

[nouveau-monde.ca](http://nouveau-monde.ca)

# Nouveau Monde — UN ADIEU À LA VIROLOGIE (ÉDITION POUR EXPERT)

160–206 minutes

---

24/12/2023 (2023-12-24)

<https://drsambailey.com/wp-content/uploads/2023/09/A-FAREWELL-TO-VIROLOGY-Expert-Edition-English.pdf>

[Traduction Jean Bitterlin]

**Dr Mark Bailey**

Publié le 15 septembre 2022

## Sommaire

- **Résumé**
- 1re PARTIE
- **Le SARS-CoV-2 n'a pas été trouvé**
- **Le Dr Siouxsies Wiles – L'acolyte de « l'isolement » en virologie**
- **Pourquoi l'isolement a de l'importance**
- **C'est quoi la Virologie**
- **L'absence de contrôle en Virologie signifie que ce**

**n'est pas de la recherche scientifique**

- **Maltraitance animale et étude d'anticorps**
- **Le paradoxe de la quantité de virus**
- **2e PARTIE**
- **Fan Wu et coll. Deus ex Machina**
- **Des tortues jusqu'en bas**
- **Les affirmations du CDC au sujet du SARS-CoV-2**
- **Les divulgations de Peng Zhou et coll.**
- **Plus de tromperie en provenance de Wuhan ?**
- **L'amorçage par le Professeur Stephen Bustin d'une pandémie de tests PCR**
- **3e PARTIE**
- **« Petit Chien de Montagne » — Naïf ou s'éclairant au gaz ?**
- **La diversion « Fuite du laboratoire »**
- **Virologie et société close**
- **Séquençage métagénomique : le dernier soupir de la virologie ?**
- **Pourquoi s'interroger sur l'existence de virus pendant une guerre**
- **POST-SCRIPTUM**
- **Au sujet de l'Auteur**
- **Index**

# Un Adieu à la virologie

(Édition pour expert)

## Résumé

**La virologie a inventé le modèle du virus**, mais a toujours échoué à satisfaire à ses propres exigences. On prétend que les virus provoquent des maladies après s'être transmis entre des hôtes tels que les humains, et cependant les preuves scientifiques de ces affirmations font défaut. L'un des plus grands échecs de la virologie a été l'incapacité d'obtenir des particules virales directement à partir des tissus des organismes dits atteints de maladies « virales ». Afin d'obscurcir cet état de fait, les virologues ont eu recours à la création de leurs propres méthodes pseudo-scientifiques pour remplacer la méthode scientifique de longue date, ainsi qu'à la modification du sens des mots des dictionnaires afin de soutenir leurs pratiques anti-scientifiques. Par exemple, un isolat « isolé » ne nécessite pas l'existence physique des particules pour se voir attribuer le statut d'« isolat ».

**Une particule virale** doit remplir des propriétés physiques et biologiques définies, notamment être un parasite intracellulaire capable de se répliquer et de provoquer une maladie chez un hôte tel que l'homme. Cependant, les « virus » tels que le SARS-CoV-2 ne sont rien d'autre que des constructions fantômes, qui n'existent que dans l'imagination et les simulations informatiques. Dans ce

paradigme, les cas de maladies inventées comme le COVID-19 ne sont rien d'autre que la détection de séquences génétiques et de protéines sélectionnées censées être « virales ». L'existence d'un virus n'est pas nécessaire dans cette boucle de raisonnement circulaire et des « pandémies » entières peuvent donc être construites sur la base de créations numériques et fausement soutenues par des réactions moléculaires in vitro (« en éprouvette »).

**Cet essai contient trois parties.**

**La 1<sup>re</sup> partie** décrit une partie de l'histoire de la virologie et les échecs des virologues à suivre la méthode scientifique. Les nombreuses et vastes affirmations des virologues peuvent toutes être démontrées comme étant erronées pour les raisons suivantes : (a) l'absence de preuves directes et (b) l'invalidation des « preuves » indirectes en raison de l'absence d'expériences de contrôle. Les exemples fournis couvrent tous les aspects majeurs de la fraude virologique, y compris l'isolement présumé, les effets cytopathiques, la génomique, les anticorps et les études de pathogénicité animale.

**La 2<sup>e</sup> partie** examine la fraude utilisée pour propager la « pandémie » COVID-19. Une analyse de la méthodologie utilisée par les inventeurs originaux, Fan Wu et coll., montre comment le SARS-CoV-2 fictif a été « créé » par des méthodes anti-scientifiques et des tours de passe-passe linguistiques. Cela fait partie d'une tromperie

permanente où l'on prétend que les virus existent en les calquant sur des modèles de « virus » antérieurs. Si l'on prend l'exemple du SRAS-CoV-2, la piste des modèles génomiques de « coronavirus » remontant aux années 1980 révèle qu'il n'a jamais été démontré qu'aucune de ces séquences génétiques provenait de l'intérieur d'une particule virale — les arbres phylogénétiques sont des fantaisies. L'application erronée de la réaction en chaîne de la polymérase a propagé cet aspect de la fraude virologique et créé les « cas » permettant de maintenir l'illusion d'une pandémie.

**La 3<sup>e</sup> partie** fournit une analyse de la manière dont certains participants clés, les institutions de « santé » et les médias grand public maintiennent l'illusion du virus par le contrôle de l'information et des récits qui reprennent les affirmations de la virologie. Par le plus grand des hasards, la fraude virologique se retrouve aujourd'hui au cœur de la fraude COVID-19. À partir de là, cependant, elle peut être évaluée de manière critique par des personnes extérieures à la virologie et le paradigme pseudo-scientifique que la virologie a construit autour d'elle-même peut enfin être démantelé et enterré. L'objectif de cet essai est de réfuter les différentes affirmations selon lesquelles les 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 obscure de la virologie dans ses propres termes, ce qui, il

faut le dire, peut rendre certaines parties de cet essai un peu lourdes à lire. Cependant, nous espérons que cette contribution comblera une lacune pour le lecteur qui recherche une compréhension plus technique de l'hypothèse du virus, car elle cherche à exposer le fondement même des prétendues pandémies et des pratiques médicales frauduleuses. La menace que représente la virologie pour l'Humanité s'accroît, il est donc temps de faire nos adieux à ces pratiques pseudo-scientifiques destructrices et de nous libérer de nos peurs inutiles.

## **1re partie**

### **Le SARS-CoV-2 n'a pas été trouvé**

*La première preuve que la théorie des virus pathogènes est problématique est peut-être le fait qu'aucun article scientifique publié n'a jamais montré que des particules répondant à la définition des virus ont été directement isolées et purifiées à partir de tissus ou de fluides corporels d'un homme ou d'un animal malade. Si l'on se réfère à la définition communément admise du terme « isolement », qui consiste à séparer une chose de toutes les autres, tout le monde s'accorde à dire que cela n'a jamais été fait dans l'histoire de la virologie.*

*Dr Thomas Cowan et coll., The « Settling the Virus Debate » Statement (Déclaration sur « Trancher le Débat sur les Virus »), 2022<sup>1</sup>.*

À la date du 11 septembre 2022 et à la suite d'enquêtes approfondies menées dans le cadre de demandes de liberté d'information (en anglais FOI pour Freedom of Information) coordonnées par Christine Massey, aucune des 209 [1] institutions scientifiques ou de santé importantes, réparties dans plus de 35 pays, n'a été en mesure de fournir des preuves directes de l'existence du prétendu virus SARS-CoV-2.<sup>2</sup> Il a été demandé aux institutions de produire tout document démontrant « la purification du "SARS-CoV-2" » qui aurait causé la maladie chez l'homme (par macération, filtration et utilisation d'une ultracentrifugeuse ; également appelée parfois par certains « isolement »), directement à partir d'un être humain malade... ». À de nombreuses reprises, après avoir admis l'absence de telles preuves, des institutions telles que le ministère néo-zélandais de la Santé suggèrent ensuite qu'« il existe plusieurs exemples d'isolement et de culture du virus en laboratoire »<sup>3</sup>.

Cependant, les exemples cités sont universellement des expériences de culture de tissus par procreation, dans lesquelles le mot « isolement » a perdu sa signification et il n'a pas été démontré qu'une particule, imagée [2] ou imaginée, possède les propriétés d'un virus pathogène. En tout état de cause, il s'agit d'une diversion par rapport au problème plus large mis en lumière par les demandes de FOI [3], à savoir que les particules prétendument virales ne peuvent jamais être trouvées sur des sujets humains. La virologie a trouvé des excuses à cette

absence de preuves, mais même en tenant compte de cette lacune embarrassante, elle n'a plus d'endroit où se cacher, car ses diverses méthodologies sont de plus en plus examinées par des personnes extérieures au domaine. Cet essai décrit les nombreux aspects de l'antiscience 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 » COVID-19 a été utilisée comme cheval de Troie pour mettre l'Humanité à genoux.

### **Le Dr Siouxsie Wiles – L'acolyte de l'« isolement » de la Virologie**

*La centrifugation à gradient de densité est la technique standard scientifiquement requise pour démontrer l'existence d'un virus. Bien que cette méthode soit décrite dans tous les manuels de microbiologie comme la « technique d'isolement des virus », elle n'est jamais appliquée dans les expériences visant à démontrer l'existence de virus pathogènes... —*

*Dr Stefan Lanka, 2015. <sup>4</sup>*

La défense des méthodologies de la virologie est évidemment tentée par ses promoteurs, dont la microbiologiste préférée du gouvernement néo-zélandais et des médias financés par l'État, Siouxsie Wiles<sup>5</sup>. Son employeur, l'université d'Auckland, fait partie des

institutions qui ont désormais confirmé qu'elles n'avaient « effectué aucun travail de purification du virus Covid-19 »<sup>6</sup> et que, par conséquent, elles n'avaient ni trouvé ni isolé chez un sujet humain le soi-disant virus appelé SARS-CoV-2. Cette professeure agrégée, qui a déclaré au pays que « le Monde est en feu » en mars 2020<sup>7</sup>, a été nommée Néo-Zélandaise de l'année en 2021 pour avoir « aidé des millions de personnes dans le Monde à dépasser la peur et la complexité de la pandémie... et contribué à notre sécurité »<sup>8</sup>. Dans son article de novembre 2020 intitulé « Koch's postulates, COVID, and misinformation rabbit holes » (Postulats de Koch, COVID et trous de lapin de la désinformation) [\[4\]](#), Wiles affirme que « les personnes qui demandent des preuves de l'existence du virus SARS-CoV-2 responsable de COVID-19 formulent spécifiquement leur demande de manière à exclure l'obtention de toute preuve de l'existence du virus »<sup>9</sup>. Son article a rapidement pris la tangente au sujet des postulats de Koch n'étaient pas adaptés aux virus et elle a donc déclaré qu'ils étaient invalides dans ce contexte. On ne sait pas exactement pourquoi elle n'a pas mentionné les postulats de Rivers<sup>10</sup>, qui ont été conçus spécifiquement pour inclure les virus, mais peut-être parce qu'elle devrait admettre que ces postulats n'ont jamais été satisfaits non plus. Et si les postulats de Koch concernent l'établissement de la cause de la maladie et de la contagion, plutôt que la question spécifique de savoir si des particules virales peuvent être

trouvées dans ou à partir de sujets humains, elle aurait pu simplement expliquer que les virologues ont passé une grande partie du 20<sup>e</sup> siècle à essayer, sans succès, d'identifier des virus directement à partir d'êtres humains malades. Wiles a ensuite introduit de manière fallacieuse les postulats moléculaires de Falkow<sup>11</sup> dans son argumentation, sans expliquer comment ils pourraient être utilisés pour démontrer l'existence physique du prétendu SARS-CoV-2 chez l'homme ou ailleurs.

Fait gênant pour Wiles, l'Organisation Mondiale de la Santé (OMS) a déclaré en 2003 qu'en ce qui concerne le SARS-CoV-1, « l'identification concluante d'un (agent) causal doit répondre à tous les critères du postulat de Koch (sic). Les expériences supplémentaires nécessaires pour remplir ces critères sont actuellement en cours dans un laboratoire aux Pays-Bas »<sup>12</sup>. L'article de l'OMS a été retiré de son site Web sans explication en 2021, mais il est toujours possible d'y accéder par le biais d'Internet Archive<sup>13</sup> [\[5\]](#). L'affirmation fantaisiste selon laquelle les postulats de Koch ont été respectés en 2003 par Fouchier et coll. avec le SARS-CoV-1 a été réfutée ailleurs<sup>14</sup>. Leur expérience sur les singes n'a pas seulement été invalidée par l'absence d'expériences de contrôles et par une voie d'exposition non naturelle, mais, comme dans toutes les publications sur la virologie, ils n'ont pas réussi à mettre en évidence une particule répondant à la définition d'un virus. Wiles semblait également en désaccord avec Na Zhu et coll., l'une des

premières équipes à avoir prétendu avoir découvert le SARS-CoV-2, car ils ont admis que « bien que notre étude ne réponde pas aux postulats de Koch, nos analyses fournissent des preuves de l'implication du 2019-nCoV (appelé plus tard "SARS-CoV-2") dans l'épidémie de Wuhan. D'autres éléments confirment l'importance étiologique du 2019-nCoV dans l'épidémie de Wuhan, notamment... des expériences sur des animaux (singes) qui apportent la preuve de la pathogénicité » <sup>15</sup>.

*Cependant, que les virologues veuillent ou non considérer la validité des postulats de Koch, il s'agit simplement d'une autre diversion, car les postulats exigent l'isolement physique d'un microbe plutôt que l'affirmation qu'il existe par des moyens tels que les simulations informatiques, l'imagerie de vésicules dont la fonction biologique est inconnue, ou l'affirmation que les soupes biologiques non purifiées administrées à des animaux contiennent des « virus ».*

Wiles a également décidé de défendre la mauvaise utilisation flagrante par la virologie du mot « isolement » en déclarant : « quant à l'utilisation de l'isolement dans le sens courant du terme, plutôt que la définition pertinente pour la question posée ? Eh bien, c'est tout simplement ridicule et c'est un signe clair que ces demandes de preuves ne sont pas faites de bonne foi » <sup>16</sup> Elle semblait incrédule que d'autres aient souligné que la définition d'un mot utilisé scientifiquement avait été unilatéralement changée par les virologues pour impliquer qu'une certaine

preuve avait été obtenue. Cependant, si leur utilisation du terme « isolement » ne signifie pas ce que la plupart des gens pensent qu'il signifie, alors il est probable que la majorité du public soit mal informée. À ce titre, Wiles participe activement à la désinformation, qu'il s'agisse d'un acte d'aveuglement volontaire ou non. Wiles doit faire preuve d'expertise et expliquer au public ce que signifie la définition de l'isolement en virologie, en particulier lorsqu'il s'agit de démontrer l'existence supposée de virus. Elle pense peut-être l'avoir expliqué lorsqu'elle a écrit que « lorsque les virologues veulent isoler un virus à partir d'un échantillon, ils prennent l'échantillon ou une partie de celui-ci et l'ajoutent à des cellules — généralement des cellules qui sont relativement faciles à cultiver en laboratoire — et regardent ensuite si les cellules meurent et/ou si des particules virales sont libérées dans le bain nutritif liquide dans lequel les cellules se développent » <sup>17</sup>

Il n'est pas clair si Wiles sous-entend que l'« isolat de virus » est établi par : (a) le prélèvement de l'échantillon, (b) la mort de certaines cellules in vitro, (c) la libération de « particules virales » revendiquées dans la culture de tissus, ou (d) tous ces éléments ou une combinaison de ceux-ci. Cependant, rien de ce qu'elle a décrit n'exige l'existence de virus — il s'agit d'un jeu de tromperie, qu'il soit délibéré ou non. Il s'agit simplement d'affirmer qu'un virus se trouve dans l'échantillon, d'imputer au virus imaginé l'effondrement des cellules soumises à un stress expérimental dans l'éprouvette, puis de déclarer que

certaines vésicules (dont la composition et la fonction biologiques n'ont pas été établies) étaient des virus. Cet exercice présente une autre faille fatale. Comme cet essai le détaillera, les affirmations selon lesquelles l'existence du SARS-CoV-2 a été démontrée par cette méthodologie sont toutes scientifiquement invalides, car aucune des expériences n'a été réalisée avec des contrôles valables.

Ceci est exemplaire de la manière dont Wiles a agi dans son rôle d'influenceur clé de la campagne de désinformation du gouvernement néo-zélandais et de son programme de déploiement meurtrier d'un produit injectable appelé Comirnaty<sup>TM</sup> — affirmant que des expériences non spécifiques de culture de tissus vérifient l'existence du virus alors que rien de tel n'a été démontré. Le problème ne se limite pas au SARS-CoV-2 : tous les virus dont on affirme l'existence s'appuient sur une pseudoscience similaire. L'histoire de la virologie révèle que les types de cellules finalement sélectionnées pour ces expériences sont celles qui ont une propension à s'effondrer en raison des « effets cytopathiques » (ECP) induits par le virus, plutôt que celles qui sont « relativement faciles à cultiver en laboratoire », comme l'affirme Wiles dans son article. Par exemple, les cellules de singe Vero E6<sup>18</sup> sont depuis longtemps privilégiées par les virologues, soi-disant en raison de leur « aptitude » à héberger de nombreux virus, mais aussi, de manière suspecte, parce que la lignée rénale aneuploïde<sup>19</sup> est plus sensible aux agressions toxiques provoquées par des

ingrédients supplémentaires tels que les antibiotiques et antifongiques néphrotoxiques omniprésents qui sont ajoutés au mélange de culture. Lorsqu'un groupe a tenté de cultiver le SARS-CoV-2, il n'a pas obtenu les résultats escomptés 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 grande chauve-souris brune (EFK3B), mais il a ensuite déclaré qu'il disposait d'un « isolat viral » après avoir observé des ECP dans des cellules Vero E6<sup>20</sup>. Comme à l'accoutumée, ils n'ont pas ressenti l'ironie du fait que le prétendu virus respiratoire humain ne puisse pas « infecter » le type de cellule concerné, et encore moins l'espèce concernée. Et leurs expériences ont été une fois de plus invalidées par l'absence de cultures de contrôle appropriées.

### **Pourquoi l'isolement est-il important**

*Celui qui contrôle le langage contrôle les masses*

*Saul Alinsky<sup>21</sup>*

Un autre embarras pour la virologie est que les particules virales présumées qui ont été purifiées avec succès ne se sont pas révélées capables, par elles-mêmes, de se répliquer ou de provoquer des maladies. En d'autres termes, ce qui a été physiquement isolé ne peut être considéré que comme des vésicules extracellulaires (VE). En mai 2020, une publication parue dans la revue *Viruses*

affirmait que « de nos jours, il est presque impossible de séparer les VE et les virus au moyen des méthodes canoniques d'isolation des vésicules, telles que l'ultracentrifugation différentielle, parce qu'ils sont souvent coagulés en raison de leur dimension similaire » <sup>22</sup>.

« Aujourd'hui » signifie par opposition au passé et l'on ne voit pas comment un tel changement technique observé peut être concilié avec les lois biologiques. Il semble plus probable que les virologues se distancient de leurs propres techniques afin d'éviter la réfutation de leurs propres postulats. Ils devront peut-être accepter que la raison pour laquelle l'ultracentrifugation différentielle n'est pas capable de séparer les virus des autres vésicules est que leur affirmation selon laquelle les virus sont présents dans l'échantillon est mal fondée.

Les virologues détournent manifestement l'attention de la question fondamentale de l'isolement, car ils n'ont pas été en mesure d'agir sur ce front. Au lieu d'aborder le problème honnêtement et scientifiquement, ils ont brouillé les pistes. En 2017, le Groupe de Perth [\[6\]](#) a souligné dans son opus magnum, « Le VIH — un virus à nul autre pareil », qu'« en virologie, alors que la purification conserve son sens dans le langage courant, l'“isolement” est un terme expéditif que les virologues attribuent à des données qui, selon eux, prouvent l'existence d'un virus particulier » <sup>23</sup>. En d'autres termes, il est commode et pratique, mais en ce qui concerne les affirmations qui sont faites et les actions subséquentes qui sont menées contre

l'Humanité, il devrait être considéré comme inapproprié et immoral. Dans le même essai, le Groupe de Perth a documenté les exemples suivants de virologues qui adaptent le langage scientifique, comme il convient, à leurs propres fins.

*Jay Levy, spécialiste du VIH, définit l'isolement d'un virus comme un « échantillon d'un virus provenant d'une source définie », White et Fenner comme la capacité d'« identifier un virus totalement imprévu, voire de découvrir un agent entièrement nouveau ». Montagnier et Weiss comme la « propagation (des 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 prélevant des matières excrétées ou sécrétées, du sang ou des tissus et en recherchant l'induction des symptômes originaux chez l'hôte identique ou l'induction d'une pathologie anormale chez un hôte de substitution ou dans une culture cellulaire... Une fois que la présence d'un virus a été établie, il est souvent souhaitable de préparer un clone génétiquement pur ». Il va sans dire que si l'isolement d'un virus consiste à « prélever un échantillon d'un virus à partir d'une source définie » ou à « le 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 d'un virus ne consiste pas non plus à « induire une pathologie anormale » ou « une fois que la présence d'un virus a été établie ».* <sup>24</sup>

C'est une farce que cet état de fait existe et cette pratique grossièrement trompeuse rend les nombreuses affirmations d'isolement de la virologie non fondées. Mais les virologues eux-mêmes donnent-ils une explication à leur abus incessant de la langue anglaise ? En 2021, le professeur Vincent Racaniello, virologue chevronné, a expliqué, même en ce qui concerne la définition de termes fondamentaux tels que « isolat », que « ce qui se passe, c'est que vous êtes formé dans le laboratoire de quelqu'un et vous les entendez dire des choses, vous leur associez une signification et c'est ce que vous faites, et il se peut qu'ils aient raison ou non » <sup>25</sup>. Dans la même présentation, Racaniello a expliqué qu'il n'y avait pas d'explication à cette pratique trompeuse. Dans la même présentation, Racaniello lui-même n'a pas semblé remarquer un problème avec sa propre définition de ce qui est censé être des termes scientifiques lorsqu'il a poursuivi en disant : « un isolat est un virus que nous avons isolé à partir 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 » <sup>26</sup>, Racaniello a déclaré : « si vous considérez la langue anglaise comme un moyen de communication dynamique qui évolue continuellement et donne aux mots de nouvelles significations, alors cette utilisation incorrecte de transfection ne vous dérange probablement pas. Mais les scientifiques doivent être précis dans leur utilisation du langage, sinon leur capacité

à communiquer sera compromise » <sup>27</sup>. Une analyse de la présentation de Racaniello sur l'isolement viral et l'utilisation abusive du langage en science a été traitée précédemment par le Dr Samantha Bailey dans « The Truth About Virus Isolation » <sup>28</sup> (La vérité au sujet de l'isolement des virus). Elle illustre le problème où plusieurs générations de virologues semblent piégées dans un monde de raisonnement sémantique circulaire, bien qu'avec des degrés de perspicacité différents.

La virologie a inventé l'hypothèse des virus ; par conséquent, quelle que soit la méthode employée pour tenter de prouver leur existence, elle doit répondre à cette définition. Au cœur de la question se trouve un concept simple et nous avons besoin de voir la preuve que les particules supposées responsables de la maladie provoquent de nouvelles particules qui sont des clones des premières. Il n'est pas possible d'affirmer que les protéines et les acides nucléiques détectés sont d'origine virale spécifique à moins que les particules virales présumées n'aient été véritablement isolées par purification et qu'il n'ait été démontré qu'elles possédaient ces caractéristiques biologiques clés. Comme le souligne le Groupe de Perth dans « Le VIH, un virus à nul autre pareil », la purification est nécessaire pour prouver l'existence des virus pour plusieurs raisons, dont les suivantes :

1. Les virus ne se répliquent que dans les cellules vivantes. Étant donné que les cellules et les virus sont composés

des mêmes éléments biochimiques, la séparation des particules du matériel cellulaire est essentielle pour déterminer quels acides nucléiques et quelles protéines appartiennent aux particules virales.

2. Afin de prouver que les particules sont infectieuses. En d'autres termes, ce sont les particules, et non d'autres facteurs, qui sont responsables de la production de nouvelles particules. Cela nécessite la purification des deux ensembles de particules.
3. Afin de démontrer leurs effets biologiques et pathologiques.
4. Afin d'obtenir des antigènes (protéines) et des acides nucléiques pour les utiliser respectivement dans les tests d'anticorps et de génomique<sup>29</sup>.

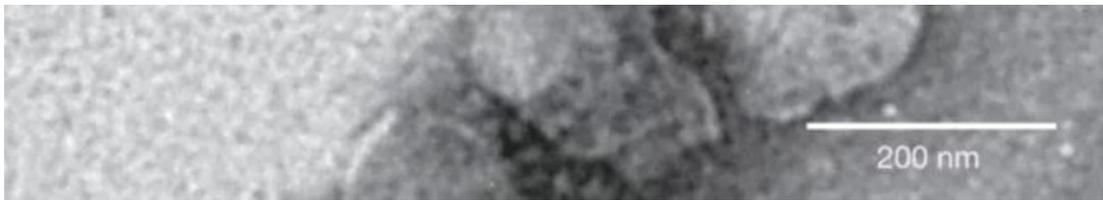
Bien que cela soit moins courant, les virologues obscurcissent aussi parfois le sens du terme « purification ». Le 23 mai 2022, le professeur belge de virologie Marc Van Ranst<sup>30</sup> a affirmé qu'en ce qui concerne le SARS-CoV-2, « dans un autre article (<https://europepmc.org/article/pmc/pmc7122600>), ils ont purifié davantage le virus par ultracentrifugation dans de la bêta-cyclodextrine »<sup>31</sup>. Van Ranst faisait référence à un article de 2008 décrivant « la préparation à grande échelle de virions de coronavirus du SARS activés par les UV », qui concernait le prétendu virus du SARS-CoV-1<sup>32</sup>. Toutefois, cet article décrit simplement un protocole prétendant purifier les virions et aucune partie de l'article

ne démontre l'existence d'une particule capable de réplique — tout ce qui a été montré, ce sont des images de mauvaise qualité censées montrer des cellules Vero E6 « infectées ». (Voir la section suivante concernant les « effets cytopathiques »). En ce qui concerne le « contrôle des virions purifiés » après centrifugation, aucune image n'a été fournie, mais il a été affirmé que « la concentration des virions purifiés est déterminée par le test BCA (acide bicinchoninique) — [7] — avec la BSA (albumine de sérum bovin) comme étalon ». Cette conclusion n'est pas fondée, car le dosage BCA mesure simplement la concentration totale de protéines dans une solution — la technique n'est pas en mesure de fournir la preuve de la présence de « virions » dans un échantillon.

La figure 1 ci-dessous est une image censée montrer des virions purifiés de « coronavirus de type SARS de chauve-souris » et publiée dans *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, hors projections, compris entre 80 et 120 nm, bien que dans les cas extrêmes le diamètre puisse varier entre 60 et 220 nm » <sup>33</sup>). De même, l'affirmation de l'article cité de Van Ranst selon laquelle « il est préférable de confirmer la quantité de virion par SDS-PAGE à 10 % » <sup>34</sup> est tout aussi erronée, car il s'agit simplement d'un processus d'électrophorèse sur gel permettant de séparer les protéines en fonction de leur

masse moléculaire — cela ne peut pas fournir la preuve que les protéines appartiennent à un virus. Van Ranst a également déclaré : « Nous pouvons déjà détecter l'ARN viral dans les échantillons cliniques. Nous pouvons achever le déchiffrement du génome viral. Nous pouvons cultiver le virus dans des cellules, l'inoculer à des modèles animaux et induire la maladie » <sup>35</sup>. On ne sait pas si Van Ranst a compris que les méthodologies non contrôlées employées dans toutes ces expériences ne fournissent pas la preuve requise de l'existence d'un quelconque « virus ». Ainsi, lorsque Van Ranst affirme qu'« aucun scientifique ne doute de l'existence du SRAS-CoV-2 » <sup>36</sup>, on peut se demander si les virologues ne vont pas devoir modifier la définition du terme « scientifique » pour maintenir leurs pratiques illusives ?





**Figure 1.** Cette image a été décrite comme « (une) micrographie électronique de virions purifiés », obtenue par « ultracentrifugation dans un coussin de saccharose à 20 % (5 ml) à 80 000 g pendant 90 minutes à l'aide d'un rotor Ty90 (Beckman) ». Outre le fait que les propriétés biologiques de ces vésicules imagées n'ont pas été établies, rien n'indique que quoi que ce soit dans la culture cellulaire Vero E6 ait été purifié et aucune autre image contextuelle n'a été fournie. En outre, aucune micrographie de culture témoin n'a été documentée. Source : Xing-Yi Ge, et coll. : Xing-Yi Ge, et coll., « Isolation and caractérisation d'un coronavirus de chauve-souris de type SARS qui utilise le récepteur ACE 2 », *Nature*, 30 octobre 2013 : <https://doi.org/10.1038/nature12711> (Voir également la page 56 en ce qui concerne l'affirmation selon laquelle Ralph Baric et coll. ont utilisé ces « virus » pour en créer de nouveaux).

Van Ranst n'était cependant pas le seul virologue à prétendre avoir purifié des virus. En réponse à un courriel, le Dr Marica Grossegeesse<sup>37</sup> de l'Institut Robert Koch a répondu que « nous avons purifié des particules de SARS par gradient de densité. Cependant, seulement à partir du virus dérivé de la culture cellulaire, comme vous l'avez écrit. Le problème de la purification du SARS à partir d'échantillons de patients est que vous n'obtiendrez pas

de bande visible »<sup>38</sup>. Outre la terminologie imprécise consistant à substituer le nom d'un syndrome (« SARS » pour syndrome respiratoire aigu sévère) à un virus hypothétique, aucune autre preuve n'a été fournie quant à la manière dont ces affirmations ont été établies. On peut supposer que Grossegesse utilise également les définitions de « purification » et de « virus » telles qu'elles figurent dans la figure 1 ? Quoi qu'il en soit, lorsqu'on lui a demandé plus de détails sur la manière dont les expériences ont été contrôlées, elle a répondu : « Nous ne sommes pas autorisés à 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 également pris un sens différent, puisque les publications n'ont pas divulgué les réponses directes concernant les contrôles recherchés.

Le domaine de l'isolement est l'un des domaines où la virologie est complètement déstabilisée et, comme cet essai le soulignera, le SARS-CoV-2 n'est rien d'autre qu'une construction informatique hypothétique, assemblée à partir de fragments génétiques dont la provenance n'a pas été prouvée. Il n'a jamais été démontré qu'une particule physiquement isolée (c'est-à-dire purifiée) était responsable de la production de particules identiques ou qu'une particule était 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 adhérents, selon laquelle une particule infectieuse appelée « SARS-CoV-2 » est à l'origine d'une pandémie, s'avère être une fraude scientifique et intellectuelle patente.

## **C'est quoi la virologie ?**

*Lorsqu'il est surpris, l'oiseau s'envole et vole en décrivant des cercles de plus en plus petits jusqu'à ce qu'il parvienne à voler sur son propre dos et à disparaître complètement, ce qui ajoute à sa rareté.*

*Le mythe « oiseau oozlum » <sup>39</sup> [8]*

Il est difficile de savoir exactement comment appeler la virologie, mais ce n'est pas de la science. Les praticiens actuels se livrent à une forme de spéculation algorithmique ou statistique, à laquelle s'ajoutent le raisonnement circulaire et le biais de confirmation, avec une absence totale de ce qui devrait être le processus correspondant de réfutation qui se trouve au cœur de la méthode scientifique. Si l'abandon de la méthode scientifique peut passer inaperçu ou être accidentel pour les participants de niveau inférieur, il est presque certain qu'il existe des motivations conspiratrices aux niveaux supérieurs de la hiérarchie mondiale. Par exemple, l'OMS, les Centres de contrôle des maladies (CDC) et l'Agence de Sécurité Sanitaire du Royaume-Uni sont tous impliqués dans les pratiques trompeuses de la virologie, comme nous le verrons dans cet essai. Toutefois, les pratiques

anti-scientifiques sont reproduites dans la plupart des autres pays, qu'il s'agisse des allégations d'isolement de virus et de l'application erronée de la réaction en chaîne de la polymérase (PCR) pour les diagnostics cliniques<sup>40</sup>, ou de l'absence de divulgation des détails de contrôle cruciaux impliqués dans la culture du virus et la création du génome, ce qui est l'objet d'une grande partie de cet essai.

Comment tester une théorie scientifique ? Karl Popper a exprimé la centralité de la réfutation d'une théorie ou d'une hypothèse de la manière suivante :

*C'est donc, selon moi, la possibilité de la renverser, ou sa falsifiabilité, qui constitue la possibilité de la tester, et donc le caractère scientifique d'une théorie ; et le fait que tous les tests d'une théorie soient des tentatives de falsification des prédictions dérivées avec son aide, fournit l'indice de la méthode scientifique. Cette conception de la méthode scientifique est corroborée par l'histoire des sciences, qui montre que les théories scientifiques sont souvent infirmées par des expériences, et que l'infirmité des théories est en fait le vecteur du processus scientifique. L'affirmation selon laquelle la science est circulaire ne peut être soutenue<sup>41</sup>.*

Historiquement, la virologie s'est caractérisée par un manque d'expériences de contrôle valables et aucune de ses affirmations fondamentales n'a été établie par l'application correcte de la méthode scientifique. Le

premier virus présumé à avoir été découvert est le virus de la mosaïque du tabac, dont l'une des preuves serait contenue dans le traité de 1903 de Dmitri Ivanovsky intitulé « *Über die Mosaikkrankheit der Tabakspflanze* » (À propos de la maladie mosaïque du tabac)<sup>42</sup>. Cependant, il est évident que les expériences décrites par Ivanovsky n'ont pas fait l'objet de comparaisons de contrôle valables et qu'elles étaient donc non scientifiques et non concluantes. Il a même déclaré que « cette maladie ne trouve des conditions d'existence favorables que dans les régions côtières ». Cette conclusion concorde parfaitement avec les observations ci-dessus concernant l'influence de l'humidité sur le développement de la maladie. La maladie mosaïque semble être propre aux climats humides et chauds<sup>43</sup>. Cependant, comme la théorie des germes était en train de devenir l'idéologie prédominante en matière de causes des maladies à cette époque, au lieu de conclure que la maladie mosaïque était causée par les conditions environnementales, Ivanovsky a conclu qu'il avait découvert un virus invisible.

Il est peut-être tentant de pardonner aux premiers pionniers que leurs méthodologies non contrôlées et non scientifiques étaient simplement des pratiques typiques de l'époque. Cependant, Claude Bernard, critique de la théorie des germes, a donné l'aperçu suivant de l'importance des contrôles dans l'adhésion à la méthode scientifique des décennies plus tôt, en 1865 : « Si nous caractérisons l'expérience par une variation ou une

perturbation apportée à un phénomène, c'est seulement 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 d'une expérience est vraiment la comparaison que l'esprit a l'intention de faire<sup>44</sup>. Bernard soulignait la nécessité de disposer d'un contrôle valide ou d'une comparaison appropriée pour s'assurer que seul le nouvel élément expérimental était à l'origine d'un résultat. Ainsi, le plus charitable que nous puissions être serait de suggérer que certains des premiers chasseurs de virus n'étaient peut-être pas conscients de l'importance de la méthode scientifique dans leur poursuite enthousiaste et effrénée d'ennemis invisibles.

Continuons avec une autre découverte revendiquée, le manuel *Rétrovirus* nous informe qu'« en 1911, Peyton Rous, de l'Institut Rockefeller à New York, a signalé la transmission sans cellule d'un sarcome chez les poulets... Le virus isolé par Rous porte le nom de son découvreur »<sup>45</sup>. Cependant, un examen de l'article de Rous, « *A Sarcoma of the Fowl* »<sup>46</sup> (le sarcome du poulet) révèle qu'il n'a pas prétendu isoler quoi que ce soit, et encore moins quelque chose qui corresponde à la définition d'un virus. Sa méthodologie consistait à broyer du matériel tumoral de poulet, à le filtrer et à l'injecter directement à d'autres poulets, en observant que certains

d'entre eux développeraient également des tumeurs. Il a indiqué que les expériences « de contrôle » consistaient à injecter du matériel tumoral *non filtré* à des poulets, ce qui tendait à produire des tumeurs beaucoup plus importantes. Rous a postulé la présence d'un organisme ultramicroscopique causal, mais a admis qu'« un organisme d'une autre sorte n'est pas exclu ». En effet, l'expérience n'a pas permis de prouver l'existence d'une particule infectieuse et répliquative. Elle a simplement montré qu'un tissu malade introduit par une voie non naturelle et invasive dans un autre animal pouvait provoquer chez ce dernier un processus pathologique similaire.

L'affirmation selon laquelle, en 1925, le pathologiste William Gye a démontré que Rous avait trouvé un virus est également fautive. Il a simplement affirmé qu'un virus était à l'œuvre dans ces expériences et a déclaré ostensiblement : « Je souhaite particulièrement souligner un aspect de la recherche des virus invisibles, à savoir que l'expérimentation animale est la preuve finale de la présence de l'organisme dans un inoculum »<sup>47</sup>. Une fois de plus, la « preuve finale » n'impliquait pas l'identification réelle d'un organisme infectieux dans l'inoculum — elle démontrait simplement la formation d'une tumeur à la suite de l'injection de tissus malades. En outre, il a été établi en 1927 que le sarcome de la volaille pouvait être induit par l'injection d'acide arsénieux dilué et de pulpe embryonnaire étrangère<sup>48</sup>. Les effets cancérogènes ont

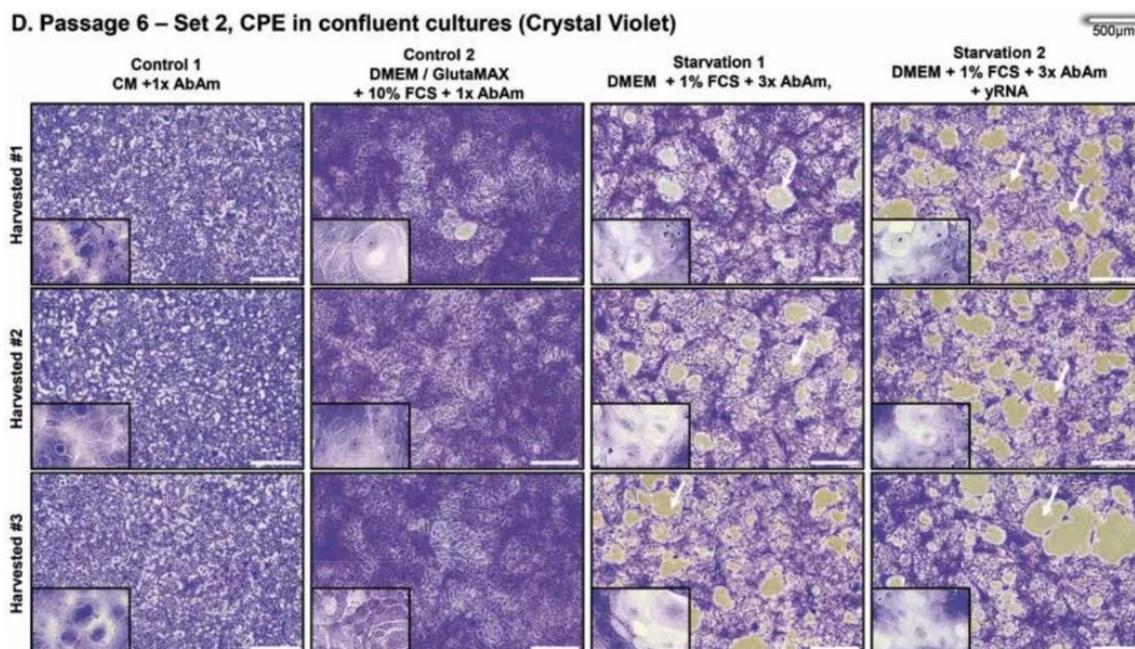
également été reproduits après la filtration bactériologique équivalente à celle effectuée par Rous et il a été démontré que la maladie provenait du tissu étranger et non des tissus de l'hôte. L'hypothèse virale aurait dû être abandonnée, mais un demi-siècle plus tard, l'establishment l'a maintenue en vie et a récompensé Rous par un prix Nobel en 1966 pour « sa découverte des virus inducteurs de tumeurs »<sup>49</sup>.

En 1954, lorsque John Enders et Thomas Peebles ont affirmé avoir propagé le virus de la rougeole dans des cellules rénales humaines et de singe<sup>50</sup>, 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, après avoir observé des ECP (Rappel : Effet Cytopathique, changement structurel dans une cellule hôte résultat d'une infection virale — en anglais CPE pour Cytopathic Effect), c'est-à-dire des cellules mourantes et décomposées dans leurs tubes à essai, ils ont conclu que les manifestations *in vitro* « pouvaient être associées au virus de la rougeole ». Ils ont averti que « les effets cytopathiques qui ressemblent superficiellement à ceux résultant d'une infection par les agents de la rougeole peuvent éventuellement être induits par d'autres agents viraux présents dans le tissu rénal du singe ou par des facteurs inconnus », mais ils ont poursuivi en concluant de manière inappropriée que « ce groupe d'agents est composé de représentants de l'espèce virale responsable

de la rougeole ». 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, produirait les mêmes ECP, invalidant ainsi les preuves de leur conclusion. Idéalement, plusieurs expériences de contrôle auraient dû être réalisées : certaines sans ajout d'échantillons d'origine humaine, d'autres avec des échantillons d'origine humaine provenant de sujets en bonne santé et d'autres encore avec des échantillons d'origine humaine provenant de sujets en mauvaise santé, mais dits ne souffrant pas cliniquement de la rougeole<sup>51</sup> ou d'une autre affection « virale » présumée.

Les virologues ont cependant continué à répéter la méthodologie non contrôlée d'Enders et prétendent encore aujourd'hui que ces ECP sont des preuves incontestables de la présence de virus. Le Dr Stefan Lanka a documenté l'histoire de ces pratiques non scientifiques<sup>52</sup> et, en 2021, a démontré que les ECP pouvaient être induits dans des cultures cellulaires par le processus de laboratoire lui-même<sup>53</sup>. Les résultats des expériences du Dr Lanka sont illustrés à la figure 2. Dans de nombreuses publications sur la virologie, il est fait mention d'une expérience de contrôle ou d'une « infection fictive », mais les détails de ces expériences brillent par leur absence. Une page Web de l'Université Northwestern (Illinois) indique qu'une infection factice est « un contrôle utilisé dans les expériences d'infection. Deux spécimens

sont utilisés, l'un est infecté par le virus/vecteur en question et l'autre est traité de la même manière, mais sans le virus. »<sup>54</sup> La définition est déjà problématique, car des termes tels que « virus » et « infecté » ont été introduits et sont donc présumés exister avant d'être établis. En tout état de cause, comme on le verra, les personnes impliquées dans l'isolement présumé du virus et la création du génome ne traitent certainement pas le spécimen faussement infecté de la même manière sans le « virus », et peuvent faire preuve de mauvaise foi ou d'obstruction flagrante lorsqu'on les presse d'admettre ce fait.



**Figure 2.** Expériences du Dr Stefan Lanka : Les ECP (flèches blanches) ont été induits en stressant les cellules épithéliales par des passages et des antibiotiques. L'ajout d'ARN de levure (4e colonne) a induit encore plus d'ECP. Aucun « virus » n'a été ajouté et les expériences ont été réalisées en trois exemplaires. Source : Stefan Lanka et coll., « Präliminäre Resultate der Kontrollversuche – Die

Reaktion primärer humaner Epithelzellen auf stringente Virusamplifikations-Bedingungen widerlegen die Existenzbehauptungen aller Viren und von SARS-CoV-2 » (Résultats préliminaires des essais de contrôle — La réponse des cellules épithéliales humaines primaires à des conditions d'amplification virale strictes réfute les affirmations d'existence de tous les virus et du SRAS-CoV-2), 25 mars 2022 : <https://coldwelliantimes.com/eilmeldung/kontrollexperiment>

En juin 2022, en réponse à une demande formulée au titre de l'Official Information Act (OIA) [9] concernant l'article intitulé « Characterization of the First SARS-CoV-2 Isolates from Aotearoa New Zealand as Part of a Rapid Response to the COVID-19 Pandemic »<sup>55</sup>

[Caractérisation des premiers isolats de SARS-CoV-2 en Aotearoa (Nouvelle-Zélande) dans le cadre d'une réponse rapide à la pandémie de COVID-19], 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. »<sup>56</sup> En bref, la réponse résume peut-être involontairement la situation générale en matière de virologie. En 2008, la revue *Infection and Immunity* a publié un commentaire intitulé « Descriptive Science » qui expliquait pourquoi « la recherche descriptive en elle-même est rarement concluante » et peut simplement servir de point de départ pour orienter les recherches ultérieures<sup>57</sup>. Les auteurs ont souligné que

« la microbiologie et l'immunologie sont désormais des sciences expérimentales et que, par conséquent, les chercheurs peuvent aller au-delà de la simple description des observations et formuler des hypothèses, puis réaliser des expériences pour les valider ou les réfuter ». Comme le souligne cet essai, l'establishment de la virologie refuse de divulguer ou de réaliser les expériences requises, apparemment pour ne pas se réfuter lui-même. Il se limite intentionnellement à des expéditions de pêche opportunistes permanentes soutenues par un biais de confirmation, se disqualifiant ainsi lui-même de la méthode scientifique en raison de son incompatibilité avec l'approche basée sur les hypothèses et falsifiable décrite par Popper.

L'auteur a déjà écrit, dans un post-scriptum tiré du livre de A. F. Chalmers intitulé « *What is this thing called Science* » (Quelle est cette chose appelée Science), que l'un des principaux problèmes de la virologie est qu'elle s'est inventée elle-même en tant que domaine avant d'avoir établi si les virus existaient réellement. Elle a essayé de se justifier depuis ses débuts :

*En l'occurrence, une particule virale n'a pas été observée en premier et par la suite la théorie et la pathologie virales se sont développées. Les scientifiques du milieu et de la fin du XIXe siècle étaient préoccupés par l'identification d'entités pathogènes contagieuses imaginaires. Les observations de l'inductionniste naïf n'ont pas permis d'identifier un virus a priori, puis d'étudier ses propriétés et*

*ses caractéristiques. Le présupposé de l'époque était qu'il existait une très petite particule de germe susceptible d'expliquer la contagion. Ce qui est venu par la suite est apparu pour répondre à ce présupposé<sup>58</sup>.*

Parce qu'une théorie scientifique exige des preuves qui ont été testées et corroborées à plusieurs reprises selon la méthode scientifique, il est clair que les « virus » n'ont jamais atteint le stade d'une théorie<sup>59</sup>. Selon la science, ils restent de simples spéculations.

### **L'absence de Contrôles en Virologie signifie qu'il ne s'agit pas d'une Activité Scientifique**

Les requêtes OIA ont révélé que l'Institute of Environmental Science and Research (ESR) de Nouvelle-Zélande (Institut des Sciences de l'Environnement et de la Recherche de Nouvelle-Zélande), qui a revendiqué l'isolement et le séquençage génomique de la particule SARS-CoV-2 dans les Antipodes, est également coupable de ne pas avoir effectué de contrôles valables<sup>60</sup>. Dans la tradition d'Enders, ils n'ont pas pris le temps de vérifier si les ECP dont ils ont été témoins, ou les génomes qu'ils ont assemblés par le biais de simulations informatiques, pouvaient également être créés dans le cadre de comparaisons de contrôle valables. C'est-à-dire en réalisant des expériences avec d'autres spécimens d'origine humaine, provenant à la fois de sujets bien portants et de sujets malades qui ne seraient pas atteints

de la prétendue maladie COVID-19. Au lieu de cela, ESR a décrit son « contrôle négatif » insuffisant dans lequel « le flacon est soumis aux mêmes conditions que les flacons utilisés pour la culture virale, mais nous n'utilisons que le milieu d'Infection ».

Le chef d'orchestre de ces poursuites anti-scientifiques est l'OMS. Il est très révélateur que dans son document de 94 pages intitulé « Genomic sequencing of SARS-CoV-2 » (Séquençage génomique du SARS-CoV-2, quatre phrases seulement traitent des « échantillons de contrôle » :

#### *6.4.2. Échantillons de Contrôle*

*Les échantillons de contrôle négatif, tels que le tampon<sup>[10]</sup> ou l'eau, doivent toujours être inclus dans tout cycle de séquençage contenant plusieurs échantillons. Ils doivent être inclus le plus tôt possible et accompagner les échantillons à toutes les étapes du séquençage. Cela est extrêmement important pour exclure toute contamination au cours d'un séquençage effectué en laboratoire ou au cours du traitement bio-informatique. Les échantillons de contrôle positif avec des séquences génétiques connues peuvent être utiles pour valider les pipelines bio-informatiques nouvellement adoptés ou adaptés pour l'appel de consensus, mais ne doivent pas nécessairement être inclus dans chaque cycle de séquençage<sup>61</sup>.*

Cependant, aucun de ces contrôles n'est suffisant pour

valider les « génomes » que les virologues produisent grâce à ces techniques, car ils ne peuvent servir qu'à calibrer le pipeline. Comme cela est devenu évident, l'OMS ne peut pas citer une seule expérience de contrôle positif valable, et pourtant, le 11 février 2020, elle a baptisé la nouvelle maladie qu'elle avait inventée « COVID-19 » en affirmant qu'elle était causée par un nouveau coronavirus<sup>62</sup>. Ils ont donné le feu vert à n'importe qui dans le monde pour « trouver » le SARS-CoV-2 dans son jardin sans qu'il soit nécessaire de procéder à des expériences de contrôle valables. Pourtant, il est manifestement nécessaire de procéder à des contrôles comparatifs dans lesquels des échantillons de patients similaires, mais sans le virus présumé, sont traités de la même manière, de sorte qu'une seule variable est testée. La comparaison des résultats d'un échantillon supposé 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 ces derniers échantillons ne contiennent pas la soupe génétique qui fait partie du premier. En tout état de cause, même selon ses propres termes, le contrôle négatif mentionné par l'ESR en Nouvelle-Zélande n'est pas en mesure de fournir une validation de la méthodologie utilisée pour créer ces génomes de virus, car, comme l'indique l'OMS, il s'agit simplement d'un contrôle de précaution en cas de contamination.

Compte tenu de tous les échecs de culture des virus

postulés, la virologie moderne privilégie désormais la métagénomique<sup>63</sup> directe d'échantillons bruts, souvent avec un séquençage par injection<sup>64</sup> et l'assemblage artificiel ultérieur de ces fragments génétiques pour créer de nouveaux « virus » *in silico*<sup>65</sup> [\[11\]](#) à partir de rien. Cette invention fournit ensuite à d'autres chasseurs de virus des panels d'amorces PCR prédéfinis<sup>66</sup> afin qu'ils puissent également découvrir les mêmes séquences et prétendre qu'il s'agit du même virus. L'ESR a participé à une publication dans laquelle elle a proclamé la découverte du SARS-CoV-2 chez neuf sujets grâce à cette méthodologie<sup>67</sup>. Mon collègue leur a demandé de fournir « tous les détails du groupe de contrôle utilisé pour comparer les résultats du séquençage », mais au lieu de répondre à la question, l'ESR s'est excusé de ne pas être impliqué dans la « génération de nouvelles données » et a fourni des liens vers des protocoles de séquençage du SARS-CoV-2<sup>68</sup>. Si l'ESR utilise de tels protocoles, tels qu'ils sont détaillés sur le site [protocol.io](http://protocol.io), alors nous pouvons voir qu'ils approuvent des contrôles insuffisants qui sont décrits comme « (un) contrôle négatif d'eau exempte de nucléase », tandis qu'un « contrôle positif facultatif peut également être inclus, qui peut être une construction d'ARN synthétique ou un échantillon clinique à haut titre qui peut être dilué »<sup>69</sup>. Une fois de plus, ces types de contrôles ne peuvent servir que de techniques d'étalonnage de pipeline, et non de validation ou de

signification clinique de quelque « génome » que ce soit qu'ils assemblent.

Malgré les ressources dont elle dispose, l'ESR ne croit apparemment pas à la nécessité de vérifier par elle-même si l'existence du SARS-CoV-2 peut être démontrée. Le 19 juillet 2022, en réponse à une demande de l'OIA, l'ESR a déclaré : « L'ESR n'a effectué aucune expérience pour prouver scientifiquement l'existence du virus SARS-COV-2 et ne peut donc vous fournir aucun document » <sup>70</sup>. Le 17 août 2022, en réponse à une autre demande, l'ESR a admis : « L'ESR n'a effectué aucune expérience pour prouver scientifiquement que le virus SARS-COV-2 cause le COVID-19 et ne peut donc vous fournir aucun document » <sup>71</sup>. Personne d'autre n'a non plus effectué ces expériences scientifiques requises.

### **Maltraitance animale et études sur les « Anticorps »**

Incapables de démontrer l'isolement physique d'une particule pathogène répondant à la définition d'un virus, les virologues se sont lancés dans l'expérimentation animale pour convaincre les non-initiés de l'existence de telles particules pathogènes. La caractéristique de ces publications est qu'elles manquent de contrôles valables, de sorte que même en partant du principe non établi qu'elles manipulent des « virus », elles révèlent un autre aspect de l'antiscience de la virologie. L'article intitulé « Comparative pathogenesis of COVID-19, MERS, and

SARS in a nonhuman primate model » (Pathogenèse comparative du 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<sup>72</sup>, en est un bon exemple. L'absurdité de ce qui a été publié dans *Science* peut être résumée comme suit :

1. Les huit singes cynomolgus participant aux expériences ont été « *inoculés avec le SRAS-CoV-2 sous anesthésie par une combinaison de voies intratrachéale (4,5 ml) et intranasale (0,25 ml par narine)...* »<sup>73</sup> — Il ne s'agit pas d'une voie d'exposition naturelle et 4. 5 ml versés dans les poumons d'un petit singe (3,5 – 5,0 kg) équivalent à verser environ 80 ml ( $\frac{1}{3}$  de tasse) de matériel biologique étranger dans les poumons d'un être humain endormi. Ce volume de matière suffit à lui seul à provoquer des lésions et des inflammations dans les tissus pulmonaires.
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'au troisième passage sur des cellules Vero E6 dans Opti-MEM I (1X) + GlutaMAX (Gibco), supplémenté en pénicilline (10 000 UI/mL) et en streptomycine (10 000 UI/mL) ». — Ils ont affirmé qu'ils avaient un « isolat » viral alors que ni eux ni leur fournisseur<sup>74</sup> 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 humain et de cellules rénales de singe, ainsi que des produits de dégradation cellulaire et deux antibiotiques.

3. « Aucun signe clinique manifeste n'a été observé chez les animaux infectés, à l'exception d'un écoulement nasal séreux chez un animal âgé le 14<sup>e</sup> jour après l'inoculation. Aucune perte de poids significative n'a été observée chez les animaux au cours de l'étude ». — En d'autres termes, malgré l'entrée directe dans les poumons de ce qu'ils prétendent être le virus SARS-CoV-2, aucun des singes n'a été malade de manière significative.
4. Au 14<sup>e</sup> jour après inoculation, tous les animaux restants ont séroconverti, comme le révèle la présence dans leur sérum d'anticorps spécifiques du SRAS-CoV-2 contre le domaine S1 du virus et les protéines de la nucléocapside ». — Il n'a pas été démontré que les protéines S1 et de la nucléocapside étaient d'origine virale, qu'elles induisent ou non la détection (par un test in vitro) d'autres protéines appelées « anticorps » chez un hôte. Les virologues recourent une fois de plus au raisonnement circulaire pour affirmer que la détection d'un anticorps prouve l'existence d'un virus parce que l'anticorps est déclaré spécifique du prétendu virus.
5. « Pour mesurer l'excrétion du virus, des écouvillons nasaux, pharyngés et rectaux ont été analysés par transcription inverse — réaction en chaîne de la polymérase quantitative (RT-qPCR)... » — Il n'y a pas eu d'« excrétion du virus », mais simplement la détection des

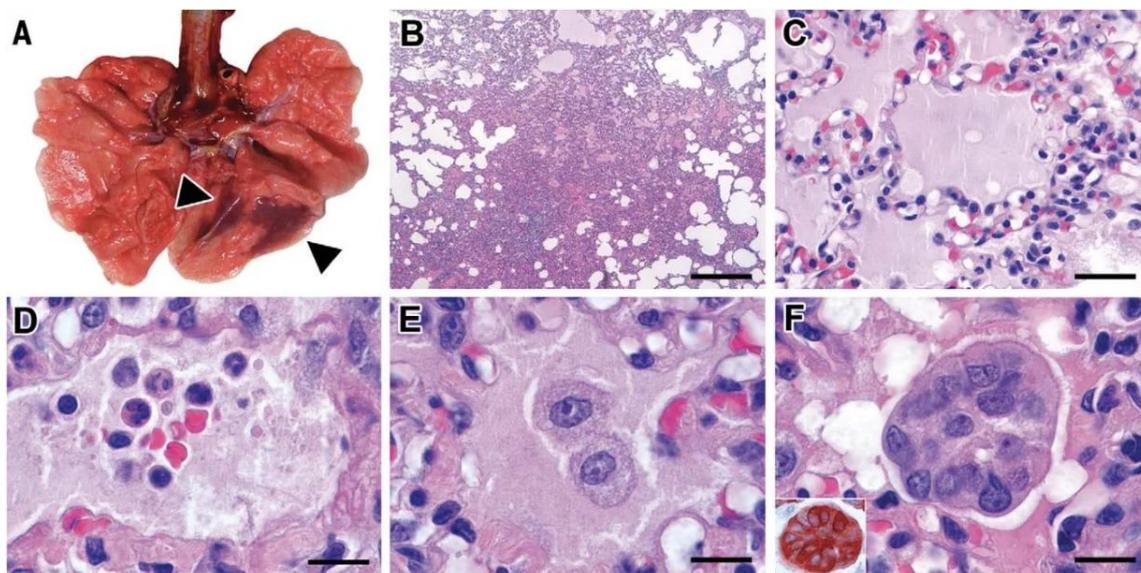
mêmes séquences qui avaient été récemment introduites dans les voies respiratoires des singes. Ces séquences d'acides nucléiques étrangers ont, sans surprise, disparu de l'organisme des singes au cours des quelques jours qui ont suivi, par le biais de mécanismes naturels d'élimination.

6. « L'ARN du SARS-CoV-2 n'a été détecté que dans un écouvillon rectal d'un animal au 14<sup>e</sup> jour après injection, et aucun ARN viral n'a été détecté dans le sang total à aucun moment de l'étude ». — Une fois de plus, cela indique qu'ils n'ont trouvé le matériel génétique introduit qu'aux endroits où il avait été introduit. (L'unique écouvillon rectal positif peut avoir été un faux positif ou le singe a avalé une partie du matériel biologique introduit). Dans aucun cas, ils n'ont pu démontrer que le « virus » supposé présentait des caractéristiques invasives.
7. Quatre des singes ont été tués et autopsiés quatre jours après l'inoculation de la soupe biologique étrangère. Deux d'entre eux présentaient de petits foyers de consolidation dans les poumons et les auteurs ont déclaré que « la principale lésion histologique dans les tissus pulmonaires consolidés des animaux jeunes et âgés concernait les alvéoles et les bronchioles et consistait en des zones présentant des lésions alvéolaires diffuses [\[12\]](#) aiguës ou plus avancées ». Les caractéristiques histologiques ont été déclarées caractéristiques du « SARS-CoV-2 » — voir la figure 3 ci-dessous pour une explication de la raison pour laquelle ces affirmations sont totalement dénuées de

fondement.

8. L'expression de l'antigène SARS-CoV-2 a été détectée dans un nombre modéré de pneumocytes de type I et dans quelques pneumocytes de type II à l'intérieur des foyers de DAD. — Ce résultat a été obtenu grâce à une technique de coloration immunohistochimique (IHC) basée sur « un anticorps polyclonal de lapin contre la nucléoprotéine du SARS-CoV (40143-T62, Sino Biological, Chesterbrook, PA, USA) ». Malheureusement pour eux, le fournisseur de ce produit déclare que « les applications IHC, FCM, IF, IP et autres n'ont pas été validées. (Les applications de l'anticorps n'ont pas été validées avec des échantillons correspondants positifs au virus) »<sup>75</sup>. Quoi qu'il en soit, cet exemple peut être utilisé pour exposer l'erreur plus générale concernant les anticorps en tant que « preuve » de la présence de virus. Sino Biological déclare que les anticorps résultent de l'injection de son produit « SARS-CoV Nucleocapsid Protein (son étiquette) »<sup>76</sup> à des lapins. Cette protéine de nucléocapside a été à son tour 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 coll. pour inventer le SARS-CoV-2, un autre modèle *in silico*. En résumé, il s'agit encore d'un raisonnement circulaire : il n'a pas été démontré qu'une protéine provenait d'un virus, y compris la protéine de la nucléocapside dans ce cas. Il a

simplement été affirmé que des protéines « virales » avaient été injectées à des animaux et que ceux-ci avaient réagi en produisant d'autres protéines qui sont censées être des « anticorps ». Cependant, l'existence d'un virus n'a pas été démontrée, ni exigée pour ce genre d'exercice. (Autre exemple, la production d'« anticorps anti-VIH » chez 100 % des volontaires sains auxquels on a injecté un vaccin candidat COVID-19 de l'université du Queensland est une source d'embarras pour les promoteurs de l'industrie du VIH et des anticorps) <sup>77</sup>.



**Figure 3.** Certaines des images présentées dans le document « Comparative pathogenesis of COVID-19, MERS<sup>[13]</sup>, and SARS in a nonhuman primate model » (pathogénèse comparée du COVID-19, du MERS et du SRAS dans un modèle de primate non humain) et présentées comme des « changements pathologiques caractéristiques » du SRAS-CoV-2. Les modifications pulmonaires (A) à (C) correspondent à une pneumopathie, 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 une pneumonie infligée de la sorte. Aucune expérience de contrôle n'a été réalisée.

Cependant, l'aspect le plus défectueux de l'expérience sur les animaux est qu'elle n'a pas suivi la méthode scientifique, car il n'y avait pas d'expériences de contrôle. En d'autres termes, un groupe comparable de singes n'a pas été soumis à une agression interne, avec la même composition et le même volume de soupe biologique, sans le prétendu « virus », ayant été versés directement dans leurs poumons. Pour être clair, l'auteur n'approuve pas une telle expérience, car il s'agit d'une procédure cruelle qui n'a rien à voir avec les voies d'exposition naturelles — il s'agit simplement de souligner le concept d'une expérience contrôlée de manière adéquate. Malheureusement, ces méthodologies non scientifiques sont reproduites dans toutes les études animales examinées. Aucune d'entre elles ne démontre : (a) une méthode naturelle d'exposition utilisant les échantillons censés contenir des virus, (b) des « infections fictives » valables (par exemple, l'utilisation fallacieuse d'une solution saline tamponnée au phosphate uniquement), ou (c) la transmission de *maladie* d'animal à animal. Cela s'ajoute bien sûr à la question fondamentale selon laquelle aucune des études ne démontre l'existence réelle

d'une particule infectieuse qu'elles sont censées tester.

En outre, 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, ces expériences sont évitées afin que les virologues ne se réfutent pas eux-mêmes en ce qui concerne les allégations de contagion impliquant les particules imaginées.

### **Le paradoxe de la quantité de virus**

On nous fait croire qu'à l'intérieur d'un hôte tel que l'homme, les particules virales sont produites en si grand nombre qu'elles peuvent briser les cellules mêmes qui les contiennent, alors qu'en même temps elles sont présentes en quantités si infimes que les virologues affirment qu'elles ne peuvent être observées dans aucun échantillon de patient. Apparemment, en ce qui concerne la prétendue particule SARS-CoV-2, il a été calculé qu'« un éternuement d'un patient atteint de COVID-19 contient 200 millions de virus ». <sup>78</sup> Cependant, si l'on prélève un échantillon (physiquement plus grand) directement dans le nez ou les poumons d'un sujet, on n'en trouve précisément aucun. Pour dissimuler ce problème gênant, les virologues ont eu recours à des « preuves » indirectes par le biais de cultures de tissus pour tenter de sortir le virus manquant du chapeau. Comme nous l'avons souligné dans *The COVID-19 Fraud & War on Humanity* (la Fraude Covid-19 et la guerre

contre l'Humanité), cela implique la deuxième partie de la *double tromperie* de la virologie qui est « la substitution de la fausse procuration consistant à induire des effets cytopathiques (ECP) en inoculant des lignées cellulaires typiquement anormales *in vitro* [14] à la procuration postulée consistant à infecter un hôte sain ou non malade *in vivo* afin d'établir la causalité entre le prétendu pathogène et la maladie »<sup>79</sup>. Nous sommes donc censés croire que les voies respiratoires humaines, qui sont tapissées de cellules hôtes prétendument parfaites, ne produisent pas suffisamment de virus pour qu'ils soient visibles, mais qu'une expérience en éprouvette impliquant des tissus d'une autre espèce et d'un autre type de cellules en produit suffisamment ?

Selon la définition de la virologie, les particules supposées sont passives et ne produisent aucun déchet, de sorte que la façon dont elles infligent une mauvaise santé à un hôte humain reste un mystère. Pfizer a suggéré au profane que « le système immunitaire réagit à la blessure de ces cellules corporelles en s'activant », mais n'a cité aucune preuve scientifique pour cette affirmation imaginative<sup>80</sup>. La 4e édition de *Medical Microbiology* s'est aventurée plus loin et a déclaré que :

*Les dommages cellulaires directs et la mort dus à l'infection virale peuvent résulter (1) du détournement de l'énergie de la cellule, (2) de l'arrêt de la synthèse macromoléculaire de la cellule, (3) de la compétition de l'ARNm viral pour les ribosomes cellulaires, (4) de la*

*compétition des promoteurs viraux et des activateurs de transcription pour les facteurs de transcription cellulaires tels que les ARN polymérase, et de l'inhibition des mécanismes de défense de l'interféron. Les dommages cellulaires indirects 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.* <sup>81</sup> (c'est moi qui souligne)

En fait, les virologues ont proposé de multiples mécanismes pathogènes *hypothétiques* pour une particule supposée exister dans un organisme tel que l'homme. Encore une fois, même si ces mécanismes spéculatifs étaient en jeu, il faudrait qu'un nombre énorme de cellules soient affectées pour produire des symptômes. Or, un nombre énorme de cellules donnerait lieu à des quantités astronomiques de particules virales — alors pourquoi ne trouve-t-on jamais de particules virales ? La virologie a l'habitude de détourner l'attention des aspects qui soulèvent des doutes sur son modèle fantasmagorique.

## **2e Partie**

### **Fan Wu et al Deus Ex Machina**

*Ils étaient déterminés à trouver un virus comme cause* <sup>[15]</sup> *de ce gars. Ils ont donc recherché tous les ARN, des millions de petits brins d'ARN chez cette personne, à l'aide d'une technologie appelée méta-transcriptomique. Il s'agit de l'une de ces choses qui étudie les gènes... ils*

*peuvent examiner tout l'ARN, tout l'ADN, le séquencer, l'amplifier... Ils ont obtenu une séquence et ont décidé qu'ils avaient découvert un « virus », bien qu'ils n'aient jamais touché à un virus, et ils ont dit que c'était la cause de la pneumonie de ce gars.*

*— Dr David Rasnick, à propos de la « découverte » du SARS-CoV-2 par Fan Wu et coll.<sup>82</sup>*

Dans *La Fraude COVID & la Guerre contre l'Humanité*<sup>83</sup> nous avons documenté l'invention du SARS-CoV-2 par l'équipe de Fan Wu qui a assemblé un « génome » in silico à partir de fragments génétiques de provenance inconnue, trouvés dans les lavages pulmonaires bruts d'un seul « cas » [\[16\]](#) et documentés dans « A new coronavirus associated with human respiratory disease in China »<sup>84</sup> (Un nouveau coronavirus associé à une maladie respiratoire humaine en Chine). Une analyse plus approfondie de cet article semble indiquée, car elle montre comment la pandémie frauduleuse COVID-19 a été créée au moyen d'un « génome » inventé par le biais d'un séquençage méta-transcriptomique profond, qui visait simplement à détecter tout l'ARN dans un échantillon brut, et comment il a été utilisé à mauvais escient pour inventer un agent 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, qui est désignée ici comme le coronavirus WH-Human 1 »<sup>85</sup>, à partir d'un seul sujet humain chez qui une pneumonie a été diagnostiquée, est

en soi grotesque. Les auteurs ont tenté de se justifier en déclarant que « bien que l'isolement du virus chez un seul patient ne soit pas suffisant pour conclure qu'il a causé ces symptômes respiratoires, nos résultats ont été corroborés de manière indépendante chez d'autres patients dans une étude séparée ». Premièrement, il n'y a pas eu d'isolement physique d'un quelconque virus, comme nous le verrons en détail dans un instant.

Deuxièmement, leur affirmation selon laquelle cela a été « corroboré de manière indépendante » fait référence à l'article de février 2020 de Peng Zhou et coll., un article qui ne peut rien corroborer du tout et dont la fraude est discutée à la page 43. Tout ce que l'on peut dire, c'est que si l'on utilise un raisonnement circulaire, le fait de trouver des séquences génétiques similaires à plusieurs reprises est considéré comme une confirmation de l'existence d'un virus. La base de données GISAID est le coffre au trésor de ces absurdités virologiques et, au 29 août 2022, elle comptait plus de 12,8 millions de déclarations de « découverte » du SARS-CoV-2<sup>86</sup>. Cependant, aucune d'entre elles ne peut indiquer un virus réel, elles appellent simplement « bingo » en rassemblant des séquences similaires qu'elles ont alignées avec Fan Wu et coll. et d'autres assemblages antérieurs, sans qu'un virus réel soit nécessaire.

Il convient également de noter que si l'auteur ne se prononce pas sur la cause des cas de pneumonie ou de syndromes respiratoires fébriles aigus, la communauté

médicale générale reconnaît qu'aucun « agent pathogène » n'est identifié dans près de la moitié des cas.<sup>87,88</sup> Quelle raison Fan Wu et coll. avaient-ils donc de soupçonner que leur patient était porteur d'un tout nouveau virus ? Apparemment parce que « les enquêtes épidémiologiques menées par le Centre de contrôle et de prévention des maladies de Wuhan ont révélé que le patient travaillait dans un marché couvert local de fruits de mer »<sup>89</sup>. Cette raison semble bien faible étant donné que ces marchés couverts sont extrêmement courants en Chine et que, malgré les théories sur l'origine (du SARS-CoV-2) chez les chauves-souris, Fan Wu et coll. ont indiqué « qu'aucune chauve-souris n'était disponible à la vente ».

Quoi qu'il en soit, ils ont obtenu un peu de liquide de lavage broncho-alvéolaire (LBA) de leur patient et, avec ce spécimen brut, ont rapporté que « l'ARN total a été extrait de 200µl de LBA » [\[17\]](#). La partie sur les méthodes précise que cette extraction a été réalisée « à l'aide du kit RNeasy Plus Universal Mini (Qiagen) », c'est-à-dire par centrifugation sur colonne d'essorage. Ils ont affirmé que « l'épuisement de l'ARN ribosomal a été effectué pendant la construction de la bibliothèque », mais la page 43 explique pourquoi cette affirmation est douteuse, car les séquences d'ARN humain connues correspondent toujours à un grand nombre d'entre elles. Ils ont ensuite procédé au séquençage par shotgun de l'infusion, en commençant par la fragmentation aléatoire du matériel

génétiq ue en courtes longueurs de 150 nucléotides en moyenne et la conversion de l'ARN en ADN à l'aide d'une enzyme transcriptase inverse<sup>90</sup>. [18]. 56 565 928 lectures courtes [19] ont été générées et ces informations ont été introduites dans *Megahit* et *Trinity*, des plates-formes logicielles pour l'assemblage de novo basé sur des algorithmes [20]. *Megahit* a permis de générer 384 096 contigs, ou séquences hypothétiques se chevauchant, dont la plus longue (30 474 nucléotides) a été déclarée comme ayant une « identité nucléotidique de 89,1 % » avec la chauve-souris SL-CoVZC45 [21], une autre construction fictive dont il sera question ultérieurement. (*Trinity* a généré plus de 1,3 million de contigs, mais le plus long n'était que de 11 760 nucléotides — en d'autres termes, ils n'auraient pas trouvé le « génome » s'ils s'étaient contentés d'utiliser cette plate-forme logicielle). Le mot « virus » apparaît soudain lorsqu'ils déclarent 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 ne fait qu'amplifier des séquences présélectionnées 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 qu'il y a quelque chose dans votre échantillon, vous essayez de l'isoler, oui.

Une fois que vous l'avez isolée, vous la séquencez à nouveau, ou vous faites une PCR<sup>91</sup>. En d'autres termes, la PCR elle-même ne peut pas identifier les origines des séquences et la méthodologie de Fan Wu et coll. n'a pas permis d'établir l'origine des séquences qu'ils ont 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 nous arrêter sur ce point, car c'est là que le virus frauduleux, bientôt rebaptisé SARS-CoV-2, a été **inventé de toutes pièces**. Un virus dont l'OMS affirme, sans la moindre preuve, qu'il est l'agent causal du COVID-19.*

Car c'est ce « génome ») qui a été soumis à GenBank le 5 janvier 2020<sup>92</sup> qui a été saisi par Drosten et coll. pour produire leurs fausses séquences d'essai du protocole PCR<sup>93</sup>, lesquelles ont été publiées avec une hâte indécente par l'OMS à l'intention du Monde entier, faisant ainsi de WH Human 1 le génome de référence mondial d'un prétendu agent pathogène. C'est cette invention qui est à l'origine de toute la panoplie destructrice imposée au Monde à la suite de l'annonce de la pandémie par l'OMS le 11 mars 2020<sup>94</sup>.

Cependant, toute personne attentive peut constater qu'il n'y a aucune preuve de l'existence d'un virus dans l'article de Fan Wu et coll. Un virus est censé être un minuscule parasite intracellulaire obligatoirement capable de se

répliquer, constitué d'un génome entouré d'une enveloppe protéique : il s'agit d'une particule infectieuse qui provoque une maladie chez un hôte. Fan Wu et coll. ne disposaient que d'un homme de 41 ans atteint de pneumonie et d'un modèle de « génome » assemblé par logiciel à partir de séquences d'origine non établie trouvées dans les lavages de poumons de l'homme. Pour faire croire que tout cela est légitime, ils ont déclaré que « l'organisation du génome viral du WHCV a été déterminée par alignement des séquences sur deux membres représentatifs du genre Betacoronavirus : un coronavirus associé à l'homme (SARS-CoV Tor2, numéro d'accès GenBank AY274119) et un coronavirus associé aux chauves-souris (bat SL-CoVZC45, numéro d'accès GenBank MG772933) ». Ces prétendus génomes sont également de simples constructions in silico dont on n'a jamais prouvé qu'elles existaient dans leur intégralité dans la Nature, et encore moins qu'elles provenaient de l'intérieur d'un virus. Par exemple, le SL-CoVZC45 de chauve-souris a été inventé en 2018 par le processus de « 19 paires d'amorces PCR dégénérées [...] conçues par alignement multiple des séquences disponibles du SARS-CoV et du SL-CoV de chauve-souris déposées dans GenBank »<sup>95</sup>.

Les génomes de virus sont devenus ce qui est peut-être la plus grande illusion de la virologie, une illusion qui propage la croyance que l'on est en train de démontrer l'existence des virus. Les virologues eux-mêmes ne

semblent pas se rendre compte de la faille fatale de leur méthodologie, même lorsqu'ils l'affirment eux-mêmes :

*Trois méthodes principales basées sur le HTS (en anglais high-throughput sequencing) (séquençage à haut débit) sont actuellement utilisées pour le séquençage du génome entier viral : le séquençage métagénomique, le séquençage par enrichissement de cible et le séquençage amplicon PCR [22], chacune présentant des avantages et des inconvénients (Houldcroft et coll., 2017). Lors du séquençage métagénomique, l'ADN (et/ou l'ARN) total 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 qui ne nécessite pas de séquences de référence. En revanche, les deux autres approches HTS, l'enrichissement de la cible et le séquençage d'amplicons, dépendent toutes deux d'informations de référence pour la conception des appâts ou des amorces. La limite du séquençage métagénomique est qu'il nécessite une profondeur de séquençage très élevée pour obtenir suffisamment de matériel génomique viral<sup>96</sup>.*

La limite la plus importante du séquençage « viral » est que le processus lui-même ne détermine pas la provenance des fragments génétiques, donc comment est-il possible de l'utiliser pour établir la séquence d'un génome inconnu jusqu'alors ? Pour être clair, nous ne parlons pas de situations où la provenance des séquences peut être vérifiée de manière indépendante,

par exemple des cellules bactériennes isolées physiquement. En outre, il est absurde de déclarer arbitrairement que des séquences sont virales par un processus d'élimination, c'est-à-dire en se basant sur le fait qu'elles n'ont pas d'assignation précédemment conflictuelle dans les banques de données génétiques [23]. Aucun virologue ne démontre que les séquences sont de nature virale lorsqu'il assemble le tout premier modèle et déclare avoir découvert un virus pathogène. À aucun moment, ils ne purifient de prétendues particules virales pour prouver leur relation avec les séquences. Et pourtant, le premier génome *de novo* inventé devient la pierre de touche sur laquelle d'autres chasseurs de virus aligneront leurs propres génomes *in silico* ou concevront des protocoles PCR « de confirmation ».

Pour autant que l'auteur le sache, les virologues ne disposent d'aucune technique de laboratoire permettant de vérifier directement s'il existe un brin d'ARN complet de 30 kilobases dans l'un quelconque de leurs échantillons. La technologie actuelle d'électrophorèse sur gel en champ pulsé [24] ne peut différencier de manière fiable que les brins d'ADN de cette taille<sup>97</sup>. Quoi qu'il en soit, ces simulations restent une diversion, car même dans l'éventualité où l'existence physique d'un génome SARS-CoV-2 *in silico* — une séquence complète d'ARN de 30 kilobases — pourrait être démontrée comme existant dans la Nature, les virologues auraient encore beaucoup de travail à faire. Avant tout, ils devraient démontrer que

cette séquence appartient à une particule capable de se répliquer et *de provoquer* une maladie, et non pas simplement *prétendre* qu'elle le fait.

À cet égard, l'auteur a eu un échange de courriel avec un biologiste évolutionniste du Wellcome Sanger Institute qui a suggéré que le séquençage de l'ARN à lecture longue (par opposition au séquençage à lecture courte) fournissait la preuve nécessaire de l'existence du « SARS-CoV-2 »<sup>98</sup>. Il a fait référence à une publication d'avril 2022 portant sur le séquençage de l'ARN à l'aide de séquences longues d'Oxford Nanopore Technologies (ONT)<sup>99</sup>, affirmant qu'elle confirmait la validité des génomes du « virus » qui avaient été construits précédemment par séquençage à l'aide de la méthode « shotgun »<sup>[25]</sup>. L'étude présentée décrivait une expérience comparant les réponses de diverses lignées cellulaires « infectées par le SRAS-CoV-2 » et « infectées fictivement ». Les cellules expérimentales étaient prétendument “infectées par le virus SARS-CoV-2 Australia (Australia/VIC01/2020, NCBI : MT007544.1)” — que l'auteur Leon Caly et coll. qualifie d'« isolat »<sup>100</sup>, alors que l'isolement d'un virus n'a jamais été démontré, comme l'explique la figure 4 ci-dessous et comme nous l'avons souligné dans *La Fraude COVID-19 & la Guerre contre l'Humanité*<sup>101</sup>.

L'argument du biologiste évolutionniste repose donc sur la comparaison du produit frauduleux d'une expérience

frauduleuse avec une « infection factice », alors que la première est invalidée par la déclaration trompeuse d'« isolement du virus » et que la seconde s'invalide elle-même puisque les virologues ont modifié sa définition pour permettre la modification d'autres variables.

L'obtention de lectures plus longues ne change rien à ces questions fondamentales. Le biologiste évolutionniste affirmait que les variations dans les séquences et les protéines surveillées au fil du temps constituaient la preuve de l'évolution d'un virus<sup>102</sup>. Il est une autre victime de la tromperie de la virologie par l'attribution spé cieuse du mot « viral » à ces entités. Lorsque toutes ces séquences et protéines ont été initialement détectées dans des expériences de culture de tissus, il n'a pas été démontré qu'elles appartenaient à des virus pathogènes, mais l'affirmation selon laquelle elles sont « virales » se poursuit encore aujourd'hui.

Dans le même ordre d'idées et quelques mois après cet échange, le pathologiste/virologue Dr Sin Hang Lee a affirmé que son article préimprimé<sup>103</sup> fournissait “des preuves irréfutables par séquençage Sanger que le virus [SARS-CoV-2] existe et continue de muter”, en invitant ouvertement à contester son travail<sup>104</sup>. Une fois encore, le présent auteur a fourni une réponse détaillant l'utilisation abusive de la terminologie scientifique par la virologie ainsi que le problème sous-jacent de la provenance non établie des séquences génétiques analysées :

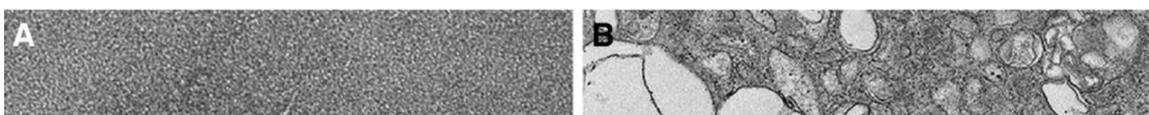
*(Pour exposer les problèmes de la virologie, il est essentiel*

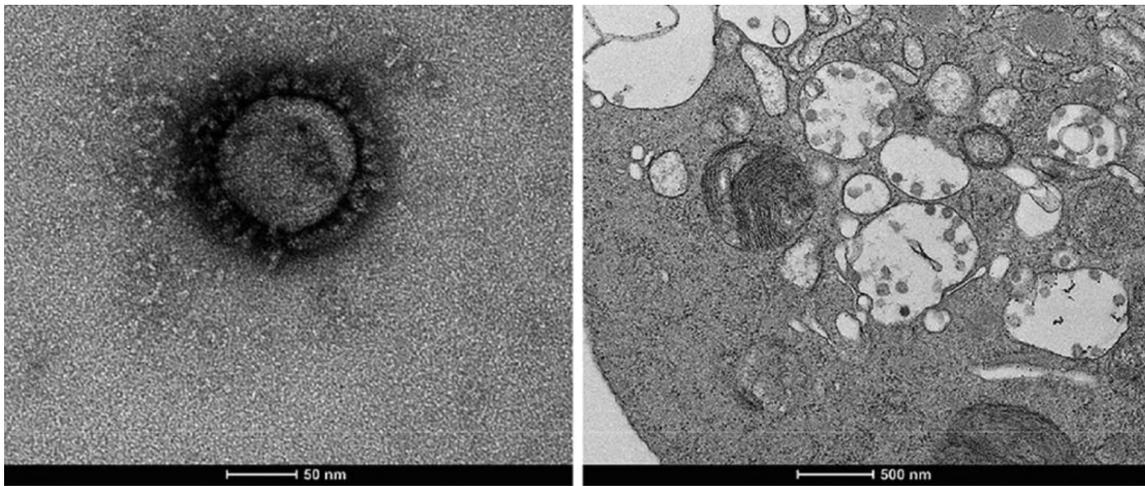
*d'examiner la section méthodologique de toute publication et, dans ce cas, ce n'est pas différent... Ceux d'entre nous qui contestent la théorie du virus soulignent qu'il n'a jamais été démontré qu'aucune séquence d'ARN (ou d'ADN) provenait de l'intérieur d'une particule spécifique identifiable répondant à la définition d'un virus. Ainsi, tous les ARN ne peuvent être considérés que comme exprimés par un organisme connu, introduits artificiellement (par exemple par des injections d'ARNm synthétique) ou de provenance inconnue. Les « mutations » n'existent que dans des modèles in silico qui ne se sont pas révélés être des entités indépendantes dans la Nature. Il existe d'autres raisons pour lesquelles les séquences d'ARN peuvent varier et varient effectivement dans les systèmes biologiques dynamiques et je ne peux imaginer qu'un virologue puisse être en désaccord avec ce fait. La simple détection des ARN ne suffit pas pour tirer des conclusions sur leur provenance. D'autres expériences sont nécessaires pour faire cette détermination. <sup>105</sup>*

En effet, aucune technologie génomique ou protéomique ne peut échapper au fait qu'en ce qui concerne ces données supposées être des preuves de la présence de virus, il s'agit de tortues jusqu'en bas.

[\[26\]](#)

## **Des tortues jusqu'en bas**





**Figure 4.** Caly et coll. « isolement » du SARS-CoV-2. Les micrographies électroniques sont celles d'un surnageant de culture de cellules Vero/hSLAM : (A) a été déclaré « virion », alors qu'il s'agit simplement d'une particule de provenance inconnue. En outre, les « pointes » capsulaires ont été produites après que l'enzyme trypsine a digéré les protéines externes pour créer l'apparence souhaitée. (B) nous informe simplement de la taille des particules dans un mélange de tissus. Il n'y a pas eu d'expérience de contrôle valide réalisée avec un spécimen similaire d'origine humaine.

Comme on l'a vu, le « bat SL-CoVZC45 » était un génome *in silico* de 29 802 nucléotides, inventé en 2018<sup>106</sup>, qui a été utilisé par Fan Wu et coll. comme génome modèle pour l'invention du génome du SARS-CoV-2. Il était censé provenir du tissu intestinal d'une chauve-souris [\[27\]](#) capturée dans la province de Zhejiang, en Chine. Dans cette étude, les auteurs ont indiqué que « toutes les chauves-souris semblaient en bonne santé et ne présentaient pas de signes cliniques évidents au moment de la capture », mais ont déclaré qu'un virus avait été

défecté chez 89 des 334 chauves-souris sur la base d'un « test de transcription inverse (RT) — PCR pan-coronavirus ». La folie de prétendre « isoler » un virus en provoquant des ECP [28] a déjà été soulignée, 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 essayé une autre méthode pour « tester la pathogénicité de l'agent ZC45 ». Cela a consisté à prélever 20 µL de tissu intestinal de chauve-souris broyé et de l'injecter directement dans le cerveau de rats BALB/c âgés de 3 jours. (En poids, cela équivaldrait à injecter plusieurs centaines de millilitres de matière dans un cerveau humain<sup>107</sup>). L'absurdité de l'injection d'un tel tissu biologique directement dans le cerveau d'animaux néonataux consanguins et compromis ne devrait pas nécessiter d'explications supplémentaires. Comme c'est souvent le cas dans les expériences de virologie, il n'y avait pas de groupe de contrôle où du matériel biologique similaire, censé ne pas contenir le virus, avait été injecté directement dans le cerveau d'autres bébés rats. Les chercheurs ont indiqué que des « particules virales présumées » avaient été observées dans certains cerveaux de rats, mais ils n'ont à aucun moment démontré la composition ou la fonction biologique des « particules virales présumées » observées dans leurs diapositives. En outre, l'« infection » a été déclarée sur la base de tests RT-PCR positifs qui détectaient les mêmes séquences d'ARN chez les bébés rats au moment de leur

sacrifice que celles qui leur avaient été injectées récemment — ce qui n'exige évidemment pas l'existence d'un virus.

Ainsi, sans isoler physiquement de prétendues particules virales, ils ont procédé à l'homogénéisation, à la centrifugation et à la filtration des échantillons intestinaux avant de déclarer que « l'ARN viral a été extrait à l'aide d'un mini kit d'ARN viral (Qiagen, Hilden, Allemagne) conformément aux recommandations du fabricant ». (Voir page 49 pour une explication de l'impossibilité pour ce type de kit d'extraire sélectivement l'ARN en fonction de sa provenance, indépendamment de l'existence ou non de virus). Une étape de transcription inverse a ensuite lieu avant l'amplification par PCR de leur brin. Ils ont prétendu séquencer le génome complet du [SL-CoVZC45] grâce à 19 paires d'amorces PCR dégénérées, « conçues par alignement multiple des séquences disponibles du SARS-CoV et du bat SL-CoV déposées dans GenBank ». En d'autres termes, leur déclaration de découverte d'un génome viral n'était pas fondée sur la preuve directe de l'existence d'un virus, mais sur la détection de séquences de provenance non établie alignées sur d'autres modèles fictifs de « virus ». Le degré d'amplification de la PCR à cette étape n'a pas été divulgué, mais l'étape de « criblage par RT-PCR » comportait un premier cycle de 40 cycles, suivi d'un second cycle de 30 cycles. Une amplification aussi ridicule entraînerait des artefacts, c'est-à-dire que les séquences cibles sont « trouvées »

simplement à la suite du processus lui-même et ne sont pas nécessairement présentes physiquement dans les échantillons.

[\[29\]](#)

[\[30\]](#)

Il convient de noter que l'histoire du virus de la chauve-souris est en cours depuis l'« épidémie » de SARS [\[31\]](#) de 2003 et qu'apparemment, après des milliers d'années, l'espèce humaine est maintenant sous la menace constante de virus percolant dans les grottes de chauves-souris chinoises. En 2005, le président de l'EcoHealth Alliance, le Dr Peter Daszak, a cosigné un article paru dans *Science* intitulé « Bats Are Natural Reservoirs of SARS-Like Coronaviruses » <sup>108</sup> (les chauves-souris sont des réservoirs naturels de coronavirus de type SARS). Dans cette étude, Daszak et ses collègues n'ont pu trouver aucun « coronavirus » dans leur sélection de chauves-souris grâce à la technique frauduleuse habituelle d'observation des ECP *in vitro*, déclarant qu'« aucun virus n'a été isolé à partir d'écouvillons fécaux d'échantillons positifs à la PCR en utilisant des cellules Vero E6 ».

Cependant, ils étaient heureux de déclarer qu'ils avaient la preuve de l'existence de ces virus grâce à leurs produits PCR à cycle absurde élevé (35-45) obtenus à partir d'échantillons bruts de chauves-souris. Ils ont prétendu qu'il s'agissait de « séquences virales » parce

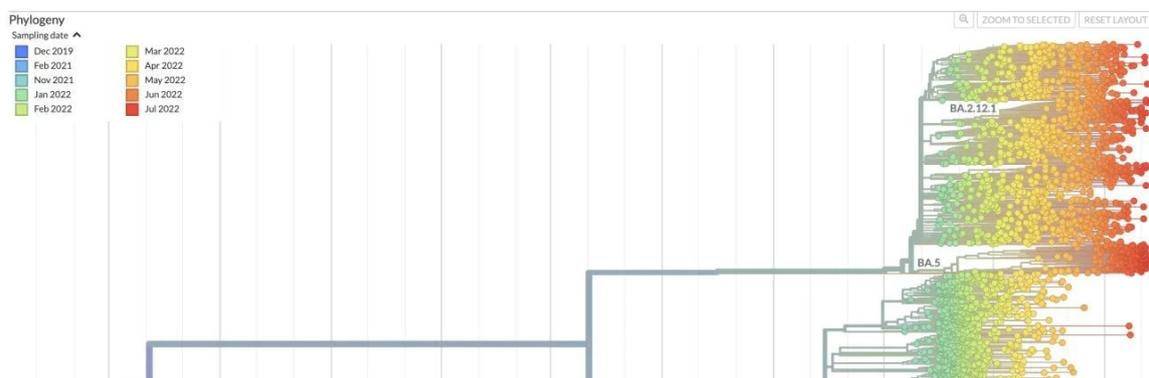
que, dans le cadre du raisonnement circulaire de la virologie, ils ont « trouvé » les séquences « virales », celles-là mêmes que leur protocole PCR était censé détecter. Ils ont dûment averti le monde que « la diversité génétique existe parmi les virus zoonotiques chez les chauves-souris, ce qui augmente la possibilité que des variantes franchissent la barrière des espèces et provoquent des épidémies dans les populations humaines ». Malheureusement, ce folklore zoonotique est passé de la littérature virologique à l'imagination du public. Daszak est un fervent promoteur et bienfaiteur de l'histoire du virus de la chauve-souris et, en 2015, il a conseillé à ses collègues, afin de continuer à engranger des recettes, de « mieux faire comprendre au public la nécessité des MCM (contre-mesures médicales) telles qu'un vaccin antigrippe ou anti-coronavirus »<sup>109</sup>.

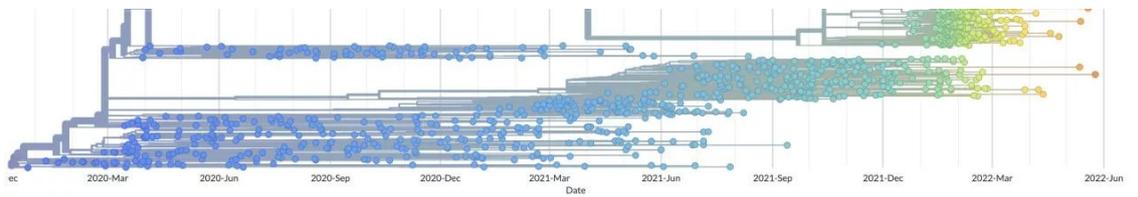
Quoi qu'il en soit, une branche de l'une des pistes de modèles de coronavirus imaginaires nous ramène à l'une des premières affirmations concernant le génome du SARS-CoV, prétendument à l'origine de la première « épidémie » de SARS. En avril 2003, Yijun Ruan et coll. ont soumis à GenBank leur « génome complet de coronavirus SARS Sin2500 », qui est devenu le numéro d'accès AY283794.1.<sup>110</sup> Cependant, ce génome a été inventé non pas en séquençant directement de prétendues particules virales, bien sûr, mais en séquençant l'ARN dans une expérience de culture de cellules Vero par « des approches d'amorçage spécifiques

et par shot-gun », avec un alignement sur « la séquence du génome du virus de l'hépatite de la souris (NC\_001846) en tant que colonne vertébrale »<sup>111</sup>. Le génome NC\_001846.1 a été inventé à son tour en 1997 et a été revendiqué comme dérivé d'un virus « obtenu à l'origine auprès du Dr Lawrence Sturman » et séquencé « en utilisant comme modèles l'ARN cytoplasmique extrait de monocouches de cellules L2 infectées par les virus MHV-A59, C12, C3, C5, C8, B11 ou B12 de type sauvage »<sup>112</sup>. L'affirmation selon laquelle ils ont commencé avec un virus semble être basée sur l'assurance du Dr Sturman que l'échantillon qu'il a fourni contenait une telle chose.

Il devrait être clair à ce stade que chaque génome de coronavirus a été comparé à d'autres soi-disant génomes sans que les virologues ne démontrent qu'aucune des séquences ne provient d'un virus. Il est donc instructif de revenir au prétendu premier génome complet de coronavirus à être publié, qui était le « virus de la bronchite infectieuse aviaire » (en anglais IBV pour avian Infectious Bronchitis Virus) par Boursnell et coll. en 1987<sup>113</sup>, et qui a ensuite été utilisé par d'autres comme l'un des modèles d'origine. Ils n'ont pas séquencé directement les particules virales supposées, mais ont utilisé « dix-sept clones d'ADNc couvrant les 27 569 kb les plus importants du génome », en notant que les clones « ont été dérivés de l'ARN isolé à partir du virus purifié par gradient de la souche Beaudette » (Beaudette & Hudson,

1937 ; Brown & Bournnell, 1984). L'article cité de Brown et Bournnell indique que « la préparation des clones d'ADNc a été décrite précédemment (Brown et Bournnell, 1984) »<sup>114</sup>. Cette citation ultérieure correspond à leur publication intitulée « Avian infectious bronchitis virus genomic RNA contains sequence homologies at the intergenic boundaries » (L'ARN génomique du virus de la bronchite infectieuse aviaire contient des homologies de séquence aux frontières intergéniques).<sup>115</sup> Dans cet article, ils affirment que « la souche IBV Beaudette a été cultivée dans des œufs embryonnés de 11 jours. Les virions ont été isolés du liquide allantoïdien et purifiés par centrifugation isopycnique<sup>116</sup> sur des gradients de saccharose ». Cependant, aucun de ces articles ne fournit de preuve qu'ils : (a) qu'ils avaient purifié quoi que ce soit, et encore moins des « virions », sous la forme de micrographies électroniques de confirmation, ou (b) qu'ils avaient réalisé des expériences de contrôle valables. Tout ce que nous pouvons voir, c'est qu'ils ont supposé que des virus étaient présents dans leur mélange de cultures 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 – Fiocruz](#), au 15 juillet 2022. Il n'a jamais été démontré que le premier « génome » de décembre 2019 (Fan Wu et coll.) provenait d'un virus, mais grâce au raisonnement circulaire de la virologie, des séquences similaires trouvées à d'autres endroits sont présentées comme la preuve de l'évolution d'un « virus ». Cependant, les méthodologies non contrôlées utilisées en font un arbre généalogique fictif in silico. La détection, ou la prétendue détection, de séquences génétiques sélectionnées dans l'environnement ne confirme pas l'existence d'un virus, étant donné que la provenance des séquences n'a pas été établie ou a été mal attribuée. Il en va de même pour les protéines détectées.

L'affirmation initiale selon laquelle il s'agissait d'un virus (IBV) (rappel : Avian Infectious Bronchitis Virus — virus de la grippe aviaire) remonte aux années 1930 et reposait sur les mêmes conclusions erronées tirées de la méthodologie employée dans les expériences de 1911 sur le « virus » du sarcome de Rous (voir page 12). Dans le cas de l'IBV, du matériel a été prélevé sur des poulets malades, passé à travers des filtres bactériens de Berkefeld et ensuite introduit dans les voies respiratoires d'autres poulets<sup>117</sup>. En se basant sur le fait que cela pouvait également rendre les oiseaux receveurs malades,

il a été déclaré que « ces résultats démontrent que la maladie est causée par un virus filtrable ». Cependant, aucune expérience n'a jamais démontré qu'une particule infectieuse était responsable des effets toxiques. En bref, les arbres phylogénétiques des « coronavirus » qui ont été créés depuis les années 1980 ne sont pas la preuve de « l'évolution des virus », mais d'un système de commercialisation à plusieurs niveaux qui n'a pas de produit physique établi.

Le danger pour l'Humanité réside dans le fait que les génomes putatifs des coronavirus issus des spéculations des virologues sont désormais utilisés comme modèles pour créer et injecter des produits à des destinataires malchanceux qui ont été trompés et incités à croire que la dernière invention de la virologie était réelle. En d'autres termes, les inventions génomiques fictives de la virologie ont été utilisées pour créer des interventions médicales et politiques totalement inutiles. La biotechnologie dangereuse et hautement expérimentale de l'ARNm et des nano lipides a tué plus de personnes que tous les autres vaccins combinés au cours des 30 dernières années, et nous commençons à peine à en faire le compte<sup>118</sup>.

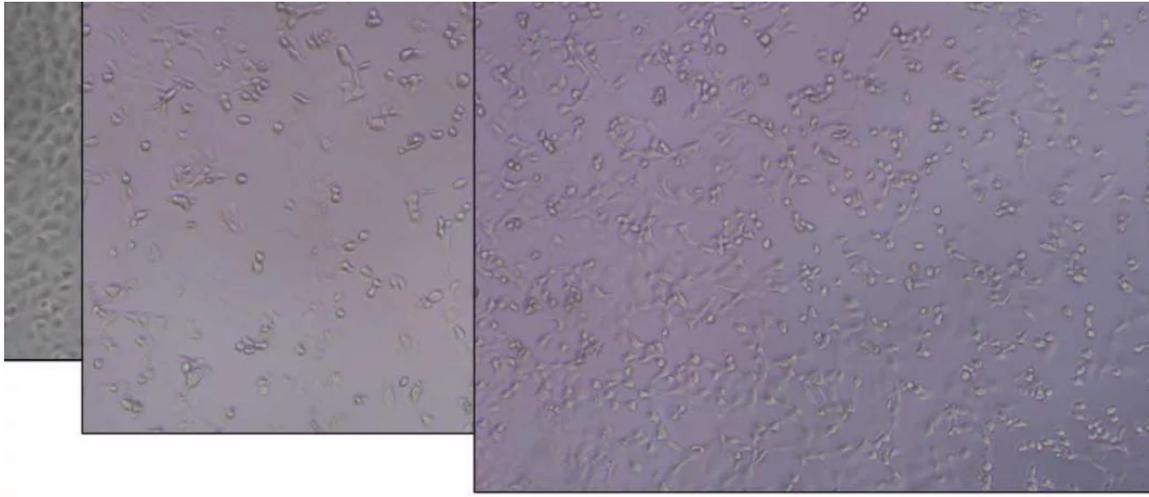
## **Les affirmations du CDC au sujet du SARS-CoV-2**

Avec une lenteur désormais familière, les CDC ont mis huit mois à répondre à une demande de liberté d'information concernant leur affirmation selon laquelle ils

avaient « isolé le SRAS-CoV-2 » dans leur publication de juin 2020 sur les maladies infectieuses émergentes, « Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 from Patient with Coronavirus Disease, United States » (Syndrome Respiratoire Aigu Sévère Coronavirus 2 provenant d'un patient ayant la maladie Coronavirus), par Jennifer Harcourt et coll.<sup>119</sup>. Les questions posées aux CDC par ma collègue [\[32\]](#) étaient simples et comprenaient ce qui suit :

« Le scientifique qui a rédigé cet article a-t-il utilisé des groupes de contrôle ? Si oui, les groupes de contrôle ont-ils utilisé les mêmes formulations de mélanges de cultures cellulaires que les groupes expérimentaux sans l'échantillon contenant les virus présumés ? ... En résumé, si des groupes de contrôle ont été utilisés, veuillez donner des détails sur les groupes de contrôle »<sup>120</sup>. Au lieu de demander à Jennifer Harcourt ou à l'un des membres de son équipe de répondre à cette simple demande, le CDC a répondu, le 29 mars 2022, qu'il avait « localisé 37 pages de documents pertinents et une feuille de calcul Excel », prétendument en rapport avec les documents demandés<sup>121</sup>. En résumé, les « documents pertinents » du CDC comprenaient les éléments suivants<sup>122</sup>.





**Figure 6.** Dans leur réponse FOIA du 29 mars 2022 [CDC-Harcourt-mock-infected-MS-PACKAGE-redacted.pdf \(fluoridefreepeel.ca\)](#), les détails de la diapositive de l'expérience « fictive » n'ont pas été fournis par le CDC, bien qu'ils aient été spécifiquement demandés. Les autres diapositives sont censées prouver les effets cytopathiques (et donc l'existence *implicite*) du SARS-CoV-2.

1. Des courriels internes du CDC ont partagé des images telles que la figure 6, censées montrer « des photos de la portée du N-CoV 2019 potentiel du premier cas américain ». Les microbiologistes chercheurs des CDC, Azaibi Tamin, espèrent que « certains de ces 7 lysats montrent que l'ECP (rappel : effet cytopathologique — effet sur les cellules de culture) est causé par le N-CoV 2019 », tandis que Stephen Lindstrom commente qu'il s'agit de « très belles cellules malheureuses ». Natalie Thornburg, chef de l'équipe d'immunologie des virus respiratoires, a ensuite demandé « s'ils pouvaient envoyer les fichiers JPEG ou TIFF originaux de leurs images d'ECP ? Je veux commencer à travailler sur une figure de qualité pour la publication. »

2. Les numéros d'accès GenBank MT020880 et MT020881, qui figuraient dans la publication Harcourt et coll./CDC et étaient déjà accessibles au public.
3. L'article de Na Zhu et coll. publié dans le New England Journal of Medicine, « A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019, »<sup>123</sup> qui, selon la microscopiste électronique du CDC Cynthia Goldsmith, «présente deux très belles images ME (de microscopie électronique) dans la figure 3, l'une provenant d'un "épithélium des voies respiratoires humaines"». Nous avons traité des folies de cet article dans *La Fraude COVID-19 et la Guerre contre l'Humanité*, Na Zhu et coll. étant également coupables d'expériences incontrôlées de décomposition de cultures de tissus au cours desquelles ils ont baptisé « 2019-nCoV » des micrographies électroniques de vésicules extracellulaires dont la composition et la fonction biologique n'ont pas été prouvées<sup>124</sup> (L'un des coauteurs de l'article, Wenjie Tan, a déclaré à Torsten Engelbrecht le 18 mars 2020 qu'ils avaient « une image de particules virales sédimentées, pas de particules purifiées »<sup>125</sup>. Ainsi, l'affirmation selon laquelle il s'agit de « particules virales » n'est qu'une affirmation, car aucune partie de l'article ne démontre la composition ou la fonction biologique de ces vésicules imagées).
4. Une feuille de calcul contenant les résultats non informatifs du seuil de cycle de la PCR pour « 4 virus » qui ont été soumis au laboratoire de diagnostic des virus

respiratoires des CDC.

5. Une page commençant par « pour des raisons de commodité administrative et pour répondre pleinement à votre demande, le personnel du programme a fourni les informations suivantes avec les liens Internet correspondants », qui ne fournit absolument aucune information sur la manière dont les expériences d'« isolement viral » du CDC ont été convenablement contrôlées.

Le 23 décembre 2021, Christine Massey a également soumis une demande au CDC afin d'obtenir tous les détails de l'expérience de Harcourt et coll. « simulant une infection », y compris « la quantité de matériel provenant d'échantillons d'écouvillons nasopharyngés et oropharyngés non infectés qui a été ajoutée au groupe de contrôle de la culture cellulaire » <sup>126</sup>. Le CDC a finalement répondu à la demande de Massey le 10 mai 2022 avec 36 pages d'informations tout aussi inutiles et l'excuse suivante :

*En ce qui concerne certaines parties de votre demande, une recherche dans nos archives n'a pas permis de trouver de documents relatifs à votre demande. Ces parties concernent votre demande concernant spécifiquement « ... des cultures cellulaires — des détails du groupe expérimental : » et « des cultures cellulaires — des détails du groupe de contrôle infecté fictif » et « le séquençage du génome entier — détails de la pureté et du contrôle : » Votre demande a été envoyée au Centre*

*National pour l'Immunisation et les Maladies Respiratoires* (en anglais National Center for Immunization and Respiratory Diseases ou NCIRD) *pour recherche. Ils ont répondu que certains détails de votre demande n'étaient pas disponibles en tant qu'enregistrements contrôlés ou conservés par le CDC*<sup>127</sup>.

En d'autres termes, les CDC semblent ignorer totalement qu'ils ne suivent pas la méthode scientifique ou ils ont compris que la partie était perdue et s'engagent dans des réponses fallacieuses. Dans les deux cas, ils ne peuvent être pris au sérieux en tant que source d'information scientifique fiable s'ils promeuvent également des expériences non contrôlées comme preuve de l'existence de virus.

### **Les divulgations de Peng Zhou et coll.**

Il est arrivé que des chercheurs fournissent des réponses concernant leurs méthodologies et que, intentionnellement ou non, ils soient étonnamment francs au sujet de leurs expériences non scientifiques. Le 3 février 2020, Peng Zhou et coll. ont publié dans *Nature* leur article intitulé « A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin » (Une épidémie de pneumonie associée à un nouveau coronavirus d'origine probable de chauve-souris), affirmant « l'identification et la caractérisation d'un nouveau coronavirus (2019-nCoV) »<sup>128</sup>. Dans leur expérience d'« isolement », les auteurs ont

produit des images montrant des ECP apparents dans les cellules Vero E6 prétendument « infectées par le 2019-nCoV » [\[33\]](#), mais aucun ECP dans les « cellules infectées de manière fictive » <sup>129</sup>, ces dernières étant censées être (le groupe) « contrôle ». Mais quelle était la nature de cette apparente expérience de contrôle ? Les détails n'ayant pas été fournis dans l'article publié, ils ont été contactés par l'un de mes collègues en août 2021, qui a obtenu des aveux surprenants de l'un des coauteurs de l'article, Xing-Lou Yang. Tout d'abord, outre le fait qu'il n'y avait pas d'expériences de contrôle positif (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<sup>130</sup>. Lorsqu'on lui a demandé pourquoi cette variable avait été modifiée, la réponse a été la suivante : « l'intention de l'Anti-Anti (les deux antibiotiques) est d'empêcher la contamination par des bactéries ou des champignons pendant l'isolement du virus, donc une concentration de 1 % ou 2 % n'a pas affecté la croissance cellulaire. La concentration de 2 % dans la première génération visait simplement à empêcher la contamination des échantillons »<sup>131</sup>.

Mon collègue a suggéré de refaire l'expérience de « contrôle » avec une dose plus élevée d'antibiotiques pour s'assurer qu'il ne s'agissait pas d'un des facteurs induisant des ECP dans la lignée de cellules rénales. Yang a ensuite fourni une réponse évasive : « si vous

pouvez vous assurer que vous pouvez empêcher la contamination par des bac (bactéries) ou des champignons, vous n'aurez pas besoin d'utiliser l'Anti-Anti' <sup>132</sup>, semblant ignorer le point crucial selon lequel les antibiotiques supplémentaires eux-mêmes pourraient être toxiques pour les cellules (en particulier parce que la streptomycine est connue pour être néphrotoxique). À tout le moins, ils avaient modifié d'autres variables par rapport à leurs contrôles et avaient donc invalidé encore davantage leurs résultats.

Une autre révélation stupéfiante des auteurs est que dans leur groupe expérimental, seul un puits sur 24 contenant des cultures de cellules rénales Vero E6 présentait des signes d'ECP<sup>133</sup>. Ainsi, ce qui devrait être considéré comme une marge d'erreur expérimentale constitue la base de l'une des déclarations d'un nouvel agent pathogène prétendument mortel, décrit dans un article qui, en juillet 2022, a été consulté 1,34 million de fois et cité plus de 10 000 fois<sup>134</sup>. Les autres auteurs qui citent cet article se rendent-ils compte de l'étroitesse des « preuves » sur lesquelles est construit ce château de cartes appelé COVID-19 ? Peut-être ne seraient-ils pas perturbés par une telle révélation, étant donné que les expériences biologiques sont de plus en plus abandonnées tandis que les « génomes » in silico sont de manière absurde prétendus fournir des preuves adéquates de l'existence des virus. Dans le cas de Zhou et coll., leur simulation informatique a été fièrement

proclamée « être identique à 96 % au niveau du génome entier à un coronavirus de chauve-souris ». Ils ont décidé de mettre en forme leur nouvelle invention virale par rapport à cette séquence, en se basant sur l'absurdité que « des études antérieures ont montré que certains SARS-CoV de chauve-souris ont le potentiel d'infecter les humains »<sup>135</sup>. Leur logiciel a assemblé ce qui est devenu les numéros d'accès GenBank MN996527-MN996532 et cette forme de fausse « preuve », qui manque également de contrôles valides, a été documentée dans le présent essai.

#### 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 coll. et sa méthodologie précédemment non divulguée : doubler les antibiotiques dans le groupe expérimental pour observer des ECP dans seulement un puits sur 24. Il est déclaré que cela constitue une preuve de l'existence d'un nouvel agent pathogène viral, le « 2019-nCoV », qui sera plus tard rebaptisé SARS-CoV-2.

### **Plus de tromperie en provenance de Wuhan ?**

Début 2022, un mathématicien travaillant avec le Dr Stefan Lanka a publié une analyse des données de séquences associées produites par Fan Wu et coll.<sup>136</sup> La

conclusion en est surprenante :

*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 coll.)... Il n'est pas prouvé que seuls des acides nucléiques viraux ont été utilisés pour construire le génome viral revendiqué pour le SARS-CoV-2. En outre, en ce qui concerne la construction du brin de génome viral revendiqué, aucun résultat d'éventuelles expériences de contrôle n'a été publié. Ceci est également vrai pour toutes les autres séquences de référence prises en compte dans le présent travail. Dans le cas du SARS-CoV-2, un contrôle évident consisterait à s'assurer que le génome viral revendiqué ne peut pas être assemblé à partir de sources d'ARN insoupçonnées d'origine humaine ou même autre.*

[\[34\]](#)

Outre le fait que les méthodes actuelles de la virologie pour trouver 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 SARS-CoV-2 ont annoncé leur nouveau virus au Monde. En effet, cette analyse indépendante n'a permis d'obtenir que 28 459 contigs, soit nettement moins que le nombre (384 096) décrit par Fan Wu et coll. En outre, le contig le plus

long obtenu indépendamment 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 :

*L'alignement avec la base de données de nucléotides le 05/12/2021 a montré une correspondance élevée (98,85 %) avec "l'ARN de l'Homo sapiens, 45 S préribosomal N4 (RNA45SN4), ribosomal ARN" (GenBank : NR\_146117.1, daté du 04/07/2020). Cette observation contredit l'affirmation de [1] selon laquelle l'épuisement de l'ARN ribosomal a été effectué et les lectures de séquences humaines ont été filtrées à l'aide du génome humain de référence (human release 32, GRCh38.p13). Il convient tout particulièrement de noter que la séquence NR\_146117.1 n'a été publiée qu'après la publication de la bibliothèque de séquences SRR10971381 examinée ici. Cette observation souligne la difficulté de déterminer a priori l'origine exacte des fragments d'acide nucléique individuels utilisés pour construire les séquences génomiques virales revendiquées.*

Quoi qu'il en soit, les problèmes ne se sont pas arrêtés là. La distribution de la couverture de certains contigs était extrêmement inhomogène et, compte tenu du taux d'erreur élevé, on s'est demandé si certaines des séquences n'étaient pas simplement générées par les

conditions d'amplification de la PCR elles-mêmes. Là encore, il s'agit d'une méthode anti-scientifique, car des expériences de contrôle appropriées (avec des échantillons similaires provenant de l'homme) ne sont pas réalisées pour examiner ces possibilités. L'analyse indépendante a révélé que Fan Wu et coll. auraient pu trouver de meilleures correspondances consensuelles in silico pour le « VIH » et le « virus de l'hépatite D » que pour un « nouveau coronavirus » chez leur homme de 41 ans de Wuhan, qui a présenté une pneumonie comme l'un des premiers cas déclarés de COVID-19. Si les virologues 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 diseurs de bonne aventure sauraient-ils ce qu'il faut rechercher ?

### **L'amorçage du Professeur Stephen Bustin d'une pandémie de tests PCR**

*Les scientifiques ont tendance à supposer que tout ce qui n'est pas de leur ressort est vrai et qu'ils peuvent s'y fier.*  
*David Crowe après son interview de Stephen Bustin en avril 2020. <sup>137</sup>*

[\[35\]](#)

Pour entretenir l'illusion de la « pandémie » de COVID-19, il fallait des cas. Ceux-ci ont été fournis par le plus vaste programme de « dépistage » humain jamais mis en

œuvre, impliquant des milliards de kits PCR distribués dans le monde entier. Nous ne comprenons toujours pas pourquoi Stephen Bustin, qui est un « expert de renommée mondiale en matière de PCR quantitative et dont les recherches portent sur la transformation des techniques moléculaires en outils pratiques, robustes et fiables à usage clinique et diagnostique »<sup>138</sup>, n'a pas souligné de manière décisive l'utilisation inappropriée du processus de PCR. Bustin était l'auteur principal de la publication de 2009, « The MIQE Guidelines: Minimum Information for Publication of Quantitative Real-Time PCR Experiments »<sup>139</sup> (Informations minimales pour la publication d'expériences de PCR quantitative en temps réel), dans laquelle les considérations conceptuelles clés pour les expériences de PCR en temps réel sont décrites comme suit :

1. **2.1 La sensibilité analytique** fait référence au nombre minimum de copies dans un échantillon qui peut être mesuré avec précision par un test, tandis que la **sensibilité clinique** est le pourcentage de personnes atteintes d'un trouble donné que le test identifie comme étant positives pour ce trouble...
2. **2.2 La spécificité analytique** fait référence au test qPCR qui détecte la séquence cible appropriée plutôt que d'autres cibles non spécifiques également présentes dans un échantillon. La **spécificité diagnostique** est le pourcentage de personnes ne souffrant pas d'une affection donnée et que le test identifie comme étant

négatives pour cette affection.

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<sup>140</sup>. Le mot « spécificité » n'apparaît qu'une seule fois dans l'article de Corman-Drosten et il n'avait rien à voir avec le diagnostic d'un état clinique, et encore moins d'une infection virale. Il n'y a pas eu de « détection du 2019-nCoV » comme le prétend l'article, tout ce qui a été établi est la spécificité analytique de leur test pour détecter des séquences cibles sélectionnées. Il s'agissait d'une expérience de réaction moléculaire *in vitro* avec une technologie d'acide nucléique synthétique qui ne nécessite pas l'existence d'un virus. En outre, il n'a pas été établi comment le résultat de la PCR était lié à un état clinique, c'est-à-dire qu'il n'a jamais été démontré que les kits PCR COVID-19 permettaient de diagnostiquer quoi que ce soit chez un sujet humain. Une maladie inventée basée sur un virus fictif.

[\[36\]](#)

Outre la question de la spécificité, le fait, qui n'a pas été très médiatisé, que l'expert mondial en PCR ait déclaré à David Crowe en avril 2020 que (même selon les propres termes de la virologie) qualifier un résultat de PCR de coronavirus de « positif » après 36-37 cycles, comme c'était le cas partout dans le Monde, était « un non-sens absolu. Cela n'a aucun sens »<sup>141</sup>. Cependant, la fraude

de la PCR est apparue encore plus clairement lorsque Eric Coppelino [\[37\]](#) a interviewé Bustin sur Planet Waves FM en février 2021<sup>142</sup>. L'intention de Coppelino était d'obtenir plus de détails sur l'étape problématique de la transcription inverse (RT) du processus de RT-PCR, mais il a été stupéfait, après l'interview, de réaliser que ce qu'il pensait être un test parfois inexact était complètement frauduleux<sup>143</sup>. Bustin a semblé mal à l'aise lorsque Coppelino a fait remarquer que tous les résultats positifs de la PCR étaient qualifiés de « cas d'infection confirmé », même s'ils ne présentaient aucun symptôme<sup>144</sup>. Au lieu d'admettre que la spécificité diagnostique des kits PCR n'avait jamais été établie, Bustin a proposé des explications périphériques telles que l'affirmation que « les unités de soins intensifs sont débordées en ce moment ». Il a ensuite défendu les protocoles PCR utilisés en affirmant que « cette pneumonie était causée par ce virus. Ce virus a commencé à apparaître et de plus en plus de personnes présentaient les mêmes symptômes. Et ces amorces détectaient ce virus ». Lorsque Coppelino l'a interrogé sur l'absence d'isolement du virus pour pouvoir faire ces affirmations, Bustin a répondu que « la manière dont la séquence a été établie en prélevant des échantillons sur le patient original, en cultivant quelque chose et en le séquençant, puis en désassemblant la séquence, et ce qui en est ressorti, c'est le virus du SARS. Malheureusement, M. Bustin a confirmé le mauvais usage que fait la virologie du mot « isolement »

et la terminologie floue utilisée pour détecter un « virus ». La question cruciale est que la qualité de la conception des amorces importe peu — si la provenance ou l'importance des séquences génétiques amplifiées par la PCR sont inconnues, on ne peut tirer rien d'autre comme conclusion que leur simple présence. Bustin peut rassurer le monde sur les performances analytiques potentiellement très élevées d'un protocole PCR, mais c'est au niveau de l'établissement de ses performances diagnostiques que le bât blesse. Même si l'existence physique du SARS-CoV-2 avait été démontrée et que la PCR était acceptée comme un outil de diagnostic valable, Bustin devrait admettre qu'aucun des tests PCR n'a été développé comme le précisent ses lignes directrices MIQE (voir ci-dessus) et qu'aucun ne peut être considéré comme cliniquement validé.

Il est surprenant qu'au cours de cette même interview, il ait nié toute connaissance préalable de la fausse épidémie de coqueluche à Dartmouth-Hitchcock, dans le New Hampshire, en 2006, lorsque le kit PCR mis en place a donné lieu à un taux de faux positifs de 100 % <sup>145</sup>. Bustin a déclaré en avoir pris connaissance juste quelques jours avant l'entretien, quelques 15 ans après les faits, en lisant sur le site Web de Coppolino un article qui lui avait été fourni pour les besoins de l'entretien. Pourtant, l'incident était bien connu et avait fait l'objet d'une couverture dans le New York Times, avec des commentaires de nombreux professionnels de la santé

publique et des professionnels des tests de diagnostic<sup>146</sup>. En 2006, Bustin était professeur de biologie moléculaire et il n'est pas étonnant que le spécialiste de la PCR n'ait reçu aucune demande de renseignements de la part de collègues médicaux en 2006, lorsque l'incident s'est produit. En effet, à l'époque, il y avait très peu d'experts en PCR à contacter et c'était une première indication de la manière dont la PCR pouvait être utilisée de manière catastrophique comme outil de diagnostic clinique. Comme si cela ne suffisait pas, il s'agissait d'un incident où le microbe prétendument responsable (la bactérie *Bordetella pertussis*) peut être physiquement isolé et ses séquences génétiques confirmées pour que la PCR puisse être calibrée à son encontre. En revanche, les protocoles PCR SARS-CoV-2 sont simplement calibrés sur des fragments génétiques d'origine inconnue. Lorsque Coppolino a insisté sur ce point, Bustin a répondu : « Eh bien, vous savez, il s'agit d'une méthode standard, donc je ne peux pas vraiment faire d'autres commentaires à ce sujet, si ce n'est que pour moi, c'est parfaitement acceptable et c'est la façon de procéder »<sup>147</sup>.

Au moment où Bustin a été interrogé par Coppolino, il avait déjà coécrit et soumis un article intitulé « COVID-19 and Diagnostic Testing for SARS-CoV-2 by RT-qPCR- Facts and Fallacies » (Covid-19 et les tests de diagnostic pour le SARS-CoV-2 par RT-qPCR et erreurs) qui a été publié plus tard en février 2021<sup>148</sup>. Dans cet article, Bustin et ses collègues déclarent que « le test (de Corman-

Drosten) a fonctionné et était spécifique, et a démontré la sagacité et l'altruisme stupéfiants des scientifiques impliqués, ainsi que la vitesse remarquable avec laquelle les tests basés sur la PCR peuvent être développés et mis en pratique". Si l'on ne tient pas compte de l'éloge flatteur, la question évidente demeure, spécifique à propos de quoi ? Bustin et ses collègues veulent-ils dire que les tests PCR sont spécifiques (a) de courtes séquences d'ARN ciblées, (b) d'un coronavirus connu sous le nom de SARS-CoV-2, ou (c) de la maladie inventée par l'OMS et connue sous le nom de COVID-19 ? L'article de Corman-Drosten n'a fait qu'établir 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 concepteur des lignes directrices MIQE sait certainement que, sur les trois, seule la première a été scientifiquement établie et que rien n'était, ou n'a été, validé pour une application clinique. Et pourtant, son article poursuit avec un non sequitur ridicule que : « Le test PCR est parfaitement adapté aux tests à grande échelle, comme le démontrent chaque jour les millions de tests effectués à ce jour ». Bustin aurait-il oublié que les « tests » ne sont qu'un outil d'amplification moléculaire ? Comme l'inventeur de la PCR, le Dr Kary Mullis, l'a mis en garde en 1993 : "Je ne pense pas que l'on puisse utiliser la PCR à mauvais escient, non, les résultats, l'interprétation qu'on en fait (sont utilisés à mauvais escient)" 149.

La PCR amplifie simplement des séquences génétiques sélectionnées et la réaction moléculaire elle-même n'a pas la capacité de déterminer leur provenance ou la pertinence de leur présence. Si un protocole PCR particulier est exécuté correctement et que sa sensibilité et sa spécificité analytiques sont connues à 100 %, on peut dire qu'un résultat positif n'a rien fait d'autre que de confirmer la présence d'une séquence cible. Toutefois, si l'on prétend que la PCR est un outil de diagnostic, il devrait être évident que des études de validation clinique devraient être réalisées avant que le test ne soit introduit dans la pratique clinique. L'article de Corman-Drosten a sauté cette étape et l'OMS a accepté la fraude en plaçant des versions du protocole PCR sur son site Web le 13 puis le 17 janvier 2020, avant même la publication de l'article<sup>150</sup>. Après cela, la PCR a simplement été utilisée par le biais d'un raisonnement circulaire pour prétendre diagnostiquer des « infections » chez les personnes.

La phase suivante, aux premiers stades de la prétendue pandémie, a impliqué des « experts » tels que le professeur associé Sanjaya Senanayake, spécialiste australien des maladies infectieuses, qui a diffusé auprès du public des affirmations infondées sur l'exactitude des tests. Dans une interview accordée le 26 avril 2020, il a déclaré qu'en ce qui concerne le test COVID-19, « il n'y a pas de véritable étalon-or auquel le comparer... pour le COVID-19, nous n'avons pas de test étalon, donc les tests actuels que nous utilisons, les tests PCR... sont notre

étalon-or, mais en essayant de contourner ce problème, nous pensons qu'ils détectent probablement environ 70 % des cas »<sup>151</sup>. Senanayake a laissé entendre que si vous n'avez pas d'étalon-or, vous pouvez simplement supposer qu'un nouveau test PCR peut se valider de lui-même. Cependant, cela va à l'encontre de toutes les connaissances en matière de validation des tests. Cette entorse aux principes établis de la logique de validation ne permet pas de savoir comment il a calculé que le test fonctionnait « environ 70 % » du temps, sans parler de la gymnastique mentale qu'implique un « étalon-or » qui ne se détecte lui-même que 70 % du temps. On pourrait admettre, comme il l'a fait par inadvertance, qu'« il n'y a pas de véritable étalon-or » dans les tests COVID-19, car le véritable étalon-or est quelque chose qui n'existe pas, à savoir l'isolement physique et la preuve de la présence d'une particule virale.

L'OMS ne s'est pas préoccupée de l'absence d'étalon-or ou de preuve de l'existence d'un virus et a cimenté l'escroquerie de la PCR en déclarant qu'un cas de COVID-19 était « une personne dont le laboratoire (en 2020, typiquement la PCR) confirme l'infection par le COVID-19, indépendamment des signes et symptômes cliniques »<sup>152</sup>. Dans cette seule phrase, elle proclame que les tests PCR non validés cliniquement ont une spécificité diagnostique de 100 % et déforme de façon absurde le sens du mot « infection » pour y inclure des personnes qui n'ont aucun signe ou symptôme. L'étymologie du mot

« infection » provient du latin *infectere*, qui signifie « souiller ». Le *Mosby's Medical Dictionary 2009* définit l'infection comme "(1) l'invasion de l'organisme par des micro-organismes pathogènes qui se reproduisent et se multiplient, provoquant une maladie par des lésions cellulaires locales, la sécrétion d'une toxine ou une réaction antigène-anticorps chez l'hôte, et (2) une maladie causée par l'invasion de l'organisme par des micro-organismes pathogènes" <sup>153</sup>. Bien que l'auteur ne se prononce pas sur le caractère pathogène ou non des microbes, le sens établi du terme « infection » se rapporte à un état pathologique — sinon, un terme tel que « commensalisme » <sup>154</sup> devrait être utilisé. L'OMS a inventé une nouvelle définition absurde de la « pandémie » <sup>155</sup> et subvertit à présent la définition de l'infection — qui la déconnecte du concept de maladie par la seule utilisation des résultats de la PCR. Kary Mullis n'aurait pas pu dire plus simplement que la PCR n'est « qu'un processus utilisé pour faire beaucoup de quelque chose à partir de quelque chose » <sup>156</sup>. Malheureusement, à plusieurs reprises au cours de l'ère COVID-19, des personnalités influentes telles que Bustin et Senanayake ont soutenu l'utilisation par les virologues d'un outil de fabrication moléculaire pour faire toutes sortes d'affirmations infondées, y compris la capacité non ratifiée de diagnostiquer une nouvelle infection et la détection d'un prétendu virus.

Il convient de noter qu'une interprétation erronée et

biaisée de la PCR semble commencer avant même que le processus d'amplification n'ait commencé. Par exemple, le « High Pure Viral RNA Kit » (Kit d'acide nucléique viral de haute pureté) de Roche, utilisé pour préparer les échantillons pour la PCR, indique qu'il « isole rapidement l'ARN viral du plasma, du sérum, des fluides corporels et des surnageants de culture cellulaire des mammifères »<sup>157</sup>. Les informations fournies sur le produit n'indiquent pas clairement comment le kit sépare l'ARN viral présumé des autres ARN présents dans l'échantillon<sup>158</sup>. Le processus comprend une étape additive de liaison de l'« ARN porteur poly (A) », mais les séquences polyadénylées ne sont pas spécifiques<sup>159</sup>, et les étapes suivantes de tamponnage et de centrifugation décrites ne permettraient pas non plus de différencier la provenance de l'ARN. Malgré cela, la section « protocoles » proclame que le produit final est un « ARN viral purifié »<sup>160</sup>, de sorte que toute personne croyant cette affirmation infondée pense que son résultat RT-PCR positif ultérieur est la preuve de l'existence d'un virus. Il en va de même pour le « High Pure Viral Nucleic Acid Kit » de Roche, utilisé par des équipes telles que celles de Na Zhu et de Peng Zhou, qui affirment avoir découvert le SARS-CoV-2 dans des échantillons de patients et des expériences de culture cellulaire. Une fois de plus, Roche affirme de manière fallacieuse que les étapes décrites dans la section « protocoles » permettraient d'obtenir des « acides nucléiques viraux purifiés »<sup>161</sup>.

Incidentement, Bustin a été interrogé spécifiquement sur les affirmations de Roche lorsque la question suivante lui a été posée : « Je suppose que le kit doit être capable de distinguer les AN (acides nucléiques) viraux de tous les autres. Les acides nucléiques viraux ont-ils une propriété chimique unique ? » Il a répondu : « Le processus d'extraction n'est pas spécifique à un acide nucléique particulier, mais il peut être spécifique à certains types d'acides nucléiques. Certains kits peuvent extraire l'ADN ou l'ARN de manière différentielle (*sic*), mais cela signifie que *n'importe quel ADN et ARN* sera présent dans l'échantillon extrait (je souligne)... Une petite quantité du matériel extrait est ensuite soumise à la réaction PCR. C'est ce qui assure la spécificité. »<sup>162</sup> En d'autres termes, Bustin n'a pas tenté d'expliquer les allégations frauduleuses de Roche, mais a brouillé les pistes en remplaçant la spécificité de la provenance des acides nucléiques par la spécificité des séquences sélectionnées pour la PCR. Il s'agit là d'un tour de passe-passe linguistique qui a permis l'apparition d'un « virus » à partir de rien.

### **3e Partie**

#### **Petit Chien de Montagne — Naïf ou éclairant au gaz ?**

*Je ne l'aurais jamais vu si je n'y avais pas cru*

*Ashleigh Brilliant*<sup>163</sup>

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

Le 29 janvier 2020, un scientifique chinois en virologie connu sous le nom de « Winjor Little Mountain Dog » (Winjor Petit Chien de Montagne) a posté un texte intitulé « Documentation de la première expérience de découverte d'un nouveau coronavirus »<sup>164</sup>. Ce texte décrit l'histoire passionnée d'un initié déterminé à faire éclater la vérité sur ce qui s'est passé à Wuhan au cours du mois précédent et qui a réellement « découvert » 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 le cadre de la charade COVID-19, le texte est certainement suspect

de faire partie d'une opération d'éclairage au gaz. Par ailleurs, la relative facilité avec laquelle on peut déduire de quel laboratoire provient l'histoire fait apparaître l'auteur comme 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 découvrir des virus dans les passages sélectionnés suivants.

*Je viens de me mettre au travail le 26 décembre 2019. Comme d'habitude, je vais d'abord parcourir les résultats de l'interprétation automatique des micro-organismes pathogènes mNGS pour ce jour.*

Ici, l'auteur a décrit son laboratoire effectuant des NGS métagénomiques sur des échantillons bruts de patients, comme indiqué dans les sections précédentes de cet essai. Il a défini 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 constaté qu'un échantillon présentait un agent pathogène sensible — le coronavirus du SARS, avec des dizaines de séquences, et que seul cet échantillon présentait un tel agent pathogène significatif.*

Il s'agit là d'un saut incroyable : à partir de diverses séquences détectées dans un spécimen brut, on passe à la description d'un « agent pathogène », apparemment sur la base du fait qu'un programme informatique peut

l'établir. Non seulement ça, mais l'ordinateur a trouvé un « coronavirus du SARS », dont on sait qu'il est associé à l'état clinique du « syndrome respiratoire aigu sévère ».

*... ce pathogène est le plus similaire au coronavirus Bat SARS [38], avec une similarité globale d'environ 87 % et une similarité avec le SARS [SARS-CoV-1] d'environ 81 %. Le nombre de séquences dans l'alignement est passé de quelques dizaines à plus de 500. En outre, 5 contigs ont été assemblés, ce qui représente plus de 1 200 pb [39]. À l'heure actuelle, on peut essentiellement confirmer qu'il s'agit d'un coronavirus... Dans une situation aussi urgente, on n'a pas le temps de faire des recherches dans la littérature et on ne dispose pas de beaucoup de données... Nous avons ensuite analysé des milliers de génomes de coronavirus à la manière d'un tapis et les avons évalués en termes de similarité, de couverture et même de distribution des génomes, pour finalement trouver les deux génomes les plus similaires, bat-SL-CoVZC45 et bat-SL-CoVZXC21.*

Et c'est ainsi qu'il est « confirmé » que le virus a existé sur la base de la comparaison de certains nouveaux assemblages *in silico* avec d'autres assemblages *in silico* précédemment soumis à des bases de données génétiques. L'auteur poursuit en décrivant l'activité suivante, à savoir l'analyse de l'arbre phylogénétique et la construction d'un chemin évolutif pour le dernier ajout à l'arbre généalogique fictif de la virologie. Il y a une absence totale de quelque appréciation que ce soit du fait

qu'un virus doit avoir une existence physique réelle en tant que particule distincte avec des caractéristiques biologiques spécifiques, y compris la capacité d'infecter des hôtes et de *provoquer* des maladies. L'auteur se contente d'affirmer que « l'analyse a essentiellement confirmé la présence d'un virus dans l'échantillon de ce patient ». Plus loin dans le texte, ils font preuve d'une certaine prudence en ce qui concerne la pathogénicité clinique, mais restent convaincus de son existence en faisant le commentaire suivant : « si la pneumonie a été causée par ce virus, nous ne l'avons pas analysé ni ne pouvons 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'un certain nombre de patients présentaient des symptômes similaires... Ce qui m'a vraiment rendu nerveux, c'est qu'un ami et un homme d'affaires ont partagé la séquence pour que nous l'analysions. Je l'ai analysée et il s'agissait bien du même virus ! La première pensée du subconscient est « ce virus est contagieux » !*

Il n'est pas certain que l'auteur savait que les « symptômes similaires » affligeant les patients décrits à Wuhan étaient tous des symptômes respiratoires non spécifiques. À ce jour, COVID-19 n'est pas une maladie *clinique* définie de manière officielle, les cas « confirmés » faisant simplement référence au résultat d'un processus de détection moléculaire<sup>165</sup>. En outre, nous avons déjà traité du raisonnement circulaire et du processus

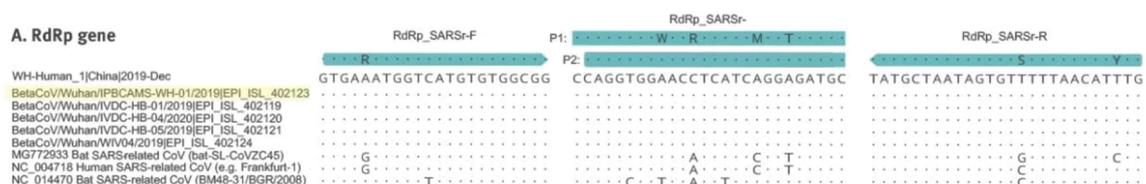
autoréférentiel consistant à inventer un « génome de virus » par le biais de la méthodologie de la virologie, puis à prétendre que la détection d'assemblages presque identiques dans d'autres endroits confirme que « le même virus » a été trouvé<sup>166</sup>.

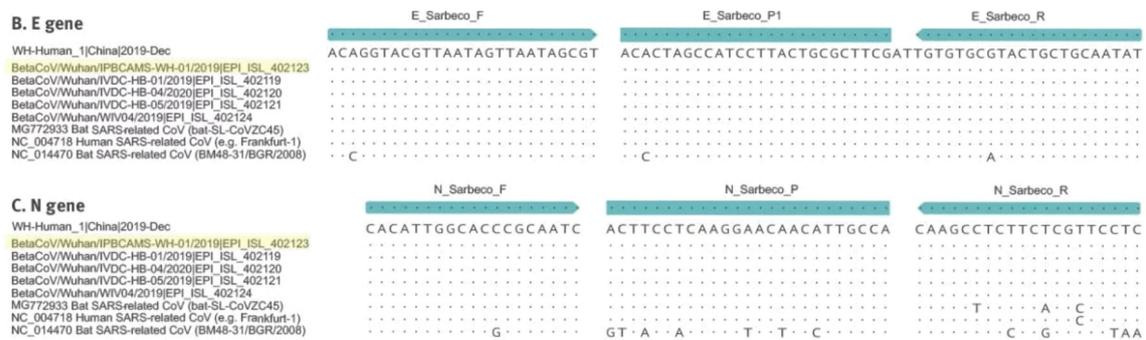
*La nervosité est due au fait que ce virus inconnu pourrait être aussi terrifiant que le SARS ; l'excitation est due au fait que nous avons détecté et confirmé cet agent pathogène à un stade précoce grâce à la technologie mNGS et que nous avons mis le patient en quarantaine ; il est peut-être possible de prévenir et de contrôler le virus avant qu'il ne se propage largement, étranglé dans le berceau ! ... J'espère également qu'après ce nouvel incident lié au coronavirus, la capacité du pays à gérer des événements majeurs en matière de santé publique a fait de grands progrès... Pour autant que je sache, nous aurions dû être les premiers à découvrir ce virus, car c'est après que nous avons communiqué les résultats que le système de contrôle des maladies a commencé à intervenir.*

Il appartient au lecteur de décider si l'auteur croit vraiment qu'il a été le premier à découvrir le SARS-CoV-2 et que les experts en santé publique ont ces capacités, ou si ce texte a été conçu et « divulgué » comme un autre élément de la propagande du COVID-19. Il n'y a jamais eu de virus à propager. La seule chose qui s'est répandue dans le monde, à part la peur, c'est le « génome » fictif de WH-Human 1 et les tests PCR qui ont été calibrés sur ses

séquences. La « pandémie » aurait pu être stoppée net par le rejet de ces tests ; au lieu de cela, des « experts » en santé publique ignorants ont adhéré à l'antiscience de la virologie et participent depuis à la fraude COVID-19.

Petit Chien de Montagne aurait voulu que l'on sache que son laboratoire était « le premier à découvrir le virus », après la collecte de son échantillon de Wuhan le 24 décembre 2019 et la soumission ultérieure à la base de données GISAID le 11 janvier 2020 sous l'ID d'accès [40] « EPI\_ISL\_402123 ». Avec la séquence *in silico* de Fan Wu et coll., EPI\_ISL\_402123 a été utilisé dans la conception des protocoles PCR par l'équipe de Christian Drosten (voir la figure 8 ci-dessous). Cependant, comme l'a souligné David Rasnick, « ils n'ont jamais touché à un virus ». Cela confère un élément d'ironie à l'hypothèse de la « fuite du laboratoire », un récit qui est apparu dans les médias grand public dès début février 2020. <sup>167</sup> Le « virus » a certainement été inventé dans un laboratoire, mais il s'agissait d'un laboratoire informatique et la seule entité qui a été divulguée intentionnellement était une simulation informatique. Les résultats de la simulation ont été envoyés dans le monde entier sous forme de code numérique sur Internet et les amorces PCR qui en ont résulté, déployées *en masse* dans des kits, ont créé les « cas » de la fraude COVID-19.





**Figure 8.** Le dépôt GISAID « EPI\_ISL\_402123 » de Petit Chien de Montagne. Il est apparu aux côtés du dépôt « WH-Human\_1|China|2019-Dec » de Fan Wu et coll. pour le protocole RT-PCR de Corman-Drosten, où il est 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 2019 (2019-nCoV) par RT-PCR en temps réel ».

L’histoire de Petit Chien de Montagne s’est poursuivie avec un éditorial intitulé « Alors que la pandémie explosait, un chercheur a vu le danger. Les dirigeants chinois ont gardé le silence », paru dans le Washington Post le 22 avril 2022<sup>168</sup>. On y apprend que Petit Chien de Montagne travaillait dans un laboratoire commercial, « Vision Medicals », à Guangzhou, dans le sud de la Chine, et que « son histoire met en évidence une dissimulation aux conséquences tragiques d’une ampleur historique. Un grave danger a été dissimulé jusqu’à ce qu’il soit trop tard ». L’éditorial présente toutes les allégations virologiques comme valables et déclare ironiquement que « l’épisode sert à souligner une fois de plus pourquoi une enquête sérieuse est nécessaire pour

faire toute la lumière sur la façon dont la pandémie a commencé ». Une enquête sérieuse sur ce sujet démontre qu'au fond de cette « pandémie », il n'y a rien d'autre que des absurdités, inventées par les virologues et publiées par des organes tels que le *Washington Post*.

### **La diversion « Fuite du laboratoire »**

*Vous supposez ici que la variole est une chose, une entité. Cette erreur est commise par presque tous les adeptes de la soi-disant « école régulière », et ce sera probablement une nouvelle idée pour vous que de vous dire que ni la variole ni aucune autre maladie n'est une entité, mais un état.*

*Dr Montague R. Levenson, 1909. <sup>169</sup>*

Le 19 mai 2022, Jeffrey Sachs, président de la Commission COVID-19 du Lancet, a rédigé avec Neil Harrison un article intitulé « A call for an independent inquiry into the origin of SARS-CoV-2 virus<sup>170</sup> ». (Appel à une enquête indépendante sur l'origine du virus du SARS-CoV-2). La publication s'ouvre sur le cadrage suivant de la situation COVID-19 :

*Depuis l'identification (sic) du SARS-CoV-2 à Wuhan, en Chine, en janvier 2020, l'origine du virus a fait l'objet d'un débat scientifique intense et de spéculations publiques. Les deux principales hypothèses sont que le virus est apparu à la suite d'une exposition humaine à un animal infecté (« zoonose ») ou qu'il est apparu lors d'un incident*

lié à la recherche.

Toutefois, l'affirmation selon laquelle il existe « deux hypothèses principales » repose sur l'acceptation du fait que « l'identification du SARS-CoV-2 » signifie que la particule a à la fois une existence physique et les propriétés biologiques spécifiques requises pour répondre à la définition d'un virus. C'est-à-dire un parasite intracellulaire transmissible, capable de se répliquer, qui provoque la prétendue nouvelle maladie « COVID-19 ». Comme cela a été souligné dans *La Fraude COVID-19 & la Guerre contre l'Humanité*, il n'existe aucune preuve de l'existence de la particule ni de la nouvelle maladie proposée<sup>171</sup>. De plus, dans cet essai, il y a eu une analyse plus détaillée de l'article de Fan Wu et coll. et de leur fausse affirmation concernant « l'identification » d'un virus à Wuhan au début de l'année 2020. D'autre part, les partisans de la fuite des laboratoires, tels que Sachs et Harrison, commencent leur analyse en acceptant sans réserve les prémisses non établies de la virologie.

Dans leur article, ils citent des aspects tels que « la collecte de CoV de chauve-souris similaires au SARS 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 de virus collectés sur le terrain et le séquençage et la manipulation ultérieurs de ces virus, reste inconnue ». Ils ne se rendent manifestement pas compte que les « CoV de chauve-souris similaires au SARS » ne

sont rien d'autre que des intestins de chauve-souris broyés, prétendument « pathogènes » par l'injection de la bouillie directement dans le cerveau de rats nouveau-nés. La manipulation de ces échantillons peut être un moyen d'obtenir des subventions et d'impressionner les non-initiés, mais elle ne change rien à la réalité biologique. De telles expériences ne permettent pas d'établir que leurs échantillons contiennent des virus ou qu'ils ont des propriétés pathogènes dans le monde naturel. S'ils ne peuvent même pas démontrer l'existence de virus dans leurs tentatives publiques, il n'y a pas lieu de s'inquiéter — ce qui se passe derrière des portes closes n'a pas d'importance puisqu'il n'y a pas de virus au départ.

En ce qui concerne le « génome du SARS-CoV-2 » proposé par les virologues, Sachs et Harrison déclarent qu'ils « ne savent pas si l'insertion du FCS (site de clivage de la furine<sup>172</sup>) est le résultat d'une évolution naturelle — peut-être par le biais d'un événement de recombinaison chez un mammifère intermédiaire ou un humain — ou si elle est le résultat d'une introduction délibérée du FCS dans un virus de type SARS dans le cadre d'une expérience de laboratoire ». Ils seraient mieux avisés d'examiner comment il a été établi que les séquences ou les protéines qu'ils analysent appartiennent à un virus pathogène. Le débat de ces dernières années sur les subtilités du FCS n'est qu'un microcosme dans le paradigme erroné plus large de la génomique et de la protéomique « virales ».

De même, leur mention de prétendues recherches sur les virus menées à l'Université de Caroline du Nord (UNC) ou de propositions de subventions ayant fait l'objet de « fuites », telles que « DEFUSE », adressées à la Defense Advanced Research Projects Agency des États-Unis (Agence des Projets de Recherche Avancée de Défense) ne constitue pas une preuve de l'existence de virus<sup>173</sup>. [\[41\]](#). Pour être clair, il n'est pas contesté que des institutions telles que l'UNC expérimentent depuis des décennies des entités telles que les protéines de pointe. Certaines de ces séquences ont été brevetées et utilisées dans le développement d'agents biologiques injectables, récemment imposés à de nombreuses personnes sous la forme de vaccins COVID-19<sup>174</sup>. Cependant, rien de tout cela n'exige l'existence de particules qualifiées de virus.

Malheureusement, le livre des revendications de la virologie est devenu si alambiqué que la plupart des lecteurs ne se rendent pas compte qu'il est en grande partie composé d'absurdités. Quelques jours après la publication de l'article de Sachs et Harrison, *The Intercept* a pensé qu'il était également sur une piste d'investigation concernant « la théorie intrigante de l'ingénierie virale »<sup>175</sup>. Il a fait état d'une étude de 2016 de l'UNC

Chapel Hill<sup>176</sup> associé à Ralph Baric déclarant que « les scientifiques ont créé un nouveau virus en utilisant la pointe d'un coronavirus de chauve-souris qui avait été isolé et caractérisé par l'Institut de Virologie de Wuhan (WIV — pour Wuhan Institute of Virology) ». On peut

supposer que l'auteur ne comprend pas à quel point les virologues utilisent le mot « isolé » de manière trompeuse. En outre, la figure 1 de la page 10 met en évidence l'affirmation absurde selon laquelle le WIV aurait « purifié des virions » qui auraient ensuite été utilisés par Baric et coll. pour « créer un nouveau virus ». Rien ne prouve que l'un ou l'autre laboratoire disposait d'autre chose qu'une soupe anormale de culture de cellules rénales de singe. L'hypothèse de la fuite de laboratoire n'est qu'un autre récit 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. Au cours des derniers mois, le récit fondé sur la peur s'est poursuivi avec des déclarations d'épidémies de variole du singe, la détection présumée de « virus » de la polio à Londres, et la théorie de la fuite du laboratoire COVID-19 a même 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<sup>177</sup>. Il semble probable qu'il y aura d'autres histoires de « fuites de laboratoire » à l'avenir si elles continuent à capter l'attention de manière aussi efficace.

Comme l'histoire de Petit Chien de Montagne », l'histoire de la fuite du laboratoire repose sur aucune démonstration scientifique de l'existence d'un virus, mais simplement sur la *croyance* en l'existence d'un virus, à l'aide de quelques preuves apparentes. Dans le même ordre d'idées, en

novembre 2020, l'Institut Lowy, qui se décrit comme un « groupe de réflexion sur la politique internationale » australien, a publié un article contenant l'introduction suivante :

*En avril 2020, le Dr Ai Fen, chef du service des urgences de l'hôpital central de Wuhan, a accordé une interview au magazine chinois Renwu. Elle a décrit avec force détails comment, fin décembre 2019, elle avait commencé à recevoir aux urgences de nombreux patients présentant des symptômes grippaux qui résistaient aux traitements habituels. Elle a raconté comment elle a « eu des sueurs froides » lorsque le premier rapport sur le virus de l'un de ces patients est revenu. Elle s'est empressée d'entourer les mots « coronavirus du SARS », a fait une capture d'écran du rapport et l'a envoyé à ses collègues. Très vite, son rapport a fait le tour des cercles médicaux de Wuhan. Mais au lieu de mobiliser l'hôpital et les autorités, le Dr Ai a été réprimandée par le comité disciplinaire de l'hôpital pour « propagation de rumeurs » et « atteinte à la stabilité ». Plutôt que d'avertir le personnel et le public, les autorités de l'hôpital ont demandé au personnel de ne pas porter d'équipement de protection individuelle et ont relayé les instructions du comité local de protection de la santé selon lesquelles, pour éviter de semer la panique, il était interdit aux médecins de partager des messages et des rapports relatifs au virus<sup>178</sup>.*

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 voir clair dans les faussetés — aucun de ces cadres ne nécessite un véritable virus. Entourer d'une mention « coronavirus du SARS » dans un « rapport sur les virus » ne repose sur rien d'autre que sur les simulations dans un bureau de Fan Wu et d'autres équipes.

Un autre médecin, Li Wenliang, salué par la BBC comme un « lanceur d'alerte »<sup>179</sup>, aurait également été censuré par les autorités chinoises après avoir partagé le rapport du Dr Ai. Le Dr Li, âgé de 33 ans, serait mort du COVID-19 après avoir « contracté le virus alors qu'il travaillait à l'hôpital central de Wuhan ». La promotion somptueuse de cette « dissimulation » par les médias corporatistes et Wikipédia<sup>180</sup> serait comique si elle ne faisait pas partie d'une guerre contre l'Humanité. Toutes ces histoires nous ramènent au même récit de peur impliquant un virus contagieux et « mortel ». Cela permet à cette fraude de se propager et ouvre la voie à d'autres fraudes similaires à l'avenir. L'auteur est stupéfait de constater qu'un si grand nombre de membres de la communauté des « défenseurs de la santé » ne font confiance à aucune des affirmations des médias institutionnels concernant le COVID-19, à l'exception de la déclaration selon laquelle un virus mortel est en liberté, ce qui constitue le plus grand mensonge de tous.

L'affirmation selon laquelle les dépôts de brevets relatifs aux « coronavirus » constituent une preuve 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 »<sup>181</sup> dans le cadre des activités de la société :

*surveiller les violations éventuelles du protocole de 1925 concernant la prohibition d'emploi à la guerre de gaz asphyxiants, toxiques ou similaires et de moyens bactériologiques (protocole de Genève) et de la convention de 1972 sur l'interdiction de la mise au point, de la fabrication et du stockage des armes bactériologiques ou à toxines et sur leur destruction (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 comme le Dr Ralph Baric et son équipe de l'UNC Chapel Hill, aucun de ces documents ne contient de preuve scientifique de l'existence des 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 ne font que reprendre les affirmations des virologues. Le dossier n'était pas une preuve irréfutable de l'existence d'activités de « gain de fonction » impliquant des virus pathogènes. Peut-être que ceux qui pensaient qu'il l'était n'ont pas tenu compte de l'avertissement de Martin qui dit que « tout au long de ce document, l'utilisation de termes communément acceptés dans la littérature médicale et scientifique n'implique pas

l'acceptation ou le rejet du dogme qu'ils représentent ».

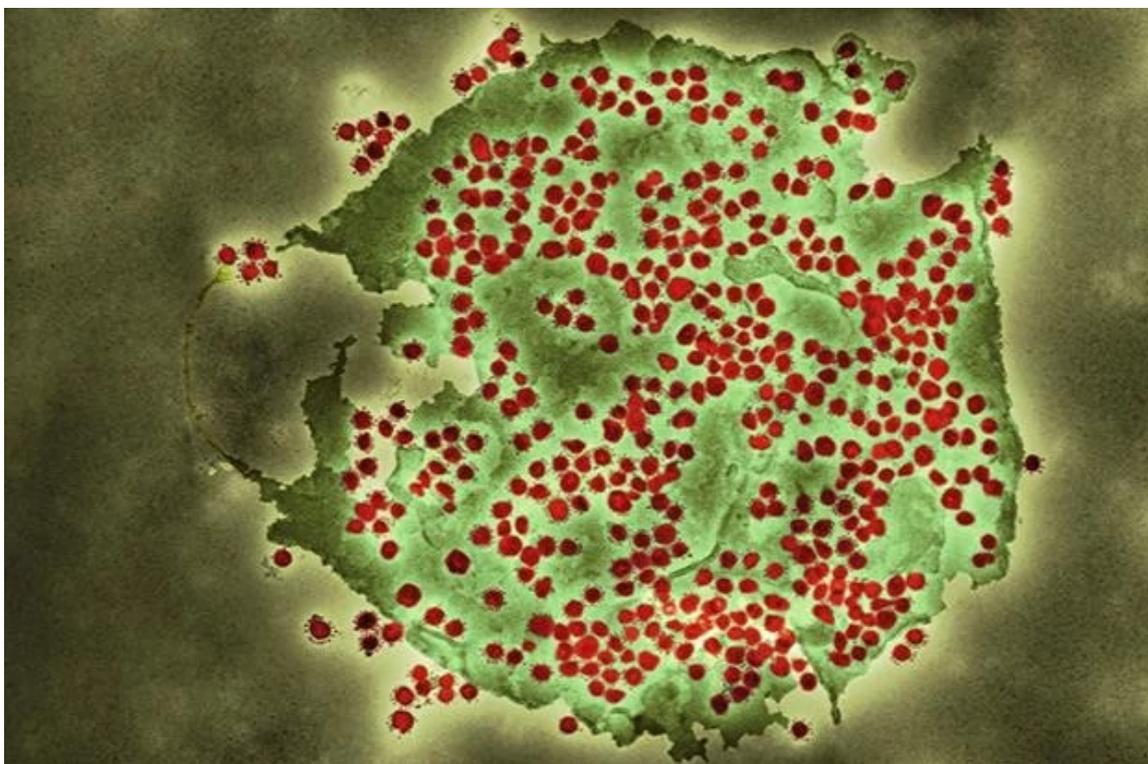
## **Virologie et société close**

*Je ne suis pas un scientifique, mais c'est le droit et le devoir de chaque citoyen de regarder et de voir ce que les scientifiques ont dit, de l'analyser par lui-même et d'en tirer des conclusions sensées. Nous sommes tous parfaitement capables de le faire, et il n'y a aucune raison particulière pour que la nature scientifique du problème nous oblige à remettre notre liberté entre les mains des scientifiques.*

*Lord Sumption, 2020. <sup>182</sup>*

C'est l'Agence de sécurité sanitaire du Royaume-Uni (UKHSA pour United Kingdom Health Security Agency) qui a fourni l'une des réponses les plus étranges jamais vues en ce qui concerne la dissimulation de la véritable nature des contrôles supposés dans leurs prétendues « expériences d'isolement et de séquençage du SRAS-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 constituait une « preuve » du virus SARS-CoV-2<sup>183</sup>. Mon collègue, qui avait fait la demande, n'a pas du tout été dupe d'une image générée par ordinateur qui n'était accompagnée d'aucune information sur la source de l'image ou sur la manière dont elle avait été produite. L'UKHSA a continué à tâtonner sur le plan scientifique,

déclarant que les virus « ont besoin d'un substrat cellulaire hôte pour se répliquer. L'isolement d'un virus sans milieu n'est donc pas possible... Ces milieux et tous les produits ajoutés sont tous stériles et ne contiennent pas de matériel génétique supplémentaire » <sup>184</sup>. Nous ne pouvons que spéculer sur ce que l'UKHSA pense que les cellules hôtes contiennent, si ce n'est du matériel génétique ! À l'instar des CDC, l'équipe d'intervention a également semblé laisser entendre que l'article de Na Zhu et coll. intitulé « A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019 » (Un nouveau coronavirus provenant de patients atteints de pneumonie en Chine, 2019) permettait de confirmer que la particule de virus SARS-CoV-2 imaginée avait une existence physique.



**Figure 9:** The <https://uksa.blog.gov.uk/2021/02/05/what-do-we-know-about-the-new-COVID-19-variants/>L'affirmation

farfelue de « preuve » du SARS-CoV-2 du 27 octobre 2021.

Mon collègue a fait remarquer à l'UKHSA qu'elle n'avait aucune preuve de l'existence d'un virus et que, de ce fait, elle s'impliquait elle-même en « blessant inutilement des personnes en leur inspirant de la peur, en leur retirant sommairement leurs droits et en les contraignant à suivre un traitement inutile et nuisible, ce qui est moralement répréhensible<sup>185</sup> ». Sans se décourager, il a écrit à nouveau à l'UKHSA quelques mois plus tard pour demander la divulgation de la méthodologie complète des expériences de culture cellulaire et de tout contrôle comparatif dans le document de Public Health England, « Duration of infectiousness and correlation with RT-PCR cycle threshold values in cases of COVID-19, England, January to May 2020 » (Durée de l'infectiosité et corrélation avec les valeurs seuils du cycle RT-PCR dans les cas de COVID-19, Angleterre, janvier à mai 2020)<sup>186</sup>. La lettre de réponse de l'UKHSA datée du 25 mars 2022 contenait un texte qui représentait soit une conspiration entre l'OMS et des États-nations souverains pour ne pas divulguer les détails de la tromperie de la « culture virale » qui est au cœur de la fraude du COVID-19, soit une profonde ignorance de la part de l'UKHSA en décrivant le SRAS-CoV-2 comme un « virus à haut risque »<sup>187</sup>.

*Conformément à la section 1 (1) (a) de la loi, l'UKHSA peut confirmer qu'elle détient les informations demandées concernant les questions ci-dessus. Toutefois, les*

*informations demandées ne peuvent être divulguées en vertu de l'article 24 (1) — Exemption pour Sécurité Nationale. La section 24 (1) prévoit que les informations sont exemptées si l'exemption de la section 1 (1) (b) est nécessaire pour sauvegarder la sécurité nationale. Par « nécessaire », on entend que le recours à l'exception est raisonnablement nécessaire...*

*Les facteurs qui justifient le maintien de l'exemption sont les suivants :*

- La divulgation de ces informations constituerait une information technique très détaillée, un transfert de savoir-faire, qui irait directement à l'encontre d'une demande explicite de l'Organisation Mondiale de la Santé (OMS) à Santé Publique Angleterre (Public Health England ou PHE, aujourd'hui UKHSA) en 2020 de ne pas divulguer ou diffuser largement les détails de l'amplification de la culture du SARS-CoV-2 ;*
- La divulgation de ces informations consisterait à détailler la méthodologie exacte utilisée dans l'amplification du virus pour un virus désigné à haut risque, nécessitant un confinement de niveau 3, et pourrait constituer une menace pour la biosécurité nationale et mondiale si elle était communiquée à un membre du public non identifié ou non vérifié ou à des agents mal intentionnés*
- La divulgation de ces informations permettrait d'acquérir un important savoir-faire qui pourrait, dans certaines circonstances, être considéré comme une menace pour la*

*biosécurité*<sup>188</sup>.

Un réexamen de cette décision a été demandé par mon collègue, mais la décision a été confirmée par l'UKHSA le 3 mai 2022, au motif que la communication des détails de l'expérience de culture cellulaire « a été compensée par la menace que la divulgation fait peser sur la sécurité nationale »<sup>189</sup>. On ne voit pas très bien en quoi le fait de garder secrets les détails de leur méthodologie expérimentale est nécessaire aux efforts du Royaume-Uni pour « sauvegarder la sécurité nationale ». Il a été révélé que les virologues n'effectuent pas d'expériences de contrôle valables et que leurs affirmations concernant « l'isolement de virus » n'ont pas été établies dans la littérature scientifique. Les autorités craignent-elles que, si elles admettent cela officiellement, il y aura une révolte lorsque le grand public réalisera les crimes qui ont été commis sur la base d'affirmations provenant d'expériences virologiques frauduleuses ? Leur obstruction officielle à la divulgation de ces informations au public, invoquant la « biosécurité », est paradoxale étant donné que l'existence du prétendu « virus à haut risque » n'a pas été démontrée.

Maggie Throup, sous-secrétaire d'État parlementaire chargée des vaccins et de la santé publique, est peut-être la seule à avoir surpassé les réponses complètement folles de l'UKHSA. Dans un courriel adressé à sa collègue députée Rachael Maskell le 27 juin 2022, Mme Throup a déclaré que,

*« L'Agence britannique de sécurité sanitaire (UKHSA) n'utilise pas les postulats de Koch dans le COVID-19, car ils sont trop restrictifs et suggèrent une association plutôt qu'une causalité. Koch a également abandonné ses postulats lorsqu'il a découvert un portage asymptomatique. Les critères de Bradford-Hill sont plus couramment utilisés lorsqu'il s'agit d'associer un virus à une maladie. Il convient toutefois de noter que le SARS-CoV-2 répond aux postulats de Koch, comme le démontre l'article suivant, où un modèle animal a été utilisé »<sup>190</sup>.*

Comme cela a été souligné plus haut dans cette section de l'essai, il est absurde de prétendre que les postulats pourraient être satisfaits alors que l'existence du microbe postulé n'a jamais été établie. En outre, l'article de 2020 auquel Throup fait référence est « The pathogenicity of SARS-CoV-2 in hACE2 transgenic mice »<sup>191</sup> (La pathogénicité du SARS-CoV-2 chez les souris transgéniques hACE2). Cet article n'a jamais établi qu'il y avait un virus dans ses échantillons, n'avait pas de contrôles valides, ne suivait pas les postulats de Koch et présentait d'autres aspects de la fraude<sup>192</sup>. Cependant, Throup a continué à promouvoir des absurdités virologiques en prétendant qu'une autre étude<sup>193</sup> « démontre l'évolution de la maladie COVID-19, à partir du moment où une personne rencontre pour la première fois le SRAS-CoV-2, tout au long de l'infection jusqu'au moment où le virus est apparemment éliminé ». Une fois de plus, l'article affirmait simplement qu'il y avait un virus

dans leurs échantillons et n'avait aucun contrôle valide, sans parler des autres aspects non scientifiques de l'étude qui ont été traités ailleurs, y compris la réfutation complète de l'article par ViroLIEgy alors qu'il s'agissait d'un avant-tirage<sup>194</sup> [\[42\]](#). En d'autres termes, les politiciens tels que Throup répètent les absurdités de la virologie et soumettent ainsi leurs électeurs à une gamme obscène de conséquences inutiles et parfois mortelles.

### **Séquençage métagénomique : le dernier soupir de la virologie ?**

*L'ambition réductionniste de la biologie moléculaire ne risque-t-elle pas d'être contrariée par le volume des données qu'elle produit, voire par l'intérêt passionnant de leur collecte ?*

*Sir John Maddox<sup>195</sup>*

Le coût du séquençage a chuté de façon spectaculaire depuis 2001, lorsqu'il s'élevait à plus de 5 000 \$ US par mégabase brute (Mb), jusqu'en 2007, lorsqu'il était d'environ 500 \$ US par Mb, après quoi il a chuté précipitamment à 0,005 \$ US par Mb vers le milieu de l'année 2021<sup>196</sup>. En outre, l'émergence du séquençage de nouvelle génération (NGS) vers 2005 a entraîné une réduction massive du temps nécessaire au séquençage des génomes. Comme l'indique un article paru en 2017 dans *Biology and Medicine*,

*Le génome humain, par exemple, est constitué de*

*3 milliards de paires de bases... le séquençage du génome humain à l'aide du séquençage Sanger a pris près de 15 ans, a nécessité la coopération de nombreux laboratoires dans le monde entier et a coûté environ 100 millions de dollars US, alors que le séquençage par des séquenceurs NGS à l'aide du 454 Genome Sequencer FLX a pris deux mois et a coûté environ un centième de ce coût<sup>197</sup>.*

Le même document poursuit en indiquant que « malheureusement, les NGS sont incapables (sic) de lire la séquence d'ADN complète du génome, ils sont limités au séquençage de petits fragments d'ADN et génèrent des millions de lectures. Cette limite reste un point négatif, en particulier pour les projets d'assemblage du génome, car elle nécessite des ressources informatiques importantes. »

Il est souligné qu'en ce qui concerne la virologie, une préoccupation bien plus importante que les « ressources informatiques » est qu'un processus qui peut être utilisé pour le séquençage du matériel génétique de provenance connue (par exemple les cellules humaines, bactériennes et fongiques) s'est transformé en un assemblage algorithmique de fragments génétiques de provenance inconnue. C'est sur cette base que les chasseurs de virus identifient ce qu'ils prétendent être des virus. Les ressources informatiques ne sont plus un problème pour les virologues, car ils extraient des informations de leurs méthodologies totalement anti-scientifiques de « pipeline

de laboratoire humide » impliquant des échantillons bruts et introduisent ces lectures non filtrées générées dans leur « pipeline de laboratoire sec » théorique et ses modèles *in silico*. [43]

Il semblerait que la combinaison de coûts de séquençage massivement réduits et de délais raccourcis ait accéléré la descente de la virologie vers une antiscience supplémentaire, 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 la réduction en esclavage. Une publication d'octobre 2019 dans *Critical Reviews in Microbiology* (Revisions critiques en microbiologie) affirme que « le mNGS (NGS métagénomique) donne de bons résultats dans l'identification de pathogènes rares, nouveaux, difficiles à détecter et coinfectés directement à partir d'échantillons cliniques »<sup>198</sup>. Cependant, « donne de bons résultats » en ce qui concerne l'identification de nouveaux « pathogènes viraux » n'a pas de sens, car ils sont également tombés dans le tourbillon du raisonnement circulaire de la virologie. La plupart des « nouveaux agents pathogènes » qu'ils ont énumérés dans leur article étaient des virus dérivés de la technique moderne « indépendante de la culture » prétendument avantageuse de la mNGS. Cependant, une fois de plus, si personne ne peut cultiver ou isoler physiquement de prétendus virus, comment peut-on prétendre que les diverses séquences génétiques présentes dans les

échantillons environnementaux proviennent de ces virus ? Comme cela a été souligné, la déclaration de Fan Wu et coll. d'un « nouveau coronavirus » à Wuhan était entièrement basée sur de telles séquences génétiques. La tentative de la virologie de faire passer cette méthodologie pour une preuve de l'existence de particules virales a introduit une hypothèse infalsifiable qui n'est pas conforme à la méthode scientifique.



**Figure 10.** Le système *MiniSeq* d'*Illumina* — comment l'équipe de Fan Wu et d'autres chercheurs trouvent des « virus » in silico au 21<sup>e</sup> siècle grâce à des algorithmes informatiques. Ce processus se déroule dans le cadre d'un laboratoire sec, sans qu'il soit nécessaire de démontrer l'existence d'une particule infectieuse à l'origine d'une maladie.

La spécialisation (et l'automatisation croissante) du processus génomique conduit à une situation où peu de

personnes peuvent apprécier le tableau d'ensemble, depuis l'évaluation clinique d'un patient jusqu'aux séquences de nucléotides générées sur un écran d'ordinateur. Les virologues invalident le processus du « génome du virus » dès la première étape en n'établissant jamais qu'ils disposent d'une particule répondant 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 imaginaire. Au lieu de cela, ils prétendent que de telles déclarations peuvent être faites par consensus, que les séquences soient qualifiées de « non humaines » ou de « nouvelles » et qu'elles correspondent à des séquences « virales connues » qui ont été précédemment déposées dans les banques de données génétiques. Cependant, la Nature n'obéit pas aux histoires créées par l'homme.

Le processus métagénomique permet l'invention de novo de telles séquences virales et a permis au manège de la virologie de continuer à tourner au 21<sup>e</sup> siècle. Cependant, en raison de l'incapacité de la virologie à respecter ses propres postulats au cours du siècle dernier, il est presque certain que son avenir sera entièrement construit autour de cette mauvaise utilisation, ou du moins de cette mauvaise application, de la métagénomique. On peut espérer que l'incapacité récente de plusieurs organisations à prouver qu'elles effectuent des expériences de contrôle valables indique que les

pandémies virales sont à bout de souffle sur le plan scientifique. Elles ne pourront se propager qu'aussi longtemps que cette dernière fraude sera cachée au public. On peut s'attendre à ce que, dans le dernier souffle de la virologie, la métagénomique continue d'être vendue de manière trompeuse comme un « progrès technologique » et prétendant, de manière commode, comme ayant rendu obsolètes les preuves scientifiques appropriées.

Comme nous l'avons souligné, les folies de ces « avancées technologiques » peuvent généralement être mises en évidence en posant une simple question pour vérifier si elles respectent la méthode scientifique. Par exemple, en 2020, une équipe canadienne a affirmé qu'elle comparait diverses techniques pour « le séquençage du génome entier du SRAS-CoV-2 » à partir d'écouvillons nasaux prélevés sur deux personnes prétendument atteintes du COVID-19<sup>199</sup>. L'un des auteurs était le Dr Andrew McArthur, professeur agrégé de biochimie et de sciences biomédicales à l'université McMaster, au Canada. Il lui a été demandé s'ils avaient « (essayé) d'extraire l'ARN de témoins sains (personnes saines ou échantillons PCR négatifs) ou de surnageants non infectés, mais exempts de virus », pour voir s'ils pouvaient également assembler un « génome SARS-CoV-2 » grâce à leur méthodologie ?

McArthur a répondu que « nous n'avions pas d'écouvillons de témoins sains, mais l'étude comprenait des contrôles

négatifs pour les applications/bibliothèques, c'est-à-dire qu'aucun échantillon d'ARN n'était inclus »<sup>200</sup>. En effet, il n'y avait qu'une seule mention d'un « contrôle » dans l'article où il était dit : « une bibliothèque de contrôle négatif sans extrait d'ARN du SARS-CoV-2 a été incluse en utilisant l'amplification de l'ARTIC ». Une fois de plus, l'absence d'un contrôle valable, à savoir un échantillon d'origine humaine *dépourvu* du prétendu « virus », place cet article dans les vastes archives des absurdités métagénomiques de la virologie. Ironiquement, leur article affirme également que « COVID-19 est causé par le coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère (SARS-CoV-2), un nouveau coronavirus apparu en décembre 2019 », en citant l'article de Peng Zhou et coll. dont la fraude a été exposée plus haut dans cet essai.

## **Pourquoi s'interroger sur l'existence de virus pendant une guerre ?**

L'auteur a observé et a été en contact avec un certain nombre de personnes du mouvement « Health Freedom » [\[44\]](#) qui soutiennent qu'il est inutile de discuter de la question de savoir si l'existence du SRAS-CoV-2 ou de tout autre virus pathogène a été démontrée. Parmi les arguments avancés, on peut citer le fait que cela détourne l'attention des crimes commis contre l'Humanité, qu'il s'agit d'une erreur stratégique, car cela crée davantage de divisions, et que si l'hypothèse virale (ou la « théorie » des germes au sens large) est contestée, une théorie

alternative doit être présentée. Il n'est pas nécessaire de dresser une liste exhaustive des personnes qui avancent de telles affirmations, mais le Dr Roger Watson, universitaire britannique, a déclaré en mars 2022 : « Il est difficile de comprendre comment Sam Bailey parvient à ses opinions et il n'est pas nécessaire de nier l'existence du virus pour critiquer vivement la façon dont la pandémie a été gérée »<sup>201</sup>. La critique de Watson illustre ce que l'on espère avoir démontré comme étant une opinion mal informée qui repose sur la répétition des affirmations de la virologie. Notre point de vue ne devrait pas être difficile à comprendre pour ceux qui ont mené des enquêtes approfondies sur l'histoire, les méthodologies anti-scientifiques et les déclarations des virologues, y compris la déclaration d'un « nouveau coronavirus » en 2020, et qui se sont efforcés de communiquer cette fraude au public dans un langage clair.

Dans certains cas, ces critiques affirment que tout ce qui concerne la pandémie est une fraude, à l'exception de l'affirmation des virologues (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 qui font partie du mouvement pour la liberté, pourrait être que la répudiation de l'existence du virus se ferait au prix de la remise en question d'une grande partie du travail de toute une vie. Cependant, au cours d'une enquête, il ne faut pas s'arrêter pour des

raisons de commodité ou parce que l'état actuel des connaissances ne permet pas d'aller plus loin. Au contraire, c'est une grave erreur de laisser les « faits » fondamentaux être dictés par l'establishment de la virologie. Le cœur de la fraude du COVID-19 repose sur les affirmations de la virologie. Ce n'est pas une erreur stratégique que d'orienter notre énergie vers la mise en évidence des faiblesses de la virologie, sinon le fait de mettre en échec les réponses au COVID-19 tout en laissant intactes les absurdités de la virologie ouvre la porte à toutes sortes de « pandémies virales » à l'avenir. La compréhension de l'ensemble de la fraude élimine la peur infondée de la contagion et permet d'emprunter une voie plus solide vers une liberté durable.

## **Post-scriptum**

Quelle que soit la longueur d'un essai sur ce sujet, il y aura toujours plus de questions sous la forme de « mais qu'en est-il de... ? ». Le désir d'adapter les phénomènes observés au modèle viral est fortement programmé à de nombreux niveaux. Cet essai n'avait pas pour but d'expliquer les observations périphériques ou la cause de diverses maladies dans des organismes tels que l'homme. Comme cela a été détaillé, il suffit de démontrer que l'hypothèse virale s'est réfutée d'elle-même. Les virologues n'ont fourni aucune preuve directe de l'existence de virus pathogènes et ont eu recours à des observations indirectes qui ne sont pas valables en raison

de la nature incontrôlée des expériences [45]. De plus, en adhérant à la méthode scientifique, nous ne sommes pas obligés de fournir une autre explication à ces phénomènes — lorsqu'une hypothèse a été falsifiée, ne serait-ce qu'une seule fois, c'en est fini d'elle. Tragiquement, les explications à de nombreuses questions du type « mais qu'en est-il de... ? » ont déjà trouvé une réponse ailleurs, mais la séduction du « virus » et le poids des intérêts qui l'entourent ont créé une barrière de connaissances artificielle pour de nombreuses personnes. Dans cette optique, je me suis efforcé de servir le but le plus élevé que je connaisse et j'espère que mes contributions aideront l'Humanité à se débarrasser une fois pour toutes des chaînes virales imaginaires.

*Le progrès consiste non pas à accroître la vérité, mais à la libérer de ses enveloppes. La vérité s'obtient comme l'or, non pas en la faisant grossir, mais en la débarrassant de tout ce qui n'est pas de l'or.*

*Leo Tolstoy<sup>202</sup>*

## **Au sujet de l'auteur**

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

**Traduction Jean Bitterlin 24 décembre 2023**