja todella, että he löysivät ensimmäisenä SARS-CoV-2:n, ja että kansanterveysasiantuntijoilla on nämä kyvyt, vai oliko tämä teksti suunniteltu ja "vuodettu" vielä yhtenä osana COVID-19 propagandaa. Koskaan ei ollut mitään virusta, joka olisi levinnyt. Ainoa asia, joka levisi ympäri maailmaa pelon lisäksi, oli kuvitteellinen WH-Human 1 -genomi ja PCR-testit, jotka oli kalibroitu sen sekvensseihin. "Pandemia" olisi voitu pysäyttää siihen paikkaan näiden testien hylkäämisellä; sen sijaan tietämättömät julkisen terveydenhuollon "asiantuntijat" uskoivat virologian tieteenvastaisuutta ja ovat siitä lähtien osallistuneet COVID-19-petokseen.

Pieni vuoristokoira halusi oletettavasti tiedettävän, että heidän laboratorionsa oli "ensimmäinen, joka löysi viruksen", seuraten heidän Wuhan-näytteensä keräämistä 24.12.2019 ja myöhemmin GISAID-tietokantaan 11.1.2020 jättämistä tallennusnumerolla 'EPI_ISL_402123'. Yhdessä Fan Wun ym:n *in silico* -sekvenssin kanssa, EPI_ISL_402123 oli käytössä Christian Drostenin tiimin PCR-protokollien suunnittelussa (näkyvä alla olevassa kuvassa 8). Kuitenkin, kuten David Rasnick huomautti, "he eivät koskaan koskeneet virukseen lainkaan". Tämä tarjoaa ironisen elementin laboratoriovuodon hypoteesiin; narratiivi, joka ilmestyi valtamediaan niin aikaisin kuin helmikuun 2020 alussa.[167] "Virus" keksittiin varmasti laboratoriossa, mutta se oli tietokonelaboratorio ja ainoa tarkoituksella vuotanut kokonaisuus oli tietokonesimulaatio. Simulaation tulokset lähetettiin kaikkialle maailmaan digitaalisena koodina internetin kautta, ja tuloksena saadut PCR-alkukeet, joita käytettiin massiivisesti PCR-laitteissa, loivat "tapaukset" COVID-19-petokselle.

Pienen vuoristokoiran tarina jatkui, kun pääkirjoitus otsikolla "Pandemian räjähtäessä, tutkija näki vaaran. Kiinan johtajat vaikenivat" ilmestyi *Washington Postissa* 22.4.2022.[168] He raportoivat, että Pienen vuoristokoiran tukikohta oli kaupallisessa "Vision Medicals" -laboratoriossa Guangzhoussa Etelä-Kiinassa, ja "hänen tarinansa viittaa peittelyyn, jolla on historiallisesti traagiset seuraukset. Vakava vaara piilotettiin, kunnes oli liian myöhäistä." Pääkirjoitus promotoi kaikkia virologisia väitteitä nimellisärvolla ja totesi ironisesti, että "tapaus korostaa jälleen kerran,

[167] "Chronology for Covid & SARS-CoV-2 PCR and Metagenomics": <https://chironreturn.org/>

[168] Editorial Board, "As the pandemic exploded, a researcher saw the danger. China's leaders kept silent", *The Washington Post*, 22.4.2022: <https://www.washingtonpost.com/opinions/interactive/2022/china-researcher-covid-19-coverup/>



Kuva 8. Pienen vuoristokoiran GISAID-tallennus 'EPI_ISL_402123'. Se ilmestyi Fan Wun ym. tallennuksen 'WH-Human_1|China|2019-Dec' rinnalla Corman-Drosten RT-PCR-protokollalle, jossa todettiin, että "kohdistus [WH-Human_1|China|2019-Dec] täydennettiin lisäsekvensseillä, jotka on julkaistu itsenäisesti GISAIDissa". Lähde: "Vuoden 2019 uuden koronaviruksen (2019-nCoV) havaitseminen reaaliaikaisella RT-PCR:llä (kuva 2)."

miksi tarvitaan vakavaa tutkimusta päästäkseen käsiksi siihen, kuinka pandemia sai alkunsa". Tämän aiheen vakava tutkimus osoittaa, että tämän "pandemian" pohjalla ei ole mitään muuta kuin hölynpölyä, virologien keksimänä ja esimerkiksi *Washington Post* -lehden tapaisten ulostulojen levittämänä.

"LABRAVUOTO" HARHAUTUS

Oletat tässä, että isorokko on asia, entiteetti. Melkein kaikki "tavallisen koulun" kannattajat ovat syyllistyneet tähän virheeseen, ja sinulle on luultavasti uusi ajatus kertoa, että isorokko tai mikään muu sairaus ei ole entiteetti, vaan terveydentila.

- Dr Montague R. Levenson, 1909.[169]

19.5.2022 Jeffrey Sachs, Lancet COVID-19 -komission puheenjohtaja, kirjoitti yhdessä Neil Harrisonin kanssa artikkelin, jonka otsikkona oli "Kutsu riippumattomaan tutkimukseen SARS-

[169] "English City of Leicester as Example of Benefits of Abolition of Vaccination", Bridgeport Evening Farmer, 21.8.1909.

CoV-2-viruksen alkuperästä".[170] Julkaisu avasi seuraavalla kehyksellä COVID-19 tilanteesta:

Sen jälkeen, kun [sic] SARS-CoV-2 tunnistettiin Wuhanissa Kiinassa tammikuussa 2020, viruksen alkuperä on ollut kiihkeän tieteellisen keskustelun ja julkisen spekuloinnin aiheena. Kaksi päähypoteesia ovat, että virus ilmaantui ihmisen altistumisesta tartunnan saaneelle eläimelle ("zoonoosi") tai että se ilmaantui tutkimukseen liittyvässä välikohtauksessa.

Oletus, että on olemassa "kaksi päähypoteesia", perustuu kuitenkin sen hyväksymiseen, että SARS-CoV-2:n tunnistaminen tarkoittaa, että partikkelilla on sekä fyysinen olemassaolo että viruksen määritelmän täyttämiseen vaadittavat erityiset biologiset ominaisuudet. Toisin sanoen tarttuva replikaatiokykyinen solunsisäinen loinen, joka aiheuttaa väitetyn uuden "COVID-19"-sairauden. Kuten artikkelissa *The COVID-19 Fraud & War on Humanity* todettiin, ei ole todisteita partikkelin tai ehdotetun uuden taudin olemassaolosta.[171] Lisäksi tässä esseessä on ollut yksityiskohtaisempi erittely Fan Wu ym. tutkielmasta ja heidän valheellisesta väitteestä viruksen "tunnistamisesta" Wuhanissa vuoden 2020 alussa. Toisaalta laboratoriovuodon kannattajat, kuten Sachs ja Harrison, aloittavat analyysinsä hyväksymällä varauksetta virologian perustelemattomat lähtökohdat.

He jatkoivat tutkielmassaan mainiten sellaisia näkökohtia kuin "SARS-tyyppisten lepakko-CoV-virusten kerääminen kentältä...[ja]...näiden virusten analysointi ja manipulointi", valittaen: "Suoritettujen kokeiden tarkka luonne, mukaan lukien kentältä kerätty virusten täysi joukko ja myöhempi näiden virusten sekvensointi ja manipulointi, ovat edelleen tuntemattomia." He eivät selkeästi ymmärrä, että "SARSin kaltaiset lepakko-CoV:t" ovat vain jauhettua lepakon suolistoa, jonka väitetään olevan "patogeeninen" injektoimalla mömmö suoraan vastasyntyneiden rottien aivoihin. Tällaisten näytteiden manipulointi voi olla tapa saada rahoitusta ja tehdä vaikutus tietämättömiin, mutta se ei muuta biologista todellisuutta. Tällaiset kokeet eivät vahvista, että heidän näytteensä sisältävät viruksia tai että niillä olisi patogeenisiä ominaisuuksia luonnossa. Jos he eivät pysty edes osoittamaan virusten olemassaoloa promotoiduissa julkisissa yrityksissään, ei ole paljon huolen aihetta – ei ole väliä, mitä tapahtuu suljettujen ovien takana, koska heillä ei ole viruksia alun alkaenkaan.

Mitä tulee virologien tarjoamaan "SARS-CoV-2-genomiin", Sachs ja Harrison totesivat, että he "eivät tiedä, oliko furiinin[172] pilkkoutumiskohdan [FCS - furin cleavage site] insertio seurausta

[170] Neil Harrison and Jeffrey Sachs, "A call for an independent inquiry into the origin of the SARS-CoV-2 virus", *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 19.5.2022: www.pnas.org/doi/abs/10.1073/pnas.2202769119

[171] Mark Bailey & John Bevan-Smith, "The COVID-19 Fraud & War on Humanity", 11.11.2021: <https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/>

[172] Furiini on proteiineja pilkkova entsyymi, jota esiintyy ihmisissä ja eläimissä. Virologit väittävät, että kun SARS-CoV-2:ta tuotetaan solussa, furiini leikkaa piikkiproteiinin "furiinin pilkkoutumiskohdasta" ennen kuin se se poistuu solusta.

luonnollisesta evoluutiosta - ehkä rekombinaatiotapahtuman kautta nisäkkäissä tai ihmisessä - tai oliko se seurausta FCS:n tarkoituksellisesta viemisestä SARS-kaltaiseen virukseen osana laboratoriokoetta". Heidä kehoitetaan tutkimaan, kuinka todettiin, että jokin heidän analysoimistaan sekvensseistä tai proteiineista kuuluu patogeeniseen virukseen. Viime vuosien keskustelu FCS:n monimutkaisuudesta on yksinkertaisesti mikrokosmos laajemmassa virheellisessä "virusgenomiikan ja proteomiikan" paradigmassa.

Vastaavasti heidän mainintansa väitetystä virustutkimuksesta Pohjois-Carolinan yliopistossa (UNC) tai "vuotaneista" apurahaehdotuksista, kuten "DEFUSE", joka on tehty Yhdysvaltain puolustusalan tutkimusprojektien virastolle (US Defense Advanced Research Projects Agency), eivät ole todisteita viruksista.[173] Selvytyksen vuoksi, ei ole kiistetty, että UNC:n kaltaiset instituutiot ovat tehneet kokeita piikkiproteiinien kaltaisilla entiteeteillä vuosikymmeniä. Jotkut näistä sekvensseistä on patentoitu ja niitä on käytetty injektoitavien biologisten aineiden kehittämisessä, ja niitä on äskettäin pakotettu monille ihmisille COVID-19-rokotteiksi naamioituina. [174] Mikään näistä ei kuitenkaan edellytä viruksiksi luokiteltavien partikkelien olemassaoloa.

Valitettavasti virologian väitteiden kirjasta on tullut niin mutkikas, että useimmat lukijat eivät ymmärrä sen koostuvan suurelta osin hölynpölystä. Muutama päivä sen jälkeen, kun Sachs ja Harrison julkaisivat artikkelinsa, *The Intercept* -julkaisu luuli olevansa myös tutkimuspolulla, joka koski "kiehtovaa virustekniikan teoriaa".[175] He raportoivat vuoden 2016 UNC Chapel Hill -tutkimuksesta[176], joka liittyi Ralph Bariciin toteamassa: "Tutkijat loivat uuden viruksen käyttämällä lepakkokoronaviruksen piikkiä, jonka Wuhanin virologian instituutti [WIV] oli eristänyt ja karakterisoinut." Voidaan turvallisesti olettaa, että kirjoittaja ei ymmärrä, kuinka harhaanjohtavasti virologit käyttävät sanaa "eristetty". Lisäksi sivulla 13 oleva kuva 1 paljastaa järjettömän väitteen, jonka mukaan WIV:llä oli "puhdistettuja virioneja", joita Baricin työryhmineen väitettiin sitten käyttäneen myöhemmin, kun he "loivat uuden viruksen".

Ei ollut todisteita siitä, että kummassakaan laboratoriossa olisi ollut muuta kuin epänormaalia apinan munuaissoluviljelysoppaa.

Laboratoriovuodon hypoteesi on jälleen vain yksi narratiivi COVID-19 aikakaudelta, joka pitää

[173] Samantha Bailey, "Gain of Function Garbage", 18.1.2022: <https://drsambailey.com/resources/videos/covid-19/gain-of-function-garbage/>

[174] Mark Bailey & John Bevan-Smith, "The COVID-19 Fraud & War on Humanity", 11.11.2021: <https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/>

[175] Sharon Lerner, "Jeffrey Sachs presents evidence of possible lab origin of COVID-19", *The Intercept*, 20.5.2022: <https://theintercept.com/2022/05/19/covid-lab-leak-evidence-jeffrey-sachs/>

[176] Vineet Menachery, et al., "SARS-like WIV1-CoV poised for human emergence", *PNAS*, 14.3.2016: <https://doi.org/10.1073/pnas.1517719113>

yllä yleisön mielikuvituksessa illuusiota SARS-CoV-2:n aineellisesta olemassaolosta sekä patogeenisista viruksista ja mikrobeihin liittyvistä tartunnoista yleensä. Viime kuukausina pelkoon perustuva narratiivi on jatkunut julistuksilla apinarokkoepidemiaista, väitetyillä "poliovirusten" havaitsemisella Lontoossa, ja COVID-19:n laboratoriovuototeoria on jopa saanut tukea Maailman terveysjärjestön pääjohtajalta haamusairauden ja hänen määrittelemänsä pandemian tueksi. [177] Näyttää todennäköiseltä, että tulevaisuudessa tulee lisää "laboratoriovuodon" tarinoita, jos ne jatkavat huomion vangitsemista niin tehokkaasti.

Kuten "Pieni vuoristokoira" -tarina, laboratoriovuodon tarina ei nojaa mihinkään tieteelliseen näyttöön viruksesta, se perustuu yksinkertaisesti *uskomukseen*, että on olemassa virus, joidenkin ilmeisten todisteiden tukemana. Samaan tapaan marraskuussa 2020 Lowy Institute, joka kuvaa itseään australialaisena "kansainvälisen politiikan ajatushautomona", julkaisi artikkelin, jossa on seuraava johdatus:

Huhtikuussa 2020 Wuhanin keskussairaalan ensiapuosaston johtaja tohtori Ai Fen antoi haastattelun kiinalaiselle Renwu-lehdelle. Hän kuvaili hyvin yksityiskohtaisesti, kuinka hän oli joulukuun 2019 lopulla alkanut vastaanottaa päivystykseen lukuisia potilaita, joilla oli flunssan kaltaisia oireita, jotka olivat resistenttejä tavallisille hoidoille. Hän kertoi, kuinka hänelle "nousi kylmä hiki pintaan", kun ensimmäinen virusraportti yhdestä näistä potilaista tuli takaisin. Hän ympyröi hätäisesti sanat "SARS-koronavirus", otti raportista kuva-kaappauksen ja lähetti sen kollegoille. Hyvin nopeasti hänen raporttinsa levisi Wuhanin lääketieteellisissä piireissä. Mutta sairaalan ja viranomaisten mobilisoinnin sijaan tohtori Ai sai nuhtelut sairaalan kurinpitokomitealta "huhujen levittämisestä" ja "vakauden vahingoittamisesta". Henkilökunnan ja yleisön varoittamisen sijaan sairaalan auktoriteetit kehottivat henkilökuntaa olemaan käyttämättä henkilökohtaisia suojarusteita ja välittivät paikallisen terveydensuojelutoimikunnan ohjeet, että paniikin välttämiseksi lääkäreitä kiellettiin jakamasta virukseen liittyviä viestejä ja raportteja.[178]

Hyväuskoisille se saattaa kuulostaa viranomaisten yritykseltä peitellä "viraalisen pandemian" alkua, mutta virologian hölynpölyyn perehtyneet näkevät harhaluulojen läpi - mikään näistä kehystämistä ei vaadi todellista virusta. "SARS-koronaviruksen" kierrättäminen "virusraportissa" perustuu vain siihen, mitä Fan Wu ja muut tiimit ovat tehneet kuivalaboratorio-simulaatioissaan.

[177] Mark Bailey, "Lab Leaks and other Legends", 28.6.2022: <https://drsambailey.com/covid-19/lab-leaks-and-other-legends/>

[178] Lydia Khalil, "Digital Authoritarianism, China and COVID", *Lowy Institute*, 2.11.2020: <https://www.lowyinstitute.org/publications/digital-authoritarianism-china-and-covid>

Toinen lääkäri, Li Wenliang, jota BBC ylisti "ilmiantajana"[179], raportoitiin myös Kiinan viranomaisten sensuroimaksi sen jälkeen, kun hän jakoi tohtori Ain raportin. Väitettiin, että 33-vuotias tohtori Li kuoli myöhemmin COVID-19:ään, kun hän "sairastui viruksesta työskennellessään Wuhanin keskussairaalaassa". Korporatiivisen median ja Wikipedian ylenpalttinen tuki "salailulle" olisi koomista, jos se ei olisi osa sotaa ihmisyyttä vastaan. Kaikki nämä tarinat johtavat samaan pelkokertomukseen, johon liittyy tarttuva ja "tappava virus". Se mahdollistaa tämän petoksen levittämisen ja tasoittaa tietä muille vastaaville petoksille tulevaisuudessa. Kirjoittajaa hämmästyttää, että niin monet "terveyden vapaus" -yhteisöstä eivät luota mihinkään korporatiivisen median väitteisiin COVID-19:stä, *paitsi* julistukseen, että tappava virus on valloillaan - kaikkein suurimpaan valheeseen.

Väite, jonka mukaan "koronavirus"-patenttihakemukset tarjoavat todisteita virusten olemassaolosta, voidaan käsitellä rivakasti. Vuonna 2021 tohtori David Martin M·CAM® Internationalista julkaisi "The Fauci/COVID-19 Dossier"[181] asiakirjat osana yrityksen toimintaa,

seuraten mahdollisia rikkomuksia vuoden 1925 kieltopöytäkirjasta tukahduttavien, myrkyllisten tai muiden kaasujen käytöstä sodassa ja bakteriologisista sodankäyntimenetelmistä (Geneven pöytäkirja) 1972 yleissopimuksen kieltäessä bakteriologisten ja toksiiniseidien kehittämisen, tuotannon ja varastoimisen sekä niiden tuhoamisen (BTWC).

Huolimatta lukuisista patenteista, jotka koskevat "rekombinaatti-koronaviruksen tuottamisen metodeja" ja liittovaltion apurahoja sellaisille kuin "gain of function -toiminnan tehostamisen spesialisti" tohtori Ralph Baric ja hänen tiiminsä UNC Chapel Hillissä, mikään näistä dokumenteista ei sisällä tieteellistä näyttöä siitä, että viruksia on olemassa. Patenttitoimiston henkilökunta ja tutkimusapurahojen hyväksyjät eivät ole biologisen uskottavuuden päättäjiä ja vievät vain eteenpäin virologien väitteitä. Asiakirja ei ollut savuava ase patogeeneihin viruksiin liittyvien "gain of function" -toimintojen vuoksi. Ehkä ne, jotka ajattelivat sen olevan, eivät huomioineet Martinin avauslauseketta, jonka mukaan "kaikkiällä tässä asiakirjassa lääketieteellisessä ja tieteellisessä kirjallisuudessa yleisesti hyväksytyjen termien käyttö ei tarkoita niiden edustaman dogman hyväksymistä tai hylkäämistä".

VIROLOGIA JA SULJETTU YHTEISKUNTA

[179] "Li Wenliang: Coronavirus kills Chinese whistleblower doctor", *BBC*, 7.2.2020: <https://www.bbc.com/news/world-asia-china-51403795>

[180] "Li Wenliang", *Wikipedia*: https://en.wikipedia.org/wiki/Li_Wenliang

[181] David Martin, "The Fauci/COVID-19 Dossier" 04/2021: https://www.davidmartin.world/wp-content/uploads/2021/01/The_Fauci_COVID-19_Dossier.pdf

En ole tiedemies, mutta jokaisen kansalaisen oikeus ja velvollisuus on katsoa ja nähdä, mitä tiedemiehet ovat sanoneet, ja analysoida se itse ja tehdä järkeviä johtopäätöksiä. Pystymme kaikki siihen täydellisesti, eikä ole mitään erityistä syytä, miksi ongelman tieteellinen luonne tarkoittaisi sitä, että meidän on luovutettava vapautemme tiedemiesten käsiin.

- Lordi Sumption, 2020.[182]

Yhdistyneen kuningaskunnan terveysturvavirasto (UKHSA - United Kingdom's Health Security Agency) antoi yhden omituisimmista koskaan nähdyistä vastauksista oletettujen kontrollien todellisen luonteen salaamisessa väitetyissä "SARS-CoV-2 eristys- ja sekvensointikokeissa". Viruksen eristämistä koskevaan tiedonvapauspyyntöön liittyen he ehdottivat 27. lokakuuta 2021, että alla olevassa kuvassa 9 oleva kuva olisi "todiste" SARS-CoV-2-viruksesta.[183] Pyyntöä esittänyt kollegani ei tullut vähääkään huijatuksi tietokoneella luodusta kuvasta, jonka liitteenä ei ollut tietoa kuvan lähteestä tai siitä, miten se oli tuotettu. UKHSA jatkoi tieteen kanssa hapuilua ja totesi, että virukset "vaativat isäntäsolun substraatin replikoituaakseen. Sen vuoksi minkään viruksen eristäminen ilman väliainetta ei ole mahdollista... Nämä alustat ja mitkään lisätyt aineet ovat kaikki steriilejä eivätkä sisällä ylimääräistä geneettistä materiaalia." [184] Voimme vain spekuloida, mitä UKHSA uskoo isäntäsolujen sisältävän, elleivät geneettistä materiaalia! Kuten CDC, vastausryhmä näytti myös viittaavan siihen, että Na Zhu ym:n tutkielma "Uusi koronavirus keuhkokuumeopotilailta Kiinassa, 2019" varmisti, että kuvitteellisella SARS-CoV-2-viruspartikkelilla oli fyysinen olemassaolo.

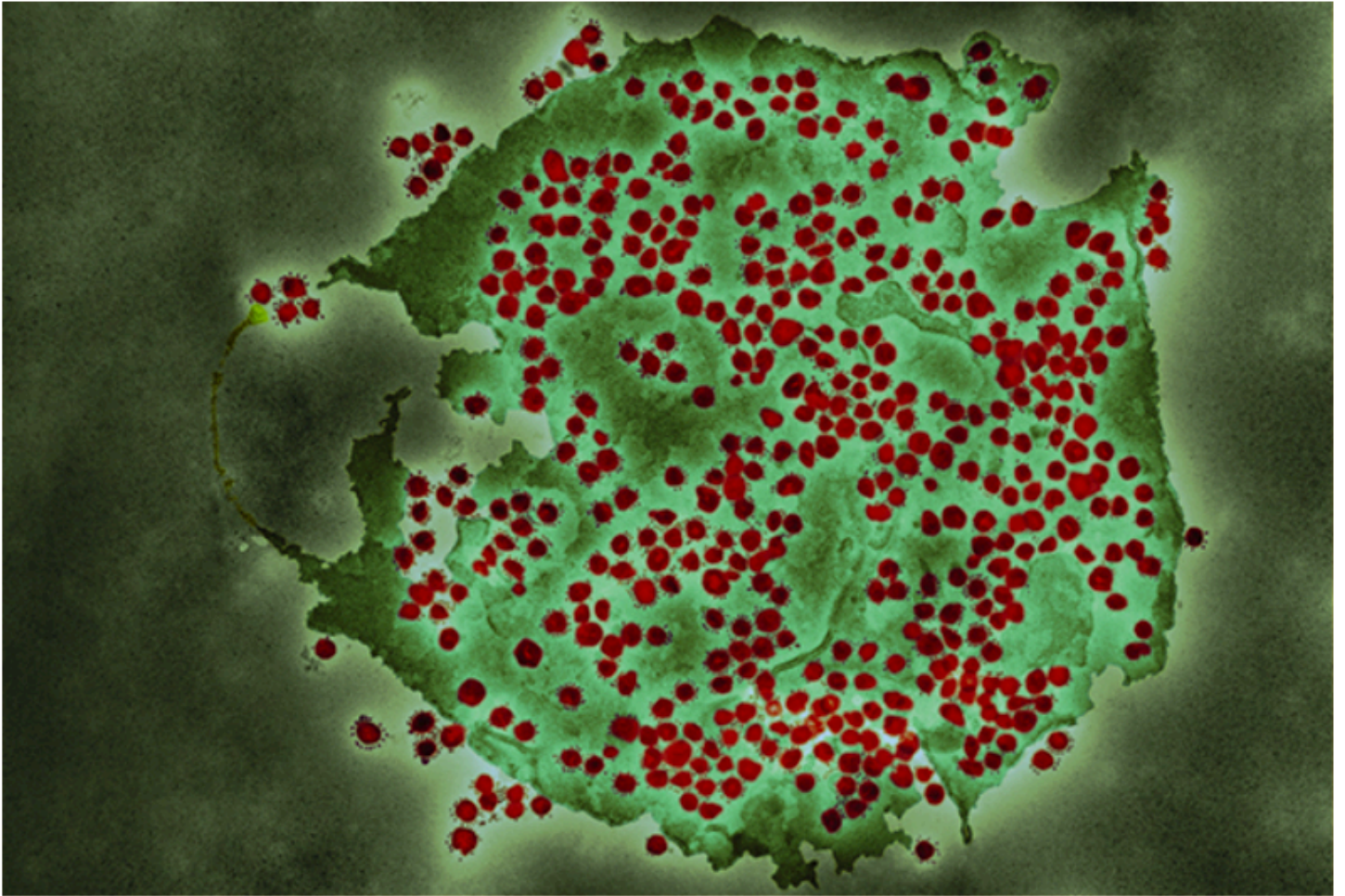
Kollegani huomautti UKHSA:lle, että heillä ei ollut todisteita viruksesta ja siten he syyllistyivät "tarpeettomasti satuttamaan kaikkia juurruttamalla heihin pelkoa, poistamalla heidän oikeuksiaan summittaisesti ja pakottamalla heidät tarpeettomaan ja haitalliseen kohteluun, joka on moraalisesti tuomittavaa." [185] Lannistumatta he kirjoittivat UKHSA:lle muutaman kuukauden kuluttua uudelleen ja pyysivät tiedonantoa täydellisestä soluviljelykokeiden metodologiasta ja mahdollisista vertailevista kontroleista Public Health England tutkielmassa "Tarttuvuuden kesto ja korrelaatio RT-PCR-syklin kynnyksiarvojen kanssa COVID-19-tapauksissa, Englanti tammi-toukokuu 2020." [186] UKHSA:n vastauskirje päiväyksellä 25.3.2022 sisälsi tekstiä, joka edusti joko WHO:n ja suvereenien kansallisvaltioiden välistä salaliittoa olla julkaisematta yksityiskohtia

[182] Jonny Dymond interview of Lord Sumption, BBC Radio 4's *The World at One*, 30.3.2020. Käsikirjoitus: <https://www.conservativewoman.co.uk/a-hysterical-slide-into-a-police-state-judge-warns-of-liberty-being-forced-into-lockdown/>

[183] (By email from Information Rights Team, UKHSA, "Case ref: 1409 - FOI Purification of SARS-CoV-2 and Variants (CF)", 27.10.2022.)

[184] Ibid.

[185] By email to UKHSA, "Case ref: 1409 - FOI Purification of SARS-CoV-2 and Variants (CF)", 27.10.2022.



Kuva 9. UKHSA:n farssimainen "todiste" SARS-CoV-2:sta 27.10.2021.

viraalisen viljelmän" petoksesta, joka on COVID-19-petoksen ytimessä, tai UKHSA:n perusteellista tietämättömyyttä kuvaillessaan SARS-CoV-2:ta "korkean terveysuhkan viruksena":[187]

Lain 1 §:n 1 momentin (a) alakohdan mukaisesti UKHSA voi vahvistaa, että sillä on hallussaan yllä oleviin kysymyksiin liittyvät pyydyt tiedot. Pyydyt tiedot on kuitenkin vapautettu julkistamisesta 24 §:n 1 momentin - Kansallisen turvallisuuden poikkeus - mukaisesti. Lain 24 § 1 momentissa säädetään, että tiedot ovat saaneet erivapauden tehtävästään, jos kansallisen turvallisuuden turvaamiseksi vaaditaan poikkeus 1 §:n 1 momentin (b) alakohdasta. Tällöin vaaditulla tarkoitetaan sitä, että poikkeuksen käyttö on kohtuudella välttämätöntä...

[186] Anika Singanayagam, et al., "Duration of infectiousness and correlation with RT-PCR cycle threshold values in cases of COVID-19, England, January to May 2020", Euro Surveill, 25(32), 13.8.2020: <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.32.2001483>

[187] UKHSA itse julisti, että "19.3.2020 lähtien, COVID-19:ää ei pidetä enää erittäin seuraamuksellisena tartuntatautina (HCID) UK:ssa.": <https://www.gov.uk/guidance/high-consequence-infectious-diseases-hcid>

Poikkeuksen ylläpitämistä tukevia tekijöitä ovat muun muassa:

- ° *Informaation tiedoksiantaminen merkitsisi erittäin yksityiskohtaista teknistä tietoa, jossa siirrettäisiin tietotaitoa, mikä olisi suoraan ristiriidassa Maailman terveysjärjestön (WHO) Englannin kansanterveyslaitokselle (PHE, nyt UKHSA) vuonna 2020 esittämän nimenomaisen pyynnön kanssa olla julkaisematta tai antamatta laajalti saataville SARS-CoV-2-viljelmän vahvistamisen yksityiskohtia;*
- ° *Tämän tiedoksiantaminen olisi yksityiskohtaista tietoa tarkasta menetelmästä, jota käytetään viruksen vahvistamisessa määritellylle korkean terveysuhkan virukselle, joka vaatii eristämistason 3 ja voisi muodostaa uhkan kansalliselle ja maailmanlaajuiselle bioturvallisuudelle, jos se annetaan epävarmalle tai valvomattomalle yleisön jäsenelle tai toimijoille vahingollisella tarkoituksella;*
- ° *Tämän informaation tiedoksiantaminen antaisi merkittävän "tietotaidon", jota voitaisiin joissain olosuhteissa pitää bioturvallisuusuhkana.[188]*

Kollegani pyysi tämän päätöksen tarkistamista, mutta UKHSA vahvisti päätöksen 3.5.2022 sillä perusteella, että soluviljelykokeen yksityiskohtien toimittaminen "ylittyi kansallisen turvallisuuden uhkalla, jonka tiedonantaminen muodosti".[189] On epäselvää, miksi heidän kokeellisen metodologiansa yksityiskohtien piilottaminen on välttämätöntä Yhdistyneen kuningaskunnan pyrkimyksille "kansallisen turvallisuuden turvaamisessa". On paljastettu, että virologit eivät suorita valideja kontrollikokeita ja että heidän väitteitään "virusten eristämisestä" ei ole näytetty toteen tieteellisessä kirjallisuudessa. Ovatko viranomaiset huolissaan siitä, että jos he virallisesti myöntävät näin olevan, syntyy mellakka, kun suurempi yleisö ymmärtää rikokset, joita on tehty vilpillisiin virologisiin kokeisiin perustuvien väitteiden pohjalta? Heidän virallinen esteensä näiden tietojen yleisölle julkistamiselle "bioturvallisuuteen" vedoten on paradoksaalista, koska väitetyn "korkean terveysuhkan viruksen" olemassaoloa ei voida osoittaa.

UKHSA:n järjettömät vastaukset ylitti ehkä vain Maggie Throup, rokotuksista ja kansanterveydestä vastaava parlamentaarinen alivaltiosihteeri. Throup ilmoitti 27.6.2022 lähetetyssä sähköpostissa toiselle kansanedustajalle Rachael Maskellille, että

"Yhdistyneen kuningaskunnan terveysturvavirasto (UKHSA) ei käytä Kochin postulaatteja COVID-19:ssä, koska ne ovat liian rajoittavia ja viittaavat enemmän yhteyteen kuin aiheuttamiseen. Koch luopui myös postulaateistaan, kun hän havaitsi oireettoman kantajan.

[188] Letter from UKHSA, "25/01/2022/ag/2334, Re: FOIA: SARS-CoV-2 Isolation and Sequencing Experiments' Controls", 25.3.2022: <https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/05/UK-HSA-isolation-sequencing-methods-PACKAGE-redacted.pdf>

[189] Letter from UKHSA, "01/0422/ag/005, Re: Case ref 2334 - FOIA: SARS-CoV-2 Isolation and Sequencing Experiments' Controls", 3.5.2022.

Bradford-Hill kriteereitä käytetään yleisemmin viruksen ja taudin yhdistämisessä. On kuitenkin huomattava, että SARS-CoV-2 täyttää Kochin postulaatit, kuten seuraavassa tutkimuksessa osoitetaan, jossa eläinmalliesimerkkiä on käytetty.”[190]

Kuten aiemmin tässä esseen osassa todettiin, on järjetöntä väittää, että postulaatit voisivat täytyä, kun oletetun mikrobin olemassaoloa ei koskaan vahvistettu. Lisäksi vuoden 2020 tutkimus, johon Throup viittaa, on: "SARS-CoV-2:n patogeenisuus hACE2-siirtogeenisissä hiirissä." [191] Tämä tutkielma ei koskaan vahvistanut, että heidän näytteissään olisi virus, siinä ei ollut valideja kontroleja, se ei noudattanut Kochin postulaatteja, ja esitti muita petoksen aspektoja. [192] Throup kuitenkin jatkoi virologista hölynpölyä väittäen, että toinen tutkimus[193] "osoittaa COVID-19-taudin kulun siitä hetkestä lähtien, kun henkilö ensimmäisen kerran kohtasi SARS-CoV-2:n, koko infektion ajan siihen pisteeseen, jossa virus on ilmeisesti eliminoitu." Tutkielma väitti yksinkertaisesti jälleen kerran, että heidän näytteissään oli virus, eikä valideja kontroleja ollut, puhumattakaan muista tutkimuksen epätieteellisistä näkökohdista, joita on käsitelty muualla, mukaan lukien *ViroLIEgyn* kattava tutkielman kumoaminen, kun se oli esipainettu.[194] Toisin sanoen Throupin kaltaiset poliitikot hokevat virologian hölynpölyä ja alistavat siten äänestäjiään monille tarpeettomille ja joskus tappaville seurauksille.

METAGENOMINEN SEKVENSOINTI - VIROLOGIEN VIIMEINEN HENKÄISY?

Onko molekyylibiologian reduktionistinen kunnianhimo vaarassa tukahduttaa sen tuottaman tiedon määrä tai jopa sen keräämiseen liittyvä kiinnostus?

- Sir John Maddox[195]

Sekvensoinnin kustannukset ovat laskeneet dramaattisesti vuodesta 2001 lähtien, jolloin ne olivat yli 5 000 dollaria per raaka megabase (Mb) vuoteen 2007, jolloin se oli noin 500 dollaria per Mb, minkä jälkeen se laski jyrkästi 0,005 dollariin per Mb vuoden 2021 puoliväliin mennessä.

[190] By email from Maggie Throup MP to Rachael Maskell MP, Ref: ZA50772, 27.6.2022: <https://www.parliament.parliament.co.uk/question/315/coronavirus>

[191] Linlin Bao, et al., "The pathogenicity of SARS-CoV-2 in hACE2 transgenic mice", *Nature*, 7.5.2020: <https://www.nature.com/articles/s41586-020-2312-y>

[192] Samantha Bailey, "Koch's Postulates: Germ School Dropout", 8.9.2022: <https://drsambailey.com/resources/videos/germ-theory/kochs-postulates-germ-school-dropout/>

[193] Ben Killingley, et al., "Safety, tolerability and viral kinetics during SARS-CoV-2 human challenge in young adults", *Nat Med*, 31.3.2022: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/35361992/>

[194] Mike Stone, "Challenging 'SARS-COV-2'", 11.2.2022: <https://viroliegy.com/2022/02/11/challenging-sars-cov-2/>

[195] "Finding wood among the trees", *Nature*, 5.5.1988: <https://www.nature.com/articles/333011a0.pdf>

[196] Lisäksi uuden sukupolven sekvensoinnin (NGS) ilmaantuminen noin vuonna 2005 johti genomien sekvensointiin tarvittavan ajan valtavaan lyhenemiseen. Kuten vuoden 2017 *Biology and Medicine* tutkielmassa todetaan,

ihmisen genomi koostuu esimerkiksi 3 miljardista bps:stä [emäsparista]...ihmisen genomien sekvensointi Sanger-sekvensoinnilla kesti lähes 15 vuotta, vaati useiden laboratorioden yhteistyötä ympäri maailmaa ja maksoi noin 100 miljoonaa Yhdysvaltain dollaria, kun taas sekvensointi NGS-sekvenssereillä 454 Genome Sequencer FLX -laitetta käyttäen kesti kaksi kuukautta ja maksoi noin sadasosan kustannuksista.[197]

Samassa tutkielmassa todettiin: "Valitettavasti NGS:t eivät pysty [sic] lukemaan genomien täydellistä DNA-sekvenssiä, ne rajoittuvat sekvensoimaan pieniä DNA-fragmentteja ja tuottavat miljoonia lukemia. Tämä raja on edelleen negatiivinen kohta erityisesti genomien kokoamisen projekteille, koska se vaatii suuria laskentaresursseja."

On huomautettu, että virologian suhteen paljon suurempi huolenaihe kuin "laskentaresurssit" on se, että prosessi, jota voidaan käyttää tunnettua alkuperää olevan geneettisen materiaalin (esim. ihmis-, bakteri- ja sienisolut) sekvensointiin, on muuttunut tuntematonta alkuperää olevien geneettisten fragmenttien kokoonpanoksi algoritmien avulla. Tämä on virusmetsästäjien perusta tunnistaa se, minkä he väittävät olevan viruksia. Laskentaresurssit eivät ole enää ongelma virologeille, koska he louhivat informaatiota täysin tieteenvastaisista "märkälaboratorio-liukuhihna"-metodologioistaan, joissa käytetään raakanäytteitä, ja syöttävät nämä tuotetut, suodattamatomat lukemat teoreettiseen "kuivalaboratorio-liukuhihnalleen" ja sen *in silico* -malleihin.

Vaikuttaa siltä, että massiivisesti alentuneiden sekvensointikustannusten ja lyhentyneen aika-kehyksen yhdistelmä on kiihdyttänyt virologian vajoamista yhä syvemmälle tieteenvastaisuuteen, josta ihmiskunta maksaa erittäin kalliin hinnan olemassa olemattomien virusten vuoksi, joita keksitään mielin määrin ja käytetään tekosyynä harhaanjohtaville väliintuloille ja orjuuttamiseen. *Critical Reviews in Microbiology* -lehdessä lokakuussa 2019 julkaistussa julkaisussa väitettiin, että "mNGS [metagenominen NGS] toimii hyvin harvinaisten, uusien, vaikeasti havaittavien ja yhdessä tartunnan saaneiden patogeenien tunnistamisessa suoraan kliinisistä näytteistä.[198] "Suoriutuu

[196] National Human Genome Research Institute, "DNA Sequencing Costs: Data": <https://www.genome.gov/about-genomics/fact-sheets/DNA-Sequencing-Costs-Data> (käyty 23.4.2022).

[197] Mehdi Kchouk, et al., "Generations of Sequencing Technologies: From First to Next Generation", *Biology and Medicine*, 6.3.2017: <https://www.walshmedicalmedia.com/abstract/generations-of-sequencing-technologies-from-first-to-next-generation-24326.html>

[198] Donsheng Han, et al., "mNGS in clinical microbiology laboratories: on the road to maturity", *Critical Reviews in Microbiology*, 6.11.2019: <https://doi.org/10.1080/1040841X.2019.1681933>



Kuva 10. Illumina MiniSeq -järjestelmä – kuinka Fan Wun tiimi ja muut löytävät *in silico* -"viruksia" 2000-luvulla laskennallisten algoritmien avulla. Se tapahtuu kuivalaboratoriossa osoittamatta todellisen tartuntatautia aiheuttavan partikkelin olemassaoloa.

hyvin" uusien "viruspatogeenien" tunnistamisessa on kuitenkin merkityksetöntä, koska nekin ovat joutuneet virologian kehäpäättelyn pyörteeseen. Suurin osa heidän tutkielmassa luetelluista "uusista taudinaiheuttajista" oli viruksia, jotka on johdettu väitetysti hyödyllisestä "viljelystä riippumattomasta" modernista mNGS-tekniikasta. Mutta jälleen kerran, jos kukaan ei pysty viljelemään tai fyysisesti eristämään väitetyjä viruksia, miten erilaisten ympäristönäytteiden geneettisten sekvenssien voidaan väittää olevan peräisin niistä? Kuten on todettu, Fan Wun ja hänen työryhmänsä julistus "uudesta koronaviruksesta" Wuhanissa perustui täysin tällaisiin tarjottuihin geneettisiin sekvensseihin. Virologian yritys pitää tätä metodologiaa todisteena viruspartikkeleista on tuonut esiin väärentämättömän hypoteesin, joka on ristiriidassa tieteellisen metodin kanssa.

Genomiikkaprosessin erikoistuminen (ja lisääntyvä automatisoituminen) johtaa tilanteeseen, jossa harvat pystyvät ymmärtämään kokonaiskuvaa potilaan kliinisestä arvioinnista tietokoneen näytölle tuotettujen nukleotidisekvenssien kautta. Virologit mitätöivät "virusgenomi"-prosessin vaiheesta yksi, koska he eivät koskaan vahvista, että heillä on partikkeli, joka täyttää viruksen

määritelmän. He eivät todellakaan koskaan osoita, että sekvenssit, jotka he väittävät olevan viraalisia, tulevat tällaisen kuvittelun partikkelin sisältä. Sen sijaan he väittävät, että tällaiset julistukset voidaan tehdä konsensuspäätöksillä: luokitellaanko sekvenssit "ei ihmisperäisiksi" tai "uudenlaisiksi" ja kuinka paljon ne vastaavat "tunnettuja viraalisia sekvenssejä", jotka on aiemmin tallennettu geneettisiin tietopankkeihin. Luonto ei kuitenkaan tottele ihmiskunnan luomia tarinoita.

Metagenomiikkaprosessi mahdollistaa tällaisten virussekvenssien *de novo* keksimisen ja on sallinut virologian karusellin pyöriä 2000-luvulle. Kuitenkin sen johdosta, että virologia on ollut kyvytön täyttämään omia postulaattejaan viimeisen vuosisadan ajan, sen tulevaisuus rakentuu lähes varmasti kokonaan tämän metagenomiikan väärinkäytön, tai ainakin väärin soveltamisen, ympärille. Voidaan toivoa, että useiden organisaatioiden viimeaikainen epäonnistuminen todistaa, että ne suorittavat valideja kontrollikokeita, on merkki siitä, että viruspandemiat vetävät tieteellisesti viimeisiä henkäyksiään. Niitä voidaan levittää vain niin kauan kuin tämä lopullinen petos on piilossa yleisöltä. Virologian viimeisessä henkäyksessä voidaan odottaa, että metagenomiikkaa myydään edelleen harhaanjohtavasti "teknologisena edistysaskeleena", jonka väitetään kätevästi tehneen oikeat tieteelliset todisteet vanhentuneiksi.

Kuten on todettu, tällaisen "teknologisen kehityksen" typeryydet voidaan yleensä paljastaa yhdellä yksinkertaisella kysymyksellä sen tarkistamiseksi, noudattaako se tieteellistä metodologiaa. Esimerkiksi vuonna 2020 kanadalainen työryhmä väitti vertailevansa erilaisia tekniikoita "SARS-CoV-2:n koko genomin sekvensointiin" kahdelta oletetusti COVID-19-taudin saaneelta henkilöltä otetuista nenänyytteistä.[199] Yksi kirjoittajista oli tohtori Andrew McArthur, biokemian ja biolääketieteen apulaisprofessori McMasterin yliopistossa Kanadassa. Häneltä kysyttiin, "yrittivätkö he erottaa RNA:ta terveistä kontrollinäytteistä (terveistä henkilöistä tai PCR-negatiivisista näytteistä) tai tartunnan saamattomasta, viruksista vapaasta supernatantista" nähdäkseen voivatko he myös koota "SARS-CoV-2-genomin" metodologiansa kautta? McArthur vastasi, että: "Meillä ei ollut näytteitä terveistä vertailukontrolleista, mutta tutkimukseen sisältyi negatiivisia kontrolleja sovelluksille/kirjastoille, eli ei näyte-RNA:ta mukana." [200] Itse asiassa tutkimuksessa oli vain yksi maininta "kontrollista", missä sanottiin, että "negatiivinen kontrollikirjasto, jossa ei ollut SARS-CoV-2-RNA ekstraktia, sisällytettiin käyttämällä ARTIC amplifikaatiota." Jälleen kerran, validin kontrollin puute, koska se on ihmisperäinen näyte ilman väitettyä "virusta", asettaa tämän tutkimuksen virologian metagenomisen hölynpölyn laajaan arkistoon. Ironista kyllä, heidän tutkiel-

[199] Jalees Nasir, et al., "A Comparison of Whole Genome Sequencing of SARS-CoV-2 Using Amplicon-Based Sequencing, Random Hexamers, and Bait Capture", *Viruses*, 15.8.2020: <https://www.mdpi.com/1999-4915/12/8/895>

[200] By email from Andrew McArthur, 31.5.2022: <https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/06/Mubarek-Mossman-etc-no-valid-controls-PACKAGE-redacted.pdf>

mansa väitti myös, että "COVID-19:n aiheuttaa vakava akuutti hengitystieoireyhtymän koronavirus 2 (SARS-CoV-2), uusi koronavirus, joka ilmaantui joulukuussa 2019", lainauksenaan Peng Zhou ym. tutkielma, jonka petos paljastettiin aiemmin tässä esseessä.

MIKSI KYSEENALAISTAA VIRUKSEN OLEMASSAOLO SODAN AIKANA?

Kirjoittaja on tehnyt havaintoja ja ollut yhteydessä useisiin "terveyden vapaus" -liikkeen ihmisiin, jotka kritisoivat, että on turha käydä keskustelua siitä, onko SARS-CoV-2:ta tai muita patogeenejä viruksia osoitettu olevan olemassa. Joitakin esitettyjä argumentteja ovat muun muassa, että se vie huomion pois ihmisyyttä vastaan tehdyistä rikoksista, että se on strateginen virhe, koska se aiheuttaa enemmän jakautumista, ja että jos virushypoteesi (tai laajemmin "mikrobioteoria") kiistetään, vaihtoehtoinen teoria on esitettävä. Ei ole tarvetta tarjota pitkää listaa henkilöistä, jotka esittävät tällaisia väitteitä, mutta yksi esimerkki oli brittiläinen akateemikko tohtori Roger Watson, joka totesi maaliskuussa 2022: "On vaikea ymmärtää, kuinka Sam Bailey päätyy hänen näkemyksiinsä, eikä tarvitse olla viruksen kieltäjä ollakseen erittäin kriittinen pandemian hallintaa kohtaan." [201] Watsonin kritiikki ilmentää sitä, minkä toivotaan osoittaneen huonosti perillä olevaa mielipidettä, joka perustuu virologian väitteiden matkimiseen. Näkemyksiämme ei pitäisi olla niiden vaikea ymmärtää, jotka ovat laajasti tutkineet virologian historiaa, tieteen vastaisia metodologioita ja lausuntoja, mukaan lukien "uuden koronaviruksen" julistaminen vuonna 2020, ja pyrkineet tiedottamaan tästä petoksesta yleisölle selkein sanoin.

Joissakin tapauksissa nämä kriitikot väittävät, että kaikki pandemiaan liittyvä on huijausta, *paitsi* virologien (ja WHO:n) väite, jonka mukaan SARS-CoV-2:lla on fyysinen olemassaolo patogeenisenä partikkelina. He eivät voi nähdä, että petoksen perusta on myös petos. Joillekin, jopa vapausliikkeessä oleville, vaikeus voi olla se, että viruksen olemassaolon kieltäminen kustantaisi suuren osan heidän elämäntyönsä kyseenalaistamisen. Tutkinnan aikana ei kuitenkaan tulisi pysähtyä mukavuussyistä tai siksi, että tiedon nykyinen taso ei voi tarjota enempää. Päinvastoin, on vakava virhe antaa virologian laitoksen sanella perustavanlaatuiset "faktat". COVID-19-petoksen ydin perustuu virologian väitteisiin. Ei ole strateginen virhe suunnata energiamme virologian virheiden paljastamiseen, sillä muuten COVID-19-vasteiden kukistaminen samalla, kun virologinen hölynpöly jätetään ennalleen, avaa oven useille "viruspandemioille" tulevaisuudessa. Koko petoksen ymmärtäminen poistaa perusteettoman tartunnan pelon ja varustaa lujatekoisemmalla tiellä kestävään vapauteen.

[201] Samantha Bailey, "The COVID 'Sceptics' Who Spread Viral Dogma", 17.3.2022: <https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-sceptics-who-spread-viral-dogma/>

JÄLKIKIRJOITUS

Kuinka pitkä tahansa tätä aihetta käsittelevä essee voi olla, aina tulee lisää kysymyksiä muodossa "mutta entä...?" Halu sovittaa havaitut ilmiöt virusmalliin on vahvasti ohjelmoitu monilla tasoilla. Tämän esseen tarkoituksena ei ollut selittää perifeerisiä havaintoja tai erilaisten organismien, kuten ihmisten, sairauksien syitä. Kuten on kuvattu, tarvitsee vain osoittaa, että virushypoteesi on kumonnut itsensä omin ehdoin. Virologit eivät ole esittäneet mitään suoria todisteita patogeenisistä viruksista, vaan ovat turvautuneet epäsuoriin havaintoihin, jotka ovat pätemättömiä kokeiden kontrolloimattoman luonteen vuoksi. Lisäksi tieteellisen metodin noudattaminen ei aseta meille velvollisuutta tarjota vaihtoehtoista selitystä näille ilmiöille - kun hypoteesi on väännetty, vaikka kerran, se on siinä. Traagisesti, selityksiä moniin "mutta entä...?" kysymyksiin on jo vastattu muualla, mutta "viruksen" viettely ja ympäröivien intressien kaiken tieltään tuhoava voima ovat muodostaneet keinotekoisen tietomuurin monille ihmisille. Tässä valossa olen pyrkinyt palvelemaan korkeinta tietämääni tarkoitusta ja toivon, että panokseni auttaa ihmiskuntaa heittämään pois kuvitteelliset viruskahleet lopullisesti.

*Edistyminen koostuu, ei totuuden lisääntymisestä, vaan sen vapauttamista sen kääreistä.
Totuus saavutetaan kuin kulta, ei antamalla sen kasvaa suuremmaksi, vaan pesemällä
siitä pois kaikki mikä ei ole kulta.*
- Leo Tolstoi[202]

KIRJOITAJASTA

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

On mikrobiologian, lääketeollisuuden ja terveyden tutkija, joka työskenteli lääketieteen alalla, mukaan lukien kliiniset tutkimukset, kahden vuosikymmenen ajan.

[202] *Tolstoy's Diaries*, editoinut ja englanniksi kääntänyt R. F. Christian, Flamingo, 1994. Vapaasti suomennettu.