

Comment reconnaître que les virologues nous ont trompés ?



[Source : cv19.fr]

Par le Dr. Mark Bailey

La question de l'existence de virus pathogènes reste importante, car la croyance en de tels virus mobilise des milliards de dollars de ressources et de fonds de recherche. Ces deux dernières années, nous avons également vu comment un prétendu virus peut être utilisé comme un outil politique pour mettre les populations au pas. Ce n'est pas la première fois que cela se produit : par exemple, la "découverte" du VIH dans les années 1980 a donné naissance à une industrie de plusieurs milliards de dollars et a également été utilisée à des fins politiques dans la plupart des régions du monde. (Les erreurs concernant l'existence de la particule du VIH et le fait qu'elle soit à l'origine du SIDA sont décrites dans *Virus Mania*<sup>FR</sup>. Pour ceux qui souhaitent approfondir le sujet, je recommande le magnus opus de The Perth Group sur ce sujet).

**C'était le premier jour de Steve à chercher des virus dans le laboratoire de génomique.**

**Il a demandé,  
"comment ça marche ?"**

**Jeremy a commencé à  
chantonner...**

**"1, 2...  
ajoutez-en un peu...  
99, Corona !"**



“Les virus sont de petits parasites intracellulaires obligatoires qui,

par définition, contiennent un génome d'ARN ou d'ADN entouré d'une enveloppe protéique protectrice, codée par le virus."

Medical Microbiology, 4th edition, 1996

Le journaliste indépendant Jeremy Hammond, qui se présente comme exposant la "dangereuse propagande d'État" entourant le COVID-19 et les dangers des vaccins, a ainsi fait la curieuse déclaration suivante en 2021 :

"l'affirmation fautive selon laquelle le SARS-CoV-2 n'a jamais été isolé (c'est-à-dire que son existence n'a jamais été prouvée) nuit considérablement à la crédibilité du mouvement pour la liberté de la santé et repose sur une ignorance totale de la science (le virus est constamment isolé et son génome entier est séquencé par des scientifiques du monde entier)".

Jeremy Hammond, 9 mars 2021

Je dirais que l'ignorance est du côté de Hammond, qui semble parvenir à sa conclusion en répétant essentiellement les affirmations des virologues et en rassurant le public sur la validité de leurs méthodologies. Ces dernières semaines, nous avons également vu le Dr Joseph Mercola présenter l'interview de Hammond et le blog de Steve Kirsch (qui fait également appel à l'autorité de la virologie) comme des "preuves" de l'existence du SARS-CoV-2. Kirsch déclare s'appuyer sur "les avis des experts en qui j'ai confiance", ce qui signifie qu'il a remis l'argument entre les mains d'autres personnes plutôt que d'enquêter lui-même sur la question. Mais est-il sage pour ces combattants de la liberté sanitaire qui s'opposent aux "experts" de l'establishment COVID de ne pas également remettre en question les virologues de l'establishment ?

Le Dr Andy Kaufman a produit une réfutation point par point du soutien de Hammond à la méthodologie d'"isolement" de la virologie moderne ici, tandis que le Dr Tom Cowan a prévenu que nous ne faisons que commencer à démanteler les absurdités de la virologie ici. Le Dr Sam Bailey a publié de nombreuses vidéos sur la question de l'isolement des virus, dont la plupart ont été interdites sur YouTube mais peuvent encore être trouvées sur Odysee. En outre, dans un essai que j'ai cosigné avec le Dr John Bevan-Smith, nous décrivons le premier pilier de la fraude COVID-19<sup>FR</sup> comme l'utilisation abusive du terme "isolement" par la virologie. En résumé, comme les virologues n'ont pas été en mesure d'isoler physiquement le moindre virus au siècle dernier, ils ont simplement changé la définition du mot, de sorte que même les virologues admettent que le terme est désormais utilisé de manière vague. Une situation étrange lorsque la méthode scientifique exige une terminologie précise.

J'ai observé au cours des deux dernières années que de nombreux scientifiques, médecins et journalistes sont heureux de sauter par-dessus ce gouffre de l'"isolement" et de citer les "génomomes de coronavirus" déposés dans des bases de données comme preuve que le virus doit exister. Par exemple, Steve Kirsch écrit dans son blog que :

"Je sais que Sabine Hazan a vérifié que la séquence du virus obtenue auprès de l'ATCC correspondait exactement à ce qu'elle a trouvé chez les personnes atteintes du virus."

Steve Kirsch, 10 janvier 2022

Il cite l'article de Hazan "Detection of SARS-CoV-2 from patient fecal samples by whole genome sequencing" comme preuve de cette affirmation. Kirsch admet qu'il ne sait pas comment les génomes ont été créés, mais ses...

"amis scientifiques semblent satisfaits avec eux. À 2 000 \$ la dose, je ne pense pas qu'ils commercialiseraient le produit s'il était contaminé et inutile. Ai-je tort ?"

Steve Kirsch, 10 janvier 2022

Malheureusement, il semble avoir été dupé par la façade high-tech du génie génomique de la virologie, où des "virus" sont créés à partir de diverses séquences génétiques détectées. En fait, il arrive que les séquences ne soient pas vraiment détectées du tout, comme l'expose le Dr Stefan Lanka dans ce qui pourrait être le coup de grâce de la virologie<sup>FR</sup>.

L'article de Hazan peut servir d'exemple de la méthodologie défectueuse utilisée pour créer ces "génomomes de virus". L'équipe de recherche a obtenu des échantillons de matières fécales de 14 participants et a procédé à l'examen des séquences génétiques qu'elle pouvait détecter dans ces échantillons. Le premier problème se pose dans la section "méthodes", lorsque l'équipe déclare que "le contrôle positif du SARS-CoV-2 de l'ATCC (SARS-CoV-2 inactivé par la chaleur, VR-1986HK ; souche 2019-nCoV/USA-WA1/2020) a été inclus tout au long du traitement de l'échantillon". Comment ont-ils su que l'échantillon contenait le virus inactivé ? Parce que l'ATCC (American Type Culture Collection) l'affirme sur son site Web en déclarant que "cette souche a été isolée à l'origine d'un cas humain dans l'État de Washington et a été déposée par les Centers for Disease Control and Prevention". Et comment les CDC ont-ils su qu'ils avaient le virus ? Parce qu'ils ont affirmé l'avoir trouvé dans cet article.



Volume 26, Number 6—June 2020

*Research*

## Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 from Patient with Coronavirus Disease, United States

“Coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère  
d’un patient atteint d’une maladie à coronavirus, États-Unis”  
Mais où était le virus ?

Dans le document des CDC, il est dit qu’ils ont recueilli “des spécimens cliniques d’un patient ayant contracté le COVID-19 lors d’un voyage en Chine et qui a été identifié à Washington, aux États-Unis”. Ils ont conclu que le patient avait le COVID-19 sur la base d’un résultat de PCR qui a détecté certaines séquences dites provenir du SARS-CoV-2. Mais à ce stade, ils n’avaient aucune preuve de l’existence d’un virus – tout ce qu’ils avaient, c’était quelques séquences génétiques détectées chez un patient atteint d’une infection virale présumée. Après avoir réalisé une expérience de culture tissulaire en tube à essai sur leur échantillon clinique et prétendu qu’il y avait des preuves de la présence d’un virus en raison d’effets cytopathiques<sup>FR</sup> non spécifiques, ils ont commencé à construire leur “génom”. Ils déclarent que “nous avons utilisé 50 µL de lysat viral pour l’extraction de l’acide nucléique total pour les tests de confirmation et le séquençage.” Il s’agit d’un autre tour de passe-passe, car il n’a pas été démontré que le “lysate viral” provenait d’un virus, il s’agit simplement d’une soupe de cultures de cellules fragmentées et d’autres additifs.

L’affirmation selon laquelle ils ont “extrait l’acide nucléique des isolats” est tout aussi trompeuse. Ils ont laissé entendre qu’ils ont isolé un virus et qu’ils savent quelles séquences d’ARN proviennent de son contenu. Cependant, cela nécessiterait que les prétendues particules virales soient réellement isolées physiquement par purification, ce qu’ils n’ont pas fait. Et je dis “présumées” parce que même s’ils purifiaient les particules, il faudrait encore démontrer qu’elles répondent à la définition d’un virus – y compris le fait d’être un parasite et l’agent causal de la maladie – ce qui n’a pas été démontré par ces auteurs ni par aucun autre<sup>FR</sup>.

Dans tous les cas, comment ont-ils su quelles séquences génétiques

appartenait au "virus" en premier lieu ? Ils ont "conçu 37 paires de PCR emboîtées couvrant le génome sur la base de la séquence de référence du coronavirus (numéro d'accèsion GenBank NC045512)". Et d'où vient cette "séquence de référence" ? Cela se rapporte à l'article de Fan Wu, et al décrivant l'homme de 41 ans qui a été admis à l'hôpital central de Wuhan le 26 décembre 2019 avec une pneumonie bilatérale et malgré l'absence de nouvelles caractéristiques cliniques, on a dit qu'il était atteint d'une maladie qui a ensuite été appelée "COVID-19".

Voir : La fraude du Covid-19 et la guerre contre l'humanité

Le spécimen était constitué de lavages pulmonaires bruts, il contenait donc un mélange de cellules humaines et potentiellement toutes sortes d'autres micro-organismes et fragments génétiques. Ils ont simplement affirmé qu'il y avait un virus dans le mélange. À partir de cet échantillon mixte, ils ont généré à l'aveugle des dizaines de millions de séquences différentes, puis ont mis leur logiciel au travail pour voir comment ils pouvaient les assembler. Pour réaliser cet "ajustement", le logiciel a recherché des "contigs", c'est-à-dire des zones où différents fragments semblent avoir des séquences qui se chevauchent. Parmi les centaines de milliers de séquences hypothétiques générées de cette manière, ils ont constaté que la plus longue séquence "continue" que l'ordinateur a pu créer faisait environ 30 000 bases et ont conclu que cette création informatique devait être le génome du nouveau virus présumé.

Ils pensaient qu'il s'agissait du génome parce que leur séquence de 30 000 bases générée de manière hypothétique était similaire à 89,1 % à " un isolat de coronavirus (CoV) de chauve-souris semblable au SRAS, le SL-CoVZC45 ". Le "génome" de l'"isolat" de CoV de chauve-souris a été généré en 2018 après que "19 paires d'amorces PCR dégénérées ont été conçues par alignement multiple des séquences SARS-CoV et SL-CoV de chauve-souris disponibles déposées dans GenBank, ciblant presque toute la longueur du génome." En d'autres termes, ils connaissaient déjà la séquence à rechercher sur la base des séquences qui avaient été précédemment déposées dans la GenBank. Mais comment les producteurs de ces séquences déjà déposées savaient-ils qu'ils avaient trouvé des génomes viraux ? Bienvenue dans le raisonnement circulaire de la virologie moderne.

Pour expliquer la boucle dans laquelle les virologues semblent être pris au piège, cet article de 2019 publié dans Virology illustre bien le problème :

"Trois méthodes principales basées sur le HTS [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 par amplicon PCR, chacune présentant des avantages et des inconvénients (Houldcroft et al., 2017). Dans le 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 séquençé. C'est une approche simple et rentable, et c'est la seule

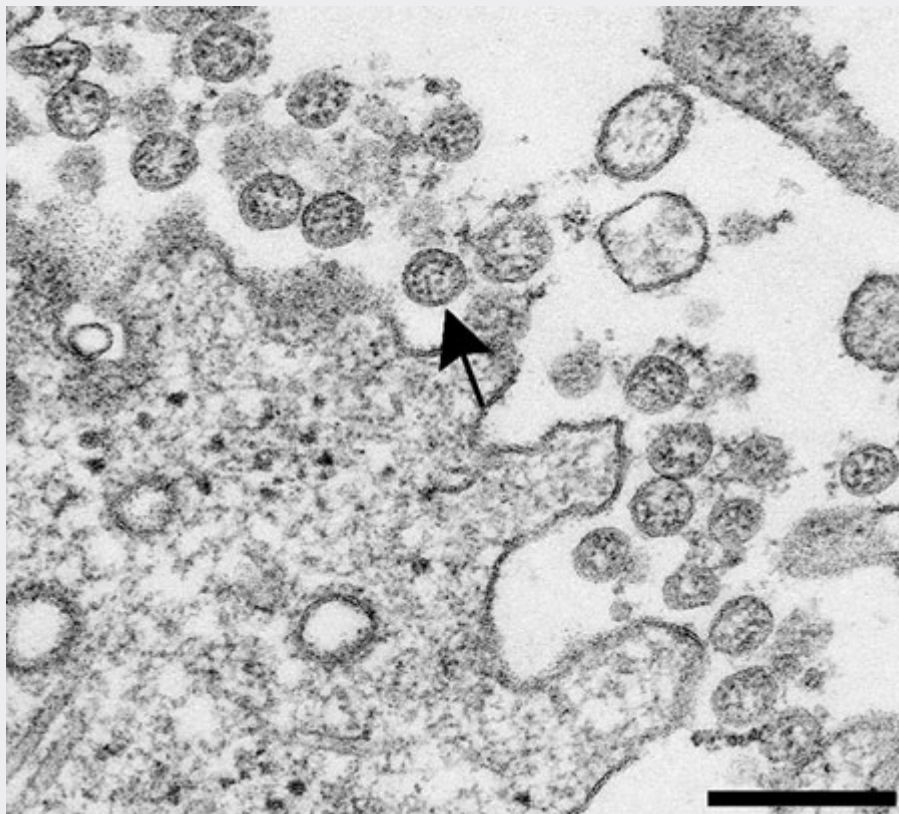
approche qui ne nécessite pas de séquences de référence. Au contraire, les deux autres approches HTS, l'enrichissement des cibles et le séquençage des amplicons, dépendent toutes deux d'informations de référence pour concevoir les appâts ou les amorces."

Maurier F, et al, "A complete protocol for whole-genome sequencing of virus from clinical samples," *Virology*, May 2019.

On touche là à la racine du problème. Les génomes de référence "viraux" sont créés par séquençage métagénomique, mais celui-ci est effectué sur des spécimens bruts (tels que des lavages de poumons ou des cultures de tissus non purifiés) et l'on déclare ensuite que les séquences sélectionnées sont d'origine virale. Il y a donc déjà deux problèmes : premièrement, il n'y a pas eu d'étape (c'est-à-dire de purification) pour montrer que les séquences proviennent de l'intérieur de "virus" et deuxièmement, comme décrit ci-dessus, les "génomes" générés par ordinateur sont simplement des modèles hypothétiques assemblés à partir de petits fragments génétiques, et non quelque chose dont l'existence a été prouvée dans la nature comme une séquence entière de 30 000 bases. Cependant, ces modèles *in silico* deviennent alors effectivement le "virus" et une entité telle que le SARS-CoV-2 est créée. Une fois que la première séquence de ce type est déposée dans une base de données, le "virus" peut être "trouvé" par d'autres grâce aux mêmes techniques métagénomiques défectueuses. Ou, comme l'indique l'article de *Virology*, il peut être "trouvé" par enrichissement de la cible et séquençage de l'amplicon (généralement par PCR), mais cela nécessite de disposer d'une séquence de référence... c'est-à-dire d'un modèle inventé *in silico* par séquençage métagénomique où la provenance des fragments génétiques était inconnue.

Il n'y a aucune partie dans le processus ci-dessus qui établit soit :

- 1) la composition génétique de toute particule imagée ou imaginée ; ou
- 2) la nature biologique de ces particules, c'est-à-dire ce qu'elles font réellement.



C'est une belle nanoparticule,  
mais de quoi est-elle faite et que fait-elle ?

Pouvons-nous maintenant revenir à l'article de Hazan pour constater qu'il s'agit d'un exercice inutile de virologie absurde. Ils déclarent qu'avec leur "contrôle positif du SARS-CoV-2 provenant de l'ATCC", les "génomés des patients ont été comparés au génome de référence du SARS-CoV-2 Wuhan-Hu-1 (MN90847.3)". Le numéro d'accès MN90847.3 fait référence au "génomé" actualisé qui aurait été trouvé chez l'homme de 41 ans de Wuhan, comme indiqué ci-dessus dans l'article de Fan Wu et al. La boucle est bouclée : à aucun moment il n'a été démontré qu'il y avait un virus en suivant cette piste de "génomés". L'équipe de Fan Wu n'a jamais trouvé de virus, elle a simplement affirmé que sa simulation informatique de séquence génétique était une "nouvelle souche de virus à ARN de la famille des Coronaviridae", sans prouver que la séquence existait dans la nature ou provenait de l'intérieur d'un virus. Par conséquent, il n'y a pas eu de "détection du SARS-CoV-2 à partir d'échantillons de matières fécales de patients" comme le prétend le titre de l'article de Hazan, à moins que "SARS-CoV-2" ne signifie des séquences génétiques d'on-ne-sait-quoi provenant d'on-ne-sait-où. Peu importe où ou à quelle fréquence ces séquences sont détectées – il n'a jamais été prouvé qu'elles étaient de nature virale. Ainsi, lorsque Steve Kirsch affirme que Hazan "a vérifié que la séquence du virus obtenue de l'ATCC correspondait exactement à ce qu'elle a trouvé chez les personnes atteintes du virus", il se trompe.

De quel "virus" parle-t-il ?

Auteur : Dr. Mark Bailey

Mark est un chercheur dans le domaine de la microbiologie, de l'industrie médicale et de la santé qui a travaillé dans la pratique médicale, y compris les essais cliniques, pendant deux décennies.

Source (en anglais)

: <https://drsambailey.com/covid-19/warning-signs-youve-been-tricked-by-virologists/>