

Ramese Sanders: Existence žádného viru nebyla nikdy prokázána

written by Vladimír Bartoš | 22. 12. 2022

Virologie je pseudověda, přečtěte si tento článek, abyste zjistili proč.

[Zdroj](#)

Přeložil: Vladimír Bartoš

Než budu pokračovat, chci jen, aby se vědělo, že když říkám „existence žádného viru nebyla nikdy prokázána“, neříkám, že lidé „neonemocní“ nebo neumírají, jen konstatuji, že nikdy nebylo prokázáno, že příčinou „onemocnění“ nebo úmrtí lidí je „virus“, abyste dokázali, že „virus“ je příčinou „nemoci“ nebo smrti, musíte nejprve prokázat existenci zmíněného „viru“, to se nikdy nepodařilo, nikdy.

Nikde nebyla publikována jediná vědecká studie, která by prokázala, že „virus“ byl izolován, purifikován, charakterizován a sekvenován přímo z tekutin nemocného hostitele. To je obrovský problém, protože „viry“ se prý šíří prostřednictvím tekutin nemocného hostitele, takže pokud nikdy nebyl nalezen „virus“ v tekutinách nemocného hostitele, jak to může být známý fakt?!

Při pokusech s buněčnými kulturami vědci odeberou vzorek od někoho, kdo byl pozitivně testován na zmíněný „virus“ (a mnohdy i bez testu, pouze předpokládají, že „virus“ je ve vzorku, pozn. překl.) a zkombinují ho s dalším materiálem, jako jsou opičí ledvinové buňky (Vero buňky), fetální hovězí sérum, antibiotika, živiny atd. a kultury se obvykle kultivují ve zvlhčeném inkubátoru s CO₂ a po několika dnech buňky projdou cytopatickým efektem, kdy se rozpadnou a odumřou a příčina se svede na „virus“. Nyní se vraťme zpět, když vědci odebrali vzorek od osoby, která měla pozitivní test na zmíněný „virus“, kde vůbec izolovali „virus“ ze vzorku před jeho kombinací s jiným materiálem? Jak vědí, že se „virus“ ve vzorku nachází, když ho nikdy neviděli? Jak lze cytopatický účinek připsat „viru“, když „virus“ nebyl nikdy izolován a zaveden do kultury sám o sobě? Oni jen předpokládali, že je ve vzorku, nikdy „virus“ ve skutečnosti nenašli. Pokusy na buněčných kulturách nedokazují existenci „virů“, protože jejich metody jsou chybné. *Metody experimentu si můžete prohlédnout níže*.

Specimen collection

Virus isolation from patient samples was deemed to be non-human subjects research by CDC National Center for Immunizations and Respiratory Diseases (research determination 0900f3eb81ab4b6e) Clinical specimens from the first identified US case of COVID-19 acquired during travel to china, were collected as described (¹). Nasopharyngeal (NP) and oropharyngeal (OP) swabs in 2 to 3 mL viral transport media were collected on day 3 post-symptom onset for molecular diagnosis and frozen. Confirmed PCR- positive specimens were aliquoted and refrozen until virus isolation was initiated.

Cell culture, limiting dilution, and isolation

Vero CCL-81 cells were used for isolation and initial passage. Vero E6, Vero CCL-81, HUH 7.0, 293T, A549, and EFKB3 cells were cultured in Dulbecco's minimal essential medium (DMEM) supplemented with heat inactivated fetal bovine serum (5 or 10%) and antibiotic/antimycotic (GIBCO). Both NP and OP swabs were used for virus isolation. For the isolation, limiting dilution, and passage 1 of the virus, 50 µL serum free DMEM was pipetted into columns 2–12 of a 96-well tissue culture plate. One-hundred µL clinical specimens were pipetted into column 1, and then serially diluted 2-fold across the plate. Vero cells were trypsinized and resuspended in DMEM + 10% FBS + 2X Penicillin-Streptomycin + 2X antibiotic – antimycotic + 2 X amphotericin B at 2.5×10^5 cells / ml. One hundred µL of cell suspension were added directly to the clinical specimen dilutions and mixed gently by pipetting. The inoculated cultures were grown in a humidified 37°C incubator with 5% CO₂ and observed for cytopathic effect (CPE) daily. Standard plaque assays were used for SARS-CoV-2 based on both SARS-CoV and MERS-CoV protocols (^{19, 20}).

Cz překlad buněčné kultury CDC, pozn. překl.

Tady je příklad od vědců ze CDC:

„Pro izolaci a počáteční pasáž jsme použili buňky Vero CCL-81. Buňky Vero E6, Vero CCL-81, HUH 7.0, 293T, A549 a EFKB3 jsme kultivovali v minimálním esenciálním médiu Dulbecco (DMEM) doplněném tepelně inaktivovaným fetálním bovinním sérem (5 % nebo 10 %) a antibiotiky/antimykotiky... K izolaci viru jsme použili vzorky stěrů z NP i OP.

Pro izolaci, limitní ředění a pasáž 1 viru jsme napipetovali 50 µL bezsérového DMEM do sloupců 2-12 96jamkové destičky pro tkáňové kultury, poté jsme napipetovali 100 µL klinických vzorků do sloupce 1 a sériově ředili 2krát přes destičku. Poté jsme trypsinizovali a resuspendovali Vero buňky v DMEM obsahujícím 10 % fetálního hovězího séra, 2× penicilin/streptomycin, 2× antibiotika/antimykotika a 2× amfotericin B v koncentraci $2,5 \times 10^5$ buněk/ml.

Přidali jsme 100 µL buněčné suspenze přímo k ředěným klinickým vzorkům a jemně promíchali pipetováním. Naočkované kultury jsme pak pěstovali ve zvlhčeném inkubátoru při 37 °C v atmosféře pěti procent CO₂ a denně jsme pozorovali cytopatické účinky (CPE). Použili jsme standardní plakové testy pro SARS-CoV-2, které vycházely z protokolů SARS-CoV a koronavirového blízkovýchodního respiračního syndromu (MERS-CoV)...

Když byly pozorovány CPE [cytopatické účinky alias poškození opičích buněk], seškrábali jsme buněčné monovrstvy hřbetem špičky pipety. Použili jsme 50 µL virového lyzátu pro extrakci celkové nukleové kyseliny pro konfirmační testování a sekvenování. Rovněž jsme použili 50 µL virového lyzátu k inokulaci jamky v 90 % konfluentní 24jamkové destičce.“

[Izolace a charakterizace viru SARS-CoV-2 od prvního amerického pacienta s COVID-19](#)

Zdravotnické instituce a úřady po celém světě byly vyzvány prostřednictvím žádostí o poskytnutí informací podle zákona o svobodném přístupu k informacím k existenci všech údajných „virů“ a všechny tyto instituce potvrdily, že nemají žádnou dokumentaci o izolovaném „viru“ ze vzorku nemocného hostitele bez použití buněčných kultur.

[Z žádostí o informace podle zákona o svobodném přístupu k informacím vyplývá, že zdravotnické/vědecké instituce nemají žádné záznamy o tom, že by byl izolován/purifikován nějaký „virus“.](#)

Pokud se podíváme na práci Johna Franklina Enderse z roku 1954, která položila základy moderní virologie, zjistíme, že obsahovala omezený negativní kontrolní pokus, který byl proveden přesně stejným způsobem jako běžné kultury, ale bez jakéhokoli „infekčního materiálu“, který ukázal, že buňky procházejí cytopatickým účinkem, což vyvrací tvrzení výzkumníků, že cytopatický účinek je způsoben „virem“ a dokazuje, že podmínky buněk a materiál použitý v kulturách jsou tím, co způsobuje rozpad a smrt buněk.

A second agent was obtained from an uninoculated culture of monkey kidney cells. The cytopathic changes it induced in the unstained preparations could not be distinguished with confidence from the viruses isolated from measles. But, when the cells from infected cultures were fixed and stained, their effect could be easily distinguished since the internuclear changes typical of the measles agents were not observed. Moreover, as we have already indicated, fluids from cultures infected with the agent failed to fix complement in the presence of convalescent measles serum. Obviously the possibility of encountering such agents in studies with measles should be constantly kept in mind.

V novější době bylo provedeno několik negativních kontrolních pokusů, které prokázaly, že buňky odumírají bez jakéhokoli „infekčního materiálu“, prokázaly to dvě nezávislé laboratoře v Německu a také Dr. Stefan Lanka v roce 2021.

[CPE – kontrolní experiment – 21. dubna 2021 – Stefan Lanka](#)

([ZDE](#) česká verze textu 1. fáze kontrolního experimentu Dr. Lanky)

Lidé rádi tvrdí, že byl nalezen genom „virů“, ale jak můžete najít genom něčeho, u čeho nebyla prokázána vůbec žádná existence! Nemůžete. Všechny genomy „virů“ se dělají pomocí počítačových programů z procesu zvaného „alignment“, proces alignmentu začíná s fragmenty RNA a konstruuje genom, tento genom neexistuje u žádného člověka, zvířete ani rostliny, ani z buněčných kultur nebo čehokoli jiného, je teoretický. Proto se jim říká genomy „in silico“, in silico znamená „pomocí počítačového modelování nebo počítačové simulace“. *Experiment si můžete prohlédnout níže*

SARS-CoV-2 RNA secondary structure modeling

The secondary structure of SARS-CoV-2 genomic RNA was constructed in silico based solely on the vRIC-seq data by an adaptively optimized algorithm we developed in this study. We first split the SARS-CoV-2 genome into shorter segmental domains by maximizing the ratio between intra-domain and inter-domain's vRIC-seq signals. Notably, the domains smaller than 4 kb will not be further split to avoid the potential loss of long-range duplexes over the domains' boundaries. Like a previously described approach¹⁵, we determined the secondary structure for each domain independently. To this end, we systematically screened pairwise 5-nt windows with connection scores higher than 0.03, and the windows adjoining or overlapping at both ends were further clustered as high-confidence interactions. For each interaction spanned region within a domain, we used the Fold program in the RNAstructure software suite (v6.2) to perform structure prediction⁶⁰. The maximum distance between any two paired positions was allowed within 2500 nt. From the structural candidates reported by the Fold program, we selected the one that matched best with vRIC-seq data and forced it as a constraint in the subsequent prediction. Of note, we generated duplexes for short local interactions first and then used them as restraints to perform prediction for long-range interactions spanned regions. Moreover, interactions having stronger vRIC-seq signals were processed with priority. Finally, by restraining duplexes generated in the former stage, we folded each domain's entire sequence, including regions not covered by the high-confidence interactions. The structure agreed best with vRIC-seq signals were selected. The final secondary structure model of the viral genome RNA in SARS-CoV-2 was visualized by the

Ve druhé fázi experimentu Stefana Lanky se mu podařilo obnovit 100 % údajného genomu SARS-CoV-2 bez jakéhokoli „infekčního materiálu“, ale se vzorkem kvasinek.

[Výsledky 2. fáze kontrolních pokusů – Lanka](#)

([ZDE](#) česká verze textu 2. fáze kontrolního experimentu Dr. Lanky)

Kromě toho jsou všechny fotografie údajných „virů“ pořízeny **až po** experimentu s buněčnou kulturou pomocí elektronového mikroskopu, nikdy **ne před**

experimentem. Nikdy nikdo nikdy neizoloval žádnou „virovou“ částici přímo ze zvířete, člověka nebo rostliny a nevyfotografoval ji. Neexistuje jediné video, na kterém by se některá z částic nazývaných „viry“ pohybovala, snažila se unést buňky nebo prováděla jakoukoli činnost, která je jim vůbec připisována. To, co vědci fotografují, jsou zbytky buněk nebo artefakty z experimentu způsobené použitou metodikou.

A o tomhle je právě teď vždycky zajímavé mluvit, protože lidé se domnívají, že testy na protilátky dokazují existenci „viru“, ale není to pravda. Jak může test protilátek prokázat existenci něčeho, co nikdy nebylo prokázáno? Nemůže, ale také protilátky jsou špatně interpretovány. Bylo opakovaně prokázáno, že tyto bílkoviny zvané protilátky nejsou specifické, vážou se na cokoli. Proto je známo více než 50 stavů, které mohou způsobit falešně pozitivní výsledek testu na HIV, mezi tyto stavy patří těhotenství, tzv. autoimunitní onemocnění, léky atd. Jejich úkolem je chránit tělo před toxémií a pomáhat tělu se uzdravit. Proto se po očkování zvyšuje hladina protilátek, protože jste byli právě otráveni. Níže uvedené video dokazuje, že to, co říkám, je správné.

[Dům čísel – testování na HIV](#)

tests” claims, “no fewer than five different criteria have been used by different groups in the United States” [(18), p.7]. Moreover – adds Bauer – included in the contemporary criteria for a positive WB are p41 and p24, protein–antigens “found in blood platelets of healthy individuals.” This means some of the biological markers being used to “flag” the presence of HIV are not “specific to HIV or AIDS patients [and] p24 and p41 are not even specific to illness.” In other words, healthy persons may test positive on a WB but not carry HIV at all [(18), p. 6].

Name	Credentials
Robert Galois	Ph.D. in Public Health, University of California, Los Angeles
Robert Galois	Ph.D. in Public Health, University of California, Los Angeles
Robert Galois	Ph.D. in Public Health, University of California, Los Angeles
Robert Galois	Ph.D. in Public Health, University of California, Los Angeles
Robert Galois	Ph.D. in Public Health, University of California, Los Angeles

Table 1

Credentials and professional experience of select critics of the HIV-AIDS hypothesis.

An example may clarify: if tested in Africa, a WB showing reactivity to any two of the proteins p160, p120, or p41, would be considered positive for HIV. In Britain, the test would be positive

Jak vidíme, jejich testy neprokazují existenci „virů“ ani to, že je někdo nemocný kvůli „viru“, a navíc jejich testy nejsou ani standardizované, různé země mají různé testovací protokoly, takže na jednom místě můžete být pozitivní a na jiném negativní.

Metodika prokazování existence „virů“ se neřídí vědeckou metodou a byla mnohokrát vyvrácena a testy, které údajně detekují „viry“ nebo jejich údajný genetický materiál, jsou chybné, což vede k závěru, že virologie je pseudověda.

Bohužel jsou tyto informace cenzurovány a označovány jako dezinformace, aby byly chráněny podvodné zločinecké korporace, které tyto lži propagují a vydělávají na nich svými „řešeními“, známými také jako léky a vakcíny.
