

UN ADIEU À LA VIROLOGIE

(ÉDITION EXPERT)

Dr Mark Bailey

Publié le 15 Septembre 2022
Copyright © 2022 Mark Bailey

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

T A B L E D E S M A T I È R E S

Résumé	4
 <u>P A R T I E 1</u>	
SARS-CoV-2 Non Trouvé	5
 Dr Siouxsie Wiles — Disciple de l'Isolation en Virologie	 6
 L'importance de l'isolement	 9
 Qu'est-ce que la Virologie ?	 14
 Le manque de contrôles en Virologie en fait-elle une discipline scientifique ?	 20
 Mauvais traitements envers les animaux et études sur les "Anticorps"	 22
 Le paradoxe de la quantité de virus	 26
 <u>P A R T I E 2</u>	
Fan Wu et al. Deus ex Machina	27
 "Turtles All The Way Down"	 33
 L'affirmation du CDC sur le SARS-CoV-2	 38
 Les divulgations de Peng Zhou et al.	 41
 Plus de tromperies en provenance de Wuhan ?	 43
 La préparation du professeur Stephen Bustin pour une pandémie de PCR	 44
 <u>P A R T I E 3</u>	
"Little Mountain Dog" — Naïf ou manipulation ?	50
 La diversion de "La fuite de Laboratoire"	 54
 La Virologie et la société fermée	 59
 Le séquençage métagénomique — Dernier souffle de la Virologie ?	 62

Pourquoi remettre en question l'existence d'un virus pendant une guerre ? 65

POST-SCRIPTUM

À propos de l'auteur 67

UN ADIEU À LA VIROLOGIE (ÉDITION EXPERT)

RÉSUMÉ

La virologie a inventé le modèle viral mais n'a jamais réussi à répondre à ses propres exigences. On prétend que les virus provoquent des maladies après avoir été transmis entre des hôtes tels que les humains, pourtant, les preuves scientifiques de ces affirmations font défaut. L'une des plus grandes défaillances de la virologie a été l'incapacité à obtenir directement des particules virales des tissus d'organismes prétendument atteints de maladies "virales". Pour dissimuler cette situation, les virologues ont eu recours à la création de leurs propres méthodes pseudoscientifiques pour remplacer la méthode scientifique établie, ainsi qu'à la modification du sens des mots dans les dictionnaires afin de soutenir leurs pratiques antiscientifiques. Par exemple, un "isolat" isolé n'exige pas l'existence physique des particules pour bénéficier du statut "d'isolement".

Une particule virale doit remplir des propriétés physiques et biologiques définies, notamment être un parasite intracellulaire capable de réplication et capable de provoquer une maladie chez un hôte tel qu'un être humain. Cependant, les "virus" tels que le SARS-CoV-2 ne sont rien de plus que des constructions fantômes, n'existant que dans l'imagination et les simulations informatiques. Dans ce paradigme, les cas de maladies inventées comme la COVID-19 ne sont rien de plus que la détection de séquences génétiques et de protéines sélectionnées prétendument "virales". L'existence d'un virus n'est pas nécessaire dans cette boucle de raisonnement circulaire, et ainsi, des "pandémies" entières peuvent être construites à partir de créations numériques et fausement entretenues grâce à des réactions moléculaires in vitro (en "tube à essai").

Cet essai se compose de trois parties. La première partie trace une partie de l'histoire de la virologie et les échecs des virologues à suivre la méthode scientifique. Les nombreuses et étendues affirmations des virologues peuvent toutes être démontrées comme étant erronées en raison de : (a) l'absence de preuves directes, et (b) l'invalidation des "preuves" indirectes en raison du caractère non contrôlé des expériences. Les exemples fournis couvrent tous les aspects majeurs de la fraude virologique, notamment l'isolement présumé, les effets cytopathiques, la génomique, les anticorps et les études de pathogénicité animale.

La deuxième partie examine la fraude utilisée pour propager la "pandémie" de la COVID-19. Une analyse de la méthodologie sur laquelle se sont appuyés les inventeurs originaux, dont *Fan Wu et al.*, montre comment le fictif SARS-CoV-2 a été "créé" grâce à des méthodes antiscientifiques et des jeux de mots linguistiques. Il s'inscrit dans une tromperie continue où l'on prétend que les virus existent en les comparant à des modèles de "virus" précédents. En prenant le SARS-CoV-2 comme exemple, la trajectoire des modèles génomiques de "coronavirus" remontant aux années 1980 révèle que aucune de ces séquences génétiques n'a jamais été démontrée comme provenant de l'intérieur d'une particule virale - les arbres phylogénétiques sont des fantômes. La mauvaise utilisation de la réaction de polymérase en chaîne a propagé cet aspect de la fraude virologique et créé les "cas" pour maintenir l'illusion d'une pandémie.

La troisième partie propose une analyse de la manière dont certains acteurs clés, les "institutions de santé" et les médias grand public, entretiennent l'illusion du virus grâce au contrôle de l'information et aux récits qui répètent les affirmations de la virologie. Par coïncidence, la fraude virologique se retrouve désormais au centre de la fraude de la COVID-19. Cependant, à partir de là, elle peut être évaluée de manière critique par ceux qui se trouvent en dehors de la virologie et du paradigme pseudoscientifique construit autour d'elle, et enfin être démantelée et mise au repos.

L'objectif de cet essai est de réfuter diverses affirmations selon lesquelles des virus pathogènes existent et provoquent des maladies. Le SARS-CoV-2 a été utilisé comme principal exemple, mais les principes s'appliquent à tous les prétendus virus. Ce qui suit aborde la littérature souvent ésotérique de la virologie selon ses propres termes, ce qui, il convient de le noter, peut rendre certaines parties de cet essai assez difficiles à lire. Cependant, on espère que cette contribution comblera un vide pour le lecteur en quête d'une compréhension plus technique de l'hypothèse virale, car elle vise à mettre en lumière les bases mêmes des prétendues pandémies et des pratiques médicales frauduleuses. La menace que représente la virologie pour l'humanité est croissante, il est donc temps de dire adieu à ces pratiques pseudoscientifiques destructrices et de nous libérer de peurs inutiles.

PARTIE 1

SARS-COV-2 NON TROUVÉ

Peut-être la preuve principale que la théorie virale pathogène est problématique est qu'aucun article scientifique publié n'a jamais montré que des particules répondant à la définition de virus ont été directement isolées et purifiées à partir de tissus ou de fluides corporels de tout être humain ou animal malade. En utilisant la définition communément acceptée de "l'isolement", qui est la séparation d'une chose de toutes les autres choses, il y a un consensus général selon lequel cela n'a jamais été fait dans l'histoire de la virologie. — Dr. Thomas Cowan et al., Déclaration sur "L'Éclaircissement du Débat sur les Virus", 2022.¹

Au 11 septembre 2022, et à la suite d'investigations approfondies à travers des *demandes de liberté d'information* coordonnées par Christine Massey, aucune des 209 institutions principalement liées à la santé ou à la science dans plus de 35 pays n'a été en mesure de fournir des preuves directes du prétendu virus SARS-CoV-2.²

Les institutions ont été invitées à produire tout document démontrant "*la purification du 'SARS-CoV-2' supposé avoir provoqué une maladie chez l'homme (par macération, filtration et utilisation d'une ultracentrifugeuse, également désignée à certains moments par certaines personnes comme 'isolement'), directement à partir d'un être humain malade...*"

À de nombreuses reprises, après avoir admis qu'aucune preuve de ce genre n'est détenue, des institutions telles que le ministère de la Santé de Nouvelle-Zélande suggèrent alors que "*il existe plusieurs exemples du virus ayant été isolé et cultivé en laboratoire*".³ Cependant, les exemples évoqués sont universellement des expériences de culture de tissus, dans lesquelles le mot "isolement" a été détaché de sa signification habituelle, et il n'a pas été démontré que des particules, réelles ou imaginaires, possèdent les propriétés d'un virus pathogène. Quoi qu'il en soit, cela détourne l'attention de la question plus large révélée par les demandes de liberté d'information, à savoir que les particules prétendues être des virus ne peuvent jamais être trouvées chez les sujets humains. La virologie a trouvé des excuses pour cette absence de preuves, mais même en tenant compte de cette lacune embarrassante, elle ne peut plus se cacher, car ses différentes méthodologies sont de plus en plus scrutées par ceux qui ne font pas partie de ce domaine. Cet essai présente les nombreux aspects de l'anti-science de la virologie qui ont été utilisés pour maintenir l'illusion de l'existence de virus pathogènes. La situation est devenue de plus en plus dangereuse, et depuis le début de l'année 2020, la "pandémie" de COVID-19 a été utilisée comme un cheval de Troie pour mettre l'humanité à genoux.

¹ Thomas Cowan, et al., "The 'Segling the Virus Debate' Statement", 14 Jul 2022: <https://drsambailey.com/resources/segling-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-sarscov-2-purification-by-anyone-anywhere-ever/>(accessed 11 Sep 2022.)

³ NZ Ministry of Health, "Official Information Act response Ref: H202102878": https://drive.google.com/drive/folders/1okJiB4PdWN3Eei_g67zTUfok92kuqgS

DR SIOUXSIE WILES — ACOLYTE DE L'« ISOLEMENT » EN VIROLOGIE

La centrifugation en gradient de densité est la technique scientifiquement requise pour démontrer l'existence d'un virus. Malgré le fait que cette méthode soit décrite dans tous les manuels de microbiologie comme la "technique d'isolement des virus", elle n'est jamais appliquée dans les expériences visant à démontrer l'existence de virus pathogènes. — Dr Stefan Lanka, 2015. ⁴

La défense des méthodologies de la virologie est évidemment tentée par ses promoteurs, notamment la microbiologiste néo-zélandaise *Siouxsie Wiles*, privilégiée par le gouvernement néo-zélandais et les médias financés par l'État. Son employeur, l'Université d'Auckland, fait partie des institutions qui ont confirmé que "**[elle] n'a pas effectué de travaux relatifs à la purification d'un virus Covid-19**" et n'a donc *ni trouvé, ni isolé, ni extrait* de tout sujet humain le prétendu virus nommé SARS-CoV-2. Cette professeure associée, qui a conseillé le pays en disant que "le monde est en feu" en mars 2020, a été élue Néo-Zélandaise de l'année en 2021 pour "*avoir aidé des millions de personnes dans le monde à surmonter la peur et la complexité de la pandémie... et à nous protéger*". Dans son article de novembre 2020 intitulé "*Les postulats de Koch, la COVID et les terriers du lapin de la désinformation*", Wiles prétendait que "*les personnes qui demandent des preuves de l'existence du virus SARS-CoV-2 responsable de la COVID-19 rédigent spécifiquement leur demande pour exclure toute preuve de l'existence du virus*". Son article s'est rapidement égaré sur le sujet des *postulats de Koch* étant inadaptes aux virus, déclarant ainsi qu'ils étaient invalides dans ce contexte. Il n'est pas clair pourquoi elle n'a pas mentionné les *postulats de Rivers*, qui ont été spécifiquement conçus pour inclure les virus, peut-être parce qu'elle aurait dû admettre que ces postulats n'ont jamais été remplis non plus. Et bien que les *Postulats de Koch* concernent l'établissement de la causalité des maladies et de la contagion, plutôt que la question spécifique de savoir si des particules virales peuvent être trouvées chez ou à partir

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

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

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

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

⁸ Nikki Preston, "Passionate microbiologist Siouxsie Wiles named as New Zealander of the Year", *NZ Herald*, 1 Apr 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 (undated, accessed 22 May 21), 2: <https://nzawards.org.nz/winners/dr-siouxsie-wiles-mnzm/>. The citation for the award reads as follows: "In the face of considerable criticism – on her authority, on her appearance, on her gender – Siouxsie's continued to respond to one of the greatest challenges of our time with empathy, innovation and courage, and her work has been seen by millions and even used by governments and organisations as part of their official pandemic communications."

⁹ Siouxsie Wiles, "Koch's postulates, Covid, and misinformation rabbit holes", 16 Nov 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.

..... de sujets humains, elle aurait pu simplement expliquer que les virologues ont passé une grande partie du XXe siècle à essayer d'identifier des virus directement à partir d'êtres humains malades sans succès. Wiles a ensuite fallacieusement introduit les Postulats Moléculaires de Falkow¹¹ dans son argumentation, sans expliquer comment ils pourraient être utilisés pour démontrer l'existence physique du prétendu SARS-CoV-2 chez un être humain ou ailleurs.

De manière gênante pour Wiles, l'Organisation mondiale de la santé (OMS) a déclaré en 2003, en ce qui concerne le SARS-CoV-1, que "*l'identification concluante d'un agent causal doit satisfaire à tous les critères des soi-disant 'Postulats de Koch [sic]'. Les expériences supplémentaires nécessaires pour remplir ces critères sont actuellement en cours dans un laboratoire aux Pays-Bas.*"¹² L'article de l'OMS a été retiré de son site web en 2021 sans explication, mais il est toujours accessible via l'Internet Archive.¹³ L'affirmation fantaisiste selon laquelle les Postulats de Koch ont été remplis en 2003 par *Fouchier et al.* avec le SARS-CoV-1 a été réfutée ailleurs.¹⁴ Leur expérience sur les singes a non seulement été invalidée en raison de l'absence de contrôles et de la voie d'exposition non naturelle, mais comme toutes les publications en virologie, ils n'ont pas réussi à démontrer une particule répondant à la définition d'un virus. *Wiles* semblait également en désaccord avec *Na Zhu et al.*, l'une des premières équipes à prétendre avoir découvert le SARS-CoV-2, car ils ont concédé que "*bien que notre étude ne satisfasse pas aux Postulats de Koch, nos analyses fournissent des preuves impliquant le 2019-nCoV [plus tard 'SARS-CoV-2'] dans l'épidémie de Wuhan. Des preuves supplémentaires pour confirmer la signification étiologique du 2019-nCoV dans l'épidémie de Wuhan comprennent... des expériences sur des animaux (singes) pour fournir des preuves de pathogénicité.*"¹⁵

– *Cependant, que les différents virologues souhaitent ou non prendre en compte la validité des Postulats de Koch, c'est simplement une autre distraction, car les postulats exigent l'isolement physique d'un microbe plutôt que des affirmations selon lesquelles un microbe existe par des moyens tels que les simulations informatiques, l'imagerie de vésicules de fonction biologique inconnue, ou la prétention que des bouillons biologiques non purifiés donnés à des animaux contiennent des "virus".*

¹¹ Falkow's Molecular Postulates: "(1) The phenotype or property under investigation should be associated with pathogenic members of a genus or pathogenic strains of a species. (2) Specific inactivation of the gene(s) associated with the suspected virulence trait should lead to a measurable loss in pathogenicity or virulence. (3) Reversion or allelic replacement of the mutated gene should lead to restoration of pathogenicity." - Stanley Falkow, "Molecular Koch's Postulates Applied to Microbial Pathogenicity", *Reviews of Infectious Diseases*, Jul-Aug 1988: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/3055197/>

¹² WHO, "Severe Acute Respiratory Syndrome (SARS) - multi-country outbreak - Update 12", 27 Mar 2003.

¹³ https://web.archive.org/web/20030802232208/hgp://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 Jan 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 Feb 2020, first published 24 Jan 2020, updated 29 Jan 2020), 728: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31978945/>

Wiles a également décidé de défendre l'utilisation flagrante du mot "isolement" en virologie lorsqu'elle a déclaré : "En ce qui concerne l'utilisation du mot "isolement" dans le sens quotidien du terme, plutôt que dans la définition pertinente pour la question posée ? Eh bien, c'est tout simplement ridicule et un signe évident que ces demandes de preuves ne sont pas faites de bonne foi." Elle semblait incrédule que d'autres aient souligné que la définition d'un mot utilisé scientifiquement avait été unilatéralement modifiée par les virologistes pour impliquer qu'une certaine preuve avait été obtenue. Cependant, si leur utilisation de l'isolement ne signifie pas ce que la plupart des gens pensent, il est probable que la plupart du public est désinformé. À ce titre, Wiles participe activement à la propagation de la désinformation, que ce soit par aveuglement volontaire ou non. Wiles doit montrer son expertise et expliquer au public ce que signifie la définition de l'isolement en virologie, en particulier en ce qui concerne la démonstration de l'existence potentielle des virus. Peut-être pense-t-elle l'avoir expliqué lorsqu'elle a écrit : "lorsque les virologistes veulent isoler un virus à partir d'un échantillon, ils prendront l'échantillon ou une partie de celui-ci et l'ajouteront à certaines cellules - généralement celles qui sont relativement faciles à cultiver en laboratoire - et ensuite ils vérifient si les cellules meurent et/ou s'il y a des particules virales libérées dans le bain nutritif liquide dans lequel les cellules se développent." Il n'est pas clair si Wiles sous-entend que l'"isolat viral" est établi par : (a) la prise de l'échantillon, (b) l'observation de certaines cellules qui meurent in vitro, (c) la libération de prétendues "particules virales" dans la culture de tissus, ou (d) une combinaison de ces éléments. Cependant, rien de ce qu'elle a décrit ne nécessite l'existence de virus, il s'agit d'un jeu de tromperie, que ce soit réalisé délibérément ou non. Il consiste simplement en l'affirmation qu'un virus était présent dans l'échantillon, en imputant la mort des cellules, soumises à des stress expérimentaux dans le tube à essai, à un virus imaginaire, puis en déclarant que certaines des vésicules (dont la composition biologique et la fonction n'ont pas été établies) étaient les virus. Il y a une autre faille fatale dans cet exercice. Comme le détaillera cet essai, les affirmations selon lesquelles le SARS-CoV-2 a été montré comme existant grâce à cette méthodologie sont toutes scientifiquement invalides car aucune des expériences n'a été réalisée avec des témoins valables.

Cela illustre comment *Wiles* a agi dans son rôle d'un des principaux influenceurs de la campagne de désinformation du gouvernement néo-zélandais et de son programme meurtrier de déploiement d'un produit injectable appelé **Comirnaty**, en prétendant que des expériences de culture de tissus non spécifiques vérifient l'existence du virus alors qu'aucune démonstration de ce genre n'a été réalisée. Le problème va au-delà du seul SARS-CoV-2, car chaque virus prétendu existant repose sur une pseudoscience similaire. L'histoire de la virologie révèle que les types de cellules finalement sélectionnées pour ces expériences...

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

¹⁷ Ibid.

.... sont celles qui ont une propension à se détériorer avec l'allégation d'effets cytopathiques induits par les virus (CPE), plutôt que ceux qui sont, comme l'a prétendu Wiles dans son article, "*relativement faciles à cultiver en laboratoire*". Par exemple, les cellules de *singe Vero E6* ont longtemps été privilégiées par les virologistes, soi-disant en raison de leur "adaptabilité" pour accueillir de nombreux virus, mais de manière suspecte également, car la lignée rénale aneuploïde est plus susceptible aux insultes toxiques dues à des ingrédients supplémentaires tels que les antibiotiques néphrotoxiques ubiquitaires et les antifongiques ajoutés au mélange de culture. Lorsqu'un groupe a tenté de cultiver le SARS-CoV-2, ils n'ont obtenu aucun résultat souhaité avec des cellules d'adénocarcinome humain (A549), des cellules hépatiques humaines (HUH7.0), des cellules rénales embryonnaires humaines (HEK-293T) et une lignée de cellules rénales de chauve-souris brune (EFK3B), mais ont ensuite déclaré avoir un "isolat viral" après l'observation de CPE dans les cellules Vero E6. Comme d'habitude, il semblait n'y avoir aucun sens de l'ironie pour eux que le prétendu virus respiratoire humain ne puisse pas être montré comme "infectant" le type de cellule pertinent, encore moins l'espèce pertinente. *Et leurs expériences ont une fois de plus été invalidées par l'absence de cultures témoins appropriées.*

POURQUOI L' ISOLEMENT EST IMPORTANT

*Celui qui contrôle la langue contrôle les masses. — Saul Alinsky*²¹

Une autre gêne pour la virologie est que les prétendues particules virales qui ont été purifiées avec succès n'ont pas été démontrées comme étant capables de se répliquer ou de causer des maladies par elles-mêmes. En d'autres termes, ce qui a été isolé physiquement ne peut être qualifié que de vésicules extracellulaires (VE). En mai 2020, une publication est parue dans la revue **Viruses** affirmant que "*de nos jours, il est presque impossible de séparer les VE et les virus au moyen des méthodes classiques d'isolement des vésicules, telles que la centrifugation ultracentrifugeuse différentielle, car elles sont souvent co-sédimentées en raison de leurs dimensions similaires.*" "De nos jours" signifie en contraste avec le passé, et il n'est pas clair comment un tel changement technique observé peut être concilié avec les lois biologiques. Il semble plus probable que les virologistes s'éloignent de leurs propres techniques pour éviter de réfuter leurs propres postulats. Ils devront peut-être accepter que la raison pour laquelle la centrifugation ultracentrifugeuse différentielle ne peut pas séparer les virus des autres vésicules est que leur affirmation selon laquelle des virus sont présents dans l'échantillon est mal fondée.

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

¹⁹ Aneuploidy means the presence of an abnormal number of chromosomes in a cell.

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

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

²² Flavia Giannesi, et al., "The Role of Extracellular Vesicles as Allies of HIV, HCV and SARS Viruses", *Viruses*, 22 May 2020: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7291340/>

Les virologues dévient clairement de la question fondamentale de l'isolement car ils n'ont pas réussi à progresser dans ce domaine. Au lieu de faire face honnêtement et scientifiquement au problème, ils ont obscurci le langage. En 2017, le groupe de Perth a souligné dans leur œuvre magistrale, "*VIH - un virus comme aucun autre*", que "*en virologie, tandis que la purification conserve son sens quotidien, 'isolement' est un terme expédient que les virologues attribuent aux données qu'ils prétendent être la preuve qu'un virus particulier existe.*"²³ En d'autres termes, c'est pratique et utile, mais en ce qui concerne les affirmations qui sont faites et les actions ultérieures qui sont entreprises contre l'humanité, cela devrait être considéré comme impropre et immoral. Dans le même essai, le groupe de Perth a documenté les exemples suivants de virologues adaptant le langage scientifique à leur propre convenance à des fins personnelles :

Jay Levy, expert en VIH, définit l'isolement des virus comme un "échantillon d'un virus provenant d'une source définie", White et Fenner le définissent comme la capacité à "identifier un virus totalement imprévu, voire à découvrir un agent entièrement nouveau", Montagnier et Weiss le définissent comme "les propageant [les virus] dans des cellules en culture". La sixième édition de 2013 de Fields Virology définit l'isolement comme suit : "Les virus peuvent être isolés d'un hôte infecté en récoltant du matériel excrété ou sécrété, du sang ou des tissus et en testant l'induction des symptômes d'origine chez l'hôte identique, ou l'induction d'une pathologie anormale chez un hôte de remplacement, ou en culture cellulaire... Une fois que la présence d'un virus a été établie, il est souvent souhaitable de préparer une souche génétiquement pure". Il va de soi que si l'isolement du virus consiste à "prendre un échantillon d'un virus provenant d'une source définie", ou à "les propager dans des cellules en culture", il faut d'abord avoir la preuve que le virus existe dans "une source définie" ou "dans des cellules en culture". L'isolement du virus ne consiste ni en "l'induction d'une pathologie anormale" ni en "une fois que la présence d'un virus a été établie".²⁴

C'est une tragédie que cette situation existe et que cette pratique extrêmement trompeuse rende les nombreuses affirmations de virologie concernant l'isolement non fondées. Mais les virologues eux-mêmes offrent-ils une explication à leur utilisation abusive et constante de la langue anglaise ? En 2021, le vétérinaire virologue le professeur *Vincent Racaniello* a expliqué, même en ce qui concerne la définition de termes fondamentaux tels que "isoler", que "*ce qui se passe, c'est que vous êtes formé dans le laboratoire de quelqu'un et vous les entendez dire des choses et vous associez un sens à ces choses et c'est ce que vous faites, et ils ont peut-être raison ou pas.*"²⁵

²³ The Perth Group, "HIV - a virus like no other", 12 Jul 2017: <http://thepertthgroup.com/HIV/TPGVirusLikeNoOther.pdf>

²⁴ Ibid.

Dans la même présentation, *Racaniello* lui-même ne semblait pas remarquer de problème avec sa propre définition de ce qui sont censés être des termes scientifiques quand il a dit : "un isolat est un virus que nous avons isolé d'un hôte infecté et que nous avons propagé en culture." Ironiquement, dans un article de 2015 concernant la terminologie scientifique appropriée et le mot 'transfection'²⁶, *Racaniello* a déclaré : "si vous considérez la langue anglaise comme un moyen dynamique de communication qui évolue constamment et donne de nouveaux sens aux mots, alors cette utilisation incorrecte de la transfection ne vous dérange probablement pas. Mais les scientifiques doivent être précis dans leur utilisation de la langue, sinon leur capacité à communiquer sera entravée."²⁷ Une analyse de la présentation de *Racaniello* sur l'isolement viral et l'abus de langage en science a déjà été traitée précédemment par le *Dr Samantha Bailey* dans "The Truth About Virus Isolation."²⁸ Cela illustre le problème où plusieurs générations de virologistes semblent piégées dans un monde de raisonnement sémantique circulaire, bien que avec des degrés d'acuité différents.

La virologie a inventé l'hypothèse des virus, donc quelle que soit la méthode qu'elle emploie pour tenter de prouver leur existence, elle doit satisfaire cette définition. Au cœur de l'argument se trouve un concept simple, et nous avons besoin de voir des preuves que les prétendues particules responsables de maladies provoquent de nouvelles particules qui sont des clones des précédentes. **Affirmer que les protéines et les acides nucléiques détectés sont d'origine virale spécifique n'est pas possible à moins que les prétendues particules virales aient été véritablement isolées par purification et qu'elles aient montré ces caractéristiques biologiques clés.** Comme l'a souligné le groupe de Perth dans "VIH - un virus comme aucun autre", **la purification est nécessaire pour prouver l'existence des virus pour plusieurs raisons, notamment les suivantes :**

1. Les virus se répliquent uniquement dans les cellules vivantes. Étant donné que les cellules et les virus sont composés des mêmes constituants biochimiques, la séparation des particules de la matière cellulaire est essentielle pour déterminer quel acide nucléique et quelles protéines appartiennent aux particules virales.
2. Pour prouver que les particules sont infectieuses. En d'autres termes, ce sont les particules, et non d'autres facteurs, qui sont responsables de la production de nouvelles particules. Cela nécessite la purification des deux ensembles de particules.

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

²⁶ "Transfection is a process of introducing nucleic acid into eukaryotic cells using various chemical or physical methods", from *Comprehensive Biotechnology*, 2nd edition, Elsevier, 2011.

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

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

3. Pour démontrer leurs effets biologiques et pathologiques.

4. Pour obtenir des antigènes (protéines) et des acides nucléiques à utiliser respectivement dans les tests d'anticorps et génomiques.²⁹

Bien que moins courant, les virologistes peuvent parfois obscurcir le sens de la "purification" également. Le 23 mai 2022, le professeur de virologie belge **Marc Van Ranst**³⁰ a affirmé qu'en ce qui concerne le SARS-CoV-2, "*dans un autre article (<https://europepmc.org/article/pmc/pmc7122600>), ils ont encore purifié le virus par ultracentrifugation dans la bêta-cyclodextrine.*"³¹ Van Ranst faisait référence à un article de 2008 qui décrivait la "*préparation à grande échelle de virions du coronavirus du SRAS inactivé par les UV*", qui concernait le prétendu virus du SRAS-CoV-1.³² Cependant, cet article décrit simplement un protocole prétendant purifier des virions, et il n'y a aucune partie de l'article qui démontre l'existence de toute particule compétente pour la réplication - tout ce qui a été montré ce sont quelques images de qualité médiocre censées montrer des cellules Vero E6 "infectées". (Voir la section suivante concernant les "effets cytopathiques".) En ce qui concerne la "*vérification des virions purifiés*" après centrifugation, **aucune image n'a été fournie**, mais l'affirmation a été faite que "*la concentration des virions purifiés est déterminée par un dosage à l'acide bicinchoninique (BCA) avec l'albumine de sérum bovin (BSA) comme étalon*". Il s'agissait d'une conclusion infondée car le dosage BCA mesure simplement la concentration totale de protéines dans une solution - la technique est incapable de fournir des preuves de la présence de "virions" dans un échantillon.

La Figure 1 ci-dessous est une image censée montrer des "*virions de coronavirus de type SRAS similaire aux chauves-souris*" purifiés et a été publiée dans la revue Nature en 2013 - la légende explique pourquoi une telle déclaration est ridicule. (La variation pratique de la taille des particules est apparemment due au fait que "[les coronavirus] ont généralement un diamètre, en excluant les protubérances, compris entre 80 et 120 nm, bien que dans des cas extrêmes, le diamètre puisse varier entre 60 et 220 nm."³³) De même, l'affirmation dans l'article cité par Van Ranst selon laquelle "*il est préférable de confirmer la quantité de virions par électrophorèse sur gel SDS-PAGE à 10%*"³⁴ est tout aussi erronée, car il s'agit simplement d'un processus d'électrophorèse en gel visant à séparer les protéines en fonction de leur masse moléculaire - il ne peut pas fournir de preuves que les protéines appartiennent à un virus.

²⁹ The Perth Group, "HIV - a virus like no other", 12 Jul 2017: <http://thepertthgroup.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 May 2022: <https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/06/Belgium-Marc-Van-Ranst-May-2022-PACKAGE.pdf>

³² Yasuko Tsunetsugu-Yokota, "Large-scale preparation of UV-inactivated SARS coronavirus virions for vaccine antigen", *Methods in Molecular Biology*, 1 Jan 2008: https://doi.org/10.1007/978-1-59745-181-9_11

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

³⁴ Sodium Dodecyl Sulfate-PolyAcrylamide Gel Electrophoresis

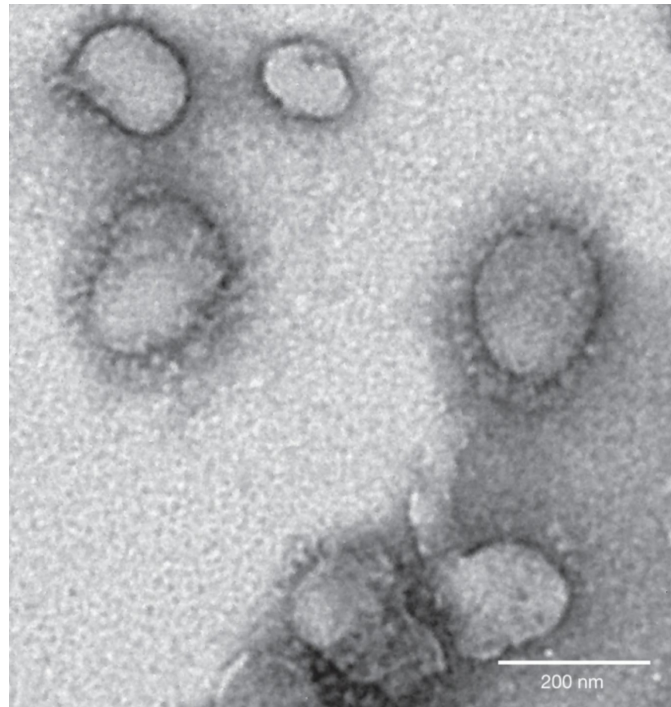


Figure 1 Cette image a été décrite comme une "micrographie électronique de virions purifiés", obtenue par ultracentrifugation à travers un coussin de saccharose à 20 % (5 ml) à 80 000 g pendant 90 minutes à l'aide d'un rotor Ty90 (Beckman). Mis à part le fait que les propriétés biologiques de ces vésicules n'ont pas été établies, il n'y a aucune indication que quelque chose dans la culture de cellules Vero E6 ait été purifié, et aucune autre image contextuelle n'a été fournie. De plus, aucune micrographie de culture témoin n'a été documentée. Source : *Xing-Yi Ge, et al.*, "Isolation and characterization of a bat SARS-like coronavirus that uses the ACE2 receptor," *Nature*, 30 octobre 2013 : <https://doi.org/10.1038/nature12711> (voir également la page 56 concernant l'affirmation selon laquelle *Ralph Baric et al.* ont utilisé ces "virus" pour en créer de nouveaux.)

L'ARN viral dans les échantillons cliniques. Nous pouvons décrypter le génome viral complet. Nous pouvons faire croître le virus en culture cellulaire et l'inoculer dans des modèles animaux pour induire la maladie."³⁵ On ne sait pas si *Van Ranst* a apprécié que les méthodologies non contrôlées employées dans toutes ces expériences ne fournissent pas les preuves requises de l'existence de tout "virus". Ainsi, lorsque *Van Ranst* a affirmé que "*aucun scientifique ne doute de l'existence du SARS-CoV-2*",³⁶ on peut se demander si les virologistes devront maintenant changer la définition de 'scientifique' pour maintenir des pratiques illusoires ?

Van Ranst n'était pas le seul virologue à faire des affirmations sur la purification des virus cependant. En réponse à une demande par e-mail, le *Dr Marica Grossege*³⁷ de l'Institut Robert Koch a répondu que "*nous avons purifié des particules de SARS par gradient de densité. Cependant, uniquement à partir du virus dérivé de la culture cellulaire, comme vous l'avez écrit.*"

³⁵ By email from Marc Van Ranst, "Purification of SARS-CoV-2", 23 May 2022: <https://www.fluoridefreepeel.ca/wpcontent/uploads/2022/06/Belgium-Marc-Van-Ranst-May-2022-PACKAGE.pdf>

³⁶ Ibid.

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

"" *Le défi de purifier le SARS à partir d'échantillons de patients est que vous n'obtiendrez pas une bande visible*".³⁸ Mis à part la terminologie imprécise en remplaçant le nom d'un syndrome ('SARS' signifie syndrome respiratoire aigu sévère) par un virus postulé, aucune preuve supplémentaire n'a été fournie quant à la manière dont ces affirmations ont été établies. Apparemment, *Grossegeesse* utilise également les définitions de "*purification*" et de "*virus*" telles qu'elles sont représentées dans la Figure 1 ? Quoi qu'il en soit, lorsqu'on lui a demandé des détails supplémentaires sur la manière dont les expériences étaient contrôlées, elle a répondu : "*nous n'avons pas le droit de partager des protocoles avec une personne privée. Je ne peux que renvoyer à nos publications, où les expériences d'infection sont décrites en détail.*" Il semble que le terme "détail" ait pris un sens différent, car les publications n'ont pas révélé de réponses simples concernant les contrôles recherchés.

Le domaine de l'isolement est l'un des domaines où la virologie est complètement déroutée, et comme le souligne cet essai, ***le SARS-CoV-2 n'est rien de plus qu'une construction informatique hypothétique, assemblée à partir de fragments génétiques d'origine non prouvée.*** Il n'a jamais été démontré l'existence d'une particule physiquement isolée (c'est-à-dire purifiée) responsable de la production de particules identiques, ni qu'une particule soit à l'origine d'effets pathologiques chez l'homme ou dans un modèle animal expérimental. Ainsi, la déclaration de virologues tels que *Van Ranst*, ainsi que de l'OMS et de ses partisans, selon laquelle une particule infectieuse appelée 'SARS-CoV-2' est à l'origine d'une pandémie de maladie, est révélée comme une fraude scientifique et intellectuelle flagrante.

QU' EST CE QUE LA VIROLOGIE ?

Lorsqu'il est effrayé, l'oiseau s'envolera et volera en cercles de plus en plus restreints jusqu'à ce qu'il parvienne à s'envoler dans son propre postérieur, disparaissant complètement, ce qui ajoute à sa rareté.

— L'oiseau mythique de l'« oozlum ».³⁹

Il est difficile de définir exactement ce qu'est la virologie, mais ce n'est pas une science. Les praticiens actuels semblent s'engager dans une forme de spéculation algorithmique ou statistique, associée à un raisonnement circulaire et un biais de confirmation, ***avec une absence totale de ce qui devrait être le processus correspondant de réfutation qui est au cœur de la méthode scientifique.*** Alors que l'abandon de la méthode scientifique peut passer inaperçu ou être accidentel pour les participants de niveau inférieur, il existe très probablement des motivations conspirationnistes à des niveaux plus élevés de la hiérarchie mondiale. Par exemple, l'OMS, les Centers for Disease Control (CDC) et l'Agence britannique de sécurité sanitaire sont toutes parties prenantes

³⁸ By email from Marica Grossegeesse, Robert Koch Institute, "SARS-CoV-2 / questions", 1 Apr 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.

..... des pratiques trompeuses de la virologie, comme le révèle cet essai. Cependant, les pratiques anti-scientifiques sont reproduites dans la plupart des autres pays, que ce soit en ce qui concerne les revendications d'isolement des virus et l'application inappropriée de la réaction en chaîne par polymérase (PCR) pour le diagnostic clinique,⁴⁰ ou le manque de divulgation des détails de contrôle cruciaux impliqués dans la culture des virus et la création du génome, qui est au cœur de cet essai.

Comment teste-t-on une théorie scientifique ? *Karl Popper* a exprimé la centralité de la réfutation d'une théorie ou d'une hypothèse, comme suit :

« Ainsi, c'est, selon moi, la possibilité de le renverser, ou sa réfutabilité, qui constitue la possibilité de le tester, et donc le caractère scientifique d'une théorie ; et le fait que tous les tests d'une théorie sont des tentatives de réfutation des prédictions dérivées avec son aide fournit la clé de la méthode scientifique. Cette conception de la méthode scientifique est corroborée par l'histoire de la science, qui montre que les théories scientifiques sont souvent renversées par des expériences, et que le renversement des théories est en réalité le moteur du processus scientifique. L'affirmation selon laquelle la science est circulaire ne peut pas être soutenue. »⁴¹

Il est donc raisonnable de se demander si la virologie a jamais été une poursuite scientifique. En ce qui concerne la méthode scientifique, les virologistes élaborent des hypothèses non falsifiables en mettant en place des paradigmes où un certain nombre d'observations, qu'il s'agisse de maladies ou de prétendus résultats de tests, peuvent être attribuées à leurs "virus". Les observations sont présentées comme une preuve de l'existence du virus, de la manière d'une boucle circulaire de raisonnement qui ne nécessite plus l'existence démontrable d'un virus. Toutes les revendications de reproductibilité, par exemple sous la forme d'un processus PCR ou d'un prétendu génome viral, ne sont tout simplement que davantage de circuits de la même boucle.

Historiquement, la virologie a été caractérisée par l'absence d'expériences de contrôle valables, et aucune de ses revendications fondamentales n'a été établie par l'exercice correct de la méthode scientifique. Le premier prétendu virus à avoir été découvert était le virus de la mosaïque du tabac, et l'une des preuves avancées à ce sujet est censée être contenue dans le traité de *Dmitri Ivanovsky* de 1903, intitulé "*Über die Mosaikkrankheit der Tabakspflanze*" (À propos de la maladie de la mosaïque de la plante de tabac).⁴² Cependant, il est manifeste que

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

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

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

... les expériences décrites par *Ivanovsky* manquaient de comparaisons de contrôle valides et étaient donc non scientifiques et peu concluantes. Il a même commenté que "*cette maladie ne trouve des conditions favorables d'existence que dans les régions côtières. Une telle conclusion correspond pleinement aux observations ci-dessus concernant l'influence de l'humidité sur le développement de la maladie. La maladie de la mosaïque semble être propre aux climats humides et chauds.*" Cependant, à l'époque où la théorie des germes se développait en tant qu'idéologie prédominante de la cause des maladies, au lieu de conclure que la maladie de la mosaïque était causée par des conditions environnementales, *Ivanovsky* a conclu qu'il avait découvert un virus invisible.

Il est peut-être tentant de pardonner aux premiers pionniers le fait que leurs méthodologies non contrôlées et non scientifiques étaient simplement des pratiques typiques de cette époque. Cependant, la théorie des germes, à l'instar de *Claude Bernard*, a offert l'aperçu suivant sur l'importance des contrôles lors de l'adhésion à la méthode scientifique des décennies plus tôt en 1865 : "*Si en effet nous caractérisons l'expérience par une variation ou une perturbation apportée à un phénomène, c'est uniquement dans la mesure où nous impliquons que la perturbation doit être comparée à l'état normal. Comme les expériences ne sont en fait que des jugements, elles nécessitent nécessairement une comparaison entre deux choses ; et l'élément intentionnel ou actif dans une expérience est en réalité la comparaison que l'esprit a l'intention de faire.*" *Bernard* conseillait ainsi la nécessité d'avoir un contrôle valide, ou une comparaison appropriée, pour s'assurer que c'était uniquement le nouvel élément expérimental qui provoquait un résultat. Ainsi, la façon la plus charitable d'aborder la question serait de suggérer que peut-être certains des premiers chasseurs de virus ignoraient l'importance de la méthode scientifique dans leur enthousiasme et leur recherche effrénée d'ennemis invisibles.

En avançant vers une autre prétendue découverte précoce de virus, le manuel "*Retroviruses*" nous informe que "*en 1911, Peyton Rous à l'Institut Rockefeller de New York a signalé la transmission sans cellules d'un sarcome chez les poulets... Le virus isolé par Rous porte le nom de son découvreur : le virus du sarcome de Rous.*" Cependant, une revue de l'article de *Rous*, "*A Sarcoma of the Fowl*," révèle qu'il n'a prétendu isoler quoi que ce soit, encore moins quelque chose qui correspondrait à la définition d'un virus. Sa méthodologie consistait à broyer le matériel tumoral de poulet, à le filtrer, et à l'injecter directement dans d'autres poulets, avec l'observation que certains d'entre eux développeraient également des tumeurs. Il a signalé que les expériences "de contrôle" consistaient à injecter du matériel tumoral non filtré dans des poulets,

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 Apr 1911: <https://doi.org/10.1084/jem.13.4.397>

ce qui avait tendance à entraîner des tumeurs beaucoup plus importantes. Rous avait postulé la présence d'un organisme ultramicroscopique causatif, mais il a concédé que "*l'existence d'un agent d'un autre genre n'est pas à exclure.*" En réalité, l'expérience n'a fourni aucune preuve de l'existence d'une particule infectieuse et répliquative. Elle a simplement montré que l'introduction de tissu malade par une voie non naturelle et invasive dans un autre animal pouvait le conduire à développer un processus de maladie similaire.

La prétention selon laquelle en 1925 le pathologiste *William Gye* a démontré que Rous avait découvert un virus est également fautive. Il a simplement affirmé qu'un virus était à l'œuvre dans ces expériences et a déclaré de manière explicite : "*Je tiens particulièrement à souligner un aspect de la recherche des virus invisibles, à savoir que le test sur les animaux constitue la preuve finale de la présence de l'organisme dans un inoculum.*" Encore une fois, la "preuve finale" n'impliquait pas l'identification réelle d'un organisme infectieux dans l'inoculum, elle démontrait simplement la formation de tumeurs après l'injection de tissu malade. De plus, en 1927, il a été déterminé que le sarcome de la volaille pouvait être induit par l'injection d'acide arsénieux dilué et de pulpe embryonnaire étrangère.⁴⁸ Les effets cancérogènes ont également été reproduits après la même filtration bactériologique que celle réalisée par Rous, et il a été démontré que la maladie provenait du tissu étranger, et non des tissus de l'hôte. L'hypothèse virale aurait dû être abandonnée, mais un demi-siècle plus tard, l'établissement l'a maintenue en vie et a récompensé Rous d'un prix Nobel en 1966 pour "*sa découverte de virus inducteurs de tumeurs*".⁴⁹

En 1954, lorsque *John Enders* et *Thomas Peebles* ont prétendu avoir propagé le virus de la rougeole dans des cellules rénales humaines et de singe,⁵⁰ aucune tolérance supplémentaire n'aurait dû être accordée aux expériences non scientifiques de la virologie. *Enders* et *Peebles* ont ajouté des lavages de gorge et du sang à leurs cultures cellulaires et, en observant les effets cytopathiques, c'est-à-dire la mort et la dégradation des cellules dans leurs tubes à essai, ont conclu que les apparences in vitro "*pourraient être associées au virus de la rougeole*". Ils ont averti que "*des effets cytopathiques qui ressemblent superficiellement à ceux résultant de l'infection par les agents de la rougeole peuvent éventuellement être induits par d'autres agents viraux présents dans le tissu rénal de singe ou par des facteurs inconnus*", mais ont ensuite conclu de manière inappropriée que "*ce groupe d'agents est composé de représentants de l'espèce virale responsable de la rougeole*".⁵¹

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

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

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 (received 16 May 1954), 277-286.

⁵¹ *Ibid.*

Enders et *Peebles* n'ont effectué aucune expérience de contrôle pour vérifier si la procédure de culture elle-même, c'est-à-dire le stress des cellules dans un tube à essai, aurait pu produire les mêmes effets cytopathiques, invalidant ainsi les preuves de leur conclusion. Idéalement, plusieurs expériences de contrôle auraient dû être réalisées : certaines sans l'ajout d'échantillons d'origine humaine, d'autres avec des échantillons d'origine humaine provenant de sujets en bonne santé, et d'autres avec des échantillons d'origine humaine provenant de sujets malades, mais sans diagnostic de rougeole cliniquement ou d'une autre prétendue condition "virale".

Les virologistes continuent cependant de répéter la méthodologie non contrôlée d'*Enders* et prétendent encore aujourd'hui que de tels effets cytopathiques constituent une preuve incontestable des virus. Le *Dr Stefan Lanka* a documenté l'histoire de ces pratiques non scientifiques,⁵² et en 2021 a démontré que les effets cytopathiques pouvaient être induits dans des cultures cellulaires par le processus de laboratoire lui-même.⁵³ Les résultats des expériences de *Lanka* sont représentés dans la Figure 2. Dans de nombreuses publications de virologie, une expérience de contrôle ou "mock-infected" est mentionnée, mais les détails de telles expériences font cruellement défaut. Une page web de l'Université Northwestern, Illinois, précise que "mock-infected" signifie "un contrôle utilisé dans les expériences d'infection. Deux spécimens sont utilisés, l'un est infecté par le virus ou vecteur d'intérêt,

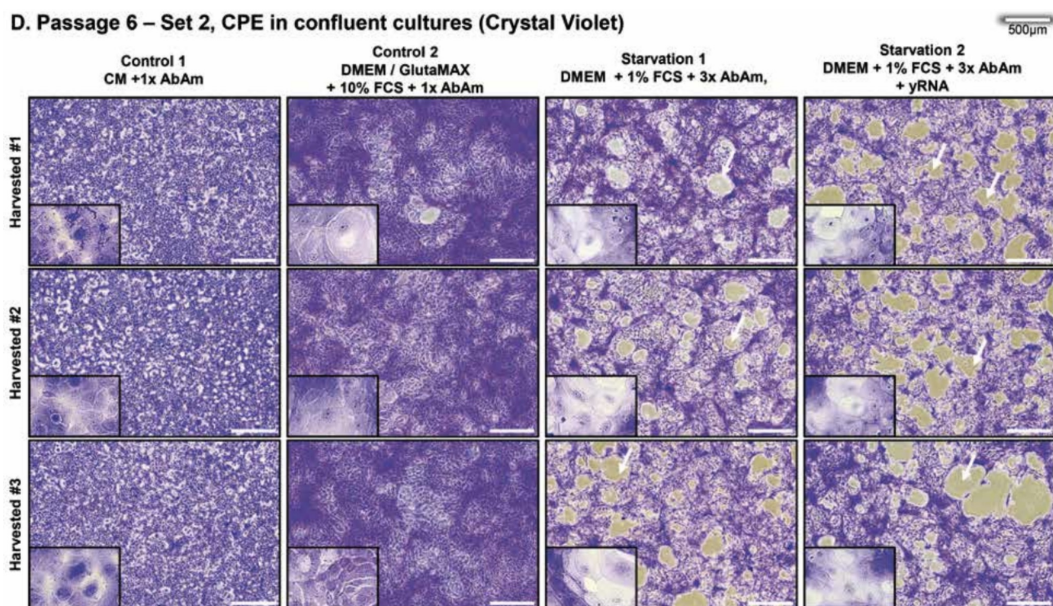


Figure 2. Expériences du *Dr Stefan Lanka* : Les effets cytopathiques (flèches blanches) ont été induits en stressant les cellules épithéliales par passage et antibiotiques. L'ajout d'ARN de levure (4e colonne) a encore plus induit d'effets cytopathiques. Aucun "virus" n'a été ajouté et les expériences ont été effectuées en triplicata. *Source* : *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 mars 2022 : <https://coldwelliantimes.com/eilmeldung/kontrollexperiment>

⁵² Stefan Lanka, "The Virus Misconception", *WISSEnSCHAFTPLUS magazin*, 01/2020, 4.

⁵³ Dean Braus, "CPE - Control Experiment - 21 April 2021 - English version": <https://odysee.com/@DeansDanes:1/cpe-english:f>

et l'autre est traité de la même manière, sauf qu'il ne contient pas le virus ".⁵⁴ La définition est déjà problématique car des termes tels que 'virus' et 'infecté' ont été introduits et présumés exister avant d'être établis. Dans tous les cas, comme cela deviendra clair, ceux impliqués dans l'isolement présumé du virus et la création du génome ne traitent certainement pas l'échantillon simulé infecté de la même manière, moins le 'virus', et peuvent être malhonnêtes ou carrément obstructifs lorsqu'on les presse d'admettre ce fait.

En juin 2022, en réponse à une demande en vertu de la Loi sur l'information officielle (OIA) concernant l'article intitulé "*Caractérisation des premiers isolats du SARS-CoV-2 en provenance d'Aotearoa Nouvelle-Zélande dans le cadre d'une réponse rapide à la pandémie de COVID-19*",⁵⁵ l'Université d'Otago a déclaré que "*l'article publié par le professeur Quiñones-Mateu et ses collègues était un article descriptif... Cela signifie qu'il n'y avait pas d'hypothèse à prouver ou à réfuter.*"⁵⁶ En résumé, cette réponse a peut-être involontairement résumé l'état plus général des affaires en virologie. En 2008, la revue "*Infection and Immunity*" a publié un commentaire invité intitulé "Science descriptive" qui expliquait pourquoi "*la recherche descriptive en elle-même est rarement concluante*" et peut simplement servir de point de départ pour orienter de futures investigations.⁵⁷ Les auteurs ont souligné que "*la microbiologie et l'immunologie sont désormais des sciences expérimentales et que les chercheurs peuvent aller au-delà de la simple description des observations pour formuler des hypothèses et effectuer des expériences pour les valider ou les réfuter.*" Comme cet essai le montre, l'établissement de virologie ne divulguera ni ne réalisera ces expériences nécessaires, apparemment afin de ne pas se réfuter lui-même. Il se limite intentionnellement à des expéditions opportunistes continues soutenues par un biais de confirmation, se disqualifiant ainsi de la méthode scientifique en raison de son incohérence avec l'approche axée sur l'hypothèse et réfutable décrite par Popper.

L'auteur a précédemment écrit dans un post-scriptum tiré du livre d'A. F. Chalmers intitulé "*Qu'est-ce que cette chose appelée Science?*" que l'un des problèmes cruciaux de la virologie était qu'elle s'est inventée en tant que domaine avant d'établir si les virus existaient réellement. Elle a essayé de se justifier depuis sa création :

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 Feb 2022: <https://doi.org/10.3390/v14020366>

⁵⁶ Letter 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 Jun 2022.

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

Dans ce cas, une particule virale n'a pas été observée en premier lieu, et ensuite la théorie virale et la pathologie se sont développées. Les scientifiques du milieu et de la fin du XIXe siècle étaient préoccupés par l'identification d'entités pathogènes imaginaires contagieuses. Les observations de l'inductiviste naïf n'ont pas identifié un virus a priori, puis ont étudié ses propriétés et caractéristiques. La présupposition existante à l'époque était qu'une très petite particule germinale existait, susceptible d'expliquer la contagion. Ce qui est apparu par la suite a été créé pour répondre à cette prémisse présuppositionnelle.⁵⁸

Parce qu'une théorie scientifique exige des preuves qui ont été testées à plusieurs reprises et corroborées conformément à la méthode scientifique, il est clair que les "virus" n'ont même pas atteint le stade de la théorie.⁵⁹

Selon la science, ils restent de simples spéculations.

LE MANQUE DE CONTRÔLES EN VIROLOGIE SIGNIFIE QU'IL NE S'AGIT PAS D'UNE RECHERCHE SCIENTIFIQUE

Les demandes en vertu de la Loi sur l'information officielle (OIA) ont révélé que l'Institut de recherche en sciences de l'environnement de la Nouvelle-Zélande (ESR), qui prétend avoir isolé et séquencé le SARS-CoV-2 dans les Antipodes, est également coupable de ne pas avoir effectué de contrôles valides.⁶⁰ Dans la tradition d'*Enders*, ils n'ont pas pris de pause pour vérifier si les CPE (cytopathogenic effects) qu'ils ont observés ou les génomes qu'ils ont assemblés via des simulations informatiques auraient également pu être créés dans des comparaisons de contrôle valides. C'est-à-dire en effectuant des expériences avec d'autres échantillons dérivés de l'homme, à la fois de sujets en bonne santé et de sujets malades qui sont censés ne pas avoir la prétendue maladie COVID-19. Au lieu de cela, l'ESR a décrit leur "contrôle négatif" insuffisant dans lequel *"la fiole subit les mêmes conditions que les fioles utilisées pour la culture virale, cependant, nous n'utilisons que le milieu d'infection."*

Le principal acteur dans ces recherches non scientifiques est l'OMS. Il est très révélateur que dans leur document de 94 pages intitulé *"Séquençage génomique du SARS-CoV-2"*, il n'y a que quatre phrases consacrées aux *"échantillons de contrôle"*.

6.4.2 Échantillons de contrôle

"Les échantillons de contrôle négatif, tels que du tampon ou de l'eau, doivent toujours être inclus dans toute séquence comprenant plusieurs échantillons. Ils doivent être inclus le plus tôt possible

⁵⁸ Mark Bailey, "Warnings Signs You Have Been Tricked By Virologists...Again", 25 Jul 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 Feb 2022: <https://drsambailey.com/covid-19/fact-check-new-zealand-cant-find-the-sars-cov-2-virus/>

et doivent suivre les échantillons à travers toutes les étapes du processus de séquençage. Cela est extrêmement important pour éliminer la possibilité de contamination lors d'une séquence effectuée en laboratoire ou lors du traitement bioinformatique.

Les échantillons de contrôle positif avec des séquences génétiques connues peuvent être utiles pour valider les pipelines bioinformatiques nouvellement adoptés ou adaptés pour l'appel du consensus, mais ils n'ont pas besoin d'être inclus dans chaque séquence." ⁶¹

Cependant, aucun de ces contrôles n'est suffisant pour valider les "génomés" que les virologues produisent grâce à ces techniques, car ils ne peuvent servir qu'à étalonner le processus. Comme il est devenu évident, l'OMS ne peut pas indiquer un seul contrôle positif valide, pourtant, le 11 février 2020, ils ont nommé la nouvelle maladie qu'ils avaient inventée "COVID-19", avec l'affirmation associée qu'elle était causée par un nouveau coronavirus.⁶² Ils ont donné le feu vert à quiconque dans le monde pour "découvrir" le SARS-CoV-2 dans leur propre environnement sans avoir besoin de contrôles valides. Pourtant, il est clairement nécessaire d'avoir des contrôles comparatifs où des échantillons de patients similaires, mais sans le prétendu virus, soient traités de la même manière, de sorte qu'une seule variable soit testée. Comparer les résultats d'un échantillon censé contenir le virus avec l'un des contrôles négatifs décrits dans le document de l'OMS ci-dessus ne peut pas valider le processus, car les échantillons négatifs ne contiennent pas le bouillon génétique qui fait partie du premier. Dans tous les cas, même selon leurs propres termes, le contrôle négatif mentionné par l'ESR en Nouvelle-Zélande ne peut pas valider la méthodologie qu'ils utilisent pour créer ces génomes viraux, car, comme le précise l'OMS, il s'agit simplement d'une vérification préventive contre la contamination.

Avec toutes les difficultés à cultiver des virus postulés, la virologie moderne privilégie désormais la métagenomique⁶³ directe d'échantillons bruts, souvent avec le séquençage aléatoire⁶⁴ et l'assemblage artificiel ultérieur de ces fragments

⁶¹ World Health Organization, "Genomic sequencing of SARS-CoV-2 - A guide to implementation for maximum impact on public health", 8 Jan 2021.

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

⁶³ "Metagenomics is the study of the structure and function of entire nucleotide sequences isolated and analyzed from all the organisms (typically microbes) in a bulk sample. Metagenomics is often used to study a specific community of microorganisms, such as those residing on human skin, in the soil or in a water sample." - NIH National Human Genome Research Institute, "Metagenomics": <https://www.genome.gov/genetics-glossary/Metagenomics> (accessed 27 Apr 2022). It is an illegitimate methodology when used by virologists as none of the sequences that are obtained and declared to be "viral" have been shown to come from a virus at any time as this essay will detail.

⁶⁴ Shotgun sequencing is a method that randomly fragments the DNA in a sample into short segments, for example 150 base pairs in length. These short fragments are sequenced to obtain "reads". From this point the process relies on sequence assembly software to arrange overlapping reads into "contigs".

génétiq ues pour créer de nouveaux "virus" *in silico*⁶⁵ à partir de rien. Cette invention fournit ensuite aux autres chercheurs de virus des ensembles de paires de PCR prédéfinis⁶⁶ afin qu'ils puissent également découvrir les mêmes séquences et prétendre qu'il s'agit du même virus. L'ESR a été impliqué dans une publication dans laquelle ils proclamaient la découverte du SARS-CoV-2 chez neuf sujets grâce à cette méthodologie⁶⁷. Mon collègue leur a demandé de fournir "*tous les détails du groupe témoin utilisé lors de la comparaison des résultats de séquençage*", mais au lieu de répondre à la question, l'ESR a fait des excuses concernant le fait de ne pas s'impliquer dans la "génération de nouvelles données" et a fourni des liens vers les protocoles de séquençage du SARS-CoV-2.⁶⁸ Si l'ESR utilisait de tels protocoles, comme détaillé sur le site protocol.io, alors nous pouvons voir qu'ils approuvent des contrôles insuffisants décrits comme "[un] contrôle négatif d'eau exempt d'ARN" tandis qu'un "contrôle positif facultatif peut également être inclus, qui peut être un ARN synthétique construit ou un échantillon clinique de haute qualité qui peut être dilué."⁶⁹ Une fois de plus, ces types de contrôles ne peuvent servir que de techniques d'étalonnage du processus, pas de la validation ou de la signification clinique des "génomés" qu'ils assemblent.

Malgré les ressources disponibles, l'ESR ne semble pas croire en la nécessité de vérifier par eux-mêmes si le SARS-CoV-2 peut être prouvé scientifiquement. Le 19 juillet 2022, en réponse à une demande d'AOI, ils ont déclaré : "**L'ESR n'a pas effectué d'expériences pour prouver scientifiquement l'existence du virus SARS-COV-2 et ne peut donc pas vous fournir de documents à ce sujet.**"⁷⁰ Le 17 août 2022, en réponse à une autre demande, ils ont admis que : "**L'ESR n'a pas effectué d'expériences pour prouver scientifiquement que le virus SARS-COV-2 cause la COVID-19 et ne peut donc pas vous fournir de documents à ce sujet.**" Personne d'autre n'a non plus effectué ces expériences scientifiques requises.

MALTRAITANCE ANIMALE ET ETUDES SUR LES "ANTICORPS "

Avec l'incapacité de démontrer l'isolement physique d'une particule pathogène répondant à la définition d'un virus,...

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/pre-designed-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.*, May 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 Mar 2022.)

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

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

⁷¹ Letter from ESR, 'Official Information Act Request: SARS-CoV-2 Proof of Causation', 17 Aug 2022: <https://mega.nz/file>

... les virologistes ont entrepris des expériences sur des animaux pour convaincre les non-initiés de l'existence de telles particules pathogènes. La caractéristique de ces publications est qu'elles manquent de contrôles valides, de sorte que même en partant de la prémisse non établie qu'elles manipulent des "virus", elles révèlent un autre aspect de la pseudoscience de la virologie. Un exemple illustratif était l'article intitulé "*Pathogenèse comparative de la COVID-19, du MERS et du SRAS dans un modèle de primate non humain*", publié en mai 2020 par une équipe comprenant *Christian Drosten et Ron Fouchier*.⁷² L'absurdité de ce qui a été publié dans Science peut être résumée comme suit :

1. Les huit singes cynomolgus dans les expériences ont été "*inoculés par SARS-CoV-2 sous anesthésie via une combinaison de voies intratrachéales (4,5 ml) et intranasales (0,25 ml par narine)*..."⁷³ - Ce n'est pas une voie d'exposition naturelle, et 4,5 ml versés dans les poumons d'un petit singe (3,5 à 5,0 kg) équivaut à verser environ 80 ml (1/3 de tasse) de matériau biologique étranger dans les poumons d'un être humain, pendant son sommeil. Cette quantité de matériau est en soi suffisante pour causer des dommages et de l'inflammation dans le tissu pulmonaire.
2. L'inoculum versé dans leurs poumons était constitué de "SARS-CoV-2 (isolat BetaCoV/Munich/BavPat1/2020) obtenu à partir d'un cas clinique en Allemagne", et "le virus a été propagé jusqu'à la troisième génération sur des cellules Vero E6 dans OpE-MEM I (1X) + GlutaMAX (Gibco), complété par de la pénicilline (10 000 UI/mL) et de la streptomycine (10 000 UI/mL)." - ***Ils ont affirmé avoir un "isolat" viral alors que ni eux ni leur fournisseur⁷⁴ n'ont démontré l'existence d'un virus dans l'échantillon.*** Tout ce que l'on peut dire, c'est que l'échantillon contient du matériel biologique étranger provenant de l'échantillon clinique d'origine humaine et des cellules rénales de singe, en plus de produits de dégradation cellulaires et de deux antibiotiques.
3. "Aucun signe clinique évident n'a été observé chez aucun des animaux infectés, à l'exception d'un écoulement nasal séreux chez un animal âgé le 14e jour post-inoculation (p.i.). Aucune perte de poids significative n'a été observée chez aucun des animaux pendant l'étude." - ***En d'autres termes, malgré l'entrée directe dans les poumons de ce qu'ils prétendaient être le virus SARS-CoV-2, aucun des singes n'a manifesté de signes évidents de maladie.***
4. "Au 14e jour p.i., tous les animaux restants ont séroconverti, comme en témoigne la présence d'anticorps spécifiques du SARS-CoV-2 dirigés contre le domaine S1 et les protéines de la nucléocapside du virus dans leur sérum."

__ Les protéines S1 et nucléocapsides n'ont pas été démontrées d'origine virale, indépendamment de leur

⁷² Barry Rockx, et al., "Comparative pathogenesis of COVID-19, MERS, and SARS in a nonhuman primate model", Science, 29 May 2020: <https://www.science.org/doi/10.1126/science.abb7314>

⁷³ Ibid, supplementary material.

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

... capacité à induire la détection (par le biais d'un test in vitro) d'autres protéines appelées "anticorps" chez un hôte. Les virologistes utilisent à nouveau un raisonnement circulaire pour affirmer que la détection d'un anticorps prouve l'existence d'un virus, car on déclare que l'anticorps est spécifique au prétendu virus.

5. *"En tant que mesure de l'excrétion virale, des écouvillons nasaux, de la gorge et rectaux ont été analysés pour la présence du virus par réaction de polymérase en chaîne quantitative (RT-qPCR) inverse..."* Il n'y avait pas d'"excrétion virale", il y avait simplement la détection des mêmes séquences qui avaient été récemment introduites dans les voies respiratoires des singes. Ces séquences d'acides nucléiques étrangers ont disparu naturellement des corps des singes au cours des prochains jours grâce aux mécanismes de dégagement naturels.

6. *"Le RNA du SARS-CoV-2 n'a été détecté que dans un écouvillon rectal chez un animal au jour 14 post-infection, et aucun RNA viral n'a été détecté dans le sang total à aucun moment de l'étude."* Une fois de plus, cela indique qu'ils ne trouvaient que le matériel génétique introduit aux mêmes endroits où il avait été introduit. (Le seul écouvillon rectal positif pourrait avoir été un faux positif, ou le singe aurait pu avaler une partie du matériel biologique introduit.) Dans aucun cas, ils n'ont pu démontrer que le prétendu "virus" avait des caractéristiques envahissantes.

7. Quatre des singes ont été sacrifiés et autopsiés 4 jours après l'inoculation avec le mélange biologique étranger. Deux des quatre ont été signalés comme ayant de petits foyers de consolidation dans leurs poumons, et les auteurs ont déclaré que *"la principale lésion histologique dans les tissus pulmonaires consolidés des animaux jeunes et âgés impliquait les alvéoles et les bronchioles et consistait en des zones avec des lésions alvéolaires diffuses aiguës ou plus avancées (DAD)."* Les caractéristiques histologiques ont été affirmées comme étant caractéristiques du "SARS-CoV-2". Veuillez consulter la Figure 3 ci-dessous pour comprendre pourquoi ces affirmations sont complètement infondées.

8. *"L'expression de l'antigène du SARS-CoV-2 a été détectée en quantité modérée dans les pneumocytes de type I et quelques pneumocytes de type II au sein des foyers de DAD."* Cela a été revendiqué grâce à une technique de coloration par immunohistochimie (IHC) basée sur *"un anticorps polyclonal de lapin dirigé contre la nucléoprotéine du SARS-CoV (40143-T62, Sino Biological, Chesterbrook, PA, USA)."* Malheureusement pour eux, le fournisseur de ce produit indique que *"les applications en IHC, FCM, IF, IP, et autres n'ont pas été validées. (Les applications de l'anticorps n'ont pas été validées avec des échantillons correspondant au virus positif.)"*⁷⁵ Quoi qu'il en soit, cet exemple peut être utilisé pour mettre en lumière la plus large erreur concernant les anticorps en tant que "preuve" des virus. Sino Biological indique que les anticorps ont été

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

produits en injectant leur produit "SARS-CoV Nucleocapsid Protein (His Tag)"⁷⁶ chez des lapins.

Cette protéine de la nucléocapside a été produite à partir d'une "séquence d'ADN codant pour la nucléoprotéine du SARS-CoV (isolat : Tor2)." Nous verrons à la page 30 que la séquence "Tor2" était l'un des deux modèles *in silico* utilisés par *Fan Wu et al.* pour inventer le SARS-CoV-2, un autre modèle *in silico*.

En résumé, cela repose sur un raisonnement circulaire : aucune protéine n'a été démontrée comme étant d'origine virale, y compris la protéine de la nucléocapside dans ce cas. On a simplement affirmé qu'ils avaient injecté des protéines "virales" dans des animaux et en réponse, les animaux ont produit d'autres protéines prétendument des "anticorps". Cependant, on n'a ni démontré l'existence d'un virus ni montré qu'il était nécessaire à cet exercice. (Comme autre exemple, la génération d'"anticorps contre le VIH" chez 100 % des volontaires en bonne santé injectés avec un candidat vaccin COVID-19 de l'Université du Queensland constitue une gêne pour ceux qui promeuvent à la fois l'industrie du VIH et des anticorps.⁷⁷)

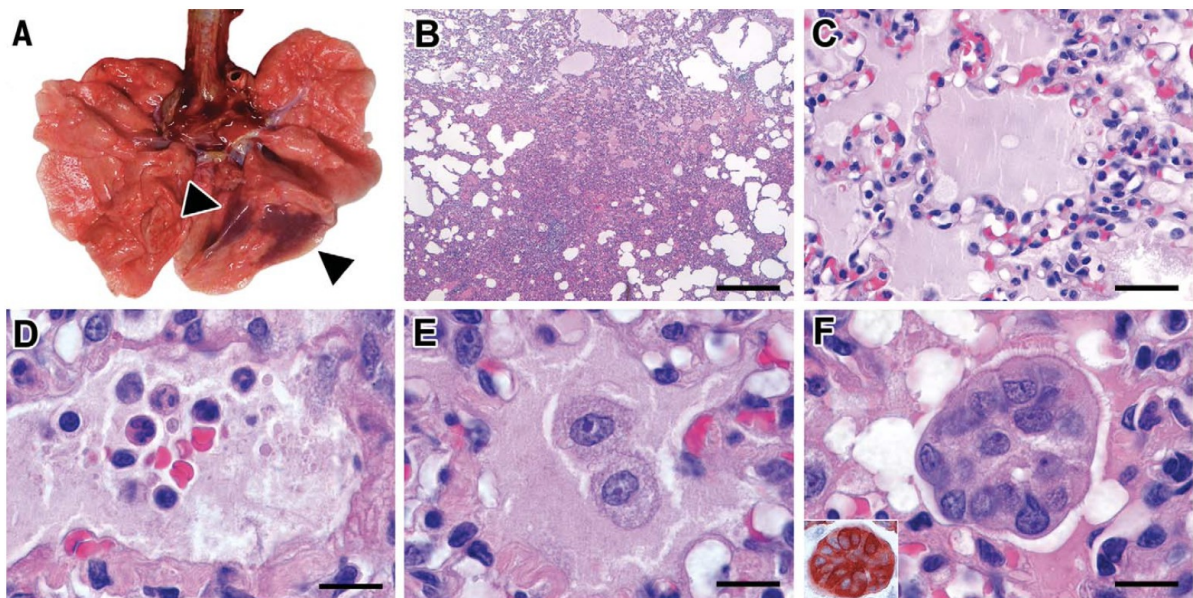


Figure 3. Certaines des images présentées dans l'article "*Comparative pathogenesis of COVID-19, MERS, and SARS in a nonhuman primate model*" et prétendument décrites comme des "changements pathologiques caractéristiques" du SARS-CoV-2. Les changements pulmonaires dans (A)-(C) sont compatibles avec une pneumonie, causée par l'introduction d'un liquide contenant du matériel biologique étranger directement dans la trachée du singe alors qu'il était anesthésié. Les changements histologiques (D)-(F) représentent simplement des cellules inflammatoires telles que des macrophages et des neutrophiles, comme on pourrait s'y attendre dans le cas d'une pneumonie provoquée de cette manière. Aucune expérience de contrôle n'a été réalisée.

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

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

Cependant, l'aspect le plus critiquable de l'expérience sur les animaux était qu'elle ne suivait pas la méthode scientifique car elle ne disposait pas de témoins. C'est-à-dire qu'un groupe comparable de singes n'a pas été soumis à une exposition interne avec la même composition et le même volume de "soupe biologique", sans le prétendu "virus", versé directement dans leurs poumons. *Pour être clair, l'auteur ne cautionne pas une telle expérience car il s'agit d'une procédure cruelle qui n'a rien à voir avec les voies naturelles d'exposition.* Cela sert simplement à souligner le concept d'une expérience correctement contrôlée. Malheureusement, de telles méthodologies non scientifiques sont malheureusement reproduites dans toutes les études sur les animaux examinées. Aucune d'entre elles ne démontre : **(a)** une méthode naturelle d'exposition utilisant les échantillons présumés contenir des virus, **(b)** de "fausses infections" valides (par exemple, l'utilisation trompeuse de solution saline tamponnée au phosphate uniquement) ou **(c)** une transmission de la maladie d'animal à animal. Cela s'ajoute bien sûr au problème fondamental selon lequel aucune des études ne montre l'existence réelle d'une particule infectieuse qu'elles prétendent tester.

De plus, si les "virus" sont si infectieux, pourquoi ne pas simplement aérosoliser un échantillon dans les cages des animaux pour qu'ils l'inhalent ? Une fois de plus, de telles expériences sont évitées afin que les virologistes ne se contredisent pas en ce qui concerne les allégations de contagion impliquant les particules imaginaires.

LE PARADOXE DE LA QUANTITE DE VIRUS

On nous fait croire que, à l'intérieur d'un hôte tel qu'un être humain, les particules virales sont produites en si grande quantité qu'elles peuvent faire éclater les cellules qui les contiennent, tout en étant présentes en des quantités si minimes que les virologistes affirment qu'elles ne peuvent pas être observées dans les échantillons de patients. Apparemment, en ce qui concerne la prétendue particule SARS-CoV-2, il a été calculé qu'"*un éternuement d'un patient atteint de la COVID-19 contient 200 millions de virus*".⁷⁸ Cependant, si nous prélevons un échantillon (physiquement plus grand) directement dans le nez ou les poumons d'un sujet, nous n'en trouvons absolument aucun. Pour dissimuler ce problème gênant, les virologistes ont recours à la présentation d'une "preuve" indirecte en utilisant des cultures de tissus dans le but de faire apparaître le virus manquant comme par magie. Comme nous l'avons expliqué dans "*The COVID-19 Fraud & War on Humanity*," cela implique la deuxième partie de la double tromperie de la virologie, qui consiste en la substitution du faux substitut de l'induction d'effets cytopathiques (EFC) par l'inoculation de lignées cellulaires anormales typiquement in vitro à la place du substitut postulé d'infecter un hôte sain ou non malade in vivo pour établir la causalité entre le prétendu pathogène et la maladie.⁷⁹

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

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

Ainsi, on nous demande de croire que le tractus respiratoire humain, revêtu des prétendues cellules hôtes parfaites, ne produit pas suffisamment de virus pour qu'ils puissent être observés, mais une expérience en éprouvette impliquant des tissus d'une espèce et d'un type de cellules différents le fait ?

Selon la définition en virologie, les particules hypothétiques sont passives et ne produisent aucun déchet, **ce qui est donc un mystère quant à la manière dont elles peuvent nuire à la santé d'un hôte humain**. Pfizer a suggéré aux profanes que "le système immunitaire réagit à la lésion de ces cellules corporelles en s'accéléralant", mais n'a cité aucune preuve scientifique pour cette affirmation imaginaire.⁸⁰ La quatrième édition de la microbiologie médicale a poussé plus loin en affirmant que :

"Les lésions cellulaires directes et la mort dues à l'infection virale peuvent résulter de (1) la déviation de l'énergie cellulaire, (2) l'arrêt de la synthèse macromoléculaire cellulaire, (3) la compétition de l'ARN messager viral pour les ribosomes cellulaires, (4) la compétition des promoteurs viraux et des activateurs de la transcription pour les facteurs de transcription cellulaires tels que les ARN polymérase, et l'inhibition des mécanismes de défense interféron. Les lésions cellulaires indirectes peuvent résulter de l'intégration du génome viral, de l'induction de mutations dans le génome de l'hôte, de l'inflammation et de la réponse immunitaire de l'hôte."⁸¹ [Mon soulignement.]"

Essentiellement, les virologistes ont proposé de multiples mécanismes pathogènes hypothétiques pour une particule hypothétique censée exister dans un organisme humain. Et même si ces mécanismes spéculatifs étaient en jeu, il faudrait que de nombreuses cellules soient affectées pour produire des symptômes. Mais un grand nombre de cellules entraîneraient des quantités astronomiques de particules virales provenant d'elles, alors pourquoi ne peut-on jamais trouver de particules virales ? La virologie a l'habitude de détourner l'attention de ces aspects qui soulèvent des doutes sur son modèle fantomatique.

PARTIE 2

FAN WU ET AL. DEUS EX MACHINA

Ils étaient déterminés à trouver un virus comme la cause de ce cas. Ainsi, ils ont effectué un ratissage de tout l'ARN, des millions de brins d'ARN de cette personne, en utilisant une technologie

⁸⁰ "How do Viruses Make us Sick?", Pfizer.com: https://www.pfizer.com/news/articles/how_do_viruses_make_us_sick (accessed 20 May 2022).

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

..... appelée méta-transcriptomique. C'est l'une de ces choses génétiques... Ils peuvent examiner tout l'ARN, tout l'ADN, le séquencer, l'amplifier... C'est technologie pilotée, pas science pilotée... Et ils ont obtenu une séquence, puis ont décidé qu'ils avaient découvert un "virus", même s'ils n'avaient jamais touché un virus, et ont affirmé que c'était la cause de la pneumonie de cet homme. — **Dr. David Rasnick, à propos de la "découverte" du SARS-CoV-2 par Fan Wu et al.**⁸²

Dans "The COVID-19 Fraud & War on Humanity,"⁸³ nous avons documenté l'invention du SARS-CoV-2 par l'équipe de Fan Wu, qui a assemblé un "génom" in silico à partir de fragments génétiques d'origine inconnue, trouvés dans les lavages broncho-alvéolaires bruts d'un seul "cas" et documenté dans l'article intitulé "A new coronavirus associated with human respiratory disease in China."⁸⁴ Une analyse plus approfondie de cet article est nécessaire car il illustre comment la pandémie frauduleuse de la COVID-19 a été créée au moyen d'un "génom" inventé grâce à un séquençage méta-transcriptomique approfondi, visant simplement à détecter tout l'ARN dans un échantillon brut, et comment il a été utilisé de manière abusive pour inventer un pathogène inexistant. L'affirmation selon laquelle n'importe qui peut déclarer : "[ils] ont identifié une nouvelle souche de virus à ARN de la famille des Coronaviridae, désignée ici comme le coronavirus 'WH-Human 1',"⁸⁵ à partir d'un seul sujet humain diagnostiqué avec une pneumonie est en soi ridicule. Les auteurs ont tenté de justifier cela en disant : "bien que l'isolement du virus à partir d'un seul patient ne soit pas suffisant pour conclure qu'il a provoqué ces symptômes respiratoires, nos résultats ont été indépendamment corroborés chez d'autres patients dans le cadre d'une étude distincte." **Tout d'abord, il n'y a eu aucun isolement physique d'un virus**, comme nous en discuterons en détail sous peu. Deuxièmement, leur affirmation d'avoir été "indépendamment corroborée" fait référence à l'article de Peng Zhou et al. de février 2020, un article qui ne peut corroborer quoi que ce soit et dont la fraude est discutée à la page 41. Tout ce que l'on peut dire, c'est que si un raisonnement circulaire est employé, alors trouver des séquences génétiques similaires à plus d'une occasion est considéré comme une confirmation d'un virus. La base de données **GISAID** est le trésor de cette absurdité virologique et, au 29 août 2022, elle contenait plus de 12,8 millions de prétendues découvertes du SARS-CoV-2.⁸⁶ Cependant, aucune d'entre elles ne peut pointer vers un virus réel, elles se contentent de dire "bingo" en assemblant des séquences similaires qu'elles ont alignées avec celles de Fan Wu et al. et d'autres assemblages précédents, sans nécessiter un virus réel.

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 Nov 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 Feb 2020: <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2008-3>

⁸⁵ Ibid.

⁸⁶ GISAID: <https://www.gisaid.org/> (accessed 29 Aug 2022).

Il convient également de noter que, bien que l'auteur ne prononce aucun jugement sur la cause de tout cas de pneumonie ou de syndromes respiratoires fébriles aigus, **la communauté médicale en général reconnaît que dans environ la moitié des cas, aucun "pathogène" n'est identifié.**^{87,88}

Alors, quelle raison avait *Fan Wu et al.* de soupçonner que leur patient abritait un tout nouveau virus ? Apparemment, cela était dû au fait que "des enquêtes épidémiologiques menées par le Centre de contrôle et de prévention des maladies de Wuhan ont révélé que le patient travaillait dans un marché aux poissons d'intérieur local."⁸⁹ Cela semble être une raison très faible étant donné que ces marchés humides sont extrêmement courants en Chine et que malgré les théories sur l'origine des chauves-souris, *Fan Wu et al.* ont rapporté que "aucune chauve-souris n'était disponible à la vente."

Dans tous les cas, ils ont obtenu un échantillon de liquide de lavage broncho-alvéolaire (BALF) de leur patient, et avec cet échantillon brut, ils ont rapporté que "l'ARN total a été extrait à partir de 200 µl de BALF". La section des méthodes détaillait que cela avait été réalisé "à l'aide du kit RNeasy Plus Universal Mini (Qiagen)", c'est-à-dire par centrifugation sur colonne de séparation. Ils ont prétendu que "la déplétion de l'ARN ribosomique a été réalisée lors de la construction de la bibliothèque", cependant, voir la page 43 pour comprendre pourquoi cela est douteux car il restait une correspondance élevée avec des séquences d'ARN humain connues. Ils ont ensuite procédé à la séquence de type "shotgun" de ce mélange, en commençant par la fragmentation aléatoire du matériel génétique en de courtes longueurs d'environ 150 nucléotides et la conversion de l'ARN en ADN en utilisant une enzyme de transcriptase inverse.⁹⁰ 56 565 928 de ces courtes lectures ont été générées, et ces informations ont été traitées avec les logiciels Megahit et Trinity, des plateformes logicielles basées sur des algorithmes de montage *de novo*. Grâce à Megahit, 384 096 "contigs", c'est-à-dire des séquences génétiques hypothétiques se chevauchant, ont été générés, et la plus longue (30 474 nucléotides) a été déclarée avoir une "identité nucléotidique de 89,1 %" avec la SL-CoVZC45 de la chauve-souris, une autre construction fictive qui sera traitée ultérieurement. (Trinity a généré plus de 1,3 million de "contigs", mais le plus long faisait seulement 11 760 nucléotides - en d'autres termes, ils n'auraient pas trouvé le "génom" s'ils avaient simplement utilisé cette plate-forme logicielle.) Le mot 'virus' est soudainement apparu quand ils ont déclaré que "la séquence du génome de ce virus, ainsi que ses terminaisons, ont été déterminées et confirmées par PCR de transcription inverse." **Il s'agit d'un tour de passe-passe**, car la PCR amplifie simplement des séquences pré-sélectionnées et n'a pas la capacité de confirmer un génome précédemment inconnu. Comme l'a expliqué l'expert en PCR **Stephen Bustin**, "la PCR exige que vous connaissiez la séquence de votre cible... donc une fois que vous savez ...

⁸⁷ Catia Cilloniz, et al., "Microbial Etiology of Pneumonia: Epidemiology, Diagnosis and Resistance Patterns", *Int. J. Mol. Sci.*, 17(12), 2120, 16 Dec 2016.

⁸⁸ Gao Liu, et al., "Viral and Bacterial Etiology of Acute Febrile Respiratory Syndrome among Patients in Qinghai, China", *Biomed Environ Sci*, Jun 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 Feb 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

.... qu'il y a quelque chose dans votre échantillon, vous essayez de l'isoler, oui. Et une fois que vous l'avez isolé, vous le séquencez à nouveau, ou vous le PCRisez." ⁹¹ En d'autres termes, **la PCR elle-même ne peut pas identifier l'origine des séquences**, et la méthodologie de *Fan Wu et al.* n'a pas établi l'origine de leurs séquences décrites. Cependant, dans la phrase suivante, ils annoncent au monde que "*cette souche virale a été désignée comme le coronavirus WH-Human 1 (WHCV).*"

__ Nous devons faire une pause à ce stade, car c'est là que le virus frauduleux, bientôt rebaptisé SARS-CoV-2, **a été inventé de toutes pièces**. Un virus que l'OMS affirme être l'agent causal de la COVID-19, sans aucune preuve à l'appui.

C'est ce "génomme" qui a été soumis à **GenBank** le 5 janvier 2020 ⁹² **et qui a été saisi par Drosten et al. pour aider à produire leurs séquences de protocole de test PCR truquées**,⁹³ lesquelles ont ensuite été publiées avec une hâte indécente par l'OMS pour que le monde entier les utilise, transformant ainsi WH-Human 1 en génome de référence mondial pour un prétendu agent pathogène. C'est cette invention qui est responsable de l'ensemble des manœuvres destructrices imposées au monde après l'annonce de la pandémie par l'OMS le 11 mars 2020.⁹⁴

Cependant, toute personne attentive peut voir qu'il n'y a absolument aucune preuve d'un virus dans l'article de *Fan Wu et al.* **Un virus est censé être un parasite intracellulaire obligatoire capable de réplication**, constitué d'un génome entouré d'une enveloppe protéique : c'est une particule infectieuse qui provoque une maladie chez un hôte. Tout ce que *Fan Wu et al.* avaient était un homme de 41 ans atteint de pneumonie et un modèle de "génomme" fabriqué à l'aide de logiciels à partir de séquences d'origine non établie trouvées dans les lavages pulmonaires de l'homme. Pour donner l'apparence de légitimité, ils ont déclaré que "*l'organisation du génome viral de WHCV a été déterminée par alignement de séquence sur deux représentants du genre Bétacoronavirus : un coronavirus associé aux humains (SARS-CoV Tor2, numéro d'accès GenBank AY274119) et un coronavirus associé aux chauves-souris (chauve-souris SL-CoVZC45, numéro d'accès GenBank MG772933).*"

⁹¹ *Planet Waves FM* with Eric F. Coppelino, "Interview with Dr. Stephen Bustin", 1 Feb 2021: <https://planetwaves.net/planet-waves-fm-interview-with-dr-stephen-bustin/>, transcript by Joshua Halinen: <https://cormandrostenreview.com/wp-content/uploads/2021/02/bustin-transcript.pdf>

⁹² Zhang, et al., "Wuhan seafood market pneumonia virus isolate Wuhan-Hu-1, complete genome, GenBank: MN908947.1", submited 5 Jan 2020: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MN908947.1>

⁹³ Victor Corman and Christian Drosten, et al., "Detection of 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) by real-time RT-PCR", *Euro Surveill*, 23 Jan 2020: <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.3.2000045>. 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 January 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 March 2020", 11 Mar 2020.

Ces génomes présumés sont également simplement des constructions in silico qui n'ont jamais été prouvées pour exister intégralement dans la nature, encore moins qu'elles proviennent de l'intérieur d'un virus. Par exemple, la chauve-souris SL-CoVZC45 a été inventée en 2018 par le processus de "19 paires d'amorces PCR dégénérées... conçues par l'alignement multiple des séquences de SARS-CoV et de chauve-souris SL-CoV disponibles dans GenBank." ⁹⁵

Les génomes viraux sont devenus ce qui est peut-être la plus grande illusion en virologie, une illusion qui propage la croyance que les virus sont en effet montrés comme existant. Les virologistes eux-mêmes ne semblent pas apprécier la faille fatale dans leurs méthodologies, même lorsqu'ils la mentionnent eux-mêmes :

*Trois principales méthodes basées sur le séquençage à haut débit (HTS) sont actuellement utilisées pour le séquençage complet du génome viral : le séquençage métagénomique, le séquençage par enrichissement de cible et le séquençage d' amplicon PCR, chacune présentant des avantages et des inconvénients (Houldcrob et al., 2017). Dans le séquençage métagénomique, l'ADN total (et/ou l'ARN) d'un échantillon, comprenant l'hôte mais aussi des bactéries, des virus et des champignons, est extrait et séquencé. Il s'agit d'une approche simple et rentable, et c'est la seule approche ne nécessitant pas de séquences de référence. En revanche, les deux autres approches de HTS, l'enrichissement de cible et le séquençage d' amplicon, dépendent toutes deux de l'information de référence pour concevoir des leurres ou des amorces. La limitation du séquençage métagénomique est qu'il nécessite une profondeur de séquençage très élevée pour obtenir suffisamment de matériel génomique viral.*⁹⁶

La limitation la plus importante du séquençage "viral" est que le processus lui-même ne détermine pas l'origine des fragments génétiques. Comment peut-on l'utiliser pour établir la séquence d'un génome précédemment inconnu ?

Pour plus de clarté, nous ne parlons pas de situations où l'origine des séquences peut être vérifiée de manière indépendante, par exemple, des cellules bactériennes isolées physiquement. De plus, il est dénué de sens de déclarer arbitrairement que les séquences sont virales par un processus d'élimination, c'est-à-dire en se basant sur le fait qu'elles n'ont pas d'attribution conflictuelle préalable dans les bases de données génétiques. Aucun des virologistes ne démontre que les séquences sont de nature virale lorsqu'ils assemblent le tout premier modèle et déclarent avoir découvert un virus pathogène. À aucun moment, aucun d'entre eux ne purifie des particules virales présumées pour prouver leur relation avec les séquences. Et pourtant, le premier génome inventé ex nihilo devient la pierre de touche avec laquelle les autres chercheurs de virus aligneront leurs propres génomes in silico ou concevront des protocoles PCR "confirmatoires".

⁹⁵ Dan Hu, et al. "Genomic characterization and infectivity of a novel SARS-like coronavirus in Chinese bats", *Emerging microbes & infections*, 12 Sep 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, May 2019: <https://doi.org/10.1016/j.virol.2019.03.006>

Pour autant que l'auteur en sache, les virologistes ne disposent pas de techniques de laboratoire leur permettant de vérifier directement s'il existe même un brin d'ARN complet de 30 kilobases dans l'un de leurs échantillons. Les techniques existantes d'électrophorèse en champ pulsé ne peuvent fiablement différencier que les brins d'ADN de cette taille⁹⁷. Quoi qu'il en soit, ces simulations restent une distraction, car même dans l'éventualité où l'existence physique d'un génome in silico du SARS-CoV-2 - une séquence complète d'ARN de 30 kilobases - peut être démontrée dans la nature, les virologistes auraient encore beaucoup de travail à accomplir. Avant tout, ils devraient démontrer que cette séquence appartient à une particule compétente pour la réplication qui peut rendre une personne malade, et non se contenter de l'affirmer.

Sur ce point, l'auteur a eu un échange par e-mail avec un biologiste de l'évolution de l'*Institut Wellcome Sanger*, qui a suggéré que le séquençage d'ARN à longues lectures (par opposition au seul séquençage "shotgun") fournissait la preuve nécessaire de l'existence du "SARS-CoV-2".⁹⁸ Il faisait référence à une publication d'avril 2022 concernant le séquençage d'ARN à longues lectures par la technologie *Oxford Nanopore Technologies (ONT)*⁹⁹, affirmant que cela confirmait la validité des génomes du "virus" qui avaient été précédemment construits par séquençage shotgun. L'étude proposée décrivait une expérience comparant les réponses entre diverses lignées cellulaires "infectées par le SARS-CoV-2" et des lignées cellulaires "mock-infectées". Les cellules expérimentales étaient censées être "infectées par le virus SARS-CoV-2 Australia (Australia/VIC01/2020, NCBI : MT007544.1)", déclaré par l'auteur *Leon Caly* et d'autres comme un "isolat",¹⁰⁰ **alors que l'isolement d'un virus n'a jamais été démontré**, comme expliqué dans la Figure 4 ci-dessous et comme nous l'avons exposé dans "*The COVID-19 Fraud & War on Humanity*".¹⁰¹ Par conséquent, l'argument du biologiste de l'évolution reposait sur le *produit frauduleux d'une expérience frauduleuse* comparée à une "simulation d'infection", où le premier est invalidé par la déclaration trompeuse d'"isolement du virus" et le second s'invalidant en soi, car les virologistes ont modifié sa définition pour permettre que d'autres variables soient modifiées. L'obtention de lectures plus longues ne change pas ces problèmes fondamentaux. Le biologiste de l'évolution soutenait que ...

⁹⁷ David Schwartz and Charles Cantor, "Separation of Yeast Chromosome-Sized DNAs by Pulsed Field Gradient Gel Electrophoresis", *Cell*, Vol. 37, May 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.fluoridfreepeel.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 April 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 Apr 2020: <https://doi.org/10.5694/mja2.50569>

¹⁰¹ Mark Bailey & John Bevan-Smith, "The COVID-19 Fraud & War on Humanity", 11 Nov 2021: <https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/>

... les variations dans les séquences et les protéines surveillées au fil du temps constituaient une preuve de l'évolution du virus.¹⁰² Il est lui aussi une victime de la tromperie de la virologie par leur utilisation fallacieuse du mot "viral" pour désigner ces entités. Lorsque toutes ces séquences et protéines ont été détectées pour la première fois dans des expériences de culture cellulaire, elles n'ont pas été démontrées comme appartenant à des virus pathogènes, mais l'affirmation qu'elles sont "virales" perdure jusqu'à aujourd'hui.

Dans le même ordre d'idées et quelques mois après cet échange, le pathologiste/virologue *Dr. Sin Hang Lee* affirmait que son article préliminaire¹⁰³ fournissait "*des preuves de séquençage Sanger irréfutables que le virus [SARS-CoV-2] existe et continue de muter*", avec une invitation ouverte à contester son travail.¹⁰⁴ Une fois de plus, l'auteur actuel a fourni une réponse, détaillant l'utilisation continue et erronée par la virologie de la terminologie scientifique, ainsi que le problème sous-jacent de l'origine non établie des séquences génétiques analysées :

*Pour mettre en lumière les problèmes de la virologie, il est crucial d'examiner la section méthodologie de toute publication, et dans ce cas, cela ne fait aucune différence... Ceux d'entre nous qui contestent le récit viral soulignent que aucune séquence d'ARN (ou d'ADN) n'a jamais été démontrée comme provenant de l'intérieur d'une particule spécifique identifiable répondant à la définition d'un virus. Ainsi, on ne peut dire que tous les ARN sont exprimés par un organisme connu, introduits artificiellement (par exemple, par des injections d'ARNm synthétiques) ou d'origine inconnue. Les "mutations" n'existent que dans des modèles in silico qui n'ont pas été démontrés comme des entités indépendantes dans la nature. Il y a d'autres raisons pour lesquelles les séquences d'ARN peuvent varier dans des systèmes biologiques dynamiques, et je ne peux pas imaginer qu'un virologue serait en désaccord avec ce fait. Détecter simplement des ARN ne suffit pas pour tirer des conclusions sur leur provenance. D'autres expériences sont nécessaires pour établir cette détermination.*¹⁰⁵

Effectivement, aucune technologie génomique ou protéomique ne peut échapper au fait que, en ce qui concerne ces données censées être des preuves de virus, c'est comme une "*infinité de tortues en cascade*".

" TURTLES ALL THE WAY DOWN "

¹⁰² By email from Zachary Ardern: <https://www.fluoridfreepeel.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 Jun 2022: <https://www.preprints.org/manuscript/202206.0192/v1>

¹⁰⁴ Mark Bailey, "Warnings Signs You Have Been Tricked By Virologists...Again", 25 Jul 2022: <https://drsambailey.com/warnings-signs-you-have-been-tricked-by-virologists-again/>

¹⁰⁵ Ibid.

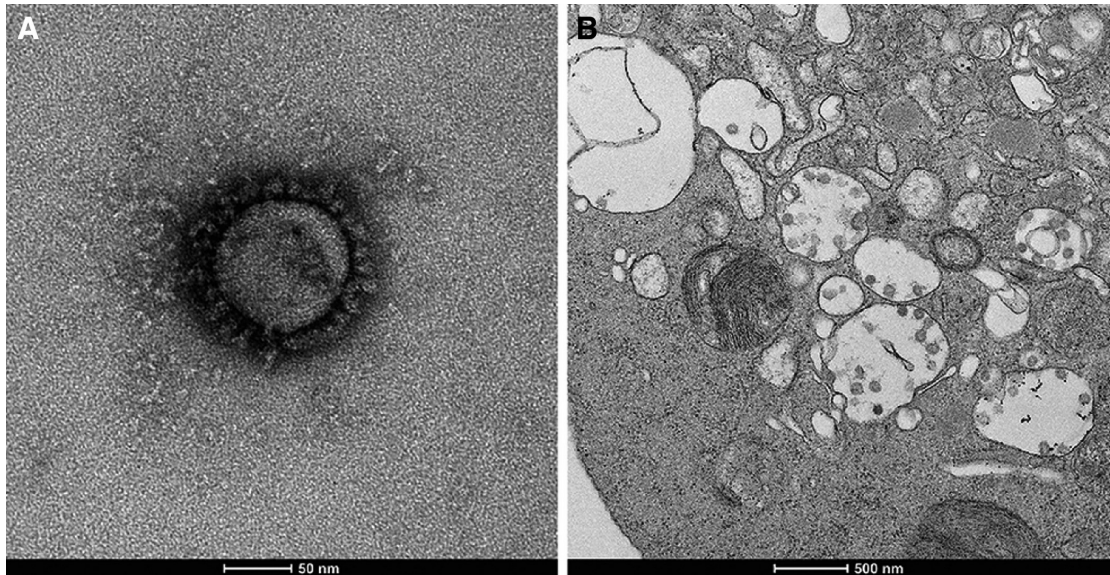


Figure 4. [Caly et al.](#) "Isolation" de SARS-CoV-2 par *Caly et al.* Les micrographies électroniques proviennent d'un surnageant de culture cellulaire Vero/hSLAM : (A) a été déclarée être un "virion", alors qu'il s'agit simplement d'une particule d'origine inconnue. De plus, les "pics" capsulaires ont été produits après que l'enzyme trypsine ait digéré les protéines externes pour créer l'apparence souhaitée. (B) nous informe simplement de la taille des particules dans un mélange de tissus. Aucune expérience de contrôle valide n'a été réalisée avec un échantillon similaire d'origine humaine.

Comme cela a été noté, "bat SL-CoVZC45" était un génome in silico de 29 802 nucléotides, inventé en 2018,¹⁰⁶ et qui a été utilisé par *Fan Wu et al.* comme génome modèle pour l'invention du génome du SARS-CoV-2. Il était censé provenir du tissu intestinal d'une chauve-souris capturée dans la province du Zhejiang, en Chine. Dans cette étude, les auteurs ont rapporté que "toutes les chauves-souris semblaient en bonne santé et ne présentaient aucun signe clinique évident au moment de la capture", mais ils ont déclaré avoir détecté un virus chez 89 des 334 chauves-souris sur la base d'un "test de transcription inverse (RT)-PCR pan-coronavirus." L'absurdité de revendiquer "l'isolement" de tout virus en induisant des effets cytopathiques (CPE) a déjà été expliquée, mais dans ce cas, ils n'ont même pas observé ce phénomène dans les cultures de cellules Vero E6. Au lieu de cela, ils ont tenté une autre méthode pour "tester la pathogénicité de l'agent ZC45." Cela consistait à prendre 20 µl de tissu intestinal broyé de chauve-souris et à l'injecter directement dans le cerveau de rats BALB/c de 3 jours. (En poids, cela équivaldrait à injecter plusieurs centaines de millilitres de matériau dans le cerveau humain.)¹⁰⁷ L'absurdité d'injecter un tel tissu biologique directement dans le cerveau d'animaux néonataux consanguins compromis ne devrait pas nécessiter plus d'explication. Comme c'est courant dans les expériences de virologie, il n'y avait pas de groupe témoin où un matériau biologique similaire, prétendument exempt du virus, était injecté directement dans le cerveau d'autres petits rats.

¹⁰⁶ Dan Hu, et al. "Genomic characterization and infectivity of a novel SARS-like coronavirus in Chinese bats", *Emerging microbes & infections*, 12 Sep 2018: <https://doi.org/10.1038/s41426-018-0155-5>

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

Ils ont rapporté avoir observé des "particules virales suspectées" dans certains des cerveaux de rats, mais à aucun moment ils n'ont démontré la composition ou la fonction biologique de ces "particules virales suspectées" observées sur leurs lames. De plus, "l'infection" a été déclarée sur la base de tests RT-PCR positifs qui ont détecté les mêmes séquences d'ARN chez les jeunes rats au moment de leur sacrifice que celles qui leur avaient été récemment injectées, ce qui évidemment ne nécessitait pas l'existence d'un virus.

Donc, **sans isoler physiquement des prétendues particules virales**, ils ont procédé à l'homogénéisation, à la centrifugation et à la filtration des échantillons intestinaux avant de déclarer : "*l'ARN viral a été extrait avec un kit d'ARN viral (Qiagen, Hilden, Allemagne) selon les recommandations du fabricant.*" (Voir page 49 pour une explication de pourquoi il n'est pas possible pour des kits de ce type d'extraire sélectivement de l'ARN en fonction de sa provenance, que des virus existent ou non.) Une étape de transcription inverse a ensuite eu lieu avant l'amplification par PCR de leur préparation. Ils prétendaient avoir séquencé le génome complet de [SL-CoV]ZC45 à l'aide de 19 paires d'amorces de PCR dégénérées, "*conçues par alignement multiple de séquences de SARS-CoV disponibles et de SL-CoV de chauve-souris déposées dans GenBank.*" En d'autres termes, leur déclaration de découverte d'un génome viral ne reposait pas sur des preuves directes de la présence d'un virus, mais sur la détection de séquences d'origine non établie alignées sur encore plus de modèles de "virus" fictifs. Il n'a pas été précisé combien d'amplifications par PCR ont eu lieu à cette étape, mais l'étape de "détection par RT-PCR" a impliqué une première série de 40 cycles, suivie d'une deuxième série de 30 cycles. Une amplification aussi importante donnerait lieu à des artefacts, ce qui signifie que les séquences cibles sont "trouvées" simplement en raison du processus lui-même plutôt que d'être nécessairement présentes physiquement dans les échantillons.

Il est à noter que l'histoire du virus de la chauve-souris est en cours depuis l'épidémie de SRAS en 2003, et apparemment, après des milliers d'années, la race humaine est maintenant constamment menacée par des virus qui circulent dans les grottes de chauves-souris chinoises. En 2005, le président de l'**EcoHealth Alliance**, le **Dr Peter Daszak**, a co-écrit un article qui est paru dans la revue Science, intitulé "*Les chauves-souris sont des réservoirs naturels de coronavirus semblables au SRAS.*"¹⁰⁸ Dans cette étude, *Daszak et ses collègues* n'ont pas pu trouver de "coronavirus" dans leur sélection de chauves-souris par la technique frauduleuse habituelle d'observation des CPE in vitro, en déclarant que "*aucun virus n'a été isolé à partir d'échantillons de selles PCR-positifs utilisant des cellules Vero E6.*" Cependant, ils ont été heureux de déclarer qu'ils avaient des preuves de l'existence de tels virus grâce à leurs produits PCR à un nombre de cycles absurde élevé (35-45) obtenus à partir d'échantillons bruts de chauves-souris. On prétendait qu'il s'agissait de "séquences virales" parce que dans le raisonnement circulaire de la virologie, ils ont "trouvé" les mêmes "séquences virales" que leur protocole PCR était conçu pour détecter.

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

Ils ont alors averti le monde que "*la diversité génétique existe parmi les virus zoonotiques chez les chauves-souris, augmentant la possibilité de variants franchissant la barrière des espèces et provoquant des épidémies chez les populations humaines.*" Malheureusement, ce **folklore zoonotique** s'est répandu de la littérature virologique à l'imagination du public. *Daszak* est un ardent promoteur et bénéficiaire de l'histoire des virus de chauve-souris, et en 2015, il a conseillé à ses collègues que, pour maintenir les revenus, ils devraient "*accroître la compréhension du public de la nécessité de mesures médicales telles qu'un vaccin pan-influenza ou pan-coronavirus.*"¹⁰⁹

En tout cas, une branche de l'une des voies imaginaires du modèle de coronavirus mène à l'une des premières affirmations faites concernant le génome du SARS-CoV, censé être la cause de la première "épidémie" de SRAS. En avril 2003, *Yijun Ruan et al.* ont soumis à GenBank leur "coronavirus du SRAS Sin2500, génome complet," qui est devenu le numéro d'accès AY283794.1.¹¹⁰ Cependant, ce génome a été inventé non pas en séquençant directement des particules virales présumées, bien sûr, mais en séquençant l'ARN dans une expérience de culture de cellules Vero, en utilisant à la fois des approches de "shot-gun" et de "primes spécifiques," avec un alignement sur "*la séquence du génome du virus hépatite murine (NC_001846) en tant que structure de base.*"¹¹¹ Le génome NC_001846.1 a été inventé à son tour en 1997 et prétendument dérivé d'un virus qui a été "obtenu à l'origine du *Dr. Lawrence Sturman*" et séquencé en utilisant comme modèles "*l'ARN cytoplasmique extrait de monocouches de cellules L2 infectées par les souches sauvages MHV-A59, C12, C3, C5, C8, B11, ou B12.*"¹¹² L'affirmation selon laquelle ils ont commencé avec un virus semble reposer sur l'assurance du *Dr. Sturman* que l'échantillon qu'il a fourni contenait une telle chose.

Il devrait être clair à ce stade que chaque génome de coronavirus a été utilisé comme modèle en se basant sur d'autres prétendus génomes sans que les virologistes démontrent que l'une des séquences provient d'un virus. Il est donc instructif de remonter au prétendu tout premier génome complet de coronavirus jamais publié, qui était celui du virus de la bronchite infectieuse aviaire (IBV) par *Bournsell et al.* en 1987,¹¹³ et qui a été ultérieurement utilisé par d'autres comme l'un des modèles originaux.

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 Feb 2016: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK349040/>

¹¹⁰ GenBank, "SARS coronavirus Sin2500, complete genome - AY283794.1", 27 Apr 2003: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/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 May 2003: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7140172/>

¹¹² Isabelle Leperc-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 Dec 1997: <https://doi.org/10.1006/viro.1997.8877>

¹¹³ Michael Bournsell, et al., "Completion of the Sequence of the Genome of the Coronavirus Avian Infectious Bronchitis Virus", *J gen Virol*, 1 Jan 1987: <https://doi.org/10.1099/0022-1317-68-1-57>

Ils n'ont pas séquencé directement des particules virales postulées, mais ont utilisé "dix-sept clones cDNA couvrant les 27,569 kb les plus à l'extrémité 3' du génome", en notant que les clones "ont été dérivés de l'ARN isolé à partir du virus purifié par gradient de la souche Beaudège (Beaudège et Hudson, 1937 ; Brown et Bournnell, 1984)."

Le document cité de Brown & Bournnell indique : "la préparation des clones cDNA a été décrite précédemment (Brown and Bournnell, 1984)." ¹¹⁴ Cette citation ultérieure est leur publication intitulée "Le génome de l'ARN du virus de la bronchite infectieuse aviaire contient des homologies de séquence aux limites intergéniques". ¹¹⁵ Dans cette publication, ils prétendent que la souche IBV Beaudège a été cultivée dans des œufs embryonnés de 11 jours. "Les virions ont été isolés à partir du liquide allantoïque et purifiés par centrifugation isopycnique ¹¹⁶ sur des gradients de saccharose." Cependant, aucune preuve n'a été fournie dans aucun de ces articles : (a) qu'ils avaient purifié quoi que ce soit, encore moins des "virions", sous forme d'électromicrographies de confirmation, ou (b) qu'ils avaient effectué des expériences de contrôle valides. Tout ce que nous pouvons voir, c'est qu'ils ont supposé que des virus étaient présents dans leur mélange de culture et qu'après centrifugation, ils ont affirmé que les séquences d'ARN détectées provenaient de ces virus imaginaires.

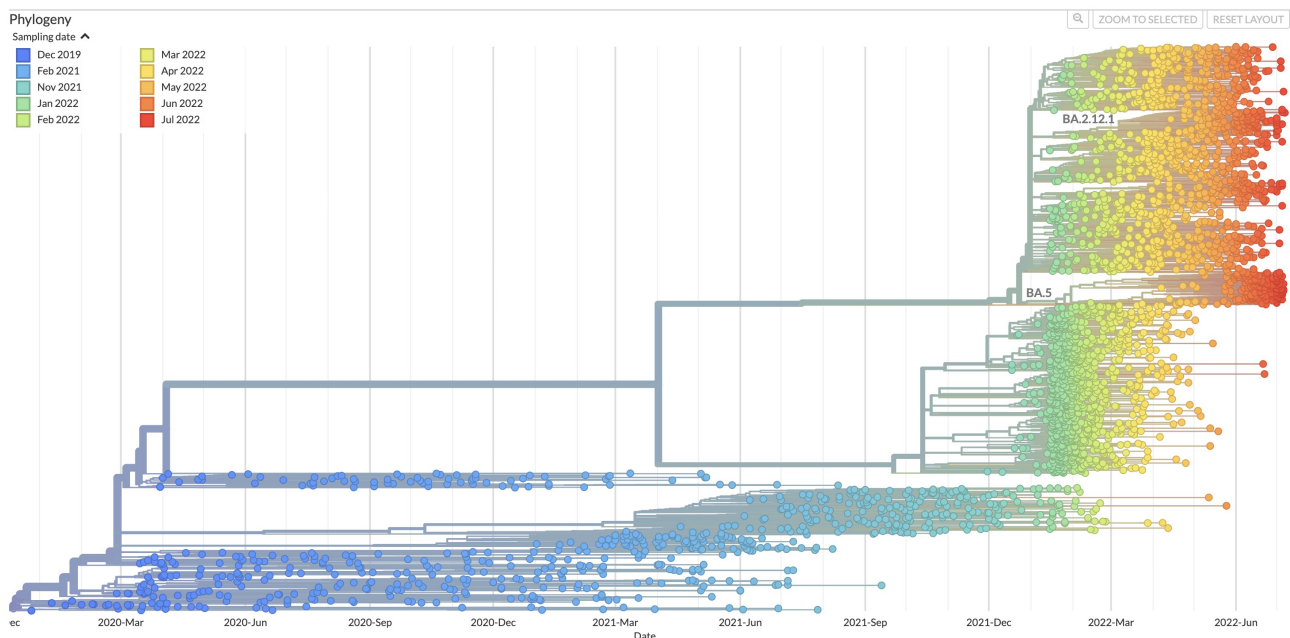


Figure 5. L'arbre phylogénétique du SARS-CoV-2 sur [GISAID.org](https://gisaid.org), en date du 15 juillet 2022. Le premier "génomme" de décembre 2019 (Fan Wu et al.) n'a jamais été démontré comme provenant d'un virus, mais par un raisonnement circulaire de la virologie, des séquences similaires trouvées ailleurs sont présentées comme une preuve d'un "virus" en évolution. Cependant, les méthodologies non contrôlées utilisées en font un arbre généalogique in silico fictif. Détecter, ou prétendre détecter, des séquences génétiques sélectionnées dans l'environnement ne confirme pas l'existence d'un virus, étant donné que l'origine des séquences n'a pas été établie ou a été mal attribuée. La même chose s'applique aux protéines détectées.

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

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

¹¹⁶ 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/>

La revendication initiale selon laquelle ils traitaient un virus (IBV) remonte aux années 1930 et était basée sur les mêmes conclusions erronées tirées de la méthodologie utilisée dans les expériences sur le "*virus*" du sarcome de Rous de 1911 (voir page 17). Dans le cas de l'IBV, du matériel a été prélevé sur des poulets malades, passé à travers des filtres bactériens Berkefeld, puis introduit dans les voies respiratoires d'autres poulets.¹¹⁷ Sur la base du fait que cela pouvait également rendre malades les oiseaux receveurs, on a déclaré que "*ces résultats démontrent que la maladie est causée par un virus filtrable*". Cependant, à aucun moment aucune expérience n'a démontré qu'une particule infectieuse était responsable des effets toxiques. En bref, les arbres phylogénétiques ultérieurs sur les "coronavirus" qui ont été créés depuis les années 1980 ne sont pas une preuve d'"évolution des virus", ils sont une preuve d'un schéma de marketing à plusieurs niveaux qui n'a aucun produit physique établi.

Le danger pour l'humanité réside dans le fait que les génomes hypothétiques des coronavirus, qui ont été élaborés à partir des spéculations des virologistes, sont maintenant utilisés comme modèles pour créer et injecter des produits à des destinataires crédules qui ont été trompés et convaincus que la dernière invention de la virologie était réelle. En d'autres termes, les inventions génomiques fictives de la virologie ont été utilisées pour justifier des interventions médicales et politiques totalement inutiles. ***La biotechnologie dangereuse et hautement expérimentale de l'ARNm et des nanolipides a causé plus de décès que tous les autres vaccins combinés au cours des 30 dernières années, et nous venons à peine de commencer à compter.***¹¹⁸

LA DÉCLARATION DU CDC CONCERNANT LE SARS-COV-2

Avec la désormais familière lenteur, le CDC a mis huit mois pour répondre à une demande de liberté d'information concernant leurs affirmations d'"isolement du SARS-CoV-2" dans leur publication de juin 2020 dans **Emerging Infectious Diseases**, intitulée "*Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 from Patient with Coronavirus Disease, United States*," par Jennifer Harcourt et al.¹¹⁹ Les questions posées au CDC par mon collègue étaient simples et comprenaient ce qui suit : "*Les scientifiques de cette étude ont-ils utilisé des groupes de contrôle ? Si oui, les groupes de contrôle ont-ils utilisé les mêmes formulations de mélanges de cultures cellulaires que les groupes expérimentaux, à l'exception de l'échantillon contenant les prétendus virus ?*"

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*, May 1936: <https://doi.org/10.3382/ps.0150199>

¹¹⁸ <https://vaersanalysis.info/> (accessed 25 June 2022).

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

En résumé, si des groupes de contrôle ont été utilisés, veuillez fournir des détails sur ces groupes de contrôle." ¹²⁰

Au lieu de demander à Jennifer Harcourt ou à l'un des membres de son équipe de répondre à cette demande simple, le 29 mars 2022, le CDC a répondu qu'ils avaient "trouvé 37 pages de documents pertinents et une feuille de calcul Excel", prétendument conformément à la demande de matériel. ¹²¹ En résumé, les "documents pertinents" du CDC comprenaient ce qui suit : ¹²²

1. Des courriels internes du CDC partageant des images comme la Figure 6 prétendant montrer des "photos de microscopie de potentiel 2019 N-CoV provenant du premier cas aux États-Unis." Les microbiologistes de recherche du CDC, Azaibi Tamin, espéraient que "certaines de ces 7 lysats montrent que le CPE est provoqué par le 2019 N-CoV", tandis que Stephen Lindstrom commentait qu'elles étaient "très belles, ces cellules malheureuses." Natalie Thornburg, la responsable de l'équipe d'immunologie des virus respiratoires, a ensuite demandé s'ils "pouvaient envoyer les fichiers JPEG ou TIFF d'origine de vos images de CPE ? Je veux commencer à travailler sur une figure de qualité pour une publication."
2. Les numéros d'accès GenBank MT020880 et MT020881, qui étaient répertoriés dans la publication

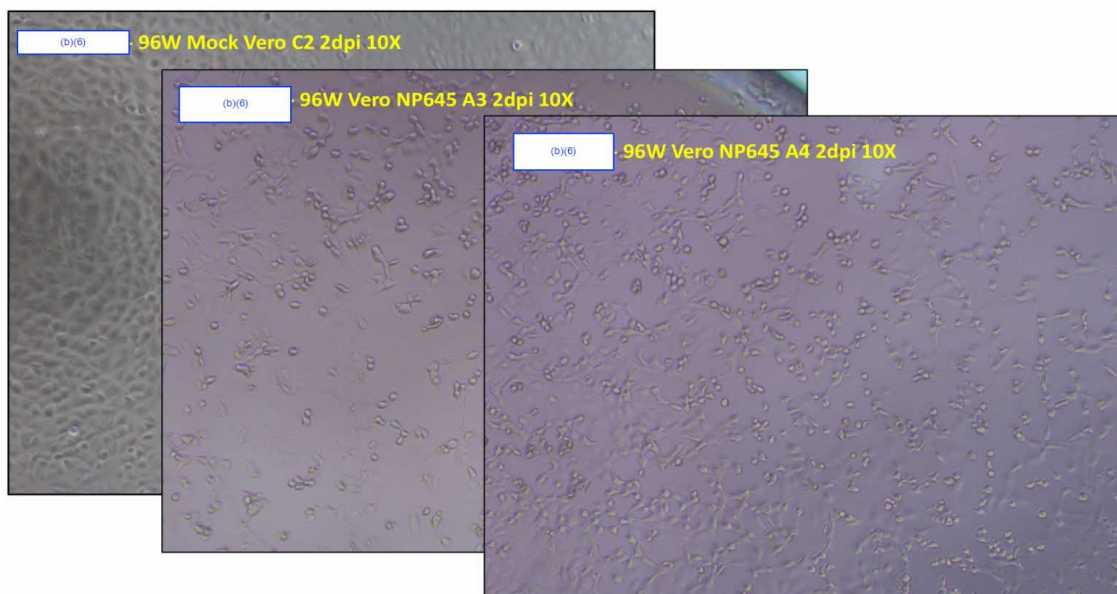


Figure 6. Dans leur [réponse FOIA](#) du 29 mars 2022, les détails de la diapositive de l'expérience "factice" n'ont pas été fournis par le CDC, malgré une demande spécifique. Les autres diapositives sont censées constituer des preuves des effets cytopathiques (et donc de l'existence implicite) du SARS-CoV-2.

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 Aug 2021.

¹²¹ Letter from Roger Andoh, CDC/ATSDR FOIA Officer, "#21-01704-FOIA", 29 Mar 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 Mar 2022.

.... de *Harcourt et al.*/CDC et déjà disponibles publiquement.

3. Le document de *Na Zhu et al.* intitulé "A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019,"¹²³ selon *Cynthia Goldsmith, microscopiste du CDC*, "comporte 2 très belles images au microscope électronique dans la Figure 3, dont une provenant de l'épithélium des voies respiratoires humaines." *Nous avons abordé les erreurs de cette publication dans "The COVID-19 Fraud & War on Humanity"*, où *Na Zhu et al.* sont également accusés d'expériences de culture tissulaire non contrôlées, dans lesquelles ils ont qualifié d' "2019-nCoV" des micrographies électroniques de vésicules extracellulaires dont la composition et la fonction biologique n'étaient pas prouvées.¹²⁴ (L'un des co-auteurs de l'article, *Wenjie Tan*, a déclaré à *Torsten Engelbrecht* le 18 mars 2020 qu'ils avaient "une image de particules virales sédimentées, mais non purifiées"¹²⁵ Ainsi, l'affirmation selon laquelle il s'agit de "particules virales" est simplement une assertion, car aucune partie de l'article n'a démontré la composition ou la fonction biologique de ces vésicules imagées).
4. Un tableau avec des résultats de seuil de cycle de PCR non informatifs pour "4 virus" qui ont été soumis au Laboratoire de diagnostic des virus respiratoires du CDC.
5. Une page commençant par "*pour des raisons administratives et afin de répondre pleinement à votre demande, le personnel du programme a fourni les informations suivantes avec des liens web correspondants,*" qui n'ont absolument pas fourni d'informations concernant le contrôle adéquat des expériences d'"isolement viral" du CDC.

Le 23 décembre 2021, *Christine Massey* a également soumis une demande au CDC pour obtenir tous les détails de l'expérience "*infectée de façon simulée*" de *Harcourt et al.*, y compris "*la quantité de matériau prélevée sur des échantillons de prélèvements nasopharyngés et oropharyngés non infectés qui a été ajoutée au groupe témoin de culture cellulaire.*"¹²⁶ Le CDC a finalement répondu à la demande de *Massey* le 10 mai 2022 avec 36 pages d'informations tout aussi peu utiles et comme excuse :

"En ce qui concerne certaines parties de votre demande, une recherche de nos dossiers n'a révélé aucun document relatif à votre demande. Ces parties concernent votre demande de détails spécifiques concernant les "Détails du groupe expérimental en culture cellulaire" et les "Détails du

¹²³ Na Zhu et al., "A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019", *New England Journal of Medicine*, 382 (20 Feb 2020, first published 24 Jan 20, updated 29 Jan 2020), 728: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31978945/>

¹²⁴ Mark Bailey & John Bevan-Smith, "The COVID-19 Fraud & War on Humanity", 11 Nov 2021: <https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/>

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

¹²⁶ Christine Massey, by email to CDC, "FOIA request to CDC: Harcourt et al. 'SARS-COV2 isolation' paper - unpublished details", 23 Dec 2021: <https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/05/CDC-Harcourt-mock-infected-CM-PACKAGE-redacted.pdf>

.... groupe de contrôle 'infecté de manière simulée'" ainsi que les "Détails de pureté et de contrôle de la séquençage complet du génome". Votre demande a été transmise au National Center for Immunization and Respiratory Diseases (NCIRD) pour recherche. Ils ont répondu que certaines informations de votre demande n'étaient pas disponibles car elles ne sont pas des documents contrôlés ou gérés par le CDC." ¹²⁷

En d'autres termes, le CDC semble complètement ignorant du fait qu'ils ne suivent pas la méthode scientifique, ou ils ont réalisé que la supercherie est découverte et ils adoptent des réponses malhonnêtes. Dans les deux cas, ils ne peuvent pas être pris au sérieux comme source d'informations scientifiques fiables s'ils présentent également des expériences non contrôlées comme preuve de l'existence de virus.

LES RÉVÉLATIONS DE PENG ZHOU ET AL.

Il y a eu des occasions où les chercheurs ont fourni des réponses concernant leurs méthodologies, intentionnellement ou non, où ils sont étonnamment francs sur leurs expériences non scientifiques. Le 3 février 2020, Peng Zhou et al. ont publié leur article intitulé "A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin" dans la revue *Nature*, affirmant avoir "identifié et caractérisé un nouveau coronavirus (2019-nCoV)".¹²⁸ Dans leur expérience d'"isolement", les auteurs ont produit des images montrant des CPE apparents dans les cellules Vero E6 supposées être "infectées par le 2019-nCoV", mais aucune CPE dans les cellules "infectées de manière simulée"¹²⁹, supposées être un "groupe témoin". Mais quelle était la nature de cette expérience de contrôle apparente ? Les détails n'ont pas été fournis dans leur article publié, alors l'un de mes collègues les a contactés en août 2021 et a obtenu des aveux surprenants d'un des co-auteurs de l'article, Xing-Lou Yang.

Tout d'abord, en dehors du fait qu'il n'y avait pas d'expériences de contrôle positives (c'est-à-dire avec des échantillons humains comparables sans le prétendu virus), Yang a déclaré qu'ils avaient doublé la dose de pénicilline et de streptomycine dans le groupe expérimental.¹³⁰ Lorsqu'on lui a demandé pourquoi cette variable avait été modifiée, la réponse était : "l'intention de l'antibiose [les deux antibiotiques] est de prévenir la contamination par les bactéries ou les champignons lors de l'isolement du virus, donc une concentration de 1% ou 2% n'a pas affecté la croissance cellulaire. 2% dans la première génération visait simplement à prévenir la contamination par les échantillons." ¹³¹

¹²⁷ Letter from Emerique Magyar, CDC/ATSDR FOIA Officer to Christine Massey, "#22-00578-FOIA", 10 May 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 Mar 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>

¹³⁰ (Personal correspondence by email from Xing-Lou Yang, 5 Aug 2021.)

¹³¹ Ibid.

Mon collègue a suggéré de refaire l'expérience de "contrôle" avec une dose plus élevée d'antibiotiques pour s'assurer que ce n'était pas l'un des facteurs induisant les CPE dans la lignée cellulaire rénale. Yang a ensuite donné une réponse évasive en disant : "si vous pouviez vous assurer de prévenir la contamination par les bactéries ou les champignons, vous n'auriez pas besoin d'utiliser l'Anti-Anti",¹³² ignorant apparemment le point crucial selon lequel ce pourraient être les antibiotiques supplémentaires eux-mêmes qui étaient toxiques pour les cellules (surtout que la streptomycine est connue pour être néphrotoxique). Au minimum, ils avaient modifié d'autres variables par rapport à leurs témoins, invalidant ainsi encore davantage leurs résultats.

Une autre révélation stupéfiante des auteurs était que dans leur groupe expérimental, un seul des 24 puits contenant des cultures cellulaires rénales Vero E6 montrait des signes de CPE.¹³³ Ainsi, ce qui devrait être considéré comme une marge d'erreur expérimentale est à la base de l'une des déclarations d'un prétendu nouveau pathogène mortel, décrit dans un article qui, jusqu'à juillet 2022, a été consulté des millions de fois et cité plus de dix mille fois.¹³⁴ Les autres auteurs citant cet article se rendent-ils compte de la fragilité des "preuves" sur lesquelles repose cette construction appelée COVID-19 ? Peut-être ne seraient-ils pas troublés par une telle révélation, car les expériences biologiques sont de plus en plus abandonnées, tandis que les "génomomes" in silico prétendent de manière absurde fournir des preuves adéquates de l'existence des virus. Dans le cas de *Zhou et al.*, leur simulation informatique a fièrement été proclamée comme étant "96 % identique au niveau du génome entier à un coronavirus de chauve-souris". Ils ont décidé de modéliser leur nouvelle création virale sur la base de cette séquence, en se basant sur l'absurdité selon laquelle "des études antérieures ont montré que certains SARS-CoVs de chauve-souris ont le potentiel d'infecter les humains".¹³⁵ Leur logiciel...

Control Group Vero E6

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

Experimental Group Vero E6

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

Figure 7. L'étude de *Peng Zhou et al.* et leur méthodologie précédemment non divulguée : doubler les antibiotiques dans le groupe expérimental pour observer les CPE dans seulement un des 24 puits. Il est déclaré que cela constitue une preuve d'un nouveau pathogène viral '2019-nCoV', qui sera ensuite renommé SARS-CoV-2.

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> (accessed 1 Apr 2022).

¹³⁵ Peng Zhou, et al., "A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin", *Nature*, 579, 12 Mar 2020: <https://www.nature.com/articles/s41586-020-2012-7>

... a assemblé ce qui est devenu les numéros d'accès GenBank MN996527-MN996532, et cette forme de "preuve" trompeuse, qui manque également de témoins valables, a été documentée dans cet essai.

ENCORE DE LA TROMPERIE EN PROVENANCE DE WUHAN ?

Début 2022, un mathématicien travaillant avec le Dr Stefan Lanka a publié une analyse des données de séquence associées produites par Fan Wu et al.¹³⁶ De manière surprenante, il a été conclu que :

Une répétition de l'assemblage de novo avec Megahit (v.1.2.9) a montré que les résultats publiés ne pouvaient pas être reproduits. Nous avons peut-être détecté des acides ribonucléiques (ribosomiques) d'origine humaine, contrairement à ce qui a été rapporté [par Fan Wu et al.]... Il manque des preuves montrant que seuls les acides nucléiques viraux ont été utilisés pour construire le génome viral revendiqué pour le SRAS-CoV-2. De plus, en ce qui concerne la construction de la séquence génomique virale revendiquée, aucun résultat d'éventuelles expériences de contrôle n'a été publié. Cela est également vrai pour toutes les autres séquences de référence prises en considération dans ce travail. Dans le cas du SRAS-CoV-2, un contrôle évident serait que le génome viral revendiqué ne peut pas être assemblé à partir de sources d'ARN humain, ou même d'autres origines inattendues.

Outre le fait que les méthodologies actuelles en virologie pour la découverte des virus devraient être rejetées, le manque de reproductibilité de leur propre expérience soulève instantanément des questions sur les circonstances dans lesquelles les inventeurs originaux du SRAS-CoV-2 ont annoncé leur nouveau virus au monde. En effet, cette analyse indépendante n'a obtenu que 28 459 contigs, ce qui est significativement moins que le nombre (384 096) décrit par Fan Wu et al. De plus, le plus long contig obtenu de manière indépendante était de 29 802 nucléotides, soit 672 nucléotides de moins que celui de Fan Wu, ce qui signifie que "les données de séquence publiées ne peuvent pas être les lectures originales utilisées pour l'assemblage." L'analyse du mathématicien a également conclu que :

La comparaison avec la base de données des nucléotides le 05/12/2021 a montré une correspondance élevée (98,85 %) avec "Homo sapiens RNA, 45S preribosomal N4 (RNA45SN4), ribosomal RNA" (GenBank : NR_146117.1, daté du 04/07/2020). Cette observation contredit l'affirmation dans [1] selon laquelle une déplétion de l'ARN ribosomique a été réalisée et que les lectures de séquences humaines ont été filtrées en utilisant le génome de référence humain (version humaine 32, GRCh38.p13). Il convient de noter en particulier que la séquence NR_146117.1 n'a pas été publiée avant la publication de la bibliothèque de séquences SRR10971381 prise en compte ici.

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

Cette observation met en évidence la difficulté de déterminer a priori l'origine exacte des fragments d'acides nucléiques individuels utilisés pour construire les séquences du génome viral revendiquées.

En tout cas, les problèmes ne s'arrêtaient pas là. La répartition de la couverture pour certaines des séquences était extrêmement inhomogène, et compte tenu du taux d'erreur élevé, cela soulevait la question de savoir si certaines des séquences étaient simplement celles générées par les conditions d'amplification PCR elles-mêmes. Encore une fois, il s'agit d'une méthode non scientifique, car des expériences de contrôle appropriées (avec des échantillons similaires d'origine humaine) n'ont pas été réalisées pour examiner ces possibilités. L'analyse indépendante a révélé que *Fan Wu et al.* auraient pu trouver de meilleures correspondances de consensus in silico pour le « VIH » et le « virus de l'hépatite D » que pour « un nouveau coronavirus » chez leur patient de 41 ans de Wuhan, qui présentait une pneumonie comme l'un des premiers cas présumés de COVID-19. ***Si les virologistes veulent trouver un virus, tout dépend de la manière dont ils conçoivent leurs protocoles et de ce qu'ils demandent à l'ordinateur de rechercher, et comment ces devins sauraient-ils ce qu'il faut chercher ?***

LE LANCEMENT D'UNE PANDÉMIE PCR DU PROFESSEUR STEPHEN BUSTIN

"Les scientifiques ont tendance à supposer que tout en dehors de leur domaine d'intérêt est vrai et qu'ils peuvent simplement s'y fier."

— David Crowe suite à son entretien avec Stephen Bustin en avril 2020.¹³⁷

Pour soutenir l'illusion de la « pandémie » de la COVID-19, des cas étaient nécessaires. Ils ont été fournis par le plus grand programme de « test » humain de l'histoire, impliquant des milliards de kits de PCR distribués dans le monde entier. Il nous reste encore à comprendre pourquoi *Stephen Bustin*, qui est un « expert de renommée mondiale en PCR quantitative, et dont la recherche se concentre sur la traduction de techniques moléculaires en outils pratiques, robustes et fiables pour une utilisation clinique et diagnostique », n'a pas clairement signalé l'utilisation inappropriée du processus de PCR. *Bustin* était l'auteur principal de la publication de 2009, « *Les directives MIQE : Informations minimales pour la publication d'expériences de PCR en temps réel quantitatives* », dans laquelle les principales considérations conceptuelles pour les expériences de PCR en temps réel étaient énoncées comme suit :

1. 2.1 **La sensibilité analytique** fait référence au nombre minimum de copies dans un échantillon qui

¹³⁷ *The Infectious Myth* with David Crowe - "Simplifying RT-PCR", 21 Apr 2020: <https://infectiousmyth.podbean.com/e/the-infectious-myth-simplifying-rt-pcr/>

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

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

... peut être mesuré avec précision à l'aide d'un test, tandis que la **sensibilité clinique** est le pourcentage d'individus atteints d'un trouble donné que le test identifie comme positifs pour cette condition...

2. 2.2 **La spécificité analytique** fait référence à la capacité du test qPCR à détecter la séquence cible appropriée plutôt que d'autres cibles non spécifiques également présentes dans un échantillon. La **spécificité diagnostique** est le pourcentage d'individus qui ne présentent pas un certain état que le test identifie comme négatifs pour cet état.

Si *Bustin* était resté fidèle à la science, il aurait dû mettre un terme à la pandémie de PCR en janvier 2020, lorsque les protocoles PCR de *Corman-Drosten* ont été publiés.¹⁴⁰ Le mot "spécificité" apparaît seulement une fois dans l'article de *Corman-Drosten*, et il n'avait rien à voir avec le diagnostic d'une condition clinique, encore moins d'une infection virale. Il n'y avait aucune "détection du 2019-nCoV" comme le prétendait l'article, tout ce qui avait été établi était la spécificité analytique de leur test pour détecter des séquences cibles sélectionnées. Il s'agissait d'une expérience de réaction moléculaire in vitro avec de la technologie d'acide nucléique synthétique qui n'exige pas l'existence d'un virus. De plus, il n'a pas été établi comment le résultat de la PCR était lié à une condition clinique, c'est-à-dire que les kits de PCR de la COVID-19 n'ont jamais été démontrés comme étant capables de diagnostiquer quoi que ce soit chez un être humain. **Une maladie inventée basée sur un virus fictif.**

Outre le problème de la spécificité, il n'a pas été largement annoncé que l'expert mondial en PCR a déclaré à *David Crowe* en avril 2020 que, même selon les propres termes de la virologie, **qualifier un résultat PCR de coronavirus de "positif" à 36-37 cycles, comme cela se passait dans le monde entier, était "absolument absurde. Cela n'a aucun sens."**¹⁴¹ Cependant, la fraude de la PCR était encore plus évidente lorsque *Eric Coppelino* a interviewé *Bustin* sur *Planet Waves FM* en février 2021.¹⁴² L'intention de *Coppelino* était d'obtenir plus de détails sur l'étape de rétrotranscription (RT) problématique du processus de RT-PCR, mais il a été stupéfait après l'interview de se rendre compte que ce qu'il pensait être un test parfois inexact était complètement frauduleux.¹⁴³ *Bustin* semblait mal à l'aise lorsque *Coppelino* a souligné que tous les résultats PCR positifs étaient qualifiés de "cas confirmé d'infection", même s'ils n'avaient aucun symptôme.¹⁴⁴ Au lieu de reconnaître que la spécificité diagnostique des kits de PCR n'avait jamais été établie, *Bustin* a offert des explications périphériques en prétendant que "les unités de soins intensifs sont débordées en ce moment".

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

¹⁴¹ *The Infectious Myth* with David Crowe, "Stephen Bustin on Challenges with RT-PCR", 14 Apr 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 Feb 2021: <https://planetwaves.net/planet-waves-fm-interview-with-dr-stephen-bustin/>

¹⁴³ (Personal correspondence from Eric Coppelino.)

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

Il a ensuite défendu les protocoles de PCR en cours en affirmant que "cette pneumonie était provoquée par ce virus. Et ce virus a commencé à apparaître là où de plus en plus de gens présentaient les mêmes symptômes. Et ces amorces détectaient ce virus." Lorsque Coppelino a insisté sur le manque d'isolement du virus pour pouvoir faire de telles affirmations, Bustin a répondu que "la séquence a été établie en prélevant des échantillons du patient d'origine, en faisant croître quelque chose, puis en séquençant, puis en démontant la séquence, et ce qui en est sorti était le virus du SRAS." Malheureusement, Bustin a soutenu l'utilisation abusive du terme "isolement" en virologie et la terminologie floue utilisée dans la détection d'un "virus". La question cruciale est que peu importe la qualité de la conception des amorces - **si l'origine ou la signification des séquences génétiques amplifiées par la PCR est inconnue**, alors leur simple présence ne permet pas de tirer de conclusions supplémentaires. Bustin peut rassurer le monde sur les performances analytiques potentiellement très élevées d'un protocole PCR, mais l'établissement de ses performances diagnostiques est là où le bât blesse. Même si le SRAS-CoV-2 avait été démontré physiquement existant et que la PCR avait été acceptée comme un outil de diagnostic valide, Bustin aurait dû admettre que aucun des tests PCR n'a été développé conformément à ses directives MIQE et **aucun d'entre eux n'est qualifié comme étant cliniquement validé**.

Il était surprenant lors de la même interview qu'il ait nié toute connaissance préalable de la fausse épidémie de coqueluche à Dartmouth-Hitchcock, dans le New Hampshire en 2006, lorsque le kit de PCR qui a été déployé a abouti à un taux de faux positifs de 100 %.¹⁴⁵ Bustin a prétendu avoir découvert cette affaire pour la première fois quelques jours avant l'interview, soit environ 15 ans après les faits, lorsqu'il en a pris connaissance sur le site web de Coppelino, grâce à un article fourni à des fins d'interview. Pourtant, l'incident était bien connu et avait été couvert par le New York Times, avec des commentaires de nombreux professionnels de la santé publique et des tests de diagnostic.¹⁴⁶ En 2006, Bustin était professeur de biologie moléculaire, et il est étonnant que le spécialiste de la PCR n'ait pas été sollicité par ses collègues médicaux lorsque l'incident s'est produit. En effet, à l'époque, il y avait très peu d'experts en PCR auxquels on pouvait s'adresser, et cela a été l'un des premiers signes de la manière catastrophique ...

¹⁴⁵ CDC, "Outbreaks of Respiratory Illness Mistakenly Attributed to Pertussis - New Hampshire, Massachusetts, and Tennessee, 2004-2006", *Morbidity and Mortality Weekly Report*, 24 Aug 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 Jan 2007: <https://www.nytimes.com/2007/01/22/health/22whoop.html>

... dont la PCR pouvait être utilisée de manière inappropriée en tant qu'outil de diagnostic clinique. Si cela ne suffisait pas, il s'agissait d'un incident lié à un microbe présumé causal (la bactérie *Bordetella pertussis*) qui peut être physiquement isolé et dont les séquences génétiques peuvent être confirmées pour étalonner la PCR. En revanche, les protocoles de PCR pour le SRAS-CoV-2 sont simplement étalonnés sur des fragments génétiques d'origine inconnue. Lorsque Coppelino l'a interrogé sur ce point, Bustin a répondu : "Eh bien, vous savez, c'est une manière standard de le faire, donc je ne peux vraiment pas commenter davantage à ce sujet, sauf pour dire que pour moi, c'est parfaitement acceptable et c'est la manière de le faire."¹⁴⁷

À l'époque où Bustin a été interviewé par Coppelino, il avait déjà co-écrit et soumis un article intitulé "COVID-19 and Diagnostic Testing for SARS-CoV-2 by RT-qPCR—Facts and Fallacies," qui a été publié en février 2021.¹⁴⁸ Dans cet article, Bustin et ses collègues affirmaient que "[le test de Corman-Drosten] fonctionnait, était spécifique et démontrait une sagacité et un altruisme étonnants de la part des scientifiques impliqués, ainsi que la rapidité remarquable avec laquelle des tests basés sur la PCR peuvent être développés et mis en pratique." En ignorant les éloges excessifs, la question évidente demeure : spécifique à quoi ? Bustin et ses collègues sous-entendaient-ils que les tests PCR sont spécifiques pour (a) de courtes séquences d'ARN ciblées, (b) un coronavirus connu sous le nom de SARS-CoV-2, ou (c) la maladie inventée par l'OMS connue sous le nom de COVID-19 ? L'article de Corman-Drosten n'établissait que la spécificité analytique pour l'amplification de certaines séquences d'ARN sélectionnées, il n'avait rien à voir avec l'établissement d'un virus ou le diagnostic d'une maladie. Le développeur des directives MIQE sait sûrement que parmi les trois, seule la première a été scientifiquement établie, et rien n'a été validé pour une application clinique. Et pourtant, son article avance l'absurde "non sequitur" selon lequel "les tests PCR conviennent parfaitement aux tests à grande échelle, comme le démontrent quotidiennement les millions de tests réalisés à ce jour." Bustin aurait-il oublié que les "tests" ne sont en réalité qu'un outil d'amplification moléculaire ? Comme l'inventeur de la PCR, le Dr Kary Mullis, l'a averti en 1993, "Je ne pense pas que vous puissiez mal utiliser la PCR, non, les résultats, leur interprétation [sont mal utilisés]."¹⁴⁹

La PCR amplifie simplement des séquences génétiques sélectionnées, et la réaction moléculaire elle-même n'a aucune capacité à déterminer leur provenance ou la pertinence de leur présence. Si un protocole PCR particulier est correctement exécuté et possède une sensibilité analytique et une spécificité connues à 100 %,

¹⁴⁷ Planet Waves FM with Eric F. Coppelino, "Interview with Dr. Stephen Bustin", 1 Feb 2021: <https://planetwaves.net/planet-waves-fm-interview-with-dr-stephen-bustin/>

¹⁴⁸ Stephen Bustin, et al., "COVID-19 and Diagnostic Testing for SARS-CoV-2 by RT-qPCR—Facts and Fallacies", *Int. J. Mol. Sci.*, 28 Feb 2021: <https://doi.org/10.3390/ijms22052459>

¹⁴⁹ David James, "PCR Inventor: 'It doesn't tell you that you are sick'", *off-Guardian*, 5 Oct 2020: <https://off-guardian.org/2020/10/05/pcr-inventor-it-doesnt-tell-you-that-you-are-sick/>

..... un résultat positif ne peut être considéré que comme ayant confirmé la présence d'une séquence cible. Cependant, si l'on prétend que la PCR est un outil de diagnostic, il devrait être évident que des études de validation clinique devraient être menées **avant** que le test ne soit introduit dans la pratique clinique. L'article de *Corman-Drosten* a omis cette étape, et l'OMS a accepté la fraude en plaçant des versions du protocole PCR sur son site web les 13 et 17 janvier 2020, avant même que l'article ne soit publié.¹⁵⁰ Après cela, la PCR a simplement été utilisée par un raisonnement circulaire pour faire des affirmations sur le diagnostic d'"infections" chez les individus.

La phase suivante dans les premières étapes de l'alléguée pandémie a impliqué des "experts" tels que le spécialiste australien des maladies infectieuses, le professeur associé *Sanjaya Senanayake*, diffusant des affirmations infondées sur l'exactitude des tests auprès du public. Lors d'une interview le 26 avril 2020, il a déclaré qu'en ce qui concerne les tests COVID-19, "il n'y a pas de véritable étalon-or pour comparer... pour la COVID-19, nous n'avons pas de test étalon-or, donc les tests actuels que nous utilisons, les tests PCR... ce sont notre étalon-or, mais en essayant de travailler autour de cela, nous pensons qu'ils détectent probablement environ 70 % des cas."¹⁵¹ *Senanayake* sous-entendait que si vous n'avez pas de norme étalon-or, vous pouvez simplement supposer qu'un nouveau test PCR peut se valider lui-même. **Cependant, cela va à l'encontre de toutes les connaissances en matière de validation de test.** Il n'est pas clair, à travers cette divergence par rapport aux principes établis de la logique de validation, comment il a calculé que cela fonctionnait "environ 70 % du temps", sans parler des gymnastiques mentales nécessaires pour un "étalon-or" qui ne se détecte que 70 % du temps. On pourrait être d'accord avec son aveu involontaire qu'il n'y a "pas de véritable étalon-or" dans les tests de la COVID-19, **car l'étalon-or réel est quelque chose qui n'existe pas, à savoir l'isolement physique et la preuve d'une particule virale.**

L'OMS n'était pas préoccupée par l'absence d'un étalon-or ou de preuves d'un virus et a renforcé la fraude de la PCR en déclarant qu'un cas de COVID-19 était "une personne avec une confirmation en laboratoire [en 2020, généralement par PCR] d'une infection par la COVID-19, indépendamment des signes et symptômes cliniques"¹⁵². Dans cette seule phrase, ils proclament que les tests PCR, non validés sur le plan clinique, ont une spécificité diagnostique de 100 %, et déforment de manière non sensée le sens du mot "infection" pour inclure des individus qui n'ont aucun signe ni symptôme. L'étymologie du mot "infection" provient du latin "infectio", signifiant "teinter".

¹⁵⁰ Victor Corman, et al., "Diagnostic detection of 2019-nCoV by real-time RT-PCR", WHO, 17 Jan 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 Apr 2020: <https://iview.abc.net.au/show/virus/series/0/video/NC2032H003S00>

¹⁵² WHO, "WHO COVID-19: Case Definitions", 7 Aug 2020: https://www.who.int/publications/i/item/WHO-2019-nCoV-Surveillance_Case_Definition-2020.1

Le dictionnaire médical de Mosby de 2009 définit une infection comme suit : "(1) l'invasion du corps par des microorganismes pathogènes qui se reproduisent et se multiplient, provoquant une maladie par lésion cellulaire locale, sécrétion d'une toxine ou réaction antigène-anticorps chez l'hôte, et (2) une maladie provoquée par l'invasion du corps par des microorganismes pathogènes." Alors que l'auteur ne fait aucune déclaration sur des microorganismes étant pathogènes, le sens établi du terme "infection" est lié à un état de maladie, sinon un terme tel que "commensalisme" devrait être utilisé. L'OMS a inventé une nouvelle définition absurde de "pandémie"¹⁵⁵ et est en train de subvertir la définition de l'infection en la déconnectant du concept de maladie par le simple usage des résultats de la PCR. Kary Mullis n'aurait pas pu le dire plus simplement lorsqu'il a déclaré que la PCR est "juste un processus utilisé pour créer beaucoup de quelque chose à partir de quelque chose"¹⁵⁶. Malheureusement, à plusieurs reprises à l'époque de la COVID-19, des personnalités influentes telles que *Bustin* et *Senanayake* ont soutenu l'utilisation par les virologistes d'un outil de fabrication moléculaire pour faire toutes sortes d'affirmations non fondées, y compris la capacité non vérifiée de diagnostiquer une nouvelle infection et la détection d'un prétendu virus.

Il est à noter qu'une interprétation biaisée de la PCR semble commencer avant même que le processus d'amplification ne commence. Par exemple, le kit "*High Pure Viral RNA*" de *Roche*, utilisé pour préparer les échantillons pour la PCR, indique qu'il "*isole rapidement l'ARN viral à partir du plasma, du sérum, des liquides biologiques et des surnageants de cultures cellulaires de mammifères*".¹⁵⁷ Il n'est pas clair, d'après les informations fournies sur le produit, comment le kit pourrait séparer l'ARN viral présumé des autres ARN présents dans l'échantillon.¹⁵⁸ Le processus comprend une étape d'ajout d'un "ARN porteur poly(A)", mais les séquences polyadénylées sont non spécifiques, et les étapes de tamponnage et de centrifugation décrites ne permettraient pas de différencier la provenance de l'ARN non plus. Malgré cela, la section "protocoles" proclame que le produit final est de l'"ARN viral purifié"¹⁶⁰, de sorte que toute

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

¹⁵⁴ The Merriam-Webster Dictionary defines commensalism as "a relation between two kinds of organisms in which one obtains food or other benefits from the other without damaging or benefiting it": <https://www.merriam-webster.com/dictionary/commensalism> (accessed 14 May 2022).

¹⁵⁵ Ron Law, "WHO and the pandemic flu 'conspiracies'", Rapid response, 6 Jun 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 Oct 2020: <https://off-guardian.org/2020/10/05/pcr-inventor-it-doesnt-tell-you-that-you-are-sick/>.

¹⁵⁷ Roche, "High Pure Viral RNA Kit - 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", Oct 2020: <https://pim-eservices.roche.com/LifeScience/Document/96aae49e-ad12-eb11-fe90-005056a772fd>

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

.... personne croyant cette affirmation non fondée pense que son résultat RT-PCR positif ultérieur est une preuve de la présence d'un virus. La même chose peut être dite pour le "*High Pure Viral Nucleic Acid Kit*" de Roche, utilisé par des équipes telles que celles de *Na Zhu et Peng Zhou* dans leurs prétentions à avoir découvert le SARS-CoV-2 dans les échantillons de patients et les expériences de culture cellulaire. Encore une fois, Roche fait la déclaration fallacieuse que les étapes décrites dans la section "protocoles" aboutiraient à des "acides nucléiques viraux purifiés".¹⁶¹

Soit dit en passant, *Bustin* a été spécifiquement interrogé au sujet des affirmations de Roche lorsque la question suivante lui a été posée : "*Je suppose que le kit doit être capable de distinguer les acides nucléiques viraux des autres. Les acides nucléiques viraux ont-ils une propriété chimiquement unique ?*" Il a répondu : "*le processus d'extraction n'est pas spécifique pour un acide nucléique particulier, mais il peut être spécifique pour certains types d'acides nucléiques. Certains kits peuvent extraire différemment de l'ADN ou de l'ARN, mais cela signifie que tout ADN et ARN sera présent dans l'échantillon extrait... Une petite quantité du matériau extrait est ensuite soumise à la réaction de PCR. C'est ce qui fournit la spécificité.*"¹⁶² En d'autres termes, *Bustin* n'a pas cherché à fournir une explication aux affirmations frauduleuses de Roche, mais a embrouillé la question en substituant la spécificité de la provenance des acides nucléiques par la spécificité des séquences sélectionnées pour la PCR. Cela équivaut à un tour de passe-passe linguistique qui a contribué à faire apparaître un "virus" comme par magie.

PARTIE TROIS

"LITTLE MOUNTAIN DOG" - NAÏVETÉ OU MANIPULATION PSYCHOLOGIQUE ?

*"Je ne l'aurais jamais vu si je n'avais pas cru en lui." - Ashleigh Brilliant*¹⁶³

Nous sommes familiers avec l'allégation selon laquelle il serait impossible que la majorité de la communauté médicale et scientifique soit complice de manière délibérée des méthodologies non scientifiques de la virologie dans la fraude liée à la COVID-19. L'auteur n'avance pas une telle hypothèse, bien qu'il se demande si et pendant combien de temps l'ignorance peut être utilisée comme une défense. En effet, c'est pourquoi il a été suggéré plus tôt dans cet essai

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

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

¹⁶² (Personal correspondence from Stephen Bustin to my colleague, 15 Oct 2021.)

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

... (dans la section "Qu'est-ce que la virologie ?") que "*l'abandon de la méthode scientifique peut passer inaperçu ou être accidentel de la part des participants de niveau inférieur.*" Les virologistes fraîchement diplômés sont formés à suivre les méthodologies de leurs aînés et ont peu de chances de progresser dans leur carrière, et bien sûr d'obtenir du financement, s'ils remettent en question les bases du travail de leur laboratoire.

Le 29 janvier 2020, **un supposé scientifique virologue chinois** connu sous le nom de "**Winjor Little Mountain Dog**" a publié un texte intitulé "*Documentation sur la première expérience de découverte d'un nouveau coronavirus*".¹⁶⁴ Il décrivait l'histoire passionnée d'un initié déterminé à révéler la vérité sur ce qui s'était passé à Wuhan au cours du mois précédent et sur qui a réellement 'découvert' le **WH-Human 1, alias 'WH-01/2019'**, plus tard rebaptisé '**SARS-CoV-2**'. Pour ceux d'entre nous qui sont conscients de la tromperie qui a eu lieu dans la mascarade de la COVID-19, le texte est certainement suspect d'être une partie d'une opération de manipulation psychologique. Sinon, la relative facilité de déduire de quel laboratoire l'histoire est originaire fait paraître l'auteur extrêmement naïf pour un habitant de l'État communiste chinois. Cependant, le document sera présenté tel qu'il est décrit, c'est-à-dire avec le narrateur croyant qu'il découvrait des virus, comme en témoignent les extraits sélectionnés suivants.

Je suis simplement allé travailler le 26 décembre 2019. Comme d'habitude, j'ai d'abord consulté les résultats de l'interprétation automatique des microorganismes pathogènes par mNGS pour cette journée.

Ici, l'auteur a décrit leur laboratoire effectuant le séquençage nouvelle génération métagénomique sur des échantillons de patients bruts, comme cela a été décrit dans les sections précédentes de cet essai. Cela a posé le thème du texte de l'auteur, qui a décrit les "virus" en termes de séquences génétiques pouvant être détectées dans l'environnement et assemblées par un logiciel informatique.

De manière inattendue, il a été découvert qu'un échantillon présentait un pathogène sensible - le coronavirus du SRAS, avec des dizaines de séquences, et que cet échantillon était le seul à présenter un tel pathogène significatif.

Il s'agit d'un saut incroyable, passant de diverses séquences détectées dans un échantillon brut au rapport d'un "pathogène", apparemment sur la base de ce qui peut être établi par un programme informatique. Non seulement cela, mais l'ordinateur a trouvé un "coronavirus du SRAS", il est donc d'une manière ou d'une autre associé à la condition clinique du "syndrome respiratoire aigu sévère".

¹⁶⁴ "记录一下首次发现新型冠状病毒的经历", 29 Jan 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

*...ce pathogène est le plus similaire au coronavirus du SRAS semblable à celui des chauves-souris, avec une similarité globale d'environ 87 %, et une similarité avec le SRAS [SARS-CoV-1] d'environ 81 %. Le nombre de séquences dans l'alignement est passé de quelques dizaines à plus de 500. De plus, 5 contigs ont été assemblés, totalisant plus de 1200 paires de bases. À ce stade, il peut être essentiellement confirmé qu'il s'agit d'un coronavirus... Dans une situation aussi urgente, il n'y a pas de temps pour consulter la littérature, et il n'y a pas beaucoup de données en main... Nous avons ensuite analysé des milliers de génomes de coronavirus de manière exhaustive, les évaluant en termes de similarité, de couverture, et même de distribution du génome, et avons finalement identifié les deux génomes les plus similaires, **bat-SL-CoVZC45** et **bat-SL-CoVZXC21**.*

Et voilà, il est "confirmé" que le virus existe sur la base de la comparaison de certaines nouvelles assemblées in silico avec d'autres assemblées in silico précédemment soumises aux bases de données génétiques. L'auteur continue à décrire sa prochaine activité d'analyse de l'arbre phylogénétique et de construction d'un chemin évolutif pour la dernière addition à l'arbre généalogique fictif de la virologie. ***Il n'y a aucune appréciation du fait qu'un virus doit posséder une existence physique réelle en tant que particule distincte avec des caractéristiques biologiques spécifiques, y compris la capacité à infecter des hôtes et à causer des maladies.*** L'auteur affirme simplement que *"l'analyse a essentiellement confirmé qu'il y a effectivement un virus dans l'échantillon de ce patient"*. Plus tard dans le texte, ils expriment une certaine prudence concernant la pathogénicité clinique, mais restent convaincus de son existence en faisant le commentaire suivant : *"Que la pneumonie ait été causée par ce virus, nous ne l'avons pas analysé, et nous ne pouvions pas l'analyser. La détection du virus ne signifie pas que la pneumonie a été causée par le virus."*

...le 30 décembre, j'ai entendu dire qu'il y avait un certain nombre de patients avec des symptômes similaires... Ce qui m'a vraiment inquiété à nouveau, c'est qu'un ami et homme d'affaires nous a partagé la séquence à analyser. Je l'ai analysée, et c'était effectivement le même virus ! La première pensée dans le subconscient est "ce virus est contagieux" !

Il n'est pas clair si l'auteur savait que les "symptômes similaires" qui affectaient les patients décrits à Wuhan étaient tous des symptômes respiratoires non spécifiques. À ce jour, la COVID-19 n'est pas une condition clinique légitimement définie, car les cas "confirmés" se réfèrent simplement au résultat d'un processus de détection moléculaire. De plus, nous avons déjà traité du raisonnement circulaire et du processus autoréférentiel consistant à inventer un "génom viral" par la méthodologie de la virologie, puis à prétendre que la détection d'assemblées presque identiques ailleurs confirme que "le même virus" a été trouvé. ¹⁶⁵

¹⁶⁵ "WHO COVID-19 Case definitions: Updated in Public health surveillance for COVID-19 | COVID-19: Surveillance, case investigation and epidemiological protocol", 16 Dec 2020: https://www.who.int/publications/i/item/WHO-2019-nCoV-Surveillance_Case_Definition-2020.2 (The small footnote does state: "Surveillance case definitions should not be used as the sole basis for guiding clinical management.")

La nervosité réside dans le fait que ce virus inconnu pourrait être aussi terrifiant que le SRAS ; l'excitation vient du fait que nous avons détecté et confirmé ce pathogène précocement grâce à la technologie mNGS, et nous avons mis le patient en quarantaine, il pourrait être possible de prévenir et de contrôler le virus avant qu'il ne se propage largement, étouffé dans l'œuf !... J'espère également qu'après avoir vécu cet incident lié au nouveau coronavirus, la capacité du pays à gérer des événements majeurs de santé publique ait fait d'énormes progrès... À ma connaissance, nous aurions dû être les premiers à découvrir ce virus, car c'est après que nous ayons signalé les résultats que le système de contrôle des maladies a commencé à intervenir.

Il revient au lecteur de décider si l'auteur croyait sincèrement qu'ils étaient les premiers à découvrir le SARS-CoV-2 et que les experts en santé publique possèdent ces compétences, ou si ce texte a été fabriqué et "fuité" dans le cadre de la propagande sur la COVID-19. Il n'y a jamais eu de virus à propager. La seule chose qui se propageait dans le monde, en dehors de la peur, était le prétendu "génomme" WH-Human 1 et les tests PCR calibrés sur ses séquences. La "pandémie" aurait pu être stoppée net en refusant ces tests ; au lieu de cela, des "experts" en santé publique ignorants ont adhéré à la pseudo-science virologique et ont participé à la fraude de la COVID-19 depuis.

Le *Little Mountain Dog* prétendument souhaitait faire savoir que leur laboratoire était "le premier à découvrir le virus", suite à la collecte de leur échantillon de Wuhan le 24 décembre 2019, et la soumission subséquente à la base de données GISAID le 11 janvier 2020 sous l'identifiant d'accèsion 'EPI_ISL_402123'. En plus de la séquence in silico de *Fan Wu et al.*, EPI_ISL_402123 a été utilisé dans la conception des protocoles PCR par l'équipe de *Christian Drosten* (comme le montre la Figure 8 ci-dessous). Cependant, comme l'a souligné *David Rasnick*, "*ils n'ont jamais touché un virus en réalité.*" Cela apporte un élément d'ironie à l'hypothèse de "fuite de laboratoire" ; une narration qui est apparue dans les médias grand public dès février 2020.¹⁶⁷ Le "virus" a certainement été créé en laboratoire, mais il s'agissait d'un laboratoire informatique, et la seule entité qui a été intentionnellement divulguée était une simulation informatique. Les résultats de la simulation ont été diffusés dans le monde entier sous forme de code numérique sur Internet, et les amorces PCR résultantes déployées en masse ont créé les "cas" pour la fraude de la COVID-19.

L'histoire du *Little Mountain Dog* a continué lorsqu'un éditorial intitulé "*Alors que la pandémie explosait, un chercheur a vu le danger.*"

¹⁶⁶ Mark Bailey & John Bevan-Smith, "The COVID-19 Fraud & War on Humanity", 11 Nov 2021: <https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/>

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

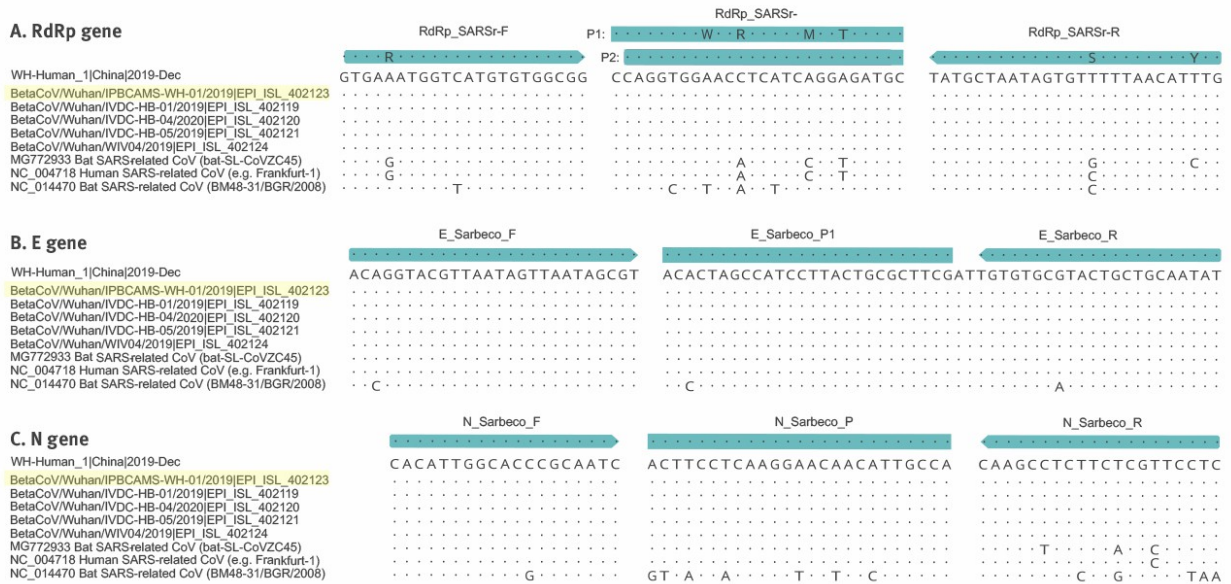


Figure 8. Le dépôt GISAID de Ligne Mountain Dog sous l'identifiant 'EPI_ISL_402123'. Il est apparu aux côtés du dépôt de *Fan Wu et al.* sous l'identifiant 'WH-Human_1|China|2019-Dec' pour le protocole de RT-PCR de *Corman-Drosten*, où il était indiqué que "*l'alignement [WH-Human_1|China|2019-Dec] a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

Le 22 avril 2022,¹⁶⁸ un article intitulé "*Les dirigeants de la Chine sont restés silencieux*" est paru dans *The Washington Post*. Ils ont rapporté que *Little Mountain Dog* travaillait dans un laboratoire commercial appelé "Vision Medicals" à Guangzhou, dans le sud de la Chine, et que "*son histoire pointe vers une dissimulation aux conséquences tragiques d'une ampleur historique. Un danger grave a été dissimulé jusqu'à ce qu'il soit trop tard.*" L'éditorial a promu toutes les revendications virologiques comme étant véridiques et a ironiquement déclaré que "*l'épisode rappelle une fois de plus pourquoi une enquête sérieuse est nécessaire pour comprendre les origines de la pandémie.*" Une enquête sérieuse sur ce sujet démontre qu'au cœur de cette "pandémie", il n'y a rien de plus que des absurdités inventées par les virologistes et diffusées par des médias tels que *The Washington Post*.

LA DIVERSION DE LA "FUITE DE LABORATOIRE"

Vous supposez ici que la variole est une chose, une entité. Cette erreur est commise par presque tous les partisans de l'auto-proclamée "école régulière", et il vous sera probablement nouveau d'apprendre que ni la variole ni aucune autre maladie ne sont une entité, mais une condition.

— Dr. Montague R. Levenson, 1909.¹⁶⁹

¹⁶⁸ Editorial Board, "As the pandemic exploded, a researcher saw the danger. China's leaders kept silent", *The Washington Post*, 22 Apr 2022: <https://www.washingtonpost.com/opinions/interactive/2022/china-researcher-covid-19-coverup/>

¹⁶⁹ "English City of Leicester as Example of Benefits of Abolition of Vaccination", *Bridgeport Evening Farmer*, 21 Aug 1909.

Le 19 mai 2022, Jeffrey Sachs, le président de la Commission COVID-19 de *The Lancet*, a co-écrit un article avec Neil Harrison intitulé "Un appel à une enquête indépendante sur l'origine du virus SARS-CoV-2."¹⁷⁰ La publication a débuté avec la mise en contexte suivante de la situation de la COVID-19 :

Depuis l'identification du [sic] SARS-CoV-2 à Wuhan, en Chine, en janvier 2020, l'origine du virus a été un sujet de débat scientifique intense et de spéculation publique. Les deux principales hypothèses sont que le virus est apparu suite à une exposition humaine à un animal infecté (« zoonose ») ou qu'il est apparu à la suite d'un incident lié à la recherche.

Cependant, prétendre qu'il existe "deux principales hypothèses" repose sur l'acceptation que "l'identification du SARS-CoV-2" signifie que la particule possède à la fois une existence physique et les propriétés biologiques spécifiques nécessaires pour répondre à la définition d'un virus. C'est-à-dire, un parasite intracellulaire répliquatif transmissible qui cause la prétendue nouvelle maladie "COVID-19". Comme cela a été exposé dans "*The COVID-19 Fraud & War on Humanity*", il n'y a aucune preuve que ni la particule ni la prétendue nouvelle maladie existent.¹⁷¹ De plus, dans le présent essai, il y a eu une analyse plus détaillée du document de *Fan Wu et al.* et de leur fausse affirmation concernant "l'identification" d'un virus à Wuhan au début de 2020. En revanche, les partisans de la thèse de la fuite de laboratoire, tels que *Sachs et Harrison*, commencent leur analyse en acceptant sans réserve les hypothèses non établies de la virologie.

Dans leur article, ils ont cité des aspects tels que "*la collecte de "SARS-like bat CoVs" sur le terrain... [et]... l'analyse et la manipulation de ces virus*", se plaignant que "*la nature précise des expériences qui ont été menées, y compris la gamme complète des virus collectés sur le terrain et le séquençage ultérieur et la manipulation de ces virus, demeure inconnue*." Ils ne semblent pas réaliser que les "SARS-like bat CoVs" ne sont rien de plus que des intestins de chauve-souris broyés, prétendument "pathogènes" en injectant directement la bouillie dans le cerveau de rats nouveau-nés. La manipulation de tels échantillons peut être un moyen de sécuriser un financement et d'impressionner les non-initiés, mais cela ne change pas la réalité biologique. De telles expériences ne prouvent pas que leurs échantillons contiennent des virus ou qu'ils ont des propriétés pathogènes dans le monde naturel. Si même ils ne peuvent pas démontrer l'existence de virus dans leurs affirmations publiques, il n'y a pas grand-chose à craindre. Peu importe ce qui se passe derrière des portes closes car ils n'ont pas de virus pour commencer.

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 May 2022: www.pnas.org/doi/abs/10.1073/pnas.2202769119

¹⁷¹ Mark Bailey & John Bevan-Smith, "The COVID-19 Fraud & War on Humanity", 11 Nov 2021: <https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/>

En ce qui concerne le "génomome du SARS-CoV-2" que les virologues ont proposé, *Sachs et Harrison* ont déclaré qu'ils "ne savent pas si l'insertion du site de clivage de la furine¹⁷² (FCS) était le résultat de l'évolution naturelle - peut-être par le biais d'un événement de recombinaison chez un mammifère intermédiaire ou un être humain - ou était le résultat d'une introduction délibérée du FCS dans un virus de type SARS, dans le cadre d'une expérience de laboratoire." Ils seraient bien avisés de se pencher sur la manière dont il a été établi que l'une des séquences ou protéines qu'ils analysent appartient à un virus pathogène. Le débat des dernières années concernant les subtilités du FCS n'est en réalité qu'un microcosme au sein du paradigme plus large et défaillant de la génomique et de la protéomique "virales".

De manière similaire, leur mention de recherches présumées sur les virus menées à l'Université de Caroline du Nord (UNC) ou de propositions de subvention présumées comme "DEFUSE" soumises à l'Agence des projets de recherche avancée de défense des États-Unis (**DARPA**) ne constituent pas des preuves de l'existence de virus.¹⁷³ Pour être clair, il n'est pas contesté que des institutions telles que l'UNC ont expérimenté avec des entités telles que les protéines de pointe pendant des décennies. Certaines de ces séquences ont été brevetées et utilisées dans le développement d'agents biologiques injectables, récemment administrés à de nombreuses personnes sous le prétexte de vaccins contre la COVID-19.¹⁷⁴ Cependant, rien de tout cela n'exige l'existence de particules qualifiées de virus.

Malheureusement, le livre de revendications de la virologie est devenu tellement complexe que la plupart des lecteurs ne se rendent pas compte qu'il est en grande partie composé d'absurdités. Quelques jours après la publication de leur article, *The Intercept* semblait également être sur la piste d'une enquête liée à "*l'intrigante théorie de l'ingénierie virale*".¹⁷⁵ Ils ont fait état d'une étude de l'Université de Caroline du Nord à *Chapel Hill*¹⁷⁶ datant de 2016, associée à *Ralph Baric*, où "*les scientifiques ont créé un nouveau virus en utilisant la protéine de pointe d'un coronavirus de chauve-souris qui avait été isolé et caractérisé par l'Institut de Virologie de Wuhan [WIV]*." On peut supposer en toute sécurité que l'auteur ne comprend pas à quel point les virologues utilisent de manière trompeuse le terme "isolé". De plus, la Figure 1 à la page 13 révèle l'absurde affirmation selon laquelle le WIV aurait "*purifié des virions*" qui auraient ensuite été prétendument utilisés par *Baric et al.* pour créer un nouveau virus.

¹⁷² Furin is a protein-splitting enzyme that is present in humans and other animals. Virologists claim that when SARS-CoV-2 is being produced in a cell, furin cuts the spike protein at the 'furin cleavage site' before it exits the cell.

¹⁷³ Samantha Bailey, "Gain of Function Garbage", 18 Jan 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 Nov 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 May 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 Mar 2016: <https://doi.org/10.1073/pnas.1517719113>

Il n'y avait aucune preuve que l'un ou l'autre laboratoire disposait de quoi que ce soit de plus que de la culture cellulaire anormale de rein de singe.

L'hypothèse de la fuite de laboratoire n'est tout simplement qu'une autre narration de l'ère COVID-19 qui entretient dans l'imagination du public l'illusion de l'existence matérielle du SARS-CoV-2, ainsi que des virus pathogènes et de la contagion liée aux microbes en général. Ces derniers mois, la narration basée sur la peur s'est poursuivie avec des déclarations sur des épidémies de variole du singe, la prétendue détection de "virus" de la polio à Londres, et même la théorie de la fuite de laboratoire de la COVID-19 a reçu le soutien du Directeur général de l'Organisation mondiale de la santé en faveur de la maladie et de la pandémie fantômes qu'il a nommées.¹⁷⁷ Il semble probable qu'il y aura d'autres histoires de "fuite de laboratoire" à l'avenir si elles continuent à capter aussi efficacement l'attention.

À l'instar de l'histoire du "Little Mountain Dog", l'histoire de la fuite de laboratoire ne repose pas sur une démonstration scientifique d'un virus, elle repose simplement sur la croyance en l'existence d'un virus, aidée par certaines preuves apparentes de soutien. Dans la même lignée, en novembre 2020, le *Lowy Institute*, qui se décrit comme un "think tank" de politique internationale australien, a publié un article avec l'introduction suivante :

En avril 2020, le Dr Ai Fen, responsable du service des urgences de l'hôpital central de Wuhan, a accordé une interview au magazine chinois Renwu. Elle a décrit en détail comment, à la fin du mois de décembre 2019, elle avait commencé à recevoir de nombreux patients aux urgences présentant des symptômes grippaux résistant aux traitements habituels. Elle a raconté comment elle a eu "un coup de froid" quand le premier rapport de virus concernant l'un de ces patients est arrivé. Elle a rapidement entouré les mots "coronavirus du SRAS", fait une capture d'écran du rapport et l'a envoyé à ses collègues. Très rapidement, son rapport a circulé dans les milieux médicaux de Wuhan. Mais au lieu de mobiliser l'hôpital et les autorités, les actions du Dr Ai l'ont vue réprimandée par le comité disciplinaire de l'hôpital pour "propagation de rumeurs" et "nuisance à la stabilité". Au lieu de prévenir le personnel et le public, les autorités de l'hôpital ont dit au personnel de ne pas porter d'équipement de protection individuelle et ont relayé les instructions du comité local de protection de la santé selon lesquelles, pour éviter de provoquer la panique, les médecins étaient interdits de partager des messages et des rapports liés au virus.¹⁷⁸

Pour les crédules, cela peut ressembler à une tentative des autorités de dissimuler le début de la "pandémie virale", mais ceux qui sont familiers avec les absurdités de la virologie peuvent clairement voir à travers les erreurs de raisonnement.

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

¹⁷⁸ Lydia Khalil, "Digital Authoritarianism, China and COVID", *Lowy Institute*, 2 Nov 2020: <https://www.lowyinstitute.org/publications/digital-authoritarianism-china-and-covid>

Aucun de ces arguments ne nécessite un virus réel. Encercler "*coronavirus du SRAS*" sur un "*rapport viral*" repose sur rien de plus que ce que *Fan Wu* et d'autres équipes ont fait dans leurs simulations en laboratoire sec.

Un autre médecin, *Li Wenliang*, célébré par la BBC comme un " lanceur d'alerte ",¹⁷⁹ aurait également été censuré par les autorités chinoises après avoir partagé le rapport du *Dr Ai*. On prétend que le *Dr Li*, âgé de 33 ans, est décédé ultérieurement de la COVID-19 après avoir "*contracté le virus en travaillant à l'hôpital central de Wuhan*". La promotion abondante des médias d'entreprise et de Wikipedia¹⁸⁰ de la " dissimulation " serait comique si elle ne faisait pas partie d'une *guerre contre l'humanité*. Toutes ces histoires renvoient à la même narration basée sur la peur d'un virus contagieux et "mortel". Cela permet de propager cette fraude et ouvre la voie à d'autres fraudes similaires à l'avenir. L'auteur est stupéfait que tant de personnes de la "*communauté de la liberté de la santé*" ne fassent pas confiance aux affirmations des médias d'entreprise concernant la COVID-19, sauf à la déclaration selon laquelle un virus mortel est en liberté, la plus grande des tromperies.

L'affirmation selon laquelle les demandes de brevet liées aux "coronavirus" fournissent des preuves de l'existence des virus peut être traitée rapidement. En 2021, le **Dr David Martin** de *M-CAM® International* a publié "*Le dossier Fauci/COVID-19*"¹⁸¹ dans le cadre des activités de l'entreprise,

s'agissant de surveiller les éventuelles violations du Protocole de Genève de 1925 sur l'interdiction de l'utilisation en temps de guerre de gaz asphyxiants, empoisonnés ou d'autres agents, ainsi que des méthodes bactériologiques de guerre, ainsi que de la Convention de 1972 sur l'interdiction du développement, de la production, de l'entreposage d'armes bactériologiques et de toxines et de leur destruction (la Convention BTWC).

Malgré les nombreux brevets portant sur des "*méthodes de production de coronavirus recombinants*" et les subventions fédérales accordées à des spécialistes du "*gain de fonction*" tels que le *Dr Ralph Baric* et son équipe de l'UNC à Chapel Hill, aucun de ces documents ne contient de preuves scientifiques de l'existence de virus. Le personnel des offices de brevets et ceux qui approuvent les subventions de recherche ne sont pas les arbitres de la plausibilité biologique et se contentent de faire avancer les revendications des virologistes. Le dossier n'était pas une preuve irréfutable des activités de "gain de fonction" impliquant des virus pathogènes. Peut-être que ceux qui le pensaient

¹⁷⁹ "Li Wenliang: Coronavirus kills Chinese whistleblower doctor", *BBC*, 7 Feb 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" Apr 2021: https://www.davidmartin.world/wp-content/uploads/2021/01/The_Fauci_COVID-19_Dossier.pdf

.... n'ont pas prêté attention à la déclaration liminaire de *Martin* selon laquelle "tout au long de ce document, l'utilisation de termes communément acceptés dans la littérature médicale et scientifique n'implique ni l'acceptation ni le rejet du dogme qu'ils représentent".

VIROLOGIE ET SOCIÉTÉ FERMÉE

"Je ne suis pas un scientifique, mais c'est le droit et le devoir de chaque citoyen de regarder et de voir ce que les scientifiques ont dit, d'analyser par eux-mêmes et de tirer des conclusions de bon sens. Nous sommes parfaitement capables de le faire, et il n'y a aucune raison particulière pour que la nature scientifique du problème signifie que nous devons céder notre liberté aux mains des scientifiques."

___ Lord Sumption, 2020.¹⁸²

Il s'agissait de l'Agence de sécurité sanitaire du Royaume-Uni (**UKHSA**) qui a fourni l'une des réponses les plus étranges jamais vues en ce qui concerne la dissimulation de la véritable nature des prétendus contrôles dans leurs prétendues "Expériences d'isolement et de séquençage du SARS-CoV-2". Le 27 octobre 2021, en réponse à une demande de liberté d'information concernant l'isolement du virus, ils ont suggéré que l'image représentée dans la Figure 9 ci-dessous fournissait "des preuves" du virus SARS-CoV-2.¹⁸³ Mon collègue, qui a fait la demande, n'a pas du tout été dupé par une image générée par ordinateur qui ne fournissait aucune information sur la source de l'image ni sur la manière dont elle a été produite. L'UKHSA **a continué à bafouiller avec la science**, affirmant que les virus "**nécessitent un substrat cellulaire hôte pour se répliquer. L'isolement de n'importe quel virus sans milieu n'est donc pas possible... Ces milieux et les produits ajoutés sont stériles et ne contiennent pas de matériel génétique supplémentaire.**"¹⁸⁴ Nous ne pouvons que spéculer sur ce que l'UKHSA pense que contiennent les cellules hôtes si ce n'est pas du matériel génétique ! Comme le CDC, l'équipe de réponse semblait également sous-entendre que l'article de *Na Zhu et al.*, "Un nouveau coronavirus chez des patients atteints de pneumonie en Chine en 2019", apportait des preuves que la particule du prétendu virus SARS-CoV-2 avait une existence physique.

Mon collègue a fait remarquer à l'UKHSA qu'ils n'avaient aucune preuve de l'existence d'un virus et que, par conséquent, ils se rendaient complices en "**causant inutilement du tort à tout le monde en leur inculquant la peur, en leur retirant sommairement leurs droits et en les contraignant à un traitement inutile et nuisible, ce qui est moralement répréhensible.**"¹⁸⁵ Malgré cela, ils ont écrit de nouveau à l'UKHSA quelques mois plus tard

¹⁸² Jonny Dymond interview of Lord Sumption, BBC Radio 4's *The World at One*, 30 Mar 2020. Transcript: <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 Oct 2022.)

¹⁸⁴ Ibid.

¹⁸⁵ By email to UKHSA, "Case ref: 1409 - FOI Purification of SARS-CoV-2 and Variants (CF)", 27 Oct 2022.

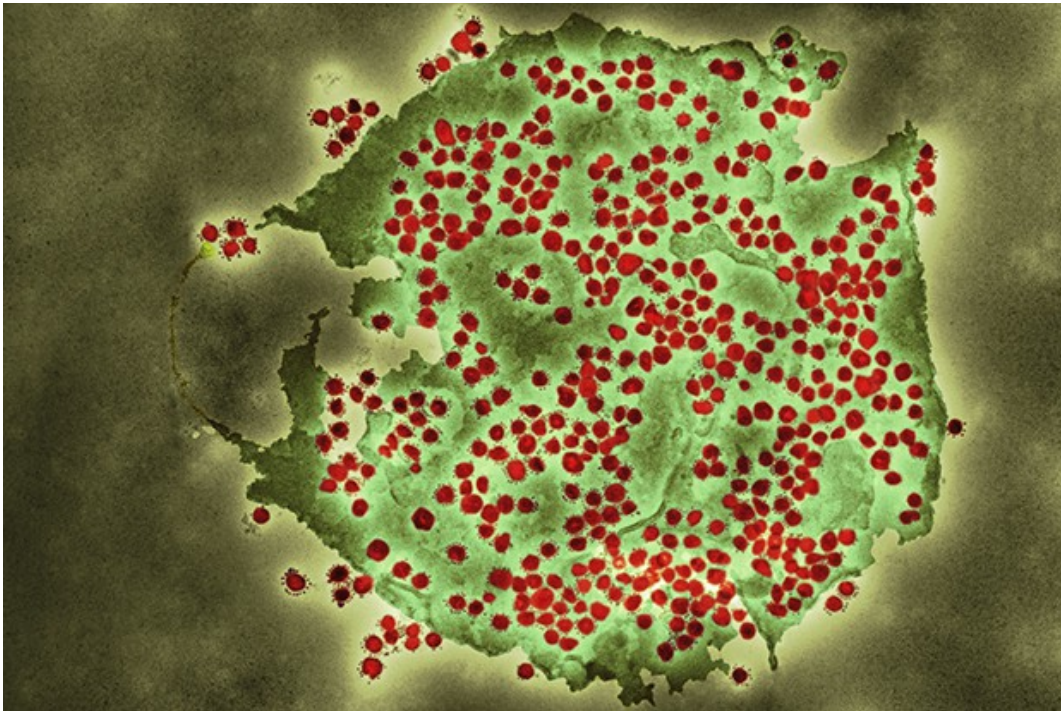


Figure 9. La prétendue "preuve" burlesque de l'[UKHSA](#) du SARS-CoV-2 le 27 octobre 2021.

... en demandant la divulgation de la méthodologie complète des expériences de culture cellulaire et de tout contrôle comparatif dans l'article de *Public Health England* intitulé "Durée de l'infectiosité et corrélation avec les valeurs du seuil de cycle RT-PCR dans les cas de COVID-19, Angleterre, janvier à mai 2020."¹⁸⁶ La réponse de l'UKHSA en date du 25 mars 2022 contenait un texte qui représentait soit un complot entre l'OMS et les États souverains pour ne pas divulguer les détails de la tromperie de la "culture virale" qui est au cœur de la fraude de la COVID-19, soit une profonde ignorance de la part de l'UKHSA en décrivant le SARS-CoV-2 comme un "virus à haut risque" :¹⁸⁷

Conformément à l'article 1(1)(a) de la loi, l'UKHSA peut confirmer qu'elle détient les informations demandées concernant les questions ci-dessus. Cependant, les informations demandées sont exemptes de divulgation en vertu de l'article 24(1) - exemption de sécurité nationale. L'article 24(1) prévoit que les informations sont exemptes si une exemption de l'article 1(1)(b) est nécessaire aux fins de la sauvegarde de la sécurité nationale. Par conséquent, l'exemption est utilisée de manière raisonnablement nécessaire...

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 Aug 2020: <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.32.2001483>

¹⁸⁷ The UKHSA themselves had declared that "as of 19 March 2020, COVID-19 is no longer considered to be a high consequence infectious disease (HCID) in the UK.": <https://www.gov.uk/guidance/high-consequence-infectious-diseases-hcid>

Les facteurs qui soutiennent le maintien de l'exemption comprennent :

- La divulgation de cette information constituerait une information technique très détaillée, transférant un savoir-faire, ce qui contreviendrait directement à une demande explicite de l'Organisation mondiale de la santé (OMS) à Public Health England (PHE, maintenant UKHSA) en 2020 de ne pas divulguer ou rendre largement disponible les détails de l'amplification du SARS-CoV-2 ;
- La divulgation de ces détails concernerait la méthodologie exacte utilisée pour l'amplification du virus à haut risque, nécessitant un niveau de confinement 3, et pourrait représenter une menace pour la biosécurité nationale et mondiale si elle était fournie à un membre du public non identifié ou non autorisé ou à des agents mal intentionnés ;
- La divulgation de cette information fournirait une capacité de "savoir-faire" significative qui, dans certaines circonstances, pourrait être considérée comme une menace pour la biosécurité.¹⁸⁸

Une révision de cette décision a été demandée par mon collègue, mais la décision a été confirmée par le UKHSA le 3 mai 2022, au motif que la divulgation des détails de l'expérience de culture cellulaire "était surpassée par la menace pour la sécurité nationale que représente cette divulgation."¹⁸⁹ Il n'est pas clair pourquoi la préservation des détails de leur méthodologie expérimentale est nécessaire pour les efforts du Royaume-Uni en matière de "sécurité nationale." Il a été révélé que les virologues ne réalisent pas de véritables expériences de contrôle et que leurs revendications d'"isolement de virus" n'ont pas été établies dans la littérature scientifique. Les autorités craignent-elles que si elles l'admettent officiellement, il y aura une révolte lorsque le grand public se rendra compte des crimes commis sur la base de revendications découlant d'expériences virologiques frauduleuses ? Leur obstruction officielle à la diffusion de ces informations au public, invoquant la "biosécurité", est paradoxale étant donné que l'existence présumée de ce "virus à haut risque" ne peut pas être démontrée.

Les réponses ineptes du UKHSA ont peut-être été surpassées uniquement par *Maggie Throup*, la secrétaire d'État adjointe parlementaire aux vaccins et à la santé publique. Dans un e-mail adressé à sa collègue députée *Rachael Maskell* le 27 juin 2022, *Throup* a déclaré que,

"l'Agence de sécurité sanitaire du Royaume-Uni (UKHSA) n'utilise pas les postulats de Koch pour la COVID-19, car ils sont trop contraignants, suggérant une association plutôt qu'une causalité. Koch a également abandonné ses postulats lorsqu'il a découvert la portabilité asymptomatique. Les critères de Bradford-Hill sont

¹⁸⁸ Letter from UKHSA, "25/01/2022/ag/2334, Re: FOIA: SARS-CoV-2 Isolation and Sequencing Experiments' Controls", 25 Mar 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 May 2022.

plus couramment utilisés lorsqu'il s'agit d'associer un virus et une maladie. Cependant, il convient de noter que le SARS-CoV-2 remplit les postulats de Koch, comme le montre l'article suivant où un modèle animal a été utilisé." ¹⁹⁰

Comme cela a été expliqué plus tôt dans cette section de l'essai, il est absurde de prétendre que les postulats pourraient être remplis lorsque l'existence du microbe postulé n'a jamais été établie. De plus, l'article de 2020 auquel Throup fait référence s'intitule "*La pathogénicité du SARS-CoV-2 chez les souris transgéniques hACE2*".¹⁹¹ Cet article n'a jamais établi la présence d'un virus dans leurs échantillons, n'a pas utilisé de contrôles valides, n'a pas suivi les postulats de Koch et présentait d'autres aspects frauduleux.¹⁹² Cependant, Throup a ensuite continué à promouvoir des absurdités virologiques en prétendant qu'une autre étude¹⁹³ "*démontre l'évolution de la maladie COVID-19, depuis le moment où une personne est en contact avec le SARS-CoV-2, jusqu'à l'infection jusqu'au point où le virus semble être éliminé*." Une fois de plus, l'article affirmait simplement la présence d'un virus dans leurs échantillons et n'avait pas de contrôles valides, sans parler des autres aspects non scientifiques de l'étude qui ont été traités ailleurs, y compris la réfutation complète de l'article par ViroLIEgy alors qu'il était en prépublication.¹⁹⁴ En d'autres termes, des politiciens comme Throup répètent les absurdités de la virologie et exposent ainsi leurs électeurs à une gamme obscène de conséquences inutiles et parfois mortelles.

LE SÉQUENÇAGE MÉTAGÉNOMIQUE - LE DERNIER SOUFFLE DE LA VIROLOGIE ?

La réductionniste ambition de la biologie moléculaire est-elle en danger d'être contrecarrée par le volume des données qu'elle produit, ou même par l'intérêt captivant de leur collecte ? - Sir John Maddox ¹⁹⁵

Le coût du séquençage a considérablement diminué depuis 2001, où il était de plus de 5 000 dollars par mégabase brute (Mb), jusqu'en 2007 où il était d'environ 500 dollars par Mb, après quoi il a chuté précipitamment à 0,005 dollar par Mb vers la mi-2021. De plus, l'émergence du séquençage de nouvelle génération (NGS) vers 2005 a entraîné une ...

¹⁹⁰ By email from Maggie Throup MP to Rachael Maskell MP, Ref: ZA50772, 27 June 2022: <https://www.parallelparliament.co.uk/question/315/coronavirus>

¹⁹¹ Linlin Bao, et al., "The pathogenicity of SARS-CoV-2 in hACE2 transgenic mice", *Nature*, 7 May 2020: <https://www.nature.com/articles/s41586-020-2312-y>

¹⁹² Samantha Bailey, "Koch's Postulates: Germ School Dropout", 8 Sep 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 Mar 2022: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/35361992/>

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

¹⁹⁵ "Finding wood among the trees", *Nature*, 5 May 1988: <https://www.nature.com/articles/333011a0.pdf>

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

... réduction massive du temps nécessaire pour séquencer des génomes. Comme indiqué dans un article de biologie et de médecine de 2017,

*le génome humain, par exemple, est composé de 3 milliards de paires de bases (bps)... Le séquençage du génome humain en utilisant la méthode de séquençage de **Sanger** a pris près de 15 ans, a nécessité la coopération de nombreux laboratoires à travers le monde et a coûté environ 100 millions de dollars américains, alors que le séquençage par des séquenceurs NGS en utilisant le **Genome Sequencer FLX de 454** a pris deux mois et coûté environ un centième de ce montant.¹⁹⁷*

Le même article a poursuivi en déclarant : "Malheureusement, les séquenceurs NGS sont incapables de lire la séquence complète de l'ADN du génome, ils sont limités à séquencer de petits fragments d'ADN et à générer des millions de lectures. Cette limite reste un point négatif, notamment pour les projets d'assemblage de génome, car elle exige des ressources informatiques élevées."

Il est souligné qu'en ce qui concerne la virologie, une préoccupation bien plus importante que les "ressources informatiques" est que le processus qui peut être employé pour séquencer du matériel génétique d'origine connue (par exemple, des cellules humaines, bactériennes et fongiques) s'est transformé en un assemblage algorithmique de fragments génétiques d'origine inconnue. C'est sur cette base que les chercheurs de virus prétendent identifier ce qu'ils affirment être des virus. Les ressources informatiques ne posent plus de problème pour les virologistes, car ils exploitent des informations de leurs méthodologies de "pipeline de laboratoire humide" complètement non scientifiques impliquant des échantillons bruts, et ils alimentent ces lectures non filtrées générées dans leur "pipeline de laboratoire sec" théorique et ses modèles in silico.

Il semble que la combinaison de coûts de séquençage considérablement réduits et de délais raccourcis a accéléré la plongée de la virologie dans une science plus anecdotique, pour laquelle l'humanité paie un prix très élevé pour des virus inexistantes qui sont inventés à volonté et utilisés comme excuses pour des interventions fallacieuses et l'asservissement. Une publication d'octobre 2019 dans les "*Critical Reviews in Microbiology*" affirmait que "*le mNGS [séquençage métagénomique NGS] fonctionne bien pour identifier des pathogènes rares, nouveaux, difficiles à détecter et co-infectés directement à partir d'échantillons cliniques.*"¹⁹⁸ Cependant, le terme "fonctionne bien" en ce qui concerne l'identification de "nouveaux agents pathogènes viraux" est dénué de sens, car eux aussi sont tombés dans le vortex du raisonnement circulaire de la virologie. La plupart des "nouveaux agents pathogènes" qu'ils ont répertoriés ..

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

¹⁹⁸ Donsheng Han, et al., "mNGS in clinical microbiology laboratories: on the road to maturity", *Critical Reviews in Microbiology*, 6 Nov 2019: <https://doi.org/10.1080/1040841X.2019.1681933>



Figure 10. Le système *Illumina MiniSeq* - comment l'équipe de *Fan Wu* et d'autres trouvent in silico des "virus" au XXI^e siècle grâce à des algorithmes informatiques. Cela se déroule dans le pipeline du laboratoire sec sans démontrer l'existence d'une particule réellement infectieuse causant des maladies.

dans leur article étaient des virus dérivés de la prétendue technique moderne "sans culture" du mNGS. **Une fois de plus, cependant, si personne ne peut cultiver ou isoler physiquement les prétendus virus, comment peut-on prétendre que diverses séquences génétiques dans des échantillons environnementaux proviennent d'eux ?** Comme cela a été expliqué, la déclaration de *Fan Wu et al.* concernant un "nouveau coronavirus" à Wuhan était basée entièrement sur de telles séquences génétiques présentées. La tentative de la virologie de faire passer cette méthodologie comme preuve de l'existence de particules virales a introduit une hypothèse non falsifiable qui est incompatible avec la méthode scientifique.

La spécialisation (et l'automatisation croissante) du processus génomique conduit à une situation où peu de personnes peuvent apprécier l'image d'ensemble, de l'évaluation clinique d'un patient à la génération de séquences nucléotidiques sur un écran d'ordinateur. Les virologistes invalident le processus de "génomique virale" dès la première étape en ne prouvant jamais qu'ils ont une particule qui correspond à la définition d'un virus. Ils ne démontrent certainement jamais que les séquences qu'ils prétendent être "virales" proviennent de l'intérieur d'une telle particule imaginée. Au lieu de cela, ils affirment que de telles déclarations peuvent être faites par des décisions consensuelles, que les séquences soient étiquetées "non humaines" ou "nouvelles" et dans quelle mesure elles correspondent aux séquences "virales connues" qui ont été précédemment déposées dans les bases de données génétiques. Cependant, la nature n'obéit pas aux histoires créées par l'homme.

Le processus de métagénomique permet l'invention de nouvelles séquences virales ex nihilo et a permis

... à la ronde joyeuse de la virologie de continuer à tourner jusqu'au XXI^e siècle. Cependant, en raison de l'incapacité de la virologie à respecter ses propres postulats au cours du dernier siècle, son avenir sera presque certainement construit entièrement autour de cette utilisation abusive, ou du moins de cette mauvaise application de la métagénomique. On pourrait espérer que l'échec récent de plusieurs organisations à prouver qu'elles réalisent des expériences de contrôle valides indique que les pandémies virales sont scientifiquement sur le point de disparaître. Elles ne peuvent être propagées que tant que cette fraude finale est cachée au public. On pourrait s'attendre à ce que, lors du dernier souffle de la virologie, la métagénomique continue d'être vendue de manière trompeuse comme une "avancée technologique" prétendument capable de rendre les preuves scientifiques appropriées obsolètes.

Comme cela a été expliqué, les erreurs de telles "avancées technologiques" peuvent généralement être exposées avec une simple question pour vérifier si elles respectent la méthode scientifique. Par exemple, en 2020, une équipe canadienne prétendait comparer diverses techniques pour "*le séquençage complet du génome du SARS-CoV-2*" à partir de prélèvements nasaux de deux personnes présumées atteintes de la COVID-19. L'un des auteurs était le Dr *Andrew McArthur*, professeur agrégé de biochimie et de sciences biomédicales à l'*Université McMaster, Canada*. On lui a demandé s'ils avaient essayé d'extraire de l'ARN de témoins en bonne santé (personnes en bonne santé ou échantillons PCR négatifs) ou d'un surnageant non infecté mais exempt de virus, pour voir s'ils pouvaient également assembler un "génomome du SARS-CoV-2" grâce à leur méthodologie. *McArthur* a répondu que "*nous n'avons pas de prélèvements de témoins en bonne santé, mais l'étude incluait des témoins négatifs pour l'application/bibliothèques, c'est-à-dire aucun ARN d'échantillon inclus.*"¹⁹⁹ En effet, il n'y avait qu'une seule mention d'un "témoin" dans l'article où il était indiqué qu'une "*bibliothèque de contrôle négatif sans extrait d'ARN du SARS-CoV-2 en entrée a été incluse en utilisant l'amplification ARTIC.*" Une fois de plus, l'absence de contrôle valide, c'est-à-dire un échantillon d'origine humaine sans le prétendu "virus", place cet article dans les archives étendues des absurdités métagénomiques de la virologie. Ironiquement, leur article affirmait également que "*la COVID-19 est causée par le syndrome respiratoire aigu sévère coronavirus 2 (SARS-CoV-2), un nouveau coronavirus, qui est apparu en décembre 2019*", avec comme citation l'article de *Peng Zhou et al.*, la fraude duquel a été exposée plus tôt dans cet essai.

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

L'auteur a observé et été en contact avec un certain nombre d'individus du mouvement de la "*liberté de la santé*" qui contestent qu'il soit inutile d'engager des discussions sur la question de savoir si le SARS-CoV-2 ou tout autre virus

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

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

.... pathogène a été démontré comme existant. Certains des arguments avancés incluent le fait que cela détourne l'attention des crimes commis contre l'humanité, que c'est une erreur stratégique car cela crée plus de divisions, et que si l'hypothèse virale (ou la "théorie des germes" plus large) est contestée, une théorie alternative doit être présentée. Il n'est pas nécessaire de fournir une liste exhaustive des personnes avançant de telles affirmations, mais un exemple était le *Dr Roger Watson*, universitaire britannique, qui a déclaré en mars 2022 : "*Il est difficile de comprendre comment Sam Bailey en vient à ses opinions et il n'est pas nécessaire d'être un négationniste du virus pour être très critique de la manière dont la pandémie a été gérée.*"²⁰¹ La critique de *Watson* illustre ce qui est espéré comme une opinion mal informée qui repose sur la répétition des revendications de la virologie. Nos opinions ne devraient pas être difficiles à comprendre pour ceux qui ont examiné de manière approfondie l'histoire, les méthodologies non scientifiques et les déclarations des virologistes, y compris la déclaration d'un "nouveau coronavirus" en 2020, et ont fait des efforts pour communiquer cette fraude au public en des termes simples.

Dans certains cas, ces critiques déclarent que tout ce qui concerne la pandémie est une fraude, à l'exception de l'affirmation des virologistes (et de l'OMS) selon laquelle le SARS-CoV-2 a une existence physique en tant que particule pathogène. Ils ne voient pas que la base même de la fraude est également une fraude. La difficulté pour certains, même ceux impliqués dans le mouvement pour la liberté, pourrait être que la réfutation de l'existence des virus remettrait en question une grande partie de leur travail de toute une vie. Cependant, au cours d'une enquête, on ne devrait pas s'arrêter pour des raisons de commodité ou parce que l'état actuel de nos connaissances n'atteint pas plus loin. Au contraire, c'est une grave erreur de laisser l'establishment de la virologie dicter les "faits" fondamentaux. *Le cœur de la fraude de la COVID-19 repose sur les affirmations de la virologie.* Il n'est pas stratégique de diriger notre énergie vers l'exposition des erreurs de la virologie, sinon le fait de contrer les réponses à la COVID-19 tout en laissant intactes les absurdités virologiques ouvre la porte à un nombre quelconque de "pandémies virales" à l'avenir. Acquérir une compréhension de la fraude dans son ensemble élimine la peur infondée de la contagion et nous dote d'une voie plus robuste vers une liberté durable.

POST-SCRIPTUM

Peu importe la longueur d'un essai couvrant ce sujet, il y aura toujours plus de questions sous forme de "*mais que dire de... ?*" Le désir d'adapter les phénomènes observés au modèle du virus est fortement ancré à de nombreux niveaux. L'intention de cet essai n'était pas d'expliquer les observations périphériques ni la cause de diverses maladies chez des organismes tels que les humains.

²⁰¹ Samantha Bailey, "The COVID 'Sceptics' Who Spread Viral Dogma", 17 Mar 2022: <https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-sceptics-who-spread-viral-dogma/>

Comme cela a été détaillé, il suffit de démontrer que l'hypothèse virale s'est réfutée d'elle-même selon ses propres termes. Les virologistes n'ont fourni aucune preuve directe de virus pathogènes et ont plutôt recouru à des observations indirectes qui sont invalides en raison de la nature non contrôlée des expériences. De plus, en respectant la méthode scientifique, nous ne sommes pas tenus de fournir une explication alternative pour ces phénomènes. Lorsqu'une hypothèse a été réfutée, ne serait-ce qu'une fois, elle est révolue. Tragiquement, les réponses à bon nombre des questions du type "*mais que dire de... ?*" ont déjà été apportées ailleurs, mais la séduction du "virus" et le *rouleau compresseur des intérêts qui l'entourent* ont créé une barrière artificielle de connaissance pour de nombreuses personnes. Dans cette perspective, j'ai cherché à servir la plus haute vocation que je connaisse et j'espère que mes contributions aideront l'humanité à se débarrasser une fois pour toutes des chaînes imaginaires du virus.

"Le progrès ne consiste pas à accroître la vérité, mais à la libérer de ses enveloppes. La vérité s'obtient comme l'or, non pas en le faisant grandir, mais en lavant tout ce qui n'est pas de l'or." — Léon Tolstoï²⁰²

A PROPOS DE L' AUTEUR

Le **Dr Mark Bailey**, MB ChB, PGDipMSM, MHealSc (Otago), est un chercheur en microbiologie, industrie médicale et santé qui a travaillé dans la pratique médicale, y compris les essais cliniques, pendant deux décennies.

²⁰² *Tolstoy's Diaries*, edited and translated by R. F. Christian, Flamingo, 1994.