EIN ABSCHIED VON DER VIROLOGIE

(FACHAUSGABE)

Dr. Mark Bailey

Urheberrecht © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

Veröffentlicht am 15. September 2022

Urheberrecht © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

K O N T E N T E N

Abstrakt **4**

P A R T O N E

SARS-CoV-2 nicht gefunden **5**

Dr. Siouxsie Wiles - der "IsolaBon"-Gefolgsmann der Virologie **6**

Warum isolaBon maFer **9**

Was ist Virologie? **14**

Virologie ist aufgrund fehlender Kontrollen kein wissenschaftliches Fachgebiet **20**

Tiermissbrauch und "anBody"-Studien **22**

Das Virus-QuanBty-Paradoxon **26**

P A R T T W O

Fan Wu et al. deus ex machina **27**

Schildkröten auf dem Weg nach unten **34**

Die Behauptung der CDC zu SARS-CoV-2 **38**

Die Enthüllungen von Peng Zhou et al. **41**

Mehr Täuschung aus Wuhan? **43**

Professor Stephen BusBn's Vorbereiten einer PCR-Pandemie **44**

P A R T T H R E E E

"Kleiner Sennenhund" - naiv oder gaslighBng? **50**

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

Die "Laborleck"-Distribution **54**

Virologie und die geschlossene Gesellschaft **59**

Metagenomische Sequenzierung - der letzte Atemzug der Virologie? **62**

Warum die Existenz von Viren während eines Krieges in Frage stellen? **65**

P O S T S C R I P T

Über den Autor **67**

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

EIN ABSCHIED VON DER VIROLOGIE
(FACHAUSGABE)

Abstrakt

Die Virologie hat das Virusmodell erfunden, ist aber immer wieder daran gescheitert, ihre eigenen Anforderungen zu erfüllen. Es wird behauptet, dass Viren bei der Übertragung zwischen Wirten wie dem Menschen Krankheiten verursachen, doch es fehlen die wissenschaftlichen Beweise für diese Behauptungen. Einer der größten Misserfolge der Virologie war die Unfähigkeit, Virusbestandteile direkt aus den Essenzen von Organismen zu gewinnen, die angeblich "virale" Krankheiten haben. Um diesen Zustand zu verschleiern, haben Virologen ihre eigenen pseudowissenschaftlichen Methoden entwickelt, um die langjährige wissenschaftliche Methode zu ersetzen, und die Bedeutung von Wörtern verändert, um ihre anewissenschaftlichen Praktiken zu unterstützen. Ein "isoliertes" Isolat erfordert beispielsweise nicht die physische Existenz der Teile, um den Status einer "IsolaEon" zu erhalten.

Ein Virus muss bestimmte physikalische und biologische Eigenschaften erfüllen, darunter die eines replikationsfähigen intrazellulären Parasiten, der in der Lage ist, in einem Wirt wie dem Menschen Krankheiten *zu verursachen*. "Viren" wie SARS-CoV-2 sind jedoch nichts anderes als Phantomkonstrukte, die nur in der Vorstellung und in Computersimulationen existieren. In diesem Paradigma sind Fälle von erfundenen Krankheiten wie COVID-19 nichts anderes als die Entdeckung ausgewählter Gensequenzen und Proteine*, die* angeblich "viral" sind. Die Existenz eines Virus ist in diesem Zirkelschluss nicht erforderlich, und so können weitere "Pandemien" auf digitalen Kreationen aufgebaut und durch molekulare In-vitro-Reaktionen ("Reagenzglas") fälschlicherweise aufrechterhalten werden.

Dieser Aufsatz besteht aus drei Teilen. Im ersten Teil wird die Geschichte der Virologie und das Versagen der Virologen bei der Anwendung der wissenschaftlichen Methode beschrieben. Die zahlreichen und weitreichenden Behauptungen der Virologen erweisen sich alle als falsch, weil: (a) das Fehlen direkter Beweise und (b) die Ungültigkeit indirekter "Beweise" aufgrund der unkontrollierten Natur der Experimente. Die angeführten Beispiele decken alle wichtigen Aspekte des virologischen Betrugs ab, einschließlich angeblicher IsolaEon, zytopathischer Effekte, Genomik, Antikörper und Pathogenitätsstudien an Tieren.
Im zweiten Teil wird der Betrug untersucht, mit dem die COVID-19-"Pandemie" verbreitet wurde. Eine Aufschlüsselung der Methodik, auf die sich die ursprünglichen Erfinder Fan Wu et al. stützten, zeigt, wie das SARS-CoV-2 durch anE-wissenschaftliche Methoden und sprachliche Taschenspielertricks "geschaffen" wurde. Es ist Teil einer fortlaufenden Täuschung, bei der behauptet wird, dass es Viren gibt, indem man sie gegen frühere "Viren"-Vorlagen abgleicht. Am Beispiel von SARS-CoV-2 zeigt die Spur der genomischen "Coronavirus"-Vorlagen, die bis in die 1980er Jahre zurückreicht, dass keine dieser Gensequenzen jemals nachweislich aus einem viralen Teil stammt - die phylogenetischen Bäume sind Hirngespinste. Die falsche Anwendung der Polymerase-Kettenreaktion hat diesen Aspekt des Betrugs in der Virologie verbreitet und die "Fälle" geschaffen, um die Illusion einer Pandemie aufrechtzuerhalten. Im dritten Teil wird analysiert, wie einige wichtige Teilnehmer, "Gesundheits"-Institutionen und die Mainstream-Medien die Virus-Illusion durch Informationskontrolle und Berichte aufrechterhalten, die die Behauptungen der Virologie nachplappern. Wie es der Zufall will, steht der virologische Betrug nun im Mittelpunkt des COVID-19-Betrugs. Von hier aus kann er jedoch von denjenigen, die nicht zur Virologie gehören, kritisch bewertet werden, und das pseudowissenschaftliche Paradigma, das die Virologie um sich herum aufgebaut hat, kann endgültig demontiert und zu Grabe getragen werden.

Copyright © 2022 Mark Bailey

Ziel dieses Aufsatzes ist es, verschiedene Behauptungen über die Existenz pathogener Viren, die Krankheiten verursachen, zu widerlegen. SARS-CoV-2 wurde als Hauptbeispiel verwendet, aber die Grundsätze gelten für alle angeblichen Viren. Die folgenden Ausführungen befassen sich mit der geheimnisvollen Literatur der Virologie auf ihre Weise, was die Lektüre dieses Aufsatzes teilweise etwas anstrengend machen kann. Es ist jedoch zu hoffen, dass dieser Beitrag eine Nische für den Leser öffnet, der ein eher technisches Verständnis der Virushypothese sucht, da er versucht, die Grundlagen angeblicher Pandemien und betrügerischer medizinischer Praktiken zu entlarven. Die Bedrohung der Menschheit durch die Virologie wird immer größer. Es ist daher an der Zeit, dass wir uns von diesen zerstörerischen pseudowissenschaftlichen Praktiken verabschieden und uns von unnötigen Ängsten befreien.

Copyright © 2022 Mark Bailey

P A R T O N E

SARS-COV-2 NICHT GEFUNDEN

> *Der vielleicht wichtigste Beweis dafür, dass die Theorie der pathogenen Viren problematisch ist, ist die Tatsache, dass in keiner veröffentlichten wissenschaftlichen Arbeit jemals gezeigt wurde, dass Teile, die die Definition von Viren erfüllen, direkt aus den Sekreten oder Körperflüssigkeiten eines kranken Menschen oder Tieres isoliert und gereinigt wurden. Unter Verwendung der allgemein akzeptierten Definition der "Isola6on", die die Trennung einer Sache von allen anderen Dingen bedeutet, besteht allgemeines Einvernehmen darüber, dass dies in der Geschichte der Virologie noch nie geschehen ist.* - Dr. Thomas Cowan et al., The "Sehling the Virus Debate" Statement, 2022 .[1]

Bis zum 11. September 2022 und nach umfangreichen Anfragen durch Freedom of InformaEon (FOI), die von ChrisEne Massey koordiniert wurden, war keine einzige von 209 hauptsächlich gesundheitlichen oder wissenschaftlichen Einrichtungen in über 35 Ländern in der Lage, direkte Beweise für das angebliche SARS-CoV-2-Virus vorzulegen . [2] Die InsEtuEons wurden aufgefordert, alle Dokumente vorzulegen, die "die Reinigung von 'SARS-CoV-2', das beim Menschen eine Krankheit verursacht haben soll (mittels MakeraEon, filtraEon und Verwendung einer Ultrazentrifuge; bei Emes von einigen auch als 'isolaEon' bezeichnet), direkt von einem erkrankten Menschen belegen..." Nach dem Eingeständnis, dass es keine derartigen Beweise gibt, behaupten Einrichtungen wie das neuseeländische Gesundheitsministerium bei vielen Gelegenheiten, dass "es mehrere Beispiele dafür gibt, dass das Virus isoliert und in einer Laborsitzung gezüchtet wurde." [3] Bei den genannten Beispielen handelt es sich jedoch durchweg um Essue-Kultur-Proxy-Experimente, bei denen sich das Wort "IsolaEon" von seiner verstandenen Bedeutung gelöst hat, und es wurde nicht bewiesen, dass irgendein Teil, ob abgebildet oder vorgestellt, die Eigenschaften eines krankheitsverursachenden Virus hat. In jedem Fall lenkt dies von dem größeren Problem ab, das durch die FOI-Anfragen aufgedeckt wurde, nämlich dass die als Viren bezeichneten Teile niemals in menschlichen Probanden gefunden werden können. Die Virologie hat sich für diese fehlenden Beweise entschuldigt, aber selbst wenn man diese peinliche Unzulänglichkeit berücksichtigt, gehen ihr die Verstecke aus, da ihre verschiedenen Methoden zunehmend von Außenstehenden in Frage gestellt werden. In diesem Aufsatz werden die vielen Aspekte der virologischen AnE-Wissenschaft skizziert, die dazu dienen, die Illusion aufrechtzuerhalten, dass krankheitserregende Viren existieren. Die Situation wird immer gefährlicher, und seit Anfang 2020 wird die COVID-19-"Pandemie" als trojanisches Pferd eingesetzt, um die Menschheit in die Knie zu zwingen.

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

[1] Thomas Cowan, et al., "The 'Sehling the Virus Debate' Statement, 14 Jul 2022: hhps://drsambailey.com/resources/sehling-the-virus-debate/

[2] ChrisEne Massey, "209 health/science insEtuEons globally failed to cite even 1 record of 'SARS-COV-2' purificaEon, by anyone, anywhere, ever": hhps://www.fluoridefreepeel.ca/68-health-science-insEtuEons-globally-all-failed-to-cite-even-1-record-of-sars-cov-2-purificaEon-by-anyone-anywhere-ever/ (Zugriff am 11. September 2022.)

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

Copyright © 2022 Mark Bailey

DR. SIOUXSIE WILES - DER "ISOLATIONS"-GEFOLGSMANN DER VIROLOGIE

> *Die Dichtegradientenzentrifuga6on ist die wissenschaftlich geforderte Standardtechnik für den Nachweis der Existenz eines Virus. Obwohl diese Methode in allen Mikrobiologie-Handbüchern als "Virusisola6onstechnik" beschrieben wird, wird sie in Experimenten, die die Existenz pathogener Viren nachweisen sollen, nie angewendet.* - Dr. Stefan Lanka, 2015 .[4]

Die Verteidigung der Methoden der Virologie wird von ihren Befürwortern, darunter New Neuseelands Regierung und die staatlich finanzierten Medien favorisierten Mikrobiologen Siouxsie Wiles . [5] Sie

Arbeitgeber, die Universität Auckland, gehört zu den Einrichtungen, die jetzt bestätigt haben, dass "sie keine Arbeiten zur Reinigung eines Covid-19-Virus durchgeführt hat, "[6] und daher das so genannte SARS-CoV-2-Virus weder bei einem Menschen gefunden noch von ihm isoliert hat. Dieser außerordentliche Professor, der dem Land im März 2020 mitteilte, dass "die Welt in Aufruhr ist", [7] wurde 2021 zum Neuseeländer des Jahres ernannt, weil er "Millionen Menschen weltweit geholfen hat, die Angst zu überwinden und

Komplexe der Pandemie ... und helfen, uns sicher zu halten. "[8] In ihrer Erklärung vom November 2020,

"Kochs Postulate, COVID und die Kaninchenlöcher der Fehlinformation", behauptete Wiles, "die Leute, die nach Beweisen für die Existenz des SARS-CoV-2-Virus fragen, das für COVID-19 verantwortlich ist, formulieren ihre Anfrage ausdrücklich so, dass sie jeden Beweis für die Existenz des Virus ausschließen. "[9] Ihr Artikel ging schnell in die Richtung, dass die Koch'schen Postulate für Viren ungeeignet sind, und sie erklärte sie in diesem Zusammenhang für ungültig. Es ist unklar, warum sie die Rivers-Postulate ,[10], die speziell für Viren entwickelt wurden, nicht erwähnt hat, obwohl sie vielleicht zugeben müsste, dass auch diese Postulate nie erfüllt wurden. Und während sich die Kochschen Postulate auf die Entstehung von Krankheiten und Ansteckung beziehen, und nicht auf die Frage, ob Viren

---

[4] Stefan Lanka, "The Virus MisconcepEon", *WISSEnSCHAFFTPLUS magazin*, 06/2015: hhps://www.researchgate.net/publicaEon/316280466_Virology_State_of_the_Art

[5] hhps://unidirectory.auckland.ac.nz/profile/s-wiles

[6] ChrisEne Massey, hhps://www.fluoridefreepeel.ca/fois-reveal-that-health-science-insEtuEons-around-the-world-have-no-record- of-sars-cov-2-isolaEon-purificaEon/

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

[8] Nikki Preston, "Passionate microbiologist Siouxsie Wiles named as New Zealander of the Year", *NZ Herald*, 1 Apr 2021: hhps://www.nzherald.co.nz/nz/passionate-microbiologist-siouxsie-wiles-named-as-new-zealander-of-the-year; "Dr Siouxsie Wiles MNZM", New Zealander of the Year Awards (undatiert, Zugriff am 22 May 21), 2: hhps://nzawards.org.nz/winners/dr-siouxsie-wiles-mnzm/. Die Begründung für die Auszeichnung lautet wie folgt: "Angesichts erheblicher Kritik - an ihrer Autorität, ihrem Aussehen, ihrem Geschlecht - hat Siouxsie mit Einfühlungsvermögen, Innovation und Mut auf eine der größten Herausforderungen unserer

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

Zeit reagiert, und ihre Arbeit wurde von Millionen Menschen gesehen und sogar von Regierungen und Organisationen als Teil ihrer offiziellen Pandemiekommunikation genutzt."

[9] Siouxsie Wiles, "Koch's postulates, Covid, and misinformaEon rabbit holes", 16 Nov 2020: hhps://www.auckland.ac.nz/en/news/ 2020/11/16/kochs-postulates-covid-and-misinformaEon-rabbit-holes.html

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

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

ParEkel in oder von Menschen gefunden werden können, hätte sie einfach erklären können, dass die Virologen einen Großteil des 20. Jahrhunderts damit verbracht haben, Viren direkt von kranken Menschen zu identifizieren, ohne Erfolg. Wiles führte dann fälschlicherweise Falkows Molekulares Postulat s11 in ihre Argumentation ein, ohne zu erläutern, wie sie zum Nachweis der physischen Existenz des behaupteten SARS-CoV-2 in einem Menschen oder anderswo verwendet werden könnten.

Peinlich für Wiles ist, dass die Weltgesundheitsorganisation (WHO) 2003 erklärte, dass in Bezug auf SARS-CoV-1 "die schlüssige Identifizierung eines Erregers alle Kriterien des so genannten 'Kochschen Postulats' erfüllen muss". Die zusätzlichen Experimente, die zur Erfüllung dieser Kriterien erforderlich sind, werden derzeit in einem Labor in den Niederlanden durchgeführt. "[12] Der Artikel der WHO wurde 2021 ohne Begründung von ihrer Website entfernt, kann aber weiterhin über das Internet Archive abgerufen werden. [13] Die phantasievolle Behauptung, die Kochschen Postulate seien 2003 von Fouchier et al. mit SARS-CoV-1 erfüllt worden, ist an anderer Stelle widerlegt worden. [14] Ihr Affenexperiment wurde nicht nur durch das Fehlen von Kontrollen und den unnatürlichen Expositionsweg entkräftet, sondern wie bei allen virologischen Veröffentlichungen gelang es ihnen nicht, ein Teilstück nachzuweisen, das der Definition eines Virus entspricht. Wiles schien auch im Widerspruch zu Na Zhu et al. zu stehen, einem der ersten Teams, die behaupteten, SARS-CoV-2 entdeckt zu haben, denn sie räumten ein: "Obwohl unsere Studie die Koch'schen Postulate nicht erfüllt, liefern unsere Analysen Beweise, die 2019-nCoV [später 'SARS-CoV-2'] in den Ausbruch von Wuhan implizieren. Zusätzliche Beweise, die die eEologische Bedeutung von 2019-nCoV beim Ausbruch in Wuhan bestätigen, umfassen ... Tierversuche (Affen), die die Pathogenität belegen. "[15]

> *- Unabhängig davon, ob verschiedene Virologen die Gültigkeit der Koch'schen Postulate in Frage stellen wollen oder nicht, handelt es sich um eine weitere Ablenkung, da* ***die Postulate die physische Existenz einer Mikrobe voraussetzen*** *und nicht die Behauptung, dass eine Mikrobe mit Hilfe von Computersimulationen, der Abbildung von Bläschen mit unbekannter biologischer Funktion oder der Behauptung, dass an Tiere verabreichte biologische Suppen "Viren" enthalten, existiert.*

---

[11] Falkow's molekulare Postulate: "(1) Der zu untersuchende Phänotyp oder die Eigenschaft sollte mit pathogenen Mitgliedern einer Gattung oder pathogenen Stämmen einer Art assoziiert sein. (2) Eine spezifische Inaktivität des Gens/der Gene, das/die mit dem vermuteten Virulenzmerkmal assoziiert ist/sind, sollte zu einem messbaren Verlust der Pathogenität oder Virulenz führen. (3) Die Reversion oder der allelische Ersatz des mutierten Gens sollte zur Wiederherstellung der Pathogenität führen." - Stanley Falkow, "Molecular Koch's Postulates Applied to Microbial Pathogenicity", *Reviews of Infec6ous Diseases*, Jul-Aug 1988: hhps://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/3055197/

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

[12] WHO, "Schweres akutes Atemwegssyndrom (SARS) - Ausbruch in mehreren Ländern - Update 12", 27. März 2003.

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

[14] Torsten Engelbrecht, et al., *Virus Mania*, 3rd English EdiEon, Books on Demand, 2021, 2: Samantha Bailey, "What Happened To SARS-1?", 27 Jan 2021: hhps://drsambailey.com/resources/videos/viruses-unplugged/what-happened-to-sars-1/

[15] Na Zhu et al., "A Novel Coronavirus from PaEents with Pneumonia in China, 2019", The *New England Journal of Medicine*, 382 (20 Feb 2020, first published 24 Jan 2020, updated 29 Jan 2020), 728: hhps://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31978945/

Copyright © 2022 Mark Bailey

Wiles beschloss auch, sich für den eklatanten Missbrauch des Wortes "IsolaEon" durch die Virologie einzusetzen, als sie erklärte: "Was die Verwendung von IsolaEon im alltäglichen Sinne des Wortes angeht, anstatt der DefiniEon, die für die gestellte Frage relevant ist? Nun, das ist einfach verdammt lächerlich und ein klares Zeichen dafür, dass diese Beweisanträge nicht in gutem Glauben gestellt werden. "[16] Sie schien ungläubig darüber zu sein, dass andere darauf hingewiesen hatten, dass die Bezeichnung eines wissenschaftlich verwendeten Wortes von den Virologen einseitig geändert wurde, um zu implizieren, dass ein bestimmter Beweis erbracht wurde. Wenn ihr Gebrauch von IsolaEon jedoch nicht das bedeutet, was die meisten Menschen denken, dann ist es wahrscheinlich, dass die meisten Menschen falsch informiert werden. Aus diesem Grund ist Wiles eine aktive Teilnehmerin an der Verbreitung von Desinformation, ob es sich nun um einen Akt der vorsätzlichen Blindheit handelt oder nicht. Wiles muss sich als Expertin beweisen und der Öffentlichkeit erklären, was die Entdeckung der IsolaEon in der Virologie bedeutet, insbesondere im Hinblick auf den Nachweis der putaEven Existenz von Viren. Vielleicht denkt sie, dass sie das erklärt hat, als sie schrieb: "Wenn Virologen ein Virus aus einer Probe isolieren wollen, nehmen sie die Probe oder einen Teil davon und fügen sie einigen Zellen hinzu - normalerweise solchen, die im Labor relativ einfach zu züchten sind - und sehen dann nach, ob die Zellen sterben und/oder ob irgendwelche Viruspartikel in das flüssige Nährstoffbad, in dem die Zellen wachsen, freigesetzt werden."[17] Es ist unklar, ob Wiles damit meint, dass das "Virusisolat" durch: (a) die Entnahme der Probe, (b) das Absterben einiger Zellen *in vitro*, (c) die Freisetzung angeblicher "Viruspartikel" in der Essue-Kultur, oder (d) alle oder eine Kombination dieser Elemente. Nichts von dem, was sie beschrieben hat, erfordert jedoch die Existenz von Viren - es ist ein Täuschungsmanöver, ob es nun realisiert wird oder nicht. Es geht einfach darum, zu behaupten, dass ein Virus in der Probe war, den Zusammenbruch der experimentell gestressten Zellen im Reagenzglas auf das imaginäre Virus zu schieben und dann zu erklären, dass einige der Bläschen (deren biologische Zusammensetzung und Funktion nicht festgestellt wurden) die Viren waren. Es gibt einen weiteren fatalen Fehler in dieser Übung. Wie in diesem Aufsatz ausführlich dargelegt wird, sind die Behauptungen, dass die Existenz von SARS-CoV-2 mit dieser Methodik nachgewiesen wurde, alle wissenschaftlich ungültig, da *keines* der Experimente mit gültigen Kontrollen durchgeführt wurde.

Dies ist ein Beispiel dafür, wie Wiles in ihrer Rolle als eine der Hauptverantwortlichen für die Desinformationskampagne der neuseeländischen Regierung und ihr mörderisches Programm zur Einführung eines injizierbaren Produkts namens ComirnatyTM gehandelt hat - mit der Behauptung, dass nicht-spezifische Essue-Kultur-Experimente die Existenz des Virus belegen, obwohl nichts dergleichen nachgewiesen wurde. Das Problem geht über SARS-CoV-2 hinaus - *jedes*

Copyright © 2022 Mark Bailey

Virus, dessen Existenz behauptet wird, stützt sich auf ähnliche Pseudowissenschaft. Die Geschichte der Virologie zeigt, dass die Zelltypen, die schließlich für diese Experimente ausgewählt wurden

[16] Siouxsie Wiles, "Koch's postulates, Covid, and misinformaEon rabbit holes", 16 Nov 2020: hhps://www.auckland.ac.nz/en/news/ 2020/11/16/kochs-postulates-covid-and-misinformaEon-rabbit-holes.html

[17] Ebd.

Copyright © 2022 Mark Bailey

sind solche, die dazu neigen, mit der Behauptung von virusinduzierten "zytopathischen Effekten" (CPEs) zusammenzubrechen, und nicht solche, die "im Labor relativ leicht zu züchten" sind, wie Wiles in ihrem Artikel behauptet. Vero E6-Affenzellen s18 werden beispielsweise seit langem von Virologen bevorzugt, angeblich wegen ihrer "Eignung", viele Viren zu beherbergen, aber verdächtigerweise auch, weil die aneuploi d19 Nierenlinie anfälliger für toxische Insulte durch zusätzliche Bestandteile wie die allgegenwärtigen nephrotoxischen Antibiotika und Pilze ist, die der Kulturmischung hinzugefügt werden. Als eine Gruppe versuchte, SARS-CoV-2 zu kultivieren, erzielte sie mit menschlichen Adenokarzinomzellen (A549), menschlichen Leberzellen (HUH7.0), menschlichen embryonalen Nierenzellen (HEK-293T) und einer großen braunen Fledermaus-Nierenzelllinie (EFK3B) nicht das gewünschte Ergebnis, erklärte dann aber, dass sie nach der Beobachtung von CPEs in Vero E6-Zellen ein "virales Isolat" hatte s. [20] Typischerweise schienen sie keinen Sinn für die Ironie zu haben, dass das angebliche menschliche Atemwegsvirus nicht nachweislich den relevanten Zelltyp "infizieren" kann, geschweige denn die relevante Spezies. Und ihre Experimente wurden wieder einmal durch das Fehlen geeigneter Kontrollkulturen entkräftet.

WARUM ISOLATION WICHTIG IST

Wer die Sprache kontrolliert, kontrolliert die Massen. - Saul Alinsk y21

Eine weitere Peinlichkeit für die Virologie ist die Tatsache, dass vermeintliche Viruspartikel, die erfolgreich gereinigt wurden, sich nicht als replikationskompetent oder krankheitsverursachend erwiesen haben. Mit anderen Worten: Was physisch isoliert wurde, kann nur als extrazelluläre Vesikel (EVs) bezeichnet werden. Im Mai 2020 erschien in der Fachzeitschrift *Viruses* eine Veröffentlichung, in der behauptet wurde: "Heutzutage ist es eine fast unmögliche Aufgabe, EVs und Viren mit Hilfe kanonischer Vesikel-Isolierungsmethoden wie der differenEal-UltrazentrifugaEon zu trennen, da sie aufgrund ihrer ähnlichen Dimensionen häufig gemeinsam pelletiert werden." [22] "Heutzutage" bedeutet im Gegensatz zur Vergangenheit, und es ist unklar, wie eine solche beobachtete technische Veränderung mit biologischen Gesetzen in Einklang gebracht werden kann. Es scheint wahrscheinlicher, dass sich die Virologen von ihren eigenen Techniken distanzieren, um eine Widerlegung ihrer eigenen Postulate zu vermeiden. Möglicherweise müssen sie akzeptieren, dass der Grund, warum die differene UltrazentrifugaEon nicht in der Lage ist, Viren von anderen Vesikeln zu trennen, darin liegt, dass ihre Behauptung, Viren seien in der

Copyright © 2022 Mark Bailey

[18] ATCC, "VERO C1008 [Vero 76, Klon E6, Vero E6]": hhps://www.atcc.org/products/crl-1586

[19] Aneuploidie bedeutet das Vorhandensein einer abnormalen Anzahl von Chromosomen in einer Zelle.

[20] Jennifer Harcourt, et al., "Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 from PaEent with Coronavirus Disease, United States", *Emerging Infec6ous Diseases*, Juni 2020: hhps://wwwnc.cdc.gov/eid/arEcle/26/6/20-0516_arEcle

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

[22] Flavia Giannessi, et al., "The Role of Extracellular Vesicles as Allies of HIV, HCV and SARS Viruses", *Viruses,* 22. Mai 2020: hhps://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/arEcles/PMC7519827/

Copyright © 2022 Mark Bailey

Stichprobe ist unbegründet.

Die Virologen sind eindeutig von der grundlegenden Frage der IsolaEon abgelenkt, da sie nicht in der Lage waren, an dieser Front zu liefern. Anstatt das Problem ehrlich und wissenschaftlich anzugehen, haben sie die Sprache vernebelt. Im Jahr 2017 wies die Perth Group in ihrem *Hauptwerk* "HIV - ein Virus wie kein anderes" darauf hin, dass "in der Virologie, während die Reinheit des Begriffs seine alltägliche Bedeutung behält, 'IsolaEon' ein zweckmäßiger Begriff ist, den Virologen den Daten zuweisen, von denen sie behaupten, dass sie der Beweis für die Existenz eines gleichartigen Virus sind." [23] Mit anderen Worten, es ist bequem und praktikabel, aber im Hinblick auf die Behauptungen, die aufgestellt werden, und die anschließenden Maßnahmen, die gegen die Menschheit durchgeführt werden, sollte es als unangemessen und unmoralisch angesehen werden. In demselben Aufsatz dokumentiert die Perth Group die folgenden Beispiele von Virologen, die die wissenschaftliche Sprache für ihre eigenen Zwecke missbrauchen:

> *Der HIV-Experte Jay Levy definiert die Virusisola6on als eine "Probe eines Virus aus einer bestimmten Quelle", White und Fenner als die Fähigkeit, "ein völlig unvorhergesehenes Virus zu identifizieren oder sogar einen völlig neuen Erreger zu entdecken". Montagnier und Weiss als "sie [Viren] in Zellen in Kultur zu propagieren". Die sechste Ausgabe von Fields Virology von 2013 definiert Isola6on als "Viren können von einem infizierten Wirt isoliert werden, indem man ausgeschiedenes oder sekretiertes Material, Blut oder Sekrete erntet und auf die Induktion der ursprünglichen Symptome im identischen Wirt oder auf die Induktion einer abnormalen Pathologie in einem Ersatzwirt oder in einer Zellkultur untersucht... Sobald das Vorhandensein eines Virus festgestellt wurde, ist es meist wünschenswert, einen genetisch reinen Klon herzustellen. Es versteht sich von selbst, dass man, wenn man bei der Virusisolierung "eine Probe eines Virus aus einer bestimmten Quelle nehmen" oder "sie in Zellen in einer Kultur vermehren" will, zunächst den Nachweis erbringen muss, dass das Virus in "einer bestimmten Quelle" oder "in Zellen in einer Kultur" existiert. Es handelt sich auch nicht um eine Virusisola6on, die "eine anormale Pathologie hervorruft" oder "sobald das Vorhandensein eines Virus festgestellt worden ist".* [24]

Es ist eine Farce, dass es diesen Zustand gibt, und die grob irreführende Praxis macht die vielen Behauptungen der Virologie über die IsolaEon als unbegründet. Aber haben die Virologen selbst eine Erklärung für ihren unerbittlichen Missbrauch der englischen Sprache parat? Im Jahr 2021 erklärte der erfahrene Virologe Professor Vincent Racaniello, selbst im Hinblick auf die Entschlüsselung grundlegender Begriffe wie "Isolat", dass "was passiert, ist, dass man im Labor von

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

jemandem ausgebildet wird und man hört, wie er Dinge sagt, und man assoziiert eine Bedeutung mit ihnen, und das ist es, was man tut, und sie mögen oder mögen nicht

---

[23] The Perth Group, "HIV - ein Virus wie kein anderes", 12 Jul 2017: hhp://theperthgroup.com/HIV/TPGVirusLikeNoOther.pdf

[24] Ebd.

Copyright © 2022 Mark Bailey

richtig sein. "[25] In der gleichen Präsentation schien Racaniello selbst kein Problem mit seiner eigenen Definition von vermeintlich wissenschaftlichen Begriffen zu haben, als er sagte: "Ein Isolat ist ein Virus, das wir von einem infizierten Wirt isoliert und in einer Kultur vermehrt haben". Ironischerweise wurde in einem Artikel aus dem Jahr 2015 über angemessene wissenschaftliche Terminologie und das Wort

[26] Racaniello erklärte: "Wenn man die englische Sprache als ein dynamisches Mittel zur Kommunikation, die sich ständig weiterentwickelt und den Wörtern neue Bedeutungen verleiht, dann stört Sie dieser falsche Gebrauch von TransfecEon wahrscheinlich nicht. Aber Wissenschaftler müssen in ihrer Arbeit präzise sein

Sprachgebrauch, da sonst ihre Kommunikationsfähigkeit beeinträchtigt wird. "[27] Eine Analyse von Racaniellos Vortrag über virale IsolaEon und den Missbrauch von Sprache in der Wissenschaft wurde bereits von Dr. Samantha Bailey in "The Truth About Virus IsolaEon" behandelt. "[28] Sie veranschaulicht das Problem, dass mehrere Generationen von Virologen in einer Welt des Zirkelschlusses gefangen zu sein scheinen, wenn auch mit unterschiedlichen Graden der Einsicht.

Die Virologie hat die Hypothese der Viren erfunden. Welche Methode sie also auch immer anwendet, um deren Existenz zu beweisen, sie muss diese Hypothese stützen. Im Kern geht es um ein einfaches Konzept, und wir müssen Beweise dafür sehen, dass angeblich krankheitsverursachende ParEkel neue ParEkel verursachen, die Klone der früheren sind. Die Behauptung, dass nachgewiesene Proteine und Nukleinsäuren einen spezifischen viralen Ursprung haben, ist nicht möglich, solange die angeblichen viralen ParEkel nicht wirklich durch Aufreinigung isoliert wurden und nachgewiesen wurde, dass sie diese wichtigen biologischen Merkmale aufweisen. Wie von der Perth Group in "HIV - a virus like no other" dargelegt, ist eine Aufreinigung aus mehreren Gründen notwendig, um die Existenz von Viren zu beweisen, darunter die folgenden:

1. *Viren vermehren sich nur in lebenden Zellen. Da Zellen und Viren aus denselben biochemischen Bestandteilen bestehen, ist die Trennung der Teilchen vom zellulären Material wichtig, um zu bestimmen, welche Nukleinsäure und Proteine zu den Virus-Teilchen gehören.*
2. *Um zu beweisen, dass die Par6kel infektiös sind. Mit anderen Worten: Es sind die Teilchen, nicht andere Faktoren, die für die Produktion neuer Teilchen verantwortlich sind. Dies erfordert die Reinigung beider Gruppen von Par6keln.*

[25] Vincent Racaniello, "Virusisolate, Varianten, Stämme - was sind sie?", *Vincent Racaniello*, 2. März 2021: hhps://www.youtube.com/

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

watch?v=G2G2bWUAef0&t=75s

[26] "TransfecEon is a process of introducing nucleic acid into eukaryoEc cells using various chemical or physical methods", aus *Comprehensive Biotechnology,* 2nd ediEon, Elsevier, 2011.

[27] Vincent Racaniello, "What does transfecEon mean?", *Virology blog*, 12 Feb 2015: hhps://www.virology.ws/2015/02/12/what- does-transfecEon-mean/

[28] Samantha Bailey, "The Truth About Virus IsolaEon", 14 Apr 2021: hhps://drsambailey.com/resources/videos/viruses-unplugged/ the-truth-about-virus-isolaEon/

Copyright © 2022 Mark Bailey

3. *Nachweis ihrer biologischen und pathologischen Wirkungen.*
4. *Zur Gewinnung von An6genen (Proteinen) und Nukleinsäuren zur Verwendung in An6körper- bzw. Genomtests .* [29]

Auch wenn es weniger häufig vorkommt, verschleiern Virologen gelegentlich die Bedeutung des Begriffs "Reinheitsgebot". Am 23. Mai 2022 behauptete der belgische Professor für Virologie Marc Van Rans t30 , dass in Bezug auf SARS-CoV-2 "in einem anderen ArEkel (hhps://europepmc.org/arEcle/pmc/pmc7122600) haben sie das Virus durch Ultrazentrifugation in Beta-Cyclodextrin weiter aufgereinigt." [31] Van Ranst bezog sich auf eine Arbeit aus dem Jahr 2008, in der die "großmaßstäbliche Präparation von UV-inaktivierten SARS-Coronavirus-Virionen" beschrieben wurde, die

im Zusammenhang mit dem angeblichen SARS-CoV-1-Virus . [32] Dieses Papier skizziert jedoch lediglich ein Protokoll

und es gibt keinen Teil des Papiers, in dem die Existenz eines replikationskompetenten Teils nachgewiesen wurde - alles, was gezeigt wurde, waren einige Bilder von geringer Qualität, die "infizierte" Vero E6-Zellen zeigen sollten. (Siehe nächster Abschnitt zu den "zytopathischen Effekten".) Zur "Überprüfung der gereinigten Virionen" nach der Zentrifugation wurden keine Bilder vorgelegt, aber es wurde behauptet, dass "die Konzentration der gereinigten Virionen durch BCA [Bicinchoninsäure]-Test mit BSA [Rinderserumalbumin] als Standard bestimmt wird." Dies war eine unbegründete Schlussfolgerung, da der BCA-Test lediglich die Gesamtproteinkonzentration in einer Lösung misst - die Technik ist nicht in der Lage, den Nachweis zu erbringen, dass "Virionen" in einer Probe vorhanden sind.

Abbildung 1 unten ist ein Bild, das gereinigte "Fledermaus-SARS-ähnliche Coronavirus"-Virionen zeigen soll und 2013 in *Nature* veröffentlicht wurde - die Überschrift erklärt, warum eine solche Erklärung lächerlich ist. (Die bequeme Varianz in der Größe der Partikel ist offenbar darauf zurückzuführen, dass "[Coronaviren] in der Regel einen Durchmesser, ohne Projektionen, zwischen 80 und 120 nm haben, obwohl der Durchmesser in Extremfällen zwischen 60 und 220 nm variieren kann." [33]) Auch die Behauptung in der zitierten Arbeit von Van Ranst, dass "es besser ist, die Menge an Virionen durch 10%ige SDS-PAGE zu bestimmen, "[34] ist ebenso falsch, da es sich hierbei lediglich um ein Gelelektrophoreseverfahren handelt, mit dem Proteine nach ihrer Molekülmasse getrennt werden - es kann keinen Beweis dafür liefern, dass die Proteine zu einem Virus gehören. Van Ranst erklärte außerdem, "wir können bereits nachweisen

[29] The Perth Group, "HIV - ein Virus wie kein anderes", 12 Jul 2017: hhp://theperthgroup.com/HIV/TPGVirusLikeNoOther.pdf

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

[30] "Marc Van Ranst", Wikispooks: hhps://wikispooks.com/wiki/Marc_Van_Ranst

[31] Per E-Mail von Marc Van Ranst, "PurificaEon of SARS-CoV-2", 23. Mai 2022: hhps://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/ 2022/06/Belgien-Marc-Van-Ranst-May-2022-PACKAGE.pdf

[32] Yasuko Tsunetsugu-Yokota, "Large-scale preparaEon of UV-inacEvated SARS coronavirus virions for vaccine anEgen", *Methods in Molecular Biology*, 1 Jan 2008: hhps://doi.org/10.1007/978-1-59745-181-9_11

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

[34] Natriumdodecylsulfat-PolyAcrylamid-Gelelektrophorese

Copyright © 2022 Mark Bailey

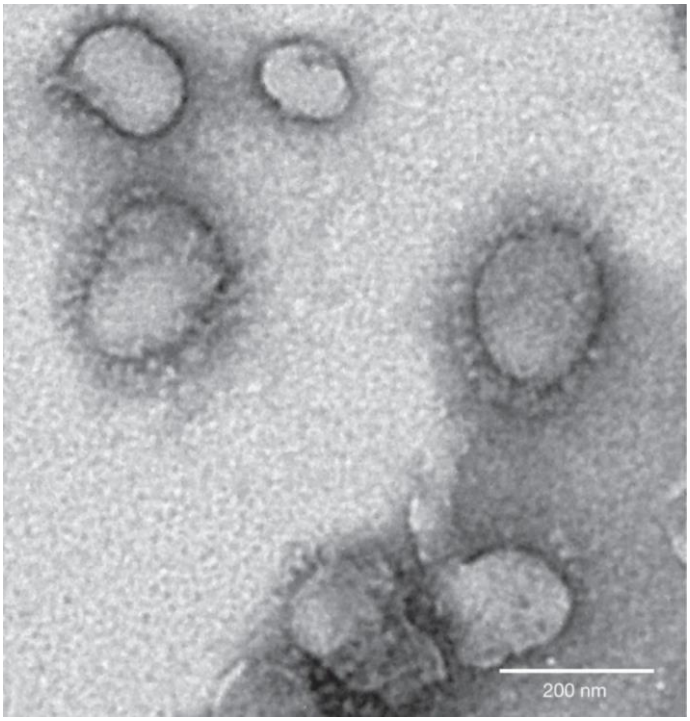

Abbildung 1. Dieses Bild wurde als "[eine] elektronenmikroskopische Aufnahme von gereinigten Virionen" beschrieben, die durch "Ultrazentrifugation durch ein 20%iges Saccharosekissen (5 ml) bei 80.000g für 90 Minuten mit einem Ty90-Rotor (Beckman)" erhalten wurde. Abgesehen von der Tatsache, dass die biologischen Eigenschaften dieser abgebildeten Vesikel nicht festgestellt wurden, gibt es keinen Hinweis darauf, dass irgendetwas in der Vero E6-Zellkultur gereinigt wurde, und es wurden keine weiteren kontextbezogenen Bilder bereitgestellt. Außerdem wurden keine mikroskopischen Aufnahmen von Kontrollkulturen dokumentiert. Quelle: Xing-Yi Ge, et al., "IsolaEon and characterizaEon of a bat SARS-like coronavirus that uses the ACE2 receptor," *Nature*, 30 Oct 2013: hhps://doi.org/10.1038/nature12711 (Siehe auch Seite 56 bezüglich der Behauptung, dass Ralph Baric et al. diese "Viren" aufgereinigt haben, um neue zu schaffen).

der viralen RNA in klinischen Proben. Wir können das virale Genom vollständig entschlüsseln. Wir können die

Virus in Zellkulturen zu züchten und es in Tiermodellen zu impfen und Krankheiten auszulösen. "[35] Es ist unbekannt

ob Van Ranst erkannt hat, dass die unkontrollierten Methoden, die bei all diesen Experimenten angewandt werden, nicht den erforderlichen Beweis für irgendein "Virus" liefern. Wenn Van Ranst also behauptet, dass "kein Wissenschaftler an der Existenz von SARS-CoV-2 zweifelt, "[36] , fragt man sich, ob die Virologen nun die Definition von "Wissenschaft" ändern müssen, um die irreführenden Praktiken aufrechtzuerhalten?

Van Ranst war jedoch nicht der einzige Virologe, der Behauptungen über die Reinigung von Viren aufstellte. Auf eine E-Mail-Anfrage antwortete Dr. Marica Grossegess e37 vom Robert-Koch-Institut: "Wir haben SARS-Partikel durch Dichtegradienten gereinigt. Allerdings nur von dem aus

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

Zellkulturen gewonnenen Virus, wie Sie

[35] Per E-Mail von Marc Van Ranst, "PurificaEon of SARS-CoV-2", 23. Mai 2022: hhps://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/ 2022/06/Belgien-Marc-Van-Ranst-May-2022-PACKAGE.pdf

[36] Ebd.

[37] hhps://www.researchgate.net/profile/Marica-Grossegesse

Copyright © 2022 Mark Bailey

schrieb. Die Herausforderung bei der Reinigung von SARS aus Patientenproben ist, dass man keine sichtbare Bande erhält. [38] Abgesehen von der ungenauen Terminologie, mit der der Name eines Syndroms ("SARS" ist das schwere akute Atemwegssyndrom) für ein postuliertes Virus verwendet wird, wurden keine weiteren Belege dafür geliefert, wie diese Behauptungen aufgestellt wurden. Vermutlich verwendet Grossegesse auch die Begriffe "Reinheit" und "Virus", wie sie in Abbildung 1 dargestellt sind? Auf die Frage, wie die Experimente kontrolliert wurden, antwortete sie: "Wir dürfen keine Protokolle mit einer Privatperson teilen. Ich kann nur auf unsere Veröffentlichungen verweisen, in denen die Infektionsexperimente detailliert beschrieben sind." Es scheint, dass das Wort "Detail" eine andere Bedeutung bekommen hat, da in den Veröffentlichungen die gesuchten direkten Antworten zu den Kontrollen nicht gegeben wurden.

Der Bereich der IsolaEon ist einer der Bereiche, in denen die Virologie völlig aus den Fugen geraten ist, und wie in diesem Aufsatz dargelegt wird, bleibt SARS-CoV-2 nichts weiter als ein hypothetisches Computerkonstrukt, das aus Genfragmenten unbewiesener Herkunft zusammengesetzt ist. Es wurde noch nie ein physisch isoliertes (d. h. gereinigtes) ParEkel nachgewiesen, das für die Produktion identischer ParEkel verantwortlich ist, oder ein ParEkel, das nachweislich bei einem Menschen oder in einem experimentellen Tiermodell pathologische Effekte verursacht hat. Die Erklärung von Virologen wie Van Ranst sowie der WHO und ihren Anhängern, dass ein infektiöses ParEkel mit der Bezeichnung "SARS-CoV-2" eine Pandemie verursacht, erweist sich somit als wissenschaftlicher und intellektueller Betrug.

WAS IST VIROLOGIE?

> *Wenn er aufgeschreckt wird, fliegt er in immer kleiner werdenden Kreisen herum, bis es ihm gelingt, sich auf den Rücken zu drehen und ganz zu verschwinden, was seine Seltenheit noch vergrößert.*
>
> - Der mythische "Oozlum-Vogel" . [39]

Es ist schwer zu sagen, wie man die Virologie genau nennen soll, aber sie ist keine Wissenschaft. Die derzeitigen Praktiker betreiben eine Art algorithmischer oder staatlicher Spekulation, die mit Zirkelschlüssen und Voreingenommenheit einhergeht, wobei der entsprechende Reflexionsprozess, der das Herzstück der wissenschaftlichen Methode darstellt, völlig fehlt. Während die Abkehr von der wissenschaftlichen Methode von den Akteuren auf den unteren Ebenen unbemerkt oder zufällig sein mag, gibt es auf den höheren Ebenen der globalen Hierarchie mit ziemlicher Sicherheit konspirative Überlegungen. Die WHO, die Centers for Disease Control

Copyright © 2022 Mark Bailey

(CDC) und die Health Security Agency des Vereinigten Königreichs sind zum Beispiel alle Teilhaber

[38] Per E-Mail von Marica Grossegesse, Robert Koch InsEtute, "SARS-CoV-2 / quesEons", 1 Apr 2022: hhps://www.fluoridefreepeel.ca/ wp-content/uploads/2022/07/RKI-Marcia-Grossegesse-controls-PACKAGE-redacted.pdf

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

Copyright © 2022 Mark Bailey

zu den betrügerischen Praktiken der Virologie, wie in diesem Aufsatz dargelegt wird. Die anE-scienEfic-Praktiken wiederholen sich jedoch in den meisten anderen Ländern, sei es in Bezug auf die Behauptung der VirusisolaEon und die pauschale Falschanwendung der Polymerase-KettenreakEon (PCR) für klinische Diagnosen cs,[40] oder das Versäumnis, die entscheidenden Kontrolldetails bei der Viruskultur und der Genomkreation offenzulegen, worauf sich ein Großteil dieses Aufsatzes konzentriert.

Wie prüfen wir eine wissenschaftliche Theorie? Karl Popper drückte die zentrale Bedeutung der Widerlegung einer Theorie oder Hypothese so aus:

> *Es ist also, so meine ich, die Möglichkeit, sie zu stürzen, oder ihre Falsifizierbarkeit, die die Möglichkeit ihrer Prüfung und damit den wissenschaftlichen Charakter einer Theorie ausmacht; und die Tatsache, dass alle Prüfungen einer Theorie versuchte Falsifizierungen von mit ihrer Hilfe abgeleiteten Voraussagen sind, liefert den Hinweis auf die wissenschaftliche Methode. Diese Sichtweise der wissenschaftlichen Methode wird durch die Geschichte der Wissenschaft bestätigt, die zeigt, dass wissenschaftliche Theorien oben durch Experimente umgestoßen werden, und dass der Umsturz von Theorien in der Tat das Mittel des wissenschaftlichen Prozesses ist. Die Behauptung, die Wissenschaft sei zirkulär, kann nicht aufrechterhalten werden .* [41]

Es ist daher eine berechtigte Frage, ob die Virologie jemals eine Wissenschaft war. Was die wissenschaftliche Methode betrifft, so stellen die Virologen unumstößliche Hypothesen auf, indem sie Paradigmen schaffen, bei denen eine beliebige Anzahl von Beobachtungen, seien es Krankheiten oder angebliche Testergebnisse, auf ihre "Viren" zurückgeführt werden können. Die Beobachtungen werden als Beweis für die Existenz des Virus in der Art eines Zirkelschlusses weitergegeben, der die nachweisbare Existenz eines Virus nicht mehr erfordert. Alle Behauptungen über die Reproduzierbarkeit, zum Beispiel in Form eines PCR-Verfahrens oder eines angeblichen viralen Genoms, sind lediglich weitere Kreisläufe desselben Kreislaufs.

Historisch gesehen zeichnet sich die Virologie durch einen Mangel an validen Kontrollexperimenten aus, und keine ihrer Behauptungen wurde durch die ordnungsgemäße Anwendung der wissenschaftlichen Methode nachgewiesen. Das erste angeblich entdeckte Virus war das Tabakmosaikvirus, und einer der Beweise dafür soll in Dmitri Iwanowskis Abhandlung *Über die Mosaikkrankheit der Tabakspflanze von* 1903 enthalten sein . [42] Es ist jedoch

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

offensichtlich, dass

[40] Mark Bailey & John Bevan-Smith, "The COVID-19 Fraud & War on Humanity", 11. November 2021: hhps://drsambailey.com/covid-19/ the-covid-19-fraud-war-on-humanity/

[41] Karl Popper, *Die offene Gesellschaft und ihre Feinde: Band II The High Tide of Prophecy: Hegel, Marx, and the Abermath* (London: Routledge & Kegan Paul (1962, erstmals veröffentlicht 1947), 260.

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

Copyright © 2022 Mark Bailey

Iwanowskis beschriebene Experimente enthielten keine gültigen Kontrollvergleiche und waren daher unsicher und nicht schlüssig. Er bemerkte sogar, dass "diese Krankheit nur in Küstenregionen günstige Lebensbedingungen vorfindet". Diese Schlußfolgerung stimmt mit den obigen Beobachtungen über den Einfluß der Feuchtigkeit auf die Entwicklung der Krankheit völlig überein. Die Mosaikkrankheit scheint einzigartig zu sein
feuchten und warmen Klimazonen."[43] Als sich jedoch die Keimtheorie zur vorherrschenden
Die Ideologie der Krankheitsverursachung zu dieser Zeit führte nicht zu dem Schluss, dass die Mosaik-Krankheit durch Umweltbedingungen verursacht wurde, sondern dass Iwanowski einen unsichtbaren Virus entdeckt hatte.

Man kann den frühen Pionieren vielleicht verzeihen, dass ihre unkontrollierten und unwissenschaftlichen Methoden einfach typisch für die damalige Zeit waren. Der Begründer der Keimtheorie, Claude Bernard, hat jedoch schon Jahrzehnte zuvor, 1865, die Bedeutung von Kontrollen für die Einhaltung der wissenschaftlichen Methode erkannt: "Wenn wir in der Tat das Experiment durch eine in ein Phänomen eingebrachte Veränderung oder Störung charakterisieren, dann nur insofern, als wir damit implizieren, dass die Störung mit dem Normalzustand verglichen werden muss. Da Experimente in der Tat nur Urteile sind, erfordern sie notwendigerweise einen Vergleich zwischen zwei Dingen; und das beabsichtigte oder aktive Element in einem Experiment ist wirklich der Vergleich, den der Verstand zu machen beabsichtigt. "[44] Bernard wies auf die Notwendigkeit einer gültigen Kontrolle oder eines geeigneten Vergleichs hin, um sicherzustellen, dass nur das neue experimentelle Element ein Ergebnis verursacht. Am wohlwollendsten könnten wir also annehmen, dass sich einige der frühen Virenjäger der Bedeutung der wissenschaftlichen Methode bei ihrer enthusiastischen und ungezügelten Jagd auf unsichtbare Feinde nicht bewusst waren.

Das Lehrbuch *Retroviruses* informiert uns über eine weitere frühe angebliche Virusentdeckung: "1911 berichtete Peyton Rous am Rockefeller-Institut in New York über die zellfreie Übertragung eines Sarkoms bei Hühnern... Das von Rous isolierte Virus trägt den Namen seines Entdeckers: Rous sarcoma virus."[45] Eine Durchsicht von Rous' Arbeit "A Sarcoma of the Fowl, "[46] zeigt jedoch, dass er nicht behauptete, irgendetwas zu isolieren, geschweige denn etwas, das der Definition eines Virus entspricht. Seine Methode bestand darin, Tumormaterial von Hühnern zu zerkleinern, es zu filtern und es anderen Hühnern direkt zu injizieren, wobei er beobachtete, dass einige von ihnen ebenfalls Tumore entwickeln würden. Er berichtete, dass die "Kontrollversuche" darin bestanden, Hühnern *unzerkleinertes* Tumormaterial zu injizieren.

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

[43] Ebd.

[44] Claude Bernard, *An Introduc6on to the Study of Experimental Medicine,* 1865, übersetzt von Henry Greene, Schuman Inc., 1949.

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

[46] Peyton Rous, "A Sarcoma of the Fowl Transmissible by an Agent Separable from the Tumor Cells", *J Exp Med*, 1 Apr 2022: hhps://doi.org/10.1084/jem.13.4.397

Copyright © 2022 Mark Bailey

die in der Regel zu viel größeren Tumoren führten. Rous postulierte das Vorhandensein eines ursächlichen ultramikroskopischen Organismus, räumte aber ein, dass "eine andere Ursache nicht ausgeschlossen werden kann". In der Tat lieferte das Experiment keinen Beweis für einen infektiösen und replikativen Teil. Es zeigte lediglich, dass krankes Essue, das über einen unnatürlichen und invasiven Weg in ein anderes Tier eingeführt wurde, einen ähnlichen Krankheitsprozess hervorrufen konnte.

Auch die Behauptung, der Pathologe William Gye habe 1925 nachgewiesen, dass Rous ein Virus gefunden habe, ist falsch. Er behauptete lediglich, dass bei diesen Experimenten ein Virus am Werk war, und erklärte auffällig: "Ich möchte vor allem einen Aspekt der Suche nach den unsichtbaren Viren betonen, und zwar, dass der Tierversuch der endgültige Beweis für das Vorhandensein des Organismus in einem Inokulum ist. "[47] Auch hier beinhaltete der "endgültige Beweis" nicht die tatsächliche Identifizierung eines infektiösen Organismus im Inokulum - es wurde lediglich die Tumorbildung nach Injektion von erkranktem Essue nachgewiesen. Außerdem wurde 1927 festgestellt, dass das Sarkom des Geflügels durch die Injektion von verdünnter Arsensäure und fremdem embryonalen Fruchtfleisch ausgelöst werden kann. [48] Die karzinogenen Effekte wurden auch nach der gleichen bakteriologischen Untersuchung, die Rous durchführte, reproduziert, und es wurde gezeigt, dass die Krankheit durch das fremde Fruchtfleisch und nicht durch das Wirtsfruchtfleisch verursacht wurde. Die Virushypothese hätte verworfen werden müssen, aber ein halbes Jahrhundert später hielt das Establishment sie am Leben und belohnte Rous 1966 mit einem Nobelpreis für "seine Entdeckung der tumorauslösenden Viren". "[49]

Als John Enders und Thomas Peebles 1954 behaupteten, sie hätten das Masernvirus in menschlichen Zellen und in Nierenzellen von Affen vermehrt ,[50] hätte man den unwissenschaftlichen Experimenten der Virologie keine weitere Toleranz entgegenbringen dürfen. Enders und Peebles fügten ihren Zellkulturen Rachenspülungen und Blut hinzu und kamen nach der Beobachtung von CPEs (absterbenden und zerfallenden Zellen) in ihren Reagenzgläsern zu dem Schluss, dass die In-vitro-Erscheinungen "mit dem Masernvirus in Verbindung stehen könnten". Sie warnten zwar davor, dass "zytopathische Effekte, die denen einer Infektion mit Masern-Erregern sehr ähnlich sind, möglicherweise durch andere virale Erreger, die in der Affenniere vorhanden sind, oder durch unbekannte Faktoren ausgelöst werden können", zogen aber die unzutreffende Schlussfolgerung, dass "diese Gruppe von Erregern aus Vertretern der für Masern verantwortlichen Virusspezies besteht. "[51] Enders und Peebles führten keine

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

[47] William Gye, "Discussion on Filter-Passing Viruses and Cancer", *BMJ*, 1. August 1925: hhps://www.jstor.org/stable/25445900

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

[49] "Der Nobelpreis für Physiologie oder Medizin 1966": hhps://www.nobelprize.org/prizes/medicine/1966/summary/

[50] John Enders und William Peebles, "PropagaEon in Tissue Cultures of Cytopathogenic Agents from PaEents with Measles", *Proceedings of the Society for Experimental Biology and Medicine (PSEBM)*, 86 (eingegangen am 16. Mai 1954), 277-286.

[51] Ebd.

Copyright © 2022 Mark Bailey

Kontrollexperimente, um zu überprüfen, ob das Kulturverfahren selbst, d. h. die Belastung der Zellen in einem Reagenzglas, die gleichen CPEs erzeugen würde, wodurch die Beweise für ihre Schlussfolgerung ungültig würden. Idealerweise hätten mehrere Kontrollexperimente durchgeführt werden sollen: einige ohne Zugabe von Humanproben, einige mit Humanproben von gesunden Probanden und einige mit Humanproben von erkrankten Probanden, die jedoch klinisch keine Masern oder eine andere angebliche "virale" Erkrankung aufwiesen.

Die Virologen haben jedoch weiterhin die unkontrollierte Methodik von Enders wiederholt und behaupten bis heute, dass solche CPEs unanfechtbare Beweise für Viren sind. Dr. Stefan Lanka hat die Geschichte dieser unwissenschaftlichen Praktiken dokumentiert ces,[52] und im Jahr 2021 nachgewiesen, dass CPEs

in Zellkulturen durch den Laborprozess selbst induziert werden können . [53] Die Ergebnisse von Lankas

Experimente sind in Abbildung 2 dargestellt. In vielen virologischen Veröffentlichungen wird ein Kontroll- oder "Scheininfektions"-Experiment erwähnt, aber die Details solcher Experimente sind auffällig, weil sie fehlen. Auf einer Webseite der Northwestern University, Illinois, heißt es, dass "mock-infected" "eine Kontrolle ist, die in Infektionsexperimenten verwendet wird. Es werden zwei Exemplare verwendet, von denen eines mit dem Virus/Vektor der Krankheit infiziert ist.

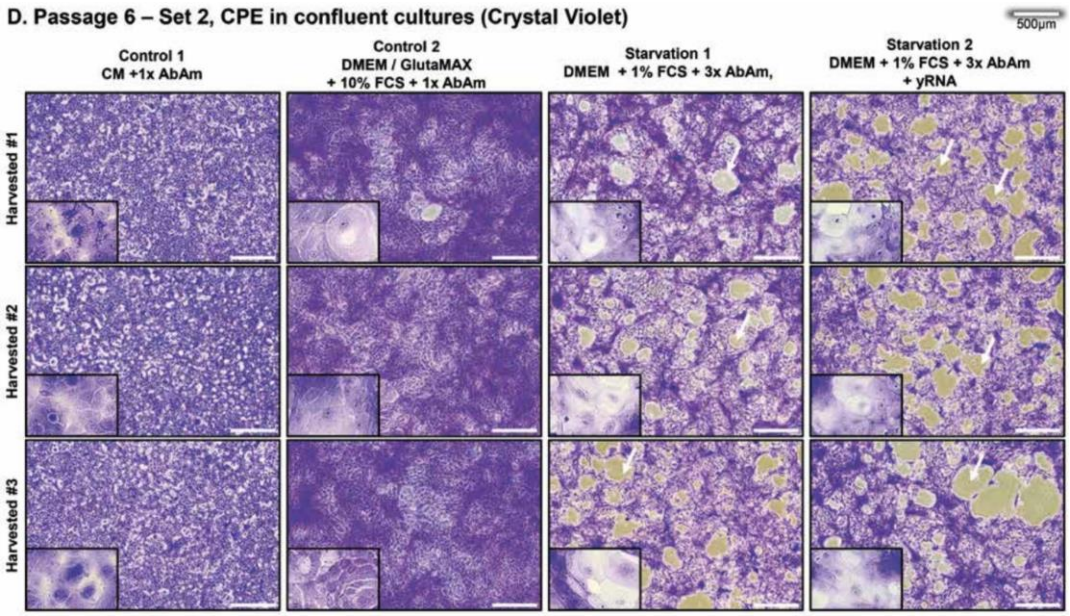

Abbildung 2. Die Experimente von Dr. Stefan Lanka: CPEs (weiße Pfeile) wurden durch Stress der Epithelzellen mit Passage und AnEbioEcs induziert. Die Zugabe von Hefe-RNA (4. Spalte) induzierte noch mehr CPEs. Es wurden keine "Viren" hinzugefügt und die Experimente wurden in dreifacher Ausführung durchgeführt. Quelle: Stefan Lanka, et al., "Präliminäre Ergebnisse der Kontrollversuche - Die ReakEon primärer humaner Epithelzellen auf stringente VirusamplifikaEons-Bedingungen widerlegen die Existenzbehauptungen aller Viren und von

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

SARS-CoV-2", 25 Mar 2022: hhps:// coldwellianEmes.com/eilmeldung/kontrollexperiment

---

[52] Stefan Lanka, "Das Virus-Missverständnis", *WISSEnSCHAFFTPLUS magazin*, 01/2020, 4.

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

Copyright © 2022 Mark Bailey

Interesse und die andere wird genauso behandelt, nur ohne das Virus. [54] Die Abgrenzung ist bereits problematisch, da Begriffe wie "Virus" und "infiziert" eingeführt wurden und somit als existent vorausgesetzt werden, bevor sie feststehen. Wie sich zeigen wird, behandeln diejenigen, die an der angeblichen Virusisolierung und Genomherstellung beteiligt sind, das fiktiv infizierte Exemplar mit Sicherheit nicht auf dieselbe Art und Weise ohne das "Virus", und sie können unaufrichtig oder offenkundig obstruktiv sein, wenn sie dazu gedrängt werden, diese Tatsache zuzugeben.

Im Juni 2022 erklärte die University of Otago in ihrer Antwort auf eine Anfrage des Oficial InformaEon Act (OIA) bezüglich des Papiers "CharacterizaEon of the First SARS-CoV-2 Isolates from Aotearoa New Zealand as Part of a Rapid Response to the COVID-19 Pandemic, "[55] , dass es sich bei dem von Professor Quiñones-Mateu und Kollegen veröffentlichten Papier um ein beschreibendes Papier handelte... Das bedeutet, dass es keine Hypothese zu beweisen oder zu widerlegen gab. "[56] Kurz und gut, die Antwort fasst den allgemeinen Stand der Dinge in der Virologie vielleicht etwas unglücklich zusammen. Im Jahr 2008 erschien in der Zeitschrift *Infec6on and Immunity* ein Gastkommentar mit dem Titel "DescripEve Science" (Beschreibende Wissenschaft), in dem erklärt wurde, warum "beschreibende Forschung an sich selten schlüssig ist" und lediglich als Ausgangspunkt für weitere Untersuchungen dienen kann. [57] Die Autoren wiesen darauf hin, dass "Mikrobiologie und Immunologie heute experimentelle Wissenschaften sind und die Forscher daher über die bloße Beschreibung von Beobachtungen hinausgehen können, um Hypothesen zu formulieren und dann Experimente durchzuführen, um sie zu bestätigen oder zu widerlegen." Wie in diesem Aufsatz dargelegt wird, will das virologische Establishment diese erforderlichen Experimente weder preisgeben noch durchführen, anscheinend um sich nicht selbst zu widerlegen. Sie beschränkt sich absichtlich auf laufende Opportunitätsexperimente, die von der Voreingenommenheit der Konzerne unterstützt werden, und disqualifiziert sich damit selbst von der wissenschaftlichen Methode, da sie mit dem von Popper beschriebenen hypothesengesteuerten und falsifizierbaren Ansatz unvereinbar ist.

Der Autor hat zuvor in einem Postskriptum, das aus A. F. Chalmers' Buch *What is this thing called Science?* geschrieben, dass eines der zentralen Probleme der Virologie darin besteht, dass sie sich selbst als Feld erfunden hat, bevor sie feststellte, ob Viren tatsächlich existieren. Seit ihrer Entstehung hat sie versucht, sich selbst zu rechtfertigen:

---

[54] Northwestern University, Illinois, "mock-infected" definiEon: hhps://groups.molbiosci.northwestern.edu/holmgren/Glossary/ DefiniEons/Def-M/mock-infected.html

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

[55] Rhodri Harfoot, et al., "CharacterizaEon of the First SARS-CoV-2 Isolates from Aotearoa New Zealand as Part of a Rapid Response to the COVID-19 Pandemic", *Viruses,* 10 Feb 2022: hhps://doi.org/10.3390/v14020366

[56] Leher von Kelsey Kennard, University of Otago, "Official informaEon request for informaEon regarding the paper 'CharacterizaEon of the First SARS-CoV-2 Isolates from Aotearoa New Zealand as Part of a Rapid Response to the COVID-19 Pandemic'", 22 Jun 2022.

[57] Arturo Casadevall und Ferric Fang, "DescripEve Science", *Infec6on and Immunity*, 14 Jul 2008: hhps://doi.org/10.1128/iai.00743-08

Copyright © 2022 Mark Bailey

In diesem Fall wurde zunächst kein Virus beobachtet, und erst später entwickelten sich Virentheorie und -pathologie. Die Wissenschaftler in der Mitte und am Ende des neunzehnten Jahrhunderts beschäftigten sich mit der Identifizierung von imaginären ansteckenden pathogenen Enzymen. Bei den Beobachtungen des naiven Induktionstheoretikers wurde ein Virus nicht a priori *identifiziert, um dann seine Eigenschaften und Charakteristika zu untersuchen. Die damalige Annahme war, dass es einen sehr kleinen Keimteil gibt, der die Ansteckung erklären kann. Was daraufhin entstand, erfüllte die Voraussetzung .* [58]

Da eine wissenschaftliche Theorie Beweise verlangt, die gemäß der wissenschaftlichen Methode wiederholt getestet und bestätigt wurden, ist es klar, dass "Viren" nie das Stadium einer Theorie erreicht haben . [59] Der Wissenschaft zufolge bleiben sie bloße SpekulaEon.

DA ES IN DER VIROLOGIE KEINE KONTROLLEN GIBT, HANDELT ES SICH NICHT UM EINE WISSENSCHAFTLICHE TÄTIGKEIT.

OIA-Anfragen haben ergeben, dass das neuseeländische InsEtute of Environmental Science and Research (ESR), das die IsolaEon und die genomische Sequenzierung des SARS-CoV-2-ParEls in den AnEpoden für sich beansprucht hat, sich ebenfalls schuldig gemacht hat, keine gültigen Kontrollen durchgeführt zu haben . [60] In der Tradition von Enders haben sie sich nicht die Mühe gemacht, zu prüfen, ob die von ihnen beobachteten CPEs oder Genome, die sie mit Hilfe von Computersimulationen zusammengestellt haben, auch in gültigen Kontrollvergleichen erzeugt werden könnten. Das heißt, durch Experimente mit anderen menschlichen Proben, sowohl von gesunden als auch von kranken Personen, die angeblich nicht an der angeblichen Krankheit COVID-19 leiden. Stattdessen beschrieb das ESR seine unzureichende "Negativkontrolle", bei der "die Maske den gleichen Bedingungen unterliegt wie die für die Viruskultur verwendeten Masken, wir verwenden jedoch nur Infektionsmedien."

Der zentrale Dirigent bei diesen anE-scienEfic-Bestrebungen ist die WHO. Es ist sehr aufschlussreich, dass in ihrem 94-seitigen Dokument "Genomic sequencing of SARS-CoV-2" in nur vier Sätzen von "Kontrollproben" die Rede ist:"

6.4.2 Kontrollproben

Nega6ve Kontrollproben, wie z. B. Bier oder Wasser, sollten immer in einem Sequenzierungslauf enthalten sein, der mehrere Proben enthält. Sie sollten so früh wie möglich

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

einbezogen werden

[58] Mark Bailey, "Warnings Signs You Have Been Tricked By Virologists...Again", 25 Jul 2022: hhps://drsambailey.com/warnings-signs- you-have-been-tricked-by-virologists-again/

[59] Ebd.

[60] Mark Bailey, "Faktencheck: New Zealand can't find the 'SARS-CoV-2 virus'", 12. Februar 2022: hhps://drsambailey.com/covid-19/fact-check-new-zealand-cant-find-the-sars-cov-2-virus/

Copyright © 2022 Mark Bailey

und sollten mit den Proben alle Phasen der Sequenzierungspipeline durchlaufen. Dies ist äußerst wichtig, um Kontaminationen während eines Sequenzierungslaufs auszuschließen, die im Labor oder während der bioinforma6schen Verarbeitung auftreten.

Posi6ve Kontrollproben mit bekannten Gensequenzen können nützlich sein, um neu eingeführte oder angepasste Bioinforma6k-Pipelines für das Konsens-Calling zu validieren, müssen aber nicht in jedem Sequenzierungslauf enthalten sein . [61]

Keine dieser Kontrollen ist jedoch geeignet, die "Genome" zu validieren, die die Virologen mit diesen Techniken erzeugen, da sie nur zur Kalibrierung der Pipeline dienen können. Wie sich gezeigt hat, kann die WHO nicht auf ein einziges gültiges positives Kontrollexperiment verweisen, und doch nannte sie am 11. Februar 2020 die neue Krankheit, die sie erfunden hatte, "COVID-19" mit der damit verbundenen Behauptung, dass sie durch ein neuartiges Coronavirus verursacht wurde . [62] Sie haben jedem auf der Welt grünes Licht gegeben, SARS-CoV-2 in seinen Hinterhöfen zu "entdecken", ohne dass gültige Kontrollexperimente erforderlich wären. Dennoch gibt es eine klare Notwendigkeit für vergleichende Kontrollen, bei denen ähnliche Proben von Patienten, aber ohne das angebliche Virus, auf die gleiche Weise verarbeitet werden, so dass nur eine Variable getestet wird. Der Vergleich der Ergebnisse einer Probe, die angeblich das Virus enthält, mit einer der im oben genannten WHO-Dokument beschriebenen Negativkontrollen kann das Verfahren nicht validieren, da die laheren Proben nicht die Gensuppe enthalten, die Teil der ersteren ist. In jedem Fall kann die Negativkontrolle, auf die sich das ESR in Neuseeland beruft, selbst nach ihren eigenen Angaben nicht zur Validierung der Methodik beitragen, die sie zur Erstellung dieser Virusgenome verwenden, da es sich, wie die WHO erklärt, lediglich um eine vorsorgliche Kontaminationsprüfung handelt.

Da es nicht gelungen ist, postulierte Viren zu kultivieren, bevorzugt die moderne Virologie heute die direkte

Metagenomik [63] von Rohproben, oSen mit Shotgun-Sequencin g64 und anschließende arEfizielle

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

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

[63] "Metagenomik ist die Untersuchung der Struktur und Funktion ener Nukleosequenzen, die aus allen Organismen (typischerweise Mikroben) in einer Sammelprobe isoliert und analysiert werden. Die Metagenomik wird häufig zur Untersuchung einer bestimmten

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

Gemeinschaft von Mikroorganismen verwendet, wie z. B. derjenigen, die sich auf der menschlichen Haut, im Boden oder in einer Wasserprobe befinden. - NIH NaEonal Human Genome Research InsEtute, "Metagenomics": hhps://www.genome.gov/geneEcs-glossary/Metagenomics (Zugriff am 27. April 2022). Es handelt sich um eine unzulässige Methode, wenn sie von Virologen angewandt wird, da für keine der gewonnenen und als "viral" deklarierten Sequenzen nachgewiesen werden konnte, dass sie von einem Virus stammen, wie in diesem Aufsatz näher erläutert wird.

[64] Die Shotgun-Sequenzierung ist eine Methode, bei der die DNA einer Probe nach dem Zufallsprinzip in kurze Abschnitte von z. B. 150 Basenpaaren Länge zerlegt wird. Diese kurzen Fragmente werden sequenziert, um "Reads" zu erhalten. Von diesem Punkt an stützt sich der Prozess auf Sequenzassemblierungssoftware, um überlappende Reads in "ConEgs" anzuordnen.

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

Zusammenfügen dieser GenEc-Fragmente, um neue *in silico* [65] "Viren" aus dem Nichts zu schaffen. Diese

invenEon stellt dann anderen Virenjägern vorgefertigte PCR-Primer-Panels s66 zur Verfügung, damit auch sie die gleichen Sequenzen entdecken und behaupten können, es handele sich um dasselbe Virus. Das ESR war an einer Veröffentlichung beteiligt, in der sie die Entdeckung von SARS-CoV-2 bei neun Probanden durch diese Methode verkündeten . [67] Mein Kollege forderte sie auf, "alle Einzelheiten der Kontrollgruppe anzugeben, die beim Vergleich der Sequenzierungsergebnisse verwendet wurde", aber anstatt die Frage zu beantworten, entschuldigte sich das ESR damit, dass es nicht an der "Generierung neuer Daten" beteiligt sei, und gab einige Links zu SARS-CoV-2-Sequenzierungsprotokollen an. [68] Wenn das ESR solche Protokolle verwendet, wie sie auf der Website protocol.io detailliert beschrieben sind, dann können wir sehen, dass sie unzureichende Kontrollen befürworten, die als "[eine] Negativkontrolle aus nukleasefreiem Wasser" beschrieben werden, während eine optionale "Positivkontrolle ebenfalls eingeschlossen werden kann, bei der es sich um ein synthetisches RNA-Konstrukt oder eine hochreine klinische Probe handeln kann, die verdünnt werden kann. "[69] Noch einmal, diese Arten von Kontrollen können nur als Pipeline-Kalibrierungstechniken dienen, nicht aber zur Validierung oder klinischen Signifikanz der "Genome", die sie zusammensetzen.

Trotz der ihnen zur Verfügung stehenden Mittel glaubt das ESR offenbar nicht an die Notwendigkeit, selbst zu prüfen, ob die Existenz von SARS-CoV-2 nachgewiesen werden kann. Am 19. Juli 2022 erklärten sie als Antwort auf eine OIA-Anfrage, dass "das ESR keine Experimente durchgeführt hat, um die Existenz des SARS-COV-2-Virus wissenschaftlich zu beweisen, und Ihnen daher keine Unterlagen zur Verfügung stellen kann. "[70] Am 17. August 2022 räumten sie als Antwort auf eine weitere Anfrage ein, dass "das ESR keine Experimente durchgeführt hat, um wissenschaftlich zu beweisen, dass [das] SARS-COV-2-Virus COVID-19 verursacht, und Ihnen daher keine Unterlagen zur Verfügung stellen kann. "[71] Auch sonst hat niemand diese erforderlichen wissenschaftlichen Experimente durchgeführt.

TIERMISSBRAUCH UND "ANTIKÖRPER"-STUDIEN

Mit der Unfähigkeit, die physische IsolaEon eines krankheitsverursachenden ParEls nachzuweisen, das die

[65] "In oder auf einem Computer: mit Hilfe von Computersoftware oder -simulaEon durchgeführt oder erzeugt": hhps://www.merriam-webster.com/ dicEonary/in%20silico

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

[66] Beispiel für SARS-CoV-2: "xGen™ SARS-CoV-2 Amplicon Panels": hhps://sg.idtdna.com/pages/products/next-generaEon-sequencing/workflow/xgen-ngs-amplicon-sequencing/predesigned-amplicon-panels/sars-cov-2-amp-panel

[67] Nick Eichler, et al., "Transmission of severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 during border quaranEne and air travel, New Zealand (Aotearoa)", *Emerg Infect Dis*., Mai 2021: hhps://doi.org/10.3201/eid2705.210514

[68] (Leher vom ESR, "Official InformaEon Act Request: OIA Request for records from doi: 10.3201/eid2705.210514", 25. März 2022).

[69] protocols.io, "nCoV-2019 sequencing protocol v3 (LoCost) V.3": hhps://www.protocols.io/view/ncov-2019-sequencing-protocol- v3-locost-bp2l6n26rgqe/v3?step=1 (Zugriff am 28. März 2022).

[70] (Leher vom ESR, "Official InformaEon Act Request: FOIA: SARS-CoV-2 Proof of Existence", 19. Juli 2022).

[71] Leher vom ESR, "Official InformaEon Act Request: SARS-CoV-2 Proof of CausaEon", 17 Aug 2022: hhps://mega.nz/file

Copyright © 2022 Mark Bailey

definiEon eines Virus haben sich die Virologen mit Tierversuchen beschäftigt, um die Unwissenden davon zu überzeugen, dass solche pathogenen ParEkel existieren. Diese Veröffentlichungen zeichnen sich dadurch aus, dass es ihnen an validen Kontrollen mangelt, so dass sie selbst unter der unbewiesenen Prämisse, dass es sich um "Viren" handelt, einen weiteren Aspekt der virologischen AnE-Wissenschaft offenbaren. Ein anschauliches Beispiel war die Arbeit "ComparaEve pathogenesis of COVID-19, MERS, and SARS in a nonhuman primate model" (Vergleich der Pathogenese von COVID-19, MERS und SARS in einem nichtmenschlichen Primatenmodell), die im Mai 2020 von einem Team veröffentlicht wurde, zu dem auch ChrisEan Drosten und Ron Fouchier gehörten . [72] Der Unsinn dessen, was in *Science* veröffentlicht wurde, lässt sich wie folgt zusammenfassen:

1. Die acht Cynomolgus-Affen in den Experimenten wurden *"mit SARS-CoV-2 unter Narkose über eine Kombination aus intratrachealer (4,5 ml) und intranasaler (0,25 ml pro Nasenloch) Routine geimpft es... "*[73] - Dies ist kein natürlicher Expositionsweg und 4.5 ml, die in die Lungen eines kleinen Affen (3,5 - 5,0 kg) gegossen werden, entsprechen etwa 80 ml (⅓ Tasse) fremden biologischen Materials, das in die Lungen eines Menschen gegossen wird, während dieser schlafend ist. Allein diese Menge an Material reicht aus, um die Lunge zu schädigen und zu verletzen.
2. Das Inokulum, das in ihre Lungen gegossen wurde, wurde aus "SARS-CoV-2 (Isolat BetaCoV/München/BavPat1/2020) hergestellt, das aus einem klinischen Fall in Deutschland gewonnen wurde", und "das Virus wurde bis zur dritten Passage auf Vero E6-Zellen in OpE-MEM I (1X) + GlutaMAX (Gibco), ergänzt mit Penicillin (10.000 IU/mL) und Streptomycin (10.000 IU/mL), vermehrt". - Sie haben behauptet, dass sie ein virales "Isolat" haben, obwohl weder sie noch ihr Lieferant r74 die Existenz eines Virus in der Probe nachgewiesen haben. Alles, was gesagt werden kann, ist, dass die Probe fremdes biologisches Material aus der klinischen Probe vom Menschen und Nierenzellen von Affen enthält, zusätzlich zu zellulären Abbauprodukten und zwei AnEbioEcs.
3. "Bei keinem der infizierten Tiere wurden offensichtliche klinische Symptome beobachtet, mit Ausnahme eines serösen Nasenausflusses bei einem älteren Tier am Tag 14 nach der Inokulation (p.i.). Während der Studie wurde bei keinem der Tiere ein signifikanter Gewichtsverlust beobachtet." - Mit anderen Worten: Trotz des direkten Eindringens des angeblichen SARS-CoV-2-Virus in die Lunge wurde keiner der Affen dadurch nennenswert krank.
4. "Am Tag 14 p.i. waren alle verbleibenden Tiere serokonvertiert, was durch das Vorhandensein

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

von SARS-CoV-2-spezifischen Antikörpern gegen die S1-Domäne des Virus und die Nukleokapsidproteine in ihren Seren nachgewiesen wurde."

- Es wurde nicht nachgewiesen, dass die S1- und Nukleokapsidproteine viralen Ursprungs sind, unabhängig von

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

[73] Ebd., ergänzendes Material.

[74] Europäisches Virusarchiv Global, "Humanes 2019-nCoV-Isolat": hhps://www.european-virus-archive.com/virus/human-2019-ncov-isolate

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

ob sie (durch einen In-vitro-Test) den Nachweis anderer Proteine, die als "Antikörper" bezeichnet werden, in einem Wirt induzieren. Die Virologen wenden wieder einmal einen Zirkelschluss an, um zu behaupten, dass der Nachweis eines Antikörpers die Existenz eines Virus beweist, weil der Antikörper als spezifisch für das angebliche Virus erklärt wird.

5. "Als Maß für die Virusausscheidung wurden Nasen-, Rachen- und Rektalabstriche mittels reverser Transkription und quantitativer Polymerase-Kettenreaktion (RT-qPCR) auf Viren untersucht..." - Es gab keine "Virusausscheidung", es wurden lediglich dieselben Sequenzen nachgewiesen, die kürzlich in die Atemwege der Affen gelangt waren. Diese fremden Nukleinsäuresequenzen verschwanden überraschenderweise im Laufe der nächsten Tage durch natürliche Ausscheidungsmechanismen aus dem Körper der Affen.
6. "SARS-CoV-2-RNA wurde nur in einem Rektalabstrich von einem Tier am Tag 14 p.i. nachgewiesen, und zu keinem Zeitpunkt der Studie wurde virale RNA im Vollblut nachgewiesen." - Auch dies deutet darauf hin, dass sie das eingeschleuste Genmaterial nur an denselben Stellen fanden, an denen es eingeschleust worden war. (Bei dem einzigen positiven Rektalabstrich könnte es sich um ein falsches Ergebnis gehandelt haben, oder der Affe hatte etwas von dem eingeführten biologischen Material geschluckt.) In keinem einzigen Fall konnten sie nachweisen, dass das postulierte "Virus" irgendwelche invasiven Eigenschaften hatte.
7. Vier der Affen wurden 4 Tage nach der Inokulation mit der fremden biologischen Suppe getötet und autopsiert. Bei zwei der vier Affen wurden kleine Konsolidierungsherde in der Lunge festgestellt, und die Autoren stellten fest, dass "die wichtigste histologische Läsion in den konsolidierten Lungenaufsätzen sowohl der jungen als auch der alten Tiere die Alveolen und Bronchiolen betraf und aus Bereichen mit akuter oder fortgeschrittener DAD [diffuse alveolar damage] bestand". Die histologischen Merkmale wurden als charakteristisch für "SARS-CoV-2" bezeichnet - siehe Abbildung 3 unten für eine Erläuterung, warum diese Behauptungen völlig unbegründet sind.
8. "Die Expression von SARS-CoV-2 anEgen wurde in einer mäßigen Anzahl von Typ-I-Pneumozyten und einigen wenigen Typ-II-Pneumozyten innerhalb von DAD-Herden nachgewiesen." - Dies wurde durch eine immunhistochemische (IHC) Färbetechnik behauptet, die auf "einem polyklonalen Kaninchen-AnE-Körper gegen SARS-CoV-Nukleoprotein (40143-T62, Sino Biological, Chesterbrook, PA, USA)" basierte. Leider stellt der Anbieter dieses Produkts fest: "IHC-, FCM-, IF-, IP- und andere Anwendungen sind nicht validiert worden. (AnEbody's applicaEons haven't been validated with corresponding virus posiEve samples.)" [75] Auf jeden Fall kann dieses Beispiel verwendet werden, um den allgemeinen Irrtum bezüglich

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

AnEbodies als "Beweis" für Viren aufzuzeigen. Sino Biological gibt an, dass die AnEbodies

[75] "SARS-CoV/SARS-CoV-2 Nucleocapsid AnEbody, Rabbit PAb, AnEgen Affinity Purified", Sino Biological: hhps:// www.sinobiological.com/anEbodies/cov-nucleocapsid-40143-t62

Copyright © 2022 Mark Bailey

das Ergebnis der Injektion ihres "SARS-CoV-Nukleokapsidproteins (His-Tag)"-Produkts t76 in Kaninchen. Dieses Nukleokapsidprotein wurde wiederum aus "einer DNA-Sequenz, die für das SARS-CoV (Isolat:Tor2) Nukleoprotein kodiert" hergestellt. Auf Seite 30 werden wir sehen, dass die "Tor2"-Sequenz eine der beiden In-silico-Vorlagen war, die von Fan Wu et al. zur Erfindung von SARS-CoV-2, einem weiteren In-silico-Modell, verwendet wurden. Zusammenfassend lässt sich sagen, dass es sich um einen weiteren Zirkelschluss handelt: Es wurde nicht nachgewiesen, dass ein Protein aus einem Virus stammt, auch nicht das Nukleokapsidprotein in diesem Fall. Es wurde einfach behauptet, dass sie "virale" Proteine in Tiere injiziert haben und die Tiere daraufhin andere Proteine produzierten, die angeblich "Antikörper" sind. Es wurde jedoch weder bewiesen, dass ein Virus existiert, noch dass es für diese Art von Übung notwendig ist. (Ein weiteres Beispiel: Die Erzeugung von "HIV-Anekörpern" bei 100 % der gesunden Freiwilligen, denen ein Impfstoffkandidat der University of Queensland (COVID-19) injiziert wurde, ist eine Peinlichkeit für diejenigen, die sowohl die HIV- als auch die Impfstoffindustrie propagieren. [77])

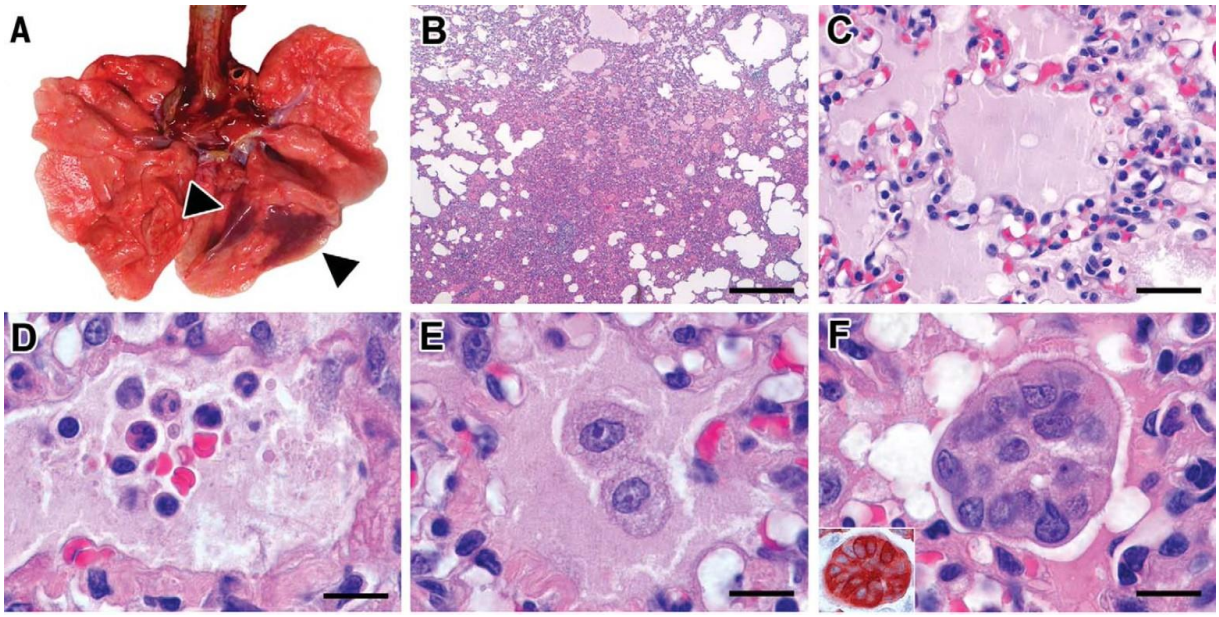

Abbildung 3. Einige der Bilder, die in der Veröffentlichung "ComparaEve pathogenesis of COVID-19, MERS, and SARS in a nonhuman primate model" gezeigt werden und von denen behauptet wird, dass sie "charakteristische pathologische Veränderungen" von SARS-CoV-2 darstellen. Die Lungenveränderungen in (A)-(C) stehen im Einklang mit Lungenentzündungen, die dadurch verursacht wurden, dass eine Flüssigkeit mit biologischem Fremdmaterial direkt in die Luftröhre des Affen gegossen wurde, während dieser betäubt war. Die histologischen Veränderungen (D)-
(F) zeigen lediglich entzündliche Zellen wie Makrophagen und neutrophile Granulozyten, wie sie in einer solchen entzündlichen Pneumonie zu erwarten wären. Es wurden keine Kontrollexperimente durchgeführt.

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

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

[77] Dr. Sam Bailey, "Covid-19-Spritzen, Krebs und HIV", 14. Juli 2021: hhps://drsambailey.com/resources/videos/vaccines/covid-19- shots-cancer-and-hiv/

Copyright © 2022 Mark Bailey

Der auffälligste Aspekt des Tierversuchs war jedoch, dass er nicht nach der wissenschaftlichen Methode durchgeführt wurde, da es keine Kontrollen gab. Das heißt, eine vergleichbare Gruppe von Affen wurde nicht einem inneren Angriff mit der gleichen Zusammensetzung und dem gleichen Volumen an biologischer Suppe *ohne* das angebliche "Virus" ausgesetzt, die direkt in ihre Lungen geschüttet wurde. Um es klar zu sagen: Der Autor befürwortet ein solches Experiment nicht, da es sich um ein grausames Verfahren handelt, das nichts mit natürlichen Expositionswegen zu tun hat - es geht lediglich darum, auf das Konzept eines angemessen kontrollierten Experiments hinzuweisen. Leider wiederholen sich solche unwissenschaftlichen Methoden in allen untersuchten Tierversuchen. Kein einziger dieser Versuche zeigt: (a) eine natürliche Expositionsmethode unter Verwendung der Proben, die angeblich Viren enthalten, (b) gültige "Scheininfektionen" (z. B. die unredliche Verwendung von ausschließlich phosphathaltiger Kochsalzlösung) oder (c) die Übertragung von *Krankheiten* von Tier zu Tier. Dies gilt natürlich zusätzlich zu dem grundlegenden Problem, dass keine der Studien die tatsächliche Existenz eines infektiösen Parasiten zeigt, den sie zu testen versuchen.

Außerdem: Wenn die "Viren" so ansteckend sind, warum wird dann nicht einfach eine Probe in die Tierkäfige gesprüht, damit sie sie einatmen? Wieder einmal werden solche Experimente vermieden, damit sich die Virologen nicht selbst widerlegen, was die Behauptung einer Ansteckung mit den eingebildeten ParEkeln angeht.

DAS PARADOXON DER VIRUSMENGE

Wir werden zu der Annahme verleitet, dass in einem Wirt wie dem Menschen die viralen ParEkel in so großer Zahl produziert werden, dass sie die Zellen, in denen sie sich befinden, zerstören können, während sie gleichzeitig in so geringen Mengen vorhanden sind, dass sie nach Angaben von Virologen in keiner Patientenprobe nachgewiesen werden können. In Bezug auf den angeblichen SARS-CoV-2-ParEkel wurde berechnet, dass "ein Niesen eines COVID-19-Patienten 200 Millionen Viren enthält. "[78] Entnimmt man jedoch eine (physikalisch größere) Probe direkt aus der Nase oder der Lunge eines Probanden, sind genau keine zu finden. Um dieses unangenehme Problem zu vertuschen, haben sich die Virologen darauf verlegt, indirekte "Beweise" durch Essue-Kulturen zu erbringen, um das fehlende Virus aus dem Hut zu zaubern. Wie wir in *The COVID-19 Fraud & War on Humanity* dargelegt haben, handelt es sich dabei um den zweiten Teil der *doppelten Täuschung* der Virologie, nämlich "die Ersetzung des gefälschten Beweises der Induzierung von zytopathischen Effekten (CPEs) durch die Inokulation typisch abnormer Zelllinien

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

in vitro durch den postulierten Beweis der Infektion eines gesunden oder nicht erkrankten Wirts *in vivo*, um die Kausalität zwischen dem angeblichen Erreger und der Krankheit herzustellen. "[79] Wir sind also

[78] "Zahl des Tages: Ein Niesen eines COVID-19-Paares enthält 200 Millionen Viren", *Новые известия,* 22. Mai 2020: hhps://de.newizv.ru/news/science/22-05-2020/digit-of-the-day-200-million-viruses-are-contained-in-one-sneeze-of-a-paEent-of-covid-19

[79] Mark Bailey & John Bevan-Smith, "The COVID-19 Fraud & War on Humanity", 11. November 2021: hhps://drsambailey.com/covid-19/ the-covid-19-fraud-war-on-humanity/

Copyright © 2022 Mark Bailey

dass der menschliche Atemtrakt, der mit den angeblich perfekten Wirtszellen ausgekleidet ist, nicht genug Viren produziert, um sie zu sehen, ein Reagenzglasversuch mit Essue einer anderen Spezies und einem anderen Zelltyp aber schon?

Nach dem Verständnis der Virologie sind die hypothetischen Parasiten passiv und produzieren keine Abfallprodukte, so dass es ein Rätsel ist, wie sie einen menschlichen Wirt krank machen können. Pfizer schlug dem Laien vor, dass "das Immunsystem auf die Verletzung dieser Körperzellen mit einem Hochfahren reagiert", führte aber keine wissenschaftlichen Beweise für diese imaginäre Behauptung an . [80] Die 4. Auflage der *Medizinischen Mikrobiologie* geht noch weiter und erklärt, dass:

> *Direkte Zellschäden und Zelltod durch virale Infektion* ***können*** *entstehen durch (1) Abzweigung von Zellenergie, (2) Stilllegung der makromolekularen Synthese der Zelle, (3) Kompe66on von viraler mRNA für zelluläre Ribosomen, (4) Kompe66on von viralen Promotoren und transkrip6onalen Enhancern für zelluläre Transkrip6onalfaktoren wie RNA-Polymerasen und Inhibi6on der Interferon-Abwehrmechanismen. Indirekte Zellschäden können aus der Integration des viralen Genoms, der Induktion von Mutationen im Wirtsgenom, der Inflamma6on und der Immunantwort des Wirts resultieren .* [81] [Meine Hervorhebung.]

Im Grunde genommen haben die Virologen mehrere *hypothetische* Pathogenitätsmechanismen für einen Teil, der in einem Organismus wie dem Menschen vorkommen soll, aufgestellt. Und selbst wenn diese spekulativen Mechanismen zum Tragen kämen, müsste *eine enorme* Anzahl von Zellen betroffen sein, um Symptome zu erzeugen. Aber eine enorme Anzahl von Zellen würde dazu führen, dass astronomische Mengen an Viruspartikeln aus ihnen austreten - warum können also niemals Viruspartikel gefunden werden? Die Virologie hat die Angewohnheit, von solchen Aspekten abzulenken, die Zweifel an ihrem phantastischen Modell aufkommen lassen.

P A R T T W O

FAN WU ET AL. DEUS EX MACHINA

Sie waren fest entschlossen, einen Virus als Ursache für diesen Mann zu finden. Also suchten sie mit Hilfe von Technologie nach all dieser RNA, Millionen von dünnen RNA-Strängen in dieser

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

Person.

---

[80] "How do Viruses Make us Sick?", *Pfizer.com*: hhps://www.pfizer.com/news/arEcles/how_do_viruses_make_us_sick (Zugriff am 20. Mai 2022).

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

Copyright © 2022 Mark Bailey

Das nennt man Meta-Transkriptomik. Und es ist eines dieser Gen-Dinger... sie können sich die gesamte RNA, die gesamte DNA ansehen, sie sequenzieren, sie amplifizieren... Es ist technologiegesteuert, nicht wissenschaftsgesteuert... Und sie haben eine Sequenz gefunden und dann entschieden, dass sie einen "Virus" entdeckt haben, obwohl sie nie einen Virus angefasst haben, und sie sagten, das sei die Ursache für die Lungenentzündung dieses Mannes.
- Dr. David Rasnick, über die "Entdeckung" von SARS-CoV-2 durch Fan Wu et al . [82]

In *The COVID-19 Fraud & War on Humani ty83* dokumentierten wir die Erfindung von SARS-CoV-2 durch das Team von Fan Wu, das ein *In-silico*-"Genom" aus Genfragmenten unbekannter Herkunft zusammenstellte, die in der groben Lungenspülung eines einzigen "Falles" gefunden und in "A new coronavirus associated with human respiratory disease in China" dokumentiert wurden. "[84] Eine weitere Analyse dieses Papiers ist angezeigt, da es veranschaulicht, wie die betrügerische COVID-19-Pandemie mit Hilfe eines erfundenen "Genoms" durch tiefe meta-transkriptomische Sequenzierung geschaffen wurde, die lediglich darauf abzielte, die gesamte RNA in einer Rohprobe nachzuweisen, und wie sie dazu missbraucht wurde, einen nicht existierenden Erreger zu erfinden. Die Behauptung, jeder könne erklären, "dass sie einen neuen RNA-Virusstamm aus der Familie der *Coronaviridae* identifiziert haben, der hier als 'WH-Human 1' Coronavirus bezeichnet wird, "[85] aus einer *einzigen* menschlichen Person, bei der eine Lungenentzündung diagnostiziert wurde, ist an sich schon eine Farce. Die Autoren versuchten, dies zu entkräften, indem sie sagten: "Obwohl die IsolaEon des Virus von nur einem einzigen Patienten nicht ausreicht, um darauf zu schließen, dass es diese respiratorischen Symptome verursacht hat, wurden unsere Ergebnisse in einer separaten Studie unabhängig voneinander bei weiteren Patienten bestätigt." Erstens gab es keine physische IsolaEon irgendeines Virus, wie wir gleich im Detail besprechen werden. Zweitens bezieht sich die Behauptung, die Ergebnisse seien "unabhängig bestätigt" worden, auf das Papier von Peng Zhou et al. vom Februar 2020 - ein Papier, das nichts bestätigen kann und dessen Betrug auf Seite 41 diskutiert wird. Alles, was gesagt werden kann, ist, dass, wenn man einen Zirkelschluss anwendet, das Auffinden ähnlicher Gensequenzen bei mehr als einer Gelegenheit als Beweis für ein Virus angesehen wird. Die GISAID-Datenbank ist die Schatztruhe dieses virologischen Unsinns und enthielt bis zum 29. August 2022 mehr als 12,8 Millionen Behauptungen, SARS-CoV-2 "gefunden" zu haben .[86] Keiner von ihnen kann jedoch auf ein tatsächliches Virus hinweisen, sie haben einfach "Bingo" gerufen, indem sie ähnliche Sequenzen zusammenstellten, die sie mit Fan Wu et al. und anderen früheren Zusammenstellungen abgeglichen haben, ein tatsächliches Virus ist nicht erforderlich.

Copyright © 2022 Mark Bailey

[82] "Episode One: The Tragic Pseudoscience of SARS-CoV-2", *The Viral Delusion*, Paradigm ShiS, 2022: hhps://paradigmshiS.uscreen.io/

[83] Mark Bailey & John Bevan-Smith, "The COVID-19 Fraud & War on Humanity", 11. November 2021: hhps://drsambailey.com/covid-19/ the-covid-19-fraud-war-on-humanity/

[84] Fan Wu, et al., "A new coronavirus associated with human respiratory disease in China", *Nature,* 579, 265-269, 3 Feb 2020: hhps://doi.org/10.1038/s41586-020-2008-3

[85] Ebd.

[86] GISAID: hhps://www.gisaid.org/ (Zugriff am 29. August 2022).

Copyright © 2022 Mark Bailey

Anzumerken ist auch, dass der Autor zwar keine Aussage über die *Ursache* einer Lungenentzündung oder eines akuten fiebrigen Atemwegssyndroms macht, die medizinische Fachwelt aber anerkennt, dass in etwa der Hälfte der Fälle kein "Erreger" identifiziert wird . [87,88] Welchen Grund hatten Fan Wu et al. also, zu vermuten, dass ihr Patient ein ganz neues Virus in sich trug? Offenbar, weil "epidemiologische Untersuchungen des Wuhan Center for Disease Control and PrevenEon ergaben, dass der Patient in einem lokalen Markt für Meeresfrüchte arbeitete. "[89] Das scheint ein sehr schwacher Grund zu sein, wenn man bedenkt, dass diese Märkte in China sehr verbreitet sind und dass trotz der Fledermaus-Ursprungs-Theorien, wie Fan Wu et al. berichten, "keine Fledermäuse zum Verkauf angeboten wurden."

Auf jeden Fall erhielten sie etwas bronchoalveoläre Lavageflüssigkeit (BALF) von ihrem Patienten und berichteten, dass mit dieser Rohprobe "Gesamt-RNA aus 200µl BALF extrahiert wurde". Im Abschnitt "Methoden" wird beschrieben, dass dies "mit dem RNeasy Plus Universal Mini Kit (Qiagen)", d. h. durch Zentrifugieren mit einer Zentrifugationssäule, erreicht wurde. Sie behaupteten, dass "ribosomale RNA während des Aufbaus der Bibliothek entfernt wurde", siehe jedoch Seite 43, warum dies zweifelhaft ist, da es eine hohe Übereinstimmung mit bekannten menschlichen RNA-Sequenzen gab. Anschließend führten sie eine Shotgun-Sequenzierung des Gebräus durch, die mit einer zufälligen Fragmentierung des Genmaterials in kurze Abschnitte von durchschnittlich 150 NukleoEden und einer Umwandlung der RNA in DNA unter Verwendung eines Reverse-Transkriptase-Enzyms begann . [90] 56.565.928 solcher kurzen Reads wurden erzeugt, und diese Informationen wurden in Megahit und Trinity eingespeist, SoSware-PlaÅorme für die De-novo-Assemblierung mittels Algorithmen. Mit Hilfe von Megahit wurden 384.096 ConEgs oder hypothetische überlappende Sequenzen generiert, und die längste (30.474 NukleoEden) wurde mit einer "NukleoEden-Identität von 89,1 %" als Fledermaus SL-CoVZC45 deklariert, ein weiteres ficEonales Konstrukt, auf das später eingegangen wird. (Trinity generierte über 1,3 Millionen KonEgs, aber das längste war nur 11.760 NukleoEden lang - mit anderen Worten, sie hätten das "Genom" nicht gefunden, wenn sie nur diese Software-PlaÅorm verwendet hätten.) Das Wort "Virus" tauchte plötzlich auf, als sie erklärten: "Die Genomsequenz dieses Virus sowie seine Termini wurden durch reverse Transkription (PCR) bestimmt und bestätigt." Dies ist ein Taschenspielertrick, da die PCR lediglich vorselektierte Sequenzen vervielfältigt und nicht in der Lage ist, ein bisher unbekanntes Genom zu verifizieren. Der PCR-Experte Stephen BusEn erklärte: "Für die PCR muss man die Sequenz des Ziels kennen... wenn man diese also kennt

[87] CaEa Cilloniz, et al., "Microbial EEology of Pneumonia: Epidemiology, Diagnosis and Resistance Paherns", *Int. J. Mol. Sci.* , 17(12), 2120, 16 Dec 2016.

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

[88] Gao Liu, et al., "Viral and Bacterial EEology of Acute Febrile Respiratory Syndrome among PaEents in Qinghai, China", *Biomed Environ Sci*, Jun 2019: hhps://www.besjournal.com/arEcle/doi/10.3967/bes2019.058

[89] Fan Wu, et al., "A new coronavirus associated with human respiratory disease in China", *Nature,* 579, 265-269, 3 Feb 2020: hhps://doi.org/10.1038/s41586-020-2008-3

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

Copyright © 2022 Mark Bailey

Wenn Sie etwas in Ihrer Probe finden, dann würden Sie versuchen, es zu isolieren, ja. Und wenn man es dann isoliert hat, sequenziert man es wieder, oder man macht eine PCR. "[91] Mit anderen Worten, die PCR selbst kann den Ursprung der Sequenzen nicht nachweisen, und die Methodik von Fan Wu et al. hat den Ursprung der von ihnen beschriebenen Sequenzen nicht nachgewiesen. Doch gleich im nächsten Satz verkünden sie der Welt, dass "dieser Virusstamm als WH-Human 1 Coronavirus (WHCV) bezeichnet wurde".

> *- An diesem Punkt müssen wir innehalten, denn hier **wurde** das betrügerische Virus, das bald in SARS-CoV-2 umbenannt werden soll, **aus dem Nichts erfunden.** Ein Virus, von dem die WHO behauptet, es sei der Erreger von COVID-19, ohne dass es dafür irgendeinen Beweis gäbe.*

Denn es ist dieses "Genom", das am 5. Januar 202 [092] bei GenBank eingereicht wurde, das von Drosten et al. genutzt wurde, um ihre gefälschten PCR-Protokoll-Assay-Sequenzen [,93] zu produzieren, die wiederum in unanständiger Eile von der WHO für die ganze Welt veröffentlicht wurden, wodurch WH-Human 1 zum weltweiten Referenzgenom für einen angeblichen Erreger wurde. Es ist diese Erfindung, die für das ganze Bündel von destruktiven Tricks verantwortlich ist, die der Welt nach der Ankündigung der Pandemie durch die WHO am 11. März 2020 auferlegt wurden [.94]

Jeder, der genau hinschaut, kann jedoch erkennen, dass es in der Arbeit von Fan Wu et al. keinerlei Hinweise auf ein Virus gibt. Ein Virus ist angeblich ein Eny-ReplikEon-fähiger obligater intrazellulärer Parasit, der aus einem Genom besteht, das von einer proteinhaltigen Hülle umgeben ist: Es ist ein infektiöses ParEkel, das in einem Wirt Krankheiten *verursacht*. Fan Wu et al. verfügten lediglich über einen 41-jährigen Mann mit Lungenentzündung und ein mit Hilfe von Software zusammengestelltes "Modellgenom", das aus Sequenzen ungeklärter Herkunft bestand, die in der Lungenspülung des Mannes gefunden wurden. Um den Eindruck zu erwecken, dass es sich um eine Legion handelt, erklärten sie: "Die virale Genomorganisation von WHCV wurde durch Sequenzabgleich mit zwei repräsentativen Mitgliedern der Gattung Betacoronavirus bestimmt: einem Coronavirus, das mit Menschen assoziiert ist (SARS-CoV Tor2, GenBank-Zugangsnummer AY274119) und einem Coronavirus, das mit Fledermäusen assoziiert ist (Fledermaus SL-CoVZC45, GenBank-Zugangsnummer

---

[91] *Planet Waves FM* mit Eric F. Coppolino, "Interview mit Dr. Stephen BusEn", 1. Februar 2021: hhps://planetwaves.net/planet-waves- fm-interview-with-dr-stephen-busEn/, Mitschrift von Joshua Halinen: hhps://cormandrostenreview.com/wp-

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

content/uploads/ 2021/02/busEn-transcript.pdf

[92] Zhang, et al., "Wuhan seafood market pneumonia virus isolate Wuhan-Hu-1, complete genome, GenBank: MN908947.1", abgerufen am 5. Januar 2020: hhps://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MN908947.1

[93] Victor Corman und ChrisEan Drosten, et al., "DetecEon of 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) by real-Eme RT-PCR", *Euro Surveill*, 23 Jan 2020: hhps://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.3.2000045. In Ergänzung zu GenBank: MN908947.1, das erstmals auf virological.org (hhps://virological.org/t/novel-2019-coronavirus-genome/319) öffentlich zugänglich gemacht wurde, verwendeten Drosten et al. bei der Entwicklung ihrer PCR-Protokolle auch "vier weitere Genome, die am 12. Januar in der von der Global IniEaEve on Sharing All Influenza Data (GISAID) kuratierten Virensequenzdatenbank hinterlegt wurden".

[94] WHO, "WHO Director-General's opening remarks at the media briefing on COVID-19 - 11 March 2020", 11 Mar 2020.

Copyright © 2022 Mark Bailey

Nummer MG772933)." Bei diesen angeblichen Genomen handelt es sich ebenfalls lediglich um In-silico-Konstrukte, deren Existenz in der Natur nie bewiesen wurde, geschweige denn, dass sie nachweislich aus dem Inneren eines Virus stammen. Zum Beispiel wurde Fledermaus-SL-CoVZC45 im Jahr 2018 durch "19 degenerierte PCR-Primerpaare ..., die durch mehrfaches Alignment von verfügbaren SARS-CoV- und Fledermaus-SL-CoV-Sequenzen, die in GenBank hinterlegt sind, entwickelt wurden", erfunden. "[95]

Die Virusgenome sind zur vielleicht größten Illusion in der Virologie geworden, einer Illusion, die den Glauben verbreitet, dass die Existenz von Viren tatsächlich nachgewiesen ist. Die Virologen selbst scheinen sich des fatalen Fehlers in ihrer Methodik nicht bewusst zu sein, selbst wenn sie es selbst sagen:

> *Derzeit werden für die virale Ganzgenomsequenzierung drei Hauptmethoden auf der Grundlage von HTS [Hochdurchsatzsequenzierung] verwendet: Metagenomsequenzierung, Target-Anreicherungssequenzierung und PCR-Amplikonsequenzierung, die jeweils Vor- und Nachteile aufweisen (Houldcrob et al., 2017). Bei der metagenomischen Sequenzierung wird die gesamte DNA (und/oder RNA) aus einer Probe, die neben dem Wirt auch Bakterien, Viren und Pilze enthält, extrahiert und sequenziert. Es ist ein einfacher und kostengünstiger Ansatz und der einzige Ansatz, der keine Referenzsequenzen erfordert. Die beiden anderen HTS-Ansätze, die Anreicherung von Zielmolekülen und die Amplikonsequenzierung, benötigen beide Referenzinformationen, um Köder oder Primer zu entwickeln. Die Grenzen der metagenomischen Sequenzierung liegen darin, dass eine sehr hohe Sequenzierungstiefe erforderlich ist, um genügend virales Genommaterial zu erhalten .* [96]

Die wichtigere Einschränkung bei der "viralen" Sequenzierung besteht darin, dass das Verfahren selbst die Herkunft der Genfragmente nicht bestimmt, wie kann es also zur Bestimmung der Sequenz eines zuvor unbekannten Genoms verwendet werden? Zur Klarstellung: Wir sprechen hier nicht von Situationen, in denen die Herkunft der Sequenzen unabhängig verifiziert werden kann, z. B. bei physisch isolierten Bakterienzellen. Außerdem ist es unsinnig, willkürlich zu erklären, dass Sequenzen durch einen Eliminierungsprozess, d. h. auf der Grundlage der Tatsache, dass sie keine zuvor konfliktive Zuordnung in den Gendatenbanken haben, viral sind. Keiner der Virologen weist nach, dass die Sequenzen viraler Natur sind, wenn sie die allererste Vorlage zusammensetzen und erklären, dass sie ein pathogenes Virus entdeckt haben. Keiner von ihnen reinigt die angeblichen Virusbestandteile, um ihre Verbindung zu den Sequenzen zu beweisen.

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

Und doch wird das erste erfundene De-novo-Genom zum Prüfstein, an dem andere Virenjäger ihre eigenen In-silico-Genome ausrichten oder entwerfen werden

---

[95] Dan Hu, et al. "Genomic characterizaEon and infecEvity of a novel SARS-like coronavirus in Chinese bats", *Emerging microbes & infec6ons,* 12 Sep 2018: hhps://doi.org/10.1038/s41426-018-0155-5

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

Copyright © 2022 Mark Bailey

konfirmatische" PCR-Protokolle.

Soweit dem Autor bekannt ist, verfügen die Virologen über keine Labortechniken, mit denen sie direkt überprüfen können, ob in einer ihrer Proben überhaupt ein vollständiger 30-Kilobasen-RNA-Strang vorhanden ist. Die existierende gepulste Gel-Elektrophorese-Technik kann nur DNA-Stränge dieser Größe zuverlässig differenEate . [97] In jedem Fall bleiben diese SimulaEonen eine Ablenkung, denn selbst für den Fall, dass die physische Existenz eines In-silico-SARS-CoV-2-Genoms - eine vollständige 30-Kilobasen-RNA-Sequenz - in der Natur nachgewiesen werden kann, hätten die Virologen noch viel zu tun. In erster Linie müssten sie nachweisen, dass diese Sequenz zu einem *krankheitsverursachenden*, replikationskompetenten Teil gehört, der einen Menschen krank machen kann, und nicht nur *behaupten, dass* er dies tut.

In diesem Zusammenhang hatte der Autor einen E-Mail-Austausch mit einem Evolutionsbiologen des Wellcome Sanger InsEtute, der vorschlug, dass die Long-Read-RNA-Sequenzierung (im Gegensatz zur reinen Shotgun-Sequenzierung) den notwendigen Beweis für die Existenz von "SARS-CoV-2" liefert . [98] Er bezog sich auf eine Veröffentlichung vom April 2022, die die RNA-Sequenzierung durch Oxford Nanopore Technologies (ONT) beinhaltet

[,99] mit der Behauptung, dass dies die Gültigkeit der "Virus"-Genome bestätige, die in der Vergangenheit

die zuvor durch Shotgun-Sequenzierung erstellt wurden. In der profferierten Studie wurde ein Experiment beschrieben, bei dem die Reaktionen verschiedener "SARS-CoV-2-infizierter" und "mock-infizierter" Zelllinien verglichen wurden. Die experimentellen Zellen waren angeblich "mit dem australischen SARS-CoV-2-Virus (Australia/ VIC01/2020, NCBI: MT007544.1) infiziert", das von den Autoren Leon Caly et al. als "Isolat" [,100] bezeichnet wurde, obwohl die IsolaEon eines Virus nie nachgewiesen wurde, wie in Abbildung 4 unten erläutert und wie wir in *The COVID-19 Fraud & War on Humanity* dargelegt haben. [101] Die Argumentation des Evolutionsbiologen beruht also darauf, dass das betrügerische Produkt eines betrügerischen Experiments mit einem "Schein-Experiment" verglichen wird, wobei ersteres durch die irreführende Deklaration der "Virus-IsolaEon" entkräftet wird und das laher sich selbst entkräftet, da die Virologen seine DefiniEon so verändert haben, dass andere Variablen verändert werden können. Die Erlangung längerer Lesezeiten ändert nichts an diesen grundlegenden Problemen. Der Evolutionsbiologe hat behauptet

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

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

[98] Per E-Mail von Zachary Ardern: hhps://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/06/Mark-Bailey-Zachary-Ardern- emails-redacted.pdf

[99] Jessie Chang, et al., "Long-Read RNA Sequencing IdenEfies PolyadenylaEon ElongaEon and DifferenEal Transcript Usage of Host Transcripts During SARS-CoV-2 In Vitro InfecEon", *Front. Immunol.* , 6 April 2022: hhps://doi.org/10.3389/fimmu.2022.832223

[100] Leon Caly, et al., "IsolaEon and rapid sharing of the 2019 novel coronavirus (SARS-CoV-2) from the first paEent diagnosed with COVID-19 in Australia", *Med. J. Aust.* , 1 Apr 2020: hhps://doi.org/10.5694/mja2.50569

[101] Mark Bailey & John Bevan-Smith, "The COVID-19 Fraud & War on Humanity", 11. November 2021: hhps://drsambailey.com/covid-19/ the-covid-19-fraud-war-on-humanity/

Copyright © 2022 Mark Bailey

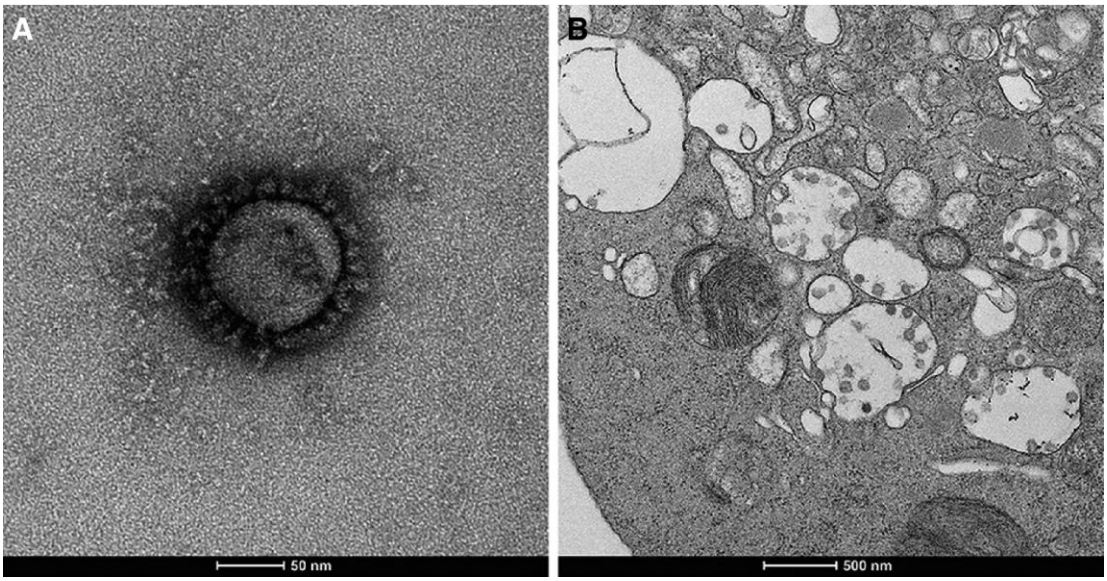

Abbildung 4. Caly et al. "IsolaEon" von SARS-CoV-2. Die elektronenmikroskopischen Aufnahmen stammen von einem Überstand aus einer Vero/hSLAM-Zellkultur: (A) wurde als "Virion" deklariert, obwohl es sich lediglich um ein Teilchen unbekannter Herkunft handelt. Außerdem wurden die Kapsel-"Spikes" erzeugt, *aber* das Enzym Trypsin verdaute die äußeren Proteine, um das gewünschte Aussehen zu erzeugen. (B) informiert uns lediglich über die Größe der Partikel in einer Mischung aus Essue. Es wurde kein gültiger Kontrollexperiment mit einer ähnlichen, vom Menschen stammenden Probe durchgeführt.

dass die Veränderungen der überwachten Sequenzen und Proteine im Laufe der Zeit Beweise für ein sich entwickelndes Virus darstellen . [102] Er ist ein weiteres Beispiel für die Täuschung der Virologie durch die fadenscheinige Anbringung des Wortes "viral" an diese EnEEes. Als all diese Sequenzen und Proteine ursprünglich in Essue-Kulturexperimenten entdeckt wurden, konnte nicht nachgewiesen werden, dass sie zu pathogenen Viren gehören, aber die Behauptung, dass sie "viral" sind, hält bis heute an.

Im gleichen Sinne und einige Monate nach diesem Austausch behauptete der Pathologe/Virologe Dr. Sin Hang Lee, dass sein Preprint-Papier r103 "unwiderlegbare Sanger-Sequenzierungsbeweise dafür liefert, dass das Virus [SARS-CoV-2] existiert und weiter mutiert", mit einer offenen Einladung, seine Arbeit anzufechten . [104] Auch hierauf antwortete der Autor, indem er auf den ständigen Missbrauch der wissenschaftlichen Terminologie durch die Virologie sowie auf das zugrundeliegende Problem der ungeklärten Herkunft der analysierten Gensequenzen einging:

[102] Per E-Mail von Zachary Ardern: hhps://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/06/Mark-Bailey-Zachary-Ardern- emails-redacted.pdf

[103] Sin Lee, " ImplementaEon of the eCDC/WHO RecommendaEon for Molecular Diagnosis of SARS-CoV-2 Omicron Subvariants and Its Challenges", *preprints.org*, 14 Jun 2022: hhps://www.preprints.org/manuscript/202206.0192/v1

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

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

Copyright © 2022 Mark Bailey

Um die Probleme der Virologie aufzudecken, ist es entscheidend, die Methodik jeder Veröffentlichung zu untersuchen, und in diesem Fall ist es nicht anders... Diejenigen von uns, die die Virus-Narrative anzweifeln, weisen darauf hin, dass keine RNA- (oder DNA-) Sequenzen jemals nachweislich aus dem Inneren eines bestimmten identifizierbaren Teils stammen, der die Definition eines Virus erfüllt. Somit können alle RNAs nur von einem bekannten Organismus exprimiert werden, ar6fiziell eingeführt werden (z.B. synthetische mRNA-Injektionen) oder von unbekannter Herkunft sein. Die "Muta6onen" existieren nur in In-silico-Modellen, die sich in der Natur nicht als unabhängige En66es erwiesen haben. Es gibt noch andere Gründe, warum RNA-Sequenzen in dynamischen biologischen Systemen variieren können und dies auch tun, und ich kann mir nicht vorstellen, dass irgendein Virologe diese Tatsache bestreiten würde. Der einfache Nachweis von RNAs reicht nicht aus, um Rückschlüsse auf ihre Herkunft zu ziehen. Es sind weitere Experimente erforderlich, um diese Bestimmung vorzunehmen. [105]

In der Tat kann keine noch so gute Genom- oder Proteomtechnologie der Tatsache entgehen, dass es sich bei solchen Daten, die als Beweis für Viren dienen sollen, durchweg um Schildkröten handelt.

SCHILDKRÖTEN AUF DEM GANZEN WEG NACH UNTEN

Wie bereits erwähnt, handelte es sich bei "Fledermaus SL-CoVZC45" um ein 2018 erfundenes In-silico-Genom mit einer Länge von 29.802 NukleoEden ([106)], das von Fan Wu et al. als Vorlagengenom für die Erfindung des SARS-CoV-2-Genoms verwendet wurde. Es stammte angeblich aus dem Darm einer Fledermaus, die in der Provinz Zhejiang, China, gefangen worden war. In dieser Studie berichteten die Autoren, dass "alle Fledermäuse zum Zeitpunkt des Fangs gesund erschienen und keine offensichtlichen klinischen Anzeichen aufwiesen", erklärten jedoch, dass ein Virus in 89 von 334 Fledermäusen auf der Grundlage eines "Pan-Coronavirus-Reverse-TranskripEon (RT)-PCR-Tests" nachgewiesen wurde. Die Torheit der Behauptung, dass ein Virus durch die Induzierung von CPEs "isolaEon" wird, wurde bereits beschrieben, aber in diesem Fall wurde dieses Phänomen nicht einmal in Vero E6-Zellkulturen beobachtet. Stattdessen versuchten sie eine andere Methode, um "die Pathogenität des ZC45-Erregers zu testen". Dazu nahmen sie 20 µl der zerkleinerten Fledermaus-Essenz und injizierten sie direkt in die Gehirne von 3 Tage alten BALB/c-Ratten. (Gemessen am Gewicht entspräche dies der Injektion von mehreren hundert Millilitern des Materials in ein menschliches Gehirn . [107]) Der Unsinn, eine solche biologische Substanz direkt in die Gehirne von Inzuchttieren mit geschädigtem Neugeborenen zu injizieren,

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

sollte keiner weiteren Erklärung bedürfen. Wie bei virologischen Experimenten üblich, gab es keine Kontrollgruppe, in der ähnliches biologisches Material, das angeblich nicht den

---

[105] Ebd.

[106] Dan Hu, et al. "Genomic characterizaEon and infecEvity of a novel SARS-like coronavirus in Chinese bats", *Emerging microbes & infec6ons,* 12 Sep 2018: hhps://doi.org/10.1038/s41426-018-0155-5

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

Copyright © 2022 Mark Bailey

Virus, direkt in die Gehirne anderer Baby-Ratten injiziert wurde. Sie berichteten, dass in einigen der Rattengehirne "mutmaßliche Viruspartikel" zu sehen waren, wiesen aber zu keinem Zeitpunkt die Zusammensetzung oder biologische Funktion dieser beobachteten "mutmaßlichen Viruspartikel" auf ihren Objektträgern nach. Darüber hinaus wurde die "Infektion" auf der Grundlage positiver RT-PCR-Tests erklärt, bei denen in den Rattenbabys zum Zeitpunkt ihrer Heilung dieselben RNA-Sequenzen nachgewiesen wurden, die ihnen kurz zuvor injiziert worden waren - offensichtlich nichts, was die Existenz eines Virus voraussetzt.

Ohne die vermeintlichen Viruspartikel physisch zu isolieren, homogenisierten, zentrifugierten und filterten sie die inneren Proben, bevor sie erklärten: "Die virale RNA wurde mit einem Viral RNA Mini Kit (Qiagen, Hilden, Deutschland) gemäß den Empfehlungen des Herstellers extrahiert." (Siehe Seite 49 für eine Erklärung, warum es nicht möglich ist, dass Kits dieser Art RNA auf der Grundlage ihrer Herkunft selektiv extrahieren, unabhängig davon, ob Viren vorhanden sind oder nicht). Anschließend erfolgte ein Schritt der reversen Transkription, bevor die PCR-Amplifikation ihres Suds durchgeführt wurde. Sie behaupteten, das vollständige Genom von [SL-CoV]ZC45 mit Hilfe von 19 degenerierten PCR-Primerpaaren sequenziert zu haben, die "durch mehrfaches Alignment von verfügbaren SARS-CoV- und Fledermaus-SL-CoV-Sequenzen, die in GenBank hinterlegt sind, entwickelt wurden." Mit anderen Worten, ihre Erklärung, ein virales Genom entdeckt zu haben, basierte nicht auf dem direkten Nachweis eines Virus, sondern auf der Entdeckung von Sequenzen unklarer Herkunft, die an noch mehr "Virus"-Vorlagen ausgerichtet waren. Es wurde nicht bekannt gegeben, wie viel PCR-Amplifikation in diesem Schritt stattfand, aber der "RT-PCR-Screening"-Schritt umfasste eine erste Runde von 40 Zyklen, gefolgt von einer zweiten Runde von 30 Zyklen. Eine solche lächerliche Amplifikation würde zu Artefakten führen, d. h. die Zielsequenzen werden einfach durch den Prozess selbst "gefunden" und sind nicht unbedingt physisch in den Proben vorhanden.

Bemerkenswert ist, dass die Geschichte mit dem Fledermausvirus seit dem SARS-"Ausbruch" im Jahr 2003 im Spiel ist und dass die menschliche Rasse offenbar seit Tausenden von Jahren ständig von Viren bedroht ist, die in chinesischen Fledermaushöhlen vorkommen. Im Jahr 2005 war der Präsident der EcoHealth Alliance, Dr. Peter Daszak, Mitverfasser eines Artikels, der in der Zeitschrift *Science* mit dem Titel "Bats Are Natural Reservoirs of SARS-Like Coronaviruses" erschien. "[108] In dieser Studie konnten Daszak und Co. keine "Coronaviren" in ihrer Auswahl von Fledermäusen durch die übliche betrügerische Technik der Beobachtung von *in vitro* CPEs finden und stellten fest, dass "kein Virus aus Fäkalabstrichen von PCR-posiEve Proben unter Verwendung

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

von Vero E6-Zellen isoliert wurde." Sie erklärten jedoch gerne, sie hätten Beweise für solche Viren durch ihre unsinnig hohen (35-45) PCR-Produkte, die aus rohen Fledermausproben gewonnen wurden. Diese wurden als "virale Sequenzen" bezeichnet, weil sie im Rahmen des virologischen Zirkelschlusses genau die "viralen" Sequenzen "gefunden" hatten, auf die ihr PCR-Protokoll ausgelegt war

---

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

Copyright © 2022 Mark Bailey

erkennen. Sie warnten die Welt gebührend davor, dass "unter den ZoonoEc-Viren in Fledermäusen eine genetische Vielfalt besteht, die die Möglichkeit erhöht, dass Varianten die Artengrenze überschreiten und Krankheitsausbrüche in der menschlichen Bevölkerung verursachen". Leider hat sich diese ZoonoEc-Folklore von der virologischen Fachliteratur bis in die Vorstellungswelt der Öffentlichkeit verbreitet. Daszak ist ein eifriger Förderer und Wohltäter der Fledermausvirus-Geschichte und riet seinen Kollegen 2015, dass sie, um die Einnahmen zu sichern, "das öffentliche Verständnis für die Notwendigkeit von MCMs [medizinischen Gegenmaßnahmen] wie einem Pan-Influenza- oder Pan-Coronavirus-Impfstoff erhöhen müssen. "[109]

In jedem Fall führt ein Zweig einer der imaginären Coronavirus-Vorlagen zu einer der ursprünglichen Behauptungen über das SARS-CoV-Genom zurück, das angeblich die Ursache des ersten SARS-"Ausbruchs" war. Im April 2003 reichten Yijun Ruan et al. ihr "SARS-Coronavirus Sin2500, vollständiges Genom" bei GenBank ein, das die Zugangsnummer AY283794.1 erhielt.[110] Dieses Genom wurde jedoch nicht durch die direkte Sequenzierung vermeintlicher Virusbestandteile, sondern durch die Sequenzierung der RNA in einem Vero-Zellkulturexperiment durch "sowohl Shot-Gun- als auch Specific-Priming-Ansätze" mit einem Abgleich mit "der Maus-HepaEEs-Virus-Genomsequenz (NC_001846) als Rückgrat" erstellt." [111] Das NC_001846.1-Genom wurde wiederum 1997 erfunden und angeblich von einem Virus abgeleitet, das "ursprünglich von Dr. Lawrence Sturman erhalten" und sequenziert wurde, "wobei als Vorlagen zytoplasmatische RNA verwendet wurde, die aus L2-Zellmonolayern extrahiert wurde, die mit dem Wildtyp MHV-A59, C12, C3, C5 infiziert waren,
C8, B11 oder B12." [112] Die Behauptung, dass sie mit einem Virus begannen, scheint auf Dr. Sturman versichert, dass die von ihm zur Verfügung gestellte Probe so etwas enthält.

Es sollte an dieser Stelle klar sein, dass jedes Coronavirus-Genom mit anderen so genannten Genomen verglichen wurde, ohne dass die Virologen nachweisen konnten, dass *eine* der Sequenzen von einem Virus stammt. Es ist daher sehr lehrreich, zum angeblich ersten vollständigen Coronavirus-Genom zurückzugehen, das 1987 von Boursnell et al. ,[113] als "Avian InfecEous BronchiEs Virus" (IBV) veröffentlicht und später von anderen als eine der ursprünglichen Vorlagen verwendet wurde. Sie haben keine Sequenz

[109] "Developing MCMs for Coronaviruses", in Rapid Medical Countermeasure Response to InfecEous Diseases: Enabling Sustainable CapabiliEes Through Ongoing Public- and Private-Sector Partnerships: Workshop Summary, Washington DC: NaEonal Academies Press, 12 Feb 2016: hhps://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK349040/

[110] GenBank, "SARS coronavirus Sin2500, vollständiges Genom - AY283794.1", 27 Apr 2003: hhps://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/ 30468042

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

[111] Yijun Ruan, et al., "ComparaEve full-length genome sequence analysis of 14 SARS coronavirus isolates and common mutaEons associated with putaEve origins of infecEon", *Lancet*, 24 May 2003: hhps://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/arEcles/PMC7140172/

[112] Isabelle Leparc-Goffart, et al., "Altered Pathogenesis of a Mutant of the Murine Coronavirus MHV-A59 Is Associated with a Q159L Amino Acid SubsEtuEon in the Spike Protein", *Virology*, 8 Dec 1997: hhps://doi.org/10.1006/viro.1997.8877

[113] Michael Boursnell, et al., "CompleEon of the Sequence of the Genome of the Coronavirus Avian InfecEous BronchiEs Virus", *J gen Virol*, 1 Jan 1987: hhps://doi.org/10.1099/0022-1317-68-1-57

Copyright © 2022 Mark Bailey

postulierte virale ParEkel nicht direkt, sondern verwendete "siebzehn cDNA-Klone, die die 3'-meisten 27.569 kb des Genoms abdecken", mit dem Hinweis, dass die Klone "von RNA abgeleitet wurden, die aus gradientengereinigtem Virus des Beaudehe-Stammes isoliert wurde (Beaudehe & Hudson, 1937; Brown & Boursnell, 1984)". In der zitierten Arbeit von Brown & Boursnell heißt es: "Die PräparaEon von cDNA-Klonen wurde zuvor

beschrieben (Brown und Boursnell, 1984). [114] Dieses nachfolgende Zitat ist ihre Publikation "Etled", "Avian infecEous bronchiEs virus genomic RNA contains sequence homologies at the intergenic boundaries". [115] In dieser Arbeit wird behauptet, dass der "IBV-Stamm Beaudehe in 11 Tage alten embryonierten Eiern gezüchtet wurde. Die Virionen wurden aus Allantoisflüssigkeit isoliert und durch isopycni c116 Zentrifugation auf Saccharosegradienten gereinigt." Es wurde jedoch in keiner dieser Arbeiten nachgewiesen, dass sie: (a) irgendetwas gereinigt haben, geschweige denn "Virionen", in Form von elektronenmikroskopischen Aufnahmen, oder (b) gültige Kontrollversuche durchgeführt haben. Alles, was wir sehen können, ist, dass sie *davon ausgingen, dass* Viren in ihrer Kulturmischung vorhanden waren, und nach der Zentrifugation behaupteten, die nachgewiesene RNA

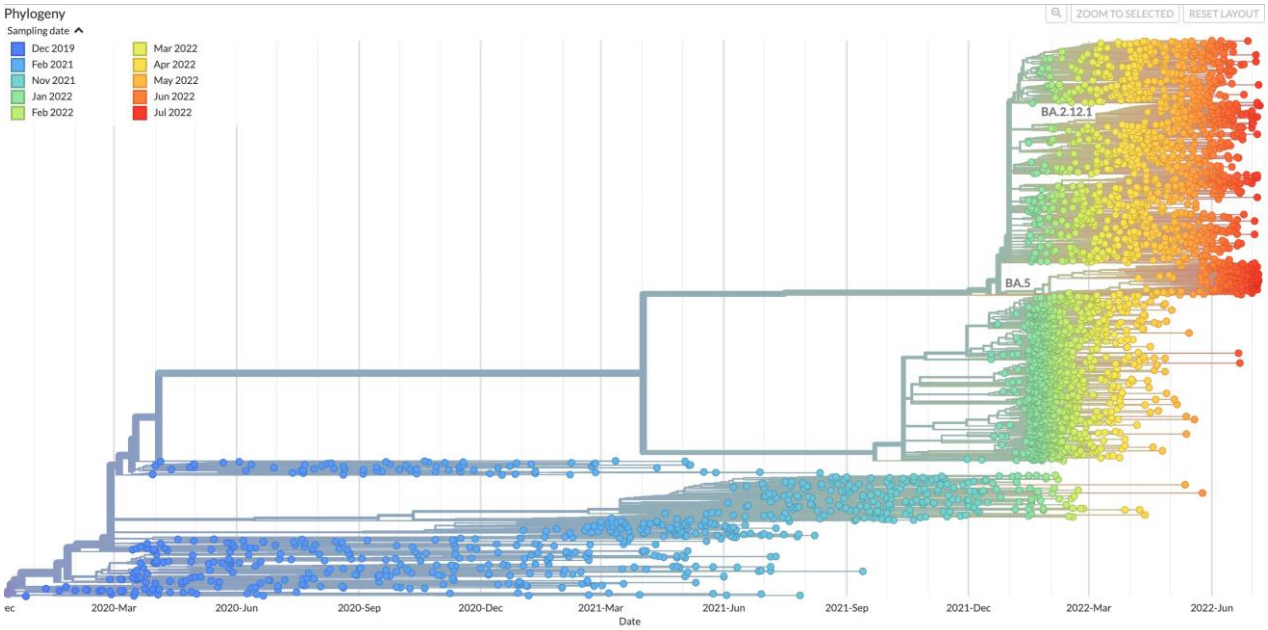

Abbildung 5. Der SARS-CoV-2-PhylogenEc-Baum auf GISAID.org, Stand: 15. Juli 2022. Für das erste "Genom" vom Dezember 2019 (Fan Wu et al.) wurde nie nachgewiesen, dass es von einem Virus stammt, aber durch die zirkuläre Argumentation der Virologie werden ähnliche Sequenzen, die an anderen Orten gefunden wurden, als Beweis für ein sich entwickelndes "Virus" profferiert. Durch die unkontrollierten Methoden, die angewandt werden, handelt es sich jedoch um einen *in silico erstellten* Stammbaum. Der Nachweis ausgewählter Gensequenzen in der Umwelt ist kein Beweis für die Existenz eines Virus, da die Herkunft der Sequenzen nicht geklärt ist oder falsch zugeordnet wurde. Das Gleiche gilt für nachgewiesene Proteine.

[114] T.D.K. Brown & Michael Boursnell, "Sequencing of coronavirus IBV genomic RNA: a 195base open reading frame encoded by

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

mRNA B", *Gene*, Jul-Aug 1984: hhps://doi.org/10.1016/0378-1119(84)90169-0

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

[116] Isopyknische Zentrifugation trennt ParEkel nach Dichte vgl. Rate zonale Zentrifugation trennt ParEkel nach Größe: hhps:// www.differencebetween.com/difference-between-rate-zonal-and-isopycnic-centrifugaEon/

Copyright © 2022 Mark Bailey

Sequenzen stammten von diesen imaginären Viren.

Die ursprüngliche Behauptung, es handele sich um ein Virus (IBV), geht auf die 1930er Jahre zurück und beruhte auf denselben falschen Schlussfolgerungen, die aus der Methodik der Rous-Sarkom-"Virus"-Experimente von 1911 gezogen wurden (siehe Seite 17). Im Falle des IBV wurde Material von erkrankten Hühnern entnommen, durch Berkefeld-Bakterienfilter geleitet und dann in die Atemwege anderer Hühner eingeführt. [117] Mit der Begründung, dass dies auch die Empfängervögel krank machen könnte, wurde erklärt, dass "diese Ergebnisse zeigen, dass die Krankheit durch ein lagerfähiges Virus verursacht wird." Es wurde jedoch in keinem einzigen Experiment nachgewiesen, dass ein infektiöses Parasit für die toxischen Effekte verantwortlich ist. Kurz gesagt, die nachfolgenden "Coronavirus"-Phylogenie-Bäume, die seit den 1980er Jahren erstellt wurden, sind kein Beweis für "sich entwickelnde Viren", sie sind der Beweis für ein mehrstufiges Markierungsschema, das kein etabliertes physikalisches Produkt hat.

Die Gefahr für die Menschheit besteht darin, dass die faulen Coronavirus-Genome, die aus den Spekulationen der Virologen hervorgegangen sind, nun als Vorlagen für die Herstellung und Injektion von Produkten bei unglücklichen Empfängern verwendet werden, denen vorgegaukelt wurde, dass die neueste Erfindung der Virologie echt sei. Das heißt, dass man sich auf die genomischen Erfindungen der Virologie verlassen hat, um völlig unnötige medizinische und politische Interventionen zu schaffen. Die gefährliche und höchst experimentelle mRNA- und Nanolipid-Biotechnologie hat in den letzten 30 Jahren mehr Menschen getötet als alle anderen Impfstoffe zusammen, und wir haben gerade erst mit der Abwägung begonnen. [118]

DIE FORDERUNG DER CDC ZU SARS-COV-2

Mit der inzwischen bekannten Langsamkeit brauchte die CDC acht Monate, um auf eine Anfrage zur Informationsfreiheit zu antworten, die sich auf ihre Behauptungen über "isolaEng SARS-CoV-2" in ihrer *im* Juni 2020 veröffentlichten Studie "Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 from PaEent with Coronavirus Disease, United States" von Jennifer Harcourt et al. bezog. [119] Die Fragen, die mein Kollege an die CDC richtete, waren einfach und beinhalteten Folgendes: "Hat die Wissenschaft für diese Arbeit Kontrollgruppen verwendet? Wenn ja, haben die Kontrollgruppen die gleichen Formeln von Zellkulturmischungen verwendet wie die Versuchsgruppen*, ohne* die Probe, die die angeblichen Viren enthält?

[117] J. R Beach & O. W. Schalm, "A Filterable Virus, DisEnct from that of LaryngotracheiEs, the Cause of a Respiratory Disease of

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

Chicks", *Poultry Science*, Mai 1936: hhps://doi.org/10.3382/ps.0150199

[118] hhps://vaersanalysis.info/ (Zugriff am 25. Juni 2022).

[119] Jennifer Harcourt, et al., "Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 from PaEent with Coronavirus Disease, United States", *Emerging Infec6ous Diseases*, Juni 2020: hhps://wwwnc.cdc.gov/eid/arEcle/26/6/20-0516_arEcle

Copyright © 2022 Mark Bailey

wenn Kontrollgruppen verwendet wurden, bitte Einzelheiten zu den Kontrollgruppen angeben. "[120] Anstatt Jennifer Harcourt oder einen ihrer Mitarbeiter zu bitten, diese einfache Anfrage zu beantworten, antwortete die CDC am 29. März 2022, dass sie "37 Seiten mit entsprechenden Unterlagen und eine Excel-Tabelle gefunden" habe, angeblich im Zusammenhang mit dem angeforderten Material . [121] Zusammenfassend lässt sich sagen, dass die "ansprechenden Unterlagen" der CDC Folgendes umfassten: [122]

1. Interne CDC-E-Mails, in denen Bilder wie Abbildung 6 geteilt werden, sollen "Scope-Bilder von potenziellem 2019 N-CoV aus dem ersten US-Fall" zeigen. CDC-Forschungsmikrobiologen Azaibi Tamin hoffte, "einige dieser 7 Lysate zeigen, dass CPE durch das 2019 N-CoV verursacht werden", während Stephen Lindstrom kommentierte, es seien "sehr schöne unglückliche Zellen." Natalie Thornburg, die Leiterin des Immunologie-Teams für Atemwegsviren, fragte dann, ob sie "die Original-JPEG- oder TIFF-files für Ihre CPE-Bilder schicken könnten? Ich möchte mit der Arbeit an einer qualitativ hochwertigen Grafik beginnen."
2. GenBank-Zugangsnummern MT020880 und MT020881, die in der Veröffentlichung von Harcourt et

Abbildung 6. In ihrer FOIA-Antwort vom 29. März 2022 hat die CDC trotz ausdrücklicher Aufforderung keine Einzelheiten über den Objektträger des "Schein"-Experiments mitgeteilt. Die anderen Objektträger sind angeblich der Beweis für die zytopathischen Wirkungen (und damit für die *implizite* Existenz) von SARS-CoV-2.

[120] Per E-Mail an FOIA Requests (CDC), "FOIA: Control Group InformaEon requested for Severe Acute Respiratory Syndrome

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

Coronavirus 2 from PaEent with Coronavirus Disease, United States", 1 Aug 2021.

[121] Leher von Roger Andoh, CDC/ATSDR FOIA Officer, "#21-01704-FOIA", 29 Mar 2022: hhps://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/05/CDC-Harcourt-mock-infected-MS-PACKAGE-redacted.pdf

[122] Ibid: 37-seitiges PDF-Dokument von Roger Andoh, CDC/ATSDR FOIA Officer, "USA CDC - Controls - Responsive Records.pdf", 29 Mar 2022.

Copyright © 2022 Mark Bailey

al./CDC publicaEon und bereits öffentlich zugänglich.

3. Die Veröffentlichung von Na Zhu et al. *im New England Journal of Medicine*, "A Novel Coronavirus from PaEents

   mit Lungenentzündung in China, 2019", [123], die laut der CDC-Elektronenmikroskopikerin Cynthia Goldsmith, "hat 2 sehr schöne EM-Bilder in Abbildung 3, eines von 'human airway epithelial'." Wir haben uns mit den Torheiten dieses Papiers in *The COVID-19 Fraud & War on Humanity* befasst, wobei Na Zhu et al. sich auch unkontrollierter Essue-Kultur-Zusammenbruchsexperimente schuldig gemacht haben, in denen sie elektronenmikroskopische Aufnahmen von extrazellulären Vesikeln unbewiesener Zusammensetzung und biologischer Funktion "2019-nCoV" getauft haben. [124] (Einer der Co-Autoren der Arbeit, Wenjie Tan, sagte am 18. März 2020 zu Torsten Engelbrecht, dass sie "ein Bild von sedimentierten Viruspartikeln haben, nicht von gereinigten". "[125] Die Behauptung, dass es sich um "Viruspartikel" handelt, ist also lediglich eine Behauptung, da es keinen Teil der Arbeit gibt, der die Zusammensetzung oder die biologische Funktion dieser abgebildeten Bläschen zeigt.)
4. Eine Tabelle mit nicht-informellen PCR-Zyklus-Schwellenwerten für "4 Viren", die an das CDC Respiratory Viruses DiagnosEc Laboratory weitergeleitet wurden.
5. Eine Seite begann mit den Worten: "Um die Verwaltung zu erleichtern und Ihre Anfrage vollständig zu beantworten, haben die Programmverantwortlichen die folgenden Informationen mit den entsprechenden Weblinks zur Verfügung gestellt", die absolut keine Informationen darüber enthielten, wie die Experimente der CDC zur "viralen IsolaEon" angemessen kontrolliert wurden.

Am 23. Dezember 2021 reichte ChrisEne Massey ebenfalls eine Anfrage an die CDC ein, in der sie um vollständige Informationen über das "Scheininfektions"-Experiment von Harcourt et al. bat, einschließlich "der Menge des Materials von nicht infizierten nasopharyngealen und oropharyngealen Abstrichproben, das der Zellkultur-Kontrollgruppe hinzugefügt wurde". [126] Die CDC antwortete schließlich am 10. Mai 2022 auf Massey's Anfrage mit 36 Seiten ähnlich wenig hilfreicher Informationen und der Entschuldigung, dass:

> *In Bezug auf bestimmte Teile Ihrer Anfrage hat eine Suche in unseren Unterlagen keine Dokumente ergeben, die mit Ihrer Anfrage in Zusammenhang stehen. Diese Teile beziehen sich auf Ihre Anfrage nach spezifischen "...Cell Culture - Experimental Group Details:" und "Cell Culture - 'Mock-*

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

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

[124] Mark Bailey & John Bevan-Smith, "The COVID-19 Fraud & War on Humanity", 11. November 2021: hhps://drsambailey.com/covid-19/ the-covid-19-fraud-war-on-humanity/

[125] Torsten Engelbrecht & KonstanEn Demeter, "COVID19 PCR Tests are ScienEfically Meaningless", *off-Guardian*, 27 Jun 2020: hhps://off-guardian.org/2020/06/27/covid19-pcr-tests-are-scienEfically-meaningless/

[126] ChrisEne Massey, per E-Mail an CDC, "FOIA request to CDC: Harcourt et al. 'SARS-COV2 isolaEon' paper - unpublished details", 23 Dec 2021: hhps://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/05/CDC-Harcourt-mock-infected-CM-PACKAGE-redacted.pdf

Copyright © 2022 Mark Bailey

infected'/Control Group Details:" und "'Whole Genome' Sequencing - Purity and Control Details:" Ihre Anfrage wurde an das Na6onal Center for Immuniza6on and Respiratory Diseases (NCIRD) zur Suche weitergeleitet. Das NCIRD hat geantwortet, dass bestimmte Angaben in Ihrer Anfrage nicht verfügbar sind, da sie von der CDC kontrolliert oder gepflegt werden. [127]

Mit anderen Worten, die CDC scheint völlig ignorant gegenüber der Tatsache zu sein, dass sie nicht der wissenschaftlichen Methode folgt, oder sie hat erkannt, dass das Spiel vorbei ist und gibt unaufrichtige Antworten. So oder so kann man sie nicht als Quelle zuverlässiger wissenschaftlicher Informationen ernst nehmen, wenn sie auch unkontrollierte Experimente als Beweis für Viren anpreisen.

DIE OFFENLEGUNGEN VON PENG ZHOU ET AL.

Es hat Fälle gegeben, in denen Forscher Antworten zu ihren Methoden gegeben haben, in denen sie - absichtlich oder nicht - überraschend offen über ihre unwissenschaftlichen Experimente gesprochen haben. Am 3. Februar 2020 veröffentlichten Peng Zhou et al. ihren Artikel "A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin" in *Nature und* behaupteten, "the idenEficaEon

und Charakterisierung eines neuen Coronavirus (2019-nCoV)." [128] In ihrem "IsolaEon"-Experiment haben die

Die Autoren legten Bilder vor, die offensichtliche CPEs in den angeblich "2019-nCoV-infizierten" Vero E6-Zellen zeigen, aber keine CPEs in den "fiktiv infizierten Zellen, "[129] , die laher als "Kontrolle" bezeichnete. Aber was war die Art dieses offensichtlichen Kontrollexperiments? Die Details waren in der veröffentlichten Arbeit nicht enthalten, so dass sie im August 2021 von einem meiner Kollegen kontaktiert wurden, der einige verblüffende Eingeständnisse von einem der Mitautoren der Arbeit, Xing-Lou Yang, herausbekam. Abgesehen von der Tatsache, dass es keine positiven Kontrollexperimente gab (d. h. mit vergleichbaren menschlichen Proben ohne das angebliche Virus), gab Yang an, dass sie die Penicillin- und Streptomycindosis in der Versuchsgruppe verdoppelt hatten . [130] Auf die Frage, warum diese Variable verändert wurde, lautete die Antwort: "Die Intention von AnE-AnE [den beiden AnEbioEcs] ist es, eine Kontamination durch Bakterien oder Pilze während der Virus-Isolierung zu verhindern, so dass eine Konzentration von 1% oder 2% das Zellwachstum nicht beeinträchtigte. 2% in der 1. Gen [GeneraEon] war nur, um eine Kontamination der Proben zu verhindern." [131]

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

[127] Leher von Emerique Magyar, CDC/ATSDR FOIA Officer an ChrisEne Massey, "#22-00578-FOIA", 10. Mai 2022: hhps://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/05/CDC-Harcourt-mock-infected-CM-PACKAGE-redacted.pdf

[128] Peng Zhou, et al., "A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin", *Nature*, 579, 12 Mar 2020: hhps://www.nature.com/arEcles/s41586-020-2012-7

[129] Ebd. "Extended Data Fig. 6: IsolaEon and anEgenic characterizaEon of 2019-nCoV": hhps://www.nature.com/arEcles/s41586-020-2012-7/figures/9

[130] (Persönliche Korrespondenz per E-Mail von Xing-Lou Yang, 5. August 2021).

[131] Ebd.

Copyright © 2022 Mark Bailey

Mein Kollege schlug vor, das "Kontroll"-Experiment mit den höher dosierten AnEbioEcs zu wiederholen, um sicherzustellen, dass dies nicht einer der Faktoren ist, die CPEs in der Nierenzelllinie auslösen. Yang antwortete daraufhin ausweichend: "Wenn Sie sicherstellen könnten, dass Sie eine Kontamination durch bac [Bakterien] oder Pilze verhindern können, brauchen Sie die AnE-AnE nicht zu verwenden", [132] und ignorierte dabei scheinbar den entscheidenden Punkt, dass es die zusätzlichen AnEbioEcs selbst sein könnten, die für die Zellen toxisch waren (zumal Streptomycin bekanntermaßen nephrotoxisch ist). Zumindest hatten sie andere Variablen im Vergleich zu ihren Kontrollen verändert und damit ihre Ergebnisse noch weiter entkräftet.

Eine weitere verblüffende Enthüllung der Autoren war, dass in ihrer Versuchsgruppe nur *einer* von von 24 Vertiefungen mit Vero-E6-Nierenzellkulturen wiesen Anzeichen von CPEs auf . [133] Also, was als experimentelle Fehlermarge betrachtet werden sollte, ist die Grundlage einer der Erklärungen eines angeblich tödlichen neuen Krankheitserregers, der in einem Artikel beschrieben wird, der bis Juli 2022 1,34 Millionen Mal aufgerufen und über zehntausend Mal zitiert wurde. [134] Ist den anderen Autoren, die diese Arbeit verfasst haben, bewusst, auf welch hauchdünnen "Beweisen" dieses Kartenhaus namens COVID-19 aufgebaut ist? Vielleicht wären sie von einer solchen Enthüllung nicht beunruhigt, da biologische Experimente zunehmend aufgegeben werden, während man absurderweise behauptet, dass *In-silico*-"Genome" ausreichende Beweise für die Existenz von Viren liefern. Im Fall von Zhou et al. wurde ihre Computersimulation stolz als "zu 96% identisch mit einem Fledermaus-Coronavirus auf der Ebene des gesamten Genoms" verkündet. Sie beschlossen, ihre neue virale Erfindung mit dieser Sequenz zu vergleichen, weil "frühere Studien gezeigt haben, dass einige Fledermaus-SARSr-CoVs das Potenzial haben, Menschen zu infizieren. "[135] Ihre SoSware

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

Abbildung 7. Die Studie von Peng Zhou et al. und ihre bisher nicht offengelegte Methodik: Verdoppelung der AntibioEcs in der Versuchsgruppe, um CPEs in nur einer von 24 Vertiefungen zu sehen. Es wird erklärt, dass dies der Beweis für einen neuen viralen Erreger "2019-nCoV" ist, der später in SARS-CoV-2 umbenannt werden soll.

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

[132] Ebd.

[133] Ebd.

[134] ArEcle metrics, "A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin", *Nature*: hhps:// www.nature.com/arEcles/s41586-020-2012-7/metrics (Zugriff am 1. April 2022).

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

Copyright © 2022 Mark Bailey

versammelt, was zu den GenBank-Zugangsnummern MN996527-MN996532 wurde, und diese Form von Fake-"Beweisen", denen es ebenfalls an gültigen Kontrollen fehlt, wurde in diesem Aufsatz dokumentiert.

Mehr Täuschung aus Wuhan?

Anfang 2022 veröffentlichte ein Mathematiker, der mit Dr. Stefan Lanka zusammenarbeitet, eine Analyse der zugehörigen Sequenzdaten, die von Fan Wu et al. erstellt wurde. [136] Erstaunlicherweise kam man zu dem Schluss, dass

> *eine Wiederholung der de novo Assemblierung mit Megahit (v.1.2.9) zeigte, dass die veröffentlichten Ergebnisse nicht reproduziert werden konnten. Wir haben möglicherweise (ribosomale) Ribonukleinsäuren menschlichen Ursprungs nachgewiesen, im Gegensatz zu dem, was [von Fan Wu et al.] berichtet wurde... Es fehlt der Beweis, dass nur virale Nukleinsäuren verwendet wurden, um das behauptete virale Genom für SARS-CoV-2 zu konstruieren. Außerdem wurden in Bezug auf die Konstruktion des behaupteten viralen Genomstrangs keine Ergebnisse möglicher Kontrollexperimente veröffentlicht. Dies gilt auch für alle anderen in der vorliegenden Arbeit betrachteten Referenzsequenzen. Im Fall von SARS-CoV-2 wäre eine offensichtliche Kontrolle, dass das beanspruchte virale Genom nicht aus unverdächtigen RNA-Quellen menschlichen oder sogar anderen Ursprungs zusammengesetzt werden kann.*

Abgesehen von der Tatsache, dass die derzeitigen Methoden der Virologie zum Aufspüren von Viren verworfen werden sollten, wirft die mangelnde Reproduzierbarkeit ihres eigenen Experiments sofort Fragen zu den Umständen auf, unter denen die ursprünglichen Erfinder von SARS-CoV-2 ihr neues Virus der Welt bekannt gegeben haben. Tatsächlich ergab diese unabhängige Analyse nur 28.459 KonEgs, deutlich weniger als die von Fan Wu et al. beschriebene Zahl (384.096). Außerdem betrug das längste unabhängig ermittelte KonEg 29.802 NukleoEden, was 672 NukleoEden kürzer war als das von Fan Wu, was bedeutet, dass "die veröffentlichten Sequenzdaten nicht die ursprünglichen Reads sein können, die für die Assemblierung verwendet wurden." Die Analyse des Mathematikers ergab außerdem, dass:

> *Der Abgleich mit der Nucleo6de-Datenbank am 12.05.2021 ergab eine hohe Übereinstimmung (98,85%) mit "Homo sapiens RNA, 45S preribosomal N4 (RNA45SN4), ribosomal RNA" (GenBank: NR_146117.1, vom 07.04.2020). Diese*

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

Beobachtung widerspricht der Behauptung in [1], dass die ribosomale RNA deple6oniert wurde und die menschlichen Sequenzlesungen mit dem menschlichen Referenzgenom (human release 32, GRCh38.p13) geglättet wurden. Bemerkenswert ist hier die Tatsache, dass die Sequenz NR_146117.1 erst mit der Veröffentlichung der hier betrachteten Sequenzbibliothek SRR10971381 veröffentlicht wurde. Diese

---

[136] "Strukturelle Analyse von Sequenzdaten in der Virologie - tabellen und Abbildungen", *WiSSeNSCHAFFtPLUS magazin*, Jan 2022. Englische Version: hhps://brandfolder.com/s/3z266k74ppmnwkvfrxs6jjc

Copyright © 2022 Mark Bailey

Die Beobachtung unterstreicht die Schwierigkeit, den genauen Ursprung der einzelnen Nukleinsäurefragmente, die zur Konstruktion der behaupteten viralen Genomsequenzen verwendet wurden, a priori zu bestimmen.

Damit waren die Probleme aber noch nicht zu Ende. Die Verteilung der Abdeckung war bei einigen Kongen extrem inhomogen und angesichts der hohen Fehlerquote stellte sich die Frage, ob einige der Sequenzen einfach durch die PCR-Amplifikationsbedingungen selbst erzeugt wurden. Auch hier handelt es sich um eine anE-wissenschaftliche Methode, da keine geeigneten Kontrollexperimente (mit ähnlichen, vom Menschen stammenden Proben) durchgeführt werden, um diese Möglichkeiten zu untersuchen. Die unabhängige Analyse ergab, dass Fan Wu et al. bei ihrem 41-jährigen Mann aus Wuhan, der sich mit einer Lungenentzündung als einer der ersten behaupteten COVID-19-Fälle vorstellte, bessere In-silico-Übereinstimmungen für "HIV" und "HepaEEs D-Virus" hätten finden können als "ein neues Coronavirus". Wenn die Virologen ein Virus finden wollen, hängt alles davon ab, wie sie ihre Protokolle gestalten und wonach sie den Computer suchen lassen - und woher sollen diese Wahrsager wissen, wonach sie suchen sollen?

PROFESSOR STEPHEN BUSTIN'S PRIMING OF A PCR PANDEMIC

Wissenschaftler neigen zu der Annahme, dass alles, was außerhalb ihres Interessengebiets liegt, wahr ist und dass sie sich einfach darauf verlassen können.

- David Crowe nach seinem Interview mit Stephen BusEn im April 2020. [137]

Um die Illusion der COVID-19-"Pandemie" aufrechtzuerhalten, wurden Fälle benötigt. Diese wurden durch das weltweit größte "Testprogramm" für Menschen bereitgestellt, bei dem Milliarden von PCR-Kits auf der ganzen Welt verteilt wurden. Es bleibt für uns unklar, warum Stephen BusEn, ein "weltweit anerkannter Experte auf dem Gebiet der quantitativen PCR, dessen Forschung sich auf die Umwandlung molekularer Techniken in praxistaugliche, robuste und zuverlässige Werkzeuge für den klinischen und diagnostischen Einsatz konzentriert", [138] nicht entschieden auf die unangemessene Verwendung des PCR-Verfahrens hingewiesen hat. BusEn war der Hauptautor der 2009 veröffentlichten "MIQE Guidelines: Minimum InformaEon for PublicaEon of QuanEtaEve Real-Time PCR Experiments, "[139] , in der die wichtigsten konzeptionellen Überlegungen für Real-Eme-PCR-Experimente wie folgt skizziert wurden:

1. *2.1 Die **analytische Sensibilität** bezieht sich auf die Mindestanzahl von Kopien in einer Probe, die*

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

[137] *The Infec6ous Myth* with David Crowe - "Simplifying RT-PCR", 21 Apr 2020: hhps://infecEousmyth.podbean.com/e/the- infecEous-myth-simplifying-rt-pcr/

[138] hhps://aru.ac.uk/people/stephen-busEn

[139] Stephen BusEn, et al., "The MIQE Guidelines: Minimum InformaEon for PublicaEon of QuanEtaEve Real-Time PCR Experiments", *Klinische Chemie*, 1 Apr 2009: hhps://doi.org/10.1373/clinchem.2008.112797

Copyright © 2022 Mark Bailey

mit einem Test genau gemessen werden kann, wohingegen die ***klinische Sensibilität der*** *Prozentsatz der Personen mit einer bestimmten Störung ist, die der Test als für diese Störung posi6v identifiziert...*

2. *2.2* ***Analytische Spezifikität*** *bedeutet, dass der qPCR-Assay die entsprechende Zielsequenz nachweist und nicht andere, nicht-spezifische Ziele, die ebenfalls in einer Probe vorhanden sind.* ***Diagnos0sche Spezifikität*** *ist der Prozentsatz der Personen ohne eine bestimmte Erkrankung, die der Assay als negativ für diese Erkrankung identifiziert.*

Wenn BusEn der Wissenschaft treu geblieben wäre, hätte er die PCR-Pandemie im Januar 2020 stoppen müssen, als die Corman-Drosten PCR-Protokolle veröffentlicht wurden . [140] Das Wort "Spezifizität" taucht nur einmal im Corman-Drosten-Papier auf, und es hatte nichts mit der Diagnose eines klinischen Zustands zu tun, geschweige denn mit einer VirusinfekEon. Es gab keinen "Nachweis von 2019-nCoV", wie in dem Papier behauptet wurde, alles was festgestellt wurde, war die analytische Spezifizität ihres Assays zum Nachweis ausgewählter Zielsequenzen. Es handelte sich um ein In-vitro-Molekularreaktorexperiment mit synthetischer Nukleinsäuretechnologie, für das die Existenz eines Virus nicht erforderlich ist. Außerdem wurde nicht nachgewiesen, wie das PCR-Ergebnis mit einer klinischen Situation zusammenhängt, d. h. die COVID-19-PCR-Kits wurden nie zur Diagnose einer Krankheit beim Menschen eingesetzt. Eine erfundene Krankheit, die auf einem Virus basiert.

Abgesehen von der Frage der Spezifikität wurde nicht bekannt, dass der Weltexperte für PCR im April 2020 zu David Crowe sagte, dass es (selbst nach virologischen Maßstäben) "absoluter Unsinn" sei, ein Coronavirus-PCR-Ergebnis bei 36-37 Zyklen als "posiEve" zu bezeichnen, wie es weltweit geschah. Das ergibt überhaupt keinen Sinn. "[141] Der PCR-Betrug wurde jedoch noch offensichtlicher, als Eric Coppolino BusEn im Februar 2021 auf *Planet Waves FM* interviewte. [142] Coppolinos Absicht war es, mehr Details über den problematischen Schritt der reversen Transkription (RT) des RT-PCR-Verfahrens herauszufinden, aber er war nach dem Interview fassungslos, als er feststellte, dass das, was er für einen manchmal ungenauen Test hielt, völlig betrügerisch war t. [143] BusEn schien sich unwohl zu fühlen, als Coppolino darauf hinwies, dass alle positiven PCR-Ergebnisse als "bestätigter Fall von Infektion" bezeichnet wurden, auch wenn sie keine Symptome aufwiesen. [144] Anstatt zuzugeben, dass die diagnostische Spezifizität der PCR-Kits nie überprüft worden war

[140] Victor Corman, et al., "DetecEon of 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) by real-Eme RT-PCR", *Euro Surveill*, 23 Jan 2020: hhps://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.3.2000045.

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

[141] *The Infec6ous Myth* with David Crowe, "Stephen BusEn on Challenges with RT-PCR", 14 Apr 2020: hhps://infecEousmyth.podbean.com/e/the-infecEous-myth-stephen-busEn-on-challenges-with-rt-pcr/

[142] *Planet Waves FM* mit Eric F. Coppolino, "Interview mit Dr. Stephen BusEn", 1. Februar 2021: hhps://planetwaves.net/planet-waves- fm-interview-with-dr-stephen-busEn/

[143] (Persönliche Korrespondenz von Eric Coppolino.)

[144] *Planet Waves FM* mit Eric F. Coppolino, "Interview mit Dr. Stephen BusEn", 1. Februar 2021: hhps://planetwaves.net/planet-waves- fm-interview-with-dr-stephen-busEn/

Copyright © 2022 Mark Bailey

BusEn gab nur periphere Erklärungen ab, wie z. B. die Behauptung, dass "die Intensivstationen im Moment überfüllt sind".

Außerdem verteidigte er die verwendeten PCR-Protokolle mit der Behauptung, dass "diese Lungenentzündung durch dieses Virus verursacht wurde. Und dieses Virus tauchte auf, als immer mehr Menschen mit den gleichen Symptomen erkrankten. Und diese Primer detektierten das Virus". Als Coppolino ihn auf das Fehlen der Virus-Isolierung ansprach, um diese Behauptungen aufstellen zu können, antwortete BusEn, dass "die Art und Weise, wie die Sequenz erstellt wurde, indem man die Proben des ursprünglichen Patienten nahm, etwas wachsen ließ und es dann sequenzierte und dann die Sequenz zerlegte, und was dabei herauskam, war das SARS-Virus." Leider hat BusEn den Missbrauch des Wortes "IsolaEon" durch die Virologie und die unscharfe Terminologie bei der Bestimmung eines "Virus" unterstützt. Der entscheidende Punkt ist, dass es keine Rolle spielt, wie gut die Primer konzipiert sind - wenn die Herkunft oder die Bedeutung der Gensequenzen, die durch die PCR amplifiziert werden, nicht bekannt sind, dann kann aus ihrem bloßen Vorhandensein nichts weiter geschlossen werden. BusEn kann die Welt über die potenziell sehr hohe Analyseleistung eines PCR-Protokolls beruhigen, aber die Feststellung seiner Diagnoseleistung ist der Punkt, an dem der Gummi auf die Straße trifft. Selbst wenn die physische Existenz von SARS-CoV-2 nachgewiesen und die PCR als gültiges Diagnoseinstrument akzeptiert worden wäre, müsste BusEn zugeben, dass keiner der PCR-Tests gemäß seinen *MIQE-Leitlinien* entwickelt wurde und keiner als klinisch validiert gelten kann.

Es war eine Überraschung, dass er in demselben Interview jegliche Vorkenntnis über den falschen Pertussis-Ausbruch in Dartmouth-Hitchcock, New Hampshire, im Jahr 2006 leugnete, als das PCR-Kit, das eingeführt wurde, zu einer 100 %igen FalschposiEve-Rate führte . [145] BusEn gab an, erst wenige Tage vor dem Interview, also etwa 15 Jahre später, zum ersten Mal davon erfahren zu haben, als er auf der Website von Coppolino darüber las, und zwar aus einem für die Zwecke des Interviews zur Verfügung gestellten Artikel. Der Vorfall war jedoch allgemein bekannt und wurde in der *New York Times* berichtet, mit Kommentaren von vielen Fachleuten aus dem Bereich der öffentlichen Gesundheit und der Diagnostik . [146] Im Jahr 2006 war BusEn Professor für Molekularbiologie, und es ist nicht verwunderlich, dass der PCR-Spezialist im Jahr 2006, als sich der Vorfall ereignete, noch keine Anfragen von medizinischen Kollegen erhalten hatte. Tatsächlich gab es zu diesem Zeitpunkt nur sehr wenige PCR-Experten, an die man sich wenden konnte, und es war ein frühes Indiz dafür, wie katastrophal die PCR sein konnte.

Copyright © 2022 Mark Bailey

[145] CDC, "Outbreaks of Respiratory Illness Mistakenly Ahributed to Pertussis - New Hampshire, Massachusehs, and Tennessee, 2004-2006", *Morbidity and Mortality Weekly Report*, 24 Aug 2007: hhps://www.cdc.gov/mmwr/preview/mmwrhtml/ mm5633a1.htm

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

Copyright © 2022 Mark Bailey

als klinisches Diagnoseinstrument missbraucht. Als wäre das nicht schon schlimm genug, handelte es sich dabei um einen Vorfall, bei dem die angeblich ursächliche Mikrobe (das Bakterium *Bordetella pertussis*) physisch isoliert und ihre Gensequenzen für die Kalibrierung der PCR bestimmt werden können. Im Gegensatz dazu werden die PCR-Protokolle für SARS-CoV-2 einfach auf GenEc-Fragmente unbekannter Herkunft kalibriert. Als Coppolino ihn zu diesem Punkt befragte, antwortete BusEn: "Nun, wissen Sie, das ist eine Standardmethode, also kann ich das nicht weiter kommentieren, außer dass ich das für vollkommen akzeptabel halte und dass es die richtige Methode ist. "[147]

Als Busen von Coppolino interviewt wurde, hatte er bereits eine Arbeit mit dem Titel "COVID-19 and DiagnosEc TesEng for SARS-CoV-2 by RT-qPCR-Facts and Fallacies" verfasst und eingereicht.
das später im Februar 2021 veröffentlicht wurde .[148] In diesem Papier erklärten BusEn und Co, dass "[die
Corman-Drosten]-Test funktionierte und war spezifik und bewies erstaunlichen Scharfsinn und Selbstlosigkeit der beteiligten Wissenschaftler sowie die bemerkenswerte Geschwindigkeit, mit der PCR-basierte Tests entwickelt und in die Praxis umgesetzt werden können. Sieht man von dem Lob ab, bleibt die offensichtliche Frage: Wofür ist er spezifisch? Wollten BusEn und Co. damit sagen, dass die PCR-Tests spezifik sind für (a) kurze gezielte RNA-Sequenzen, (b) ein Coronavirus namens SARS-CoV-2 oder (c) die von der WHO erfundene Krankheit namens COVID-19? Das Corman-Drosten-Papier hat nur die analytische Spezifizität für die Amplifikation einiger ausgewählter RNA-Sequenzen festgestellt, es hatte nichts mit der Etablierung eines Virus oder der Diagnose einer Krankheit zu tun. Der Entwickler der *MIQE-Leitlinien* weiß sicherlich, dass von den drei Verfahren nur das erste wissenschaftlich etabliert war und nichts für die klinische Anwendung validiert wurde oder wird. Und dennoch fährt er in seinem Papier mit der lächerlichen *Feststellung* fort, dass "PCR-Tests sehr gut für groß angelegte Tests geeignet sind, wie die Millionen von Tests, die bis heute durchgeführt wurden, täglich beweisen." Hat BusEn vergessen, dass die "Tests" einfach ein molekulares Verstärkungswerkzeug sind? Wie der Erfinder der PCR, Dr. Kary Mullis, 1993 warnte: "Ich glaube nicht, dass man die PCR missbrauchen kann, nein, die Ergebnisse, die Interpretation davon [wird missbraucht]. "[149]

Bei der PCR werden lediglich ausgewählte Gensequenzen amplifiziert, und die molekulare Reaktion selbst ist nicht in der Lage, ihre Herkunft oder die Relevanz ihres Vorhandenseins zu bestimmen. Wenn ein parEkulares PCR-Protokoll korrekt durchgeführt wird und eine bekannte 100%ige Analysesensitivität und Spezifizität hat, kann ein

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

[147] *Planet Waves FM* mit Eric F. Coppolino, "Interview mit Dr. Stephen BusEn", 1. Februar 2021: hhps://planetwaves.net/planet-waves- fm-interview-with-dr-stephen-busEn/

[148] Stephen BusEn, et al., "COVID-19 and DiagnosEc TesEng for SARS-CoV-2 by RT-qPCR-Facts and Fallacies", *Int. J. Mol. Sci.,* 28 Feb 2021: hhps://doi.org/10.3390/ijms22052459

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

Copyright © 2022 Mark Bailey

Ein positives Ergebnis bedeutet nichts anderes, als dass das Vorhandensein einer Zielsequenz bestätigt wurde. Wenn jedoch behauptet wird, die PCR sei ein Diagnoseinstrument, sollte es offensichtlich sein, dass klinische Validierungsstudien durchgeführt werden müssen, bevor der Test in die klinische Praxis eingeführt wird. Das Corman-Drosten-Papier übersprang diesen Schritt, und die WHO akzeptierte den Betrug, indem sie Versionen des PCR-Protokolls am 13. und dann am 17. Januar 2020 auf ihre Website stellte, noch bevor das Papier veröffentlicht worden war . [150] ASer, dass die PCR einfach mittels eines Zirkelschlusses benutzt wurde, um Behauptungen über die Diagnose von "Infektionen" bei Menschen aufzustellen.

In der nächsten Phase der Frühphase der angeblichen Pandemie verbreiteten "Experten" wie der australische Spezialist für Infektionskrankheiten, Associate Professor Sanjaya Senanayake, in der Öffentlichkeit unbegründete Behauptungen über die Genauigkeit der Tests. In einem Interview am 26. April 2020 erklärte er in Bezug auf die COVID-19-Tests: "Es gibt keinen wirklichen Goldstandard, mit dem man sie vergleichen könnte... für COVID-19 haben wir keinen Goldstandard-Test, also sind die aktuellen Tests, die wir verwenden, die PCR-Tests... sie sind unser Goldstandard, aber wenn wir versuchen, damit zu arbeiten, denken wir, dass sie wahrscheinlich etwa 70 % der Fälle erfassen." [151] Senanayake deutet an, dass man, wenn man keinen Goldstandard hat, einfach davon ausgehen kann, dass ein neuer PCR-Test sich selbst validieren kann. Dies steht jedoch im Widerspruch zu allen wissenschaftlichen Erkenntnissen über die Validierung von Tests. Durch diese Abweichung von den etablierten Grundsätzen der Validierungslogik ist unklar, wie er berechnet hat, dass der Test in "etwa 70 %" der Fälle funktioniert, ganz zu schweigen von den geistigen Anstrengungen, die mit einem "Goldstandard" verbunden sind, der sich selbst nur in 70 % der Fälle nachweist. Es würde mit seinem versehentlichen Eingeständnis übereinstimmen, dass es bei COVID-19-Tests "keinen wirklichen Goldstandard" gibt, weil der wirkliche Goldstandard etwas ist, das nicht existiert - nämlich die physische IsolaEon und der Nachweis eines viralen ParEls.

Die WHO war nicht besorgt über das Fehlen eines Goldstandards oder eines Nachweises eines Virus und zementierte den PCR-Betrug, indem sie behauptete, ein COVID-19-Fall sei "eine Person mit einem Labornachweis [im Jahr 2020, typischerweise PCR] einer COVID-19-Infektion, unabhängig von klinischen Anzeichen und Symptomen. "[152] In diesem einen Satz verkünden sie, dass die klinisch nicht validierten PCR-Tests eine 100-prozentige Diagnosesicherheit haben, und verdrehen auf unsinnige Weise die Bedeutung des Wortes "Infektion", um Personen einzuschließen, die keine Anzeichen oder Symptome haben. Die Etymologie des Wortes

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

"Infektion" liefert eine Ableitung vom Wort "Infektion".

---

[150] Victor Corman, et al., "DiagnosEc detecEon of 2019-nCoV by real-Eme RT-PCR", WHO, 17 Jan 2020: hhps://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/protocol-v2-1.pdf?sfvrsn=a9ef618c_2

[151] Sanjaya Senanayake wird von Jeremy Fernandez in der Sendung *The Virus* interviewt, ABC News, 26 Apr 2020: hhps://iview.abc.net.au/ show/virus/series/0/video/NC2032H003S00

[152] WHO, "WHO COVID-19: Case DefiniEons", 7 Aug 2020: hhps://www.who.int/publicaEons/i/item/WHO-2019-nCoV- Surveillance_Case_DefiniEon-2020.1

Copyright © 2022 Mark Bailey

inficere, was "beflecken" bedeutet. Mosby's Medical DicEonary 2009 definiert den Begriff Infektion wie folgt: "(1) das Eindringen pathogener Mikroorganismen in den Körper, die sich vermehren und durch lokale Zellschädigung, Absonderung eines Toxins oder AnEgen-Körper-Reaktion im Wirt eine Krankheit verursachen, und (2) eine Krankheit, die durch das Eindringen pathogener Mikroorganismen in den Körper verursacht wird. [153] Während der Autor keine Aussage darüber trifft, ob irgendwelche Mikroben pathogen sind, bezieht sich die etablierte Bedeutung von "Infektion" auf einen Krankheitszustand - andernfalls würde ein Begriff wie "Kommensalismus "[154] verwendet werden sollte. Die WHO erfand einen absurden neuen Begriff der "Pandemie "[155] und ist nun die Definition der Infektion zu unterlaufen - eine, die sie durch die alleinige Verwendung von PCR-Ergebnissen vom Konzept der Krankheit abkoppelt. Kary Mullis hätte es nicht einfacher ausdrücken können, als er sagte, die PCR sei "nur ein Verfahren, mit dem man aus etwas eine ganze Menge machen kann. "[156] Leider haben in der COVID-19-Ära mehr als einmal influenEal figures wie BusEn und Senanayake die Verwendung eines molekularen Herstellungswerkzeugs durch Virologen unterstützt, um alle möglichen unbegründeten Behauptungen aufzustellen, einschließlich der unraEfiedlichen Fähigkeit, eine neuartige Infektion zu diagnostizieren und ein angebliches Virus zu erkennen.

Bemerkenswert ist, dass eine einseitige Fehlinterpretation der PCR zu beginnen scheint, bevor der Amplifizierungsprozess überhaupt begonnen hat. Das Roche "High Pure Viral RNA Kit", das zur Vorbereitung der Proben für die PCR verwendet wird, gibt beispielsweise an, dass es "schnell virale RNA aus Säugetierplasma, Serum, Körperflüssigkeiten und Zellkulturüberständen isoliert. "[157] Aus der mitgelieferten Produktinformation geht nicht hervor, wie das Kit vermeintliche virale RNA von anderer in der Probe vorhandener RNA zu trennen . [158] Das Verfahren umfasst eine "Poly(A)-Träger-RNA"-Bindungsschritt, aber polyadenylierte Sequenzen sind nicht spezifiziert c,[159] und die folgenden Schritte der Herstellung und Zentrifugation, die sie beschreiben, wären auch nicht in der Lage, die Herkunft der RNA zu differenE. Trotzdem wird im Abschnitt "Protokolle" verkündet, dass das Ende

---

[153] Mosby's Medical DicEonary - 8th ediEon, 2009, Elsevier.

[154] Das Merriam-Webster DicEonary defines commensalism as "a rellaEon between two kinds of organisms in which one obtain food or other benefits from the other without damaging or benefiEng it": hhps://www.merriam-webster.com/dicEonary/ commensalism (Zugriff am 14. Mai 2022).

[155] Ron Law, "WHO and the pandemic flu 'conspiracies'", Rapid response, 6 Jun 2010: hhps://www.bmj.com/rapid-response/ 2011/11/02/who-changed-definiEon-influenza-pandemic

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

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

[157] Roche, "High Pure Viral RNA Kit - Produkt Nr. 11858882001": hhps://lifescience.roche.com/de_au/products/high-pure-viral-rna-kit.html

[158] Roche, "'High Pure Viral RNA Kit - Version: 20, Kat. Nr. 11 858 882 001' InstrucEons for Use", Oct 2020: hhps://pim-eservices.roche.com/LifeScience/Document/96aae49e-ad12-eb11-fe90-005056a772fd

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

Copyright © 2022 Mark Bailey

Produkt ist "gereinigte virale RNA, "[160] , so dass jeder, der diese unbegründete Behauptung glaubt, seine

Das anschließende positive RT-PCR-Ergebnis ist der Beweis für ein Virus. Dasselbe gilt für das "High Pure Viral Nucleic Acid Kit" von Roche, das von Teams wie Na Zhu und Peng Zhou bei ihren Behauptungen verwendet wird, SARS-CoV-2 in Proben von Patienten und in Zellkulturexperimenten entdeckt zu haben. Erneut stellt Roche die falsche Behauptung auf, dass die im Abschnitt "Protokolle" beschriebenen Schritte zu "gereinigten viralen Nukleinsäuren" führen würden. "[161]

Übrigens wurde BusEn speziell zu den Behauptungen von Roche befragt, als ihm Folgendes gesagt wurde: "Ich nehme an, der Kit muss in der Lage sein, virale NAs [Nukleinsäuren] von allen anderen zu unterscheiden. Haben virale NAs eine chemisch einzigartige Eigenschaft?" Er antwortete: "Der Extraktionsprozess ist nicht für jede parEkulare Nukleinsäure spezifisch, aber er kann für verschiedene Arten von Nukleinsäuren spezifik sein. Einige Kits können differenEals [*sic*] *DNA oder RNA* extrahieren, aber das bedeutet, dass *jede DNA und RNA* in der extrahierten Probe vorhanden sein wird [meine Hervorhebung]...Eine kleine Menge des extrahierten Materials wird dann der PCR-Reaktion unterzogen.

Das ist es, was die Spezifität ausmacht." [162] Mit anderen Worten: BusEn hat sich nicht bemüht, eine

Er hat die betrügerischen Behauptungen von Roche nicht erklärt, sondern das Problem verschleiert, indem er die Spezifität der Herkunft der Nukleinsäuren mit der Spezifität der Sequenzen, die für die PCR ausgewählt wurden, verwechselt hat. Dies ist ein sprachlicher Taschenspielertrick, der dazu beitrug, dass ein "Virus" aus dem Nichts auftauchte.

P A R T T H R E E E

"KLEINER SENNENHUND" - NAIV ODER VERARSCHUNG?

Ich hätte es nie gesehen, wenn ich es nicht geglaubt hätte. - Ashleigh Brillian t163

Wir sind mit der Behauptung vertraut, dass es unmöglich ist, dass die Mehrheit der medizinischen und wissenschaftlichen Gemeinschaft wissentlich an den unwissenschaftlichen Methoden der Virologie beim COVID-19-Betrug beteiligt war. Der Autor stellt keine solche Hypothese auf, obwohl man sich fragt, ob und wie lange Unwissenheit als Verteidigung dienen kann? In der Tat wurde

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

deshalb bereits früher vorgeschlagen

---

[160] Roche, "'High Pure Viral RNA Kit - Version: 20, Kat. Nr. 11 858 882 001' InstrucEons for Use", Oct 2020: hhps://pim-eservices.roche.com/LifeScience/Document/96aae49e-ad12-eb11-fe90-005056a772fd

[161] Roche, "'High Pure Viral Nucleic Acid Kit - Version: 20, Kat. Nr. 11 858 874 001' InstrucEons for Use", Oct 2020: hhps://pim-eservices.roche.com/LifeScience/Document/d927229f-ad12-eb11-0091-005056a71a5d

[162] (Persönliche Korrespondenz von Stephen BusEn an meinen Kollegen, 15. Oktober 2021).

[163] hhps://www.ashleighbrilliant.com/

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

in diesem Aufsatz (in "Was ist Virologie?"), dass "die Abkehr von der wissenschaftlichen Methode von den Mitarbeitern der unteren Ebene unbemerkt oder versehentlich erfolgen kann." Frisch gebackene Virologen sind darauf trainiert, den Methoden ihrer Vorgesetzten zu folgen, und es ist unwahrscheinlich, dass sie in ihrer gewählten Karriere weit kommen - und natürlich auch bei der Finanzierung -, wenn sie die Grundlage der Arbeit ihres Labors in Frage stellen.

Am 29. Januar 2020 postete ein chinesischer Virologie-Wissenschaftler, der sich "Winjor Lihle Mountain Dog" nennt, einen Text mit der Überschrift "DocumenEng the first experience of discovering a novel coronavirus. "[164] Er beschrieb die leidenschaftliche Geschichte eines Insiders, der entschlossen war, die Wahrheit darüber herauszufinden, was in den vergangenen Monaten in Wuhan geschah und wer WH-Human 1 alias "WH-01/2019", das später in "SARS-CoV-2" umbenannt wurde, wirklich "entdeckt" hatte. Für diejenigen unter uns, die sich der Täuschung bewusst sind, die im Rahmen der COVD-19-Scharade stattgefunden hat, ist der Text sicherlich verdächtig, Teil einer GaslighEng-OperaEon zu sein. Im Übrigen lässt die Tatsache, dass es so einfach ist, herauszufinden, aus welchem Labor die Geschichte stammt, den Autor für einen Bewohner des kommunistischen chinesischen Staates äußerst naiv erscheinen. Im Folgenden wird das Dokument jedoch so dargestellt, wie es beschrieben wird, nämlich so, dass der Erzähler glaubt, in den folgenden ausgewählten Passagen Viren zu entdecken.

> *Ich habe gerade am 26. Dezember 2019 angefangen zu arbeiten. Wie üblich werde ich zunächst die Ergebnisse der automatischen Auswertung der pathogenen Mikroorganismen des mNGS für diesen Tag durchsehen*.

Hier beschrieb der Autor sein Labor, das metagenomische NGS an rohen PaEentproben durchführt, wie in den vorangegangenen Abschnitten dieses Aufsatzes dargelegt. Damit war das Thema für den Text des Autors vorgegeben, in dem "Viren" als Gensequenzen beschrieben werden, die in der Umwelt nachgewiesen und von Computersoftware zusammengesetzt werden können.

> *Unerwartet wurde festgestellt, dass eine Probe einen empfindlichen Erreger - das SARS-Coronavirus - mit Dutzenden von Sequenzen aufwies, während diese Probe nur einen solchen bedeutenden Erreger enthielt.*

Dies ist ein unglaublicher Sprung von verschiedenen Sequenzen, die in einer groben Probe entdeckt wurden, zur Meldung eines "Erregers", offenbar auf der Grundlage, dass dies durch ein

Copyright © 2022 Mark Bailey

Computerprogramm festgestellt werden kann. Und nicht nur das: Der Computer hat ein "SARS-Coronavirus" gefunden, das also irgendwie mit dem klinischen Krankheitsbild "schweres akutes respiratorisches Syndrom" in Verbindung gebracht werden kann.

---

[164] "记录一下首次发现新型冠状病毒的经历", 29 Jan 2020: hhps://freewechat.com/a/MzAxMjMyMDk0Ng==/2650112053/1/1580318101, Eine der englischen TranslaEonen: "DocumenEng the first experience of discovering a novel coronavirus": hhps://github.com/flodebarre/covid_origin_documents/blob/main/2020-01-30_LihleDog.md

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

> *...dieser Erreger ist dem Bat SARS-ähnlichen Coronavirus am ähnlichsten, mit einer Gesamtähnlichkeit von etwa 87 % und einer Ähnlichkeit zu SARS* [SARS-CoV-1] *von etwa 81 %. Die Anzahl der Sequenzen im Alignment hat sich von einigen Dutzend auf über 500 erhöht. Darüber hinaus wurden 5 Kon6ge zusammengefügt, die zusammen mehr als 1200 bp ergeben. Zum jetzigen Zeitpunkt kann im Grunde genommen davon ausgegangen werden, dass es sich um ein Coronavirus handelt... In einer solch dringenden Situation bleibt keine Zeit für Literaturrecherchen, und es liegen nicht viele Daten vor...Wir analysierten Tausende von Coronavirus-Genomen wie einen Teppich und bewerteten sie in Bezug auf Ähnlichkeit, Abdeckung und sogar Genomverteilung und fanden schließlich die beiden ähnlichsten Genome, Fledermaus-SL-CoVZC45 und Fledermaus-SL-CoVZXC21.*

Und einfach so wird die Existenz des Virus durch den Vergleich einiger neuer In-silico-Zusammensetzungen mit anderen In-silico-Zusammensetzungen, die zuvor in Gendatenbanken gespeichert wurden, "bestätigt". Der Autor fährt fort, seine nächste Aktivität der phylogenetischen Baumanalyse zu beschreiben und einen Evolutionspfad für die jüngste Ergänzung des virologischen Stammbaums zu erstellen. Die Tatsache, dass ein Virus eine tatsächliche physische Existenz als eigenständiges Teil mit spezifischen biologischen Merkmalen haben muss, einschließlich der Fähigkeit, Wirte zu infizieren und Krankheiten *zu verursachen, wird* überhaupt nicht gewürdigt. Der Autor behauptet lediglich, dass "die Analyse im Wesentlichen bestätigt hat, dass in der Probe dieses Patienten tatsächlich ein Virus vorhanden ist." Später im Text äußern sie Bedenken hinsichtlich der klinischen Pathogenität, bleiben aber von der Existenz des Virus überzeugt, indem sie beiläufig anmerken: "Ob die Lungenentzündung durch dieses Virus verursacht wurde, haben wir weder analysiert, noch konnten wir es analysieren. Die Entdeckung des Virus bedeutet nicht, dass die Lungenentzündung durch das Virus verursacht wurde".

> *...am 30. Dezember hörte ich, dass es eine ganze Reihe von Patienten mit ähnlichen Symptomen gibt... Was mich wirklich wieder nervös machte, war, dass ein Freund und Geschäftsmann uns die Sequenz zur Analyse zur Verfügung stellte. Ich analysierte sie, und es war tatsächlich derselbe Virus! Der erste Gedanke im Unterbewusstsein ist "dieser Virus ist ansteckend"!*

Es ist unklar, ob der Autor wusste, dass es sich bei den "ähnlichen Symptomen" bei den in Wuhan beschriebenen Patienten um nicht-spezifische Atemwegssymptome handelte. Bis heute ist COVID-19 kein legifizierter *klinischer* Befund, da die "bestätigten" Fälle lediglich das Ergebnis einer molekularen Untersuchung sind.

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

Erkennungsprozess. [165] Darüber hinaus haben wir uns bereits mit dem Zirkelschluss und der Selbstbeobachtung befasst.

der referenzielle Prozess der Erfindung eines "Virusgenoms" durch die Methodik der Virologie und die anschließende Behauptung, dass die Entdeckung von fast identischen Zusammensetzungen an anderen Orten ein Beweis dafür ist, dass es sich um "dasselbe Virus" handelt

---

[165] "WHO COVID-19 Case definiEons: Updated in Public health surveillance for COVID-19 | COVID-19: Surveillance, case invesEgaEon and epidemiological protocol", 16 Dec 2020: hhps://www.who.int/publicaEons/i/item/WHO-2019-nCoV-Surveillance_Case_DefiniEon-2020.2 (In der kleinen Fußnote steht: "Surveillance case definiEons should not be used as the sole basis for guiding clinical management.")

Copyright © 2022 Mark Bailey

wurde gefunden . [166]

> *Die Nervosität besteht darin, dass dieses unbekannte Virus genauso furchterregend sein könnte wie SARS; die Aufregung besteht darin, dass wir diesen Erreger mit Hilfe der MNGS-Technologie frühzeitig entdeckt und bestätigt haben und den Erreger unter Quarantäne gestellt haben, und dass es möglich sein könnte, das Virus zu verhindern und zu kontrollieren, bevor es sich weit verbreitet und in der Wiege erwürgt wird!...Ich hoffe auch, dass die Fähigkeit des Landes, mit großen Ereignissen im Bereich der öffentlichen Gesundheit umzugehen, nach diesem neuen Coronavirus-Vorfall große Fortschritte gemacht hat...Soweit ich weiß, hätten wir die Ersten sein sollen, die dieses Virus entdeckt haben, denn erst als wir die Ergebnisse meldeten, begann das Seuchenbekämpfungssystem einzugreifen.*

Es bleibt dem Leser überlassen zu entscheiden, ob der Autor wirklich glaubte, dass er der erste war, der SARS-CoV-2 entdeckte, und dass Experten des öffentlichen Gesundheitswesens über diese Fähigkeiten verfügen, oder ob dieser Text als ein weiterer Teil der COVID-19-Propaganda manipuliert und "durchgesickert" ist. Es gab nie ein Virus, das sich verbreitete. Das Einzige, was sich in der Welt verbreitete, abgesehen von der Angst, war das "Genom" von WH-Human 1 und die PCR-Tests, die auf seine Sequenzen geeicht waren. Die "Pandemie" hätte durch die Verwerfung dieser Tests gestoppt werden können; stattdessen haben unwissende "Experten" des öffentlichen Gesundheitswesens der AnE-Wissenschaft der Virologie geglaubt und sind seither Teil des COVID-19-Betrugs gewesen.

Lihle Mountain Dog wollte angeblich bekannt machen, dass ihr Labor "das erste war, das das Virus entdeckte", nachdem sie am 24. Dezember 2019 eine Probe aus Wuhan gesammelt und am 11. Januar 2020 in die GISAID-Datenbank unter der Accession ID "EPI_ISL_402123" eingegeben hatten. Zusammen mit der In-silico-Sequenz von Fan Wu et al. wurde EPI_ISL_402123 bei der Entwicklung der PCR-Protokolle durch das Team von ChrisEan Drosten verwendet (siehe Abbildung 8 unten). Wie David Rasnick jedoch feststellte, "haben sie nie ein Virus angefasst". Dies verleiht der "Lab-Leak"-Hypothese eine gewisse Ironie; eine Erzählung, die bereits im Februar 2020 in den Mainstream-Medien auftauchte. [167] Der "Virus" wurde sicherlich in einem Labor erfunden, aber es war ein Computerlabor und die einzige Information, die absichtlich nach außen gelangte, war eine Computersimulation. Die Ergebnisse der Simulation wurden als digitaler Code über das Internet in die ganze Welt verschickt, und die daraus resultierenden PCR-Primer, die *massenhaft* in Kits eingesetzt wurden, schufen die "Fälle" für den COVID-19-Betrug.

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

Die Geschichte des Lihle-Sennenhundes wurde fortgesetzt, als in einem Leitartikel zu lesen war: "Als die Pandemie explodierte, wurde ein

---

[166] Mark Bailey & John Bevan-Smith, "The COVID-19 Fraud & War on Humanity", 11. November 2021: hhps://drsambailey.com/covid-19/ the-covid-19-fraud-war-on-humanity/

[167] "Chronologie für Covid & SARS-CoV-2 PCR und Metagenomik": hhps://chironreturn.org/

Copyright © 2022 Mark Bailey

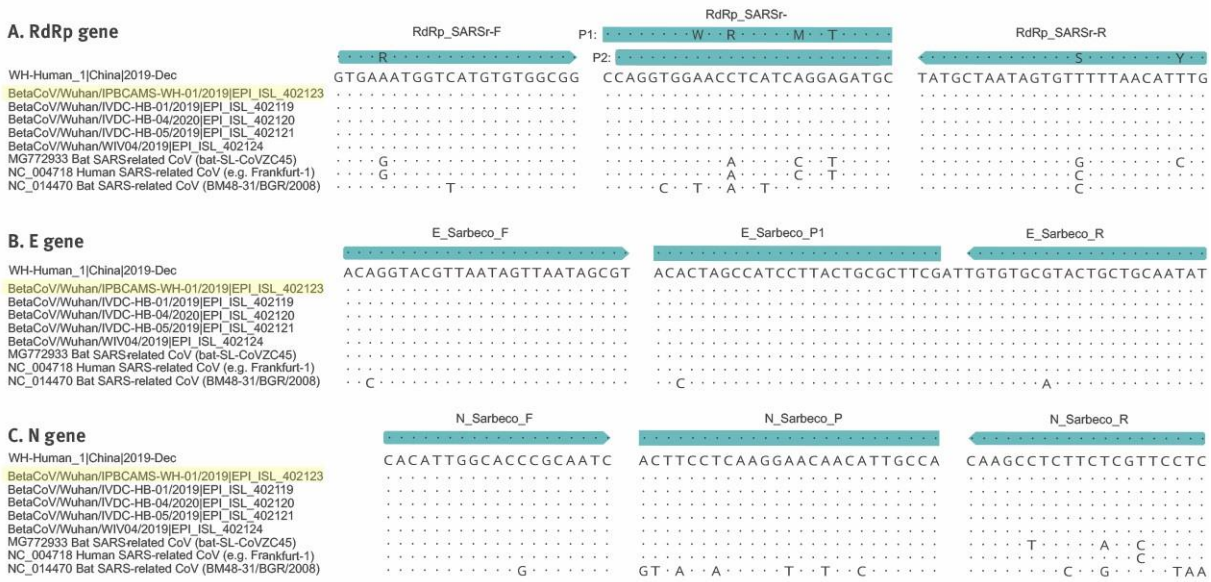

Abbildung 8. GISAID-Hinterlegung "EPI_ISL_402123" des Lihle-Sennenhundes. Sie erschien neben der Hinterlegung "WH-Human_1|China|2019-Dec" von Fan Wu et al. für das Corman-Drosten-RT-PCR-Protokoll, wo es heißt: "Das Alignment [WH-Human_1|China|2019-Dec] wurde durch zusätzliche Sequenzen ergänzt, die unabhängig auf GISAID veröffentlicht wurden." Quelle: "DetecEon of 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) by real-Eme RT-PCR (Figure 2)."

Forscher sahen die Gefahr. China's leaders kept silent" erschien in der *Washington Post* am 22. April 2022.[168] Sie berichteten, dass Lihle Mountain Dog in einem kommerziellen Labor "Vision Medicals" in Guangzhou in Südchina tätig war und "ihre Geschichte deutet auf eine Vertuschung mit tragischen Folgen von historischem Ausmaß hin. Eine ernste Gefahr wurde verheimlicht, bis es zu spät war". Der Leitartikel nahm alle virologischen Behauptungen für bare Münze und stellte ironisch fest, dass "die Episode einmal mehr unterstreicht, warum eine ernsthafte Untersuchung notwendig ist, um herauszufinden, wie die Pandemie begann." Eine seriöse Untersuchung dieses Themas zeigt, dass hinter dieser "Pandemie" nichts weiter als Unsinn steckt, der von den Virologen erfunden und von Medien wie der *Washington Post* verbreitet wird.

DAS "LAB LEAK" DISTRACTION

> *Sie gehen hier davon aus, dass die Pocken eine Sache, eine En6tität sind. Dieser Fehler wird von fast allen Anhängern der selbsternannten "regulären Schule" begangen, und es wird Ihnen wahrscheinlich neu sein, wenn man Ihnen sagt, dass weder die Pocken noch irgendeine andere Krankheit eine En6tität, sondern eine Bedingung ist.*
>
> - Dr. Montague R. Leverson, 1909. [169]

[168] Editorial Board, "As the pandemic exploded, a researcher saw the danger. China's leaders kept silent", *The Washington Post*,

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

22 Apr 2022: hhps://www.washingtonpost.com/opinions/interacEve/2022/china-researcher-covid-19-coverup/

[169] "English City of Leicester as Example of Benefits of AboliEon of VaccinaEon", *Bridgeport Evening Farmer*, 21 Aug 1909.

Copyright © 2022 Mark Bailey

Am 19. Mai 2022 verfasste Jeffrey Sachs, der Vorsitzende der Lancet COVID-19-Kommission, gemeinsam mit Neil Harrison ein Papier mit dem Titel "A call for an independent inquiry into the origin of the SARS-CoV-2 virus. "[170] Die Veröffentlichung begann mit der folgenden Darstellung der COVID-19-Situation:

> *Seit der Identifizierung von SARS-CoV-2 in Wuhan, China, im Januar 2020 ist der Ursprung des Virus ein Thema intensiver wissenschaftlicher Debatten und öffentlicher Spekulationen. Die beiden wichtigsten Hypothesen lauten, dass das Virus durch den Kontakt des Menschen mit einem infizierten Tier ("Zoonose") oder durch einen Vorfall in der Forschung entstanden ist.*

Die Behauptung, dass es "zwei Haupthypothesen" gibt, beruht jedoch auf der Annahme, dass "die Identifizierung von SARS-CoV-2" bedeutet, dass das Teil sowohl eine physische Existenz als auch die spezifischen biologischen Eigenschaften hat, die erforderlich sind, um die Definition eines Virus zu erfüllen. Das heißt, ein übertragbarer, replikationsfähiger intrazellulärer Parasit, der die angeblich neuartige Krankheit "COVID-19" verursacht. Wie in "*The COVID-19 Fraud & War on Humanity"* dargelegt, gibt es keine Beweise für die Existenz des ParEkels oder der vorgeschlagenen neuen Krankheit . [171] Darüber hinaus wurde in diesem Aufsatz das Papier von Fan Wu et al. und ihre falsche Behauptung über die "Identifizierung" eines Virus in Wuhan Anfang 2020 detaillierter analysiert. Auf der anderen Seite beginnen Befürworter von Lab Leaks wie Sachs und Harrison ihre Analyse mit der uneingeschränkten Akzeptanz der nicht etablierten Prämissen der Virologie.

In ihrem Papier zitieren sie Aspekte wie "die Sammlung von SARS-ähnlichen Fledermaus-CoVs aus dem Feld ... [und] ... die Analyse und Manipulation dieser Viren" und beklagen, dass "die genaue Art der durchgeführten Experimente, einschließlich der gesamten Palette der aus dem Feld gesammelten Viren und der anschließenden Sequenzierung und Manipulation dieser Viren, unbekannt bleibt". Sie wissen offensichtlich nicht, dass "SARS-ähnliche Fledermaus-CoVs" nichts anderes sind als zermahlene Fledermaus-Innereien, von denen behauptet wird, dass sie "pathogen" sind, wenn man den Dreck direkt in die Gehirne neugeborener Ratten injiziert. Die Manipulation solcher Proben mag ein Weg sein, um Finanzmittel zu sichern und die Unwissenden zu beeindrucken, aber sie ändert nichts an der biologischen Realität. Mit solchen Experimenten lässt sich nicht nachweisen, dass ihre Proben Viren enthalten oder in der natürlichen Welt pathogene Eigenschaften haben. Wenn sie nicht einmal die Existenz von Viren in den von ihnen beworbenen öffentlichen Versuchen nachweisen können, besteht kein Grund zur Sorge - es spielt

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

keine Rolle, was hinter verschlossenen Türen vor sich geht, denn sie haben keine Viren, mit denen sie beginnen können.

---

[170] Neil Harrison und Jeffrey Sachs, "A call for an independent inquiry into the origin of the SARS-CoV-2 virus", *Proceedings of the Na6onal Academy of Sciences,* 19. Mai 2022: www.pnas.org/doi/abs/10.1073/pnas.2202769119

[171] Mark Bailey & John Bevan-Smith, "The COVID-19 Fraud & War on Humanity", 11. November 2021: hhps://drsambailey.com/covid-19/ the-covid-19-fraud-war-on-humanity/

Copyright © 2022 Mark Bailey

In Bezug auf das von den Virologen profferierte "SARS-CoV-2-Genom" erklärten Sachs und Harrison, sie wüssten nicht, "ob die Einfügung des FCS [furi n172 cleavage site] das Ergebnis einer natürlichen Evolution war - vielleicht über ein Rekombinationsereignis in einem intermediären Säugetier oder einem Menschen - oder das Ergebnis einer absichtlichen Einführung des FCS in ein SARS-ähnliches Virus als Teil eines Laborexperiments". Die Forscher sollten lieber untersuchen, wie festgestellt wurde, dass *die von* ihnen analysierten Sequenzen oder Proteine zu einem pathogenen Virus gehören. Die Debatte der letzten Jahre über die Feinheiten des FCS ist nur ein Mikrokosmos innerhalb des breiteren Paradigmas der "viralen" Genomik und Proteomik.

Auch ihr Hinweis auf angebliche Virenforschung an der University of North Carolina (UNC) oder "durchgesickerte" Förderanträge wie "DEFUSE" an die US Defense Advanced Research Projects Agency sind kein Beweis für Viren. [173] Um es klar zu sagen: Es wird nicht bestritten, dass Einrichtungen wie die UNC seit Jahrzehnten mit Sequenzen wie Spike-Proteinen experimentiert haben. Einige dieser Sequenzen wurden patentiert und bei der Entwicklung injizierbarer biologischer Agenzien verwendet, die vor kurzem unter dem Deckmantel der COVID-19-Impfstoffe vielen Menschen aufgezwungen wurden. [174] All dies setzt jedoch nicht voraus, dass es Teile gibt, die als Viren eingestuft werden können.

Leider ist das Buch der Behauptungen der Virologie so verworren geworden, dass die meisten Leser nicht erkennen, dass es größtenteils aus Unsinn besteht. Wenige Tage nachdem Sachs und Harrison ihren Artikel veröffentlicht hatten, dachte *The Intercept*, sie seien ebenfalls auf einer Forschungsreise, bei der es um "die faszinierende Theorie des viralen Engineerings" ging. "[175] Sie berichteten über eine Studie der UNC Chapel Hill aus dem Jahr 2016 y176 in Verbindung mit Ralph Baric staEng, "the scienEsts created a new virus using the spike of a bat coronavirus that had been isolated and characterized by the Wuhan InsEtute of Virology [WIV]." Man kann davon ausgehen, dass der Autor nicht weiß, wie hinterhältig die Virologen das Wort "isoliert" verwenden. Außerdem entlarvt Abbildung 1 auf Seite 13 die absurde Behauptung, dass das WIV "gereinigte Virionen" hatte, die dann angeblich von Baric et al. nachträglich verwendet wurden, als sie "ein neues Virus schufen."

---

[172] Furin ist ein proteinspaltendes Enzym, das bei Menschen und anderen Tieren vorkommt. Virologen behaupten, dass Furin, wenn SARS-CoV-2 in einer Zelle produziert wird, das Spike-Protein an der "Furin-Spaltstelle" schneidet, bevor es die Zelle verlässt.

[173] Samantha Bailey, "Gain of FuncEon Garbage", 18 Jan 2022: hhps://drsambailey.com/resources/videos/covid-19/gain-of-funcEon-garbage/

[174] Mark Bailey & John Bevan-Smith, "The COVID-19 Fraud & War on Humanity", 11. November 2021: hhps://drsambailey.com/covid-19/ the-covid-19-fraud-war-on-humanity/

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

[175] Sharon Lerner, "Jeffrey Sachs presents evidence of possible lab origin of COVID-19", *The Intercept,* 20. Mai 2022: hhps:// theintercept.com/2022/05/19/covid-lab-leck-evidence-jeffrey-sachs/

[176] Vineet Menachery, et al., "SARS-like WIV1-CoV poised for human emergence", *PNAS*, 14 Mar 2016: hhps://doi.org/10.1073/ pnas.1517719113

Copyright © 2022 Mark Bailey

Es gab keine Beweise dafür, dass eines der beiden Labore mehr als nur eine abnormale Affen-Nierenzellkultur-Suppe hatte.

Die Hypothese des Laborlecks ist lediglich ein weiteres NarraEve in der COVID-19-Ära, das in der öffentlichen Vorstellung die Illusion der materiellen Existenz von SARS-CoV-2 sowie von pathogenen Viren und mikrobenbedingten Ansteckungen im Allgemeinen aufrechterhält. In den letzten Monaten wurde die auf Angst basierende NarraEve mit Erklärungen über Ausbrüche von Affenpocken, der angeblichen Entdeckung von Polio-"Viren" in London fortgesetzt, und die COVID-19-Laborleck-Theorie wurde sogar vom Generaldirektor der Weltgesundheitsorganisation unterstützt, um die von ihm genannte Phantomkrankheit und -pandemie zu unterstützen. [177] Es scheint wahrscheinlich, dass es in Zukunft weitere "Laborleck"-Geschichten geben wird, wenn sie weiterhin so viel Aufmerksamkeit auf sich ziehen.

Wie die "Lihle Mountain Dog"-Geschichte beruht auch die "Lab Leak"-Geschichte nicht auf dem wissenschaftlichen Nachweis eines Virus, sondern lediglich auf der *Überzeugung*, dass es einen Virus gibt, der durch einige scheinbare Beweise unterstützt wird. In diesem Sinne veröffentlichte das Lowy Institute, das sich selbst als australische "internationale politische Denkfabrik" bezeichnet, im November 2020 einen Artikel mit der folgenden Einleitung:

> *Im April 2020 gab Dr. Ai Fen, Leiterin der Notaufnahme des Zentralkrankenhauses von Wuhan, der chinesischen Zeitschrift Renwu ein Interview. Sie beschrieb sehr detailliert, wie Ende Dezember 2019 zahlreiche Patienten in die Notaufnahme kamen, die flu-ähnliche Symptome aufwiesen und auf die üblichen Behandlungen nicht ansprachen. Sie erzählte, wie sie "in kalten Schweiß ausbrach", als der erste Virusbericht eines dieser Patienten zurückkam. Sie kreiste kurzerhand die Worte "SARS-Coronavirus" ein, machte einen Screenshot des Berichts und schickte ihn an Kollegen. Sehr schnell verbreitete sich ihr Bericht in den medizinischen Kreisen von Wuhan. Doch anstatt das Krankenhaus und die Behörden zu mobilisieren, wurde Dr. Ai von der Disziplinarkommission des Krankenhauses wegen "Verbreitung von Gerüchten" und "Gefährdung der Stabilität" gerügt. Anstatt die Mitarbeiter und die Öffentlichkeit zu warnen, wiesen die Krankenhausbehörden die Mitarbeiter an, keine persönliche Schutzausrüstung zu tragen, und gaben Anweisungen der örtlichen Gesundheitsschutzbehörde weiter, dass es den Ärzten verboten sei, Nachrichten und Berichte über das Virus weiterzugeben, um keine Panik zu verursachen .* [178]

Für die Leichtgläubigen mag es wie ein Versuch der Autoren klingen, den Beginn der "viralen Pandemie" zu vertuschen, aber wer sich mit dem Unsinn der Virologie auskennt, durchschaut die

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

Täuschungen sofort.

---

[177] Mark Bailey, "Lab Leaks and other Legends", 28. Juni 2022: hhps://drsambailey.com/covid-19/lab-leakss-and-other-legends/

[178] Lydia Khalil, "Digital Authoritarianism, China and COVID", *Lowy Ins6tute*, 2 Nov 2020: hhps://www.lowyinsEtute.org/publicaEons/digital-authoritarianism-china-and-covid

Copyright © 2022 Mark Bailey

keine dieser Erklärungen erfordert ein tatsächliches Virus. Die Erwähnung des SARS-Coronavirus in einem "Virenbericht" basiert auf nichts anderem als dem, was Fan Wus und andere Teams in ihren Trockenlaborsimulationen getan haben.

Ein anderer Arzt, Li Wenliang, der von der BBC als "Whistleblower" bezeichnet wird, "[179] wurde Berichten zufolge ebenfalls von den chinesischen Behörden zensiert, nachdem er den Bericht von Dr. Ai veröffentlicht hatte. Es wurde behauptet, dass der 33-jährige Dr. Li später an COVID-19 starb, nachdem er sich "bei seiner Arbeit in Wuhan mit dem Virus infiziert hatte Zentralkrankenhaus". Die Konzernmedien und Wikipedia fördern die "Vertuschung" in großem Stil wäre witzig, wenn es nicht Teil eines Krieges gegen die Menschheit wäre. All diese Geschichten führen auf dasselbe Angstnarrativ zurück, das einen ansteckenden und "tödlichen Virus" beinhaltet. Das ermöglicht die Verbreitung dieses Betrugs und ebnet den Weg für weitere ähnliche Betrügereien in der Zukunft. Es verblüfft den Autor, dass so viele Mitglieder der Gemeinschaft der "Gesundheitsfreiheit" keiner der Behauptungen der Konzernmedien über COVID-19 trauen, *mit Ausnahme der* Erklärung, dass ein tödlicher Virus frei herumläuft - die größte Lüge von allen.

Der Behauptung, dass "Coronavirus"-Patentlinge den Beweis für die Existenz von Viren liefern, kann zügig entgegengetreten werden. Im Jahr 2021 veröffentlichte Dr. David MarEn von M-CAM® InternaEonal "The Fauci/COVID-19 Dossier", [181] als Teil der Aktivitäten des Unternehmens,

> *Überwachung möglicher Verstöße gegen das Protokoll von 1925 über das Verbot der Verwendung von Asphyxie-, Gift- oder anderen Gasen und von bakteriologischen Methoden der Kriegsführung (Genfer Protokoll) und das Übereinkommen von 1972 über das Verbot der Entwicklung, Herstellung und Lagerung bakteriologischer Waffen und von Toxinwaffen sowie über deren Vernichtung (BWÜ).*

Trotz zahlreicher Patente auf "Methoden zur Herstellung rekombinanter Coronaviren" und staatlicher Zuschüsse für den "Funktionsgewinn-Spezialisten" Dr. Ralph Baric und sein Team an der UNC Chapel Hill enthalten diese Dokumente keinen wissenschaftlichen Beweis für die Existenz von Viren. Die Patentämter und diejenigen, die Forschungsgelder bewilligen, sind nicht die Schiedsrichter der biologischen Plausibilität und geben lediglich die Behauptungen der Virologen weiter. Das Dossier war kein "smoking gun" für "gain of funcEon"-Aktivitäten mit pathogenen Viren. Vielleicht haben diejenigen, die das dachten, nicht

[179] "Li Wenliang: Coronavirus tötet chinesischen Whistleblower-Arzt", *BBC*, 7. Februar 2020:

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

hhps://www.bbc.com/news/world-asia- china-51403795

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

[181] David MarEn, "Das Fauci/COVID-19 Dossier" Apr 2021: hhps://www.davidmarEn.world/wp-content/uploads/2021/01/Das_Fauci_COVID-19_Dossier.pdf

Copyright © 2022 Mark Bailey

Beachten Sie den einleitenden Haftungsausschluss von MarEn, der besagt, dass "die Verwendung von Begriffen, die in der medizinischen und wissenschaftlichen Literatur allgemein anerkannt sind, in diesem Dokument nicht bedeutet, dass das Dogma, für das sie stehen, akzeptiert oder abgelehnt wird".

VIROLOGIE UND DIE GESCHLOSSENE GESELLSCHAFT

> *Ich bin kein Wissenschaftler, aber es ist das Recht und die Pflicht eines jeden Bürgers, sich die Aussagen der Wissenschaftler anzuschauen, sie selbst zu analysieren und vernünftige Schlussfolgerungen zu ziehen. Wir sind alle durchaus in der Lage, das zu tun, und es gibt keinen besonderen Grund, warum die wissenschaftliche Natur des Problems bedeuten sollte, dass wir unsere Freiheit in die Hände von Wissenschaftlern legen müssen.*
>
> - Lord SumpEon, 2020. [182]

Es war die britische Gesundheitsbehörde (UKHSA), die eine der seltsamsten Antworten gab, die man je gesehen hat, wenn es darum ging, die wahre Natur der angeblichen Kontrollen in ihren angeblichen "SARS-CoV-2 IsolaEon and Sequencing Experiments" zu verschleiern. Am 27. Oktober 2021 behaupteten sie auf eine Anfrage zur Informationsfreiheit bezüglich der VirusisolaEon, dass das in Abbildung 9 dargestellte Bild den "Beweis" für das SARS-CoV-2-Virus liefert . [183] Mein Kollege, der die Anfrage gestellt hatte, ließ sich nicht im Geringsten von einem computergenerierten Bild täuschen, das keinerlei Informationen über die Quelle des Bildes oder die Art seiner Erstellung enthielt. Die UKHSA fuhr fort, mit der Wissenschaft zu spielen, indem sie feststellte, dass Viren "ein Wirtszellsubstrat benötigen, um sich zu replizieren. Die IsolaEon eines Virus ohne ein Medium ist daher nicht möglich... Diese Medien und alle hinzugefügten Produkte sind steril und enthalten kein zusätzliches Genmaterial. "[184] Wir können nur darüber spekulieren, was die UKHSA glaubt, dass die Wirtszellen enthalten, wenn nicht Genmaterial! Wie die CDC schien auch das Reaktionsteam anzudeuten, dass die Veröffentlichung von Na Zhu et al. "A Novel Coronavirus from PaEents with Pneumonia in China, 2019" (Ein neuartiges Coronavirus von Patienten mit Lungenentzündung in China, 2019) die Gewissheit lieferte, dass der imaginäre SARS-CoV-2-Virus-ParEkel physisch existierte.

Mein Kollege wies die UKHSA darauf hin, dass sie keine Beweise für einen Virus habe und sich damit selbst verletze, indem sie "unnötigerweise jeden verletze, indem sie ihm Angst einjage, ihm kurzerhand seine Rechte nehme und ihn zu einer unnötigen und schädlichen Behandlung zwinge, die

Copyright © 2022 Mark Bailey

moralisch verwerflich. "[185] Unbeeindruckt davon schrieben sie ein paar Monate später erneut an die UKHSA

---

[182] Interview von Jonny Dymond mit Lord SumpEon, BBC Radio 4's *The World at One*, 30. März 2020. Abschrift: hhps://www.conservaEvewoman.co.uk/a-hysterical-slide-into-a-police-state-judge-warns-of-liberty-being-forced-into-lockdown/

[183] (Per E-Mail von InformaEon Rights Team, UKHSA, "Case ref: 1409 - FOI PurificaEon of SARS-CoV-2 and Variants (CF)", 27. Oktober 2022).

[184] Ebd.

[185] Per E-Mail an UKHSA, "Case ref: 1409 - FOI PurificaEon of SARS-CoV-2 and Variants (CF)", 27. Oktober 2022.

Copyright © 2022 Mark Bailey

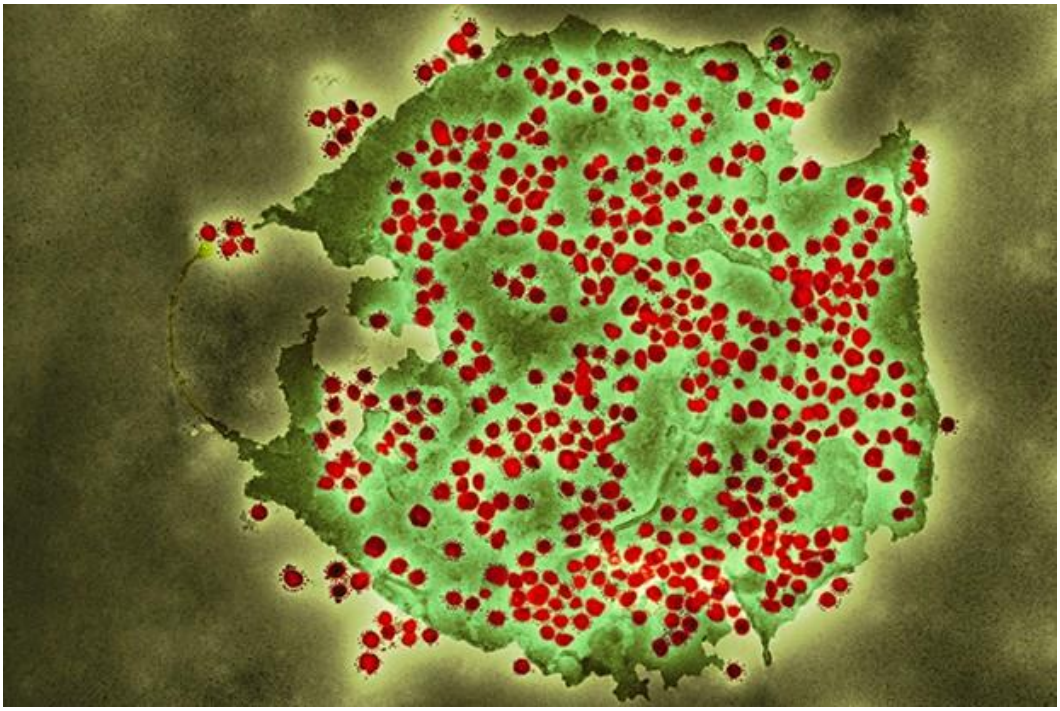

Abbildung 9. Der absurde angebliche "Nachweis" von SARS-CoV-2 durch die UKHSA am 27. Oktober 2021.

fordert die Offenlegung der vollständigen Methodik der Zellkulturexperimente und aller vergleichbaren Kontrollen in dem Papier von Public Health England, "DuraEon of infecEousness and correlaEon with RT-PCR cycle threshold values in cases of COVID-19, England, January to May 2020.[186] Der Antwortbrief der UKHSA vom 25. März 2022 enthielt einen Text, der entweder eine Verschwörung zwischen der WHO und souveränen Nationalstaaten darstellte, um die Einzelheiten der "Viruskultur"-Täuschung, die den Kern des COVID-19-Betrugs bildet, nicht zu veröffentlichen, oder eine tiefgreifende Ignoranz seitens der UKHSA, die SARS-CoV-2 als "hochgefährliches Virus" bezeichnete: "[187]

> *Gemäß Sec6on 1(1)(a) des Gesetzes kann die UKHSA bestätigen, dass sie über die angeforderten Informationen zu den oben genannten Fragen verfügt. Die angeforderten Informationen sind jedoch gemäß Sec6on 24(1) - Na6onal Security exemp6on von der Offenlegung ausgenommen. 24(1) sieht vor, dass Informationen von der Offenlegung ausgenommen sind, wenn die Ausnahme von Abschnitt 1(1)(b) zum Schutz der nationalen Sicherheit erforderlich ist. Wobei "erforderlich" bedeutet, dass die Inanspruchnahme der Ausnahmeregelung vernünftigerweise notwendig ist...*

[186] Anika Singanayagam, et al., "DuraEon of infecEousness and correlaEon with RT-PCR cycle threshold values in cases of COVID-19, England, January to May 2020", *Euro Surveill,* 25(32), 13 Aug 2020: hhps://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.32.2001483

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

[187] Die UKHSA selbst hatte erklärt, dass "COVID-19 ab dem 19. März 2020 im Vereinigten Königreich nicht mehr als Infektionskrankheit mit hohem Krankheitsrisiko (HCID) gilt": hhps://www.gov.uk/guidance/high-consequence-infecEous-diseases-hcid

Copyright © 2022 Mark Bailey

Zu den Faktoren, die für die Beibehaltung der Ausnahmeregelung sprechen, gehören:

- *Die Offenlegung von Informationen würde sehr detaillierte technische Informationen und die Übertragung von Know-how umfassen, was direkt gegen eine ausdrückliche Aufforderung der Weltgesundheitsorganisation (WHO) an Public Health England (PHE, jetzt UKHSA) im Jahr 2020 verstoßen würde, die Einzelheiten der Kulturamplifikation von SARS-CoV-2 nicht zu veröffentlichen oder allgemein zugänglich zu machen;*
- *Die Offenlegung dieser Daten würde die genaue Methodik der Virusverstärkung für ein als hochgefährlich eingestuftes Virus beschreiben, das die Einschließungsstufe 3 erfordert und eine Bedrohung für die nationale und globale Biosicherheit darstellen könnte, wenn es an eine unbestimmte oder nicht eingeweihte Öffentlichkeit oder an Personen mit bösen Absichten weitergegeben würde;*
- *Die Offenlegung dieser Informationen würde ein bedeutendes "Know-how" liefern, das unter bestimmten Umständen als Biosicherheitsrisiko t angesehen werden könnte.* [188]

Mein Kollege beantragte eine Überprüfung dieser Entscheidung, aber die Entscheidung wurde von der UKHSA am 3. Mai 2022 mit der Begründung aufrechterhalten, dass die Offenlegung der Details des Zellkulturexperiments "durch die Bedrohung der nationalen Sicherheit, die die Offenlegung darstellt, aufgewogen wird. "[189] Es ist unklar, warum die Geheimhaltung der Details ihrer experimentellen Methodik für die Bemühungen des Vereinigten Königreichs um den "Schutz der nationalen Sicherheit" notwendig ist. Es wurde aufgedeckt, dass die Virologen keine gültigen Kontrollexperimente durchführen und ihre Behauptungen über "isolaEng-Viren" in der wissenschaftlichen Literatur nicht belegt sind. Befürchten die Autoren, dass, wenn sie dies öffentlich zugeben, es einen Aufstand geben wird, wenn die breite Öffentlichkeit die Verbrechen erkennt, die auf der Grundlage von Behauptungen, die aus betrügerischen virologischen Experimenten stammen, begangen wurden? Dass sie die Freigabe dieser Informationen an die Öffentlichkeit unter dem Stichwort "Biosicherheit" verhindern, ist paradox, da die Existenz des angeblich "hochgefährlichen Virus" nicht nachgewiesen werden kann.

Die dümmlichen Antworten der UKHSA wurden vielleicht nur noch von Maggie Throup, der parlamentarischen Staatssekretärin für Impfstoffe und öffentliche Gesundheit, übertroffen. In einer E-Mail an die Parlamentskollegin Rachael Maskell vom 27. Juni 2022 erklärte Throup, dass,

"Die britische Gesundheitssicherheitsbehörde (UKHSA) verwendet in COVID-19 nicht die Postulate von Koch, da sie zu einschränkend sind und eher eine Assoziation als eine

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

Kausalität nahelegen. Auch Koch ließ seine Postulate fallen, als er die asymptoma6sche Übertragung entdeckte. Die Bradford-Hill-Kriterien sind

---

[188] Leher von UKHSA, "25/01/2022/ag/2334, Re: FOIA: SARS-CoV-2 IsolaEon and Sequencing Experiments' Controls", 25 Mar 2022: hhps://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/05/UK-HSA-isolaEon-sequencing-methods-PACKAGE-redacted.pdf

[189] Leher von UKHSA, "01/0422/ag/005, Re: Fall Nr. 2334 - FOIA: SARS-CoV-2 IsolaEon and Sequencing Experiments' Controls", 3. Mai 2022.

Copyright © 2022 Mark Bailey

üblicherweise verwendet, wenn ein Virus und eine Krankheit in Verbindung gebracht werden. Es sei jedoch darauf hingewiesen, dass SARS-CoV-2 die Koch'schen Postulate erfüllt, wie in der folgenden Arbeit gezeigt wird, in der [ein] Tiermodell verwendet wurde. "[190]

Wie bereits in diesem Abschnitt des Aufsatzes dargelegt, ist es absurd zu behaupten, die Postulate könnten erfüllt werden, wenn die Existenz der postulierten Mikrobe nie nachgewiesen wurde. Darüber hinaus bezieht sich Throup auf die Arbeit aus dem Jahr 2020: "The pathogenicity of SARS-CoV-2 in hACE2 transgenic mice. "[191] In dieser Arbeit wurde nie nachgewiesen, dass sich ein Virus in den Proben befand, es gab keine gültigen Kontrollen, die Koch'schen Postulate wurden nicht befolgt, und sie wies andere Aspekte des Betrugs auf . [192] Doch dann fuhr Throup fort
um virologischen Unsinn zu verbreiten und zu behaupten, dass eine andere Studie ,[193] "den Verlauf der
COVID-19-Krankheit, von dem Moment an, in dem eine Person zum ersten Mal mit SARS-CoV-2 in Berührung kommt, über die gesamte Dauer der Infektion bis zu dem Punkt, an dem das Virus offensichtlich eliminiert wird." Auch hier wurde einfach behauptet, dass sich ein Virus in den Proben befand, und es gab keine gültigen Kontrollen, ganz zu schweigen von den anderen unwissenschaftlichen Aspekten der Studie, die bereits an anderer Stelle behandelt wurden, einschließlich der umfassenden Widerlegung der Studie durch *ViroLIEgy*, als sie noch ein Vorabdruck war t. [194] Mit anderen Worten: Politiker wie Throup parroEngieren den Unsinn der Virologie und setzen damit ihre Konsumenten einer obszönen Reihe von unnötigen und mitunter tödlichen Konsequenzen aus.

METAGENOMISCHE SEQUENZIERUNG - DER LETZTE ATEMZUG DER VIROLOGIE?

Besteht für die Molekularbiologie die Gefahr, dass das reduzierte Ziel durch die Menge der Daten, die sie produziert, oder sogar durch das fesselnde Interesse an ihrer Sammlung durchkreuzt wird? - Sir John Maddo x195

Die Kosten für die Sequenzierung sind seit 2001, als sie über 5000 US-Dollar pro Roh-Megabasis (Mb) betrugen, dramatisch gesunken. 2007 lagen sie bei etwa 500 US-Dollar pro Mb, woraufhin sie bis Mitte 2021 auf 0,005 US-Dollar pro Mb fielen. [196] Darüber hinaus hat das Aufkommen der Next

GeneraEon

[190] Per E-Mail von Maggie Throup, MP, an Rachael Maskell, MP, Ref: ZA50772, 27. Juni 2022: hhps://www.parallelparliament.co.uk/ quesEon/315/coronavirus

[191] Linlin Bao, et al., "The pathogenicity of SARS-CoV-2 in hACE2 transgenic mice", *Nature*, 7. Mai 2020:

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

hhps://www.nature.com/ arEcles/s41586-020-2312-y

[192] Samantha Bailey, "Koch's Postulates: Germ School Dropout", 8 Sep 2022: hhps://drsambailey.com/resources/videos/germ- theory/kochs-postulates-germ-school-dropout/

[193] Ben Killingley, et al., "Safety, tolerability and viral kineEcs during SARS-CoV-2 human challenge in young adults", *Nat Med*, 31 Mar 2022: hhps://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/35361992/

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

[195] "Finding wood among the trees", *Nature*, 5. Mai 1988: hhps://www.nature.com/arEcles/333011a0.pdf

[196] NaEonal Human Genome Research InsEtute, "DNA Sequencing Costs: Data": hhps://www.genome.gov/about-genomics/fact-sheets/DNA-Sequencing-Costs-Data (Zugriff am 23. April 2022).

Copyright © 2022 Mark Bailey

Sequenzierung (NGS) um 2005 führte zu einer massiven Verringerung des für die Sequenzierung von Genomen erforderlichen Zeitaufwands. So heißt es in einem Artikel in *Biology and Medicine* von 2017,

> *Das menschliche Genom zum Beispiel besteht aus 3 Milliarden* Basenpaaren... *die Sequenzierung des menschlichen Genoms mit der Sanger-Sequenzierung dauerte fast 15 Jahre, erforderte die Zusammenarbeit vieler Labore auf der ganzen Welt und kostete etwa 100 Millionen US-Dollar, während die Sequenzierung mit NGS-Sequenzern unter Verwendung des 454 Genome Sequencer FLX zwei Monate dauerte und etwa ein Hundertstel des Preises t.* [197]

In demselben Papier heißt es weiter: "Leider sind NGS nicht in der Lage, die vollständige DNA-Sequenz des Genoms zu lesen, sondern können nur kleine DNA-Fragmente sequenzieren und Millionen von Reads erzeugen. Dieses Limit bleibt ein negaEve Punkt vor allem für Genom-Assembly-Projekte, weil es hohe CompuEng-Ressourcen erfordert."

Es wird darauf hingewiesen, dass im Hinblick auf die Virologie ein weitaus größeres Problem als die "CompuEng-Ressourcen" darin besteht, dass ein Verfahren, das für die Sequenzierung von Genmaterial bekannter Herkunft (z. B. menschliche, bakterielle und Pilzzellen) eingesetzt werden kann, sich in eine algorithmische Zusammenstellung von Genfragmenten unbekannter Herkunft verwandelt hat. Dies ist die Grundlage der Virenjäger für die Identifizierung von Viren, die sie für solche halten. CompuEng-Ressourcen stellen für die Virologen kein Problem mehr dar, da sie Informationen aus ihren vollständig anE-wissenschaftlichen "Nasslabor-Pipeline"-Methoden mit Rohproben gewinnen und diese generierten, ungefilterten Reads in ihre theoreElische "Trockenlabor-Pipeline" und ihre In-silico-Modelle einspeisen.

Es scheint, dass die Kombination aus massiv gesunkenen Sequenzierungskosten und verkürzten Eme-Frames den Abstieg der Virologie in eine weitere AnE-Wissenschaft beschleunigt hat, für die die Menschheit einen sehr hohen Preis für nicht existierende Viren zahlt, die nach Belieben erfunden und als Entschuldigung für falsche Interventionen und Versklavung verwendet werden. In einer Veröffentlichung vom Oktober 2019 in *Cri6cal Reviews in Microbiology* wird behauptet, dass "mNGS [metagenomic NGS] bei der Identifizierung seltener, neuartiger, schwer zu detektierender und koinfizierter Erreger direkt aus klinischen Proben gute Ergebnisse erzielt. "[198] Allerdings ist "gut" in Bezug auf die Identifizierung neuer "viraler Erreger" bedeutungslos, da auch sie in den Zirkelschluss der Virologie geraten sind. Die meisten der "neuen Erreger", die sie in

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

ihrem Papier aufführen, waren

---

[197] Mehdi Kchouk, et al., "GeneraEons of Sequencing Technologies: From First to Next GeneraEon", *Biology and Medicine*, 6 Mar 2017: hhps://www.walshmedicalmedia.com/abstract/generaEons-of-sequencing-technologies-from-first-to-next-generaEon-24326.html

[198] Donsheng Han, et al., "mNGS in clinical microbiology laboratories: on the road to maturity", *Cri6cal Reviews in Microbiology*, 6 Nov 2019: hhps://doi.org/10.1080/1040841X.2019.1681933

Copyright © 2022 Mark Bailey

Abbildung 10. Das *Illumina* MiniSeq-System - wie das Team um Fan Wu im 21. Jahrhundert mithilfe von Computeralgorithmen *in silico* "Viren" entdeckt. Jahrhundert durch computergestützte Algorithmen in silico "Viren" aufspüren. Dies geschieht in der Trockenlabor-Pipeline, ohne die Existenz eines tatsächlichen krankheitsverursachenden Teils nachzuweisen.

Viren, die aus der angeblich vorteilhaften "kulturunabhängigen" modernen Technik der mNGS stammen. Aber auch hier gilt: Wenn niemand angebliche Viren kultivieren oder physisch isolieren kann, wie können dann verschiedene Gensequenzen in Umweltproben als von ihnen stammend bezeichnet werden? Wie bereits dargelegt, stützte sich die Erklärung von Fan Wu et al. über ein "neues Coronavirus" in Wuhan ausschließlich auf solche profferierten Gensequenzen. Der Versuch der Virologie, diese Methodik als Beweis für Virus-Parallelen auszugeben, hat eine unfalsifizierbare Hypothese eingeführt, die mit der wissenschaftlichen Methode unvereinbar ist.

Die Spezialisierung (und zunehmende Automatisierung) des genomischen Prozesses führt zu einer Situation, in der nur wenige Menschen das Gesamtbild von der klinischen Beurteilung eines Patienten bis hin zu den generierten Nukleosequenzen auf einem Computerbildschirm erfassen können. Die Virologen machen den "Virusgenom"-Prozess vom ersten Schritt an ungültig, indem sie nie nachweisen, dass sie ein Teilstück haben, das der Definition eines Virus entspricht. Sie weisen auch nie nach, dass die Sequenzen, die sie als "viral" bezeichnen, aus einem solchen imaginären Teilstück stammen. Stattdessen behaupten sie, dass solche Erklärungen durch Konsensentscheidungen getroffen werden können, unabhängig davon, ob die Sequenzen als "nicht-menschlich" oder "neuartig" bezeichnet werden und inwieweit sie zufällig mit "bekannten

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

viralen" Sequenzen übereinstimmen, die zuvor in den Gendatenbanken hinterlegt wurden. Die Natur gehorcht jedoch nicht den vom Menschen geschaffenen Geschichten.

Das Metagenomik-Verfahren ermöglicht die De-novo-Erfindung solcher viraler Sequenzen und hat

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/

hat das Karussell der Virologie bis ins 21. Aufgrund der Unfähigkeit der Virologie, ihre eigenen Postulate für das vergangene Jahrhundert zu erfüllen, wird ihre Zukunft jedoch mit ziemlicher Sicherheit ausschließlich auf diesem Missbrauch oder zumindest der falschen Anwendung der Metagenomik beruhen. Man könnte hoffen, dass das jüngste Scheitern zahlreicher Organisationen beim Nachweis, dass sie gültige Kontrollexperimente durchführen, darauf hindeutet, dass virale Pandemien wissenschaftlich gesehen in den letzten Zügen liegen. Sie können nur so lange fortgesetzt werden, wie dieser Betrug vor der Öffentlichkeit verborgen bleibt. Es ist zu erwarten, dass im letzten Atemzug der Virologie die Metagenomik weiterhin als "technologischer Fortschritt" verkauft wird, der die eigentlichen wissenschaftlichen Beweise überflüssig gemacht haben soll.

Wie bereits erwähnt, können die Torheiten eines solchen "technologischen Fortschritts" in der Regel mit einer einfachen Frage aufgedeckt werden, um zu prüfen, ob die wissenschaftliche Methode befolgt wird. So behauptete beispielsweise ein kanadisches Team im Jahr 2020, es vergleiche verschiedene Techniken für die "Ganzgenomsequenzierung von SARS-CoV-2" anhand von Nasenabstrichen, die zwei Personen entnommen worden waren, die angeblich an COVID-19 erkrankt waren .[199] Einer der Autoren war Dr. Andrew McArthur, ein außerordentlicher Professor für Biochemie und biomedizinische Wissenschaften an der McMaster University in Kanada. Er wurde gefragt, ob sie "[versucht haben], RNA aus gesunden Kontrollen (gesunde Personen oder PCR-negative Proben) oder aus nicht infiziertem, aber virusfreiem Überstand zu extrahieren", um zu sehen, ob sie mit ihrer Methodik auch ein "SARS-CoV-2-Genom" zusammenstellen könnten? McArthur antwortete: "Wir hatten keine Abstriche von gesunden Kontrollen, aber die Studie umfasste Negativkontrollen für Anwendungen/Bibliotheken, d. h. keine Proben-RNA." [200] Tatsächlich gab es nur eine einzige Erwähnung einer "Kontrolle" in der Arbeit, in der es hieß: "Eine Negativkontrollbibliothek ohne SARS-CoV-2-RNA-Extrakt wurde unter Verwendung von ARTIC amplificaEon einbezogen." Das Fehlen einer gültigen Kontrolle, nämlich einer vom Menschen stammenden Probe *ohne das* angebliche "Virus", reiht auch diese Arbeit in die umfangreichen Archive des metagenomischen Unsinns der Virologie ein. Ironischerweise wird in der Studie auch behauptet, dass "COVID-19 durch das schwere akute respiratorische Syndrom Coronavirus 2 (SARS-CoV-2) verursacht wird, ein neuartiges Coronavirus, das im Dezember 2019 aufgetaucht ist", wobei das Zitat aus der Studie von Peng Zhou et al. stammt, deren Betrug bereits in diesem Aufsatz aufgedeckt wurde.

WARUM SOLLTE MAN DIE EXISTENZ EINES VIRUS WÄHREND EINES KRIEGES IN FRAGE STELLEN?

Copyright © 2022 Mark Bailey

Der Autor hat eine Reihe von Personen in der "Gesundheitsfreiheits"-Bewegung beobachtet und mit ihnen Kontakt gehabt, die bestreiten, dass es sinnlos ist, Diskussionen darüber zu führen, ob

SARS-

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

[200] Per E-Mail von Andrew McArthur, 31. Mai 2022: hhps://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/06/Mubareka- Mossman-etc-no-valid-controls-PACKAGE-redacted.pdf

Copyright © 2022 Mark Bailey

Die Existenz von CoV-2 oder anderen pathogenen Viren ist nicht erwiesen. Einige der vorgebrachten Argumente lauten, dass dies von den Verbrechen gegen die Menschheit ablenke, dass es ein strategischer Fehler sei, da es zu einer weiteren Spaltung führe, und dass, wenn die virale Hypothese (oder die breitere Keim-"Theorie") bestritten werde, eine alternative Theorie präsentiert werden müsse. Es ist nicht nötig, eine Liste von Personen zu erstellen, die solche Behauptungen aufstellen, aber ein Beispiel ist der britische Akademiker Dr. Roger Watson, der im März 2022 erklärte: "Es ist schwer zu verstehen, wie Sam Bailey zu ihren Ansichten kommt, und man muss kein Virusleugner sein, um die Art und Weise, wie die Pandemie behandelt wird, sehr kritisch zu sehen.

verwaltet wurde. "[201] Watson's KriEkismus ist ein Beispiel für das, was man hofft, als schlechtes Beispiel gezeigt zu haben.

eine fundierte Meinung, die sich auf die Behauptungen der ParroEng-Virologie stützt. Unsere Ansichten sollten für diejenigen nicht schwer zu verstehen sein, die sich ausführlich mit der Geschichte, den wissenschaftlichen Methoden und den Verlautbarungen der Virologen, einschließlich der Erklärung eines "neuartigen Coronavirus" im Jahr 2020, befasst und sich bemüht haben, diesen Betrug der Öffentlichkeit in einfacher Sprache zu vermitteln.

In einigen Fällen behaupten diese KriEken, dass alles an der Pandemie ein Betrug ist, *außer* der Behauptung der Virologen (und der WHO), dass SARS-CoV-2 als pathogenes ParEkel physisch existiert. Sie können nicht erkennen, dass die eigentliche Grundlage des Betrugs ebenfalls ein Betrug ist. Die Schwierigkeit für einige, sogar für diejenigen in der Freiheitsbewegung, könnte darin bestehen, dass die Ablehnung der Existenz des Virus einen Großteil ihrer Lebensarbeit in Frage stellen würde. Allerdings sollte man während einer Untersuchung nicht aus Bequemlichkeit oder weil der aktuelle Wissensstand nicht mehr ausreicht, aufhören. Im Gegenteil, es ist ein schwerer Fehler, sich die fundierten "Fakten" vom virologischen Establishment diktieren zu lassen. Der Kern des COVID-19-Betrugs beruht auf den Behauptungen der Virologie. Es ist kein strategischer Fehler, unsere Energie darauf zu richten, die Irrtümer der Virologie aufzudecken, da andernfalls die COVID-19-Antworten vereitelt werden, während der virologische Unsinn unangetastet bleibt, was die Tür zu einer beliebigen Anzahl von "viralen Pandemien" in der Zukunft öffnet. Die Einsicht in den enEre-Betrug beseitigt die unbegründete Angst vor Ansteckung und rüstet uns mit einem robusteren Weg zu dauerhafter Freiheit.

P O S T S C R I P T

Copyright © 2022 Mark Bailey

Egal wie lang ein Aufsatz zu diesem Thema auch sein mag, es wird immer wieder Fragen geben in Form von "aber was ist mit...?" Der Wunsch, beobachtete Phänomene auf das Virusmodell zu übertragen, ist auf vielen Ebenen stark programmiert. Es war nicht die Intention dieses Aufsatzes, periphere Phänomene zu erklären.

---

[201] Samantha Bailey, "The COVID 'ScepEcs' Who Spread Viral Dogma", 17. März 2022: hhps://drsambailey.com/covid-19/the-covid- scepEcs-who-spread-viral-dogma/

Copyright © 2022 Mark Bailey

Beobachtungen oder die Ursache verschiedener Krankheiten bei Organismen wie dem Menschen. Wie bereits ausführlich dargelegt wurde, muss lediglich nachgewiesen werden, dass sich die Virushypothese selbst widerlegt hat. Die Virologen haben keine direkten Beweise für krankheitserregende Viren erbracht und sich stattdessen auf indirekte Beobachtungen gestützt, die aufgrund des unkontrollierten Charakters der Experimente ungültig sind. Hinzu kommt, dass die Einhaltung der wissenschaftlichen Methode uns nicht dazu verpflichtet, eine alternative Erklärung für diese Phänomene zu liefern - wenn eine Hypothese auch nur ein einziges Mal widerlegt wurde, ist sie hinfällig. Tragischerweise sind die Erklärungen für viele der "aber was ist mit...?"-Fragen bereits an anderer Stelle beantwortet worden, aber die Verführung durch den "Virus" und der Moloch der ihn umgebenden Interessen haben für viele Menschen eine erhebliche Wissensbarriere gebildet. Vor diesem Hintergrund habe ich mich bemüht, dem höchsten Zweck zu dienen, den ich kenne, und hoffe, dass meine Beiträge der Menschheit helfen werden, die imaginären viralen Fesseln ein für alle Mal abzuwerfen.

> *Der Fortschritt besteht nicht in der Vermehrung der Wahrheit, sondern darin, sie von ihren Hüllen zu befreien. Die Wahrheit wird wie Gold gewonnen, nicht indem man sie größer werden lässt, sondern indem man alles, was nicht Gold ist, von ihr abwäscht.* - Leo Tolstoi [202]

ÜBER DEN AUTOR

Dr. Mark Bailey MB ChB, PGDipMSM, MHealSc (Otago)
Sie ist Mikrobiologin und Forscherin in den Bereichen Medizinindustrie und Gesundheit und hat zwei Jahrzehnte lang in der medizinischen Praxis, einschließlich klinischer Studien, gearbeitet.

Copyright © 2022 Mark Bailey

[202] *Tolstojs Tagebücher*, herausgegeben und übersetzt von R. F. ChrisEan, Flamingo, 1994.

Copyright © 2022 Mark Bailey
drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-ediEon/