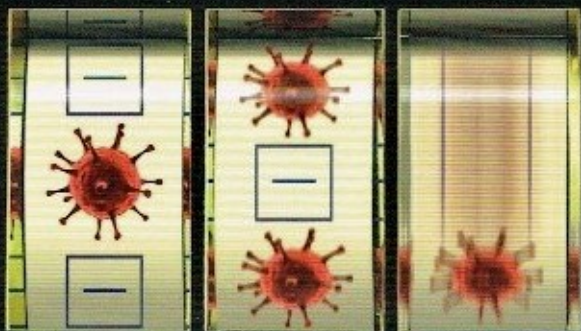


Fałszywa pandemia

Krytyka naukowców i lekarzy

P C R



2



FUNDACJA
OSUCHOWA

...za pomocą tego testu nie jesteśmy w stanie odróżnić, czy koronawirus dokonał jedynie kolonizacji błon śluzowych czy już zakażenia poprzez wniknięcie do komórek, w których uzyskał zdolność do namnażania się. Nie jesteśmy nawet w stanie powiedzieć, czy uzyskany pozytywny wynik związany jest z obecnością wirusa w naszym organizmie czy też są to jedynie nieaktywne jego cząstki. A zatem, odpowiadając na Pana pytanie związane z tym „krytycznym zagadnieniem”, czyli tym, „co testy PCR mogą powiedzieć na temat faktycznego zakażenia”, można udzielić odpowiedzi, która niejako sama się nasuwa: niczego takiego nie mogą powiedzieć.

... Powielony w wyniku reakcji RT-qPCR materiał genetyczny w ogóle nie musi należeć do koronawirusa.

... wynik pozytywny świadczy jedynie o tym, że jakiś materiał genetyczny został namnożony w wyniku reakcji RT-PCR.

...wyniki zaprezentowane przez panel CDC pokazują, że uzyskany wynik pozytywny w teście na obecność koronawirusa to w 65% wynik fałszywie pozytywny. Ten wynik świadczy o obecności w wymazie innego materiału genetycznego niż koronawirusa.

prof. Roman Zieliński,
genetyk, znawca metody PCR

... RNA tego wirusa znajduje się praktycznie na powierzchni wymazywanej [nosogardzieli], ale to nie znaczy, że wirus wniknął już do komórek. Nie jest to również tożsame z tym, że mamy do czynienia z obecnością nienaruszonego, żywego (to złe słowo, ponieważ wirusy właściwie nie są żywe), zdolnego do namnażania się wirusa. Nie można tego wykazać przy użyciu testu PCR.

prof. Ulrike Kämmerer,
immunolog i wirusolog

Myślę, że to, co teraz obserwujemy, to tsunami zazwyczaj całkiem łagodnej choroby, która rozprzestrzeniła się w Europie, wobec której jedne kraje postępują tak, inne inaczej, a jeszcze inne w ogóle nic nie robią. Ostatecznie różnica między nimi będzie bardzo niewielka.

prof. med. Johan Giesecke,
krajowy epidemiolog Szwecji z 20-letnim stażem

Dlaczego jesteśmy zmuszani do tego, by dopisywać „COVID-19”? Może po to, by podnieść statystyki, tak by wyglądało, że sytuacja jest poważniejsza? Tak sądzę.

dr med. Dan Erickson,
lekarz z USA

P A T R O N A T



wRealu24

ISBN 978-83-65964-12-0



9 788365 964120

cena: 34,90 zł

Fałszywa pandemia

Kr/tyka naukowców i lekarzy

2

Opracowanie i korekta tłumaczeń

Mariusz Błochowiak

Projekt okładki

Piotr Karc/ewski

Zdjęcia

slot machines, charles taylor, shutterstock com

Korekta i redakcja

Katarzyna Pełczarska-Mikorska

Skład i łamanie

Anna Szarko

Copyright© 2020 by Fundacja Osuchowa

All rights reserved

ISBN 978-83-65964-12-0

Fundacja Osuchowa

ul Jagiellońska 59/65

42-200 Częstochowa

Zamówienia

tel 724221223

sklep(o)osuchowa.org

www.sklep.osuchowa.org

*Książkę dedykuję zmarłym, podupadłym na zdrowiu,
zrujnowanym materialnie i wszystkim ofiarom, teraźniejszym
i przyszłym, obostrzeń wprowadzonych przez rządzących*

SPIS TREŚCI

1. Wstęp.....	11
2. O autorach.....	21
3. Prof. Stefan Hockertz.....	31
3.1 Ludzie umierają nie z powodu koronawirusa, ale / koronawirusem.....	31
4. Dr med. Heiko Schöning.....	39
4.1 Zrozumieć kryminalne zależności.....	39
5. Prof. med. Johan Giesecke.....	78
5.1 Tsunami łagodnej choroby.....	78
6. Dr Dan Erickson, dr Artin Massihi.....	103
6.1 Lekarze zmuszani do wpisywania COVID-19 w kartach zgonów.....	103
7. Dr med. Wolfgang Wodarg.....	153
7.1 COVID-19 - sprawa dla detektywów z zakresu medycyny... Test PCR SARS-CoV-2: niespecyficzny, medycznie bezużyteczny, ale wywołujący strach.....	156
Czy strach nie powinien minąć?.....	158
Detektywi medyczni: rzut oka za zasłonę.....	159
Wirusolodzy ponownie wywołują strach.....	160

Czy „druga fala” nadejdzie?.....	162
Wskazówka / Nowego Jorku.....	162
Nigeryjscy zmarli w Szwecji.....	163
Przerażające odkrycie.....	165
Zauważalne powtórzenia.....	167
Zabójcza kombinacja.....	168
Leczenie HCO w przypadku niedoboru G6PD niebezpiecznym błędem w sztuce lekarskiej.....	170
Cała naprzód w stronę katastrofy.....	171
8. Prof. Ulrike Kämmerer, dr nied. Wolfgang Wodarg.....	173
8.1 Posiedzenie niemieckiej komisji ds. koronawirusa: testy PCR, odporność, druga fala.....	173
9. Prof. Kornelia Polok, prof. Roman Zieliński.....	264
9.1 Testy PCR całkowicie niewiarygodne.....	264
9.2 Niemożność potwierdzenia zakażenia koronawirusem przez testy PCR.....	300
Czysty materiał genetyczny jest warunkiem <i>sine quo. non</i> wiarygodności testów.....	302
Walidacja testów: testy do badań vs. testy diagnostyczne	308
Testy PCR a zakażenie koronawirusem.....	318
Optymalizacja reakcji PCR.....	328
Odwrotna transkrypcja.....	332
Co mogą wykryć startery specyficzne dla koronawirusa?....	341
Startery, czyli dlaczego tak mało jest wyników pozytywnych...	350
Skwencjonowanie.....	358
Literatura dotycząca omawianych w wywiadzie zagadnień związanych ze stosowaniem testów PCR.....	361
10. Podziękowanie.....	365

*Łatwiej jest szukać ludzi,
niż przekonać ich, że zostali szukani*

Mark Twain

*Chodzi o uczciwość. Tam się może wydać śmieszna,
ale jedyny sposób walki z dżumą to uczciwość*

Albert Camus, Dżuma

1. WSTĘP

Niech wasz mowabędzie: Tak, tak; nie, nie.

A conadto jest, od Złęgopochodzi.

Jezus Chrystus

Prawdaniemanicwspólnego zliczbą ludzi,

którzysą oniejprzekonani.

Paul Claudel

Ministerstwo Zdrowia codziennie straszy komunikatami dotyczącymi liczby osób rzekomo zakażonych SARS-CoV-2, bazując na badaniach wymazów z nosogardzieli metodą PCR, czyli łańcuchowej reakcji polimerazy (ang. *pofymerase chain reaction*). Problem w tym, że tą metodą stosowaną na masową skalę w laboratoriach diagnostycznych w Polsce i na świecie nie da się w żadnym razie potwierdzić zakażenia koronawirusem:

.. „za pomocą tego testu nie jesteśmy w stanie odróżnić, czy koronawirus dokonał jedynie kolonizacji błon śluzowych czy już zakażenia poprzez wnikięcie do komórek, w których uzyskał zdolność do namnażania się. Nie jesteśmy nawet w stanie powiedzieć, czy uzyskany pozytywny wynik zmiażdżony jest z obecnością wirusa w naszym organizmie czy też. są to jedynie nieaktywnejego cząstki. A zatem, odpowiadając na Pana pytanie związane z tym „krytycznym zagadnieniem”, czyli tym, „co testy PCR mogą powiedzieć na temat faktycznego zakażenia”, można udzielić odpowiedzi, która niejako nasuwa się sama: niczego takiego nie mogą powiedzieć” (prof. Roman Zieliński, genetyk, znawca metody PCR).

Test PCR nie jest nawet w stanie potwierdzić obecności całego wirusa w wymazie, a jedynie obecność (lub jej brak) fragmentu materiału genetycznego, który może, ale wcale nie musi, należeć do SARS-CoV-2:

Powielony w wyniku reakcji RT-qPCR materiał genetyczny w ogóle nie musi należeć do koronawirusa. Pamiętajmy, że materiał biologiczny pobrany w wymazie z nosogardzieli jest zanieczyszczony innym materiałem genetycznym, innymi wirusami, bakteriami, ludzkim DNA. Użyte w tej reakcji startery mogą również namnożyć ten materiał genetyczny. Dzieje się tak dlatego, ponieważ sekwencje homologiczne do użytych w reakcji starterów znajdują się w tym „zanieczyszczonym” materiale genetycznym.

Reasumując, wynik pozytywny świadczy jedynie o tym, że jakiś materiał genetyczny został namnożony w wyniku reakcji

RT-PCR. Aby określić, jakie jest jego pochodzenie, należałoby zsekwencjonować produkt tej reakcji. Przytoczone wcześniej wyniki zaprezentowane przez panel CDC pokazują, że uzyskany wynik pozytywny w teście na obecność koronawirusa to w 65% wynik fałszywie pozytywny, a ten wynik świadczy o obecności w wymazie innego materiału genetycznego niż koronawirusa (prof. Roman Zieliński).

Warto dopowiedzieć, że podczas testów diagnostycznych nie stosuje się procedury sekwencjonowania DNA, czyli ustalania kolejności nukleotydów, co pozwoliłoby potwierdzić, z jakiego pochodzenia materiałem genetycznym mamy do czynienia. Niemożność potwierdzenia lub wykluczenia zakażenia SARS-CoV-2 przy zastosowaniu testów PCR potwierdziła także podczas posiedzenia niemieckiej komisji ds. koronawirusa prof. Ulrike Kämmerer, immunolog i wirusolog:

...RNA tego wirusa znajduje się praktycznie na powierzchni wymazywanej Inosogardzielil, ale to nie znaczy, że wirus wniknął już do komórek. Nie jest to również tożsame z tym, że mamy do czynienia z obecnością nienaruszonego, żywego (to złe słowo, ponieważ wirusy właściwie nie są żywe), zdolnego do namnażania się wirusa. Nie można tego wykazać przy użyciu testu PCR.

Co jednak w praktyce oznacza, że 65% wyników jest fałszywie pozytywnych? Na rynku światowym istnieje wielu

¹ CDC - Centert, for Disease Control and Prevention (Centra Kontroli i Prewencji Chorób), agencja rządu federalnego Stanów Zjednoczonych wchodząca w skład Departamentu Zdrowia i Opieki Społecznej].

producentów testów PCR i mogą się one różnić od siebie pod względem wiarygodności. Wyniki przedstawione przez panel CDC obarczone są mankamentami, o czym można przeczytać w rozmowie z prof. Kornelią Polok i prof. Romanem Zielińskim, ale zdaje się, że lepszych danych nie ma.

W Polsce przeprowadzono do tej pory 3 465 605 testów, z czego 102 080 wyników było pozytywnych², co dla Ministerstwa Zdrowia oznacza 102 080 zakażonych osób. Biorąc pod uwagę dane CDC, spośród zakażonych aż 65%, czyli 66 352 badanych, nie miało wirusa, mimo iż test wskazał jego obecność! U pozostałych 35 728 osób wirus był wprawdzie obecny, ale nie wiadomo, u ilu z nich doszło do zakażenia. Natomiast wśród tych, u których zakażenie rzeczywiście wystąpiło, zdecydowana większość przechodzi je bezobjawowo.

Niewiele też osób potrzebuje hospitalizacji (w pierwszych miesiącach tego roku w szczycie „epidemii” 65% miejsc w szpitalach było wolnych), a jeszcze mniej umiera z pozytywnym wynikiem testu (około 30 zgonów dziennie w szczycie „epidemii”, kiedy każdego dnia na różne inne choroby oraz z przyczyn naturalnych umierało ok. 1150 osób. Taka liczba zgonów stanowi ok. 0,03% i z punktu widzenia statystycznego jest nieistotna)³.

Stosowanie testu, który nie dość, że nie wykrywa zakażenia, to do tego jeszcze jest błędny w 65% przypadków,

² Dane Ministerstwa Zdrowia, stan na 5 października 2020 roku.

³ *Fałszywa pandemia. Krytyka naukowców i lekarzy*. [2020], t. 1. Częstochowa: Fundacja Osuchowa. s. 248-249.

jest ponurym żartem. Testy PCR są wyłącznie olbrzymim marnowaniem pieniędzy podatnika, a zarazem narzędziem służącym do wzbudzania nieuzasadnionego lęku. Nie dosyć, że obywatel sam płaci za te testy, to jeszcze jest straszony za swoje pieniądze. Oczywiście korzystają na tym produkujące je firmy oraz producenci bardzo kosztownych urządzeń do ich przeprowadzania.

Mam nadzieję, że w Polsce, podobnie jak w Niemczech, powstaną komisje śledcze złożone z prawników i naukowców celem wytoczenia masowych pozwów przeciwko rządzącym za sianie niczym nieuzasadnionej paniki, bezpodstawny terror sanitarny, bezzasadnego przetrzymywanie ludzi w aresztach domowych na tzw. kwarantannie, a wreszcie za skutki uboczne w postaci pogorszenia się stanu zdrowia i licznych zgonów w wyniku zaniechanych lub przekładanych w czasie operacji oraz za niemożność normalnego korzystania z usług służby zdrowia, za które niestety trzeba nadal odprowadzać składki w normalnej wysokości. Nic można też pominąć szkód poniesionych na majątku spowodowanych ograniczeniami w prowadzeniu działalności gospodarczej. Zakłócanie i niszczenie obywatelom oraz całym społeczeństwom życia domaga się osądzenia i zadośćuczynienia.

Warto również zwrócić uwagę na to, co w przypływie szczerości powiedział prof. **med. Johan Giesecke**, były krajowy epidemiolog Szwecji z wieloletnim doświadczeniem: *Mysł, że to, co teraz obserwujemy, to tsunami zazwyczaj*

całkiem łagodnej choroby, która rozprzestrzenia się w Europie, wobec której jedne kraje postępują tak, inne inaczej, a jeszcze inne w ogóle nic nie robią. Ostatecznie różnica między nimi będzie bardzo niewielka.

W tej sprawie wypowiedział się też dr med. Dan Erickson ze stanu Kalifornia w USA, który na konferencji prasowej zwrócił uwagę na skandaliczną presję prowadzącą do fałszowania (zawyżania) zgonów z powodu koronawirusa:

Teraz lekarze z ostrego dyżuru, moi znajomi, z którymi rozmawiam, mówią: „Wiesz co? Ciekawa rzecz, kiedy wypełniam protokół zgonu, jestem zmuszany do tego, by wpisać „COYID-19”. Czemu tak jest?”. Dlaczego jesteśmy zmuszani do tego, by dopisywać „COVID-19”? Może po to, by podnieść statystyki, tak by wyglądało, że sytuacja jest poważniejsza? Tak sądzę. To pytanie często słyszę od lekarzy, z którymi rozmawiam w Wisconsin i w Nowym Jorku, generalnie wszędzie.

Zafałszowanie statystyk w wyniku presji, żeby wpisywać CCWID-19 do karty zgonów oraz nierozróżnianie, czy ktoś zmarł z powodu koronawirusa czy z koronawirusem, a mówiąc precyzyjnie, miał zupełnie niewiarygodny, dodatni wynik testu PCR, prowadzi do wniosku, że nie można ufać rządowym statystykom zgonów rzekomo spowodowanych koronawirusem,

W tym kontekście lepiej brać pod uwagę sumaryczną liczbę zgonów (są to twarde dane, którymi trudno manipulować) w danym okresie i porównywać do lat poprzednich.

Wówczas z łatwością można dostrzec, że liczby te są podobne, że nie ma żadnej, zwiększonej umieralności, a nawet że liczba zgonów w Polsce w pierwszych czterech miesiącach 2020 roku w porównaniu do tego samego okresu w roku 2019 i 2018 jest mniejsza⁴! A zatem nie ma żadnej epidemii ani pandemii (w sensie definicji tego pojęcia sprzed świątecznej grypy; wcześniej wiązała się ona ze zwiększoną liczbą ciężkich zachorowań i zgonów). W każdym razie, pomijając kwestię definicji epidemii, która jest rzeczą umowną, nie mamy obecnie do czynienia z żadną nadzwyczajną, **ponadprzeciętną** sytuacją w stosunku do poprzednich lat i dekad. A jeśli tak, to nie ma uzasadnienia dla utrzymywania jakichkolwiek obostrzeń.

W I tomie książki *Fałszywa pandemia. Krytyka naukowców i lekarzy* pisałem o tym, jak się bronić przed oszukiwaniem i rujnowaniem nas przez rządzących. W tym miejscu chciałbym powtórzyć niektóre z tamtych spostrzeżeń, nieznacznie je rozbudowując.

Przede wszystkim należy uświadomić sobie i innym, że obecny kryzys nie został spowodowany koronawirusem, ale polityką prowadzoną przez rządzących. W związku z tym dochodzenie sprawiedliwości przed sądami jest jak najbardziej zasadne i konieczne. Mam nadzieję, że podobnie jak w Niemczech, powstaną w końcu komisje śledcze powołane przez prawników celem dogłębnego zbadania okoliczności związanych z tzw. epidemią, w rezultacie czego powstanie

⁴ Tam/c, s. 242.

zbiorowy pozew przeciwko rządzącym polskim państwem. Jak na razie jesteśmy zapóźnieni w tych działaniach w porównaniu do Niemiec.

Inną formą obrony przed nieuzasadnionymi restrykcjami i terrorem sanitarnym, co proponowałem już w I tomie, jest powołanie czegoś na wzór Stowarzyszenia Lekarzy i Naukowców na rzecz Zdrowia, Wolności i Demokracji¹, które powstało w Niemczech pod egidą Sucharita Bhakdiego, profesora od chorób zakaźnych i epidemiologii, autora wydanej niedawno w języku polskim książki *Koronawirus -fałszywy alarm? Liczby, konkrety, konteksty*⁶. Stowarzyszenie to powstało jako wyraz sprzeciwu wobec obostrzeń związanych z fałszywą epidemią.

Jak wspominałem, z powodu wielu próśb osób podobnie myślących, wywodzących się z innych krajów, Stowarzyszenie uruchomiło również stronę międzynarodową⁷, gdzie zachęca do tego, aby także w innych krajach tworzyć podobne organizacje i współpracować ze sobą. Uważam ten pomysł za interesujący i bardzo potrzebny w świecie, w którym politycy mają za nic naukę opartą na dowodach, racjonalne myślenie i prawdę jako konieczny

• • MWGFD [2020.10.14], *Mediziner und Wissenschaftler für Gesundheit, Freiheit und Demokratie*. Dostęp: www.mwgfd.de.

⁶ Rciss K., Bhakdi S. [2020]. *Koronawirus -fałszywy alarm? Liczby, konkrety, konteksty*. Warszawa: Prohibita.

¹ MSHFD [2020]. *Medical Professionals and Scientists for Health, Freedom and Democracy*. Dostęp: www.mshfd.org.

warunek rozumnego postępowania w kwestiach medycznych, politycznych i w każdym innych.

Dlatego postanowiłem powołać (sprawa jest w toku) Fundację Lekarzy i Naukowców na rzecz Zdrowia, Wolności i Prawdy, której celem będzie:

- krytyczna obserwacja społecznego i politycznego rozwoju sytuacji w kwestii zdrowia i wolności,
 - przedstawianie kompetentnych analiz przeprowadzanych na bazie nauki i popartych dowodami,
 - informowanie możliwie szerokich warstw społecznych o rozwoju sytuacji niezależnie od mediów,
 - tworzenie możliwie dużej sieci lekarzy i naukowców, specjalistów różnych dziedzin nauki, dla których prawda i racjonalne myślenie oparte na dowodach naukowych są najwyższym priorytetem,
- » współpraca międzynarodowa z niezależnymi lekarzami i naukowcami z całego świata.

Przyszła fundacja posiada już swoją stronę internetową: www.lnzwp.org, na której będzie można znaleźć istotne informacje dotyczące jej działalności oraz wesprzeć ją finansowo. Fundacja ma być niezależna od finansów podmiotów, które nie kierują się prawdą i dobrem osób, aby mogła w sposób nieskrępowany działać na rzecz Polaków, całego społeczeństwa i wreszcie państwa polskiego. Dlatego proszę o wsparcie tej inicjatywy na miarę swoich możliwości finansowych. Lekarzy i naukowców oraz wszystkich, którzy chcieliby się w jakiś sposób się w to zaangażować

i którzy utożsamiają się z ww. celami, proszę o kontakt na podany poniżej adres mailowy.

PS. Głównym tematem trzeciego tomu „Fałszywej pandemii. Krytyki naukowców i lekarzy” będą maski.

Dr Mariusz Błochowiak

kontaktkoronawirusQitgmail.com

www.lnzwp.org

Doktor fizyki, pracował naukowo w Instytucie Maxa Plancka

w Moguncji w Niemczech oraz w instytucie badawczym

SINTEF w Norwegii. Interesuje się metodologią

i filozofią nauki oraz relacją między wiarą a nauką.



2. O AUTORACH

Dr med. Dan Wiiliam Erickson, lekarz specjalizujący się w medycynie ratunkowej, współwłaściciel siedmiu szpitali w USA.

Prof. med. Johan Giesecke, krajowy epidemiolog Szwecji w latach 1995–2005, lekarz i emerytowany profesor w Instytucie Karolińska w Sztokholmie, główny naukowiec w Europejskim Centrum Kontroli i Zapobiegania Chorób w latach 2005-2014. Od 2020 roku członek Strategicznego i Technicznego Komitetu doradczego do spraw zagrożeń chorobami zakaźnymi przy Światowej Organizacji Zdrowia (WHO). Doradca Agencji Zdrowia Publicznego Szwecji podczas tzw. epidemii koronawirusa. Autor pracy pt. *Modern Infectious Disease Epidemiolog*.

Prof. dr Stefan Hockertz, naukowiec, immunolog i toksykolog, były dyrektor i profesor Instytutu Eksperymentalnej i Klinicznej Toksykologii na Uniwersytecie Medycznym

w Hamburg-Eppendorf. Obecnie dyrektor generalny Tpi consult GmbH, jednej z przodujących w Europie firm zajmujących się doradztwem w dziedzinie toksykologii i technologii farmaceutycznej.

Prof. Ulrike Kämmerer, specjalizuje się w dziedzinie immunologii, wirusologii, biologii człowieka i komórki oraz w biologii reprodukcyjnej i nowotworów. Pracuje w klinice uniwersyteckiej w Würzburgu, w Niemczech.

Dr med. Artin Massihi, lekarz specjalizujący się w medycynie ratunkowej, współwłaściciel siedmiu szpitali w USA.

Prof. Kornelia Polok i prof. zw. dr hab. Roman Zieliński. genetycy i biolodzy ewolucyjni, którzy od kilkadziesiąt lat zajmują się zastosowaniami metod molekularnych w analizie i ewolucji genomów różnych grup organizmów, a także wykorzystaniem metod opartych o reakcję PCR w diagnostyce medycznej, genetyce populacyjnej oraz identyfikacji zagrożeń związanych z organizmami modyfikowanymi genetycznie. Mają bogate doświadczenie w identyfikowaniu materiałów za pomocą reakcji PCR na potrzeby policji, stacji hodowli roślin, parków narodowych oraz szpitali.

Prof. R. Zieliński i prof. K. Polok w trakcie swojej wieloletniej kariery naukowej współpracowali z kilkoma uniwersytetami w Polsce oraz ośrodkami naukowymi na świecie, czego efektem było m.in. koordynowanie projektów

w ramach 5 i 6 Programu Ramowego Unii Europejskiej oraz powołanie w 2012 roku inicjatywy e-Gene: Centre for Evolution, Genomics and Biomathematics, w ramach której, obok działalności naukowej ukierunkowanej na analizę genomów i wykorzystanie projektów sekwencjonowania genomów do poprawy jakości życia, prowadzą działalność edukacyjną i popularyzatorską. W Polsce w ramach tej inicjatywy powstało Stowarzyszenie e-Gene, którego celem jest ochrona szeroko rozumianego środowiska człowieka. Z dorobkiem autorów można zapoznać się na stronie www.matgen.pl.

Prof. Kornelia Polok w 1996 roku obroniła doktorat z biologii o specjalności genetyka na Uniwersytecie Śląskim. Od tego też roku współpracuje z prof. R. Zielińskim - najpierw w Katedrze Genetyki Uniwersytetu Szczecińskiego, następnie w latach 1998-2013 w Katedrze Genetyki UWM w Olsztynie, a ostatnio w ramach międzynarodowej inicjatywy e-Gene. W latach 2006-2008 rozpoczęła współpracę z Uniwersytetem w Hanowerze oraz w Southampton. W 2009 roku została profesorem na Uniwersytecie w Hanowerze. W 2010 rozpoczęła realizację wspólnych projektów badawczych dotyczących analizy genomów roślinnych, odpowiedzi roślin na stres oraz identyfikacji patogenów metodami molekularnymi.

Prof. K. Polok ma duże doświadczenie we współpracy międzynarodowej potwierdzone stażami naukowymi na: Uniwersytecie w Dundee (UK), Uniwersytecie

w Hanowerze (Niemcy), Uniwersytecie w Wageningen (Holandia), FORTH i Uniwersytecie na Krecie (Grecja) oraz na Uniwersytecie w Lublanie (Słowenia). Ponadto uczestniczyła w realizacji 10 międzynarodowych projektów, w tym jednego prowadzonego w ramach 6 Programu Ramowego Unii Europejskiej. Jej wybitne osiągnięcia w realizacji projektu MTKD-CT-2004-509834 zostały opisane w publikacji Komisji Europejskiej pt. *Building Research Career in Europe*. Ponadto prof. K. Polok była członkiem Komitetu Zarządzającego oraz Przedstawicielem Narodowym w akcji COST FA06O3.

Prof. Kornelia Polok ma kwalifikacje w zakresie bioinformatyki i biomatcmatyki, które zdobyła w ramach stażu w prestiżowej Fundacji HELLAS, FORTH oraz na Uniwersytecie Kreteńskim w Grecji. Począwszy od 2009 roku, prof. K. Polok ściśle współpracowała w realizacji projektów badawczych z zakresu bioinformatyki i biomatematyki z Uniwersytetem w Hanowerze oraz w Southampton, co doprowadziło do utworzenia w 2012 roku w Hanowerze Centrum Ewolucji, Genomiki i Biomatematyki e-Gene, którego Prezesem została prof. K. Polok. Misją Centrum jest przełożenie osiągnięć współczesnej genetyki na narzędzia aplikacyjne służące poprawie życia i zrównoważonemu zarządzaniu zasobami przyrody.

Jako wieloletni i ceniony ekspert Komisji Europejskiej Kornelia Polok ma dogłębną znajomość procedur oceny projektów badawczych Unii Europejskiej.

Prof. K. Polok posiada także bogate doświadczenie dydaktyczne obejmujące prowadzenie zajęć ze studentami oraz szkolenie w ramach staży i prac badawczych. Opracowała i realizowała programy 10 kursów, w tym z genetyki, genetyki molekularnej, biologii molekularnej, ewolucji molekularnej, anotacji genomów, gcnomiki, genetyki populacyjnej, genetyki ilościowej, mutagenezy oraz matematyki w biologii. Prof. K. Polok wypromowała 42 magistrów oraz szkoliła 15 stażystów. Ponadto była opiekunem Koła Naukowego Genetyków GENIUS oraz członkiem Komisji Dydaktycznej na Wydziale Biologii i Biotechnologii UWM.

Obszary badawcze prof. Kornelii Polok obejmują: genetykę, bioinformatykę, biomatematykę, ewolucję molekularną, genetykę populacyjną, biotechnologię i genomikę. W swoich badaniach prof. K. Polok wykorzystuje około 50 gatunków roślin, zwierząt i mikroorganizmów oraz spektrum technik z zakresu genetyki klasycznej, genetyki molekularnej (sekwencjonowanie, hybrydyzację, cDNA, biblioteki DNA, markery oparte o reakcję PCR, analizę ekspresji za pomocą RT-qPCR oraz Northtern blotting i inżynierię genetyczną), genomiki (mapowanie genetyczne i fizyczne), genetyki cech ilościowych, cytogenetyki, kultur *in vitro*, bioinformatyki oraz biomatematyki, w szczególności algorytmy genetyczne, rachunek różniczkowy i teorię grafów.

Do jej wyjątkowych osiągnięć należy wykazanie roli transpozonów w ewolucji genomów, a zwłaszcza w odpowiedzi na stres. Prof. K. Polok opublikowała cztery książki

i 37 prac w czasopismach naukowych. Uczestniczyła też w 35 konferencjach, w tym w 17 międzynarodowych. Jej prace były cytowane 493 razy, a indeks $H = 9$.

Prof. zw. dr hab. Roman Zieliński jest profesorem biologii o specjalności genetyka z prawie 40-letnim doświadczeniem w pracy naukowej i dydaktycznej. Doktorat (1980) i habilitację z genetyki (1986) oraz tytuł profesora (1998) uzyskał na Uniwersytecie im. Adama Mickiewicza w Poznaniu. W 2007 roku został profesorem zwyczajnym. Do 1986 roku pracował jako adiunkt w Zakładzie Genetyki UAM w Poznaniu, a następnie tworzył od podstaw Katedrę Genetyki na Uniwersytecie Szczecińskim, która była jedną z pierwszych jednostek wprowadzających analizę PCR do badań genetycznych.

Był także inicjatorem i współorganizatorem specjalności „diagnostyka medyczna” na Wydziale Nauk Przyrodniczych US. W latach 1990-1993 pełnił funkcję prorektora ds. studenckich US. W 1998 roku prof. R. Zieliński podjął się misji tworzenia Katedry Genetyki na nowo powstałym Wydziale Biologii Uniwersytetu Warmińsko-Mazurskiego w Olsztynie, gdzie pracował do 2014 roku.

W ciągu 16 lat pracy na UWM doprowadził do powstania jednostki zajmującej się genetyką molekularną i rozpoznawalnej na poziomie międzynarodowym. Potwierdzeniem wysokiej pozycji jednostki oraz dorobku prof. R. Zielińskiego było pozyskanie dziewięciu międzynarodowych

projektów badawczych, w tym koordynowanego przez niego prestiżowego projektu w ramach 6 Programu Ramowego UE (Contract MTKD-CT-2004-509834) oraz sieci badawczej COST (FA0603).

Rangę kierowanej przez prof. R. Zielińskiego jednostki podkreślały również liczne prośby o możliwość odbycia stażu z zakresu metod molekularnych w kierowanej przez niego Katedrze Genetyki. W latach 2004-2007 przebywało tam 14 stażystów z różnych państw europejskich oraz kilkunastu stażystów z ośrodków w Polsce. W sumie Katedra Genetyki kierowana przez prof. R. Zielińskiego współpracowała z 41 partnerami zagranicznymi oraz uczestniczyła jako koordynator lub partner w 19 międzynarodowych konsorcjach badawczych. Liczne projekty badawcze, w tym SPUB-y, projekty badawcze z KBN oraz projekty inwestycyjne umożliwiły mu uzyskanie dodatkowego dofinansowania, co w 2007 roku pozwoliło na dodatkowe doposażenie jednostki w aparaturę najnowszej generacji, w tym analizator mikromacierzy, mikroskop fluorescencyjny oraz kilkanaście wysokiej klasy termocyklerów wraz z Real Time PCR.

Prof. zw. dr hab. Roman Zieliński ma duże doświadczenie dydaktyczne. Organizował i prowadził zajęcia z genetyki, diagnostyki medycznej, genetyki człowieka, cytogenetyki, biologii komórki, biologii molekularnej, genetyki molekularnej, ewolucji molekularnej, genetyki populacyjnej, mutagenезы oraz regulacji prawnych w biotechnologii. W trakcie pracy na UWM w Olsztynie prowadził zajęcia

na trzech kierunkach studiów: Biologii, Biotechnologii oraz Pielęgniarstwie. Profesor R. Zieliński był promotorem 36 prac licencjaekich, 49 prac magisterskich oraz dziewięciu prac doktorskich, w tym pracy z zakresu nauk medycznych obronionej na Akademii Medycznej w Lublinie.

Zainteresowania naukowe prof. Romana Zielińskiego obejmują: biologię i genetykę wybranych patogenów (*M. tuberculosis*, *B. burfordferi*, *B. coli*), genetykę populacyjną, genomikę, ewolucję molekularną wybranych gatunków zwierząt i roślin, biotechnologię oraz rozwój nowych systemów markerowych (transpozony, sekwencje bakteryjne). W sumie prof. R. Zieliński pracował z 30 gatunkami roślin, a także z 23 gatunkami zwierząt i mikroorganizmów. Posiada też wiedzę i umiejętności w zakresie stosowania technik badawczych z zakresu genetyki klasycznej, molekularnej i genomiki (elektroforeza białek, standardowe PCRI RT-PCR, qPCR, sekwencjonowanie DNA, markery DNA, transformacja, mapowanie genomu), genetyki ilościowej, cytogenetyki i kultur *in viro*.

Do jego szczególnych osiągnięć należą pionierskie prace dokumentujące zapłodnienie krzyżowe u wątrobowców, opracowanie metod analizy markerów DNA u *Mycobacterium tuberculosis*, poznanie zróżnicowania genetycznego szczepów, oszacowanie poziomu zmienności genetycznej tego obligatoryjnego patogena, genotypowanie szczepów prątka gruźlicy od pacjentów, ich stuprocentowa identyfikacja, wykluczenie zakażeń szpitalnych oraz wykazanie roli transpozonów w ewolucji różnych grup organizmów.

Prof. R. Zieliński opublikował 110 artykułów naukowych w recenzowanych międzynarodowych czasopismach, 45 doniesień konferencyjnych, w tym 30 na konferencjach międzynarodowych. Ponato sporządził liczne raporty do Komisji Europejskiej i ekspertyzy dla jednostek prywatnych i państwowych, w tym dla Stoczni Szczecińskiej. Prace prof. R. Zielińskiego były cytowane 363 razy, a indeks H = 10.

Dr med. Heiko Schönleg, lekarz, współzałożyciel fundacji *Arzte für Aufklärung*, która pomaga ludziom cierpiącym z powodu obostrzeń związanych tzw. epidemią koronawirusa oraz stara się wyjaśnić wszystkie związane z nią okoliczności. Współzałożyciel Pozaparlamentarnej Komisji Śledczej ds. Koronawirusa.

Dr med. Wolfgang Wodarg, internista i pulmonolog, specjalista w zakresie higieny i medycyny środowiskowej, a także zdrowia publicznego i medycyny społecznej. Po zakończeniu pracy klinicznej przez 13 lat pracował w charakterze internisty, w tym ni.in. jako lekarz publiczny w Szłczwiku-Holsztynie, a jednocześnie wykładowca na uniwersytetach i w szkołach wyższych oraz przewodniczący Komitetu Ekspertów ds. powiązanej z medycyną Ochrony Środowiska przy Izbie Lekarskiej Szlezwiku-Holszlynu. W 1991 roku otrzymał stypendium na Uniwersytecie Johna Hopkinsa w Baltimore w USA (epidemiologia). Jako członek niemieckiego Bundestagu w latach 1994-2009 był

inicjatorem i rzecznikiem Komisji „Etyka i prawo współczesnej medycyny”, członkiem Zgromadzenia Parlamentarnego Rady Europy, gdzie przewodniczył Podkomisji ds. Zdrowia i wiceprzewodniczącym Komisji Kultury, Edukacji i Nauki.

W 2009 roku zainicjował komisję śledczą w Strasburgu dotyczącą roli WHO w H1N1 (świńska grypa), gdzie po zakończeniu kadencji nadal pracował jako ekspert naukowy. Od 2011 roku pracuje jako niezależny wykładowca uniwersytecki, lekarz i naukowiec, a do 2020 roku był dobrowolnym członkiem zarządu i szefem Grupy ds. Zdrowia w Transparency International Germany.

Członkowie niemieckiej komisji ds. koronawirusa⁸:

Viviane Fischer, prawniczka, ekonomistka polityczna, aktywna na polu ochrony konstytucyjnych wolności i praw człowieka.

Dr Reiner Fiillmich, prawnik, zajmuje się ochroną praw konsumenta, zwłaszcza w odniesieniu do banków; specjalizuje się w prawie bankowym, giełdowym oraz międzynarodowym prawie prywatnym i medycznym.

Dr Justus P. Hoffmane, prawnik, specjalizuje się w prawie medycznym, ochronie praw konsumenta oraz prawie odpowiedzialności odszkodowawczej władzy publicznej za szkody wyrządzone obywatelom przez urzędników.



⁸ Stiftung Corona Ausschuss, www.corona-ausschuss.de.

3. PROR STEFAN HOCKERTZ

3.1 Ludzie umierają nie z powodu koronawirusa, ale z koronawlrusem⁹

26 marca 2020

Przy telefonie profesor Stefan **Hockert**. Jest Pan immunologiem i toksykologiem zajmującym się oceną ryzyka. Twierdzi Pan, że to nie wirus czyni nas chorymi, ale lęk przed nim. Jak niebezpieczny jest wirus COVID-19 według Pana?

Według mojej opinii i wielu innych lekarzy wirus jest mniej więcej tak samo niebezpieczny jak grypa. Patrząc na śmiertelność, wynosi ona około 0,3 do 0,7%. To odpowiada

⁹ 94,3 rs2 [2020.10.121. *Inlernew mit Immimologe Prof Dr Stefan Hockert*:
Dostęp: <https://www.rs2.de/interview-mil-immunologe-und-toxikologe-prof-dr-stcfan-hockert/>.

temu, co widzimy też w przypadku grypy. Przebieg choroby jest podobny jak przy zapaleniu gardła albo płuc. Są to infekcje zbliżone do grypy i podobnie zaraźliwe.

Wciąż słyszymy, że co piąty chory jest w tak ciężkim stanie, że musi leczyć się w szpitalu. Śmiertelność wśród seniorów wynosi od 20% do 25%. Czy Pana zdaniem wszystko to jest grubo przesadzone?

Nie, ale są to dane, które mamy również w przypadku grypy, odry i innych infekcji. Odra jest znacznie bardziej niebezpieczna. Teraz się nam wmawia, że jest równie groźna jak ebola, ospa lub dżuma. Tak nie jest.

jest to infekcja, która u 90% zakażonych ma łagodny przebieg. Jeśli chodzi o wskaźniki śmiertelności, musimy spojrzeć na to, z czego właściwie wychodzimy. Wielkość, której szukamy, to wszyscy, u których stwierdzono koronawirusa.

Zgadzam się z Instytutem Roberta Kocha, że mamy znacznie więcej zarażonych ludzi. I prawdopodobnie wszyscy, w tym Pani i ja, przeszliśmy tę infekcję bardzo łagodnie, z takimi objawami jak ból gardła, katar i okazjonalnie kaszel, ale to nic niebezpiecznego. Nie poszliśmy jeszcze do lekarza, lecz oczywiście należymy do zainfekowanych. Wszystkie przedstawiane nam dane są wyraźnie oparte tylko na pacjentach przetestowanych na obecność koronawirusa, a zupełnie nie na bardzo dużej liczbie osób, które przeszły tę infekcję w bardzo łagodny sposób.

Jeśli zwiększymy liczbę zainfekowanych osób o współczynnik 5 lub 10, wówczas znajdziemy się na poziomie śmiertelności grypy.

Ale ryzyko infekcji jest podobno znacznie wyższe niż w przypadku normalnej grypy. Co sprawia, że jest Pan pewny, że COVID-19 nie jest jednak bardziej niebezpieczny niż **zwykła** grypa, skoro to nowy wirus, którego tak naprawdę nie znamy?

Jak nowy jest ten wirus? Jako immunolog mogę tylko stwierdzić, że jest duża liczba osób - widzieliśmy to w Chinach - ponad 80 000 ludzi wyleczonych bez terapii. To oznacza, że nasz układ odpornościowy zna tego wirusa. Gdyby, jak się nam wmawia, ten wirus był całkiem nowy, nie mielibyśmy szansy, żeby tak szybko zostanie rozpoznany przez nasz układ odpornościowy. Rozpoznajemy go w ponad 99%. Leczymy się z tego wirusa samoistnie. Oznacza to, że wirus nie jest nowy.

Eksperci z Instytutu Roberta Kocha twierdzą również, że istnieją koronawirusy, czemu nikt nie zaprzecza. Wirus ten ma nieco zmodyfikowaną powierzchnię, tak jak w przypadku grypy. Wirus żyje, zmieniając się. Jeśliby się nie zmienił, wymarłby. Nawiasem mówiąc, żyjemy w tym niebezpieczeństwie od wielu, wielu tysięcy lat. Tylko w tym jednym przypadku, i proszę, niech mnie Pani nie pyta dlaczego, nie chcę brać udziału w tej dyskusji. Problem jest absolutnie wyolbrzymiony.

Ale jak Pan wytłumaczy szybki wzrost całkowitej liczby zarażonych osób we Włoszech, a więc 47 000 zmarłych, w tym te wszystkie zdjęcia z transportem ciał, które oglądamy?

Te zdjęcia są przynębiające, ale są nam pokazywane bez dalszych wyjaśnień, co również zarzucam rządowi federalnemu.

Ma Pani rację. We Włoszech śmiertelność wynosi prawie 10%. Wyraźnie przewyższa to, co znamy z Chin i co także widzimy w Niemczech. Są badania dowodzące, że ludzie nie umierają na koronawirusa, ale z koronawirusem. Wiemy, że we Włoszech każdego roku umiera od 4500 do 7000 osób z powodu tak zwanych zakażeń szpitalnych.

Są to infekcje, które ludzie nabywają, jak dostają się do szpitala, tzn. przybywają do szpitala z zupełnie inną chorobą, a następnie umierają w tym szpitalu. Na przykład „Die Arzte Zeitung” napisało 15 listopada 2018 r., że 9 000 000 ludzi w Europie co roku choruje z powodu zakażeń szpitalnych. 9 000 000!

Ze strony ECDC (Europejskie Centrum Kontroli Chorób) posiadamy interesujące dane, jednak tylko z 2015 r. Ale możemy założyć, że te dane są podobne. Na przykład we Włoszech mieliśmy 10 762 zgonów z powodu zakażeń szpitalnych. W Niemczech było ich 2363, a w Holandii tylko 206. Liczby te wyraźnie pokazują, że Włochy mają okropnie złą higienę w szpitalach. Ludzie są przywożeni na zapalenie płuc, ale nie umierają na zapalenie

pfuc, lecz z powodu zakażenia szpitalnego. Stąd wysoka śmiertelność, która utrzymuje się we Włoszech. Jeszcze raz, ci ludzie nie umierają z powodu koronawirusa, umierają z koronawirusem.

Ale dlaczego szpitale we Włoszech są przepełnione?

Szpitale we Włoszech znajdują się w opłakanym stanie od wielu, wielu lat i także teraz byłyby już przepełnione. Oczywiście musi Pani też wiedzieć, że wiele osób obserwuje siebie. Sporo z nich może w ogóle nie musi być hospitalizowanych, ale mimo to idą do szpitala, ponieważ z czystego strachu, ze zwykłej paniki tego nie wiedzą.

Czy to oznacza, że liczba zgonów nie jest wyższa niż zwykle?

Oczywiście. Liczba zgonów z powodu zakażeń szpitalnych we Włoszech wynosi ponad 11 000 osób. To bardzo źle, że ludzie umierają z tego powodu, ale, co chętnie powtarzam, w celu dokonania oceny ryzyka, nie możemy przesadzać.

Oczywiście powstaje pytanie, dlaczego stosuje się tak drastyczne środki? Dlaczego wszyscy powinniśmy zostać w domu, przestać pracować? Teraz grozi nam wprowadzenie zakazu wychodzenia z domu w całym kraju. Co sądzi Pan o tych środkach?

Jako toksykolog czy osoba zajmująca się oceną ryzyka uważam te środki za całkowicie nieproporcjonalne. Ludzie

są niszczeni. Spowoduje to następstwa, na które w ogóle nie zwracają uwagę politycy. Mam znajomego, fotografa, który bankrutuje, ponieważ nie wolno mu brać zamówień, gdyż w ogóle nie ma żadnych publicznych wydarzeń. Jest to uzupełnienie proporcjonalne. To nie ebola, to nie dżuma i nie ospa. To nie wojna i nie zaraza siejąca śmierć, ale infekcja wirusowa, z którą powinniśmy postępować odpowiedzialnie. Obecnie tak się nie dzieje.

Zatem jakie środki Pana zdaniem byłyby odpowiedzialne?

Powinniśmy dbać o lepszą higienę, środek ten jest uzasadniony, starać się ograniczać kontakty społeczne i, co bardzo ważne, zwracać szczególną uwagę na ludzi naprawdę zagrożonych. Co my obecnie robimy? Mamy od 5% do 10% populacji, która jest szczególnie zagrożona: osoby starsze, chore, osoby z problemami płucnymi i z obniżoną odpornością. To one są szczególnie narażone na chorobę grypy. To jedno i to samo. W przypadku tych 5-10% musielibyśmy faktycznie podjąć środki w celu ich ochrony.

Co tymczasem robimy? Zamykamy na kwarantannie 90% ludzkości.

Ale jeśli możemy sobie poradzić z wirusem za pomocą bardzo prostych sposobów, takich jak mycie rąk, z czym zasadniczo nie mamy większego problemu przy normalnej fali grypy, to dlaczego cały świat milczy

I dlaczego więcej naukowców i lekarzy nie mówi, że to, co się tutaj dzieje, zdecydowanie idzie za daleko?

Zadałem sobie oczywiście pytanie: *qui bono*, ale powiedziałem, że nie będę brać udziału w dyskusji na ten temat. Dlaczego politycy, a także naukowcy będący blisko polityki zachowują się tak, jak obecnie? Mogę tylko przypuszczać, dlaczego tak niewielu innych naukowców jak dr Woodarg wygłasza publiczne oświadczenia.

Oczywiście głoszenie apokalipsy jest obecnie głównym tematem mainstreamu. Młodzi naukowcy dobrze robią, że nie komentują tej sytuacji, ponieważ to zagraża ich karierze. Taki jest nasz system naukowy, a także system w medycynie, który jest bardzo zhierarchizowany, gdzie powinno się być bardzo ostrożnym, wyrażając odmienne zdanie. Wielu naukowców na uniwersytetach może martwić się o fundusze na badania, jeśli nie będą teraz „śpiewać” tej samej piosenki, którą obecnie głośno się „nuci” na świecie.

Czego życzyłby Pan sobie od innych kolegów i innych naukowców?

Życzyłbym sobie, by to, co mówią mi w osobistych rozmowach: „Te wszystkie działania są mocno przesadzone”, powiedzieli głośno. Nie możemy tego zrozumieć. Powodujemy tym znacznie większe szkody uboczne niż chronimy ludność [stosując lockdown]. Nigdy nie spotkałem się z tym, żeby ktoś powiedział, że to wszystko, co się teraz wyprawia, jest w porządku. Nigdy nie słyszałem żadnej innej

opinii - ani toksykologów, ani w rozmowach z immunologami, lekarzami. Ciągłe słyszę, że środki, takie jak zakaz wychodzenia z domu, idą zdecydowanie za daleko i nie mają nic wspólnego z rozsądną oceną ryzyka. Nie mamy już możliwości zgromadzeń. Nie możemy się swobodnie poruszać. Unieważniamy konstytucję prawem niższego rzędu - ustawą o ochronie przed zakażeniem. Czekam na pierwsze wykroczenie i napisałem na Facebooku, że kiedyś te trudności miną i wtedy prawnicy opracują te kwestie pod kątem proporcjonalności reakcji. Jestem tego bardzo ciekaw.



4. DR MED. HEIKO SCHÖNING

4.1 Zrozumieć kryminalne zależności¹⁰

27 marca 2020

Udowodniono już, i myślę, że w nadchodzących tygodniach i miesiącach stanie się to bardziej wyraźne, że ta panika była zupełnie niepotrzebna. Przejawem nieodpowiedzialności jest to, że została tak rozpowszechniona w mediach. Czy to, co teraz dzieje się w Niemczech i prawie we wszystkich innych krajach na świecie, coś nam przypomina? To stan wojenny!

To jest jak wojna.

Właśnie. I podjęte obostrzenia mają taki sam skutek jak w przypadku stanu wojennego.

¹⁰ cingSCHENKt.tv [2020.10.12]. *Heiko Schwmng- #Corona - Knmmelk Zusammenhange ver\tehen*. Dostęp: <https://eingeschenkt.tv/hciko-scho-cning-corona-knminclle-/usammcnhaenge-verstehen-coronavirus/>.

Drodzy widzowie programu EiNGESCHENKt.tv im Gespräch, dzisiaj jest czwartek, 19 marca 2020 roku. Cieszymy się, mogąc powitać u nas lekarza Heika Schöninga z Hamburga, który przyjechał do nas na tę rozmowę opustoszałą autostradą. Szanowny Panie, dziękuję za gotowość do wzięcia udziału w tym wywiadzie. Chciałbym od razu rozpocząć od bardzo ważnych pytań, które prawdopodobnie zadaje sobie teraz całe społeczeństwo, bo słowo „koronawirus” jest dziś na ustach wszystkich. Pytanie brzmi, co można zrobić?

Można chronić swoje zdrowie tak samo, jak w przypadku każdej innej sezonowej epidemii grypy, gdy ma się katar połączony z innymi grypopodobnymi objawami. To samo dotyczy koronawirusa.

Z góry chciałbym podkreślić, że bardzo ważne jest to, by dobrze się odżywiać. Potrzebujemy wystarczającej ilości minerałów i witamin. Wszystko, co kolorowe, powinno znaleźć się w garnku. Kolorowa zupa jarzynowa to coś fantastycznego. Potrzebujemy wystarczającej ilości snu i pewnej równowagi między napięciem i odprężeniem. Naturalnie w tych czasach, w których słyszymy tyle negatywnych wiadomości na temat koronawirusa, mamy z tym pewien problem, ponieważ wielu ludzi nie potrafi się już zrelaksować. Tymczasem udowodniono naukowo, że lęk powoduje obniżenie odporności i wzrost podatności na choroby. Dlatego powtarzam: wystarczająca ilość snu, dobre odżywianie i równowaga między napięciem i odprężeniem.

Dobrze. Czyli odprężenie przyczynia się do naszego stanu zdrowia.

W rzeczy samej.

Rozumiem. Teraz ciągle mówi się o tym, że to nowy koronawirus. Czy jest on nowy?

Koronawirusy nie są nowe, wręcz przeciwnie. Są znane od dawna. Około 10% do 15% wszystkich katarów, które przechodzimy co roku - zarówno latem, jak i zimą - jest wywołanych przez koronawirusy. Koronawirusy same w sobie nie są niczym nowym, są znane od dawna. Teraz mamy tak zwaną pandemię z wirusem należącym do rodziny koronawirusów, noszącym nazwę CCMD-19. Obecnie właściwie wszystko kręci się wokół niego. Jednak powszechnie znamy tę rodzinę koronawirusów i większość zakażeń nimi przebiega bardzo łagodnie.

A zatem nie różni się on tak bardzo od innych znanych koronawirusów? Czy można by tak powiedzieć?

Oczywiście jest tu też coś nowego. Nie mogę się jeszcze na ten temat ostatecznie wypowiedzieć, ale ważne jest to, czy sprawia on, że ludzie są bardziej chorzy czy nie. W tej kwestii - i to jest bardzo ważne - mamy teraz nowe dane, które wykazują, że ten nowy koronawirus nie zachowuje się znacząco inaczej niż inne znane nam wirusy. Tym samym z punktu widzenia danych zarówno choroba, jak i przypadki zgonów znajdują się w normalnym zakresie.

Rozumiem. Słyszałem o tym, że wielu ludzi próbuje znaleźć czy też wykazać obecność tego być może nowego koronawirusa za pomocą testu lub jakiejś innej nowej metody testowej. Jednakże jeśli test jest nowy, to znaczy, że przedtem nie było żadnego testu. Czy jest możliwe, że ten koronawirus, ten jego nowy rodzaj, jest już wśród nas od dłuższego czasu, lecz nie był jeszcze nigdy testowany i diagnozowany?

Tak. Można by wiele na ten temat powiedzieć... Jednak najpierw chciałbym zauważyć, że jeżeli wykonuje się dużo testów, to dużo się też znajduje. Do tej pory nie wykonywano na świecie tak wielu testów na koronawirusa. Czyli być może ludzie nie wiedzieli wcześniej, że już kilkakrotnie mieli tego koronawirusa, tylko choroba została inaczej /diagnozowana. Te grypopodobne objawy, które mogą wystąpić, są bardzo ogólne. Jeśli chodzi o to testowanie, to kryje się za nim potencjalnie duża, nieujawniona liczba. Mamy więc całkowicie inną sytuację, jeśli nagle zaczynamy masowe testowanie. O tym także można przeczytać.

Kolejny punkt, który Pan poruszył, jest niezwykle ważny. Mamy już pierwsze badania z Chin, gdzie wybuchła ta choroba, które mówią, że ten test tylko w zaskakująco niewielkich przypadkach testuje to, co potrzeba. Informację tę (oryginalne badania) można znaleźć na PubMed. Test ten jest specyficzny tylko w 20% przypadków. O/nacza to, że jest poprawny w 20%, a w 80% daje fałszywie pozytywne wyniki.

Równie dobrze można by było rzucać kostką.

Rzeczywiście. I naturalnie rodzi to kilka bardzo trudnych pytań. Ogólnie rzecz biorąc, chodzi o to, co interesuje głównie nas, klinicystów: ilu ludzi faktycznie ciężko zachorowało? Czy ich liczba rośnie? Ilu ludzi umiera? Na ten temat dostępne są istotne dane, które opublikowała włoska służba zdrowia. Jest to organ zajmujący się zdrowiem publicznym, który dokonał rozróżnienia między ludźmi, którzy mieli koronawirusa i z nim zmarli a tymi, którzy zmarli z powodu koronawirusa. Bo to jest zasadnicza różnica.

Słyszysz się, że wśród ofiar często znajdują się ludzie bardzo starzy i bardzo słabi.

Tak.

Jednak starym i chorym ludziom, którzy - jakby to powiedzieć - są w krytycznym stanie, znajdują się na krawędzi życia i śmierci, wystarczy czasem niewiele... Pytanie, które sobie zadaję, brzmi: czy udowodniono już, że obecność koronawirusa w organizmie niesie ze sobą śmiertelne skutki?

Faktycznie, wciąż jeszcze jest to przedmiotem badań. Jednak tak, koronawirusy mogą być śmiertelne. Pytanie brzmi: dla kogo? I tu mamy niezmiernie ważną informację pochodzącą z nowych włoskich danych. Włosi przeanalizowali, kto tak naprawdę zmarł spośród ludzi, którzy zachorowali na koronawirusa. Osoby te miały przeciętnie około

80 lat, w większości przypadków były to osoby ciężko chore, które miały już dwa podstawowe schorzenia lub więcej, czyli wcześniej były poważnie chore.

Mam zatem pytanie, bo chciałbym to lepiej zrozumieć. Jeśli ci ludzie musieliby walczyć z normalnym wirusem grypy, to czy prawdopodobieństwo, że statystycznie i tak prowadziłoby to do ich zgonu, byłoby podobne jak w przypadku wirusa COVID-19?

Dokładnie. To właśnie pokazują te dane. Sam je sprawdziłem - przynajmniej te pochodzące z Włoch. Każdy może je prześledzić. W przypadku ludzi, którzy są bardzo starzy, mają obniżoną odporność i cierpią na inną chorobę, każdy wirus grypy mógłby doprowadzić do śmierci. Należy jeszcze dodać, że zgodnie z tymi włoskimi danymi 10% zmarłych miało ponad 90 lat, a 90% ponad 70 lat.

Niesamowite.

Tak.

W sektorze ubezpieczeniowym - finansowość jest moją branżą - Istnieją tzw. tabele śmiertelności, które również wykazują wyraźny wzrost.

Dokładnie. W tym miejscu mogę jeszcze dodać, ilu ludzi umiera co roku w Niemczech. Niestety zawsze trudno mi o tym mówić i podawać liczby, bo za każdą z nich kryje się jakiś człowiek. Mimo tego myślę, że należy po prostu podać suche fakty.

W Niemczech z powodu wirusów grypy umiera co roku ok. 10 000 osób, a w szczycie do 25 000. Dlatego też na początku naszej rozmowy powiedziałem, że ważne jest zdrowe odżywianie, właściwa równowaga między napięciem i odprężeniem, a także wystarczająca ilość sportu i tym podobne rzeczy. To teraz każdy może zrobić.

Wróćmy jednak do tematu. Około 25 000 umiera co roku na grypę. Interesujące jest, jak to wygląda w przypadku ludzi zdrowych. Z włoskich danych wynika, ile osób wśród tych osiemdziesięciolatków pierwotnie było zdrowych, a następnie zmarło z powodu samego koronawirusa. Tylko \%\

Spośród tych osiemdziesięciolatków?

Tak.

Dobrze. To mnie uspokaja. Zatem mam jeszcze przed sobą parę lat.

W rzeczy samej. Ponadto dowiedziono, że w przypadku tych pojedynczych młodych osób, które zmarły z diagnozą COVID-19, po dokładnym przyjrzeniu się tym zgonom okazało się, że również tam występowały szczególne okoliczności chorobowe. To, o czym mówię, jest poparte danymi i dowodzi, że cały ten zamęt dotyczący tego zagadnienia oraz związana z nim panika, którą sztucznie wywołano, nie ma solidnej podstawy. Należy zadać sobie pytanie, po co te wszystkie drastyczne obostrzenia, które nie są współmierne do zagrożenia...

Które nie są adekwatne.

...które w ogóle nie są adekwatne w porównaniu do podobnych epidemii grypy, które już mieliśmy... W zasadzie można było to zrobić już ileś razy wcześniej, każdej minionej zimy. Dlaczego?

Właśnie.

To kolejne ważne pytanie. Zostało już udowodnione, i myślę, że w nadchodzących tygodniach i miesiącach stanie się to jeszcze bardziej wyraźne, że ta panika była niepotrzebna i że jej eskalacja przez media była wyrazem nieodpowiedzialności.

Właśnie dlatego cieszymy się, że jest Pan dzisiaj z nami, ponieważ nasze wywiady z Panem były już **klikane** setki tysięcy razy. Przede wszystkim dziękuję, że uspokoi! Pan wielu ludzi - przynajmniej w odniesieniu do stanu ich zdrowia.

Tak, to dla mnie bardzo ważne, że mogę to powiedzieć. To dobra wiadomość. Naprawdę możemy być trochę spokojniejsi. Ten koronawirus zachowuje się raczej jak normalny wirus grypy.

Właśnie. I teraz dochodzimy do szerszej perspektywy. Nie patrzymy tylko na jeden element układanki, ale zrobmy krok wstecz. Wtedy wyłoni się ogólny obraz całości. Właśnie jemu chcemy się teraz wspólnie

dokładniej przyjrzyć, aby uświadomić ludzi, co tak naprawdę kryje się za tą pandemią.

Przed naszym spotkaniem wysłał mi Pan swój skrypt, bym **mógł** lepiej przygotować się do wywiadu. Przestudowałem go. Jego **tytuł** brzmi (nawiasem mówiąc to mocne stwierdzenie): *Medyczny stan wojenny i reforma walutowa 2020*. A zatem widoczny staje się znacznie szerszy kontekst tego zjawiska. Pierwszy artykuł rozpoczyna się od słów: *Nikt nie ma zamiaru budować nowego systemu finansowego podczas pandemii koronawirusa*. Być może wielu widzów nie widzi na razie związku, ale przyjrzyjmy się temu. Jak możemy przybliżyć się do tego tematu?

Można przybliżyć się bezpośrednio, zastanawiając się nad tym, że jeśli już możemy naukowo dowieść - a dowody mnożą się - że mamy wystarczającą ilość danych, aby móc powiedzieć, że ta panika wokół koronawirusa jest nieuzasadniona, to automatycznie powstaje pytanie...

...co się za tym kryje,

...które powinniśmy przedyskutować z całą powagą i stawić mu czoła, ponieważ obostrzenia ograniczające teraz nasze prawa obywatelskie duszą nas nie tylko w sensie finansowym i ekonomicznym, ale również - i na to chciałbym położyć nacisk - zdrowotnym. Wynika to z tego, powtarzam to jeszcze raz, i to zostało już udowodnione, że ludzie żyjący w strachu mają o wiele gorszy układ odpornościowy i są znacznie bardziej podatni na choroby.

Lęk nie tylko pogarsza nastrój, lecz także wywołuje prawdziwe choroby fizyczne. Jeśli przemnożymy to w odniesieniu do wszystkich krajów świata, to okaże się, że mówimy o milionach, miliardach ludzi, których to dotyczy. Tu pojawia się pytanie: czemu to służy, dlaczego wywołuje się taką panikę wokół normalnego wirusa grypy, tj. COVID-a, który zachowuje się jak typowy wirus grypy? Dlaczego się to robi?

No tak... Jednak media wciąż podsycają lęk. O niczym innym nie słysząc już w radiu. W telewizji też ciągle mówią tylko o tym, więc tak czy inaczej jesteśmy wciąż bombardowani wiadomościami wywołującymi strach. Czy ten negatywny wpływ stresu na zdrowie mogę rozumieć jako negatywny efekt placebo?

W tej chwili nie mogę się z tym całkowicie zgodzić. Jednak mogę potwierdzić, że chodzi o to, by bardzo skutecznie wzbudzać strach.

Rozumiem. A strach prowadzi do zachowań typu: „O Boże, przestrzegajmy dystansu, idźmy na kwarantannę i miejmy nadzieję, że już wkrótce zostanie wynaleziona szczepionka”.

Właśnie. To, co teraz widzimy, a może zauważyć to każdy, kto przejdzie się przez centrum miasta, przypomina stan, który już kiedyś przeżyliśmy, a którego, jak sądzę, prawie nikt z żyjących dzisiaj na szczęście nie pamięta, co

najwyżej bardzo wiekowi ludzie - stan wojenny. Gdy zadaje się im pytanie, do czego podobne jest to, co dzieje się teraz w Niemczech i praktycznie we wszystkich innych krajach świata, odpowiadają, że przypomina im to stan wojenny.

Odbiera się to podobnie jak wojnę.

Zgadza się. Podjęte obostrzenia mają taki sam skutek jak stan wojenny. W stanie wojennym także obowiązuje zakaz wychodzenia oraz dochodzi do ograniczenia praw obywatelskich łącznie ze swobodą gromadzenia się. Dokładnie taki samo działają ogłoszone teraz kwarantanny medyczne. Zostały one nam narzucone. Z niezrozumiałych na ogół powodów wysłano na kwarantannę także wielu lekarzy. Sądzę, że sporo moich kolegów nie jest z tego powodu zbyt zadowolonych. To także skutek uboczny tych obostrzeń - nie daje się pracować nawet lekarzom! Mamy więc tutaj do czynienia z działaniem, które jest bardzo nieodpowiedzialne, a zarazem praktykowane na tak dużą skalę na całym świecie w sposób skoordynowany i zsynchronizowany...

Tak, to jest zadziwiające.

Na tyle zadziwiające, że trzeba sobie zadać pytanie, czemu to służy. Jeśli dostrzeżemy rozmiary i skutek tych działań, czyli to, że nie możemy się już gromadzić (nawet w teatrze), że nie ma już okazji do tego. by się spotkać i posłuchać wspólnie Vivaldiego lub Beethovena, to wówczas zdamy sobie sprawę, że to już przeszłość, że tego wszystkiego

już nie ma! Oddzielono nas od siebie, zamknięto nawet granice. Nie możemy zamawiać różnych rzeczy, choćby książek.

Czemu to wszystko się dzieje? Mówiąc wprost, jest to tylko moje przypuszczenie, ale dostrzegam to dość wyraźnie. Czynione są właśnie jakieś przygotowania do tego, aby w sposób uporządkowany doprowadzić do upadku systemu finansowego. Ponad dwanaście lat temu, na przetomie lat 2007/2008, byliśmy świadkami, jak załamał się system finansowy. Wtedy wpompowano do niego jeszcze więcej pieniędzy. Podaż pieniądza z wielokrotnością się w ciągu tych ostatnich dwunastu lat, ale równomiernie do niej nie wzrosła ilość dóbr, które można kupić. Teraz, jak sądzę, próbuje się rozwiązać tę sytuację w kontrolowany sposób.

Jednak wtedy przyszło to tak niespodziewanie, że praktycznie nie podjęto żadnych działań, takich jak zakaz wychodzenia, zgromadzeń itp. Może to jest jakiś nowy plan. Ktoś stwierdza, że coś tutaj wymyka się nam spod kontroli i próbujemy ją w taki oto sposób odzyskać? Albo uniknąć paniki czy coś w tym stylu? A może ludzie po prostu nie powinni być tym zaskoczeni, że siedzą w domu?

Sądzę, że jest wręcz przeciwnie. Planuje się niespodziankę na niewyobrażalną dotąd skalę. Oczywiście już wcześniej ustalono, że ludzie będą siedzieć w domach, w odosobnieniu, w konsekwencji czego nie będą mieli prawie żadnej możliwości skutecznego protestowania przeciwko czemuś, co prawdopodobnie już zostało zaplanowane.

Zawsze mówiło się, że jeśli ludzie coś rozumieją, jeśli razem coś robią, to we wspólnocie są silni, razem mogą coś zdiatać. Mam wrażenie, że dzisiaj jest to czymś bardzo niepożądanym, dlatego się nas rozdziela. Przeanalizujmy podobieństwa, podobne wzorce z przeszłości, zestawiając dzisiejszą sytuację z jakąś podobną z przeszłości, by zyskać obraz całości.

Na podstawie procesów, które zachodziły w przeszłości, możemy przewidzieć, jaki wpływ może mieć dane zjawisko na teraźniejszość i czy wiąże się to dla nas z jakimś ryzykiem. Mam na myśli nie tylko ryzyko finansowe, lecz również zdrowotne i na to ostatnie chciałbym położyć szczególny nacisk. W wywiadzie wideo, który został wyemitowany 11 września 2019 roku, czyli na trzy miesiące przed wybuchem epidemii wirusa COVID-19, powiedziałem, opierając się na dotychczasowych badaniach i posiadanych informacjach, że obawiam się, iż w przyszłości czeka nas wielka kampania z jakimś śmiertelnym biopatogenem. Dziś jest nim wirus COVID-19.

Czyli Pan to przewidział?

Rzeczywiście, przewidziałem to, ponieważ na podstawie stanu rzeczywistego i analizy sytuacji doszedłem do wniosku, że dokładnie coś takiego było przygotowywane. Naturalnie nie wiedzieliśmy wtedy jeszcze w jakim celu. Zakładałam, że prawdopodobnie i tym razem będziemy mieli coś takiego, jak reforma walutowa robiona z niedzieli na poniedziałek. To naturalnie prognoza, ale wszystko na to wskazuje.

Dobrze, powiedział Pan „zostało przygotowane”, używając czasu przeszłego. Czy mógłby Pan podać nam jakiś przykład, aby pokazać analogię tego zjawiska do czegoś, co zdarzyło się w przeszłości, np. w przypadku innych tego rodzaju rzekomych pandemii?

Tak. I chcę zachęcić każdego, by sam to dokładnie sprawdził. Takim przypadkiem rzekomej pandemii była świńska grypa, która nie tak dawno temu została również okrzyknięta wielką pandemią. Rozpowszechniano przy tym liczby mówiące, że w krótkim czasie będziemy mieli setki tysięcy, a nawet miliony zgonów. Ostatecznie okazało się, że było to zainscenizowane sianie paniki. Na kanale ARTL, tej niemiecko-francuskiej stacji, nadano bardzo dobry reportaż zatytułowany *Profiteure der Angst* („Beneficjenci strachu”). Warto obejrzeć sobie ten reportaż.

Został w nim poruszony temat świńskiej grypy. Coraz trudniej znaleźć ten film dokumentalny na kanale YouTube, ale wciąż jeszcze jest to możliwe. W tym przygotowanym t w sposób zrozumiały dla ogółu reportażu udowodniono, jak sposób ta pandemia mogła być w ogóle ogłoszona z pomocą Światowej Organizacji Zdrowia.

W jaki sposób?

Zmieniono jej definicję. Wcześniej przez dziesiątki lat pandemia oznaczała, że w wielu krajach umierało wielu ludzi. By coś uznano za pandemię, musiała to być naprawdę

niebezpieczna choroba, która dowodziła, przynajmniej na początku, że naprawdę...

...Istnieje poważne zagrożenie dla życia.

Tak, że wiąże się z nią duże zagrożenie dla życia. I tę definicję - nie chcę teraz wchodzić w szczegóły - radykalnie złagodzano. W efekcie tego można było wywołać światową panikę, posługując się stosunkowo normalnym i niegroźnym wirusem świńskiej grupy. Zaczęto wtedy wprowadzać wszystkie obostrzenia związane z pandemią, a w szczególności dążyć do tego, by znaleźć antidotum na tę chorobę.

Dziś także w reakcji na koronawirusa wszyscy domagają się szczepionki. Wtedy w przypadku świńskiej grypy był to lek Tamiflu. Muszę przyznać, że ja również zufałem temu, co podawano wówczas w mediach i co oficjalnie ogłosiły instytucje rządowe. Nawet sam podałem wtedy synowi ten lek. Okazało się potem, że cała ta panika została celowo zainscenizowana. Tamiflu nie jest nieszkodliwym lekiem. Na szczęście mojemu dziecku nic się nie stało, ale wiele innych osób doznało uszczerbku na zdrowiu. To jest nieodpowiedzialne, skandaliczne działanie. Dokładnie tak się wtedy działo.

Jak odbywa się taka „inscenizacja”?

No cóż, nie chcę wchodzić w szczegóły. Na szczęście każdy może to sam sprawdzić, ponieważ upłynęło już kilka lat od tego wydarzenia i informacje na ten temat są powszechnie dostępne. W przypadku koronawirusa nie znamy

jeszcze wszystkich szczegółów, ale mamy wystarczającą liczbę danych, by móc stwierdzić, że ten wirus i związana z nim panika są nieadekwatne do działań, jakie standardowo podjęto by w takim przypadku.

Obecnie postępuje się tak, jakbyśmy mieli dżumę o takim samym zasięgu, jak w średniowieczu, która wyniszczyłaby jedną trzecią całej populacji europejskiej. W takim przypadku można by zrozumieć podejmowane obecnie kroki. Jednak tak nie jest. Powtarzam: ten koronawirus zachowuje się podobnie jak normalny wirus grypy sezonowej. To jest dobra wiadomość. Zła wiadomość brzmi: kto to zainscenizował?

W przypadku świńskiej grypy w grę wchodziła korupcja, przemysł farmaceutyczny i Światowa Organizacja Zdrowia, a także interesy polityczne. Szefem firmy, która opracowała lek Tamiflu, był amerykański minister obrony Donald Rumsfeld, który w 2001 roku zamienił fotel szefa firmy Gilead na fotel szefa w Pentagonie, czyli w amerykańskim ministerstwie obrony. Wkrótce potem miały miejsce zamachy z 11 września 2001 roku opisywane dziś za pomocą akronimu 9/11. Tak wygląda szerszy kontekst tych wydarzeń.

Wróćmy jednak do świńskiej grypy: oglądając na kanale ARTŁ reportaż pt. „Beneficjenci strachu”, można było usłyszeć od moderatora tej dyskusji - zdaje się, że był nim Thomas Kausch - że nie jest dobrze widziane, gdy rząd i wysocy rangą urzędnicy przyjmują inną szczepionkę niż reszta ludności.

Tymczasem oni naprawdę to zrobili. Szczepionki same w sobie nie są szkodliwe. Muszę z góry zaznaczyć, że nie

jestem przeciwnikiem szczepień. Mój stosunek do tego jest neutralny. Szczepionki działają, lecz zawsze należy pytać, kto szczepi, jaki ma w tym interes, co rzeczywiście znajduje się w szczepionkach i jak działają.

Cóż, styszałem już, że w ich **składzie** znajdują się pewne budzące duże wątpliwości składniki. Czy chciałby Pan coś powiedzieć na ten temat?

Tak, na przykładzie świńskiej grypy można dowieść, że chodziło wówczas o adiuwanty. Różnicę między tym, czym zaszczepiono rząd a tym, czym organy nadzoru zaszczepiły swoich pracowników oraz tym, co podano narodowi, stanowił właśnie adiuwant. Są one bardzo ważne w przypadku prawie wszystkich szczepień. Wynika to z tego, że kilka osłabionych części wirusa lub bakterii przeważnie nie wystarcza. Potrzebna jest prawdziwa trucizna, która zaalarmuje układ immunologiczny. Głównie stosuje się glin, który jest neurotoksyną. Naturalnie zawsze zależy to od dawki.

Czy glin nie jest jakoś łączony z chorobą Alzheimera?

Tak. Istnieje badanie przeprowadzone przez Panią prof. Watson z uniwersytetu w Sydney. Sam byłem w Anglii i w Australii. Na krótko odwiedziłem tę uczelnię, na której pracuje Pani prof. Watson, która opublikowała bardzo dobre badania na ten temat zatytułowane: *Chroniczne przyjmowanie glinu powoduje chorobę Alzheimera*.

I to on jest w szczepionkach.

Tak. Znajduje się tam w wysokiej dawce. Jeśli spojrzysz na dzienny poziom tego, co może przerobić organizm człowieka, to glin występuje w szczepionkach w wysokiej dawce.

Czyli trucizna jako adiuwant.

Tak. Tak właśnie jest. w inny sposób to nie funkcjonuje. Istnieją jeszcze inne adiuwanty, jak na przykład skwalen, czasami dodawana jest jeszcze rtęć.

Styszałem też o arszeniku.

Tak. Istnieje...

W każdym razie podsumujmy to. Naszym „przedstawicielom ludu” podano szczepionkę, która nie zawierała adiuwantów?

Tak.

A my dostaliśmy tę drugą?

Właśnie. My dostaliśmy Pandenirix - tę drugą szczepionkę. Myślę, że każdy, kto ma choć trochę oleju w głowie, może łatwo zrozumieć, że coś tu się nie zgadza, czyż nie?

Tak, coś tu się nie zgadza.

Dokładnie. W podobnej sytuacji, zalecając komuś jakiś lek lub operację, należałoby zadać lekarzowi pytanie: „Czy

zastosowałyby Pan to lekarstwo wobec siebie? Czy zaaplikowałyby Pan to swojej rodzinie?". Jeśli, stawiając to pytanie, patrzy się mu w oczy, to widać jego reakcję. To jest dobry wskaźnik w tej kwestii.

No dobrze, ale nie chciałbym polegać wyłącznie na mojej interpretacji mowy data.

Tak. O to właśnie chodzi. Głównym aspektem jest zaufanie, przecież musimy ufać rządowi, nieprawdaż? Również społeczeństwu. I właśnie dlatego jest to bardzo ważny czynnik, ponieważ mamy tu do czynienia z podziałem pracy, obowiązków zawodowych. Musimy też ufać, że ci, którzy nami rządzą, postępują odpowiedzialnie. A jeśli tak nie jest, to musimy wyciągnąć z tego konsekwencje, jak wyraźnie stwierdzono w art. 20 Konstytucji.

Zaufanie... Ale czy mogę zaufać rządowi, który wstrzykuje mi glin, samemu go nie przyjmując?

Dobre pytanie. Musimy po prostu przyjąć do wiadomości, że ten skandal ze świńską gripą dokładnie tak przebiegał. Zostało to udowodnione. A jednak media przedstawiły to tak, że ludzie, którzy byli w to zaangażowani, nie zostali usunięci z urzędu, nie poszli do więzienia lub coś podobnego. Tak się nie stało.

Sytuacja teraz się powtarza, gdy widzimy, jak jest to przedstawiane przez media w przypadku koronawirusa. Najpierw mówiono o szczepionce, że jej wynalezienie będzie trwało

bardzo długo. Normalnie opracowanie szczepionki trwa lata. Wpierw należy ją przetestować, sprawdzić. To trwa lata.

Początkowo mówiono: „O Boże, co teraz zrobimy, gdy koronawirus stoi pod naszymi drzwiami? Kto nas teraz zbawi?”. Niedługo później byliśmy świadkami tego, jak w mediach zaczęły pojawiać się wiadomości: „Szczepionka może być wcześniej”. A ostatnio - sędzę, że to było pierwszego marca - Horst Seehofer, minister spraw wewnętrznych, ogłosił, że jego zdaniem szczepionka będzie gotowa do końca tego roku.

Moje może naiwne pytanie: czy prace nad zapowiadaną szczepionką rozpoczęły się przed podaniem nam do wiadomości faktu istnienia tego **tzw.** nowego koronawirusa?

Tak właśnie jest. Opracowywanie szczepionek, w tym także na koronawirusa, zaczęło się już wcześniej przy zastosowaniu nowej technologii - produkcji szczepionek z tytoniu.

Jeszcze o tym nie słyszałem.

Jednak to prawda. O tym wszystkim można przeczytać w publikacjach naukowych i na stronach firm, które się tym zajmują. Wydaje się, że jest to coś w rodzaju odrodzenia przemysłu tytoniowego. Wszyscy wiemy, co przemysł tytoniowy już zrobił dla zdrowia świata i na co już sobie pozwolił. Genetycznie modyfikowane rośliny tytoniu są

obecnie wykorzystywane do produkcji szczepionek przeciwko koronawirusowi.

Genetycznie modyfikowane rośliny tytoniu?

Tak, dokładnie. A najbardziej jaskrawą rzeczą jest nie tylko wspaniała technologia, ale to, kto był współinicjatorem tego. Oto jest pytanie. Siedziba koncernu British American Tobacco BAT znajduje się w Hamburgu nad jeziorem AuBenalster, w bardzo urokliwym miejscu, w pięknym budynku. W 2013 roku koncern powołał nowego członka zarządu do spraw nauki. Prezes British American Tobacco powiedział wówczas, że są teraz naprawdę szczęśliwi, mając Richarda Tubba w zarządzie do spraw nauki i że zamierzają umieścić naukę w centrum swojego modelu biznesowego. Tak to wtedy wyraził.

W ten sposób nastąpiła redelnicja używki na roślinę leczniczą.

Właśnie. I to bardzo wcześnie. Kim jest ten Richard? Lekarzem, nazywa się dr Richard Tubb. Jego osoba jest mi znana od bardzo długiego czasu, ponieważ to nikt inny, jak wieloletni lekarz prezydenta USA George'a Busha. Ten sam, który 11 września 2001 roku jako lekarz prezydenta podał w samolocie prezydenckim wszystkim jego pasażerom, tj. prezydentowi i jego rządowej ekipie, antidotum na węglik.

Musimy pamiętać, że cała ta wojna z terroryzmem, wszystko to, co nastąpiło po 9/11... Doszło wtedy do pięciu

ataków, w tym czterech samolotowych - dwóch, o których wszyscy wiedzą, w Nowym Jorku, jednego w Pentagonie i jednego w Shanksville. Miał wtedy miejsce jeszcze jeden, piąty atak, który wydarzył się w tym samym czasie, a o którym nie słyszeliśmy w mediach - był to atak listowy z użyciem broni biologicznej z węglikiem, zawierającym *Bacillus anthracis*.

Listy te zostały wysyłane pocztą do wysokich rangą polityków i dziennikarzy. Wywołało to ogromną panikę, która doprowadziła do ograniczenia praw obywatelskich. To dobra analogia do dzisiejszej sytuacji z koronawirusem.

Dobrze, powtórzmy zatem, aby uporządkować to chronologicznie: najpierw 11 września dochodzi do tych ataków, potem zostaje podane antidotum na węglik pfucny.

Właśnie.

W zasadzie leki podano elitarnej grupie ludzi...

Tak.

...podczas gdy pierwsze ataki listowe przy użyciu tego proszku, który następnie wywoływał węglik płuc, byty wtedy całkowicie nieznane. Jednak opinia publiczna jakoś dowiedziała się o nich kilka dni później. Ktoś już coś o tym wiedział.

Właśnie. Jest to podobne do tego, co dr Daniele Ganser słusznie powiedział kiedyś podczas jednej ze swoich

prelekcji: historyk lubi, gdy najpierw jest wydarzenie, a potem relacja, a nie na odwrót.

Tym razem to samo ma miejsce z roślinniami tytoniu?

Tak. Po pierwsze mamy 11 września 2001 roku, który doprowadził do tych wszystkich wojen oraz do wysłania niemieckiej Bundeswehry do Afganistanu, gdzie nadal przebywa. Podstawą tej decyzji był 11 września. Tego samego dnia doktor Richard Tubb, lekarz prezydenta, podał załodze znajdującej się na pokładzie prezydenckiego samolotu antidotum na węglik, mimo że cały świat dopiero 4 października dowiedział się o pojawieniu się węglika w postaci płucnej. Był on w płucach pierwszej ofiary, fotoreportera z Florydy. Tyle że nikt wtedy nie mógł wiedzieć (nawet sama jego ofiara), że rozwija się on w jego płucach. Skąd tę wiedzę miał doktor Richard Tubb? By uniknąć jakichkolwiek spekulacji, chciałbym powiedzieć, że czegoś takiego nie robi się tak po prostu, f
prewencyjnie.

O Boże! Widziałem skutki uboczne węglika!

Tak. Żaden człowiek, a tym bardziej lekarz, nie narażłby członków swojego rządu na skutki uboczne w postaci halucynacji, nagłych skurczów, mimowolnych zachowań, depresji i wielu innych. Mówimy tutaj o prezydencie USA i jego ekipie rządowej, która nosi ze sobą walizkę nuklearną. Tego się nie robi.

No tak, jeśli wyobrażę sobie prezydenta z halucynacjami, to zaczyna się robić niebezpiecznie.

Właśnie. Jeśli lek wywołuje lęki, depresję i wiele innych objawów... W 44% powoduje także biegunkę. Chyba nikt nie chce wysiać potowy ekipy rządowej do toalety w taki dzień, jak ten, w którym Ameryka jest rzekomo atakowana.

Wie Pan, co mi właśnie przyszło do głowy? Czy wojna w Iraku mogłaby być skutkiem ubocznym podania tego preparatu?

(śmiech) Nie. Co to, to nie. Bardzo dobrze, że Pan o tym wspomina, bo wojna w Iraku miała miejsce dopiero w 2003 roku. Musimy to połączyć. Wiem, że to trochę skomplikowane: 2001, Irak i 2003. Po co w ogóle był ten waglik?

W przypadku tych czterech samolotów obwiniano Osamę bin Ladena i Al-Kaidę. Dlatego zaatakowano Afganistan. Waglik był po to, aby natychmiast, już w 2001 roku, móc zaatakować Irak. Pojawiło się wiele doniesień medialnych opartych na oświadczeniach rządu, że ta broń biologiczna w postaci waglika zawierała bentonit jako dodatek i że jest to jak linie papilarne Iraku.

Natychmiast w telewizji pojawił się John McCain i zapowiedział quasi-wojnę. Problemem jest to, że po pierwsze w środku nie było bentonitu, tylko krzem i cyna, w związku z czym można było na 100% stwierdzić na podstawie testów

genetycznych, że ten węglik pochodził z amerykańskiej armii. To, co mówię, zostało całkowicie potwierdzone. Rząd USA to przyznał. FBI musiała to potwierdzić. Wszystko to można znaleźć. Oznacza to, że to nie był Irak, tylko wewnętrzny atak na swoich obywateli, na wysokiej rangi polityków. Po raz pierwszy zamknięto wtedy parlament. Coś podobnego mamy dzisiaj z koronawirusem.

Zdaje się, że Bundestag jest obecnie również zamknięty, a przynajmniej Izba Deputowanych.

Tak. Coś podobnego miało miejsce w 2001 roku. Przypomina to pożar w Reichstagu, po którym pod dużą presją przyjęto ustawę o nadzwyczajnych pełnomocnictwach. W 2001 roku, i to jest bardzo ważne, uchwalono Patriot Act, ekstremalnie ograniczając prawa obywatelskie. Przy tym - to jest prawie nieznane - uchwalono również ustawę epidemiologiczną, tę, która stworzyła podstawę dla dzisiejszych ograniczeń praw obywatelskich.

Ta modelowa ustawa, uchwalona w grudniu 2001 roku, w sekcji 603 zawiera również przepis dotyczący szczepień. Jest w nim napisane, że jeśli gubernator, w naszym przypadku premier kraju związkowego, uzna, że istnieje zagrożenie dla zdrowia lub nawet jego możliwość - jest to więc naprawdę „gumowy” paragraf - może wówczas zmusić każdego do szczepienia. Jeśli ktoś odmówi, zostanie zamknięty. Idzie to jeszcze dalej - można wtedy skonfiskować praktycznie każdą własność.

Jeśli się nie zaszczepię, stracę swoją własność?

Na zasadzie: skoro ona jest skażona, to można skonfiskować jej własność. Można też wprowadzić inne obostrzenia, na przykład utrudnić ludziom dojazd na demonstracje, rekwirując wszystkie autobusy, bo rzekomo są potrzebne do innych celów.

...albo zakazać zgromadzeń.

Wszystkie te modelowe ustawy zostały uchwalone wraz z innymi już w 2001 roku w wyniku wewnątrzkrainowego ataku węglikiem. I mają właśnie taki skutek. Dlatego już we wrześniu w 2019 roku powiedziałem w wywiadzie: przygotowywane jest „jakieś” ogólnoswiatowe wydarzenie. Jego początek mogliśmy zobaczyć już trzy miesiące później przy okazji koronawirusa. To jest to, co teraz widzimy.

Istnieje też tutaj pewne personalne powiązanie: oba te wydarzenia łączy ze sobą postać lekarza amerykańskiego prezydenta, doktora Richarda Tubba, który, posiadając wiedzę, jakiej nikt inny jeszcze wtedy nie miał, podał antidotum przeciwko węglikowi, a dzisiaj przekazał technologię produkcji szczepionki przeciwko koronawirusowi dwóm wielkim koncernom tytoniowym.

Dr Richard Tubb był w swoim czasie odpowiedzialny w British American Tobacco za zakup firmy Kentucky Bio Processing posiadającej technologię, dzięki której z roślin tytoniu można stworzyć szczepionkę. Jest ona właśnie

produkowana. Konkurent koncernu British American Tobacco, Philip Morris z firmy Marlboro również nawiązał współpracę z tym „wszystkowiedzącym” lekarzem. Niedawno przeszedł z zarządu dużego koncernu do małej kanadyjskiej firmy o nazwie Parallax.

Z kolei Parallax nawiązał współpracę z Philipem Morrisem. Tak, Philip Morris także kupił technologię produkcji szczepionek. To firma Medicago. Przed kilkoma dniami Medicago donosiło: „Hurra, możemy w ciągu zaledwie kilku tygodni masowo wyprodukować szczepionkę przeciwko koronawirusowi!”. Jeśli przyrzeć się temu, co działo się w 2001 roku, to widać wyraźnie, że - tak samo jak w przypadku węgla - chodziło o wewnętrzne ataki. Omówiłem to w bardzo szczegółowy sposób w tamtym dwugodzinnym wywiadzie. Teraz mamy nowe zagrożenie związane z koronawirusem i znowu widzimy tych samych sprawców. Mogę tylko podkreślić, że doktor Richard Tubb miał wiedzę charakterystyczną dla sprawcy. Tych samych sprawców widzimy teraz, gdy, wiedząc coś z góry, opracowują technologię produkcji szczepionek.

Schemat został wypróbowany, sekwencja chronologiczna w ogóle nie pasuje.

Właśnie.

Zaangażowani są ci sami ludzie.

Zgadza się.

A teraz widzimy schemat, który co prawda nie został całkowicie zrealizowany, ale którego początki są ze sobą przerażająco zgodne.

W rzeczy samej. Tak właśnie jest. Wspomniałem już, że w przypadku koronawirusa ma to na tyle duży zasięg, że moim zdaniem zbliża się krach finansowy i reforma walutowa podobna do tej, z jaką mieliśmy ostatnio do czynienia w 1948 roku, gdy 100 reichsmark wymieniano na 6,50 DM. Oczywiście zawczasu nie powinno wiedzieć o tym zbyt wielu ludzi.

Jednak kurs obowiązywał tylko dla środków zgromadzonych na koncie, w przypadku pożyczek był gorszy.

Tak, to jedna sprawa. Jednak jako lekarz chciałbym skupić się na ryzyku zdrowotnym. Widać to bardzo wyraźnie w odniesieniu do szczepionek. Co zdarzyło się w 2001 roku? W 2001 roku w USA tylko jeden producent szczepionek został dopuszczony do ich produkcji - firma BioPort. Dzisiaj nosi ona nazwę Emergent BioSolutions. Kto był jej właścicielem i dyrektorem? Najwyższy rangą żołnierz w USA, generał William Crowe .

Crowe? A ja znów myślałem o Rumsfeldzie.

To trzeba sobie odtworzyć. Dyrektorem został wtedy Jerome Hauer. To on odpowiada! za bezpieczeństwo w Nowym Jorku, gdy miało miejsce to wydarzenie z wieżami. Znów widzimy tych samych ludzi. Tę firmę kupi!

urodzony w Niemczech Libańczyk, Fuad El-Hibriemu. Wolno było mu kupić tę istotną dla bezpieczeństwa firmę (!). Oznacza to, że już w 2001 roku wolno im było nabyć prywatne laboratoria o najwyższym stopniu bezpieczeństwa kraju, w tym także w Anglii w Porton Down, które opracowały antidotum na botoks i węglik. Nawiasem mówiąc, miał tego samego pracodawcę, co Edward Snowden - Booza Allena Hamiltona. Jest to bardzo osobliwe.

Ta firma, znana dzisiaj pod nazwą Emergent BioSolutions, miała monopol na szczepionkę przeciw węglikowi. Kupiono i podano wtedy miliony szczepionek. Tamta szczepionka miała bardzo liczne skutki uboczne, a ryzyko zachorowania w stosunku do zagrożenia było praktycznie zerowe.

Podobnie jak teraz. Znowu musimy zadać sobie pytanie, czy teraz też będzie dostępna szczepionka. Jej wynalezienie i przetestowanie nie będzie trwało lata. Zobaczymy, że rząd wprowadzi ją na specjalnych warunkach, mówiąc: „Nie będziemy teraz czekać na zakończenie doświadczeń na zwierzętach, lecz od razu podamy ją ludziom”. Będzie prawdopodobnie tak, jak w 2001 roku, że firmy produkujące szczepionkę nie będą ponosiły za nią żadnej odpowiedzialności, w tym również prawnej.

Użyje się wówczas argumentu, że z uwagi na aktualną sytuację kryzysową i wszystkie towarzyszące temu okoliczności należy podjąć to ryzyko, gdyż nie ma innej alternatywy. I wtedy dopiero się zacznie.

Właśnie.

Jednak teraz mamy przed sobą dwa zagrożenia. Mam na myśli to, że Istnieją struktury, które planują niewiarygodne rzeczy I, co jest dziwne, inscenizują je przy pomocy polityki i mediów. A ludzie zastanawiają się: „Czy wprowadzą obowiązek szczepień? Czy też mi wstrzykną glin, czy,..”.

.. czy skwalen albo coś innego.

...lub inną truciznę jako adiuwant - muszę tu podkreślić słowo „trucizna”. No i ta druga sprawa. Zamyka się teraz gospodarkę. Podczas dotychczasowych pandemii nie miało to miejsca, nie zamykano niemalże całych miast, regionów, wszystkich branż... i to w już i tak krytycznej inansowo sytuacji. Teraz będzie jeszcze gorzej. Postrzegani to jako coś, co wymknęło się spod kontroli, czyli cały ten system finansowy, i co należy zniszczyć w określonym terminie pod wpływem jakiejś presji.

Cała ta inscenizacja - jeśli tak jest, to kiedyś w końcu się o tym przekonamy - służy w zasadzie temu, by znaleźć winnego, by wykreować kryzysową sytuację bez alternatywnego rozwiązania, tak aby w późniejszym czasie zrzucić winę na te okoliczności, twierdząc, że to nie my jesteśmy temu winni.

Dokładnie tak. Jednak jeszcze raz to podsumuję: naukowe dane, szczególnie te z Włoch, pokazują, że COVID-19 nie zachowuje się wiele inaczej, niż normalny wirus grypy. W związku

z tym pojawia się pytanie, dlaczego w tak nieodpowiedzialny sposób tworzy się taki pakiet obostrzeń. Chciałbym się skupić tylko na tym, jakie zagrożenia zdrowotne on powoduje.

Po pierwsze strach i ta nieodpowiedzialna panika wpływają na zdrowie wszystkich w negatywny sposób. Ponadto należy przyjąć do wiadomości, że nie możemy ufać Światowej Organizacji Zdrowia. Widzieliśmy to już w przypadku świńskiej grypy, na podstawie której udowodniono, że miały wtedy miejsce naprawdę kryminalne machinacje.

To, co teraz powiem, jest dużo gorsze. Informacje te były dotąd blokowane w mediach. Jednak można to sprawdzić, jeśli wejdzie się na stronę Konferencji Episkopatu Kenii zrzeszającej biskupów Kościoła katolickiego w Kenii, państwa leżącego we wschodniej Afryce. Miał to miejsce na przełomie lat 2013/2014. Światowa Organizacja Zdrowia wraz z UNICEF-em, tak zwaną organizacją pomocy dzieciom, przeprowadziła w całym kraju kampanię szczepień przeciwko tężcowi. W odstęпах sześciu miesięcy chciano podać pięć dawek szczepionki. W pierwszej turze zaszczepiono 1,3 miliona dziewcząt i kobiet. Co jest znamienne, zaszczepiono tylko kobiety i to tylko w wieku rozrodczym, natomiast nie szczepiono mężczyzn.

Dlaczego?

Zanim przejdę do pytania „dlaczego”, zwrócę uwagę na inne uderzające fakty. Szczepionkę podawali tylko oficjalni przedstawiciele WHO pod ścisłą ochroną policji. Dokładnie pilnowano, aby szczepionka nie pozostała w żadnej

z 60 lokalnych placówek, gdzie odbywały się szczepienia, ale zawsze zabierano ją do Nairobi.

Czyli ludzie musieli przyjeżdżać na szczepienia, a nie na odwrót.

Nie. Strzykawki byty, ale szczepionka, ampułki ze szczepionką były przywożone i podawane pod ścisłą kontrolą oficjalnych przedstawicieli WHO i pod eskortą policji. Puste lub prawie puste buteleczki ze szczepionką należało zwracać.

Właśnie to zwróciło uwagę lekarzy w Kenii oraz Kościoła katolickiego, który od 100 lat odpowiada tam za około 40% systemu opieki zdrowotnej. Przy okazji drugiej kampanii szczepień lekarzom i Kościołowi udało się zabezpieczyć te ampułki ze szczepionką i wysłać je do przebadania do sześciu różnych krajowych i międzynarodowych laboratoriów.

Wtedy okazało się, że ta szczepionka nie zawierała jedynie substancji przeciwko tężcowi, jak twierdziły organizacje WHO i UNICEF, ale także hormon ciążowy beta-hCG. Oznacza to, że nie tylko szczepiono przeciwko tężcowi, lecz również „przeciwko” ciąży.

Czyli ten hormon ciążowy zapobiega zaptodeieniu?

Hormon ciążowy beta-hCG jest niezwykle ważny, by utrzymać ciążę. Jeśli nie ma tego hormonu, dochodzi do poronienia lub w ogóle nie może dojść do zapłodnienia. Szczepionka służy do tego, by układ odpornościowy wytwarzał przeciwciała. Do tego potrzebne są też te adiuwanty,

które prowadzą do prawdziwej rewolucji w organizmie. W szczepionce jest tężec. Wszczepiane są przeciwciała przeciwko tężcowi, czyli dokładnie to, co chce się osiągnąć. Im częściej się szczepi, tym dłużej działa ta ochrona.

Jednak ponieważ w szczepionce znajduje się także hormon ciążowy beta-hCG, organizm wytwarza również przeciwciała przeciwko temu hormonowi. Skutek jest taki, że kobieta nie może zająć w ciążę. To wszystko brzmi strasznie, ale niestety tak wygląda stan naszych badań naukowych od lat siedemdziesiątych. Można o tym przeczytać. Nie zrobiono tego w celu planowania kontroli urodzeń, ale ponad milion kobiet i dziewcząt w wieku rozrodczym w Kenii nie poinformowano o tym, co im wstrzyknięto.

Jednali brzmi to przerażająco, ponieważ wyczytałem gdzieś, że stata za tym Fundacja **Billa** Gatesa. Być może jest Pan w stanie to potwierdzić lub skorygować. Podobno ktoś powiedział, że szczepienia są najlepszym sposobem kontroli populacji.

To powiedział sam Bili Gates. Można znaleźć to nagranie w sieci na YouTube. Sam to sprawdziłem. Początkowo nie bytem w stanie w to uwierzyć, gdy o tym czytałem. Jednak potem znalazłem jego oryginalną wypowiedź.

I co z tym tężcem?

Bill Gates powiedział, że możemy użyć szczepionek do zmniejszenia populacji ludności na świecie.

No świetnie. A czy Istnieje jakieś powiązanie między tą kampanią szczepień przeciwko tężcowi i tą fundacją?

Tak, Fundacja Billa i Melindy Gatesów jest jednym z głównych sponsorów tych kampanii szczepień. Bezpośrednim ich sponsorem w Kenii był koncern Procter & Gamble. Jest on znany z licznych produktów kosmetycznych i pampersów.

Dlaczego koncern od pampersów? Przecież teoretycznie chcą sprzedawać pieluchy?!

No tak, dlatego jest to tak rażące. Również niemieccy aktorzy latają do Afryki, aby z logiem pampersów i UNICEF-u na klatce piersiowej robić reklamę tej szczepionki przeciwko tężcowi. Na przykład Heiner Lauterbach czy też Christian Ulmen, którzy polecili tam ze swoimi żonami, z którymi razem pozwali do zdjęć, trzymając ciemnoskóre dziecko na rękach.

Ci aktorzy, tacy jak Lauterbach i Ulm oczywiście nic o tym nie wiedzieli. Pozostali też nie. Jednak to miało miejsce. Sami poszukajcie tej informacji. Wystarczy wejść na stronę www.kccb.or.ke Konferencji Episkopatu Kenii, a następnie wpisać w wyszukiwarce na stronie jako słowo kluczowe wyraz „tężec”, by zapoznać się z tym komunikatem prasowym. Podpisało go dwudziestu biskupów, w tym także administrator apostolski w Kenii, czyli bezpośredni zastępca papieża. Udowodniono, że szczepionki

zawierają hormon ciążowy. Można to wszystko przeczytać. Jest też tam umieszczony dobry artykuł naukowy z 2017 r., Oller Et. al, gdzie jest wszystko szczegółowo opisane.

Dlaczego większość społeczeństwa nic o tym nie wie? Zaczynam mieć wrażenie, że nie możemy ufać WHO, przemysłowi farmaceutycznemu, naszym przywódcom, rządowi ani też mediom. Co tu się dzieje?

Właśnie, co tu się dzieje? Myślę, że ludzie powinni teraz popatrzeć na ulicę i przyjąć do wiadomości, że reakcja jest niewspółmierna do zagrożenia. Zawsze jest ktoś, kto robi coś złego i ktoś inny, kto na to pozwala. Musimy przyznać, że przez całe lata, całe dekady przyzwalał na to. Potęga mediów istnieje i jest skuteczna. Musimy to przyjąć do wiadomości.

Poza Kenią informacja ta nie była szeroko rozpowszechniona. Nawet przez Kościół katolicki. Do dzisiaj - a upłynęło już sześć lat - można tam znaleźć dowody, w tym m.in. podpisane komunikaty prasowe, w których jednoznacznie to udowodniono. Sami biskupi powiedzieli, że sądzą, iż zostało to zastosowane w celu ukrytej kontroli urodzeń. Dlatego muszę dziś tutaj, gdy cały świat domaga się szczepionki, wyraźnie ostrzec: nie możemy mieć pewności, co będzie w tych szczepionkach.

Sądzę, że jest to jasne, a obecnie stało się jeszcze jaśniejsze. Bardzo dziękuję Panu, Panie Schöning. Teraz wiemy, co się tu dzieje. To oczywiste, że ludzie muszą zdać sobie sprawę, że ukrywa się przed nimi wiele

ważnych informacji, takich jak te, którymi Pan się dzisiaj z nami podzielił, i jakie wiąże się z tym ryzyko dla ich życia, zdrowia, a nawet ich planów rodzicielskich.

Tak. Chciałbym to krótko podsumować.

Oczywiście. Chciałbym również, abyśmy ponowne przyjrzeni się całości i być może nakreślili jakieś pozytywne perspektywy.

Tak. Ma Pan rację. To są twarde fakty, o których musiałem powiedzieć z uwagi na swoją odpowiedzialność jako lekarz. W przysiędze lekarskiej, przysiędze Hipokratesa, jest napisane, że należy pomagać ludziom, gdyż tego wymaga sztuka lekarska, bez względu na status danej osoby. Ponadto jestem także oficerem Bundeswehry. Mam wykształcenie oficerskie i jak wszyscy inni oficerowie przysięgałem być dzielny. Paragraf jedenasty prawa żołnierskiego mówi: nie wolno wykonywać rozkazów sprzecznych z prawem karnym.

Obowiązuje to również teraz, gdy dyskutuje się o tym, by użyć Bundeswehry wewnątrz kraju. Odnośnie do tego muszę powiedzieć wszystkim moim kolegom, a szczególnie wszystkim oficerom: naszym obowiązkiem jest ujawniać fakty! Nie chodzi o moją osobę. Do tej pory jeszcze mnie nie zniśławiano, nie ma na mój temat żadnej strony na Psiram ani wpisu w Wikipedii. Wystarczy jedynie sprawdzić fakty.

Proszę wszystkich, aby to sprawdzili. Dobrą wiadomością jest to, że koronawirus COYID-19 nie jest bardziej

niebezpieczny od innych wirusów grypy. Jego śmiertelność wynosi obecnie około 1%, podczas gdy wirus SARS miał około 10-procentową śmiertelność, a wirus MERS powyżej 30%. Informacja ta została ponownie podana w wywiadzie z wirusologiem ze Stowarzyszenia Helmholtza. Krótko mówiąc to, co się tutaj dzieje, jest nieadekwatne. Nie sądzę, aby ktokolwiek mógł lepiej wytłumaczyć ryzyko finansowe niż Ernst Wolff, którego filmy wideo i wywiady mogę gorąco polecić.

Chciałbym ograniczyć się do zagrożeń zdrowotnych, a te wiążą się ze szczepionkami. Podobnie jak w 2001 roku w przypadku ataków z użyciem węgla - ktoś ma na tyle obszerną wiedzę na ten temat, że z powodzeniem mógłby być sprawcą tego.

To dr Richard Tubb. Ten sam, który 11 września 2001 roku, na trzy tygodnie przed tym, zanim świat mógł się o tym dowiedzieć, podał wszystkim znajdującym się w samolocie prezydenckim Air Force One antidotum przeciwko węglowi, a który dzisiaj, wspierając przemysł tytoniowy, nabył technologię w British American Tobacco oraz firmę Kentucky Bioprocessing, która produkuje szczepionkę przeciwko koronawirusowi. Za pośrednictwem firmy Parallax, właściciela firmy biotechnologicznej Medicago, doradza obecnie Philipowi Morrisowi. Obie te firmy będą teraz produkowały szczepionkę, która bez przeprowadzenia szczegółowych testów i na specjalnych warunkach zostanie podana milionom ludzi. Szczególnie przed tym chciałbym dziś ostrzec.

?

N

O

^

9

K

f

D

S

S

o

"

Jak można się przed tym bronić wobec tak idiotycznego obowiązku szczepień?

Właśnie. Jak można się bronić przed tymi niewspółmiernymi obostrzeniami związanymi z koronawirusem? Jak można bronić się przed tym, gdy zostanie wprowadzona szczepionka, którą będą reklamowały media? Czy będzie dobrowolna czy też wprowadzi się ją pod przymusem? To wszystko się jeszcze okaże.

Mamy już przymus szczepień przeciwko odrze. W Danii podjęto już taką decyzję i zapisano w prawie, że w przypadku odmowy można korzystać ze wsparcia wojska. Niestety, przesłanie, które muszę teraz Państwu przekazać, brzmi niezbyt optymistycznie: nie możemy w pełni ufać tym, którzy nami rządzą.

Co robić? Można protestować, demonstrować..., lecz właśnie tego nie wolno nam obecnie robić. Nie możemy się gromadzić, bo wszystko jest zamknięte. Ludzie są zdezorientowani. Nie chcą się spotykać z innymi, ponieważ został im wszczepiony lęk, że mogą się zarazić śmiertelnym wirusem. Nie możemy nawet zamawiać książek. Zobaczymy, jak długo jeszcze będzie działać internet i telefony.

I to jest haniebne. Mogę tylko wezwać wszystkich lekarzy, wszystkich oficerów i obywateli, aby sprawdzali poszczególne przypadki, źródła i wypowiedzi oraz działali solidarnie. Jak możemy poprawić sytuację? Działając jednomyślnie i ujawniając te kryminalne struktury, te rodziny mafijne. To nie jest coś dane nam od Boga, to przestępstwo.

Jedną z możliwości opisałem już na www.wirkraft.org. Sądzę, że powinniśmy trzymać się razem, być solidarni. Mogę tylko powiedzieć: otwórzcie drzwi, wyjdźcie z domu, rozmawiające z sąsiadami, wymieniajcie się informacjami, bądźcie solidarni i informujcie się. Dobrze się odżywiajcie, zróbcie sobie przerwę na sport i na rozmowy z rodziną. Sprawdzajcie informacje niezależnie od tego, co ja Wam dziś mówię. Życzę Wam wszystkiego dobrego.

Serdecznie dziękuję, Panie Schöning. Krótco jeszcze dodam od siebie: jeśli przebywacie na kwarantannie lub jesteście zaniepokojeni tym wszystkim i trafiliście na to wideo, prześlijcie je dalej i to jak najszybciej. Miejmy nadzieję, że w końcu skończy się kwarantanna oraz zakaz demonstracji. Dlatego ważne jest, aby rozpowszechniać to wideo. Zróbcie też sobie kopię zapasową, jeśli ktoś uważa, że to *fake news*. Serdecznie dziękuję i wszystkiego dobrego. Pozostańcie zdrowi.



5. PROR MED. JOHAN GIESECKE

5.1 Tsunami łagodnej choroby¹¹

17 kwietnia

Witam i dziękuję, że jesteście Państwo z nami Oglądacie LQCKDOWNTV, wiadomości i dyskusję na UnHerd. Przez cały czas lockdownu zapraszamy do nas interesujących ludzi oraz prowadzimy rozmowy, aby wspólnie ustalić, co się dzieje i jak powinniśmy myśleć o obecnym kryzysie. Cieszę się ogromnie, że dzisiaj moim gościem jest prof. Jołiam Giesecke ze Szwecji. Profesorze Giesecke, dziękuję, że znalazł Pan dzisiaj czas.

Cała przyjemność po mojej stronie.

¹¹ LockdownTV [2020.10.12]. *Swedish expert Why lockdowns are the wrong policy* Dostęp: <https://www.youtube.com/watch?v=bIN2JWifLCY>

Gdyby mógł Pan mi trochę pomóc. Jeśli dobrze pamiętam, początkowo szkolił się Pan w The London School of Hygiene & Tropical Medicine?

Nie, to zaczęto się znacznie wcześniej. Początkowo w latach osiemdziesiątych byłem lekarzem klinicznym zajmującym się chorobami zakaźnymi i dużo pracowałem z pacjentami z AIDS. To właśnie doprowadziło mnie do epidemiologii. Później, na początku lat dziewięćdziesiątych, spędziłem rok lub dwa w The London School of Hygiene & Tropical Medicine, a następnie wróciłem do Szwecji, gdzie zostałem głównym epidemiologiem kraju, co oznacza, że kontrolowałem tam wszystkie choroby zakaźne.

Taką pracę wykonuje teraz Anders **Tegnell**.

Właściwie to ja go zatrudniłem dwadzieścia lat temu. W tamtym czasie byłem jego szefem. A teraz on jest moim, ale pracuje całkiem dobrze.

Natomiast Pan został wtedy głównym naukowcem w Europejskim Centrum ds. Zapobiegania i Kontroli Chorób?

Tak.

Czym zajmuje się Pan obecnie?

Doradzam Szwedzkiej Agencji Zdrowia Publicznego. Tak naprawdę jestem na emeryturze i robię to głównie dla przyjemności.

A Światowa Organizacja Zdrowia? Wspomniał Pan wcześniej, że rozmawiał dzisiaj z nimi telefonicznie. Czy jest Pan z nimi w stałym kontakcie?

Tak, wraz z grupą innych, doświadczonych naukowców doradzam dyrektorowi generalnemu WHO, ale robię to nieodpłatnie. W pewnym sensie to honorowe stanowisko.

Ustaliliśmy zatem, jakie ma Pan kwalifikacje zawodowe, by móc teraz z pełnym zaufaniem i przekonaniem co do nich przejść do rozmowy na temat pandemii. Istnieje dużo niejasnych opinii oraz sporo zamieszania w tej sprawie. Jaka powinna być właściwa reakcja na zagrożenie takie jak COVID-19? Zależy mi na tym, by na początku naszej rozmowy uzyskać od Pana kluczowe informacje o temat tego, czym różni się Szwecja od innych krajów w swoim podejściu do pandemii i co Pana zdaniem o tym zdecydowało?

Głównym powodem jest to, że my, czyli szwedzki rząd, dość wcześnie, gdyż już w styczniu, zdecydowaliśmy, że środki, które powinny zostać użyte w walce z pandemią, winny opierać się na naukowych dowodach. Kiedy rozejrzy się Pan wokół, jakie rozwiązania są aktualnie stosowane przez inne kraje, dostrzeże Pan, że tylko bardzo nieliczne są oparte na śladowej ilości dowodów naukowych. Jeden z nich, bazujący na naukowych danych, jest nam znany od 150 lat lub dłużej, a jest nim mycie rąk, które jest wskazane dla Pana i innych osób podczas epidemii. Jednak pozostałe,

takie jak zamykanie granic i szkół oraz dystans społeczny w większości przypadków nie są poparte prawie żadnymi dowodami naukowymi.

A zatem jaka jest aktualna strategia Szwecji? Dystans społeczny jest częścią tej polityki, nieprawdaż?

Zgadza się.

Jakie zasady przyjęła Szwecja?

Zasadniczą różnicą w porównaniu do innych krajów jest to, że w Szwecji nie jesteś zamknięty w domu. Jeśli wychodzisz kupić jedzenie do sklepu spożywczego lub po lekarstwa, policjant nie zatrzyma Cię i nie zapyta: „Co Pan tutaj robi?”. Ponadto prosi się ludzi, aby zostali w domach, ale nie egzekwuje się tego i nie stosuje przymusu. Jednak ludzie stosują się do tego. Dalej obowiązuje zasada, że nie można gromadzić się w grupy liczące więcej niż 50 osób.

Więc mógłbym zorganizować imprezę na 49 osób? Owszem.

Gdybym chciał.

Tak, mógłby Pan. Szkoły ponadpodstawowe i uczelnie są zamknięte, natomiast szkoły dla dzieci powyżej piętnastego i szesnastego roku życia są otwarte. Ponadto nie ma odwiedzin w domach opieki i domach starców.

A zatem wygląda to na umiarkowane zasady związane z przestrzeganiem dystansu społecznego.

Tak, zgadza się.

To jest bardzo podobna strategia do tej, którą kierowała się Wielka Brytania, zanim nie pojawiła się słynna publikacja Imperiał College, w której przedstawiono modele dla chorób zakaźnych. Następnego dnia po jej ukazaniu się zmieniliście w Anglii politykę o 180 stopni.

Tak, przypomina nam się o tym. Pierwotna strategia przyjęta w UK stała się znana jako strategia odporności stadnej.

Tak.

Tak zostata nazwana. Porozmawiajmy o modelu Imperiał College. Czy słuszne jest używanie terminu „stadna odporność” i czy właśnie na tym polega szwedzka strategia?

To nie jest strategia, odporność stadna jest jedynie efektem ubocznym tych działań. Nasza strategia polega na ochronie osób starszych i słabych, próbie zminimalizowania ryzyka zakażenia się przez nie oraz opiece nad nimi, gdyby tak się stało. Jeśli postępuje się tak jak my, to prawdopodobnie społeczeństwo nabywa wówczas odporności stadnej. Ale, jak wspominałem, jest to efekt uboczny, a nie główny cel naszych działań.

A zatem wedlug Pana początkowa reakcja UK wydawata się podobna do tego, co obecnie robi Szwecja i uważa Pan, że byto to lepsze podejście?

Tak. Byto to bardzo dobre podejście, byliśmy bardzo zadowoleni z tego rozwiązania. Przyjęliśmy taką samą politykę jak UK, co uwiarygadniało nasze działania. Ale potem Pan Johnson zrobił zwrot o 180 stopni.

Wie Pan zapewne, że do gfosu mogły dojść inne, polityczne czynniki. Johnson był pod wielką presją, ponieważ w tamtym czasie wiele państw europejskich się zamykało. Jednak punktem zwrotnym wydaje się raport stworzony przez Imperial College, który przewidywał 510 000 zmarłych w UK, jeśli nie zostaną zastosowane żadne restrykcje, 250 000 zgonów, jeżeli wdrożymy częściowe ograniczenia podobne do tych, które stosujecie w Szwecji, a tylko 20 000 zmarłych, jeśli zostanie wprowadzone całkowite zamknięcie, czyli lockdown. Jakie było Pana pierwsze wrażenie odnośnie do tego raportu?

Uważam, że ten raport nie jest dobry. To, czego częściowo nie dostrzegają autorzy tej publikacji, to fakt, że te wszystkie modele dotyczące rozprzestrzeniania się chorób zakaźnych - wiele znanych osób je wykonuje - są dobre do nauczania, ale rzadko ukazują prawdę. Nawiasem mówiąc, który model mógł zakładać, że wybuch epidemii nastąpi w północnych Włoszech w Europie? Trudno to modelować.

Każdy taki model wygląda na skomplikowany, gdyż mimo iż posługuje się skomplikowanymi wzorami matematycznymi, całkami itp., to wciąż bazuje jedynie na założeniach. A założenia zawarte w tym artykule mogłyby być mocno krytykowane. Nie będę jednak w to brnął, bo zajęłoby to cały dzień. Ten artykuł nie został nigdy opublikowany, nie był recenzowany, co z punktu widzenia naukowego powinno zostać zrobione. To tylko wewnętrzny raport wydziału Imperiał College i nie wydaje mi się, aby jakiegokolwiek inne przedsięwzięcie naukowe wywarło takie wrażenie w świecie jak ten raczej... dyskusyjny artykuł.

A zatem czy Pana zdaniem ten raport był nadmiernie pesymistyczny?

Tak i to bardzo.

W takim razie wie Pan, że to wszystko w pewnym stopniu sprowadza się do spekulacji. Jak Pana zdaniem poważna jest ta choroba i jakiego rzędu mielibyśmy teraz ofiary śmiertelne, gdybyśmy przyjęli bardziej umiarkowane, łagodniejsze podejście?

Cóż. Nie wiem, jaka jest obecnie liczba ofiar śmiertelnych w UK.

Ponad 13 000.

Więc zbliżacie się do 20 000.

Tak.

Jednak prawdopodobnie nie do 510 000... Tak bynajmniej myślę... Proszę pozwolić mi wrócić do jeszcze jednej rzeczy. Odnośnie do modelu to jest on chybiony, ponieważ zakłada, że możliwości szpitali pozostaną takie same. A tak nigdzie się nie dzieje. W Szwecji trzykrotnie zwiększyliśmy możliwości intensywnej terapii i myślę, że w UK również taka sytuacja ma miejsce. Ale ten artykuł kompletnie tego nie uwzględnia. Mówi się w nim o tym czynniku jako o czymś niezmiennym.

Argumentem, którym w tej sytuacji posłużyliby się ludzie popierający lockdown, czyli przytłaczająca większość polityków i osób ze świata mediów, jest to, że powodem spłaszczenia się krzywej oraz stopniowego dziennego spadku liczby zgonów jest lockdown. To według nich dowodzi, że ta polityka zadziałała, a profesor Neil Fergusson, który napisał bądź też przewodził tworzeniu publikacji z Imperial College, podtrzymuje swoje przewidywania, że gdyby nie zastosowano lockdown, zmarłoby 500 000 ludzi. Jeśli więc to nie lockdown spowodował spłaszczenie krzywej, to co innego mogło się do tego przyczynić?

Jedną kwestią jest odporność. Drugą to, że najpierw będą umierali ludzie słabi i starzy. A gdy ta grupa osób zmniejszy się, to liczba zmarłych również się obniży.

Czy w takim razie oznacza to, że w miarę jak choroba będzie przechodzić przez całą populację, to nastąpi jej drugi i trzeci szczyt?

To byłby jakiś element strategii, ponieważ jedynym sposobem na zweryfikowanie tego jest zniesienie jednej dowolnej restrykcji, na przykład ponowne otwarcie szkół, i ocena tego. Musisz to zobaczyć i naocznie stwierdzić: „Liczby znowu rosną, umiera więcej ludzi, musimy to powstrzymać, trzeba się wycofać z łagodzenia tej restrykcji i wypróbować inną”.

Tak będzie wyglądać strategia wyjścia we wszystkich krajach. Powoli poszczególne państwa będą znosić poszczególne ograniczenia, obserwując, co się dzieje przez kolejne dwa lub trzy tygodnie. Jeśli stwierdzimy: „Och, to nie zadziałało”, wznawiamy tę restrykcję i próbujemy z kolejną. Być może okaże się, że to ta właściwa. Wówczas stwierdzimy: „To działa”. Każdy kraj będzie musiał pójść tą ścieżką. A to oznacza, że wzrastająca liczba zgonów będzie częścią weryfikowania, która strategia powinna zostać utrzymana.

Co innego można zrobić zamiast tego?

Nie można zrobić nic innego. Kiedy po raz pierwszy, czyli sześć tygodni temu, usłyszałem o drakońskich krokach, które wówczas podjęto, zadałem sobie pytania: „Jak oni chcą się z tego wycofać? Kiedy otworzą szkoły? Jakie kryteria powinno się przyjąć, by ponownie otworzyć placówki edukacyjne? Czy którykolwiek z tych silnych i bardzo

stanowczych polityków w Europie pomyślał, jak się z tego wszystkiego wydostać, gdy to wdrażali?". Jestem przekonany, że stanie się to problem również dla UK.

Zatem dla porównania weźmy pod uwagę sąsiadujące ze Szwecją kraje skandynawskie.

Dobrze.

Ze względu na to, że wiele osób rozsyła te wykresy, ilustrujące, że Dania, Norwegia i Finlandia notują znacznie mniej zgonów na jednego mieszkańca niż Szwecja, na których te liczby wciąż rosną, uznano to za dowód na to, że Szwecja powinna wprowadzić bardziej drakońskieM lockdown. Co by Pan powiedział tym osobom?

No cóż, po pierwsze, jeśli chodzi o Danię, jest to nieprawda. Po drugie istotną rzeczą w kontekście Norwegii jest to, że domy opieki społecznej w tym kraju są zwykle małe, podczas gdy w Szwecji duże, mieszczące setki osób, Z co oznacza, że jeśli wirus przedostanie się do jednego norweskiego domu opieki, to dotknie znacznie mniejszej liczby osób niż w tych dużych. To jeden z powodów, ale nie jedyny. Jeśli chodzi o Finlandię, to epidemia w tym kraju tak naprawdę nigdy nie nabrała tempa, ponieważ podjęto właściwe kroki, zanim cokolwiek się zaczęło. Uważam, £ że powinniśmy porozmawiać o tym za rok od teraz, czyli 2 17 kwietnia 2021 roku. Myślę, że różnica między tymi kra- " jami będzie wtedy bardzo niewielka.

Pana zdaniem surowość środków zapobiegawczych nie odegra aż tak wielkiej roli?

Nic. Sądzę, że nie. Czy mam Panu powiedzieć, co na prawdę o tym myślę?

Tak, proszę.

Prawie nigdy tego nie robię. Myślę, że to, co teraz obserwujemy, to tsunami zazwyczaj całkiem łagodnej choroby, która rozprzestrzeniła się w Europie, wobec której jedne kraje postępują tak, inne inaczej, a jeszcze inne w ogóle nic nie robią. Ostatecznie różnica między nimi będzie bardzo niewielka.

Co Pan ma na myśli, mówiąc, że jest to **całkiem** łagodna choroba?

To, że większość ludzi będzie ją przechodzić, nawet nie zauważając tego.

Czy to oznacza, że Pana zdaniem rzeczywisty współczynnik umieralności na tę chorobę jest znacznie niższy niż te liczby, o których nam się mówi?

O wiele niższy.

Czy w takim razie może Pan powiedzieć, z jakiego rzędu współczynnikiem śmiertelności mamy faktycznie do czynienia?

Myślę, że będzie to wyglądać podobnie, jak w przypadku sezonu ostrej grypy - może około 0,1 %.

A zatem to by sugerowało, że w przypadku takiego kraju jak UK, który zbliża się do 20 000 zgonów, wiele milionów ludzi już przeszło tę chorobę?

Tak,

Czy uważa Pan, że jest to prawdziwe również w przypadku Szwecji, to znaczy, że znaczny procent populacji tego kraju ma to już za sobą?

Tak. Właściwie jestem tego pewien. Potwierdzimy to, kiedy dostaniemy testy, bo, jak Pan z pewnością wie, tak naprawdę nie mamy jeszcze testów. To znaczy, obecnie są ich dwa rodzaje: jeden (odpornościowy) informuje, że ma Pan wirusa, a drugi (serologiczny), że go Pan miał. Właśnie się je opracowuje i wdraża. Wiem z rozmów prowadzonych z przyjaciółmi w UK, że w zeszłym tygodniu rozpoczęliście od 3500 takich testów. Z czasem liczba ta wzrośnie do 8000 na tydzień. Kiedy dostaniecie testy pokazujące ludziom, że już przeszli tę chorobę, zobaczycie, że większości z nich nie przyszłoby nawet do głowy, że ją mieli.

Jednak jeszcze nie mamy żadnych skutecznych testów na przeciwciała. W każdym razie wydaje mi się, że ich nie posiadamy.

Nie, ma Pan rację. Ale już są w drodze.

Jest Pan pewien, że będziemy je mieć?

Tak. To tylko kwestia czasu.

Jak Pan myśli, co one wykażą, gdy zaczniemy masowo testować ludzi na obecność przeciwciał? Jaki procent populacji przeszedł już tę chorobę?

Przynajmniej potowa.

W UK czy ma Pan na myśli również Szwecję?

Oba kraje.

Zatem wszystkie powody, dla których wprowadzono lockdown w Europie, wywołujący tak niewyobrażalne skutki uboczne, w tym zatrzymujący świat w miejscu, są według Pana nieprzemyślaną polityką? Czy Pana zdaniem wyrządzi to więcej szkody niż pożytku?

Tak właśnie uważam. *Suma sunimamm* osoby, które teraz umierają, i tak zmarłyby kilka miesięcy później. Zatem skrócenie im życia o kilka miesięcy nie jest niczym przyjemnym, jednak w porównaniu do skutków lockdownu... Najbardziej obawiam się dyktatorskich trendów w Europie Wschodniej. Na przykład Orban, który stał się dyktatorem na Węgrzech na zawsze i trudno przewidzieć, kiedy zakończy się tam ta sytuacja. To samo moim zdaniem zaczyna się dzieć w innych krajach. Równie dobrze takie zjawisko może pojawić się w bardziej rozwiniętych demokracjach. Według mnie konsekwencje lockdownu mogą być olbrzymie. Jeszcze nawet nie zaczęliśmy ich dostrzegać.

Zatem uważa Pan, że od początku wybuchu pandemii właściwie obrona polityka powinna polegać na ochronie ludzi starszych i grup ryzyka? To byfoby lepsze?

Ponieśliśmy porażkę na tym polu. Szwecji się to nie udało. Nie byliśmy wystarczająco czujni, by ochronić wszystkich starszych ludzi. Powinniśmy wcześniej ograniczyć wizyty w domach opieki społecznej. Wszyscy ludzie pracujący w tych placówkach są cudzoziemcami, emigrantami, osobami ubiegającymi się o azyl w Szwecji. Ich szwedzki nie jest idealny. Nie zawsze rozumieją informacje przekazywane społeczeństwu. Jest wiele rzeczy, które mogliśmy zrobić lepiej kilka tygodni, kilka miesięcy temu.

Zatem tym, co Pan teraz zaleca i popiera, jest to, byśmy lepiej chronili słabych, a jeśli chodzi o resztę populacji, byśmy pozwilić im przejść przez tę chorobę?

Zasadniczo tak.

Chodzi o...

O odporność stadną, zgadza się.

Jest to powszechnie rozumiane jako strategia odporności stadnej.

Tak. I są inni, nie tylko starzy i słabi, którzy powinni być chronieni. Myślę, że nie można zatrzymać rozprzestrzenienia się [wirusa]. Można to powstrzymać na jakiś czas, ale kraje,

które odniosły sukces w tej kwestii, jak na przykład Korea Południowa, poddają się, gdyż nie są w stanie utrzymać swojej polityki. O Tajwanie nic nie wiem, poza tym że byli dość skuteczni. Podobnie z Singapurem.

Czy jest Pan zdania, że w **przypadku** tych krajów, które są uważane za najbardziej efektywne, to tylko kwestia czasu? A może niektórym z nich udało się całkowicie powstrzymać wybuch epidemii? Czy uważa Pan, że będą one w stanie kontynuować to jej powstrzymywanie?

Nie, nie będą.

Jak zatem powinniśmy oceniać ich sukces w tej kwestii? Wydaje się, że liczba zgonów jest uczciwym miernikiem, ale jeśli utrzymuje Pan, że część tych osób i tak później umrze, to niektórym takie podejście może wydawać się zimne i bezduszne. Rozumie Pan, o co pytam? Jeśli mówimy: „Ci ludzie i tak umrą, więc powinniśmy pozwolić, by ta choroba rozprzestrzeniła się w sposób naturalny”, to myślę, że wiele osób może być zdania, że rząd nie może biernie czekać na to, skoro po lockdownie zbliżamy się do 20 000 zgonów. Ile zgonów mielibyśmy, gdyby nie wprowadzono lockdownu? Czy byłoby ich więcej?

Prawdopodobnie trochę więcej, ale ostateczny rezultat byłby raczej taki sam. Zgadzam się z Panem, że mówienie: „oni i tak umrą”, jest nieco bezduszne i okrutne...

Nie postępujemy tak. Natomiast w miejscach, gdzie mamy wielu chorych i sporo ciężkich zachorowań, nawołujemy: „Chrońmy starszych”, „Starajmy się choć trochę spowolnić rozprzestrzenienie się epidemii, by służba zdrowia była wydolna”. Ale tsunami nie ustało. Przetoczy się przez Europę bez względu na to, co zrobimy.

Czy w miarę wzrostu zachorowań w Europie prędzej czy później leczenie ulegnie poprawie?

Tak.

I zdobędziemy dodatkową wiedzę, jak leczyć tę chorobę?

Tak.

Już teraz wydaje się, że początkowe skupienie na respiratorach przesunęło się w kierunku innych pomysłów. Obecnie rozważa się nowe sposoby leczenia tej choroby. Czy to nie jest argument przemawiający za utrzymaniem restrykcji?

Jak długo według Pana w demokratycznym kraju można utrzymywać lockdown? Ile czasu zajmie ludziom powro-
dzenie „NIE”? Można tak postępować w Chinach. Tam
da Pan radę utrzymać blokadę. Może Pan powiedzieć
ludziom, by zostali w domu i zaspawać im drzwi, by nie
mogli wyjść, ale w demokracji nie może Pan tak postąpić.
Po trzech, czterech tygodniach ludzie powiedzą: „Nie znam

i nie spotkaćm nikogo, kto miałby COVID-19, chcę wyjść z domu i pójść do pubu".

Puby są zamknięte.

(*śmiech*). Jak się Panu wydaje, jak długo mógłby Pan trzymać ludzi w zamknięciu, mówiąc: „Zostań w domu, potrzebujesz pozwolenia, by iść do sklepu".

Właściwie to nie potrzebujemy pozwolenia, lecz lockdown został przedłużony o trzy tygodnie. Z pewnością Pan wie, że istnieje ogromne poparcie społeczne dla tej decyzji. To jedno z bardziej interesujących zagadnień dotyczących tej kwestii - w tej chwili społeczeństwo w UK opowiada się za lockdownem. Wydaje się, że niektórym nawet się to podoba.

(*śmiech*).

Być może trudno przekonać ludzi do powrotu do poprzedniego stylu życia, ale... Czy Pana zdaniem, profesorze Giesecke, polityka wprowadzona przez Wielką Brytanię i inne europejskie rządy odniosła sukces? Przez całą swoją karierę był Pan wiodącym epidemiologiem, zajmował się Pan różnymi typami grypy i SARS-em oraz doradzał WHO. Co takiego szczególnego jest w tej pandemii, że doprowadziła do globalnego **lockdownu**?

Nowa choroba, wielu umierających ludzi. Tak naprawdę nie wiemy, co się stanie. Myślę, że ten strach przed

zarażeniem jest czymś pierwotnym u ludzi. Ponadto demonstracja swej siły politycznej. Zdecydowanie, stanowczość, siłą są bardzo ważne dla polityków.

Czy nie wydaje się Panu, że fakt, iż ten wirus pochodzi! z Chin, a my byliśmy świadkami tak wyolbrzymionej reakcji - poddanie kwarantannie całych prowincji i tym podobne - nadało temu ton?

Zgadza się.

Właściwa reakcja?

Mogło tak być. Mogło to wyzwolić reakcję: „Postąpmy tak jak Chińczycy”. Jednak nie możemy porównywać się do Chin, to zupełnie inny świat. Czy sądzi Pan, że, chcąc chronić ludzi starszych, jesteście w stanie tak długo utrzymać lockdown, aż znajdzie się właściwe lekarstwo i szczepionki na tę chorobę? Ile? Sześć miesięcy? Rok? Osiemnaście miesięcy? Myślę, że ludzie mieliby już tego trochę - nawet ci popierający politykę Waszego rządu.

Podczas naszej rozmowy nasunęło mi się kilka konkretnych pytań. Po pierwsze ile zgonów przewiduje Pan w Szwecji? Zbliżacie się do 1400?

Myślę, że to będzie wyglądało tak, jak w przypadku ostrej grypy. I co ciekawe, gdy nadchodzi grypa, wszyscy mówią: „Och, zaczyna się sezon grypowy”. Jak każdej zimy można wówczas przeczytać w gazetach: „Już jest

grypa", która zwykle uśmierca około tysiąca do dwóch tysięcy osób. Jednak to jest normalne. To grypa, mamy ją każdego roku. Ci ludzie są w podeszłym wieku i wkrótce i tak by zachorowali, więc nikt się zbytnio nie przejmuje grypą jako taką. Uważam, że gdyby grypa pojawiła się jako nowa choroba, której nigdy wcześniej nie mieliśmy, to spotkalibyśmy się z dokładnie taką samą reakcją jak obecnie. Sądzę zatem, że liczba zgonów byłaby taka sama jak w przypadku ostrej grypy zimą. Jaka wielka jest Wasza populacja? 50 milionów?

65 milionów.

65 pomnożone przez sześć dałoby 12 000 przypadków wUK.

Już osiągnęliśmy 13 000.

Może 18 000. Wiele zgonów spowodowanych grypą i tak nie jest rejestrowanych... Rozumie Pan, co roku macie normalny sezon grypowy, więc myślę, że teraz jest podobnie. Może być dwa razy więcej zgonów, ale nie dziesięć razy.

Raporty z poszczególnych szpitali bardzo się różnią, nieprawdaż? To znaczy, że sposób, w jaki rozwija się ta choroba, wydaje się inny niż w przypadku tradycyjnej grypy.

Tak, jest pewna różnica. To nic jest ta sama choroba co grypa. Charakter tej epidemii nie różni się od niej znacząco.

Jest jednak kilka różnic, na przykład grypa rozprzestrzenia się w społeczeństwie przez dzieci, które też są dotknięte tą chorobą, ale im ona za bardzo nie szkodzi. Przenoszą grypę między pokoleniami. Nie mają objawów i mocno nie zarażają. Zatem istnieją pewne różnice epidemiologiczne między tymi dwoma chorobami.

Mówiąc o osobach starszych, takich jak Pan, oraz dzieciach, wiele osób odpowie, że również nitodzi ludzie umierają na COVID-19. Mamy takie przypadki. Dane ze Stanów Zjednoczonych sugerują, że duża liczba hospitalizacji dotyczy młodszych osób. Zatem czy słusznym jest opisywanie tej choroby jako choroby ludzi w podeszłym wieku?

Ale grypa również zabija ludzi. Jeśli spojrzymy na dane, to osoby poniżej 50 roku życia stanowią wyraźną mniejszość wszystkich przypadków.

Ja mam 38 lat. Stoję jakby na granicy pomiędzy młodością a starością. Co Pan poradziłby ludziom młodym, młodszym ode mnie? Mam na myśli to, czy Pana zdaniem powinni prowadzić jakąś kampanię na rzecz złagodzenia lockdownu, ponieważ jest on niewłaściwym rozwiązaniem? Jakie są inne zagrożenia dotyczące młodych? Wmawia się nam, że młodzi roznoszą wirusa, mimo że sami nie są na niego podatni. Jak powinniśmy postępować wobec ludzi młodych?

Nie można powiedzieć, że jest zupełnie bezpiecznie, to znaczy, że wśród młodych ludzi również znajdą się tacy, którzy umrą. Jednak to, co Pan powiedział, jest słuszne - powinni myśleć o chronieniu innych. To ważne, ponieważ często się przemieszczają i dopóki sami się nie zarażą i nie zyskają odporności, nie powinni zbyt często spotykać się ze swoimi babciami i dziadkami.

Co w Pana opinii brytyjski rząd powinien teraz zrobić? Czy powinniśmy powiedzieć: „Dobrze, ogłaszamy koniec **lockdownu**”?

Nie, nie możecie tego zrobić, bo będzie fala nowych przypadków. Prawdziwy szczyt zachorowań nastąpi w tydzień lub dwa po tym, jak zakończycie lockdown. Teraz musicie schodzić z tej drabiny po jednym szczeblu. Możecie zacząć od szkół. To ważne dla społeczeństwa. Mam na myśli to, że w Szwecji mamy około milion dzieci w wieku 0-10 lat, które potrzebują opieki. Jeśli nie są w szkole, to ktoś musi z nimi zostać.

Jedna z moich znajomych jest pielęgniarką, szefową izby przyjęć oddziału ratunkowego tutaj w Sztokholmie. Każdego dnia rano modli się, by rząd nie zamknął szkół podstawowych, bo wówczas straci personel biurowy. Zatem zamknięcie szkół to jedna rzecz, ale uważam, że trzeba wprowadzać zmiany krok po kroku.

Interesujące jest to, że teraz po lockdownie kraje europejskie zbliżają się do szwedzkiej strategii zarządzania

ludzi z odpornością, którzy mogą wrócić i pracować w szpitalach bez kombinezonu itp.

Czy byłaby to część szwedzkiej strategii?

Tak.

Cóż... Jeśli chodzi o to, jakie kroki podejmiemy w Szwecji... Z pewnością Panu wiadomo, że towarzyszy nam ogromna presja i że bardzo wiele osób chce udowodnić, że to był błąd. Czy według Pana Szwecja będzie kontynuować tę samą strategię?

Nie sądzę, by było trudniej. Obecnie dyskutujemy nad otwarciem ostatniego roku nauki szkolnej, by młodzież, która spędziła w szkole 12 lat, mogła świętować jej zakończenie. W Szwecji to ważna i duża sprawa. Nie chodzi zresztą o samo świętowanie, które towarzyszy zakończeniu nauki, ale o to, by ludzie, którzy kończą teraz szkołę, zdali egzaminy, otrzymali oceny itp.

A zatem uważa Pan, że krzywa w Szwecji poprawia się na tyle, by rozpocząć łagodzenie kolejnych restrykcji?

Tak.

Jak to osiągnęliście bez lockdownu? Czy Pana zdaniem udało się to uzyskać wyłącznie za pomocą dobrowolnego dystansu społecznego?

To nie jest prawo, lecz rozporządzenie, które nie jest tak ważne jak ustawa. W przypadku restauracji przepis mówi, że może Pan jeść tylko na siedząco. Jedzenie powinno być gorące i serwowane do stolika. Nie można pić na stojąco. Jeśli chce Pan zamówić piwo, to musi Pan siedzieć przy stoliku, który znajduje się w odległości pięciu stóp od kolejnego.

To jest teraz kontrolowane, ale nie przez rząd. To lokalni urzędnicy ds. zdrowia sprawdzają restauracje. W sytuacji gdy dwie lub trzy z nich zostały zamknięte, ponieważ stoliki znajdowały się zbyt blisko od siebie albo ludzie stali przy barze, pozostali restauratorzy zastosowali się do tych zasad. Nie potrzebujemy do tego ustawy. Ludzie są świadomi, że jeśli pojawi się MOH¹², to zamknie im interes.

Kiedy to minie? Kiedy będziemy mogli wrócić do normalności bez przestrzegania dystansu społecznego? Jakie będą wskaźniki służące podjęciu takiej decyzji?

To bardzo dobre pytanie. Nie jestem pewien, czy potrafię na nie odpowiedzieć. Jednak z pewnością wyjście z lockdownu zajmie kilka miesięcy.

Otwierać się?

Tak, otwierać się.

^p Kontroler, l/w. oficer medyczny.

Panie profesorze Giesecke, dziękuję Panu za poświęcony nam czas. To była fascynująca rozmowa.

Dziękuję również.

Poznaliśmy całkowicie odmienny punkt widzenia. Na pewno skontaktujemy się z Panem za rok albo - mam taką nadzieję - jeszcze wcześniej i znów będziemy mieli okazję porozmawiać

Dziękuję. Miło mi się z Panem rozmawiało.

Dziękuję. Oglądaliście LockdownTY z UnHerd. To był profesor Giesecke ze Szwecji, były główny epidemiolog, doradca WHO, który jest przekonany, że **lockdown** narzucony Europie i UK był złym rozwiązaniem, a wyjście z niego będzie niezwykle trudne. To odmienne stanowisko. Dziękuję, że nas oglądacie i do zobaczenia w przyszłym tygodniu.



6. DR DAN ERICKSON DR ARTIN MASSIHI

6.1 Lekarze zmuszani do wpisywania COYID-19 w kartach zgonów¹³

24 kwietnia 2020

Dr Dan Erickson: Dziękuję wszystkim za przybycie. Chcieliśmy dzisiaj się spotkać, by porozmawiać o tym, czego tutaj w Accelerated [*Accelerated Urgent Care* - przyp. tłum.] dowiedzieliśmy się przez ostatnie kilka miesięcy i porozmawiać o tym, co dzieje się obecnie w hrabstwie Kern County z punktu widzenia lekarzy pracujących na ostrym dyżurze, a także określić, jaki tryb postępowania powinno się przyjąć w przyszłości.

Z pewnością większość z Was pracuje z domu, chronicie się, izolujecie. Doktor Artin Massihi i ja chcielibyśmy

¹¹ Bit Chuttc [2020 10.12]. Dr. Enchson COYID-19 Bnefing -fuli video. Dostęp, <https://Avww.bitchuttc.com/vidco/oGVRqlcT//Mi/>

porozmawiać z Wami o tym, czy to jeszcze ma sens. Dlatego pragniemy przeanalizować wspólnie z Wami wszystko to, czego się dowiedzieliśmy. Obaj mamy gruntowne wykształcenie w zakresie mikrobiologii, biochemii i immunologii. Zgłębialiśmy te dziedziny przez dwadzieścia lat i chcemy zaprezentować Państwu naszą wiedzę na temat tego, co aktualnie się dzieje w kontekście koronawirusa.

Wciąż słyszymy, że powinniśmy kierować się nauką. Czym w ogóle jest nauka? To badanie świata za pomocą eksperymentów i obserwacji. A zatem to, co teraz robimy, to badanie choroby, jej obserwacja, związane z tym testy i eksperymenty, dzięki którym będzie można odpowiedzieć na pytanie, co właściwie obecnie się dzieje.

COVID-19 doprowadził do poważnych zakłóceń w funkcjonowaniu Accelerated. Od godziny 7.00 do 24.00 przychodzą do nas ludzie albo zgłaszają się do wydziału zdrowia, a jednocześnie nasze 'obroty' znacząco się zmniejszyły. Szpitale i OIOM-y są praktycznie puste, oddziały pozamykane, a lekarzy wysyła się na urlopy. W niektórych miejscach placówki opieki medycznej zostały zamknięte. W Nowym Jorku służba zdrowia pracuje na pełnych obrotach, natomiast w Kalifornii na minimum wydajności. Lekarzy i pielęgniarki wysyła się do domu, ponieważ nie ma 'ruchu' w szpitalach (rozmawiałem o tym z ich dyrektorami dwa razy w zeszłym tygodniu).

Dr Artin Massihi: U nas też nie ma. Jesteśmy zajęci wypełnianiem dokumentacji dotyczącej wirusa COYTD-19,

wszyscy skupiamy się na nim. Rozmawiając z lekarzami pracującymi na ostrym dyżurze, staram się ustalić, co się dzieje. Nagle COVID-19 stał się najważniejszy. Natomiast ludzie z chorobami serca, / rakiem, nadciśnieniem i różnymi innymi poważnymi dolegliwościami ze strachu przed zarażeniem nie przychodzą do nas. Doprowadza to do tego, że opieka zdrowotna koncentruje się na Covidzie zamiast na miliardach innych spraw, które osiągają poziom krytyczny, ponieważ nie mamy personelu, a głównym czynnikiem decydującym o wszystkim jest strach. Ludzie mówią między sobą: „Nie chcę iść do mojego lekarza, bo mogę zarazić się koronawirusem”. Jest wiele drugorzędnych efektów wirusa COVID-19, o których się nie mówi. Dlatego chcielibyśmy zastanowić się nad tym, jak zareagowaliśmy na koronawirusa jako naród i dlaczego.

Nasza pierwsza reakcja dwa miesiące temu była w pewnym stopniu powodowana strachem. Zdecydowaliśmy się wówczas wstrzymać podróże do i z Chin. To dobre rozwiązanie, jeśli nie ma się żadnej wiedzy. Postanowiliśmy zatrzymać ludzi w domu i izolować, pomimo tego wszystkiego, czego uczyliśmy się wcześniej o kwarantannie, tj. że zwykle poddaje się jej osoby chore, np. na odrę. Jednak nigdy nie widzieliśmy, by poddawano kwarantannie ludzi zdrowych, bez żadnych objawów choroby, zamykając ich w domu.

To nie pasowało do tego, czego uczyliśmy się na immunologii i mikrobiologii, co wiedzieliśmy na ten temat jako naukowcy, którzy codziennie zgłębiają te zagadnienia.

Zaczęliśmy wówczas zastanawiać się, jak powinniśmy na to odpowiedzieć. Przez ostatnie kilka miesięcy pozyskaliśmy wiele informacji. Przykładowo w hrabstwie Kern **County** przebadaliśmy 5213 osób i uzyskaliśmy pozytywny wynik testu na CCMD-19 w 340 przypadkach, to jest u 6,5% populacji. Znaczyłoby to, że to szeroko rozpowszechniona infekcja wirusowa podobna do grypy.

Uważamy, że jest ona wszechobecna w Kalifornii, dlatego omówimy z Państwem te liczby, by pomóc Wam zrozumieć, jak szeroko rozpowszechniony jest COVID-19 i jak powinniśmy na niego reagować w oparciu o tę jego powszechność występowania w społeczeństwie i ilość przypadków, o których już wiemy.

DE: Jeśli spojrzymy na Kalifornię (to liczby z wczoraj), mamy tam 33 865 przypadków COVID-a wśród 280 900 przebadanych, czyli 12% przebadanych mieszkańców Kalifornii ma pozytywny wynik testu. Początkowe modele były bardzo niedokładne. Przewidywano miliony zgonów, przy czym nie odnoszono tego do powszechności choroby czy do liczby przypadków, ale zgonów! Jednak tak się nie stało.

Obecnie w Kalifornii jest 12% pozytywnych przypadków. Jeśli zatem mamy 39,5 milionów ludzi i wykonamy proste obliczenie, a następnie ekstrapolujemy je, to otrzymamy 4,7 miliona przypadków w całym stanie Kalifornia, co oznacza, że jest to dość powszechne schorzenie. To dobra wiadomość. Odnotowaliśmy 1227 przypadków śmierci w stanie Kalifornia z możliwym występowaniem lub jego

powszechnością dla 4,7 milionów. To oznacza, że w stanie Kalifornia mamy 0,03% szansy na zgon z powodu COVID-a. Czy wymaga to przebywania w zamknięciu, zamykania ośrodków medycznych, zwalniania ludzi z pracy?

Tak wygląda sytuacja w Kalifornii. Chciałbym również dodać, że 96% ludzi w tym mieście, którzy „łapią” COVID-a, zdrowieje praktycznie bez żadnego poważnego uszczerbku dla zdrowia. To są ważne statystyki dla stanu Kalifornia. Dwa miesiące temu nie wiedzieliśmy tego. Dzielimy się nimi z Wami, bo to nie są dane dostarczone przez kogoś z zewnątrz, lecz nasze własne badania. Zanotowaliśmy 6.5% pozytywnych przypadków wśród badanych, a w Kalifornii 12%, a zatem im więcej się testuje, tym więcej otrzymuje się pozytywnych wyników. Liczby dotyczące częstości występowania choroby rosną, podczas gdy liczba zgonów pozostaje taka sama, a zatem [współczynnik śmiertelności] coraz bardziej się zmniejsza.

Skoro przyglądamy się tym informacjom, chciałbym, abyście zwrócili Państwo uwagę na te miliony przypadków, a zarazem tak małą liczbę zgonów. Tak jest w każdym stanie. Skoro mówimy o kierowaniu się nauką, to w dalszej części naszego spotkania będziemy odwoływać się do statystyk.

Przyjrzyjmy się stanowi Nowy Jork, o którym tak dużo mówi się w wiadomościach. Tamtejsze liczby są bardzo niepokojące. Do dziś w stanie Nowy Jork odnotowano 256 272 przypadki COVID-a. Zwróćcie uwagę: nie w mieście, lecz w całym stanie. W sumie wykonali tam 649 320 testów,

co dało 39% nowojorczyków z wynikiem pozytywnym na COVID-19. To są dane ogólnodostępne w internecie.

Pytający nr 1: 39% o **ludzi**, którzy zostali przetestowani?

DE: Tak, 39% zostało przetestowanych.

P1: 39% stanu Nowy Jork?

DE: Tak.

P1: Tam mieszka 20 milionów ludzi.

DE: Najprawdopodobniej mają 7,5 miliona przypadków.

P1: To nie jest 39% o wszystkich nowojorczyków, to 39% o spośród wszystkich nowojorczyków, którzy zostali przetestowani.

Dr Erickson: Zgadza się. Ekstrapolujemy dane. Badamy ludzi, a potem ekstrapolujemy dla całej społeczności w oparciu o te liczby. Początkowe modele były tak niedokładne...

P1: Wiele początkowych modeli opierało się na tym, że jeśli nie wprowadzamy dystansu społecznego... Czy uczciwe jest mówienie: „Początkowe modele nie uwzględniały dystansu społecznego i były oparte na alternatywnych scenariuszach”?

DE: Niektóre z nich uwzględniały dystans społeczny, a mimo to wciąż przewidywały setki tysięcy zgonów, co się

me sprawdziło. A zatem w Nowym Jorku, wśród tych osób, które przebadano, w 39% stwierdzono pozytywny wynik testu. To ogromne badanie wymagające przeprowadzenia bardzo dużej liczby testów.

Czy jeśli przebadaliby cały stan, to rzeczywiście mielibyśmy 7,5 miliona przypadków? Nie wiemy tego, nigdy nie przebadamy całego stanu, więc ekstrapolujemy, używamy danych, które mamy, ponieważ są najdokładniejsze, zwłaszcza w porównaniu do modeli predyktywnych, które były mocno nieprecyzyjne.

Ile zatem zgonów jest w Nowym Jorku? 19 410 na 19 milionów ludzi, co daje 0,1% ryzyka zgonu z powodu wirusa COVID-19 w stanie Nowy Jork przy jednoczesnym 96-procentowym współczynniku wyzdrowień. Jeśli rzeczywiście wykryto u kogoś z Was COVID-19, to w 96% wyzdrowieć, czyli mamy miliony przypadków, a mało zgonów. Zwracam na to uwagę, bo jeśli porównamy to do zwykłej grypy i zapytamy: „Czy rzeczywiście wirus COVID-19 tak bardzo różni się od grypy A i B?”\ a odpowiedź będzie brzmiała: „Nie”, to warto zapytać się, dlaczego nasza reakcja była tak nieadekwatna.

W USA do wczoraj zanotowano 802 590 przypadków. Przebadaliśmy ponad 4 miliony ludzi. Jeśli śledziliście sytuację w innych krajach, to wiecie, że to dwa razy tyle, co w Niemczech, gdzie przebadano 2 miliony ludzi. Zdaję sobie sprawę, że ich populacja jest mniejsza, ale fakt, że jesteśmy w stanie się zmobilizować i zrobić 4 miliony testów,

jest całkiem imponującym wynikiem. Daje nam to 19,6% pozytywnych osób wśród tych, które zostały przebadane pod kątem wirusa COVID-19.

Jest to typowa ekstrapolacja: 328 milionów ludzi razy 19,6 daje 64 miliony. To znaczna liczba. Jest to porównywalne do grypy, jeśli przyjrzymy się liczbom. W latach 2017-2018 mieliśmy od 50 do 60 milionów ludzi chorych na gripę i podobną liczbę zgonów. Zgony w Stanach Zjednoczonych wyniosły wtedy 43 545 przypadków, czyli podobnie jak grypa z 2017 i 2018 roku. Co roku mamy w USA od 37 000 do 60 000 zgonów z powodu grypy. Każdego roku. I nikt nie mówi o pandemii, nie izoluje ludzi w domach, nie zamyka firm i nie wysyła lekarzy do domu.

AM: Chcę uściślić: to wszystko z powodu grypy.

DE: Tak.

Pytający nr 2: 37 000 i 60 000 zgonów z powodu grypy?

AM: Tak. 37 000.

DE: Każdego roku według Centrum Kontroli i Prewencji Chorób.

P2: W wyniku grypy?

DE: W wyniku grypy. W niektórych latach mogło ich być tylko 20 tysięcy w całych Stanach Zjednoczonych, w latach 2017-2018 od 45 do 50 tysięcy, w zależności od tego, na kogo się powołujemy, kto przeprowadzał te badania.

Corocznie wykonujemy tysiące testów na gripę. Nie podajemy ich liczby, ponieważ grypa jest wszechobecna.

A propos, mamy szczepionkę na gripę. Ilu ludzi w ogóle się szczepi na gripę? Grypa jest niebezpieczna, zabija. To, że mamy tę szczepionkę, nie oznacza, że każdy ją przyjmie, bo prawdopodobnie 50% społeczeństwa w ogóle jej nie chce. A zatem to, że mamy szczepionkę, nie znaczy, że wszyscy ją przyjmą, chyba że zmusimy ich do tego.

Chciałbym porównać Stany Zjednoczone z Hiszpanią, która jest na drugim miejscu, jeśli chodzi o ilość potwierdzonych przypadków testów na COVID-19. W Hiszpanii wykonali 930 000 testów, wśród których mieli 204 178 przypadków, podczas gdy my wykonaliśmy 4 miliony testów. Wyszło im 22% pozytywnych testów na COVID-19. 22% tych przebadanych osób było pozytywnych. Hiszpania ma 47 milionów ludzi, co przekłada się na około 10 milionów przypadków.

Jeśli ekstrapolujemy te dane, tak jak robiliśmy to dla każdego stanu w USA, to da nam to około 10 milionów przypadków. Ile osób zmarło w Hiszpanii? 21 282 spośród tych 47 milionów. Ryzyko zgonu na COVID-19 wśród obywateli Hiszpanii wynosi 0,05%, a prawdopodobieństwo wyzdrowienia bez konieczności podłączania do respiratora i pobytu w szpitalu 90%. Chciałem porównać Stany Zjednoczone do Hiszpanii, ponieważ w skali światowej te dwa kraje mają najwięcej przypadków. Dlatego pomyślałem, że to ważne.

Jeśli natomiast chcemy poruszyć temat lockdownu, to musimy porównać ze sobą dwa kraje: taki, w którym jest lockdown z takim, w którym go nie ma, czyli np. Norwegię i Szwecję. Ja akurat jestem Norwegiem.

P1: Norwegia ma lockdown.

DE: Norwegia ma lockdown, w Szwecji nie ma lockdownu. Co wydarzyło się w tych dwóch krajach? Czy różnią się tak bardzo między sobą? Czy w Szwecji nastąpił gwałtowny wzrost liczby przypadków? A Norwegia? Popatrzmy na liczby. Szwecja ma 15 322 potwierdzonych przypadków COVID-a. Wykonali 74 600 testów, co daje 21%, czyli podobnie jak w innych krajach - 21% spośród przebadanych osób ma wynik pozytywny na COVID-19. Jak duża jest populacja Szwecji? Około 10,4 miliona. W takim razie, jeśli ckslrapolujemy te dane, to otrzymamy około 2 milionów przypadków wirusa COVID-19 w Szwecji.

Szwedzi wprowadzili dystans społeczny, tj. nosili maski i zachowywali odległość, a ponadto chodzili do szkół, sklepy były otwarte, prowadzili prawie normalne, codzienne życie, zachowując jedynie dystans społeczny. Ile mieli zgonów? 1765. Natomiast Kalifornia, która ogłosiła lockdown, 1220 przypadków. Znow: miliony przypadków, a bardzo mała liczba zgonów. To powtarza się wszędzie.

Szwecja i Norwegia, jej sąsiad „zza miedzy,” skąd pochodzę, to dwa kraje skandynawskie, które możemy porównać ze sobą, jako że są podobne. Spójrzmy na dane.

Norwegia: 7191 przypadków wirusa COVID-19. Całkowita ilość testów na COVID-19: 145 279, czyli 4,9% wszystkich testów na COVID-19 dano w Norwegii wynik pozytywny.

Populacja Norwegii wynosi 5.4 miliona. Jeśli ekstrapolujemy te dane, tak jak robiliśmy to dotąd, to okaże się, że mają oni około 1,3 miliona przypadków. Ich całkowita liczba zgonów wynosi 182 osoby - dość mało, statystycznie nieistotne przy 1765 w Norwegii. Znow: miliony przypadków, a mało zgonów... 1765 w stosunku do 182. To statystycznie nieistotne. Ryzyko śmierci z powodu wirusa COVID-19 w przypadku obywateli Norwegii wynosi 0,003%, podczas gdy szansa na wyzdrowienie 97%. Ich liczby są odrobinę lepsze. Jednak czy z tego powodu koniecznie trzeba zamykać wszystko, pozbawiać ludzi pracy, niszczyć firmy petrochemiczne, wysyłać lekarzy na urlopy? Myślę, że odpowiedź na to pytanie stanie się jeszcze bardziej jednoznaczna w miarę dalszego omawiania tych danych.

Następną rzeczą, o której chciałbym porozmawiać, to efekt wirusa COVID-19, a właściwie jego skutki uboczne. COVID-19 stoi teraz w centrum naszego życia. Co spowodowało, że wplątaliśmy się w tę izolację społeczną? Już teraz widzimy, jakie są jej skutki.

W zastraszającym tempie narasta przemoc wobec dzieci. Możemy przywołać wiele przypadków dzieci napastowanych przez rozszoszczonych członków rodziny, którzy są pijani, którzy przymusowo przebywają teraz w domu, nie mają wypłat... Takie rzeczy pozostawiają ślad w psychice

na całe życie. Tu nie chodzi o zwykłą sezonową gripę. Takie rzeczy będą ciągnąć się za ludźmi przez całe życie i negatywnie wpływać na jego jakość. To efekty uboczne wirusa COVID-19. Wiem o tym z rozmów z lekarzami, które prowadzimy ze sobą na ostrym dyżurze, a także z rozmów z ludźmi z całego kraju.

Narasta też przemoc między małżonkami. Przychodzą do nas osoby z podbitymi oczami i pokaleczonymi twarzami. To ewidentne przypadki przemocy. To są rzeczy, które będą mieć wpływ na nich przez całe dalsze życie, a nie tylko przez sezon. Alkoholizm, niepokój, depresja, samobójstwa...

Rozmawiam z młodzieżą, z ludźmi z sąsiedztwa i pytam ich: „Co u Was?”, „Jak sobie radzicie?”. „Coraz więcej samobójstw, edukacja leży, zapaść gospodarcza oraz w służbie zdrowia” - słyszę. Wszystkim nam się dostaje, ponieważ nie mamy pracowników i „mocy przerobowych”. To są realne sprawy, których codziennie jestem świadkiem. Nie tylko słyszę o tym, lecz widzę to na własne oczy w naszych szpitalach. Mamy szpitale od Fresno po San Diego. Problemy narastają w całym naszym społeczeństwie.

Omówiliśmy efekty uboczne wirusa COVID-19 i statystyki. Teraz chciałbym porównać wirusy grypy. Czy różnią się znacząco? Zgodnie z CDC mamy od 24 000 do 62 000 zgonów każdego roku. W 2017 roku mieliśmy 45 milionów przypadków grypy, w tym 62 000 śmiertelnych, co oznacza 0,13% prawdopodobieństwa zgonu z powodu

grypy w Stanach Zjednoczonych. Inne pozyskane przez nas dane sytuują je na poziomie 0,02%. Zatem śmiertelność z powodu wirusa COVID-19 jest dużo mniejsza. Owszem, teraz w Nowym Yorku mamy ogniska COVID-a, ale, analizując liczby, prawdopodobieństwo zgonu nadal wynosi 0,1%. Szeroki zasięg, mała liczba zgonów. W zasadzie **COVID-19 jest** podobny do grypy. Jeśli korzystasz z metod naukowych, to te dane są generowane przez CDC i WHO.

Teraz chciałbym porozmawiać z Państwem o systemie immunologicznym. Doktor Massihi uczył kiedyś immunologii, obaj mamy za sobą lata nauki poświęcone mikrobiologii i biochemii, a także chemii i wirusologii, a zatem zrozumienie tego, co się teraz dzieje, stało się dla nas celem życia. W tym miejscu chciałbym pokrótce omówić, jak funkcjonuje system odporności, by wszyscy dobrze to zrozumieli.

System odpornościowy tworzy się poprzez wystawianie na antygeny - wirusy, bakterie. Jako dzieci czołgaliśmy się po ziemi, wkładając do ust różne rzeczy, wchłaniając wirusy i bakterie. W ten sposób tworzył się układ antygen-antyciało, IgG (przeciwciała typu G), IgM (**immunoglobuliny** typu M), w ten sposób budowała się nasza odporność.

Nikt nie zamka małych dzieci w plastikowej bańce w pokoju, mówiąc: „Wytwórz sobie zdrowy system odpornościowy”. To podstawy immunologii i mikrobiologii. To podstawy tego, co wiemy już od wielu lat. Tymczasem słyszymy: „Idź do domu, wyczyść wszystkie blaty, zabij 99% wszystkich

wirusów i bakterii, załóż maskę i nie wychodź na zewnątrz".
Co to czyni z naszym systemem odpornościowym?

Nasz układ odpornościowy przywykł do dotykania. Współdzielimy bakterie, gronkowce, paciorkowce, wirusy, codziennie wyrabiamy sobie odporność na te rzeczy. Kiedy nas się tego pozbawi, nasza odporność spada. Gdy przebywam zamknięty w domu, moja odporność się obniża. Jeśli przetrzymasz mnie w nim przez miesiące, to spadnie jeszcze bardziej. A teraz jestem w domu, dokładnie myję ręce, zmywam błaty, martwiąc się tymi wirusami, których tak naprawdę potrzebuję do przeżycia. Trzymajmy się nauki. To jest immunologia, to mikrobiologia, to jest to, w czym mamy łącznie czterdzieści lat doświadczenia. To zdroworozsądkowa immunologia.

Pytający nr 3: Zatem uważasz, że kwarantanna i dystans społeczny to dla nas gorsze rozwiązanie?

DE: Tak, bo obniża system odpornościowy. Nie można w ten sposób zbudować systemu odpornościowego. Jeśli ktoś ma osłabiony system odpornościowy, chroni się go, ponieważ nie może zbudować systemu odpornościowego. Natomiast jeżeli masz normalny, działający system odpornościowy, potrzebujesz interakcji. Kiedy dziecko jest w łonie matki, przebywa w chronionym środowisku. Gdy się rodzi, nie ma prawie żadnego systemu odpornościowego. Wyrabia go sobie poprzez dotykanie ust, oczu... Wirus, bakteria, reakcja odpornościowa, IgG, IgM - w ten sposób buduje się silny system odpornościowy.

których przebadaliśmy, jest pozytywnych. To są aktualne, nieprzefiltrowane, niepolityczne dane.

P1: W takim razie, z całym szacunkiem... Wiem, że obaj Panowie jesteście uznanymi lekarzami. Czy zatem sądzą, że wiecie więcej niż najlepsi immunolodzy w całych Stanach Zjednoczonych i że wszystkie kraje na świecie są w błędzie? Jedyne Accelerated Urgent Healthcare się nie myli?

DE: Powtórzę jeszcze raz. Dzielę się z Państwem danymi. Nie mówię, że my mamy rację, a ktoś inny jej nie ma.

P1: Tak, ale Pana wnioski z tych danych są odmienne od tego, co mówią najlepsi lekarze na świecie. Czemu tak jest? Skąd ta rozbieżność?

DE: Oni nie mają tych danych, co my.

P1: Światowa Organizacja Zdrowia i rząd Stanów Zjednoczonych nie mają informacji?

DE: Uważam, że musimy dać wirusowi trochę czasu. Od grudnia do teraz mieliśmy dziesiątki hipotez. Niech ten wirus się rozwinie, potem go zbadamy i zobaczymy, c/y dobrze zareagowaliśmy. Pierwszą naszą reakcją było: „zamykamy wszystko”. Jednak w miarę jak napływają kolejne informacje, mówimy: „Moment, popatrzmy, przyjrzyjmy się temu. Nigdy wcześniej w historii tego kraju nie reagowaliśmy w ten sposób. Dlaczego teraz tak postępujemy?”.

P1: A nie sądzisz, że oni również analizują te dane i że ich dane są nawet bardziej **dokładne**, bardziej aktualne niż to, co tutaj nam przekazujecie odnośnie do Kem County?

AM: Dziękuję za to pytanie. Oczywiście doktor Anthony Fauci to światowej sławy immunolog. Dużo danych, które początkowo nam podano, było czysto teoretycznych. Koronawirus nie jest nowym wirusem, badaliśmy go od lat siedemdziesiątych.

P1: Badaliśmy różne koronawirusy. Ten jest inny. Tak jak SARS jest formą **koronawirusa**, tak samo MERS jest formą koronawirusa.

AM: Oczywiście.

P1: Badaliśmy różne jego rodzaje, ale ten jest nowy. Zatem, z całym szacunkiem, tego wirusa nie badaliśmy.

AM: A zatem co roku, zgodnie z Twoją argumentacją, z tym, co właśnie powiedziałeś, każdego roku, gdy zaczyna się sezon grypowy, jest nowy wirus. Zgadza się?

P1: Tak.

AM: Ale 99% z tego to grypa, zgadza się? Sposób, w jaki wirusy się zmieniają, polega na tym, że przechodzą mutacje poprzez ich DNA, kwas deoksyrybonukleinowy... Są różne rodzaje mutacji, które powodują zwiększoną wirulencję lub, co jest bardziej prawdopodobne, obniżają. Wirulencja oznacza

zjadliwość wirusa, to, na ile jest on groźny. A zatem od lat siedemdziesiątych badamy koronawirusa. Był to wówczas koronawirus, który w pierwszym rzędzie przenosił się przez ludzi. To było nowe. Myślę, że za każdym razem, gdy masz do czynienia z czymś nowym w świecie medycyny - a jestem lekarzem od dwudziestu sześciu lat - to wznica to strach. I jako lekarz zrobiłbym to samo, co doktor Anthony Fauci. Zatem początkowo obaj postąpilibyśmy tak samo, ponieważ po pierwsze starasz się najpierw ograniczyć śmiertelność.

Sądzę, że to, co oni zrobili na początku, było genialne. Jednak oglądanie się na teorie i modele, czyli to, z czego korzystają, bardzo odbiega od tego, w jaki sposób wirus manifestuje się wśród społeczności, które też różnią się między sobą. Bakersfield jest bardziej rozległe niż Manhattan. Teoria i rzeczywistość nie zawsze są takie same i właśnie to stara się pokazać dr Enckson.

Tu nie chodzi o to, kto ma rację. Medycyna, to, czego nas ucza, to medycyna praktyczna. Ja uczę się codziennie, podobnie jak dr Enckson. To nie jest koszykówka, nie liczy się to, kto trafił do kosza, a kto nie. Tu chodzi o przyglądanie się dominującym trendom, by móc powiedzieć: „Stop. Nie dostrzegamy tutaj tego, o czym om mówili”. Przez ostatnich sześć, osiem tygodni zniszczyliśmy gospodarkę, w kraju pojawiło się wiele problemów. Czy izolacja społeczna gwarantuje zdrowie?

P1: Rozumiem, że wyciągacie inne wnioski z tych samych danych. Dlaczego?

AM: Ponieważ to my przyjmujemy pacjentów. Doktor Fauci nie przyjął ani jednego pacjenta od dwudziestu lat.

Ogólnie rzecz biorąc, wiele z tych osób nie praktykuje. To tak jak z wykonawcą i podwykonawcą. On nie przyjmuje pacjentów, przez co znajduje się jakby w wieży z kości słoniowej. Marny wiele szacunku dla niego. To światowej sławy immunolog. Jednak to dwie różne rzeczy. On jest naukowcem, a naukowcy i rzeczywistość to dwie różne sprawy. My tylko prezentujemy pozyskane przez siebie dane i dzielimy się naszą opinią jako zawodowi lekarze funkcjonujący w tej społeczności.

P1: Rozumiem, więc niekoniecznie mówicie o społeczności na Manhattanie, która jest dużo bardziej zagęszczona.

AM: Nie, bo tam nic byliśmy. Nie byłem na Manhattanie od dwudziestu lat.

P3: Zatem, patrząc z punktu Waszego doświadczenia zawodowego, jak myślicie, dlaczego podejmujemy takie środki? Dlaczego gubernator Gavin Newsom podejmuje takie środki, zamykając teraz Kalifornię?

DE: Jako przywódca słuchasz ludzi dookoła siebie. I to również oni podejmują decyzje w tych sprawach. Zatem Gavin Newsom ma wokół siebie ludzi, którzy mu mówią: „Naszym zdaniem to jest najlepsze posunięcie w tej chwili”. Ponadto prawda zmienia się co dwie godziny. Gdy w miarę

zbierania danych, zmieniają się informacje, dajemy Wam inne odpowiedzi niż te, jakie byśmy dali miesiąc temu. Ponieważ rozumiem postęp choroby na tym obszarze, rozumiem również postęp choroby w innym miejscu, gdyż wystarczy, że spojrzę na ich dane.

Nie muszę mieszkać na Manhattanie, by obserwować proces choroby, to, ile pozytywnych przypadków jest w tej społeczności i jak rozprzestrzeniają się tam choroby. Dla przykładu nikt nie mówi o tym, że koronawirus wytrzymuje na plastiku trzy dni. Zamykamy się w domach, a skąd pochodzą butelki z wodą? Z Costco. Gdzie kupiłeś tę plastikową łopatę? W Home Depot. To są nośniki choroby, a zatem jeśli kryjesz się w domu i myślisz, że jesteś bezpieczny, a jednocześnie nabywasz nośniki choroby, to czy rzeczywiście chronisz się przed COVID-em? Dla mnie to nie ma sensu.

Gdybym zrobił wymaz z rzeczy w Waszym domu, to prawdopodobnie znalazłbym tam COVID-a. Zatem jeśli myślicie, że jesteście chronieni, a nabywacie nośniki choroby z Home Depot i Lowe's... Jednocześnie nie możemy chodzić do pracy. Czy to w porządku, że możemy pójść do Cosco, ale nie do kościoła? Czy widzicie tutaj brak konsekwencji?

Z punktu widzenia mikrobiologii i immunologii to nie ma sensu. Jeśli zamierzasz izolować ludzi, trzeba pozamykać wszystko, ponieważ tak właśnie przenoszą się zarażki. Kiedy idziesz do Del Taco i dostajesz swoje burrito w plastikowej torebce od kogoś, kto nie nosi maski, kto właśnie potarł ręką o jakąś Twoją rzecz, to czy myślisz, że jesteś

bezpieczny przed COVID-em? Kiedy nosisz rękawice, przenosisz chorobę wszędzie. Te rękawice mają wszędzie na sobie bakterie. Noszenie rękawic Ci nie pomoże. I ta Twoja масечка, którą nosisz całe dnie... Dotykasz jej zewnętrznej strony, a następnie dotykasz ust? To nie ma sensu.

Zwyczajowo масечkę nosimy w niebezpiecznym środowisku, żeby nas chroniła. My nie nosimy масек. Dlaczego? Ponieważ rozumiemy mikrobiologię i immunologię oraz chcemy mieć silny system odpornościowy. Nie chcę chować się w domu, by zniszczyć swój system odporności, a potem wyjść na zewnątrz i się rozchorować. Obaj przebywaliśmy na ostrym dyżurze w czasie świńskiej i ptasiej grypy. Czy zamknęliśmy się na czas ich trwania? Czy były one znacznie mniej niebezpieczne niż COVID-19? C/y grypa jest mniej niebezpieczna niż COVID-19?

Popatrzmy na statystyki zgonów. Są podobne do siebie, jeśli chodzi o rozpowszechnianie i liczbę zgonów. Zatem nasza reakcja na to teraz, kiedy już znamy fakty, jest taka: czas wrócić do pracy, czas przetestować ludzi. Ale test odwołuje się do konkretnego momentu w czasie. Test informuje Cię, że wymaz z nosa daje wynik pozytywny albo negatywny. Próbkę krwi [pobrana z czubka palca! daje Ci wynik igG i IgM. IgG to długotrwała immunoglobulina, na którą patrzysz w kierunku odporności. Jednak gdy ktoś umrze teraz w tym kraju, to nie mówią o nadciśnieniu tętniczym, cukrzycy czy zawale, ale zastanawiają się nad tym, czy on nie zmarł z powodu wirusa COVID-19.

Byliśmy na setkach autopsji. Naczynia krwionośne tych osób były zwężone, ich płuca wyglądały jak płuca palacza. To nie z powodu COVID-19 zmarli ci ludzie! To jedna z wielu przyczyn. Tymczasem upraszcza się, mówiąc: „To śmierć z powodu COVID-a, ponieważ odkryliśmy u nich COVID-a”. Wiecie, ilu ludzi umiera na zapalenia płuc albo na gripę? Ich płuca były osłabione przez COPV [*Composite Overwrapped Pressure Vessel*, tj. respirator - przyp. tłum.]. Dwa lata temu mieli atak serca, w konsekwencji czego mają osłabiony organizm.

Nie ma przymusu testowania w kierunku grypy. Teraz lekarze z ostrego dyżuru, moi znajomi, z którymi rozmawiam, mówią: „Wiesz co? Ciekawa rzecz, kiedy wypełniam protokół zgonu, jestem zmuszany do tego, by wpisać „COVID-19”. Czemu tak jest?”. Dlaczego jesteśmy zmuszani do tego, by dopisywać „COVID-19”? Może po to, by podnieść statystyki, tak by wyglądało, że sytuacja jest poważniejsza? Tak sądzę. To pytanie często słyszę od lekarzy, z którymi rozmawiam w Wisconsin, Nowym Jorku, generalnie wszędzie.

P1: Zatem uważasz, że lekarze są przymuszani do tego, by postępować tak, by liczby wyglądały na gorsze, niż są naprawdę?

DE: Tak. Są przymuszani, by dodawać wirusa COVID-19 do listy diagnostycznej.

P1: Skąd Twoim zdaniem bierze się ten przymus?

DE: Prawdopodobnie od administracji.

P1: Od administracji?

DE: Prawdopodobnie od administracji szpitala. Nic pytałem ich konkretnie, ale mówili: "Jesteśmy zmuszani do tego, by dodawać wirusa COVID-19 do listy diagnostycznej. Uważamy, że nie ma to nic wspólnego z rzeczywistą przyczyną zgonu".

P1: Nie odnosisz wrażenia, że są... na wojnie?

DE: Rzeczywistą przyczyną zgonu nie jest COVID-19, ale to on jest wpisywany do protokołu jako jedna z chorób, która przyczyniła się do śmierci pacjenta. Kiedy ktoś umrze z powodu COPV [*composite overwrapped pressure vessel* - przyp. red.] jako przyczynę podaje się COVID-19. To nie COVID-19 go zabił. Zabiło go dwadzieścia pięć lat - palenia tytoniu.

P3: Tak, to jest rzeczywiście interesujące. Zatem moje następne pytanie brzmi: mówimy o osobach, które mają niską odporność, u których COVID-19 tylko nasila pierwotną chorobę, z którą się zmagają, co ostatecznie przyczynia się do ich zgonu. Wracając do tego, o czym mówiliśmy na początku, czyli do kwarantanny i dystansu społecznego: czy kwarantanna jest konieczna tylko dla niektórych osób, to znaczy dla chorych, a dla zdrowych jest niewskazana?

AM: Dokładnie tak. Dlaczego mielibyśmy zamykać na kwarantannie zdrowych ludzi? Jeśli jesteś młody i zdrowy.

dlaczego miałyby się poddawać kwarantannie? Nie ma to żadnego sensu. Kwarantanna jest dla chorych.

P2: Mówią, że jednym z powodów, dla których się to robi, jest to, że wielu ludzi, którzy nie mają obniżonej odporności immunologicznej, jest bezobjawowych, w konsekwencji czego mogą to przynieść do domu i rozprzestrzenić.

AM: Jasne.

P2: Czy to nie jest po części argumentacja przemawiająca za kwarantanną?

AM: 25% pacjentów, którzy mają wirusa CCMD-19, jest bezobjawowych. Dlatego zalecamy powszechne testowanie. By otworzyć gospodarkę, musisz przeprowadzić powszechne testy. Ale, patrząc z historycznego punktu widzenia, cofnijmy się do czasów biblijnych. Chorowano wtedy na trąd. *Mycobacterium leprae*, czyli bakteria, która to powodowała. Oni izolowali chorych. Nie izolowali wszystkich pozostałych. Zatem izolowanie zdrowych naszym zdaniem po prostu nie ma sensu.

P1: Myślicie, że odporność stadna to właściwa droga?

DE: Absolutnie.

AM: Tak myślę.

DE: Są dwa sposoby na pozbycie się wirusa: albo się sam wypali, albo nabycie odporności stadnej. Przez stulecia polegaliśmy na odporności stadnej. Wirusy zabijają ludzi,

grypa zabija, COVID-19 zabija..., ale reszta z nas rozwija w sobie odporność stałą, zdolność do pokonania tego wirusa. W przypadku znacznej większości, tj. 95% mieszkańców Ziemi, to prawda. Kiedy przyjrzymy się ludziom, którzy zostali zamknięci, i tym, których nie izolowano, mamy ogromnych. Z punktu widzenia statystyki nie ma znaczenia, czy byłeś zamknięty czy nie. Dlaczego zatem to robimy?

P4: Czy uważasz, że z perspektywy państwa zniesienie **"lockdownu"** jest bezpieczne?

DE: Tak.

P4: Czy byłoby też bezpieczne dla ludzi, gdyby przebywali teraz na zewnątrz?

DE: Tak. Ja przebywam na zewnątrz bez maski.

P4: Czy może rękawice i maski to trochę za dużo w tej chwili?

DE: Powtórzę to jeszcze raz. Czy chcecie, by Wasz system odporności był sprawny czy nie? Materiałami do budowy Waszego systemu odporności są wirusy i bakterie. W ten sposób się go buduje.

AM: W środowisku są normalne bakterie i normalna flora, na które musimy być wystawieni. Bakterie i wirusy, które nie są zjadliwe, są naszymi sprzymierzeńcami, chronią nas przed złymi bakteriami i wirusami, więc w tej chwili, jeśli spojrzycie na skórę doktora Ericksona albo na moją,

mamy prawdopodobnie paciorkowca i gronkowca, ale ten paciorkowiec i ten gronkowiec nie są złe. Chronią nas przed oportunistycznymi zarażeniami.

Dlatego, kiedy dziecko wychodzi z łona matki, przez pierwsze trzy do sześciu miesięcy jest niezwykle wrażliwe na zakażenia oportunistyczne. Toteż, gdy na ostrym dyżurze mamy małe dziecko mające mniej więcej miesiąc z gorączką, robi się mu punkcję, rentgen klatki piersiowej, wysiew z krwi, wysiew z moczu, ale nie przeprowadziłbym tych badań u Was.

Dlaczego? Ponieważ to dziecko nie ma normalnych bakterii i flory z otoczenia. A Ty masz, gdyż miałeś z nimi styczność, bo byłeś na stacji benzynowej, byłeś w Home Depot. To jest ta różnica. My wszyscy potrzebujemy normalnej flory. Kiedy się izolujesz w domu przez dwa albo trzy miesiące, tracisz tę normalną florę. Zatem gwarantuję, że kiedy się ponownie otworzymy, choroba zacznie się szerzyć, ponieważ nasz system odpornościowy się osłabił. To są podstawy immunologii. I wirusologii.

DE: Ogólnie rzecz biorąc, nasze wnioski są takie, że kiedy spojrzę na podstawowe zasady mikrobiologii i zapytam: „Czy wciąż musimy się ukrywać w domach?”, odpowiedź na to pytanie brzmi: „Nie”. Czy musimy mieć wciąż zamknięte firmy? Zdecydowane nie. Czy musimy przetestować ludzi i z powrotem wysłać do pracy? Tak, musimy. Uboczne skutki koronawirusa, których doświadczamy, to przemoc wobec dzieci, alkoholizm, brak dochodów. Wszystko to jest moim zdaniem bardziej szkodliwe dla społeczeństwa niż wirus,

który, jak udowodniono, ma naturę podobną do sezonowej grypy, która występuje każdego roku.

Musimy zastosować takie środki, by wyłączenie gospodarki już więcej się nie zdarzyło. Musimy się także upewnić, że rozumiemy, iż kwarantannie należy poddawać chorych, a nie zdrowych. Musimy się też wreszcie upewnić, że jeśli ktoś będzie deptał czyjeś prawa konstytucyjne, to lepiej, żeby miał do tego dobry powód, naukową podstawę, a nie opierał się jedynie na teorii.

Jedną z najważniejszych rzeczy teraz jest to, by znów postawić na nogi szpitale. Potrzebujemy z powrotem naszych lekarzy, którzy obecnie są na urloпах, potrzebujemy z powrotem pielęgniarek, ponieważ gdy odblokujemy to wszystko, będziemy potrzebować całej załogi na pokładzie. Okoliczne szpitale zamknęły dwa piętra. Z pewnością nie chcecie czegoś takiego. Organizujemy się tak, by mieć minimum personelu, a szykujemy się na poważną chorobę. To jest zła kombinacja. To jest mniej więcej streszczenie tego, co chcieliśmy Wam dzisiaj przekazać.

Pracowałem z niektórymi liderami i rozmawiałem z przewodniczącym CDPH [California Department of Public Health - przyp. red.]. Poznałem ich zdanie na ten temat. My i wielu innych liderów w Sacramento zgadzamy się w tym względzie, ale musimy jeszcze przekonać gubernatora Gavin Newsoma, by odwołał blokadę. Rozmawiałem z naszym miejscowym przewodniczącym Wydziału Zdrowia i on na to czeka. Nawet jeśli zgadzają się ze mną, czekają

na decydentów, by odwołali lockdown, ponieważ z naszych danych wynika, że już czas odwołać blokadę. Z jakiego zatem powodu chcemy ją zachować?

P1: Chciałbym Cię zapytać o testy przeprowadzane tutaj w Kem County. Z tego, co mówi publiczna służba zdrowia, wynika, że mamy do wykonania niecate 3600 testów. Biorąc pod uwagę, że w stanie o liczebności 39,5 miliona mamy 900 tysięcy ludzi, ten procent w odniesieniu do reszty stanu jest bardzo wysoki. Zdaję sobie sprawę, że nie należycie do publicznej służby zdrowia, ale dlaczego nasze testy, prędkość, z jaką się je robi tutaj, w Kem County, wygląda tak źle?

DE: Popyt. Ludzie się boją, chowają w domach, nie przychodzą do przychodni, nawet gdy mają problem z cukrzycą, a Pan myśli, że przyjdą na test? Nigdy w życiu. Prawdopodobnie widzieliście naszą kampanię reklamową. Przeprowadzamy testy na koronawirusa. W ich ramach zadzwoniliśmy do większości firm, zachęcając osobiście, by ludzie przyszedli wykonać test. Jeśli się boją przyjść, a wielu ludzi się boi, nie uzyskamy danych.

P1: Zatem personel medyczny boi się przyjść?

DE: Nie, pacjenci.

P1: Mamy prawie 3600 testów w trakcie realizacji. Ludzi, którzy zostali przetestowani, ale nie dostali

z powrotem jeszcze swoich wyników. To mniej więcej potowa całość Kalifornii.

P3: Mówimy: „Przetestujmy każdego”. Ale czy mamy taką wydajność, by to zrobić?

P1: Nawet gdyby przetestowali każdą osobę... Tutaj, w hrabstwie Kern County jest 900 tysięcy ludzi, a w hrabstwie Los Angeles 10,1 miliona. Dlaczego zatem hrabstwo Kern County wydaje się pozostawać w tyle w porównaniu z innymi hrabstwami w Kalifornii?

AM: W hrabstwie Kern County robimy większość testów na COVID-19. Mamy kilkuset pracowników, którzy pracują dniem i nocą, by służyć tej społeczności. Zatem pracujemy pełną parą i możemy wykonać dużo więcej testów. Możemy podwoić nasze natężenie i zadbać o to, by dostać z powrotem wyniki. Niestety nie wykonujemy ich na miejscu. Nikt tego nie robi. Polegamy na dużych laboratoriach. Nasza praca to ocena pacjenta, upewnienie się, że nie ma żadnych innych problemów. Czasem w oczekiwaniu na wynik nabawia się zapalenia migdałków, zapalenia płuc czy grypy. Zwykle trwa to dwa dni. To dwudniowy wynik, który jest w zgodzie z całą resztą.

P3: Cały problem polega na tym, że 150 do 200 testów w ciągu ostatnich dziesięciu dni świadczy o tym, że utknęli z ponad trzema tysiącami nierozstrzygniętych testów. Ilu ludzi zatem przetestowaliście?

AM: Ponad pięć tysięcy.

DE: Pozwólcie, że przedstawię liczby. Przetestowaliśmy 5213 osób, mamy 340 pozytywnych wyników. Początkowo wykonanie badań i przysyłanie wyników zabierało laboratorium od dziesięciu do dwunastu dni. Tak było sześć tygodni temu. Potem zautomatyzowali i usprawnili ten proces, wprowadzili więcej analizatorów. Teraz trwa to już tylko od jednego do trzech dni. Każdego dnia tygodnia robimy od 150 do 200 testów, włączając w to weekendy. Nie wiem, może szpitale nie wysyłają tego. Jednak nasze wyniki przychodzą w czasie od jednego do trzech dni.

P3: Zatem to nie Wy jesteście przyczyną tego opóźnienia?

AM: Nie.

DE: Absolutnie nie.

P4: Czy na podstawie posiadanych przez Was informacji możecie powiedzieć, że otwarcie szkół, siłowni i sal sportowych oraz organizowanie imprez otwartych i pozwolenie ludziom na to, by znów się gromadzili, jest bezpieczne?

DE: Tak. Ja bym zaczął powoli. Myślę, że wpierw musimy otworzyć szkoły, by dzieci znów mogły nabrać odporności. Większe imprezy, w tym imprezy sportowe, to rzeczy, do których wrócimy w dalszej kolejności. Zacznijmy od szkół, od Cafe Rio i tutejszej pizzerii. Obecnie mogę iść do Sally's, co też zrobiłem dziś rano. Było tam 25 osób. Mogę stać w kolejce

przez 10 minut, ale nie mogę iść do Cafe Rio i posiedzieć tam przez ten czas. Czy to ma sens? Mogę iść do Costco i robić zakupy w sklepie, w którym prawdopodobnie jest kilkaset osób, ale nie mogę iść do Cafe Rio. Duże firmy są otwarte, ale małe już nie. Nie stoi za tym żadne naukowe uzasadnienie. Działają tu inne czynniki, bynajmniej nie naukowe.

P2: Mówiłeś, że Twoim zdaniem przeprowadzanie testów jest ważne.

DE: Tak.

P2: Proponujesz stopniowe otwieranie?

DE: Tak.

P2: Zaczynając od najbardziej istotnych rzeczy, by stopniowo przejść do pozostałych. Jak wyobrażasz sobie robienie testów na małą skalę?

DE: Dopiero co wczoraj spotkałem się ze wszystkimi dyrektorami wszystkich tutejszych szpitali. Spotkaliśmy się już wcześniej kilka razy. Pytali nas, jaka jest nasza wydajność. Zatem ta dyskusja trwa. Odpowiedzieliśmy: „Zaczniemy na powrót otwierać nasze firmy. Ludzie potrzebują dochodu, potrzebują zarabiać pieniądze, by móc je potem wydawać na zaspokajanie własnych potrzeb. Dla przykładu takie Wasze Greenway czy nasze Bolthouse mają tysiące pracowników, którzy cały czas pracują. Czy oni wszyscy mieli wykonane testy?”.

Nam chodzi o żywność. Zaczniemy od przemysłu żywnościowego i przetwórstwa. Zbadajmy ich. To, co próbujemy robić teraz, to weryfikować. Na podstawie testu z palca moglibyśmy badać ludzi w trzy minuty. One właśnie teraz wychodzą. Dziś w południe mamy się spotkać z większym laboratorium, by porozmawiać z nimi o pobieraniu krwi do próbki wraz z wykonywaniem badania krwi z palca. Wykonać szybki test, tak aby ludzie mogli się testować w drodze do pracy. Postępujemy tak, dopóki nie dowiemy się, kto ma aktywną chorobę, a kto nie. Nie musimy zachowywać się tak wobec każdego, ale w stosunku do większości. Potem leczymy ich tak samo, jak w przypadku zwykłej grypy.

Kiedy masz grypę, gorączkę i odczuwasz bóle mięśni, zostajesz w domu. Jeśli kaszlesz i brak Ci tchu (COVID-19 to bardziej sprawa systemu oddechowego), zostajesz w domu. Nie jesteś testowany. Nawet jeśli ludzie przychodzą do nas wielokrotnie z grypą, nie testujemy ich. Mówimy: „Masz grypę. Tutaj masz lekarstwo na nią”. Jeśli upłynęło już więcej niż dwa dni, to nie dostajesz Tamiflu, bo ta choroba sama przeminie. Tak samo jest z tym wirusem. Masz wirusa COVID-19? Idź do domu, przechoruj go i wróć.

P2: A zatem ktoś, komu by wyszedł negatywny wynik testu na przeciwciała, powinien mieć pozwolenie na powrót do pracy?

DE: Powinien, ponieważ może być negatywny przez całe lata, może nigdy nie dostać grypy. Mamy ludzi pod pięćdziesiątkę, którzy nigdy nie chorowali na gripę.

P2: Według Ciebie każdy, kto nie był zakażony koronawirusem, powinien mieć pozwolenie na powrót do pracy?

DE: Absolutnie.

P2: Bez względu na to, czy ma przeciwciała czy nie?

DE: Zgadza się.

P2: Rozumiem.

P1: Ale mówisz, że ta zasada obowiązuje wówczas, gdy mamy już przeprowadzone testy? Czy tak?

DE: Jeśli nie masz objawów, powinieneś mieć możliwość powrotu do pracy. Czy jesteś bezobjawowym nosicielem wirusa? Być może, ale nie możemy przetestować całej ludzkości.

AM: Jedną rzecz, którą chciałbym dodać w tym kontekście, to fakt, że w praktyce będą nam umykać przypadki koronawirusa, tak jak umykają nam przypadki grypy. Media wciąż zwracają uwagę na to, że musimy wyłapać wszystkich pacjentów z koronawirusem. Tymczasem nie, nie musimy, ponieważ to nie jest realne. Teoria i rzeczywistość są w tym względzie bardzo odmienne, nie pokrywają się ze sobą.

Pracowaliśmy na ostrym dyżurze przez piętnaście lat. Wspaniale byłoby, gdybyśmy mogli wyłapać każdego pacjenta z koronawirusem. Jednak czy to jest osiągalne? Czy

z tego powodu przez dwa lata będziemy trzymać gospodarkę w zamknięciu i szczepić każdego? Sądzę, że to absurdalne oczekiwanie. Czy z tego powodu zamierzasz spowodować upadek finansowy, przyczynić się do wzrostu przemocy domowej, liczby samobójstw i gwałtów? Co z tego będziesz miał? I tak umknie Ci wiele przypadków.

Musimy zatem traktować COVID-19 jak zwykłą grypę, do której ten wirus jest podobny. On w końcu zmutuje i z czasem stanie się coraz mniej zjadliwy, ponieważ tzw. bezobjawowi pacjenci czyjego „cisi nosiciele” zwykle mają łagodniejszą wersję koronawirusa. W ich przypadku wirus jest łagodniejszy i dlatego są bezobjawowi. I to powoduje, że ma on tendencję do szybszego rozprzestrzeniania się niż inne, bardziej zjadliwe formy.

P2: Na jakie źródła się powołujecie, by poprzeć Wasze twierdzenia? Do jakich naukowych opracowań i badań możecie nas odesłać?

DE: Jest jeszcze na to za wcześnie. Zanim powstaną naukowe opracowania, trzeba wykonać szereg ślepych prób klinicznych, na co potrzeba kilku lat. Robimy, co możemy, posługując się tymi danymi, które uzyskaliśmy. Dałem Wam statystyki. To wszystko to wiedza powszechnie dostępna w internecie, która nie opiera się na ślepych próbach klinicznych. Poszczególne hrabstwa informują o tym różne agencje informacyjne. Studiowaliśmy mikrobiologię przez dwadzieścia lat. To jest cel naszego życia. Kiedy mieliśmy

po dwadzieścia, trzydzieści czy czterdzieści lat, to właśnie to robiliśmy. Porównujemy uzyskane informacje z naszą wiedzą akademicką. Obaj mamy dyplomy z medycyny. Dlatego pytam się: „Czy to wszystko jest w jakiś sposób uzasadnione?”. Nie potrzebuję ślepej próby klinicznej, by się dowiedzieć, czy chowanie się w domu jest właściwe. To jest wiedza z mikrobiologii na poziomie liceum.

AM: Zajęłoby to rok, dwa lata, licząc od dziś, tymczasem w medycynie wielokrotnie trzeba podejmować rozważne decyzje na podstawie tych informacji, które się ma w danym momencie. Mogę się rozsiaść w apartamencie na ostatnim, 47 piętrze i powiedzieć: „Powinniśmy zrobić to, to i to”, ale nie oglądałem pacjenta od dwudziestu lat. To nie jest realistyczne. Korzystaliśmy z podstawowych danych, do których tutaj mieliśmy dostęp. Z chęcią Wam je udostępnimy. Mamy wszystkie dane pochodzące z hrabstwa Kern County, z największego centrum testów w tym hrabstwie. Zakładamy, że nasze dane są dokładne w odniesieniu do tego konkretnego obszaru.

P4: Ile wykonaliście testów i ile z nich było pozytywnych?

AM: Pięć tysięcy. Zrobiliśmy 5236 testów, z czego 340 było pozytywnych.

DE: Czyli 6,5%.

P4: A zatem dochodzimy do punktu, w którym pozostawanie w izolacji i wykonywanie wszystkich nakazów

dotyczących przebywania w domu okazuje się czymś nie-dobrym, szkodliwym dla naszego zdrowia?

AM: Tak. W efekcie tego znacznie obniża się poziom witaminy D, Nie jesteś na zewnątrz, nie przebywasz na słońcu, w efekcie czego Twój nastrój się obniża. Wówczas wzrasta prawdopodobieństwo, że się rozchorujesz, że ujawni się u Ciebie depresja. Przebywanie poza domem jest niezbędne dla zdrowia. Dlaczego nie możesz iść do parku na spacer, ale możesz iść do Home Depot, gdzie nikt nie nosi maski? To nie ma sensu. Ten brak konsekwencji i te absurdy nie mają sensu.

P4: W restauracjach, po tym jak sformułowano nakaz dotyczący pozostania w domu, można zobaczyć kelnerów i kelnerki roznoszących jednorazowe menu w rękawicach i maskach. Wy się z tym nie zgadzacie?

AM: Nie to, że się z tym nie zgadzamy. Myślę, że można na to spojrzeć na dwa różne sposoby. Jeśli jesteś zdrowy i nie masz poważnych chorób towarzyszących oraz obniżonej odporności, a ponadto nie jesteś w podeszłym wieku, powinieneś móc wyjść z domu bez żadnych rękawic i bez maski. Natomiast jeśli spełniasz któryś z tych warunków, powinieneś pozostać w domu albo nosić maskę i rękawice.

Nie uważam, że ktokolwiek musi nosić maskę i rękawice. To redukuje Twoją florę bakteryjną, nie pozwala Ci na przebywanie wśród innych osób, w społeczeństwie, a Twoje bakterie, flora i wirusy - Twoi przyjaciele, którzy

Cię chronią od innych chorób - w końcu odchodzą, w konsekwencji czego masz teraz większą szansę na to, by zarazić się oportunistycznymi infekcjami. Takimi infekcjami, które liczą na to, że nie masz swoich dobrych mikrobow, które za Ciebie walczą.

P1: Zatem Wy, lekarze, nawołujecie do stopniowego otwierania się i dlatego uważacie, że musimy zwiększyć liczbę wykonywanych testów. Jednak jeśli weźmiesz liczby *per capita*, to okaże się, że Kalifornia jest na czwartym miejscu od końca, jeśli chodzi o testowanie *per capita*. Natomiast Stany Zjednoczone są poniżej prawie każdego zachodnioeuropejskiego kraju *per capita*, oprócz, jak sądzę, UE [Zjednoczonego Królestwa] i Francji.

AM: Oraz Niemiec.

P1: Zdarzają się wyjątki od reguły, ale jesteśmy poniżej każdego kraju oprócz UK i Francji *per capita*. Myślę, że jesteśmy na mniej więcej 12 510, UK jest na mniej więcej 8000. Jeśli jednak popatrzysz na takie państwa jak Niemcy czy Dania, które zaczynają się otwierać, ich proporcje testów *per capita* są trzykrotnie wyższe niż te nasze. Mamy podobne do nich proporcje wyników pozytywnych, które sytuują się na poziomie od 3% do 12%, czyli to, co WHO mówi, że powinno być proporcją pozytywnych.

Nasze testy zbliżają się do 20% w skali krajowej. Zatem, jak myślisz, na jakim etapie otrzymamy adekwatne testowanie, o które Wy postulujecie? Gdzie możemy zacząć podejmować te kroki, by ruszyć gospodarkę i zacząć się otwierać? Czy już jesteśmy na takim etapie, czy jeszcze nie?

AM: Myślę, że to bardzo dobre pytanie. Powszechna dostępność testów a lęk przed tym, by przyjść do placówki i tam je wykonać, to dwie różne sprawy. Jeśli przebywasz w domu i widzisz w mediach, że tysiące ludzi umiera, nie chcesz iść na test. Strach powstrzymuje ludzi przed przyjściem do placówki i wykonaniem go. Ta konferencja została zorganizowana między innymi po to, by uświadomić im, że można przyjść do lekarza, można się leczyć. Jeśli masz ból w prawej dolnej części brzucha i gorączkę, a wyrostek zaraz Ci eksploduje, lecz martwisz się COVID-em, zostaniesz w domu i umrzesz na sepsę.

Myślę, że musimy teraz choć trochę obniżyć poziom tego strachu, który, w moim mniemaniu, jest trochę nie na miejscu i nie ma uzasadnienia w medycynie. Musimy to zrobić właśnie teraz, mówiąc ludziom: „Słuchajcie, można bezpiecznie iść do lekarza i wykonać test”. Każdemu, kto do nas przychodzi, dla jego wewnętrznego spokoju, dajemy maskę. Myślę, że jesteśmy w stanie wykonać masowe testy. W tej chwili możemy zrobić tysiące testów dziennie, ale problem polega na tym, że ludzie boją się przyjść. Chcą wykonać test, lecz boją się przyjść.

P1: No to dlaczego różni gubernatorzy, republikanie I demokraci powiedzieli, że nie mają możliwości zrobienia masowych testów?

AM: Jaka jest definicja masowych testów? Co zdefiniujesz jako „masowe testy”?

P1: Takie, w których wystarczająca liczba ludzi zostaje przetestowana, w których proporcje naszych pozytywnych testów by spadły, a nasze liczby *per capita* wyrównałyby się z tymi w innych krajach.

AM: Mamy dużą zdolność do wykonywania testów.

P1: Dlaczego zatem gubernatorzy mówią co innego?

AM: Nie wiem, na jakie modele patrzą czy jakie możliwości uwzględniają. Jako właściciele siedmiu szpitali poświęciliśmy swój czas, pracując dniem i nocą, by upewnić się, że mamy wystarczającą liczbę testów. Mamy tysiące testów, z których się nie korzysta. Mamy możliwości, z przyjemnością przetestujemy każdego, tyle tylko, że nie mamy na to zasobów. Z tego powodu nasza działalność [gospodarcza] cierpi, jak każda inna działalność medyczna w mieście, włączając w to duże szpitale.

P2: Czy ubezpieczenie pokrywa koszt wykonania testu?

AM: Tak, pokrywa. To jest uwzględnione w składce.

P2: A co, jeśli nie masz ubezpieczenia? Jaki jest wówczas koszt takiego testu?

AM: Wtedy nasze ceny są bardzo rozsądne, to jest 175 dolarów przed godziną 17.00 i 200 dolarów po godzinie 17.00 oraz w weekendy.

P3: Za wszystkie trzy testy?

AM: Tak. Laboratorium pobiera od Ciebie opłatę za testy. Nasza optata uwzględnia to, że nasi lekarze Cię obejrzel, ich diagnozę i prowadzenie. Laboratorium policzy Was osobno. Nie wiemy, jakie stawki obowiązują w laboratorium. Myślę, że od 60 do 70 dolarów. Ale ubezpieczenie pokrywa to wszystko.

P2: Jeszcze jedno pytanie. Wczoraj odbyło się spotkanie rady nadzorców Matt Constantine. Naczelnik publicznej służby zdrowia powiedział, że z tego modelu zaproponowanego przez państwo oraz naszych lokalnych informacji zamieszczonych na omawianym przez niego wykresie wynika, iż około 40% społeczeństwa zachowuje dystans. Jeżeli ta tendencja będzie się utrzymywać, to w październiku będziemy mieć tyle przypadków, że nasze szpitale tego nie udźwigną. On korzysta z miejscowych danych i modelu udostępnionego przez rząd. Na ich podstawie wychodzi mu ta dość straszna prognoza. Co Wy o tym myślicie?

AM: Spójrzmy na to z dwóch różnych punktów widzenia. Jeden dotyczy tego, jakie będą skutki zamknięcia

do października całej gospodarki. Co się wówczas stanie? Liczba bezdomnych wzrośnie, a ludzkie życie zostanie zrujnowane. Do tego dochodzą te wszystkie efekty uboczne wirusa COVID-19, które doktor Erickson tak sugestywnie przedstawił. Myślę, że najpierw trzeba uwzględnić to, a dopiero potem patrzeć na to, co możemy stracić.

Grypa sezonowa zaczyna się w październiku. Co każdego roku robimy z gripą? Czy wszyscy zostają wtedy w domu? Czy w zeszłym roku w czasie sezonowej grypy zostaliście w domu? Czy ktoś z Was został wówczas w domu? Nie, bo to jest zwykła grypa. Grypa zabija od ponad stu lat, od 1918 roku, od czasu tej wielkiej pandemii. Ale my wiemy, czym jest grypa i jak z nią postępować. Ta choroba jest nam znana. Zatem nie boimy się. Mówimy: „O, to tylko grypa”.

W ciągu całego życia miałem raptem kilku pacjentów około trzydziestki, czterdziestki, którzy zmarli na gripę. W przypadku koronawirusa wszyscy się go boimy, dlatego że jest nieznany, a to, co nieznanne, zawsze przeraża, wywołuje lęk. Jak duże jest zatem niebezpieczeństwo związane z koronawirusem i jakie korzyści wynikają z izolacji społecznej? Uważamy, że niebezpieczeństwo wynikające z izolacji całego społeczeństwa jest zbyt duże w porównaniu do potencjalnych zysków.

P1: Jesteście właścicielami szpitali i prowadzicie te placówki?

AM: Tak, mamy ich wszystkich siedem.

Tim: Co zatem powiedzielibyście krytykom, którzy mówią: „No tak, muszą się utrzymać na rynku, dlatego też podają takie informacje, a właściwie ich interpretację, by nie stracić pieniędzy”. Co powiedzielibyście tym ludziom, którzy mówią: „Uwierzę komuś, kto oferuje szersze, bardziej naukowe informacje”? Pomimo wiedzy i inteligencji moglibyście mieć ukryty motyw. Co powiedzielibyście takim osobom?

DE: Porozmawiajcie z lekarzami z ostrego dyżuru. Oni mają takie samo zdanie na ten temat, co my. Dzisiaj nakłoniłem się na wypowiedź lekarza z Wisconsin. Zachęcam wszystkich, byście się z nią zapoznali. Podzielę się jej treścią z Wami, bo dotyczy dokładnie tego samego, o czym teraz mówimy. Jak relacjonuje jej autor:

Jestem lekarzem pracującym na ostrym dyżurze. Nasz szpital przypomina obecnie „pole bitwy”: nasze OIOM-y są puste, nie ma w nich pacjentów, z, a to po korytarzach snują się ludzie w kombinach ochronnych sprawdzającymi temperaturę, kiedy przekraczamy próg budynku. Tutaj gdzieś jest coś niepokojącego.

Tu nie chodzi o naukę, nawet nie o COVID-19. Gdy mówią „bezpieczeństwo”, to tak naprawdę chodzi o kontrolowanie Was. Kiedy rozmawiam z lekarzami pracującymi ze mną w szpitalu na ostrym dyżurze, a nie mają żadnego interesu w tym, by tak twierdzić, to okazuje się, że mają dokładnie takie samo zdanie w tej sprawie jak ja. Taka jest moja odpowiedź na Twoje pytanie - jako lekarze wszyscy myślimy tak samo.

P1: Zatem według Ciebie szpitale tracą teraz pieniądze, a jednocześnie, jak powiedziałeś wcześniej, lekarze doświadczają presji ze strony administracji szpitalnej, by wpisywać COYID-19 jako przyczynę śmierci, co prawdopodobnie wywołuje większy strach wśród ludzi. Czy to wszystko nie przeczy logice? Dlaczego mieliby tak postępować, jeśli ich działania prowadziłyby do eskalacji lęku i utraty pieniędzy?

DE: Dokładnie. Dotyczy to zdecydowanie czegoś innego, ale to jest temat na mną rozmowę.

AM: Nie wiemy, dlaczego się tak postępuje. Jesteśmy tutaj, aby przedstawić naukowe fakty.

DE: A to jest rozmowa o polityce.

AM: Tak.

P1: Zatem niektórzy administratorzy szpitali szarżują ze swoimi finansami?

AM: Przedstawiamy tu tylko dane medyczne. To, co myślę o polityce, nie ma tutaj żadnego znaczenia.

DE: Musimy skupić się na zagadnieniach, na które potrafimy odpowiedzieć. Trzymajmy się tematu: czy zatem musimy przebywać zamknięci w domach i czy to w ogóle ma sens z punktu widzenia mikrobiologii, którą zajmujemy się już od trzydziestu lat? Nauka podlega zmianom, jesteśmy częścią tych nauk: biologii, biochemii, mikrobiologii. Przymusowa izolacja jest sprzeczna z naszą wiedzą naukową, która podpowiada, że teraz jest czas na to, by

to wszystko otworzyć. Modele, których użyto do prognoz, które miały oszacować liczbę zakażeń i śmierci z powodu koronawirusa, nie były dokładne. Natomiast te informacje są dokładne, modelują gripę. Powinniśmy wrócić do pracy. Tak pokazują rzeczywiste dane, a nie modele. Takie rozwiązanie dyktują wyniki badań.

P2: Jednak czy powiedziałbyś, że ta sytuacja panująca teraz w Nowym Jorku przypomina zwykłą gripę? Szpitale są kompletnie przytłoczone, a ludzie pracujący na ostrych dyżurach umierają. To nie przypomina **zwykłej** sezonowej grypy.

DE: Spójrzcie na Włochy. W 2017 roku mieli przeciążone szpitale z powodu ludzi umierających na gripę. Jeśli pracowałeś wówczas na ostrym dyżurze, a ja tak, widziałeś mnóstwo ludzi, pełne korytarze umierających, a wokół Ciebie kręcili się dziennikarze. To wszystko przez gripę. To się czasem zdarza.

P2: No tak.

DE: Tak, to się zdarza.

AM: Jednak to nie jest tylko grypa.

DE: Nie.

AM: To nie jest tylko zwykła grypa. Ludzie myślą: „To tylko grypa”. Równie dobrze można powiedzieć: „To tylko koronawirus”. Jaka to różnica? Jesteśmy przyzwyczajeni do grypy i do mówienia, że to tylko grypa. To coś,

z czym się wychowaliśmy, więc przywykliśmy do niej. Jeśli ktoś dziś popełni samobójstwo, pomyślimy sobie: „To straszne”. Jeżeli dzisiaj ktoś umrze z powodu grypy, to jest przerażające, ale jesteśmy do tego przyzwyczajeni. Natomiast do koronawirusa nie jesteśmy przyzwyczajeni. Jeśli nie jesteśmy do czegoś przyzwyczajeni, to rodzi to strach. Ludzie nie lubią zmian.

P2: Rozumiem to. Jednak w oparciu o to, co czytałem, mam na myśli wypowiedzi lekarzy pracujących na ostrym dyżurze w mieście Nowy Jork, nie słyszałem, żeby któryś z nich mówił: „To jest podobne do epidemii grypy”.

DE: Mocno się im obrywa, bo są w „gorącej strefie”, w centrum tego wszystkiego. My nie jeździmy metrem, w którym w tym samym małym wagonie jedzie tysiąc osób. Natomiast oni są bardzo blisko tego. W szpitalach były idealne warunki do rozwoju choroby, a koronawirus pokazał, że jest bardzo zaraźliwy. Powiedzmy sobie jasno. Jest zaraźliwy. Z tego, co czytałem, wynika, że może być nawet bardziej zaraźliwy i szybciej się rozprzestrzeniać niż grypa. Jednak faktyczny powód śmierci i przebieg choroby jest podobny do grypy, tyle że w tym przypadku częściej mamy do czynienia z czynnikiem oddechowym. Tyle się mówi o respiratorach. Czy wiecie, ile procent osób podłączonych do respiratorów umiera?

AM: Wszyscy.

DE: 80-90%. Jeżeli zostałeś podłączony do respiratora, to jesteś w kiepskim stanie. A tymczasem oni krzyczą, że potrzeba 30 000 respiratorów, / których i tak nie skorzystali. Domagają się 30 000, a skorzystali tylko z 5000. O ile setek procent za dużo zamówili? Ile to milionów dolarów? Cafe firmy zostały zmuszone do przestawienia linii produkcyjnych. W imię czego? To, co widzimy, to drugorzędne powody. W tle mamy zamknięcie wydobywania ropy i przewidywalne negatywne efekty zamknięcia gospodarki.

P3: Czy myślicie, że te liczby są proporcjonalnie tak samo niskie w skali całego kraju? Czy wynika to z tego, że się społecznie dystansowaliśmy, jak uzasadniają to przedstawiciele systemu opieki zdrowotnej naszego hrabstwa? Ich zdaniem dystans społeczny jest przyczyną tego, że nie potwierdziły się te pierwotne modele przewidujące wysoką śmiertelność. Moim zdaniem to wszystko to **fatsz**.

DE: Dlatego też omówiliśmy sytuację panującą w Szwecji i Norwegii, ponieważ te dwa kraje mają odmienne podejście do zamknięcia gospodarki. Szwecja się nie zamknęła, natomiast Norwegia tak. To odpowiednio 10 milionów i 5 milionów ludzi. Mamy szczegółowe informacje na ten temat, które właśnie omówiłem z Wami.

P1: Norwegia i Szwecja również mają drastycznie odmienne standardy wykonywania testów. Ogólnie

rzecz biorąc, w Norwegii wszystkich poddaje się testom, natomiast w Szwecji wykonują je tylko tym, którzy zostali przyjęci do szpitala.

DE: Nie, to nie jest do końca tak. Nie badają wszystkich.

P1: Oczywiście, że nie testują 5,5 milionów Norwegów, ale wykonywane tam testy są dużo bardziej powszechne niż w Szwecji.

DE: Według nas sprowadza się to do tego, że z punktu widzenia statystyki zamknięcie kraju bądź pozostawienie go otwartym nie prowadzi do różnic w ilości zgonów. To jest sedno tej sprawy.

P1: Gdyby ktoś w Szwecji zmarł w domu, to o ile nie przeprowadzi się testów, nie będzie wiadomo, co było powodem jego śmierci.

P3: Nasz prezydent i nasz gubernator mówią: „Dystans społeczny działa”. Natomiast Wy mówicie, że to jest niepotrzebne. Dlaczego tak jest? Z czego to wynika?

AM: Początkowo dystans społeczny był potrzebny.

P3: Czy oni kłamią?

AM: Początkowo był on potrzebny. Obaj całkowicie zgadzamy się z tym, że to, co zostało zrobione na początku, wynikało z tego, że to wszystko było jedną wielką niewiadomą. Teraz jednak ta niewiadoma staje się wiadomą. Początkowo zawsze jest się ostrożnym z obawy przed nieznanym. To

tak, jakby mieć jednego bardzo chorego pacjenta, którego ze strachu badamy na obecność wielu chorób. Jednak później, kiedy masz już więcej takich pacjentów, już wiesz, jakie badania im zrobić. To jakby porównać działanie szrapnela do działania snajpera.

Zatem gdy na początku pojawiły się informacje o nowym wirusie, który jest śmiertelny, wszyscy zrobili więcej, niż to było konieczne. Myślę, że wtedy to było właściwe. Jednak teraz, kiedy już mamy dane, widzimy, że 96-97% pacjentów wyzdrowiało, a spośród tych 4%, którzy zmarli. 90% miało choroby współistniejące, takie jak: niewydolność serca, rozedma płuc, reumatoidalne zapalenie stawów czy toczeń. Byli w trakcie immunoterapii, mieli niedobory odporności, HIV. To właśnie ci ludzie umierają. Zdarza się, że umierają też zdrowi, ale to znikoma, bardzo mała liczba.

Pl: Czy Wasz odmienny punkt widzenia, wnioski, które wyciągacie, będące w przeciwieństwie do ich twierdzeń, wynikają z tego, że oni są naukowcami? Czy to właśnie macie na myśli?

AM: Według nas i lekarzy pracujących na ostrych dyżurach w całym kraju te liczby nie mają żadnego sensu. Nie tylko my tego nie rozumiemy.

DE: Nie twierdzimy, że mamy rację. Mówimy tylko: tutaj macie dane, a tu naszą ich interpretację. To nie tak, że mówimy: „Ty masz rację, a Ty nie”. Tu chodzi o to, jak interpretujemy te informacje. Na co dzień zajmujemy się medycyną.

Niektórzy ludzie, którzy nie pracują w tej branży, mają inne zdanie na ten temat. Gdyby ktoś nie dostawał wypłaty przez jakiś czas, to może miałby inne zdanie w tej sprawie.

Pracownicy Cafe Rio nie dostają wynagrodzeń, gdyż zostali wysłani na przymusowe urlopy.

Kiedy nie dostajesz wypłaty, zaczynasz zmieniać zdanie.

P2: Tak.

DE: Czy gdyby okazało się, że musi Pani przebywać w domu na przymusowym urlopie przez bliżej nieokreślony czas, to czy ucieszyłaby Panią taka informacja?

P2: Rozumiem, widzimy to teraz w całym kraju. Ludzie domagają się tego, by mogli wrócić do pracy (*śmiech*).

DE: Kto decyduje o tym, co jest bezpieczne? Kto jest na tyle mądry, by to wiedzieć? Czy rząd może zdecydować o tym, co jest dla Ciebie bezpieczne?

O ile tylko używasz słowa „bezpieczeństwo”, to tak naprawdę oznacza ono kontrolę. Kryje się za nim przekaz: „My wiemy, co jest bezpieczne dla Ciebie. Jesteś za głupi, by zrozumieć, jak manifestują się poszczególne choroby”. Będą stosować tę metodę także w wielu innych przypadkach, mówiąc: „Znaleźliśmy ślad wskazujący na użycie bomby pochodzącej z Chin. Każdy ma zostać w domu przez najbliższe trzy miesiące”. Postępują tak, by zobaczyć, ile wolności mogą Wam odebrać. Poddasz się i zostaniesz w domu?

f to działa. Zwróćcie uwagę, w jaki sposób Amerykanie reagują na to. Jeżeli w mieście pójdziecie do jakiegokolwiek sklepu z bronią, to zgadnijcie, czego w żadnym z nich Wam nie sprzedadzą, bo już tego nie mają? Amunicji. W żadnym sklepie nie ma amunicji. Ja sam byłem już w trzech. Powiedzieli, że w ostatnim czasie sprzedali tysiące sztuk. Dlaczego? Ludzie się wkurzyli. Na mojej „tablicy” na Facebooku widzę zdjęcia z osobami trzymającymi kałasznikowy podpisane: „Będzie zabawa”. Co chcę przez to powiedzieć? Bardzo bym chciał, byśmy tego uniknęli. Jeśli jednak zabierzecie nam całą wolność, to pozostanie tylko przemoc.



7. DR MED. WOLFGANG WODARG

7.1 CCWID-19 - sprawa dla detektywów z zakresu medycyny¹⁴

2 maja 2020

Masowa, nieproporcjonalnie wysoka śmiertelność pacjentów z CGVID-19 o ciemnej skórze oraz z państw południowych jest najwyraźniej wynikiem niewłaściwego leczenia. Dotyczy to osób ze szczególnym niedoborem enzymu występującego przede wszystkim u mężczyzn, których rodziny pochodzą z regionów, w których malaria była lub jest endemiczna. Obecnie są oni leczeni **hydroksychlorochiną**, lekiem stosowanym dziś na całym świecie do walki z **COVID-19**, który wywołuje u nich niepożądane działania. Jeśli to

7 DR MED WOLFGANG WODARG

¹⁴ Wodarg W. [2020.10.12], *Covid-19 - ein Fall für Medical Detectives*. Dostęp: <https://www.wodarg.com/covid-19-medical-detectives>.

się szybko nie zakończy, prawdopodobne jest masowe umieranie, szczególnie w Afryce.

Zanim opiszę moje poszukiwania odnośnie do tych bardzo niepokojących ustaleń, kilka słów o ocenie kryzysu koronawirusowego, wiarygodności testu PCR SARS-CoV-2, wszechobecnym strachu oraz o tym, jak jest on wykorzystywany politycznie.

Podczas moich badań dotyczących wydarzeń, które nastąpiły po Wuhan i które całkowicie zmieniły świat od początku 2020 roku, szybko upewniłem się, że wprawdzie mamy do czynienia z nowym wariantem koronawirusa, ale w świetle niemieckich danych o umieralności (śmiertelności) i zachorowalności (częstości wystąpienia choroby) nie różni się on znacząco od tego, co obserwowano lub można było zaobserwować w poprzednich latach.

Dotychczas koronawirusy nie były przedmiotem obserwacji epidemiologicznych na całym świecie, ponieważ poza krótkoterminowymi przypadkami z Chin (SARS 2002/2003) i z krajów arabskich (MERS od 2012 r.) nie wywarły znaczącego, globalnego wpływu na sezonowe występowanie chorób układu oddechowego. Nie było również przeciw nim zmienianych co roku szczepionek, takich jakie są sprzedawane w przypadku grypy.

Powszechnie wiadomo, iż od czasu świńskiej grypy z 2009 roku obiegające świat choroby, które koncentrują się na poszczególnych patogenach, określane są jako

„pandemia” ze względu na swój inflacyjny (wzrastający) charakter. W tym kontekście od dawna wymagana była czujność i historycznie uzasadniona nieufność. Jeśli nasi normalni, zmieniający się i rozpowszechniający się na całym świecie „zimowi goście wirusowi”, tacy jak wirusy H1N1 z 2009 roku spełniają kryteria pandemii, to obecnie termin ten został pozbawiony sensu. Do 2009 roku było inaczej. Do tego czasu do wymaganych cech pandemii należały również bardzo liczne, ciężko przebiegające zachorowania i liczne zgony przy ogólnoswiatowym, katastrofalnym przeciążeniu systemu opieki zdrowotnej.

Czysto zakaźno-epidemiologiczne aspekty fenomenu Wuhan są dla mnie w dużej mierze oczywiste. Według dostępnych danych pochodzących z niemieckich sieci monitorowania ostrych chorób układu oddechowego (ARF - ostra niewydolność oddechowa), Grupy Roboczej ds. Grypy. Grippe-Web oraz danych szpitalnych dotyczących ostrych chorób układu oddechowego, a także danych krajów związkowych o obciążeniu oddziałów intensywnej opieki medycznej, fala grypy 2019/2020 ze swoją różnorodną gamą patogenów przeszła bez echa. Jedynie konsultacje medyczne w gabinetach lekarskich odbywały się w ostatnich tygodniach sezonu znacznie rzadziej najwyraźniej z powodu blokady.

Jeśli chodzi o ostre sezonowe choroby układu oddechowego, obecnie nie ma powodu, aby obawiać się nasilonych ostrych infekcji oddechowych. Z medycznego punktu

widzenia i biorąc pod uwagę dostępne dane, specjalne środki ostrożności są teraz zbędne - nawet jeśli rząd mówi co innego.

Test PCR SARS-CoV-2:
niespecyficzny, medyczeie bezużyteczny,
ale wywołujący strach

Ze względu na ogromne znaczenie zjawiska COVID-19 należy zwrócić szczególną uwagę na test PCR SARS-CW-2 - jedyny dostępny instrument, by dokonać pomiaru wirusa i w ogóle móc mówić o jego nowym rozprzestrzenianiu się. W mojej ocenie tego nic się nie zmieniło od końca lutego: bez testu PCR dla wirusów SARS-CoV-2, przygotowanego przez niemieckich naukowców, nie zauważylibyśmy jakiegokolwiek koronawirusowej „epidemii” ani „pandemii”.

Po tym, jak zaleciła go WHO (bynajmniej nie w celu wykrycia choroby), zaczęto przeprowadzać testy w całym kraju, starając się znaleźć fragmenty wirusów SARS. Jedno ze źródeł w Chinach, którego prof. Christian Drosten, jeden z twórców testu PCR, nie chciał wymienić w wywiadzie dla niemieckiego radia, potwierdziło wirusologowi, że, stosując test, znaleziono poszukiwany fragment SARS w wirusie Wuhan-SARS.

Moja ocena niezatwierdzonego urzędowo i niedopuszczonego do celów medycznych testu, który jest teraz używany do wykrywania „przypadków” na całym świecie, brzmi:

Jak test, którego wynik okazuje się pozytywny dla wielu różnych, zmieniających i rozprzestrzeniających

się na całym świecie od wielu lat wirusów SARS nie-
topeży, psów, tygrysów, lwów, kotów domowych
i ludzi, może być uznany za właściwy dla potwier-
dzenia wykrycia istniejącego rzekomo zaledwie od
czterech miesięcy wirusa SARS-CoV-2?

Jest to najwyraźniej czuły test, który daje zbyt wiele po-
zytywnych wyników, a zatem może również wykryć wiele
patogenów podobnych do tych, które podlegały rekombi-
nacji w sposób naturalny. To nie zaprzecza jednak temu, że
może również wykryć wirusy z Wuhan.

Test wykrywa oczywiście także wcześniejsze wa-
rianty wirusów SARS, które ciągle się modyfikują,
mogą szybko zmienić swoich gospodarzy i nie można
ich znaleźć w bazach danych wirusologów. Te jednak
nie były i nie są oczywiście postrzegane jako wyjąt-
kowo niebezpieczne.

Skąd więc wiemy, że rozbieżność między wieloma nie- Z
szkodliwymi infekcjami a kilkoma bardziej poważnymi <
przebiegami choroby nie wynika z faktu, że przy zastoso- oO
waniu tego testu w tym samym stopniu są wykrywane jej \$
różne warianty, zwłaszcza że daje wynik pozytywny nawet *A
w przypadku wariantów zwierzęcych? oW

Niewiele mówiący pozytywny wynik testu wywołuje o E
jednak w każdym przypadku strach oraz powoduje na- S
tychmiast i w sposób przewidywalny odpowiednie zacho- <=>
wanie rzekomo zarażonych osób i ludzi, którzy reprezen- "
tują władzę. Ogólnokrajowe testy, fiksacja na stanowiskach

z respiratorami, opustoszone kliniki w oczekiwaniu na ogłoszoną powódź ofiar COVID-19 i ćwiczenia selekcji chorych wywołały panikę, a tym samym umożliwiły wymuszenie posłuszeństwa mocno zastraszonej ludności.

Czy strach nie powinien minąć?

Już przed wprowadzeniem lockdownu stało się jasne, że prawdopodobnie Niemcy zostaną w znacznej mierze oszczędzone. Wówczas dwa wywołujące strach obrazy zdominowały sprawozdania w naszym kraju i spowodowały dalszy postęp strachu i posłuszeństwa: trumny i śmiertelny chaos w wielu włoskich oraz hiszpańskich klinikach, kontenery chłodnicze pełne zwłok i masowe groby w Nowym Jorku. Na tej podstawie stwierdzono, że prawdopodobnie będzie to bardzo niebezpieczna epidemia.

Jednakże jest nieprawdopodobne, by ten sam wirus był o wiele mniej szkodliwy w Hamburgu niż w Nowym Jorku. Muszą być jakieś inne powody tego.

Dlatego skoncentrowałem swoje badania na tych nowych głównych punktach wydarzeń. Być może, mam taką nadzieję, pozwoliłoby to również zrozumieć, dlaczego tak wiele rządów wciąż mówi o zbliżającej się „drugiej fali” i dalszej potrzebie zamrażania różnych aspektów codziennego życia.

Obecnie argumentuje się, że środki bezpieczeństwa należy utrzymać mniej więcej do momentu aż cała populacja zostanie zaszczepiona, a tym samym uratowana.

Wymagane jest półtora roku tzw. nowej normalności - bez wyjazdów wakacyjnych, festiwali, wydarzeń kulturalnych i sportowych, a w przyszłości przewiduje się wprowadzenie przymusowych szczepień i testów oraz zainstalowanie obowiązkowych aplikacji śledzących i immunologicznych.

Ale dlaczego? Co sprawia, że rząd jest tak pewny tego, że uważa za konieczne uchylenie znacznej części konstytucji, doprowadzenie klasy średniej do bankructwa i wywołanie bezrobocia wśród robotników i pracowników umysłowych? Co jeszcze nam zagraża?

Detektywi medyczni:
rzut oka za zasłonę

Dlatego niezmiernie ważne jest dowiedzenie się, co wydarzyło się na przykład w północnych Włoszech, Hiszpanii lub Nowym Jorku. Aby to zrozumieć, należy przeprowadzić więcej badań, niż w przypadku tradycyjnej epidemiologii. Ukończyłem szkolenia epidemiologiczne w Baltimore na obecnie, niestety, skorumpowanym strukturalnie Uniwersytecie Johnsa Hopkinsa, które dały mi dużo wiedzy metodologicznej. Jeden z tamtejszych przedmiotów nosił nazwę: *Detektywi medyczni*.

Z lekcji historii i na podstawie wielu dobrze przebadanych przypadków można się było dowiedzieć, jakie mogą być konsekwencje zdrowotne na przykład korzystania ze skażonej studni czy zatruc pokarmowych i jakie „sztuczki” utrudniają odróżnienie przyczyn naturalnych

od spowodowanych ingerencją człowieka, w tym nawet od działań o charakterze przestępczym. Na przedmiocie dla detektywów medycznych - jak wszyscy wiedzą o tym z powieści kryminalnych - mówi się o sprawcach i ofiarach, motywach i broni oraz alibi i zleceniodawcach.

Epidemia - nawet ta ogłoszona przez WHO - może być *fake newsem*. W przypadku grypy: ptasiej i świńskiej byłem świadkiem i miałem możliwość badania skorumpowanych i pozbawionych skrupułów działań przemysłu farmaceutycznego i szczepionkowego. Wciąż wzmacniano w ludziach obawy o zdrowie, aby przekierować miliardy ze sprzedaży niebezpiecznych produktów z funduszy publicznych do prywatnych kieszeni.

Właśnie dlatego w obliczu CCMD-19 można postawić pytanie: czy również w tym przypadku za eskalowaniem niepokoju wśród społeczeństwa kryje się jeszcze coś innego? *Cui bono?* Kto korzysta na strachu?

Wirusolodzy ponownie wywołują strach

Oprócz WHO osobami wywołującymi strach są ponownie znani mi z przeszłości wirusolodzy. Większość z nich - i to już jest niestety „nowa normalność” - nawiązała ścisłą współpracę z przemysłem farmaceutycznym lub innymi inwestorami.

W dzisiejszych czasach łatwiej jest zostać profesorem, jeśli potwierdzisz swoje umiejętności poprzez pozyskiwanie środków zewnętrznych. Nauka przyzwyczała się do

„oszukiwania”, a uniwersytety ułatwiają to poprzez nieprzejrzystą działalność, partnerstwa publiczno-prywatne lub współpracę z rzekomo charytatywnymi fundacjami.

W odniesieniu do COVID-19 dział wirusologii berlińskiego Charité¹⁵ jest finansowany przez Fundację Billa i Melindy Gatesów. Współautorem testu PCR Christiana Drosten jest m.in. dyrektor zarządzający firmy biotechnologicznej TIB Molbiol, która obecnie coraz częściej produkuje te testy i sprzedaje w milionach. Są to jednak wtórne ustalenia detektywistyczne, które w żaden sposób nie wyjaśniają, co wywraca ten świat do góry nogami.

Większość ekspertów nie może już zaprzeczyć, nie ryzykując kompromitacji i utraty naukowej rzetelności, a tym samym splamienia kariery, że ryzyko infekcji w Niemczech i w sąsiednich krajach już minęło. Jednak są ludzie w rządach, urzędach i nauce, którzy chcą nas zamknąć w strachu i dalej prowadzić na pasku.

Mojej złości z powodu tej niezrozumiałej z medycznego punktu widzenia paniki oraz wielu innych bezsensownych epidemiczno-sanitarnych uprawnień [władzy] i dyscyplinowania ludzi pozbawiającego ich wolności towarzyszy również ciekawość „medycznego detektywa”, który zastanawia się nad różnymi możliwymi ukrytymi motywami tego zjawiska. Niemniej jednak nie chcę teraz zajmować się jego kontekstem politycznym i gospodarczym. Nadejdzie na to czas. Ponadto nie jest to moja specjalizacja.

¹⁵ Centrum Badań nad Zakażeniami w Berlinie.

Czy „druga fala” nadejdzie?

Pytanie, które sobie zadaję, brzmi: jak udato się stworzyć tego rodzaju groźne scenariusze, z niewątpliwie stosunkowo nieszkodliwym patogenem, z pomocą których można było bez wysiłku pozbyć się krytyków, a mediom oferować pożywkę podsycającą strach wśród społeczeństwa?

Chciałbym również wiedzieć, na podstawie jakich dowodów naukowych kanclerz Niemiec, jej minister zdrowia, jej „nadworny” wirusolog i inni nadal ogłaszają: „Druga fala dopiero nadejdzie”. To wszystko będzie trwało jeszcze wiele miesięcy. Nie możemy jechać na wakacje. W przyszłości musimy być przygotowani do świadczenia pracy z domu. Wszyscy musimy zostać poddani badaniu na obecność wirusa, śledzeni i zaszczepieni lekiem, który nie został jeszcze przetestowany. Wszystko to zostało już zapisane w scenariuszu zatytułowanym: „Pierwsza współczesna pandemia”, opublikowanym przez Billa Gatesa 23 kwietnia br., choć nie zostało to tam medycznie uzasadnione.

Wskazówka z Nowego Jorku

31 marca br. otrzymałem ważną wskazówkę: dr Cameron Kyle-Sidell, nowojorski lekarz pracujący na oddziale intensywnej terapii zaalarmował swoich kolegów, dzieląc się z nimi niesamowitą obserwacją. Jak relacjonował:

Pacjenci, których widziałem na oddziale intensywnej opieki medycznej, nie byli pacjentami z COVID-19. Nie wykazywali żadnych objawów zapalenia płuc, ale wyglądali jak

pasażerowie samolotu, który nagle stracił ciśnienie na dużej wysokości.

Musiąło to być zatem zakłócenie transportu tlenu we krwi. Przeanalizowałem i wykluczyłem jedną po drugiej różne znane przyczyny takich objawów, aby nie były brane pod uwagę w badaniu postępu choroby. Najbardziej prawdopodobną przyczyną wydawała się szybka hemołiza i zniszczenie erytrocytów (czerwonych krwinek), które wymieniają tlen w płucach na wydychany CO_2 w celu transportu tlenu do wszystkich zakątków naszego ciała. Następnie pacjenci czują się tak, jak gdyby byli duszeni, bardzo szybko oddychają i wymaga to od nich sporo wysiłku.

Wiemy, co robić w takim przypadku, ponieważ demon-
struje nam to się za każdym razem przed startem samo-
lotu, gdy zostajemy poinstruowani, jak działają maski
tlenowe, które zapewnią nam dopływ tlenu na wypadek
awarii/dekompresji kabiny. Właśnie tego typu sprzęt naj-
lepiej pomógł pacjentom w Nowym Jorku. Z drugiej strony
intubacja i wentylacja były błędne i zabijały ludzi w wielu
miejscach.

Nigeryjscy zmarli w Szwecji

Przypomniałem sobie podobny przypadek z tymi samymi zagadkowymi objawami u młodego pacjenta z Nigerii, który zmarł z tego powodu, a który został opisany w 2014 roku przez szwedzkich pneumologów. Podejrzewano wówczas u niego niedobór enzymu i faktycznie stwierdzono, że jest

on możliwą przyczyną śmierci, która występuje w wielu regionach Afryki u 20% do 30% populacji.

Jest to tak zwany niedobór dehydrogenazy glukozo-6-fosforanowej, inaczej „niedobór G6PD”, jedna z najczęstszych osobliwości genetycznych, która może prowadzić do groźnej hemolizy (rozpuszczania krwinek czerwonych), a występuje głównie u mężczyzn, gdy przyjmowane są pewne leki lub substancje chemiczne. Poniższa mapa pokazuje rozprzestrzenianie się tego niedoboru¹⁶.



Ta dziedziczna cecha jest szczególnie powszechna wśród grup etnicznych zamieszkujących obszary z malarią. Zmodyfikowany gen G6PD ma zalety w tropikach. Dzięki niemu osoby te są odporne na malarię. Jednak również niedobór G6PD jest niebezpieczny, jeśli ludzie dotknięci tą chorobą wejdą w kontakt z niektórymi substancjami, które znajdują się na przykład w bobie, porzeczce, grochu i wielu lekach.

¹⁶ G6PD Deficiency Prevalence and Estimates of Affected Populations in Malaria Endemic Countries: A Geostatistical Model-Based Map, [10.09.2020], Dostęp: <https://journals.plos.org/plosmedicine/article?id=10.1371/journal.pmed.1001339>.

Należą do nich między innymi: kwas acetylosalicylowy, metamazol, sulfonamidy, witamina K, naftalen, anilina, leki przeciwmalaryczne i nitrofurany. Niedobór G6PD powoduje wówczas zaburzenia procesów biochemicznych w krwinkach czerwonych i - w zależności od dawki - wywołuje łagodną lub zagrażającą życiu hemolizę. Następnie zanieczyszczenia powstałe w wyniku uszkodzenia erytrocytów prowadzą do mikrozatorów, które zatykają małe naczynia krwionośne w narządach. To, co spowodowało chorobę i śmierć młodego mężczyzny z Nigerii, było wówczas niejasne.

Przerażające odkrycie

Zweryfikowałem leki, które mogą powodować ciężką hemolizę z niedoboru G6PD i doznałem szoku. Jedną z substancji, którą wymienia się jako bardzo niebezpieczną we wszystkich postaciach niedoboru tego enzymu, jest lek przeciw malarii - hydroksychlorochina (HCQ).

Jest to jednocześnie dokładnie ta sama substancja, która od 2003 roku zalecana jest przez chińskich badaczy w Wuhan jako lek przeciwko SARS. HCQ wróciła do nas z Wuhan wraz z wirusem jako jedna z opcji terapeutycznych i została zaakceptowana jako taka. Jednocześnie, przy wsparciu WHO i innych agencji, zalecano prowadzenie dalszych badań klinicznych nad HCQ jako obiecującym środkiem przeciwko COVID-19.

Według doniesień produkcja tego leku ma wzrosnąć w Kamerunie, Nigerii i innych krajach afrykańskich. Indie są największym producentem HCQ i eksportują do 55 krajów.

Werner Baumann, przewodniczący Bayer AG, ogłosił na początku kwietnia, że różne badania w laboratoriach i klinikach dostarczyły pierwszych przesłanek, iż chlorochina może być odpowiednia do leczenia pacjentów z koronawirusem. Następnie firma udostępniła kilka milionów tabletek.

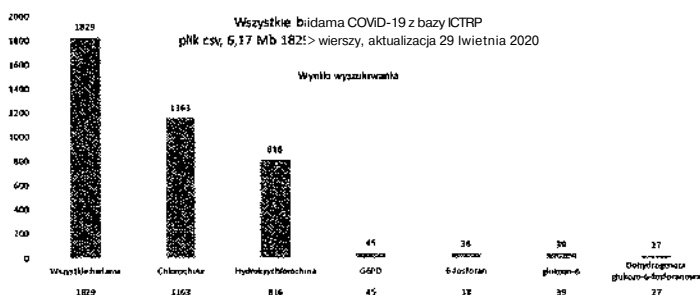
Obecnie na całym świecie istnieją setki badań finansowanych przez różnych sponsorów, które dopiero są planowane lub właśnie są w toku, w których HCQ stosuje się samodzielnie lub razem z innymi lekami. Kiedy spojrziałem na kilka dużych badań, aby sprawdzić, czy pacjenci z niedoborem G6PD zostali z nich wykluczeni, w większości z nich nie znalazłem odniesień do tej kwestii. Na przykład w Stanach Zjednoczonych przygotowywane jest duże wieloośrodkowe badanie z udziałem 4000 zdrowych uczestników rekrutujących się z personelu medycznego. Tutaj jednak termin „nadwrażliwość” jest stosowany dość ogólnie, tak jak w przypadku wszystkich leków wywołujących reakcje alergiczne.

Również w badaniu chlorochina/hydroksychlorochina prowadzonym na Uniwersytecie Oksfordzkim (NCT04303507) z udziałem 40 000 uczestników ryzyko związane z niedoborem G6PD nie zostało wymienione. Jednocześnie w innym dużym badaniu prowadzonym przez Pentagon zostało zawarte wyraźne ostrzeżenie, aby wykluczyć z badania uczestników z niedoborem G6PD.

Grafika na stronie 45, oparta na informacjach pochodzących z bazy danych WHO, pokazuje, ile badań zostało

zainicjowanych nad COVID-19 i HCQ i jak niewiele z nich bierze pod uwagę niedobór enzymu.

Zwykle wspomina się w nich tylko o powikłaniach układu krążenia powstałych przy stosowaniu chlorochiny lub hydroksychlorochiny. W jednym z przypadków doprowadziły one do zakończenia badań prowadzonych w Brazylii, w trakcie których zmarło 11 spośród 81 uczestników. Wygląda jednak na to, że na całym świecie niewiele uwagi poświęca się temu kolejnemu poważnemu, niepożądanemu działaniu HCQ. Ponadto, z powodu braku alternatyw, stosowanie HCQ było tolerowane i masowo wykorzystywane w wielu krajach od początku roku w ramach tak zwanego „indywidualnego stosowania”. W medycynie „indywidualne stosowanie” odnosi się do używania w nagłych przypadkach leków, które nie zostały jeszcze zatwierdzone.



Zauważalne powtórzenia

Podczas tych badań otrzymywano coraz więcej dokładnych wyników dotyczących oceny zgonów w szczególnie

dotkniętych nimi miastach. W Nowym Jorku i innych miastach Stanów Zjednoczonych donoszono, że zdecydowana większość wśród ofiar śmiertelnych to „Afroamerykanie” - było ich dwa razy więcej, niż można by oczekiwać na podstawie ich udziału w ogólnej liczbie ludności.

Również w Anglii, gdzie dane Euromomo dotyczące umieralności wykazały wzrost od początku kwietnia, pojawił się raport, że 35% z około 2000 poważnie chorych, czyli dwa razy więcej niż oczekiwano, pochodziło z „mniejszości” etnicznych (Murzynów, Azjatów lub innych mniejszości etnicznych); wśród nich byli również lekarze i personel medyczny.

Wysoka śmiertelność lekarzy we Włoszech nadal wymaga pilnego wyjaśnienia. Zgon około 150 lekarzy oraz niewielu lekarzy płci żeńskiej jest łączony z COVID-19. Chociaż w wielu z tych przypadków wiek mógł odgrywać pewną rolę, to jednak należy zauważyć, że w niektórych regionach Włoch zanotowano wysoką częstotliwość występowania niedoboru G6PD; jednocześnie u 71% osób, które uzyskały dodatni wynik testu PCR, występował wysoki poziom HCQ, w tym także u personelu medycznego. To samo dotyczy Hiszpanii. Wśród 15 pierwszych zgonów na COVID-19, jakie miały miejsce w Szwecji, było sześciu młodych imigrantów z Somalii.

Zabójcza kombinacja

Zatrważające wnioski wynikające z moich badań brzmią: typowe ciężkie przebiegi z hemolizą, mikrozakrzepami

i dusznością bez typowych objawów zapalenia płuc występują coraz częściej, gdy spotykają się dwa czynniki:

- * profilaktyczne lub terapeutyczne zastosowanie wysokich dawek HCO.

Dokładnie tego można się spodziewać w Afryce. Tak też już dzieje się wszędzie tam, gdzie na skutek migracji duża część ludności pochodzi z krajów, gdzie występuje malaria. Poniższa grafika pokazuje schematyczny przebieg tego procesu.



Miasta takie jak Nowy Jork, Chicago, Nowy Orlean, Londyn, a także duże miasta w Holandii, Belgii, Hiszpanii i Francji są właśnie takimi ośrodkami. Jeśli test zostanie przeprowadzony na dużej próbie w głównych punktach migracji i, zgodnie z oczekiwaniami, wynik u ok. 10-20%

populacji okaże się pozytywny, wśród nich znajdzie się także wiele osób z regionów z niedoborem G6PD. Jeśli, zgodnie z planem, leczy się ich profilaktycznie lub w ramach „indywidualnego stosowania” za pomocą wysokich dawek HCQ, to te ogromne, niepożądane działania wystąpią u młodych ludzi, co pokazała nam prasa szukająca sensacji i podtrzymująca nasz lęk przed COVID-19.

Nie wiadomo, jak często ta zabójcza kombinacja prowadziła do śmierci. Jak dotąd osoby odpowiedzialne w WHO i w rządach nie podjęły dyskusji na ten temat. Brak wiedzy i odpowiedzialności nawet wśród lekarzy odpowiedzialnych za leczenie pacjentów z COVID-19 lub za personel, który ich leczy, jest przerażający.

Podkreślam: to połączenie dotyczy nie tylko Afryki, ale także dużych części Azji, Ameryki Południowej i Środkowej, Krajów Arabskich (ew. Bliskiego Wschodu) i Morza Śródziemnego.

Wspomniane przypadki nie mają nic wspólnego z chorobą COVID-19. Wynik testu PCR, który prowadzi do profilaktycznego wypisania recepty na HCQ, jest wystarczający, aby wywołać poważne niepożądane działania nawet u jednej trzeciej osób z grupy ryzyka leczonych w ten sposób.

Leczenie HCQ w przypadku niedoboru G6PD niebezpiecznym błędem w sztuce lekarskiej

Można to natychmiast zatrzymać, jeśli wszyscy lekarze prowadzący leczenie na całym świecie zostaną poinformowani o przeciwwskazaniu do stosowania HCQ.

Jednak WHO, CDC, ECDC, chińscy specjaliści od SARS, izby lekarskie, agencje ds. leków oraz rząd federalny i jego doradcy zaniedbują informowanie opinii publicznej o tym, co w świetle trwających badań wydaje się rażącym zaniedbaniem.

Będem jest leczenie osób z niedoborem G6PD wysokimi dawkami pochodnych chlorochiny lub innych leków, o których wiadomo, że są niebezpieczne. Pod egidą WHO prowadzi się *Badania solidarnościowe dotyczące sposobów leczenia COVID-19*, podczas których zdrowi ludzie są narażani na pośpiesznie zatwierdzone, zagrażające życiu eksperymenty. Setki badań klinicznych, w większości bezwartościowych obserwacji z różnymi podobnymi podejściami, jest bardzo często prowadzonych z użyciem HCQ jako jednej z alternatyw.

Niemieckie ustawodawstwo w sprawie leków zabrania używania niedopuszczonych do obrotu leków, ale rząd mimo to nadal to postuluje. Niezwalidowany i niezatwierdzony test do celów diagnostycznych stanowi pretekst do stosowania leków zagrażających życiu - a wszystko to w przypadku choroby zakaźnej, w odniesieniu do której wciąż nie ma dowodów na to, że stwarza poważne ryzyko wykraczające poza coroczną sezonową gripę.

Cata naprzód w stronę katastrofy

Niebezpieczeństwa związane z tą epidemią zilustrowano za pomocą naukowego oszustwa. Nieodpowiedni test z Berlina stanowi pretekst do zabójczych działań na

catym świecie. Ich konsekwencje prowadzą do kryzysowych sytuacji w wielu regionach, które są przypisywane epidemii. Stwarza to falę strachu, z której korzysta tak wielu ludzi biznesu i polityki, co może zagrażać naszym podstawowym prawom.

Społeczeństwo, media i środowisko medyczne nie wydają się zaskoczone tym, że w Nowym Jorku i innych ośrodkach umiera ponad dwa razy więcej Afroamerykanów niż można by się spodziewać na podstawie ich liczby w ogóle populacji. W badaniach nad zgonami prowadzonymi w Stanach Zjednoczonych i innych krajach zagrożenia związane z niedoborem G6PD są prawie zawsze ukrywane lub pomijane.

Czy wirusolodzy i inni eksperci od dawna głoszący, że w miastach Afryki nastąpi fala śmierci i inne straszne wydarzenia, wiedzą o tych powiązaniach? Czy są też inne możliwe do zweryfikowania przyczyny, które uzasadniają formułowanie tak doniosłych prorocत्व? W końcu: czy są to tylko kwestie naukowe czy również dla prokuratorów i sądów?



8. PROF. ULRIKE KÄMMERER, DR MED. WOLFGANG WODARG

8.1 Posiedzenie **niemieckiej** komisji ds. koronawirusa: testy PCE, odporność, druga fala"

24 lipca 2020

"Wdane Fischer: Serdecznie witam na czwartym posiedzeniu Komisji Śledczej ds. Koronawirusa. Dziś zajmujemy się bardzo ważnym zagadnieniem dotyczącym wiarygodności testów PCR. W pierwszej kolejności chcemy omówić mechanizm ich działania, a następnie postawić pytania dotyczące tego zagadnienia.

Problem ten nurtuje mnie już od dawna. Dlatego przygotowałam i złożyłam petycję, w której

¹⁷ Corona Ausschuss [2020 10.16]. *Sitzung 4 Der Drogen-Test, die Immunität und die zweite Welle*. Dostęp: <https://corona-ausschuss.de/>.

argumentowałam, że potrzebna jest solidna podstawa w postaci danych liczbowych oraz baza wiedzy dotycząca dynamiki występowania i rozprzestrzeniania się wirusa w Niemczech. Jednak do dziś nie przeprowadzono reprezentatywnego badania, którego domagałam się w tej petycji.

W międzyczasie wykonano całą serię badań, w tym również dotyczących wytwarzania przeciwciał. W ich trakcie wykazano, że obecne zagrożenie związane z koronawirusem sytuuje się na poziomie grypy, a przynajmniej tak wynika z naszej dotychczasowej wiedzy.

Ogólna obawa dotycząca testów PCR wiąże się z tym, czy i na ile potrafimy rozpoznać, z jakiego typu materiałem zakaźnym mamy do czynienia i czy w ogóle jest to materiał zakaźny, ponieważ istnieje prawdopodobieństwo replikacji nawet bardzo niewielkiej ilości cząstek wirusa. W związku z tym nie można jednoznacznie stwierdzić, czy przypadkiem test nie wykazuje tylko rozsiania lub materiału resztkowego wirusa i na tej podstawie wnioskować, że mamy do czynienia z czynnym zakażeniem.

W tym miejscu chciałabym zwrócić uwagę na pewną kwestię. Niemieckie centrum akredytacji wykonało interkalibrację laboratoriów (próbę pierścieniową), wysyłając do nich testy (próbki), spośród których część zawierała wirusa COVID-19, a pozostałe inne niegroźne koronawirusy. Okazało się, że w ślepej próbie

uzyskano zaledwie 1,3% i 1,4% wyników fałszywie dodatnich, a w jednym z testów, w którym badano próbki zakażone niegroźnym **koronawirusem**, otrzymano 7,6% wyników fałszywie dodatnich potwierdzających obecność wirusa CCWID-19¹⁸.

Natomiast we Włoszech, gdzie stosowano test tureckiego producenta Anatolia Geneworks, otrzymano bardzo liczne wyniki fałszywie dodatnie. W tym przypadku interkalibracja laboratoriów wypadła bardzo źle, ponieważ uzyskano od 25% do 40% wyników fałszywie dodatnich, a zatem w niektórych przypadkach wykryto wirusa SARS-CoV-2, mimo iż *de facto* niektóre z tych próbek w ogóle go nie zawierały.

Jest to dość osobliwe i należy uwzględnić ten aspekt w ocenie tego, co się obecnie dzieje w tej kwestii, gdyż nie wiemy, które z testów są wykorzystywane w poszczególnych laboratoriach. Jednocześnie trzeba mieć świadomość, że dodatni wynik testu pociąga za sobą określone skutki, w tym również prawne, czyli obowiązkową kwarantannę, konieczność zamknięcia zakładu pracy itd. Z założenia test powinien być wiarygodny, tymczasem w przypadku testów PCR istnieje pewien stopień niepewności, co może potwierdzić Pani profesor Kämmerer, która jest wirusologiem oraz immunologiem i zgodziła się dziś porozmawiać z nami o tym.

¹⁸ Tamże

Dr Wolfgang Wodarg: Dzień dobry, Pani profesor.

Prof. dr Ulrike **Kämmerer**: Witam, Panie Wodarg!

WW: Cieszę się, że zgodziła się Pani omówić z nami te zagadnienia, ponieważ ma Pani wieloletnie doświadczenie w tej dziedzinie - zarówno w praktyce, jak i w diagnostyce oraz w ocenie wyników immunologicznych. To niezwykle ważne, gdyż właśnie na podstawie danych immunologicznych i testów organy rządowe ds. zdrowia podejmują określone decyzje, w stosunku do których możemy czasem odnieść wrażenie, że ich świadomość tego, co wynik tych testów znaczy dla całej naszej gospodarki i pojedynczych ludzi, którzy np. tracą wówczas pracę, nie jest wystarczająca.

UK: Obecnie w większości przypadków wykonuje się wspomnianą wcześniej diagnostykę PCR, która nie jest testem immunologicznym, gdyż służy wyłącznie do potwierdzania obecności kwasu nukleinowego.

WW: Uważam, że należy jeszcze raz podkreślić, że w teście PCR powiela się tylko jedną sekwencję określonych cząsteczek.

UK: Tak, powiela się niewielki fragment genu z wybranego regionu wirusa, bez możliwości określenia, czy w badanym materiale w ogóle znajduje się wirus „pełnej długości”.

WW: Testy PCR mogą też wykrywać i mierzyć pozostałości.

UK: Przepraszam, proszę powtórzyć...

WW: Jeśli nie ma całego wirusa, a tylko jego części, to wówczas one również dają wynik dodatni.

UK: Tak, dokładnie. Jeżeli te części są jeszcze obecne w postaci nienaruszonej jako fragmenty, które są przecież bardzo małe, to wtedy też zostałoby to potwierdzone.

WW: To jednak nie jest równoznaczne z tym, że w organizmie danej osoby zaszła jakakolwiek reakcja. Oznacza to, że właściwie nie mierzymy niczego, co dzieje się w organizmie człowieka, a jedynie wykrywamy, że znajduje się tam jakaś część wirusa.

UK: Ustalamy tylko, czy znajduje się jeszcze kwas nukle-
inowy, tak samo jak technik kryminalistyczny wykrywa, czy
w określonym miejscu znajdują się jakieś ślady genów da-
nego człowieka, ale nie ma to nic wspólnego z żyjącymi ko-
mórkami, aktywnymi wirusami ani jakkolwiek inną chorobą.

WW: Zatem ten test nie jest w stanie wykryć infekcji, ponieważ infekcja jest reakcją organizmu.

Dr Kelner Füllmich: Tak. To naprawdę jest bardzo ważne!

UK: PCR może więc dowieść, że u danego pacjenta stwierdzono obecność kwasu nukleinowego tego wirusa, pod warunkiem że test jest wystarczająco swoisty, jednak nie może określić, czy wirus jest zdolny do replikacji, a zatem czy namnaża się w gospodarzu. Nie może też nic powiedzieć na temat tego, czy pacjent zachoruje z jego powodu. Istnieje korelacja między tym, że ktoś jest chory a tym, że ma objawy przeziębienia lub choroby i bardzo dużą ilość kwasów nukleinowych wirusa. Wówczas istnieje

bardzo wysokie prawdopodobieństwo, że to wirus jest tego przyczyną. Jednak w przypadku wielu osób, które uzyskały dodatni wynik w teście, u których nie występują żadne objawy, nie można jednoznacznie stwierdzić, czy rzeczywiście zostały zaatakowane dużą ilością wirusa czy też nie.

WW: Tak. Właściwie nie można nawet powiedzieć, że osoby te są zainfekowane, bo infekcja jest zawsze reakcją organizmu.

UK: Zgadza się! RNA tego wirusa znajduje się praktycznie na powierzchni wymazywanej [nosogardzieli], ale to nie znaczy, że wirus wniknął już do komórek. Nie jest to również tożsame z tym, że mamy do czynienia z obecnością nienaruszonego, żywego (to złe słowo, ponieważ wirusy właściwie nie są żywe), zdolnego do namnażania się wirusa.

WW: Dokładnie tak.

UK: Nie można tego wykazać przy użyciu testu PCR.

WW: Na tym właśnie polega test PCR.

UK: Tak.

WW: To jest test stosowany powszechnie na „wymazówkach”, tj. wszędzie tam, gdzie teraz za pomocą specjalnej pałeczki pobiera się wymazy i gdzie w efekcie tego podejmowane są konkretne decyzje rodzące określone konsekwencje.

UK: Dokładnie.

RF: Dobrze. Pani profesor, z mojego punktu widzenia to niezwykle istotna informacja, która w mojej

ocenie nie jest znana 99,9% osób na całym świecie, które z rezygnacją zakładają na twarz maseczki. Jedynym powodem trwającej obecnie paniki, podsycanej przez coraz to nowe komunikaty o wzroście liczby zakażeń, jest to, że testy PCR, które teraz powszechnie stosujemy, dają wynik dodatni. Tymczasem dostarczają one jedynie dowodu na to, że znaleziono u kogoś jakieś cząsteczki lub też pozostałości wirusa, ale nie stanowią z konieczności potwierdzenia tego, że mamy do czynienia z infekcją.

UK: Tak jest w istocie. Oznacza to, że musiało gdzieś dojść do kontaktu z cząsteczkami wirusa, a więc z cząsteczkami RNA wirusa. Nie oznacza to jednak, że ktoś miał kontakt z wystarczającą ilością wirusa, która może wywołać chorobę. Istnieją również testy PCR na HIV, w przypadku których określa się ich czułość, czyli od jakiej wartości można potwierdzić obecność wirusa HIV. Na ten moment nie możemy jednak dowiedzieć się, w jaki sposób klasyfikowane są testy PCR na SARS-CoV-2.

WW: Jeśli chciałoby się zastosować test PCR i na jego podstawie powiedzieć coś o infekcji, to czy w ogóle można go zwalidować w taki sposób, by dostarczał informacji potwierdzających wystąpienie infekcji?

UK: Można przygotować izolaty wirusa, tak jak postępuje się w przypadku innych chorób wirusowych. Test PCR wykazuje logarytmiczny przyrost: z jeden uzyskujemy dwa, później cztery itd., a więc następuje powielanie kwasów

nukleinowych wirusów. Zwykle zakłada się, że kiedy występuje bardzo wczesne oznaczenie, powiedzmy, po 20 lub 25 cyklach amplifikacji, to wówczas możemy stwierdzić, że było tak dużo wirusów lub RNA wirusa, że faktycznie musiała być tam określona ich liczba [wiremia]. Jednak trzeba by to potwierdzać i walidować z pacjentami oraz z użyciem bezpośrednich izolatów wirusa. Tymczasem dotychczas nie znalazłam żadnych informacji w literaturze przedmiotu potwierdzających, że coś takiego kiedykolwiek miało miejsce.

WW: Wydaje mi się, że takie są wymagania Unii Europejskiej w odniesieniu do testów, które mają być stosowane do celów diagnostycznych.

UK: Oczywiście zwykle trzeba też wykonywać próby pierścieniowe. Laboratoria dostają próbki, w odniesieniu do których nie wiedzą, czy coś się w nich znajduje czy nie. Wie o tym tylko ośrodek diagnostyczny, któremu trzeba przesłać informacje zwrotne: wynik dodatni, ujemny, słabo dodatni. Jednak tego wszystko się nie robi.

RF: Mimo iż jestem prawnikiem i prawo medyczne nie jest mi obce, to jednak dotychczas nie miałem o tym zielonego pojęcia. Dla mnie jako prawnika liczy się to, że wynik dodatni testu wcale nie oznacza, że ktoś został zakażony, a tym bardziej że jest chory lub że umiał z powodu koronawirusa.

UK: Przy użyciu tego testu można jedynie dowieść, że w wymazie pobranym od pacjenta znajdują się cząstki

wirusa, które można powielić, ale nic więcej. Na tej podstawie nie można jeszcze stwierdzić, czy jest to wirus zdolny wywołać chorobę ani nawet, czy może zakażać i namnażać się. To tylko założenie.

RF: Tak. I jest to bardzo istotne, ponieważ uważani, że większa część ludzi może być zaskoczona tym, jak przebiegają badania wymazów od strony technicznej, a zarazem że dla większości z nich liczy się głównie wynik, który w moim rozumieniu świadczy o tym, że wszystkie testy dodatnie i statystyki, które aktualnie się publikuje np. w Stanach Zjednoczonych, *de facto* nie mówią nic o tym, czy badane osoby rzeczywiście zostaty zainfekowane i czy są chore.

UK: Właśnie tak. Z jednym zastrzeżeniem: kiedy PCR zareaguje bardzo wcześnie, wtedy można założyć, że w organizmie danej osoby rzeczywiście są obecne wirusy. Problem w tym, w którym miejscu umieścić tzw. punkt odcięcia (*cut-off*), który najczęściej nie jest wskazany w publikacjach. Należałoby koniecznie określić tę wartość CQCT. Tymczasem nigdzie nie jest podawane, w jakich testach PCR i w jakich warunkach uzyskano dodatnie wyniki. Dlatego nie można poddać ich ocenie. To jak wróżenie z fusów.

Dr Justus P. Hoffmann: Innymi słowy: sensowne byłoby rozszyfrowanie tych liczb, na przykład poprzez wskazanie, jak szybko ten test zareagował u poszczególnych

osób. Jednak sama informacja, że u tylu a tylu osób test zareagował, jest w zasadzie bezwartościowa.

UK: Tak.

WW: W okręgu Vogelsberg¹⁹ lekarz zgłosił 14 dodatkowych wyników uzyskanych za pomocą testów PCR. Jednak później na wszelki wypadek zlecił wykonanie ponownych testów kontrolnych, ponieważ wszystkie badane osoby były zdrowe i nie miały żadnych objawów. Co się wówczas okazało? U wszystkich tych osób uzyskano wynik negatywny. Jak to możliwe?

UK: Istnieje wiele możliwości, np. że używa się innego testu PCR. Najpierw powinny być powielone trzy różne fragmenty genów i dopiero wtedy, gdy przynajmniej dwa z nich się potwierdzą, można stwierdzić, że wynik jest pozytywny. Jeżeli nawet test (a w międzyczasie pojawiło się sporo testów komercyjnych) da wynik dodatni, to i tak drugi i kolejny test może być ujemny. Jeśli lekarz stwierdzi: „Nie ufam wynikowi tego testu, więc wezmę inny test”, który powieli inne regiony, i nagle wszystkie wyniki będą ujemne, to może to oznaczać, że wynik pierwszego testu był fałszywie dodatni.

WW: Czy test, który obecnie jest najpowszechniej stosowany w Niemczech, tj. test opracowany przez Charité²⁰, może dawać wynik dodatni na obecność innych, wcześniejszych wirusów typu SARS na przykład u nietoperzy?

¹⁹ Dwunasty okręg administracyjny Berlina.

²⁰ Test na obecność wirusa CCWID-19 opracowany 16 stycznia 2020 roku przez niemieckich naukowców w Centrum Badań nad Zakażeniami w Charité w Berlinie.

UK: W artykule poświęconym temu zagadnieniu jest wprost napisane, że jest tak w istocie.

WW: Dokładnie. I jeśli teraz nagle uzyskalibyśmy dodatnie wyniki z próbek ścieków w Barcelonie, trzeba by w jakiś sposób porównać wirus SARS, który nagle pojawił się w Wuhan (rzekomo całkiem nowy), ze starymi wirusami typu SARS. Czy można tego dokonać? Istnieje wiele wirusów SARS, które krążą po Europie, a których obecność można by wykryć poprzez zrobienie testu.

Czy te wszystkie testy, które obecnie tak powszechnie się wykonuje, służą do oznaczania tych samych czy różnych wirusów?

UK: Rzeczywiście może tak być. Nie wiemy dokładnie, co te wszystkie testy wykazują, nie wiemy niczego o sekwencjach i nie możemy tego sprawdzić w żadnych bankach genów. W przeważającej większości są to testy komercyjne i dopóki nie zostaną podane dokładne sekwencje użytego startera, nie możemy sprawdzić, z czym mamy do czynienia. Musielibyśmy dysponować tak zwanym panelem wszystkich wirusów. Również szpital Charité musiałby mieć taki panel.

Trzeba by też wykonywać testy w kierunku wszystkich dostępnych wirusów, a więc wszystkich blisko spokrewnionych koronawirusów, bez względu na to, czy chodziłoby o wirusy infekujące nietoperze, ludzi, świnie, bydło, wielbłądy czy koty, a następnie sprawdzać, który test rozpoznaje swoiście wyłącznie SARS-CoV-2, a który nie. Jest to oczywiście niezwykle pracochłonne, ale właściwie niezbędne do walidacji

takiego testu. Nie posiadam informacji o żadnej publikacji, w której dowiedziono by, że wykonano coś takiego.

WW: Z kolei wirus SARS-CoV-2 jest zsekwencjonowany. Znamy to i już od 30 lat wiemy, jak to robić.

UK: Dysponujemy wieloma sekwencjami.

WW: Chodzi o liczbę około 30 tysięcy czy większą?

UK: Straciłam już rozeznanie. Na początku była jedna sekwencja z Wuhanu i jedna z Frankfurtu, później wszystko poszło lawinowo. Dziś sekwencjonowanie nie przedstawia już żadnych trudności.

WW: One też przecież nieustannie się zmieniają. To znaczy, kiedy mówimy, że teraz mierzymy lub szukamy wirusa, to chodzi o wirusa SARS-CoV-2. Jednak w rzeczywistości testem PCR wykrywamy wszystkie inne, możliwe wirusy, co do których wcale nie wiemy, czy działają tak samo, jak pozostałe. Oznacza to, że na tej podstawie nie możemy w ogóle oceniać ich chorobotwórczego działania.

RF: Czy to prawda?

UK: Tak, COVID-19 to wirus RNA, a wirusy RNA mutują niewiarygodnie szybko. Oznacza to, że jeśli wykonywałoby się ich sekwencjonowanie na całym świecie, to odkryłoby się niewiarygodnie wiele ich wariantów. To po prostu leży w naturze wirusów RNA - praktycznie nigdy nie znajdziemy dokładnie takiej samej sekwencji, która obecnie występuje w Wuhan, w Nowym Jorku, w Rio de Janeiro, w Melbourne i tak dalej. To praktycznie niemożliwe, chyba że dana osoba

podróżuje z punktu A do punktu B, a następnie do punktu C i rozsiewa wszędzie dokładnie tego samego wirusa.

JH: Chcę się upewnić, że wszystko dobrze zrozumiałem: te wszystkie różne, dostępne obecnie testy mogą reagować na odmienne sekwencje różnych wirusów. Mogę zatem poddać się testowi i uzyskać wynik ujemny, kilka dni później zrobić kolejny test, również z wynikiem ujemnym, a następnie kolejny za parę dni i uzyskać wynik dodatni. Wówczas mogę oświadczyć: „Wykryto u mnie SARS-CoVid-2, SARS-Covid-19 lub inny koronawirus”.

UK: Tak. Czysto teoretycznie można by tak stwierdzić. Jeżeli wykonano by 100 testów z użyciem 100 różnych systemów detekcji, to mogłoby się zdarzyć, że uzyskano by 50 wyników ujemnych, 30 dodatnich i 20 niejednoznacznych. Ostatecznie trzeba by zsekwencjonować to, co zostało powielone, by móc stwierdzić, że to jest dokładnie to, czego szukaliśmy.

WW: To zupełnie inny świat dla klinicysty, a zatem dla kogoś, kto troszczy się o pacjentów i zajmuje się chorobami. To świat molekularny, w którym znajduje się łańcuchy molekularne i informacje o komórkach. Tego nie można zastosować do tego, czego dotyczą przepisy ustawy o zapobieganiu chorobom zakaźnym [*infektionsschutzgesetz* - przyp. tłum.], czyli do chorób i zakażeń, tj. infekcji, które są przenoszone z człowieka na innych ludzi.

RF: Czy to prawda?

UK: Do tego rzeczywiście potrzebne jest potwierdzenie obecności jakichś aktywnych wirusów.

VF: Ale jak to możliwe, że nigdy nie wyizolowano tego wirusa, by następnie dokonać odpowiednich porównań i uzyskać złoty standard? To zastanawiające, że mieliśmy do czynienia z wieloma zainfekowanymi osobami, z chorymi i zmarłymi, lecz nie wyizolowaliśmy tego wirusa z materiału tkankowego tych osób, z ich zakrzepu, a potem nie oczyściliśmy go, tak aby wyeliminować różnego rodzaju zanieczyszczenia, i nie zdeponowaliśmy. Minęło już tyle miesięcy...

Jestem w stanie zrozumieć, że być może nie dano się tego zrobić na samym początku, ale później, gdy mieliśmy do czynienia z tyloma przypadkami, można byto wykorzystać te 9000 osób, które zmarły w wyniku koronawirusa lub z dodatnim wynikiem²¹ i przeprowadzić takie badania.

UK: Oczywiście można wyizolować wirusa - tak robi się w przypadku grypy lub innych wirusów. Trzeba by wówczas wykonać płukanie lub bardzo wiele wymazów, aby uzyskać hodowlę komórkową, a następnie je namnażać. Nie jest to całkiem proste, lecz możliwe i zostało już wykonane w różnych laboratoriach w przypadku wirusa SARS-CoV-2, o czym świadczą liczne publikacje. Oczywiście Chińczycy są tu prekursorami.

²¹ Oficjalna liczba osób zmarłych w Niemczech do 24 lipca 2020 z przypisanym SARS-CoV-2.

W międzyczasie ukazały się artykuły opisujące wyizolowanie wirusów na różnych kulturach komórkowych i ich późniejsze zsekwencjonowanie w różnych ośrodkach. Zatem wirus jako taki rzeczywiście istnieje i może się namnażać u ludzi, u których występuje bardzo wysokie miano wirusów [wiremia]. Problem polega na tym, że w pierwszej kolejności trzeba by zidentyfikować osoby z tak wysokim mianem wirusa, by następnie móc go wyizolować. Do tego nie wystarczy dodatni wynik testu PCR bez objawów. Te osoby musiałyby naprawdę być chore i przechodzić aktywną fazę choroby, by móc wyizolować u nich wirusa.

RF: To dla nas bardzo ważne. Pamiętam, że czytałem o teście z Charité, który został opracowany tam w styczniu tego roku, w odniesieniu do którego użyto sformułowania *educated guess* [przypuszczenie oparte na wiedzy w danej dziedzinie - przyp. tłum.], a zatem założono a *priori*, jak powinien wyglądać, a następnie na tej podstawie opracowano test, który potem wysłano do Wuhan z pytaniem, czy mniej więcej odpowiada temu, co tam znaleźli. Uzyskano wówczas odpowiedź twierdzącą. Od tej pory test ten jest w powszechnym użyciu w Niemczech. Na jego podstawie określa się teraz liczbę nowych zakażeń. Tak to rozumiem jako laik. Czy o to mniej więcej chodzi?

UK: Dokładnie tak opisano to w poświęconej temu publikacji. Z mediów społecznościowych dowiedziano się

o pojawieniu się wirusa, a następnie postawiono sobie pytanie, co to za wirus. Założono, że może to być koronawirus, więc sprawdzono bank genów, wychodząc z założenia, że to najmniejszy wspólny mianownik wszystkich dostępnych wirusów, więc może pasować. Na podstawie tego przygotowano te trzy produkty amplifikacji genów i przesłano test PCR²².

Wykonano wówczas testy potwierdzające, że rozpoznano wszystkie azjatyckie koronawirusy, w tym wirusy pochodzące od nietoperzy. Właściwie całkiem słusznie - najpierw należy poszukać, czy mamy do czynienia z wirusem z tej właśnie grupy. Następnie trzeba to, co zostało znalezione, zsekwencjonować i wówczas można powiedzieć, że teraz dysponujemy swoistą sekwencją. Następnie należałoby opracować testy PCR, które pasują tylko do tego konkretnego wirusa i wykluczają wszystkie inne. Tak wyglądałaby prawidłowa procedura.

RF: Tak się jednak nie **stało**. Stosowano test opracowany na zasadzie „na oko”. W międzyczasie pojawiły się inne testy. Podobno jest ich już ponad 300 na świecie, a może nawet więcej, jednak zasadniczo w Niemczech stosuje się ten właśnie test, w odniesieniu do którego uznano, że będzie podstawą prawną do podjęcia decyzji o zamknięciu sklepów i firm na wiele tygodni.

Jako prawnik nie mogę zrozumieć, jak można byto, bazując na całkowicie chwiejnej podstawie, podjąć decyzję o tym, czy ktoś rzeczywiście jest zakażony,

²² Zob. Kommern et.al., 21 stycznia 2020.

podczas gdy w rzeczywistości można było jedynie stwierdzić, że wykryto obecność określonej cząsteczki. Jak na tak niepewnej podstawie można podejmować decyzje prawne o tak poważnych konsekwencjach? Czy Pani, Pani profesor, też zadaje sobie to pytanie?

UK: W tym tkwi problem. Nie zrozumie tego zwykły, przeciętny naukowiec. Nie jestem już co prawda naukowcem specjalizującym się w badaniach nad wirusami, to było dawno temu, ale myślę sobie: „O co tu chodzi?”. Coś tu się nie zgadza. Z tego powodu doszłam do wniosku, że warto znów się tym zająć.

To proste - człowiek wykształcił kiedyś zwój mózgowy, który teraz sygnalizuje mu, że to, co się obecnie dzieje, nie pasuje do tego, czego wcześniej się nauczył. To oraz fakt, że nie wiemy, jakie testy są teraz stosowane, stanowi sedno tego problemu. Nie wiemy, czy to pierwotny test Drostea z trzema elementami, czyli białkiem wypustek, białkiem osłonki i jeszcze ramką odczytu, czy też został on zmodyfikowany. Wszyscy używali zestawów komercyjnych i nie wiadomo, co one zawierają. Tak naprawdę trzeba by koniecznie dowiedzieć się, jakie testy w ogóle zostały użyte i w jakich warunkach je stosowano, zanim będzie można to ocenić. To, co tam się dzieje, to „czarna magia”.

RF: To jest niejasne dla nas...

UK: ...ale nie dla zaangażowanych w to laboratoriów. One przecież muszą to wiedzieć.

RF: Dokładnie. To ma dla nas podstawowe znaczenie. My jako prawnicy, ja jako prawnik, zwykle nie dysponujemy fachową wiedzą, która jest potrzebna, by podejmować tak brzemiennie w skutki decyzje, jakie są podejmowane w tym przypadku. Trzeba konsultować się z ekspertami, lekarzami, immunologami, innymi specjalistami takimi jak Wy.

Nie mogę pojąć, że na tej podstawie zdecydowano o zawieszeniu praw podstawowych i dlatego nikt nie pomyślał, aby zapytać o to ludzi takich jak Pani. Jednak na podstawie Waszych wypowiedzi wnioskuję, że też się nad tym zastanawiacie. Czy jako immunolog sądzi Pani, że to normalne, że coś takiego w ogóle miało miejsce?

UK: To nie jest normalne. Dlatego teraz domagamy się również udziału prawników, aby wymusić, w razie potrzeby drogą sądową, publikację tych danych. Jak już wspomniano, wszystko rozbija się o swoistość tych testów; aby móc to ocenić, trzeba wiedzieć, co właściwie zrobiono. Wcześniej nie można nic na ten temat powiedzieć. Wirusolodzy z Wilrzburga wykonali doskonałą pracę. Uzyskali niewiele wyników dodatnich. Z pewnością opracowali własny test, ale nie dowiedzieliśmy się, co właściwie robia.

WW: Jako ktoś, kto stał na czele urzędu ds. zdrowia i badał powstawanie oraz przebieg epidemii, muszę mieć odpowiedni stopień pewności, podejmując decyzję o wprowadzeniu określonych środków. Jestem wówczas /obowiązany

do tego, by skonfrontować się z pytaniami zadawanymi mi przez osoby, które badam, ponieważ muszę przeprowadzić interwencję.

Nawet jeśli ma to być tylko wymazówka, muszę wyrazić na nią zgodę jako lekarz, udzielając mojemu pacjentowi lub komuś innemu, kto mnie o to pyta, odpowiedzi, na czym polega to badanie, jakie może mieć skutki, jakie metody zostaną wykorzystane, na ile jest to bezpieczne i co nam powie uzyskany tą drogą wynik.

Mamy ustawę o zapobieganiu chorobom zakaźnym, która została bardzo szybko zmieniona, zgodnie z którą Minister Zdrowia jest upoważniony do delegowania personelu, w tym również personelu nielekarskiego, do wykonywania tych testów. Zdarzyło się, że wykonywano je w zakładach mięsnych, a testy robili żołnierze.

RF: Ale to są pytania natury prawnej. Profesor Kämmerer nie może na nie odpowiedzieć. Ważne, byśmy my mogli.

WW: Słusznie.

RF: Możemy to przedyskutować z właściwymi przedstawicielami administracji państwowej lub z organami ds. zdrowia, lecz na to pytanie nie może odpowiedzieć Pani profesor Kämmerer.

VF: Później obrano za cel kolejne sekwencje, które pochodzą od rządowych organów ds. zdrowia - wydaje

DA
S
O
G
A
*
>
L
W
O
L
Q
M
E
O
R
O
*
,
M
E
R
E
A
||

E
K
E
~
R
~
>
=>
f
^

a

mi się, że ze Stanów Zjednoczonych. Już nimi dysponujemy, w związku z czym chcę podzielić się informacjami, które otrzymałam z laboratoriów w USA. Mamy kontakt z kilkoma laboratoriami, które częściowo samodzielnie opracowywały testy. Może to zrobić ekspert w dziedzinie biomedycyny, który zna się na tym, posługując się wzorcem testu Drosten lub FDE czy też CDC. Można to również odpowiednio wyregulować odpowiednimi odczynnikami, a zatem laboratoria są w stanie przygotowywać własne testy.

UK: To banalnie proste we współczesnym laboratorium. Testy PCR są stosowane do wszystkiego. Wystarczy wejść do banku danych, wyszukać sekwencję wirusa i wykonać test z użyciem *Primer-BLAST* [program do projektowania starterów dostępny w bazie NCBI - przyp. tłum.] lub własnego startera, a następnie wykonać własną reakcję PCR i sprawdzić ją. Potrafi to każdy student studiów licencjackich i każdy doktorant, który zajmuje się biologią molekularną. Takie testy wykonuje się miliony razy każdego dnia, więc w międzyczasie niemal każdy sam zbudował sobie test PCR na koronawirusa, kiedy tylko pojawiła się sekwencja.

VF: Oznacza to też, że istnieje znacznie większe spektrum testów, które są teraz opracowywane, więc mamy nie tylko tych 300 testów, które obecnie są dostępne w sprzedaży, co do których nie wiemy, na jakich sekwencjach bazują ani jaki jest ich punkt odcięcia

(*cut-off*). Nazwijmy to szerokością pasma, czyli tym, co obejmuje test, a co nie. Dodatkowo w różnych laboratoriach mamy do czynienia z „własnymi” testami, które są tam obecnie opracowywane, ale nie zostały jeszcze zwalidowane - właściwie zwalidowane.

W każdym razie na podstawie wszystkich dostępnych tam sekwencji genetycznych można by stwierdzić, że to rzeczywiście sekwencja docelowa, która jest stuprocentowo pewna i na której wszyscy muszą się wzorować. Tak się jednak nie dzieje. Zgadza się?

UK: Nie będziemy dysponować jedną docelową sekwencją, ponieważ istnieje wiele różnych szczepów wirusowych i wiele różnych mutantów. Nie uda się zatem znaleźć tego jednego wirusa SARS-CoV-2 o dokładnie określonej sekwencji. To niemożliwe. Już teraz mamy x mutantów w bankach genów.

JH: Mam jeszcze pytanie natury metodologicznej. Ze Stanów Zjednoczonych płyną niepokojące doniesienia o tym, że tyle a tyle osób zostato zakażonych. Załóżmy zatem, że test, który tam stosowano, jest właściwy i dostarcza wartościowych wyników, na których można się oprzeć. Zastanawiam się, skąd właściwie wiemy, że uzyskane wyniki wskazują na nieprawidłową sytuację. Czy ktoś sprawdził, jak to wyglądało w ubiegłych latach, biorąc pod uwagę mniej więcej tę samą warstwę populacji, która była wówczas badana,

ponieważ tylko w ten sposób można by to porównać, a następnie stwierdzić, czy to normalne, że uzyskujemy takie wyniki? Mam poczucie, że nie dysponujemy żadnymi wartościami porównawczymi. Czy ktoś może mi rozjaśnić tę kwestię? Czy to normalne?

UK: Koronawirusy nigdy nikogo nie interesowały. W tym tkwił problem. Koronawirusy przychodzą co roku wraz z falami grypy. Zawsze tak się działo i nadal tak będzie. W łagodniejszych odmianach były od zawsze, określano je jako banalne wirusy wywołujące przeziębienie, łącznie z wirusami wywołującymi katar, rinowirusami i kilkoma innymi. Mówiono wtedy: „To przeziębienie, które samo minie”. To po prostu nikogo nie interesowało.

Diagnostyka jest droga, obejmuje kilka specjalistycznych grup. Trzeba powiedzieć wprost, że nikt nie zaprzętał sobie głowy koronawirusami z wyjątkiem SARS i MERS. Poza tym jest niewiele danych na ten temat, które w sposób systematyczny analizowałyby poszczególne fale grypy z uwzględnieniem koronawirusów. A zatem nie mamy żadnych danych, ponieważ koronawirusy wydawały się zawsze mało interesujące, z wyjątkiem weterynarii – tam akurat są ważne.

WW: W diagnostyce wirusowej obejmującej okres od 2005 do 2017 roku określono procentowy udział koronawirusów. Opisuje je słupki raz są nieco wyższe, raz nieco niższe. Zjawisko to zawsze zachodzi kosztem innych wirusów. To znaczy, że kiedy jeden wirus się rozprzestrzenia, inne mają mniej miejsca i odwrotnie. Tak to się odbywa, co

niewiele zmieniając z roku na rok, ale, ogólnie rzecz biorąc, koronawirusy występują zawsze, tyle że dotychczas nie prowadzono badań w ich kierunku i niewiele jest miejsc na świecie, w których mieliby dane na temat koronawirusów. Instytut Roberta Kocha ich nie miał i rozpoczął badania dopiero w marcu tego roku.

UK: Zgadza się. A zatem koronawirusy zawsze tu były i, abstrahując od tych dwóch przypadków SARS i MERS, były zawsze postrzegane jako niegroźne wirusy towarzyszące. Te wirusy układu oddechowego traktowano jako ciekawostki, lecz nikt ich systematycznie nie badał. Były zawsze dodatkiem do grypy, a kiedy grypa była ostra, nie było prawie koronawirusów, ponieważ wszyscy wtedy chorowali na grypę. Kiedy grypa zawodzi, tak jak w tym roku, pojawia się więcej innych wirusów. Bardziej się one przebijają, że tak powiem. Ludzie zachorują na to lub na to.

RF: Czy możemy jeszcze raz o to zapytać? Jeśli dobrze rozumiem, już w minionych latach mieliśmy do czynienia z **koronawirusami**, ale jeszcze nigdy aż do teraz nikt nie prowadził badań w kierunku tego konkretnego koronawirusa czy też, jak mawiają Anglicy, *strain of the virus* [szczepu wirusaj, który rzekomo w jakiś sposób jest szczególny. Moje pytanie brzmi: czy jest możliwe, że również w minionych latach ten konkretny szczep wirusa już tu był, tylko nikt go nie szuka! i dlatego też nikt go nie znalazł?

UK: To bardzo elektryzujące pytanie, lecz nie wiemy tego. Jak już wspomniano, koronawirusy, podobnie jak wszystkie wirusy RNA, bardzo szybko mutują, więc może tak być, że ten wariant rzeczywiście jest całkiem nowy. „Nowy” nie oznacza, że powstało coś zupełnie nowego, ale że pojawił się nowy wariant już istniejących beta-koronawirusów. Aby to potwierdzić, trzeba by mieć możliwość przebadania i zsekwencjonowania bardzo starych próbek. Inaczej nigdy się tego nie ustali.

RF: Ale czy to jest możliwe?

UK: Oczywiście, że jest to możliwe.

RF: Sądzę, że jest to kwestia nakładu pracy i kosztów, lecz nie powinniśmy zapominać o tym, że w tym przypadku nie chodzi o to, że teraz przez kilka dni mamy zakaz wbiegania na murawę. To ukończony sport Niemców, ale tym razem chodzi o coś naprawdę poważnego. Najprawdopodobniej w wyniku lockdownu wielu ludziom zrujnowano życie i to na zawsze, a nie tylko na parę dni. Dlatego uważam, że jeżeli jest taka możliwość, to jako prawnik sadzę, że jest już najwyższy czas, by to zrobić. I o to w zasadzie pytałem. Czy to możliwe? Pani zdaniem tak. Jednak wymagałoby to bardzo wysokich nakładów.

UK: Jeżeli takie próbki istnieją. To jest aktualnie główny problem. Trzeba znaleźć kogoś, kto zachował jeszcze gdzieś

próbki z tamtych lat zawierające materiał kwalifikujący się do amplifikacji. Pytanie, czy są takie. Czy jest instytut, w którym te próbki przeznaczone do wyizolowania wirusów lub kwasów nukleinowych są bezpiecznie przechowywane w azocie albo w temperaturze co najmniej -80°C , tak by można było je teraz zbadać? Od tego wszystko zależy.

RF: Jako laik w tej dziedzinie zadałem pytanie kilku lekarzom o to, co by było, gdyby istniała możliwość ekshumowania pacjentów, którzy w latach 2016 i 2017 zmarli - jak wówczas sądzono - na gripę. Czy wtedy można by przeprowadzić takie badania? Ich odpowiedź z reguły brzmiała: „Me, bo kiedy pacjent umiera, umiera też wirus”. Prawdopodobnie właśnie tak jest.

UK: To nie miałoby żadnego sensu. Wirusy RNA są zbyt niestabilne, ulegają dezintegracji, a my musielibyśmy pobierać wymazy z gardła, tak więc... Można jeszcze potwierdzić DNA, które jest bardzo stabilne, lecz materiał RNA jest zwykle ekstremalnie niestabilny, a to oznacza, że próbki trzeba obrabiać, gdy są jeszcze świeże, a następnie ostrożnie zamrażać. Tylko pod takim warunkiem można by cokolwiek powieść z tego materiału kilka lat później.

RF: Ale jeżeli znajdziemy kogoś, np. jakiś instytut, który dysponuje takimi próbkami i zostały one właściwie zakonserwowane, wówczas można by ustalić, czy już wtedy istniał ten wariant wirusa.

UK: Tak!

UK: Wówczas można by rozmrozić próbki i przy pomocy różnych testów PCR szukać sekwencji RNA, które dają się zsekwencjonować.

WW: Czy istnieje taka możliwość, byśmy mogli zgłaszać się w określonych miejscach jako dawcy wymazów, by tego typu ogłoszenia - podobnie jak w przypadku dawców tkanek - były zamieszczane w miejscach publicznych, np. na słupach reklamowych? Czy można by stworzyć bazę danych, która gromadziłaby tych wszystkich dawców, tak by następnie przebadać te próbki na obecność RNA?

UK: Obawiam się, że nie, ponieważ, jak zakładam, om szukają wpierw specjalnego komórkowego DNA. Gdy tylko się je zsekwencjonuje, nie przechowuje się już nadal tych próbek. W banku danych zachowuje się tylko znalezione wzory.

Istnieją jeszcze co prawda próbki krwi. Wtedy po zarejestrowaniu się jako dawca oddaje się próbkę krwi lub pobiera się od tej osoby wymaz. Próbki krwi są przechowywane do późniejszego typowania, lecz nie potrafię odpowiedzieć na pytanie, czy byłyby teraz dostępne zamrożone wymazówki z wymazami z gardła z okresu grypowego, które były wcześniej pobierane z przeznaczeniem dla dawców komórek macierzystych. Wówczas - jeżeli zostałyby odpowiednio zamrożone - istniałaby szansa na to, by wyizolować z nich materiał i sprawdzić, czy coś tam jest. Poza tym w porównaniu z wirusami RSV wirus syncytialny układu

oddechowego - przyp. tłum.] można by zbadać całe spektrum i sprawdzić, czy to RNA nadal funkcjonuje.

WW: Z rezerw krwi, które obecnie istnieją w dużych ilościach, można wykonywać wyłącznie testy immunologiczne, ale nie można już za ich pomocą potwierdzić RNA, czy tak?

UK: W tym celu potrzebna byłaby masowa wiremia, a wirusy RNA zwykle nie znajdują się w krwi obwodowej jako wiremia, ponieważ na ogół są związane z komórkami dysponującymi na przykład receptorem ACE2. Zatem w zapasach krwi nie występowałyby wiremia, gdyż musiałyby pochodzić od kogoś, kto jest naprawdę bardzo chory, ale ktoś taki nie oddaje krwi.

WW: Nie zostałyby też przyjęty?

UK: Z pewnością nie zostałyby też przyjęte w stacji krwiodawstwa. Nie mam pojęcia, czy wirusy RNA w ogóle mogłyby wytworzyć taką wiremię. Można wykonać oznaczenia w kierunku HIV przy użyciu odpowiednio czułych testów, lecz nie sądzę, żeby to coś dało.

WW: Powinniśmy teraz przejść do immunologii. Omówiliśmy test PCR. Obecnie istnieje ogromne zapotrzebowanie na testy. Często czytam w gazetach giełdowych, że ten rynek rozwija się bardzo szybko i dynamicznie.

A zatem teraz będzie się nam to wszędzie oferować, mówiąc, że warto sprawdzić, czy kiedykolwiek przechodziłeś coś takiego, czyli potrzebne są testy immunologiczne. Jak dokładnie przedstawia się kwestia testów na przeciwciała?

Jak to działa, czy są one miarodajne? Czy zdarzają się też ujemne wyniki testów immunologicznych, mimo że przebyło się infekcję koronawirusem?

UK: Test na przeciwciała jest oczywiście bardziej miarodajny w porównaniu do testu PCR, ponieważ w reakcji na rzeczywistą infekcję organizm wytwarza przeciwciała. Kiedy u kogoś występuje zwyczajna infekcja, wówczas jako pierwszy reaguje wrodzony układ odpornościowy, a następnie wkracza nabyta odporność, która wytwarza przeciwciała i utrzymuje się przez pewien czas.

Problem polega na tym, że prawdopodobnie koronawirusy nie uruchamiają silnie odporności związanej z wytwarzaniem przeciwciał, gdyż większość z nich zostaje od razu zniszczona przez wrodzony układ odpornościowy. A kiedy przeciwciała się ostoją, wtedy wiadomo, że coś się rzeczywiście „rniało”. Wtedy można oznaczyć miano przeciwciał. Gdy przeciwciała są swoiste, a więc rzeczywiście rozpoznają poszukiwanego wirusa, to (podobnie jak w przypadku testów na obecność przeciwciał - jeżeli ktoś był szczepiony na wirusowe zapalenie wątroby i chce sprawdzić, czy szczepionka działa lub też ustalić, czy przebył określoną chorobę), wówczas jest to bardzo skuteczny test pozwalający stwierdzić, że ten pacjent rzeczywiście przeszedł infekcję wirusową.

WW: Uważam, że to, co powiedziała Pani o odporności wrodzonej, jest niezwykle interesujące. To jest tak, że z jednej strony nabywa się odporności od matki. W wieku dziecięcym układ odpornościowy człowieka bardzo dużo

się uczy. W sytuacji gdy każdego roku wśród populacji szybko rozprzestrzeniają się koronawirusy, tak jak to dzieje się teraz, dzieci mają z nimi kontakt od samego początku.

Oznacza to, że - być może - choroba ma tak poważny przebieg jedynie u niewielu ludzi, ponieważ większość już od dzieciństwa miała do czynienia z koronawirusami, a następnie każdego kolejnego roku, w związku z czym ich układ odpornościowy jest dobrze przygotowany do walki z koronawirusami i jest w stanie sam się przed nimi obronić.

UK: To jedna rzecz, ale, jak Pan słusznie zauważył, układ odpornościowy jest trenowany, więc nie wrodzony, lecz nabyty, a zatem musiał mieć z czymś kontakt. Wrodzony układ odpornościowy nie ma nic wspólnego z przeciwciałami. Jest on swoistą pierwszą linią komórek odpornościowych, które posiadamy. Są to monocyty, makrofagi, komórki dendrytyczne, komórki cytotoksyczne, komórki NK, które nieswoiście natychmiast reagują na wnikające czynniki chorobotwórcze. W przeciwnym razie wszyscy byśmy umarli, ponieważ zanim organizm zacząłby wytwarzać przeciwciała, bylibyśmy martwi, gdyby wirus albo bakterie były agresywne.

Oznacza to, że pierwsza linia obrony naszego organizmu to odporność wrodzona, która nie działa w sposób specyficzny dla antygeny, lecz na zasadzie: jeżeli coś nie pasuje do wzoru i komórki są niszczone, to następuje natychmiastowy atak.

Jeśli chodzi o odporność nabytą, to uczymy się jej w dzieciństwie, kiedy przechodzimy różne infekcje wirusowe,

a następnie wykształcamy komórki pamięci immunologicznej, które wytwarzają przeciwciała. I jeśli znowu pojawia się podobny lub taki sam patogen, są one od razu uruchamiane, wydzielając dużo przeciwciał. Następnie te specjalne przeciwciała natychmiast wiążą dowolnego typu patogeny, by komórki NK i komórki żerne mogły je zabić. A zatem odporność wrodzona to zupełnie inny typ komórek niż odporność nabyta, której działanie opiera się na przeciwciałach.

RF: Na podstawie mojej szczątkowej wiedzy z chemii i biologii z okresu edukacji szkolnej mogę wyciągnąć następujący wniosek: dotychczas nie mieliśmy do czynienia z żadnym wirusem spośród tych, o których wcześniej mówiliśmy, czyli z koronawirusem, wirusem przeziębienia lub wirusem grypy, który atakowałyby i wywotywał choroby odpowiednio: wyłącznie u dorosłych, tylko u dorosłych powyżej 60 roku życia bądź jedynie u dzieci, czyż nie tak?

UK: Dlaczego wirus miałby wybierać sobie określoną grupę wiekową? Wirus wnika przez specjalne miejsca przylegania na komórkach i nie ma znaczenia, czy chodzi o dziecko w wieku jednego miesiąca czy też o osobę, która ma sto lat. To, czy wirus potrafi namnażać się w organizmie, zależy jedynie od układu odpornościowego danej osoby.

Jeśli w przedszkolu dziecko co roku ma kontakt z pięcioma nowymi wirusami i jest stale chore, jego układ odpornościowy zna te wirusy i w przyszłości uchroni organizm

przed chorobą, ponieważ natychmiast zadziała. Jednak same wirusy nie reagują na zasadzie: „O, ten pacjent ma 82 lata, to go zaatakujemy, a ta osoba ma 50 lat, więc jej damy spokój”. Dla wirusów jest to zupełnie obojętne. One tylko „pytają”: „Czy mogę zainicjować do tej komórki, czy mogę się w niej namnażać?”. Wiek nie ma tu żadnego znaczenia.

RF: Moje pytanie idzie jeszcze dalej: jeżeli wirus atakuje wszystkich bez wyjątku, a jednocześnie Z
prawdą jest - a wydaje się, że na to wskazuje obecny <
stan nauki - że niemal wcale nie dotyka on dzieci, to O
czy nie oznacza to, że mamy tu do czynienia z odpór- 5
nością podstawową, że istnieje coś takiego jak podsta- ^
wowa odporność w populacji, natomiast te pojedyncze, f
ciężkie przypadki, o których teraz tyle słyszymy, w
mogły występować zawsze, również w związku z nor- Mo
tną grypą, ale niekoniecznie miały związek z tym f
nowym wirusem? a
X
Q
Z

UK: Zawsze mamy odporność podstawową. To, czy za- X
chorujemy w kontakcie z zarazkiem czy też nie, zależy od ^
jego agresywności, a to, jak szybko nastąpi odpowiedź im- 300
munologiczna, od indywidualnego stanu odporności. Jeśli f
ktoś ma obniżoną odporność - a zwykle to te osoby umie- a
= >
raty z powodu COVID-19 - to najczęściej jest w podeszłym f
wieku, ma wiele chorób współistniejących, a jego układ ^
odpornościowy jest w bardzo złym stanie, w konsekwencji m
czego każdy wirus go powala. Jeżeli ktoś taki nie uzyska 20

właściwej odpowiedzi immunologicznej lub jest ona niewystarczająca, wówczas wirus łatwo go pokona.

Jednak u dzieci i osób zdrowych układ odpornościowy funkcjonuje prawidłowo, W przeciwnym razie ludzkość by już dawno wyginęła. Dlatego organizm człowieka potrafi dość szybko poradzić sobie z zarazkami, chyba że są to szczególnie agresywne drobnoustroje.

RF: Początkowo twierdzono, że testy PCR nie są w ogóle miarodajne i rozstrzygające. Stąd moje pytanie: czy możliwe, że w tym przypadku „normalna populacja”, która nie jest obciążona żadnymi chorobami, posiada już odporność? Wiele przemawia za tym - przynajmniej z mojego punktu widzenia - że tu, w Niemczech, praktycznie nic się nie dzieje, że wszystko przebiega tak jak podczas normalnej fali grypy. Czy to właściwy wniosek? Czy można w ten sposób na to patrzeć czy też może moje myślenie jest błędne?

UK: Owszem, jest to możliwe, choć nie posiadam wystarczającej wiedzy epidemiologicznej, by to potwierdzić. Koronawirusy, a przede wszystkim beta-koronawirusy, do których zalicza się wirus SARS-CoV-2, są bardzo podobne. Istnieje bardzo wiele ich niegroźnych poprzedników, wywołujących przeziębienie, które każdy z nas przechodził w sezonie zimowym w ciągu swojego życia. Są one zawsze obecne. Istnieje tak zwana odporność krzyżowa. Pod tym względem jest wysoce prawdopodobne, że posiada Pan

odporność krzyżową, pomocną w zwalczaniu również pokrewnego, choć nowego wirusa.

WW: Mówiąc potocznie: koronawirusy to te słynne „kulki z kolcami”, które już wszyscy znamy...

UK: Tak.

WW: I to dotyczy wszystkich koronawirusów. Mają one charakterystyczną budowę, która jest taka sama dla nich wszystkich. Istnieje odporność krzyżowa, co oznacza, że nasz układ odpornościowy rozpoznaje i zwalcza każdą „kulkę z kolcami” jako taką i bez względu na to, czy jest ona „stara” czy „nowa” i skąd pochodzi - z Wuhan czy z innego regionu, czy jest jedną z tych nowych czy z tych, które istnieją już od dwudziestu lub stu lat. Dobrze to rozumiem?

UK: Tak, o ile nie występują między nimi żadne ekstremalne różnice, ponieważ zakres mutacji tych miejsc przylegania, tych „kolców”, jak je Pan nazywa, nie może być zbyt duży, gdyż muszą one pasować do miejsc przylegania komórek. Wirusy mogą przyłączać się do receptorów ACE2, ale mogą też przenikać do komórek przez inne receptory, by tam się namnażać, bo wirus jako taki nie jest żywy i musi koniecznie dostać się do wnętrza żywej komórki, aby móc się w ogóle namnażać. A jeśli teraz specjalizuje się w robieniu tego za pomocą np. receptora ACE2 i tylko przez ten receptor przenika do komórki lub też przez receptor DCC, to oznacza, że miejsce przylegania nie może istotnie zmutować, gdyż w przeciwnym razie wirus nie potrafiłby wnikać do komórki i zniknąłby ze sceny. Dlatego w niemal wszystkich ludzkich chorobotwórczych

koronawirusach mamy receptor ACE2 jako sekwencję rozpoznawaną. Wirusy te mają taką samą strukturę na górze i mogą wywoływać bardzo podobne odpowiedzi przeciwciał.

WW: W dodatku nie powinny tylko tak „wyglądać”, ponieważ muszą mieć jeszcze klucz pasujący do naszych komórek, aby mogły wejść do środka?

UK: Tak.

Jest to tak zwane białko Spike (glikoproteina S - przyp. red.). Ten mały kolec to swego rodzaju klucz, który przylega do komórki, a kiedy klucz się tępi lub łamie, bo wystąpiła mutacja, wówczas wirusy nie mogą wnikać do komórki i następuje koniec ich ewolucji. Potem po prostu znikają. Mogą namnażać się tylko te wirusy, których klucz nadal pasuje do zamka.

WW: Tak, te koronawirusy różnią się kluczami, których używają.

UK: Istnieje szczegółowy podział dotyczący tego, które receptory, a więc które miejsca przylegania, są wykorzystywane w komórkach. Zgodnie z tym, co można przeczytać w publikacjach, ludzkie patogeny używają ACE2, natomiast MERS używa innego receptora, więc jeśli ostatecznie nie uda im się wyspecjalizować w innym miejscu przylegania na komórce, to nie mogą wnikać do jej wnętrza. Z tego powodu to miejsce przylegania jest zwykle bardzo trwałe, a zatem pozostaje bardzo długo zachowane.

WW: W przeszłości mieliśmy już cztery tradycyjne testy na koronawirusa (cztery różne ich typy) wykorzystywane

również w pediatrii i w medycynie, za pomocą których można było potwierdzić obecność koronawirusów.

UK: Tak.

WW: Czy któryś z nich ma ten sam klucz wykorzystujący ten sam receptor?

UK: Czyli ACE2... Na przykład NL 63, który korzysta właśnie z tego receptora.

VF: W związku z tym mam pytanie: jeżeli koronawirusy były aktywne w poprzednich latach, to czy mogło być tak, że ludzie umierali również z powodu tych koronawirusów? Czy na przykład u osób z obniżoną odpornością te koronawirusy mogły dawać taki sam efekt jak teraz wirus grypy?

Wcześniej nie zwracano na to zbytnej uwagi. W minionych latach ludzie nie znali się jeszcze na tych pozornie niegroźnych koronawirusach. Być może po szczepieniu na grypę robi się miejsce dla [zwiększonego działania - przyp. tłum.] koronawirusów. A zatem czy możliwe, że koronawirusy działają teraz dużo silniej?

RF: W pierwszej kolejności postarajmy się odpowiedzieć na pytanie, czy możliwe, że w poprzednich latach, gdy koronawirus już występował (nie wiemy tylko, czy to był ten szczep czy nie), można by było ustalić dokładnie to samo, gdyby to wtedy sprawdzono?

UK: Dostępna jest publikacja z Alberty w Kanadzie omawiająca tę kwestię. Badanie dotyczyło domu opieki, w którym

bardzo wielu podopiecznych zmarło na niewydolność płuc. Okazało się, że winowajcą był koronawirus. Opublikowano nawet wskaźnik śmiertelności, który wyniósł 8%.

Zawsze od czasu do czasu zdarza się, że również koronawirusy, w tym także wirusy rzekomej grypy, tj. adenowirusy, które atakują płuca, dają w mniejszym lub większym stopniu ten sam obraz kliniczny. Jednak o tę ciężką niewydolność płuc, w efekcie której dochodzi do zgonu, gdzie ostatecznie taki sam obraz kliniczny występuje w przypadku różnych wirusów, trzeba by pytać lekarzy.

JH: To jest pytanie, które 1 ja chciałem zadać. Pamiętam to bardzo dokładnie. Mówiono wtedy: „Spójrzcie na ten horror, na te wszystkie ciężkie przypadki. To w ogóle nie przypomina grypy, ponieważ ci ludzie umierają na niewydolność płuc i mają poważne trudności z oddychaniem”. Przedstawiono to tak, jakbyśmy mieli do czynienia z czymś zupełnie nowym, czego nigdy wcześniej nie byto. Ale, jeśli dobrze rozumiem, w istocie tak nie jest. Kiedy w infekcji koronawirusem występują powikłania, ciężki przebieg, to zasadniczo obraz choroby zawsze wygląda podobnie, czyż nie?

UK: Tak. Ponadto wiemy już co nieco na ten temat, bo pojawiły się publikacje.

WW: Mamy świetny zespół w Instytucie Roberta Kocha. To fantastyczni ludzie, którzy już od wielu lat prowadzą

obserwacje. I nie robią tego tylko tak pobieżnie - od czasu do czasu, lecz stworzyli cały system monitorowania.

UK: Tak.

WW: Stworzono system obejmujący kilkaset przychodni w całych Niemczech, które przesyłają tam zgłoszenia.

UK: Instytut Roberta Kocha ma fantastycznych pracowników, którzy przygotowują świetne raporty dotyczące zarówno grypy, jak i (obecnie) koronawirusa. Trzeba je tylko przeczytać. Wszystko jest tam dokładnie i bardzo profesjonalnie udokumentowane.

WW: Trzeba jednak wiedzieć, że prowadzona przez nich obserwacja dotyczy zaledwie bardzo małej liczby wirusów, a wcześniej nie obejmowała koronawirusów.

UK: Tak.

WW: Przedmiotem ich obserwacji są na przykład przypadki ciężkich chorób układu oddechowego, które zarejestrowano w przychodniach. Chodzi o kilkaset przychodni włączonych w system monitorowania. W okresie zimowym jest ich [ciężkich chorób układu oddechowego] znacznie więcej. Natomiast latem niewiele. To tak zwana letnia grypa. Wszyscy znamy to pojęcie. Cechuje ją przeziębienie, katar, ból gardła. To jednak typowe wirusy, które są wszędzie. Latem walczymy z katarem, ale to nie ma nic wspólnego z koronawirusem. To są rinowirusy, które występują każdego roku, to typowa letnia grypa²¹.

²¹ Kwestię tę omówiono m.in. w publikacji von Ulaßsona / 2011 r., w której /amies/c/ono roc/ny cykl wirusów układu oddechowego.

RF: Zgadza się Pani z tym, Pani profesor?

UK: Tak.

Odpowiadają za to pikornawirusy (*Picornaviridae*), do których należą wirusy wywołujące m.in. katar oraz wirus polio i inne, które występują przez cały rok. Wprawdzie ich nasilenie następuje w lutym i we wrześniu, lecz pojawiają się już teraz [latem - przyp. red.J.

WW: Tak.

UK: To samo dotyczy adenowirusów, które wywołują letnią gripę. Te wirusy mają teraz swój szczyt występowania. Oznacza to, że obecnie bardziej prawdopodobne jest, że u osób, które teraz kaszlą, mają katar i chrypkę, wykryjemy raczej rinowirusy i adenowirusy niż koronawirusy. Koronawirusy są teraz na półkuli południowej, ponieważ obecnie panuje tam zima. Tak musi być.

WW: Oczywiście chwilowo ich się nie bada i trzeba zdawać sobie sprawę z tego, że zawsze bada się to, co niesie za sobą określone skutki, co jest potrzebne. W Instytucie Roberta Kocha nie gromadzi się jakiegokolwiek wiedzy. Przeciwnie, bada się to, co ma znaczenie w profilaktyce chorób.

RF: Innymi słowy, opisał Pan to jako letnią gripę, A zatem kiedy znów będziemy mieli do czynienia ze wzrostem przypadków przeziębienia, to będzie to zupełnie normalne zjawisko i nie będzie miało związku z tą stynną drugą falą?

UK: Koronawirusy pojawią się dopiero jesienią. Wróćmy więcej w grudniu.

WW: Mam pytanie do wszystkich, którzy mówią o drugiej fali. Kiedy w przeszłości coś takiego miało miejsce? Skąd wiecie, że będzie druga fala? Jakie dane wskazują na to, że w ogóle mogą zaistnieć dwie fale? Dlaczego dla Was to takie oczywiste, że będzie druga fala? Kto Wam o tym powiedział? Gdzie jest literatura podejmująca ten temat? (/y można znaleźć? Nie! Nigdzie!

RF: To również ważne pytanie z naszego, prawnego, punktu widzenia, ponieważ jeżeli teraz tak usilnie przywołuje się tę drugą falę, by utrzymać restrykcje, to **muszą** być na to jakieś dowody. Stąd moje pytanie jako prawnika: czy coś takiego występowało już wcześniej czy też jest to normalna letnia grypa?

WW: Drugiej fali nie ma! Nie ma żadnej drugiej fali koronawirusa, natomiast każdego roku jest fala, w której częściej występują koronawirusy. Wskazują na to wszystkie obserwacje, wszystkie dowody, którymi dysponujemy. I kiedy teraz ktoś mówi o drugiej, dodatkowej, fali, nie jest to lala, która sama nadchodzi, lecz taka, którą ktoś wywołuje. Bo fale można też robić. Choć, jak sądzę, nic jest to takie łatwe.

RF: Tak, trzeba móc to udowodnić, to musi dać się ustalić. W każdym razie dowiedzieliśmy się właśnie,

że testy PCR nie mają żadnego znaczenia. Już bardziej wiarygodne są testy na obecność przeciwciał. Jednak w tej chwili nie ma żadnych rzetelnych informacji na ten temat. Dlaczego zatem mówi się o drugiej fali? Czy potwierdzają to badania? Być może Pani - jako immunolog - ma taką wiedzę? Czy kiedykolwiek wcześniej coś takiego miało miejsce?

UK: Powiedzmy tak: już teraz intensyfikują masowe testowanie - ich aktualne motto brzmi przecież jak mantra: „Testować, testować, testować...”. Obecny typ wirusa jeszcze nie ustąpił. Wróci, jak już wspomniano, jesienią, zimą. Jeśli liczba wykonywanych teraz testów wzrośnie, to znajdą ponownie wiele zakażonych osób, ponieważ wirusy atakują normalnie w ciągu roku.

To nie jest żadna druga fala. Jest trzecia, czwarta, piąta, setna fala, gdyż co roku wirusy utrzymują się na tej samej nieustannie nadchodzącej i odchodzącej fali. I tak jak w przypadku grypy nigdy nie wspomina się o drugiej fali, ale zawsze o sezonie grypowym, tak samo jest teraz: po prostu utrzymuje się sezon koronawirusowy i im więcej ludzi się bada, tym więcej otrzymuje się pozytywnych wyników. Jeśli wśród 10 000 testów znajdzie się jeden przypadek, to wśród miliona zostanie wykrytych sto, a wówczas można prognozować nadejście drugiej fali. Jest to związane tylko z dobową liczbą testów.

WW: Zgadza się. Lecz trzeba rozróżnić fale wirusów, które przychodzą - to są fale, które przychodzą sezonowo,

kiedy wirusy napotykają na odpowiednie warunki, w których mogą się namnażać. Zależy to również od klimatu i °d zachowania ludzi. Jednak można też sztucznie wywoływać fale w zależności od tego, jak często przeprowadza się p°miary. Zatem jest i „fala pomiarowa”.

RF: Myślę, że należy to ująć inaczej. W **każdym** razie chciałbym wiedzieć, czy istnieje jakaś faktyczna podstawa, na bazie której można stwierdzić, że trzeba się tego obawiać, że to, co teraz przeżywamy, powtórzy się, jeśli nie będziemy bardzo ostrożni czy też (alternatywnie) w ogóle nie będzie żadnej drugiej fali, a jesienią będzie tylko zwykła fala grypy/koronawirusa?

UK: Jedyne, co się tu zwykle przytacza jako argument - choć nie orientuję się tak na sto procent - to tak zwana grypa hiszpanki z 1918 roku, kiedy faktycznie był ciężki sezon grypowy, w czasie którego jesienią rzeczywiście zmarły miliony młodych mężczyzn na całym świecie. To właśnie określa się jako typową drugą falę i każdy, kto się na ten temat wypowiada, zawsze powołuje się na drugą falę grypy hiszpanki z 1918 roku. Ale jedynym uzasadnieniem, które do tej pory słyszałam - i o którym czytałam - jest to, że zachorowalność i śmiertelność z powodu grypy hiszpanki stawia się w kontekście zakończenia I wojny światowej.

RF: Tak. Jako prawnik powiedziałbym: trzeba P^a~ trzeć na to całościowo, nie można wyodrębniać tylko

jednego punktu odniesienia w kronikach. Przed chwilą wskazali Państwo na koniec I wojny światowej. Nawet ja, laik w naukach medycznych, mogę sobie wyobrazić, że ludzie, których I wojna światowa zniszczyła zarówno Izycznie, jak i psychicznie, byli bardziej podatni i bezbronni wobec fali grypy niż ludzie w normalnych okolicznościach.

UK: Tak, tu chodzi o układ odpornościowy; kiedy strzelano do nich w okopach, gdy wypuszczano na nich gaz trujący itd., z pewnością wpływało to destrukcyjnie na ich układ odpornościowy, który później nie był już w stanie skutecznie bronić się przed palogenami.

RF: Czy rzeczywiście tak jest, że kiedy ludzie są przestraszeni i spanikowani, to ich układ odpornościowy jest osłabiony, w rezultacie czego dochodzi do realizacji tej „samospetniającej się przepowiedni”, a ludzie stają się bardziej podatni na zarazki i wirusy?

UK: Dostępnych jest już bardzo dużo prac poruszających ten temat. Powszechnie wiadomo, że wskutek działania hormonów stresu i podwyższonego poziomu glikokortykoidów ludzie mają obniżoną reaktywność układu odpornościowego. Zresztą przecież stosuje się podawanie preparatów na bazie kortyzonu dla obniżenia reaktywności układu immunologicznego w przypadkach nadmiernej reakcji organizmu.

JH; Jeżeli już mówimy o drugiej fali, to znaczy, jeśli zakładamy, że mamy do czynienia z nowym koronawirusem, to dlaczego nie mielibyśmy teraz trzymać się tych „normalnych”, powtarzających się schematów fal grypy? Dlaczego pandemia miałaby zrobić sobie urlop latem? To jest coś, czego nie rozumiem. Dlaczego nagle wszystko jest w porządku, ale jesienią znowu się zacznie, ponieważ wtedy koronawirus będzie zachowywał się jak normalny wirus grypy, a teraz latem leży sobie na plaży i zażywa kąpieli słonecznych? Czy coś takiego w ogóle jest możliwe?

UK: Z systematyki wirusów oraz na podstawie tego, czego dowiedzieliśmy się do tej pory na ten temat, wynika, że w miesiącach letnich, gdy jest słońce, promieniowanie UV, a ludzie przebywają na zewnątrz, powinna nadeść fala enterowirusów, a zatem fala chorób układu pokarmowego, których ogniskami są na przykład baseny. W tym roku ta fala pewnie raczej się nie pojawi, ponieważ ludzie są trochę bardziej ostrożni. Ale [fala grypy, wirus] latem u nas? Nie.

Druga fala - czego wielu akurat nie bierze pod uwagę - znajduje się teraz na półkuli południowej, bo tam obecnie jest zima. To całkowicie normalne, że u nich rozpoczyna się sezon grypowy. Tymczasem wygląda to tak, jak gdyby tam właśnie miała nadeść ta druga fala zgodnie z zasadą: pierwszy raz przeszli to nieźle, lecz teraz to się dopiero zaczyna... Tyle że nie było wcale pierwszego razu, bo u nich było wtedy lato.

RF: To można wyjaśnić w prosty sposób: gdy po jednej stronie świata jest zima, na drugiej półkuli panuje lato, a niskie temperatury, które tam teraz występują, sprzyjają falom grypy i falom **koronawirusów**.

UK: Tak. To jest zjawisko sezonowe.

RF: Owszem, ale stwarza się wrażenie, jakby tam właśnie nadciągało to całe nieszczęście, chociaż jest to normalna sytuacja, gdyż w chłodniejszych częściach świata jest teraz normalny sezon grypowy.

UK: Tak, nie jestem lekarzem, lecz według wszystkich dostępnych danych jest tak, że sezon grypowy jest zawsze powiązany z porą roku i występuje zimą, a lipiec to u nas środek lata, podobnie jak grudzień w Ameryce Południowej.

RF: Zatem tam nie ma teraz żadnej drugiej fali [pandemii koronawirusa], Jest tylko zwykła fala grypy.

UK: Dokładnie, zwykła fala grypy z udziałem koronawirusów.

WW: W czasie świńskiej grypy wiedziałem, że to nie złego, bo zadzwoniłem latem w tej sprawie do Australii. Wyniki uzyskałem we wrześniu, gdy fala grypy się tam skończyła. Zbadaliśmy wszystko to, co tam występowało. Takie badania robi się regularnie, aby przewidywać odpowiedni skład szczepionek przeciwko grypie. Systematycznie przypatrujemy się temu, co dzieje się na drugiej półkuli. Zanim fala dotrze do nas na północ, wiemy już, co zaszło na południu,

na półkuli południowej, a potem można tak skomponować szczepionkę przeciw grypie, by w miarę możliwości uwzględniła te wirusy, które właśnie rozprzestrzeniają się po świecie. Teraz akurat są one w Australii, lecz wrócą do nas zimą.

Poszczególne instytuty badawcze współpracują ze sobą w tym względzie. Ale jest jeszcze jedna ważna rzecz: prowadzone badania dotyczą tylko tych obszarów, w których można coś zrobić, coś zmienić. A zatem po pierwsze szczepionka, którą chce się sprzedać, w związku z czym pracuje się nad jej składem, żeby działała, po drugie, co jest zupełną nowością, sprzedaje się testy.

Nie można przemykać na to oczu. Na teście zarabia się teraz tyle samo pieniędzy, co na szczepieniach. Jednocześnie nie trzeba przy tym już nic więcej robić. Obecnie tylko się testuje i wywołuje strach. Tak rozwija się biznes wart miliardy dolarów. Jeżeli zliczy się testy wykonywane w samych Niemczech, to będzie to kwota rzędu niemal miliarda.

EF: Ale w tej chwili formujemy oceny. Tego akurat w tym momencie nie powinniśmy i nie możemy robić. W pierwszym rządzie spróbujmy ustalić fakty i tego chciałbym dowiedzieć się od Pani, profesor Kämmerer. Prawdopodobnie jestem teraz szczególnie podatny na koronawirusa, ponieważ doprowadza mnie do szalu to, co tu słyszę.

JH: Skoro zajęliśmy się półkulą południową... Śledziłem wcześniej media społecznościowe. Zaintrygowało mnie to, że stale słyszałem, że Nowa Zelandia

jest wolna od **koronawirusa**, gdyż wszyscy podjęli tam stosowne działania zapobiegawcze. Teraz staje się dla mnie oczywiste, że wynikało to z innych przyczyn.

VF: Obecnie z powodu wymogu zachowywania „dystansu społecznego” (*social distancing*) ludzie trzymają się z daleka od siebie, noszą maski i na różne sposoby uważają, by nie wchodzić ze sobą w zbyt bliski kontakt. Przed chwilą omawialiśmy sprawę układu odpornościowego - myślę w tym momencie o dzieciach, które teraz nie bawią się ze sobą swobodnie w przedszkolu, lecz raczej są trzymane na dystans itd. A przecież system odpornościowy też się trenuje, z tego względu także osoby starsze, które obecnie już się ze sobą nie spotykają, powinny pozostawać aktywne.

Czy trzeba liczyć się z tym, że ten cały „dystans społeczny” może stać się dla nas zagrożeniem ze względu na podatność na zakażenia? Teoretycznie, gdybym siedziała sama w jaskini przez pół roku, a potem wyszła do świata i ponownie zetknęła się z całym spektrum wirusów i innych zarazków, to wówczas również miałabym problemy z odpornością, które zapewne wynikałyby z mojej izolacji, gdyż mój **układ** odpornościowy był pozbawiony treningu. Czy możemy zatem mleć do czynienia z taką sytuacją i kiedy?

UK: Nie wiem. czy ktokolwiek mógłby odpowiedzieć na to pytanie, ja w każdym razie nie, ale oczywiście może być tak, jak w przypadku konkwistadorów, którzy przybyli do

Nowego Świata. Całe szczepy tubylców zostały wówczas nagle wyniszczone przez europejskie zarazy, z którymi nie miały wcześniej żadnej styczności.

Zazwyczaj system odpornościowy, wytworzywszy tę nabytą odporność opartą o przeciwciała, zachowuje ją bardzo długo (w przeciwnym razie szczepienia nie miałyby sensu i trzeba by się szczepić co kwartał). A zatem, jeżeli skutecznie zaszczepimy się na coś, na przykład na odrę czy cokolwiek innego, to zwykle przez resztę życia, o ile nie pojawi się jakiś poważny problem zdrowotny, jesteśmy chronieni przed zakażeniem określonym wirusem.

Problem jednak tkwi w tym, że nasz układ odpornościowy jest ewolucyjnie zaprojektowany do walki z patogenami, więc raczej kłopot stanowi to, że żyjemy bardzo higienicznie i mamy wiele reakcji autoimmunologicznych. Zatem jeżeli teraz jeszcze bardziej osłabi się nasz układ odpornościowy, to w którymś momencie „znudzi się” on i stanie się jeszcze bardziej autoagresywny. Przede wszystkim to postrzegałabym jako zagrożenie.

RF: Skoro stale trzymamy dystans i żyjemy w izolacji od siebie, to nasuwa się pytanie: czy nie prowadzi to do ograniczenia nabywania odporności i, co za tym idzie, do zwiększonej podatności na choroby, czy też są to zbyt uproszczone wnioski?

UK: Jeśli wydarzy się coś, co naprawdę spowoduje przeciążenie, to tak. Jeśli nie musimy biegać i nagle trzeba gdzieś

podbiec, wtedy nie jesteśmy w stanie zrobić tego szybciej.

WW: Myślę, że to nie jest walka. Staram się unikać tego określenia, bo nie uważam, że walczymy z wirusami lub z patogenami. Staliśmy się ludźmi, komunikując się z naszym otoczeniem - mamy w sobie mnóstwo bakterii, jesteśmy przez nie skolonizowani, nasz organizm zna je i umie sobie z nimi radzić. To zupełnie normalne. Zimą drobnoustroje są inne, latem inne. Jeśli zmienimy dietę, mamy inne bakterie. Nasz mikrobiom przedstawia się na określone bakterie, a to wymaga czasu. To wszystko są procesy uczenia się, procesy adaptacyjne...

RF: Jednak w tym przypadku wmawia się nam, że jesteśmy na wojnie, na co wskazuje min. metaforyka wojenna. Wciąż słyszymy, że walczymy z wirusem, że staramy się go pokonać...

WW: I ten obraz próbuję wymazać z pamięci, ponieważ uważam, że jest błędny, gdyż z wirusami, w tym również z koronawirusami, stykamy się co roku i to właśnie uczyniło nas takimi, jakimi jesteśmy. To, że czasem coś pójdzie nie tak, zdarza się także w innych procesach komunikacji. Jeśli postrzegamy rzeczy naszymi zmysłami, możemy się mylić. Jeżeli się czegoś nauczymy, możemy to zapomnieć. Na starość możemy zachorować na demencję, a potem umrzeć z jej powodu.

I to również może przydarzyć się naszemu układowi odpornościowemu; układ odpornościowy może coś zapomnieć, a wówczas zapadamy na „immunologiczną

demencję". I gdy nagle pojawia się coś, co właściwie już kiedyś znaleźliśmy, wtedy może nam to zaszkodzić. To są nieustanne procesy komunikacyjne, wciąż czegoś się uczymy i czegoś zapominamy.

RF: Pani profesor Kämmerer, czy nie jest tak, że na starość **układ** odpornościowy - może nie u wszystkich, lecz u wielu osób - słabnie i wtedy obrona już nie działa?

UK: Tak, zależy to od chorób współistniejących. Problem stanowi fakt, że w dzisiejszych czasach akceptuje się jako rzecz całkiem normalną to, że kiedy jest się starym, to się choruje. To uchodzi za zupełnie normalne. Tymczasem to również wpływa na układ odpornościowy. Zdrowi starsi ludzie z dobrym układem odpornościowym nie mają ani mniej, ani więcej problemów niż zdrowi, młodzi ludzie.

RF: Tak, widziałem wypowiedź profesora Bhakdi'ego na ten temat, ale nie zyskała ona większego rozgłosu. Wielokrotnie próbowa! zwracać uwagę, iż sam fakt, że ktoś jest stary, nie predysponuje go automatycznie do grupy ryzyka, lecz dopiero związane z tym choroby współistniejące. Po drugie - i mam nadzieję, że to prawda - wielokrotnie starał się zaznaczyć, że to, czy na starość jest się zdrowym czy chorym, zależy też od stylu życia - zażywania ruchu, rozsądnej diety. To najwyraźniej truizm, nieprawdaż?

UK: To nie ulega wątpliwości. Abstrahując od wypadków, profilaktyka służąca zachowaniu zdrowia, w tym unikanie zespołu metabolicznego, ma decydujące znaczenie w kwestii tego, czy jesteśmy zdrowi na starość czy też nie.

Naturalnie przynależności do grupy ryzyka w kontekście COVID-19 sprzyjają: otyłość, nadwaga, cukrzyca, wysokie ciśnienie krwi. Wszystko to to zespoły metaboliczne.

RF: Tak. Potwierdziły to informacje, które napływały do nas wczoraj z Wtoch. Prawdopodobnie to samo usłyszymy jeszcze od Amerykanów - również tam wśród osób **zmarłych** na COVID-19 szczególnie często występuje nadciśnienie, cukrzyca i otyłość.

UK: Tak, ponieważ ci ludzie mają pobudzony układ odpornościowy i reagują inaczej. A zatem ten, kto ma zespół metaboliczny, ma problem z odpornością, a wszystkie te schorzenia, takie jak otyłość, nadciśnienie itp.. są tylko objawami zaburzonej przemiany materii, a tym samym również zaburzonego układu odpornościowego. Ich układ immunologiczny jest zawsze w stanie podwyższonej gotowości i dlatego nie reaguje prawidłowo, gdy pojawia się infekcja wirusowa. Z tego powodu ci pacjenci są jeszcze bardziej podatni na COVID-19.

WW: To, że wykonujemy tak wiele szczepień wśród dzieci, stanowi rodzaj treningu odpornościowego. Dzieci dostają szczepionkę. Pytanie, czy to właściwy trening. Każdego

roku mamy bowiem do czynienia z patogenami i jest to coś, czego nasz organizm potrzebuje, co stymuluje nasz układ odpornościowy, co pozwala mu się uczyć; organizm to zapamiętuje, jest to informacja gromadzona w węzłach chłonnych, w komórkach i wykorzystywana później, gdy zaczyna się dziać coś niepokojącego.

Jeżeli się nie konfrontujemy z otoczeniem, nie narażamy się, a więc jeśli nie korzystamy z rzeczy, których zasadniczo potrzebujemy do naszego rozwoju, wtedy osłabiamy nasz układ odpornościowy. Jak trafnie zauważył Karl Wolf Biermann²⁴: *Jeśli nie narażysz się na niebezpieczeństwo, zginiesz od niego.*

To znaczy, że jeżeli teraz będziemy się chronić i izolować, jeśli przesiedzę sześć miesięcy w jaskini bez kontaktu z otoczeniem, to wówczas nie będę trenował mojego układu odpornościowego. To jak leżenie w łóżku przez pół roku. Gdy długo leżę w łóżku, następuje osłabienie kości. Kiedy ich nie używam, stają się łamliwe, pojawiają się w nich ubytki wapnia. Nasz organizm jest tak mądry, że wzmacnia tylko to, czego używamy. To dotyczy wszystkiego - zarówno myślenia, jak i mięśni. Ta zasada odnosi się także do układu odpornościowego.

UK: Jednak nie można określić dokładnego momentu, kiedy to nastąpi, nie można powiedzieć, że stanie się tak po pół roku siedzenia w tej jaskini. To płynny proces.

WW: To jak z ćwiczeniami na siłowni.

²⁴ Karl Wolf Biermann (ur. 15 listopada 1936 w Hamburgu) - niemiecki śpiewak, poeta, pisarz i dysydent.

RF: Pani profesor Kämmerer, czy to prawda, że jeśli będę izolować mój **układ** odpornościowy, to on niczego się nie nauczy, przez co nie będzie odpowiednio przygotowany na nagle pojawiające się niebezpieczeństwo?

UK: Tak. Może wówczas nie być na nie odpowiednio przygotowany.

JH: To pytanie, do którego i ja się przyłączę. Podjęte środki były oczywiście bardzo drastyczne dla ludzi, ale myślę, że obecnie wszyscy jakoś wychodzimy na ulice, jeździmy metrem i autobusem, chodzimy do supermarketów. Czy Pani zdaniem przynosi to jakąkolwiek znaczącą korzyść, zauważalny skutek w kwestii zakażenia wirusem, jeśli mieszkam na przykład w dużym mieście, takim jak Berlin?

RF: Czy ten dystans społeczny, jaki zachowujemy, ma jakikolwiek wpływ na tę sytuację czy też Pani zdaniem jest wręcz przeciwnie: efekt tego jest praktycznie niezauważalny?

UK: Szczerze mówiąc, nie umiem odpowiedzieć na to pytanie. Widzę tylko, że większość ludzi nie traktuje teraz poważnie dystansu społecznego. Dlatego nie potrafimy zmierzyć jego efektu na dużą skalę, z wyjątkiem tych biednych starych ludzi, którzy siedzą zamknięci w domach opieki, których pozbawiono wolności, w efekcie czego niektórzy z nich nadal tkwią samotnie w swoim pokoju, z którego nie wolno

im wychodzić. Wszyscy inni znajdowali jakiś sposób, nawet podczas lockdownu w Bawarii, by się spotkać. Nie uwierzy Pan, gdzie ludzie potrafili się spotykać...

RF: Ok. Zauważyliśmy, że odbywały się duże zgromadzenia, podczas których nikt do niczego się nie stosował, na przykład podczas demonstracji ruchu *Black Lives Matter*. O ile wiem - w przeciwnym razie pojawiłyby się już publikacje na ten temat - nie doprowadziło to do nagiego wzrostu dodatnich wyników testów, nawet wśród tych dziwnie pozytywnych. Czy potrafi Pani jakoś to uzasadnić?

UK: Nie. Korzystną okolicznością byto to, że mieliśmy lato. Zimą sytuacja mogłaby wyglądać inaczej, znów wykryto by kolejne przypadki.

RF: Ale to samo widzielibyśmy zimą podczas normalnej fali grypy. Wówczas zachorowania na gripę wystrzeliłyby w górę, czyż nie tak?

UK: Tak jest co roku - po karnawale wszyscy chorują.

WW: A przy tym nikt nie choruje między świętami Bożego Narodzenia a Nowym Rokiem. Dzieje się tak dlatego, że ludzie w tym okresie nie chodzą do lekarza i nikt nie uważa, gdy jest chory.

UK: Tak.

WW: Wtedy zawsze na krzywej wzrostu zachorowań można zaobserwować pewną wyrwę.

UK: Skoro pojawiają się te pytania, trzeba by sprawdzić, co daje ten dystans, trzeba by systematycznie badać to zjawisko, ale kto zechce to zrobić i jak? Skoro wspomniał Pan o Berlinie, to znani ludzie mieszkających w tym mieście, którzy mówią, że nadal jeżdżą w przepełnionych tramwajach, że nikt nie przestrzega tam dystansu społecznego, bo to w ogóle nie jest możliwe.

RF: Owszem. W drodze tutaj, przynajmniej w metrze i pociągach podmiejskich, nie widziałem, by jakieś miejsca były wyłączone. Ludzie normalnie siedzą obok siebie. Ci sami ludzie idą później do restauracji i siedzą oddaleni od siebie o trzy stoliki lub idą do kina i zachowują dystans trzech stolików, a potem idą do sądu, przy czym u jednego sędziego nie obowiązuje noszenie maseczek, wszyscy mogą siadać obok siebie, a u drugiego przeciwnie. Dlatego zadaję sobie pytanie, jakie rozsądne argumenty przemawiają za wprowadzeniem takich rozwiązań? Z Pani wyjaśnień zrozumiałem, że obecnie nie przeprowadza się tego rodzaju badań.

I UK: Tak.

VF: Czy możemy jeszcze zadać krótkie pytanie dotyczące szczepień? To też mieści się w obszarze naszych zainteresowań. Usłyszeliśmy przed chwilą, że grypę wywołują szczepy wirusów krążących po świecie

i że ten szczep, który teraz jest aktywny w Australii, przyjdzie do nas jesienią w nieco stabszej lub zmodyfikowanej odmianie.

Jak zatem wygląda obecny stan rzeczy w przypadku **koronawirusów**? Jak dotąd nie odkryto niczego, co dałoby jakiś przełomowy rezultat, tak jak na **przykład** w przypadku grypy. Wspomnieliśmy przed chwilą, że można pozbyć się jakiegoś jej szczepu lub wyeliminować podatność na grypę, lecz wówczas zakazić się kotonawlrasem. Czy coś stoi temu na przeszkodzie ze względu na specyfikę koronawirusa?

Dotychczas regularnie przeprowadzano szczepienia przeciw grypie i nie uznawano tego za problem. **Słyszałam**, że wirus tak bardzo się zmienia, że prawdopodobnie nie ma większych szans na to, by zakazić się tym samym szczepem, który jest zawarty w szczepionce. Czy to może być powód, dla którego dotychczas nie tworzą szczepionek na koronawirusy, ponieważ nie uznawano tego za konieczne, gdyż zasadniczo te wirusy nie były uważane za niebezpieczne?

UK: Szczepi się tylko przeciwko chorobom, które uważa się za niebezpieczne, a dotychczas koronawirusy były uważane za drugorzędne wirusy towarzyszące przeziębieniu. Po prostu nie zastanawiano się, czy w ogóle należy się przeciwko nim szczepić. Inaczej jest w świecie zwierząt, gdzie powodują one znaczne straty ekonomiczne, np. w razie biegunki u świń. zapalenia ptuc u bydła itp. Tam oczywiście

szczepi się przeciwko koronawirusom. Jednak dotychczas nigdy nie uważano tego za konieczne u ludzi.

WW: Ale w przypadku zwierząt nie ma też mowy o zachowaniu dystansu społecznego. Zwierzęta są trzymane bardzo blisko siebie. Oczywiście istnieją również zupełnie inne czynniki, które sprzyjają bardzo szybkiemu rozprzestrzenianiu się infekcji.

UK: Tak, lecz, jak powiedziałam, ze względów ekonomicznych warto było opracować i wyprodukować szczepionkę dla zwierząt, natomiast w przypadku ludzi uznano, że skoro przeziębienie pojawia się co roku i leczone mija po siedmiu dniach, a nieleczone po tygodniu, to nie opłaca się tworzyć na nie szczepionki.

WW: A taka biedna świnka ma niestety tylko rok życia. Nie żyje tak długo jak my.

UK: Tak.

VF: Mam jeszcze jedno pytanie dotyczące zestawu przeciwciał. Mamy test PCR, na podstawie którego - tak się to teraz powszechnie przedstawia - teoretycznie można rozpoznać aktywne zachorowanie. Jeśli chodzi o test na obecność przeciwciał, czy mogę go potraktować jako coś odrębnego, niezależnie od testu PCR? Skoro nie wiem **dokładnie**, co właściwie mierzymy i jakie konkretne patogeny są mierzone za pomocą testów PCR, to może uznajmy, że test PCR to test „szerokiego pasma” czy też test na koronawirusy, ponieważ uwzględnia

kilka koronawirusow. Teraz musimy stworzyć test przeciwciał w odniesieniu do jednej konkretnej infekcji, by mieć możliwość ustalenia tego dla tej określonej infekcji, a zatem ten, kto chciałby teraz „zwalidować” test na przeciwciała, zastosowałby test PCR jako ztoty standard. W ten sposób tworzy się błędne koto.

UK: Ztotyp standardem byłoby wyizolowanie wirusa.

VF: A czy dla opracowania testu na przeciwciała faktycznie dokonano tego [wyizolowania wirusa] w przejrzysty sposób z bezpośrednią legalizacją tego testu na przeciwciała w odniesieniu do wyizolowanego wirusa, tak by można było być go pewnym? A może mamy podobne problemy z testami na przeciwciała i testujemy szerokie spektrum przeciwciał?

UK: Nie umiem odpowiedzieć na to pytanie. Trzeba by zapytać o to kogoś, kto dokładnie zna się na tym i wie, co dzieje się w tym zakresie.

WW: Który wirus należałoby wyizolować? Ten z Wuhan? A może ten rozprzestrzeniający się obecnie w Nowym Jorku? To moje kolejne pytanie.

UK: Ostatecznie szczepionka lub test przeciwciał miałyby sens tylko wtedy, gdyby wykrywał wszystkie te szczepy, a nie reagował krzyżowo z normalnym koronawirusem.

RF: Zatem w pierwszej kolejności trzeba przede wszystkim ustalić - a nawet tej wiedzy nie

posiadamy - czy te odmienne szczepy wirusa, które zostały znalezione w **Wuhan**, Nowym Jorku lub w Londynie, są naprawdę tak niebezpieczne, jak nam się mówi. Jak dotąd brak mi rzetelnej wiedzy na ten temat. Może Pani wie o tym coś więcej, Pani profesor Kämmerer?

UK: Nie. Mogę odnieść się tylko do tego - bo przecież nie prowadzę badań w tej dziedzinie - co jest zawarte w publikacjach. Jak już powiedziano, do tej pory mamy tylko doniesienia o osobach, które są poważnie chore i mają pozytywny wynik testu PCR. Może tu istnieć związek przyczynowy, ale może to też być tylko korelacja, ponieważ często nie szuka się żadnej innej przyczyny.

RF: Tak, słyszeliśmy o tym od Włochów.

WW: Jedna rzecz może tu mieć znaczenie: wirus rzadko występuje sam. Bardzo często mamy do czynienia z infekcjami, w których w tym samym czasie można wykryć kilka wirusów.

UK: Lub dochodzą do tego jeszcze bakterie. To wszystko razem...

WW: W analizach, które znam z pediatrii, w ponad połowie przypadków potwierdzono obecność koronawirusów, a jednocześnie wykryto inne wirusy, które prawdopodobnie w tym samym czasie również wywoływały choroby. A teraz szukamy tylko koronawirusów.

UK: O SARS, czyli o pierwotnym SARS. wiemy, że może on atakować tylko wcześniej uszkodzone błony śluzowe i prawdopodobnie dlatego inny wirus musiał zawsze

wcześniej przygotować mu drogę, by wirus SARS mógł w ogóle tam wtargnąć. Tak samo może być z SARS-CoV-2, ponieważ jest on bardzo blisko spokrewniony z SARS.

WW: Błony śluzowe można również uszkodzić w inny sposób, np. poprzez intubację.

UK: Tak, poprzez intubację lub zanieczyszczenie środowiska. Istnieją tysiące różnych możliwości.

WW: Wczoraj słyszeliśmy coś o nanocząsteczkach. Podobno istnieją tu jakieś zależności...

RF: Nie możemy udzielić jednoznacznej odpowiedzi na to pytanie?

UK: Nie.

RF: Tak, to spotkanie byto dla mnie niezwykle od-
krywcze jako dla prawnika. Mam nadzieję, że takie bę-
dzie również dla innych prawników.

VF: Nie tylko dla prawników. Myślę, że to z pewno-
ścią byto bardzo interesujące dla wielu innych osób,
które być może po raz pierwszy zetknęły się z kwestią
wiarygodności testów PCR, ponieważ zwykle przyglą-
damy się temu dość powierzchownie. Widzimy statys-
tyki, liczby i wykresy, które się nam przedstawia, lecz=>
nikt nie pyta, czy te testy, na których wszyscy pole-
gamy, a które mają tak daleko idące konsekwencje, są
niepodważalne. Tymczasem okazało się, że wciąż ge-
nerują one szereg znaków zapytania.

Z

a

a

o

a

^

^

^

^

^

^

^

^

^

^

^

^

^

^

^

^

^

^

^

^

^

^

^

^

^

^

^

^

^

^

^

^

^

^

^

^

^

^

^

^

^

^

^

^

^

^

RF: Ogromnych znaków zapytania. Bardzo serdeczne dziękujemy za rozmowę, Pani profesor Kämmerer.

VF: Odbiliśmy bardzo pouczającą rozmowę z profesorem Kämmerer. To byto naprawdę bardzo interesujące doświadczenie. Teraz chcielibyśmy poruszyć jeszcze inne aspekty, których być może dotychczas nie wzięto w pełni pod uwagę. A zatem gdzie lub które grupy ludzi badano dotąd za pomocą testów, a także jaka jest zależność między testowaniem a wynikami czy raczej liczbą przypadków? Sądzę, że również dr Wodarg chciałby zrobić krótkie podsumowanie.

WW: Chciałbym trochę powiedzieć o ocenie sytuacji, a w zasadzie o jej kwalifikacji. Mamy sytuację nadzwyczajną, specjalne ustawy, a Bundestag działa inaczej niż zwykle. Wydaje się upoważnienia, w ramach których Minister Zdrowia zyskuje prawo do podejmowania działań, o jakich zwykle decydują landy i organy sanitarne. Nastąpiła zmiana ośrodka władzy, ponieważ zaistniała sytuacja kryzysowa, tak zwana sytuacja nadzwyczajna, jak to się teraz określa. Istotne jest to, na jakiej podstawie rozpoznajemy sytuację nadzwyczajną. Sądzę, że to, co właśnie usłyszeliśmy, jest bardzo ważne dla oceny tego, na jakiej podstawie rozpoznaje się sytuację kryzysową. Przy okazji świńskiej grypy WHO zmieniło definicję pandemii. Dotychczas, w zwykłej sytuacji, radziliśmy sobie z chorobami, mieliśmy dostępne gabinety lekarskie i szpitale. Rzekomo teraz nagle wszystko jest przepełnione,

a dotychczasowe zasoby już nie wystarczają, w efekcie czego powstaje kryzys.

Na wypadek takiego stanu klęski mamy ustawę o zapobieganiu chorobom zakaźnym. Po to też posiadamy środki do zwalczania epidemii, które można zastosować w odpowiednim czasie, by zapobiec szkodom. Kiedy pytam ludzi, czy znają kogoś, kto był w potrzebie i nie mógł dostać się do szpitala, słyszę, że nie odczuwali żadnych zmian w odniesieniu do poprzedniego sezonu grypowego. Tymczasem czytaliśmy o tym, że szpitale są przepełnione i widzieliśmy to na zdjęciach.

Jednak potem znowu mówiono, że w szpitalach łóżka są puste, a ich pracownicy mają skrócony c/as pracy. Jak można to zmierzyć? Dziś usłyszeliśmy, że narzędziem, które uwidacznia istnienie epidemii, jest stosowany od samego początku pandemii test, którego używano już w lutym, a potem korzystano z niego coraz częściej zgodnie z zasadą: musimy wykonywać więcej testów, by wiedzieć, co się dzieje, a najlepiej przetestować całą populację. Dopiero wtedy uda nam się to ustalić.

Tymczasem podczas tego spotkania dowiedzieliśmy się, co naprawdę wykrywa ten test. Test wykrywa cząsteczki, które w podobnej postaci mogły istnieć już wcześniej, które wykrywano już w styczniu. Czy są one nadal istotne i czy są istotnymi fragmentami patogenów, które pojawiają się wkrótce w Nowym Jorku? Nie wiemy tego na pewno, ponieważ i tu, i tam opracowuje się różne testy, które nie mierzą dokładnie tego samego,

gdyż są opracowywane wewnętrznie. A zatem wszędzie wykonuje się testy, które coś wykrywają. Ale czy ma to jakiegokolwiek znaczenie dla oszacowania stanu epidemii, dla kwalifikacji takiej sytuacji jako nadzwyczajnej, jako nagłej pandemii?

Myślę, że po tym, co tu usłyszeliśmy, zasadnie jest uznać to za wątpliwe, ponieważ okazało się, że pozytywny wynik testu nie świadczy o tym, że występuje infekcja. Są ludzie, u których nigdy nie dochodzi do infekcji. Mogą oni ewentualnie odczuwać drapanie w gardle, a zarazem chodzić do pracy. Czy postępują właściwie? To zupełnie inne pytanie. Może powinni raczej pozostać w domu, aby nie narażać innych na te same dolegliwości.

Jednak ta hierarchia działania, gdy oznajmia się: znaleźliśmy fragment patogenu, znaleźliśmy objawy infekcji, jest dość wątpliwa. Te objawy sami zauważymy skuteczniej niż test immunologiczny, gdyż sami lepiej wiemy, jak się czujemy; otóż objawy, które zauważamy, kiedy nagle się przeziębimy i cieknie nam z nosa lub boli nas gardło, świadczą wyraźnie o tym, że coś się dzieje w naszym organizmie, że mamy do czynienia z infekcją.

Przy tym nie jest ważne, który to patogen, ponieważ wszystkie objawy są równie niebezpieczne. Jeżeli teraz szukamy określonego patogenu, uzasadnieniem tego byłoby to, że jest on w jakiś sposób szczególny, że jest szczególnie niebezpieczny. Tymczasem przyczyną tego było to, że to nowy wirus, a przecież wirusy zawsze są nowe. Stąd to wprowadzanie w błąd.

RF: To od początku stanowiło przedmiot naszych gruntownych badań. W kontekście tego pojawiły się dwa kluczowe pytania. Po pierwsze: w jakim stopniu to wszystko jest niebezpieczne? Brakuje informacji na ten temat. Po drugie: na ile wiarygodne są te testy? Czy są jeszcze jakieś inne elementy, które należy wziąć pod uwagę? Gdzie są wykonywane te testy lub gdzie występują choroby?

WW: Jeżeli wyjdziemy z założenia, że to, co zdarzyło się w Wuhan, jest naprawdę niebezpieczne dla nas wszystkich (przyjmijmy, że to naprawdę coś bardziej niebezpiecznego niż grypa), wtedy będziemy tego szukać. Wówczas można będzie wykorzystać w tych poszukiwaniach test PCR. Ważne przy tym jest również to, by wiedzieć, gdzie szukać. Jeśli chcemy dowiedzieć się, czy ten wirus rozpowszechnił się już w całej populacji, musimy przeprowadzić badanie prospektywne na reprezentatywnej próbie. Wtedy możemy powiedzieć, że coś takiego występuje u określonego procentu populacji.

Takie badania można przeprowadzić w całych Niemczech, można też zrobić je regionalnie. Wówczas można by orzec coś o poszczególnych regionach, ale to kosztowne działanie. Jednak dopiero takie systemowe podejście miałyby coś wspólnego z nauką.

Następnie można by sprawdzić, gdzie są ludzie chorzy, którzy mają objawy. Czy na przykład odbyła się gdzieś zabawa karnawałowa, po zakończeniu której zorientowano

się, że wszyscy są przeziębieni? Zobaczmy, jaki to był rodzaj patogenu. Wówczas będziemy mogli ustalić, czy ci ludzie zostali zarażeni na imprezie karnawałowej lub w kurorcie narciarskim i wszyscy mają to samo [ten sam patogen], ponieważ wszędzie uzyskano dodatni wynik testu. Wtedy można będzie powiedzieć: wybuchła epidemia i ten patogen się rozprzestrzenił. Jednak to nie poinformuje o niczym w skali całego kraju.

Jeśli spojrzymy na mapę rozprzestrzeniania się grypy (informacje te można znaleźć na stronie www.grippeweb.rki.de; to coś innego niż grupa robocza ds. grypy, która również powstała przy Instytucie Roberta Kocha), zauważymy, że w marcu, tj. w 13 tygodniu tego roku, grypa była w pełnym rozkwicie. Natomiast w 52 tygodniu minionego roku, tuż przed Sylwestrem, w Niemczech ludzie jeszcze nie chorowali.

Na podstawie zamieszczonych tam wykresów można zobaczyć, co się dzieje w kraju, ponieważ gabinety lekarskie, z których spływają do nas te dane, są rozsiane po całych Niemczech. Dzięki temu można zaobserwować, gdzie jest dużo zachorowań, a gdzie mało i jak się to rozwinie w przyszłości. Czasami widzimy przesuwanie się tego frontu zachorowań z południowego zachodu na północny wschód, a czasami odwrotnie.

To jest choroba zakaźna, w przypadku której wszystko zmienia się bardzo szybko z tygodnia na tydzień. Tak to też wyglądało między czwartym a piątym tygodniem tego roku. Być może wynikało to z tego, że po zakończeniu przerwy

świętecznej ludzie masowo udali się do przychodni. Nasze badanie obejmuje wszystkie zgłoszone przypadki. Oznacza to, że zawsze musimy patrzeć, za pomocą jakich narzędzi przeprowadzamy obserwację. W tym przypadku są to gabinety lekarskie objęte monitoringiem. Dzięki otrzymanym od nich informacjom możemy się dowiedzieć, kiedy ludzie poszli do lekarza z ostrymi chorobami układu oddechowego i kiedy wirus ponownie ustąpił, a fala minęła. To jest istotne dla nas.

I jeszcze jedna ważna rzecz, czyli to, gdzie przeprowadza się pomiary. Wspomniałem, że śledzę to, co dzieje się w gabinetach lekarskich. Opracowałem kiedyś taki przykład: jeśli założymy, że mamy 100 000 mieszkańców, z których każdy coś złapie, a na wszystkich przyjdzie kolej w tym sezonie, to wśród tych 100 000 zakażonych mieszkańców 30 000 nie ma żadnych objawów. Nie wiemy, czy są nosicielami wirusa, lecz prawdopodobnie też mieli z nim kontakt, gdyż każdy z nich chodzi do pracy, do szkoły..., a zatem wielu z tych, którzy nie mają żadnych objawów, miało kontakt z wirusem. I teraz pytanie: czy te osoby zarażają czy nie?

Na szczęście WHO odpowiedziało na nie przecząco: nie zarażają, ponieważ zaraźliwość wynika z faktu, że wirusy się namnażają. Nie mogę zarażać innych, nie mogę przekazać im wirusa tylko przez to, że mam gdzieś wirusy, — skoro nie mogą się one namnażać. Jeśli się namnażają, to mam zapalenie, a potem pozostałe objawy i nie mogę tego nie zauważyć. Zatem jeśli się przeziębilem, mam katar, ból gardła, to mam infekcję. Wówczas wirusy niszczą komórki

i przenikają z komórek, a ja mogę je przekazać dalej, W takim razie infekcja jest zaraźliwa. Jednak osoba, która uzyska pozytywny wynik testu PCR i nie ma żadnych objawów, nie zaraża.

RF: O ile dobrze zrozumiałem, jeżeli test daje wynik dodatni, to jest to tylko dowód na to, że wykryto pewną cząsteczkę, a nie że ktoś jest zarażony. Zgadza się?

WW: Tak. Ten test znajduje i powiela fragment RNA wirusa.

RF: A zatem nie oznacza to, że ktoś jest zarażony? Opinia publiczna wciąż otrzymuje komunikaty informujące o tym, że gdzieś stwierdzono infekcję, nowe ognisko, a w rzeczywistości wykryto tylko obecność cząstki, która niekoniecznie ma coś wspólnego z infekcją. Czy to prawda?

WW: Tak. Ofiarą wirusa jest ten, kto zauważy u siebie infekcję. Taka osoba dostrzeże to wcześniej niż jakikolwiek test PCR, wcześniej niż test immunologiczny. Kiedy mam infekcję, spostrzegam to pierwszy - nikt inny nie jest w stanie tego wówczas zweryfikować - ani test, ani lekarz, gdyż to mi cieknie z nosa i to mnie boli gardło.

Dlatego tak ważne jest, aby mówić ludziom, by zostali w domu i np. nie szli do babci, która i tak jest już staba. by jej nie zarazić. To rozsądne działanie. Trzeba zachowywać się bardziej wielkodusznie. Ludzie, którzy są przeziębieni,

powinni trzymać się z dala od innych. Możemy się tego nauczyć. To nie ma nic wspólnego z koronawirusem, gdyż dotyczy wszystkich wirusów, chyba że ktoś powie: pozarazajmy się, wtedy wszyscy będziemy na to odporni. Tak też można. Jednak to sporna sprawa. Trudno to uogólniać, ponieważ wtedy złapią wirusa także ci, którzy powinni być szczególnie ostrożni.

VF: Czyli pozytywny wynik testu nie oznacza, że Z
<
mogę zarażać innych ludzi, bo jestem chora na utajoną 5
chorobę i chodzę po świecie jako nosiciel, lecz że jeśli
nie mam żadnych objawów, to właściwie nie mogę za-
rażać innych. ^

WW: Jeśli mam infekcję żołądkowo-jelitową, dostaję
biegunki. Jeśli mam chorobę układu oddechowego, to boli
mnie gardło. mam katar i występuje reakcja błon śluzowych,
co jestem w stanie zauważyć. Wówczas mogę zarażać. Q

RF: To zasadnicza kwestia, ponieważ stale sugeruje się nam, iż ogromne zagrożenie stanowi fakt, że wszystko jest niewidoczne i nie do rozpoznania, chyba że za pomocą testu PCR, o którym już wiemy, że wcale się do tego nie nadaje. Czy oznacza to, że jest wręcz przeciwnie, Panie drze Wodarg? Czy jeśli nie mam objawów, to nie mogę zarażać? U
L
I
K
E
K
A
M
E
R
E
P
R
O
F

WW: Tak. Jeśli nie mam infekcji, nie mam objawów świadczących o tym, że mój organizm, moje ciało reaguje na

ewentualne zakażenie, wówczas nie namnażam wirusów i nie mogę ich przekazać dalej. To nie ulega wątpliwości.

JH: A zatem nie zarażam również w okresie Inkubacji wirusa?

WW: Jeśli chodzi o czas inkubacji, to jest to czas od pierwszego kontaktu z wirusem do momentu zaobserwowania objawów. W przypadku wirusów to bardzo krótki czas.

RF: A więc nie 14 dni?

WW: To może być dzień lub dwa. Bywa, że niektórzy ludzie są zarażeni, ale początkowo tego nie zauważają, są na to nieco mniej czuli. Zdają sobie sprawę z tego dopiero wtedy, gdy dostają gorączki. Dlatego okres inkubacji wirusa jest czymś indywidualnym i zależy od tego, jak uważnie człowiek się obserwuje, czy poważnie podchodzi do tego, co dzieje się z jego ciałem.

Jeżeli zaczniemy polegać wyłącznie na narzędziach pomiarowych, tj. na testach, to musimy wiedzieć, że test PCR reaguje jeszcze przed infekcją. Jeżeli teraz miałbym kontakt z osobą, która „podesłałaby” mi wirusa, który dostałby się do mojej jamy ustnej, na język, to nie mogę jeszcze niczego zauważyć, jeszcze nie jestem chory, nic nie mam. Jednak wymaz od razu to wykaże. Może się okazać, że wynik testu będzie dodatni. Mógłbym też kaszlnąć na przycisk domofonu. Wzięty stamtąd wymaz również dałby wynik dodatni. Jednak domofon nie ma infekcji.

przez nie do organizmu i nas zakażą. To jest kwestia dawki, tj. ile jest tych wirusów na przycisku domofonu. Jeśli ktoś solidnie na mnie nakasze, to wtedy jest prawdopodobne, że przejdą one przez moją ochronną barierę śluzówki, przenikną do komórek i wywołają infekcję.

RJF: Dopiero wtedy.

WW: Tak. I wtedy mam infekcję.

RF: Czyli dodatni wynik testu nic by wówczas nie wykazał poza tym, że u kogoś znaleziono tę cząsteczkę.

WW: Tak, ten test dalby też wynik dodatni z kłamki lub z papai, a także z kotleta schabowego czy noża rzeźniczego, jak w zakładach mięsnych Tócnies.

JH: Powtórzmy raz jeszcze, by to lepiej zrozumieć. Ten test nie jest w stanie rozpoznać, czy w próbce znajduje się cały wirus, czy tylko jego część, w jaki sposób znalazł się u osoby badanej oraz czy osoba, która go ma, rzeczywiście zostata nim zarażona już wcześniej czy też po prostu tniata wirusa na dtoni, ponieważ dotknęła dzwonka u drzwi? Tym testem nie da się w ogóle przeprowadzić takiego rozróżnienia?

WW: Będzie to możliwe wyłącznie wtedy, gdy włożymy w to dużo wysiłku, tj. jeśli zsekwencjonujemy całość znalezionej RNA. a następnie odczytamy wszystkie

30 000 cząsteczek, odczytamy sekwencje i zapiszemy w komputerze. Chodzi o to, by nie wykrywać tylko fragmentu, który dostarcza informacji, że to koronawirus. ale by prześledzić całość, by zobaczyć, który wirus ciągle się zmienia. Wówczas można powiedzieć: jeśli u kogoś innego znajdziemy taką samą sekwencję, która w bardzo dużym stopniu się z nią zgadza, możemy stwierdzić, że musi to mieć coś wspólnego z tym konkretnym wirusem.

To są tak zwani *superspreader* (osoby szeroko rozprze- Z
<
strzeniające zakażenie), których teraz się usilnie szuka. Po- B
stępuje się tak w indywidualnych przypadkach, np. we wspo- s
mnianych zakładach mięsnych, których pracownik rzekomo z
zarazif nie tylko swoich domowników, lecz również współ- z
pracowników. Tam właśnie przeprowadzono takie badanie. o
Znaleziono coś u niego. To samo wykryto też u innych pra- u
ceowników tego zakładu. Oznacza to, że te wirusy faktycznie P
się tam rozprzestrzeniały, lecz nie powodowały choroby. S
Owszem, wśród nich chorowali ci, u których znaleziono te Q
wirusy. Jednak nie wiadomo, czy byli chorzy, ponieważ Ą
mieli tego wirusa, czy może mieli jednocześnie coś innego, *
np. grypę lub coś innego. \

RF: Obecnie mamy normalną falę grypy. Czy- >
wprowadzono jakieś rozróżnienie między zwykłą falą £
grypy a zachorowaniem z powodu koronawirusa? #
A może koronawirus zosta! włączony do normalnej °°
fali grypy?

WW: Dane przesyłane z gabinetów lekarskich objętych monitorowaniem w całych Niemczech wskazywały na *boom*, tj. 18 tys. przypadków grypy. Potem pojawiła się mała fala - to byli ci sami pacjenci, A zatem w porównaniu z gripą było dużo mniej przypadków koronawirusa. To działo się w tym samym czasie, czyli gdy ludzie masowo chorowali na gripę, jednocześnie pojawiło się kilka zachorowań wywołanych koronawirusem.

RF: Słyszeliśmy o tym już wcześniej. Chyba raówita o tym profesor Kämmerer. Tę zależność obrazuje wykres, który ma zawsze taki sam przebieg: czasem koronawirusów jest trochę więcej, a czasem trochę mniej. Gdy jest ich trochę więcej, to inne komponenty mają nieco mniejszy udział i odwrotnie.

WW: Dokładnie tak.

RF: Jeśli tak jest, to czy słuszne jest stwierdzenie, że po prostu raz jeden wirus ustępuje miejsca drugiemu, a innym razem jest odwrotnie?

WW: By lepiej wykazać tę zależność, porównajmy to do łąki, na której rośnie na przykład określony procent stokrotek, mniszka lekarskiego i mleczu. Można powiedzieć, że na łące jest określona ilość miejsca, co stanowi 100%. Tak jest również w przypadku wirusów: kiedy jedne stają się mniej liczne, rośnie liczba pozostałych. Jeżeli założymy, że wszystkie przypadki stanowią 100%, a zarazem

uwzględnimy przypadki, w których w ogóle wykryto wirusy, to będziemy mogli zobaczyć, jakie wirusy dzielą ze sobą tę przestrzeń.

Podobne badania przeprowadzono w Glasgow w latach 2005-2013. W ich trakcie, stosując tę samą metodologię, dostrzeżono tę samą prawidłowość - występowanie chorób układu oddechowego oraz przypadki zespołu ostrej niewydolności oddechowej [ARE/ARD - *akute respiratońsche Erkrankiingen/ acute respiratory distress* - przyp. tłum.]. Wynika to z tego, że w tym samym czasie występują różne wirusy, przy czym zawsze obserwuje się to samo zjawisko: gdy pojawiają się wirusy grypy, są wśród nich również koronawirusy. Czyli istnieją określone kombinacje wirusów, które pasują do siebie i razem występują.

RF: Ale jak dotąd w Niemczech, w tym nawet w Instytucie Roberta Kocha, nie badano **dokładnie** tego, co obecnie budzi taką panikę wśród ludzi.

WW: Nie, nigdy.

RF: Dlaczego zatem teraz koronawirus stał się nagle taką „supergwiazdą”, dlaczego wysunął się na pierwszy plan? Jeśli dobrze zrozumiałem, to, co dzieje się teraz, równie dobrze mogło dziać się już wiele lat temu. A zatem także podczas minionych fal grypy mógł występować ten wirus - nie tylko jakikolwiek koronawirus, lecz akurat ten obecny, mimo że on stale imituje?

WW: Powodem tego jest to, że specjaliści permanentnie przeceniają swoje kwalifikacje. Jeśli zapytasz specjalistę lub wirusologa, spojrzysz na to z wirusologicznego punktu widzenia. Tak właśnie /robili wirusolodzy z ptasią grypą. Wówczas całkowicie się pomylili. Spostrzegają coś zupełnie nowego, są rozentuzjzmowani, szukają tego wszędzie i oczywiście coś znajdują. Tak działali w związku ze świńską grypą! I teraz też tak postępują.

RF: Dlaczego tak się dzieje? Mówiąc nieco złośliwie, wirusolog, który po długim okresie nieobecności wyszedł nagle ze swojej jaskini, do której docierało niewiele światła dziennego, który nie znalazł prawdziwego życia, ogłasza swoje życiowe odkrycie: „Znaleźliśmy szczególnie szczep wirusa”. Dlaczego ma to taką siłę przebicia, że zapoznający się z tym „odkryciem” lekarze mówią: „Och, to straszne zagrożenie, zakładajmy **maski**”, a politycy wołają: „O rety! Musimy natychmiast wszystko zamknąć!”?

WW: Wiąże się to z konfliktami interesów w obrębie medycyny, bo jeśli coś badam, to muszę mieć określoną motywację, by to robić. Innych rzeczy nie badam. Dlaczego np. regularnie bada się wszystkie typy grypy? Ponieważ ludzie sprzedają szczepionki.

RF: Tak, to ma dla mnie sens.

WW: To jest rynek. I to dobry rynek. Już to kiedyś mówiłem - *dopiero post factum* można stwierdzić, czy to było skuteczne czy też nie. A zatem co roku można sprzedawać

nowe szczepionki i zapewniać, że akurat ta będzie działać. A potem się okazuje, że to nic nie dało. Nie można było wiedzieć tego wcześniej.

RF: Podobno te szczepionki przeciw grypie mają również stosunkowo niską skuteczność, tj. od około 10% do 20%.

WW: Częściowo zapobiegają infekcji wirusami, przeciwko którym jest się zaszczepionym, ale kiedy szczepię się przeciwko „stokrotkom”, wówczas „mlecze” zyskują więcej miejsca.

RF: Oznacza to, że może mnie zaatakować każdy inny wirus i nadal mogę zachorować, tylko na jakąś inną chorobę?

WW: Tak.

RF: Naprawdę?

WW: To zostało już udowodnione. W Pentagonie przeprowadzono badanie, w którym odnotowano dużo więcej przypadków zakażeń koronawirusami wśród ludzi zaszczepionych przeciwko grypie, gdyż koronawirusy odgrywały u nich znacznie większą rolę. Już dwukrotnie wyolbrzymiono to zagrożenie. Dlaczego tak postępowano? To jasne. W przypadku ptasiej grypy ktoś chciał sprzedać Tamiflu, a przy świńskiej Pandemrix. Chodziło o sprzedaż szczepionek. Kontrakty zostały już wcześniej zawarte. Wszystko było już w opakowaniach. Tym razem nie wiem,

co ma być sprzedawane, lecz widzę, że zmierza to w tym samym kierunku.

RF: Już klika razy słyszałem, że do czasu świńskiej grypy za pandemię uznawano chorobę o katastrofalnych skutkach, a więc nie tylko rozprzestrzeniającą się na całym świecie, ale także cechującą się wysoką śmiertelnością. Tak było kiedyś. Potem nagle podczas świńskiej grypy za pandemię uznano każdą ogólnoswiatową chorobę, w tym także taką, która nie wiąże się z wysoką śmiertelnością. Z jakiego powodu Światowa Organizacja Zdrowia zmieniła tę definicję, tak by każdą grypę można było zamienić w pandemię?

WW: Pokazano to w jednym z filmów dostępnych na YouTube. Gdy rzecznik prasowy WHO usłyszał to pytanie, zaniemówił. Powiedział tylko: „Mamy tu konflikty interesów, ale wszystkie ujawniamy”.

RF: Dlaczego nikt o to nie pyta? Myślę, że teraz jest właściwy czas, by to zrobić. Uważam wprawdzie, że należało zapytać o to już wtedy, lecz ogłoszenie pandemii świńskiej grypy nie miało wówczas żadnych konsekwencji, bo uznano, że świńska grypa nie mogła doprowadzić do przepowiadanej katastrofy. Jednak teraz właściwie każdy polityk i każdy prawnik powinien zapytać o to, jaka jest podstawa prawna tego całego zamieszania. Wówczas prawdopodobnie padłaby

odpowiedź: „Bo to pandemia!”. Trzeba by wtedy zadać w końcu to pytanie: Dlaczego teraz pandemią jest to, co jeszcze jedenaście lat temu było zwykłą gripą?

WW: Nie jest to pandemia w tradycyjnym znaczeniu tego słowa. Jeżeli poważnie potraktujemy definicję, którą WHO po cichu zmieniała w 2009 roku, to okaże się, że co roku mamy pandemię, przy każdej z tych fal, ponieważ to są zawsze nowe wirusy, które bardzo szybko rozprzestrzeniają się po całym świecie.

RF: Chyba coś źle zrozumiałem.

WW: Nie. To jest nonsensowne.

RF: Dotychczas grypa nie oznaczała katastrofy.

WW: Każda fala grypy może oznaczać katastrofę dla osób, których dotknie, dla poszczególnych jednostek, ale nie dla służby zdrowia. W niektórych krajach, np. we Włoszech, w 2017 i 2018 roku grypa również stała się przyczyną katastrofy, bo to właśnie w Mediolanie panowały fatalne warunki w szpitalach. Bynajmniej tak donosiły mediolańskie gazety. Owszem, jeśli opieka jest niedostateczna, każda epidemia grypy może doprowadzić do przeciążenia systemu i przerodzić się w stan kłęski. W Nowym Jorku podczas epidemii grypy rozstawia się w parkach namioty.

RF: Tak, tylko nikt nie wie, że te namioty bywały tam już wcześniej.

2

◀

o

o

◊

^

*

4

4

ix

o

o

W

o

o

s

o

s

o

o

o

o

o

o

o

o

o

o

o

o

o

o

o

o

o

o

o

o

o

o

o

o

o

o

o

o

o

WW: Tak dzieje się w złych systemach opieki zdrowotnej. Szwecja wysztaby z tego obronną ręką, nieprawdaż? Niemcy również. Mamy wystarczające zasoby, mamy wręcz nadmiar zasobów.

W: Najpierw pokazuje się nam zdjęcia z Wioch, a wcześniej z Chin, potem okazuje się, że można przeprowadzić testy wykrywające COYID-19. Czyli bez testu prawdopodobnie w ogóle nie weszlibyśmy na te tory.

Jednak teraz nagle mamy test, który pozornie czy też faktycznie coś wykrywa. Później występuje to zjawisko, że im więcej przeprowadza się testów, tym częściej pojawiają się wyniki fałszywie dodatnie przy niższej przewalencji [częstości występowania - przyp. red.] albo faktycznie dodatnie. Okazuje się, że dochodziło wówczas do wzmożonej akumulacji [informacji o zagrożeniu - przyp. tłum.]. Jednocześnie sugerowano nam, że ta wzrostowa tendencja nadal będzie się utrzymywać. Interesujące jest też to, gdzie właściwie przeprowadzano te testy. Czy mógłby Pan nam coś o tym powiedzieć?

WW: Kiedy liczy się wszystkie przypadki - mam na myśli to, że kiedy zaczynamy od stycznia, początkowo mamy jeden przypadek, potem kilka, a następnie sto i tysiąc..., to pierwsze osoby, które wtedy zachorowały, są już zdrowe. Jednak nadal zlicza się to wszystko razem. Ta łączna liczba chorych jest bardzo myląca.

W dalszej kolejności ustala się zapadalność, tj. ile osób zachorowało w danym tygodniu. Okazuje się wówczas, że co tydzień przybywa coraz więcej chorych, aż w końcu mamy 1000 zachorowań na tydzień, w następnym tygodniu 1500, a w kolejnym 2000. Wówczas widać, że zapadalność wzrasta.

Następnie można zmierzyć chorobowość, to znaczy ustalić, ile osób dzisiaj choruje. Obie te liczby są interesujące, obie też są ważne. Zapadalność jest ważna, by móc ustalić, jakie trzeba podjąć działania, jeśli choroba będzie szybko się rozprzestrzeniać, by określić, czy jest niebezpieczna czy nie. Chorobowość jest ważna, bo pozwala na przykład oszacować, na ilu chorych musi być przygotowany system opieki zdrowotnej. W ten sposób możemy oszacować zapotrzebowanie.

Chcę jeszcze powiedzieć coś o testach. Istotne jest, gdzie je wykonujemy, a zatem czy wykonujemy testy w ogólnej populacji, tzw. ogólnokrajowe testy przesiewowe, czy też w gabinetach lekarskich - takie dane zbiera np. Instytut Roberta Kocha, co jest rozsądne, bo właśnie tam udają się chorzy. Jednak wtedy pomiary są wykonywane jedynie wśród chorych. Wówczas testuje się tych, którzy przychodzą do lekarza.

Ten sposób jest również obarczony błędami, ponieważ wielu ludzi nie idzie do lekarza, gdy są chorzy. Muszą tak postąpić, jeśli chcą uzyskać zwolnienie lekarskie, by nie iść do pracy. Mogą tego nie robić w przeciągu kilku pierwszych dni. Jeśli jednak choroba nie minie w tym czasie, wtedy trzeba się o nie postarać. I to te osoby są uwzględnione w statystykach.

Inni, którzy zostają w domu i piją herbatę z bzu, zarażają w tym samym stopniu, lecz nie są uwzględnieni w statystykach. Mamy jeszcze osoby skierowane do szpitala. Zatem jeżeli mamy 100 000 osób, to około 60 000 spośród nich choruje i zauważa zakażenie, a 8 000 idzie do lekarza. Spośród nich 500 osób jest hospitalizowanych, a około 25 umiera. Taki jest mniej więcej rozkład procentowy w populacji liczącej około 100 000.

To jest model, który tylko w przybliżeniu szacuje, czego można się spodziewać po fali grypy w naszym systemie opieki zdrowotnej. W innym kraju, który jest biedny i gdzie nie ma szpitali, sytuacja z pewnością wygląda inaczej.

Przy tych możliwościach, jakie mamy jako państwo, to przydatny model. Czyli dla praktyka, pracującego w publicznej służbie zdrowia, który musi oszacować powagę sytuacji, jest on całkiem przydatny. Dzięki niemu można też sprawdzić wstecz, ile wcześniej było przypadków w skali roku.

Jeżeli rozłożymy tę wartość na tydzień, to ta liczba będzie niższa, ponieważ sezon grypowy trwa 18 tygodni. Wówczas dzielimy tę liczbę na 18 i wtedy wiadomo, że pośrodku wykresu jest wiele takich przypadków, a im bliżej początku i końca osi, to jest ich coraz mniej, a zatem to bardzo dynamiczna sytuacja, którą trzeba właściwie ocenić. Jednak gdybym chciał na tej podstawie ustalić śmiertelność (w zależności od tego, gdzie wykonuje się obliczenia w danej fazie), to otrzymam inny udział wyników dodatnich. Kiedy przeprowadzam badania w szpitalu, jak to zrobiono we Włoszech...

RF: ...wtedy ta liczba będzie znacznie wyższa.

WW: A jeżeli do tego mam test wykazujący 50% fałszywych trafień, to nagle okaże się, że wszyscy są chorzy na koronawirusa.

RF: Czyli z perspektywy czasu okazato się, że te wszystkie pozytywne testy nie miały nic wspólnego z chorobą spowodowaną koronawirusem, jak wykazują to obecnie niektóre statystyki. 96% z tych osób zginęło z zupełnie innych przyczyn.

WW: W Arizonie było tak samo. W tym przypadku warunki są trochę inne, ale te badania również przeprowadzano systematycznie. Ten poprzedni przykład z tymi 100 000 to był mój model z Flensburga. My zrobiliśmy to trochę inaczej, lecz oni mają podobny model i wykazują, że współczynnik trafień jest bardzo różny. Wykrywanie przypadków w szpitalu wygląda zupełnie odmiennie. Kiedy chcę to porównać, to tak jakbym porównywał jabłka z pomarańczami, bo jeden kraj zbiera dane w oparciu o monitorng [liczbę zgłoszeń w przychodniach], a drugi przeprowadza badania w szpitalu.

RF: To oczywiste, że kiedy wykonuje się pomiary w szpitalu, z pewnością uzyskuje się większe liczby. A zatem, podsumowując, po pierwsze testy PCR nic nam nie mówią oprócz tego, że wykryto cząstkę wirusa, która być może wiąże się z jakimś ryzykiem.

Nie informują jednak o tym, jakie jest związane z tym bezpośrednie zagrożenie dla zdrowia oraz czy ktoś jest naprawdę zarażony, a przecież to nam się cały czas wmawia.

WW: Tak.

RF: Dlaczego?

WW: Straszysz nas. To nie ma nic wspólnego z chorobą, to są interesy. Podczas świńskiej grypy zadbali o to, byśmy wszyscy się bali. Podobnie postąpili podczas ptasiej grypy. Donosili wówczas, że zmarło 30 milionów ludzi!

RF: Tak, nie byto wtedy tych oiar.

WW: WHO tak donosiła, nieprawdaz? Nie mieliśmy nawet 1000 przypadków ptasiej giypy na całym świecie. Ze świńską grypą było dokładnie tak samo, a teraz WHO ponownie mówi: „Pandemia!”. I nie zadaje pytań o jej definicję. Po prostu to stwierdza.

RF: Nid inny też tego nie robi, tak jakby byto to podyktowane przez jakąś się wyższą. To dla mnie nie do pojęcia, przynajmniej z perspektywy czasu. Wtedy, gdy chodzifo o świńską grypę, odbywały się przesłuchania w Radzie Europy. Czy nikt nigdy nie zapytał, dlaczego uznano to za pandemię? Dlaczego zmieniono jej definicję?

WW: Oczywiście zapytała o to nasza komisja śledcza.

RF: I jaka byta odpowiedź?

WW: Cóż, WHO stwierdziła, że postąpili tak „z przyczyn pragmatycznych”, dla zachowania ostrożności. Wymigali się od odpowiedzi.

RF: Jednak to przecież znaczy, że teoretycznie można by w każdej chwili, podczas każdej fali grypy, ogłaszać pandemię?

WW: Tak, można by. I musimy liczyć się z tym, gdy obserwujemy teraz, jak wirusolodzy wieszczą nam: „Wkrótce nastąpi kolejna fala”, i gdy widzę, czym się zajmują... Mamy centrum w Holandii - teraz pracują tam nad mctapneumowirusami. Już widzę, jak za rok czy dwa będziemy mieli horror z mctapneumowirusami w roli głównej. Mogą to zainscenizować w dogodnym momencie. Na początek wystarczy, że zaczną testować.

RF: Innymi słowy, sam nagłówek „pandemia” wystarczy, by wszyscy przyłączyli się do tej zabawy. Jednak wśród lekarzy, zwłaszcza wśród praktyków, musi też być spora grupa, która potrafi ocenić realnie, na ile niebezpieczne jest to, z czym mamy teraz do czynienia. W przeciwnym wypadku musieliby mieć wielu pacjentów, których trzeba by skierować do szpitala. Mielibyśmy wówczas dużo przypadków śmiertelnych.

WW: Zgadzam się z tym. Dostałem wiele wiadomości i sygnałów od lekarzy z przychodni. Wszyscy to widzą, ale jak przychodzi co do czego, to nikt nic nie mówi.

RF: Dlaczego nic nie mówią?

WW: Ależ owszem, gabinety objęte monitoringiem zgłaszają dane do Instytutu Roberta Kocha. To, co słyszymy, to nie są informacje od lekarzy. Słyszymy to z mediów. Gdzie są te krytyczne, dociekliwe media, które można by o to zapytać?

RF: Gdzie są prawnicy, którzy odpowiedzialiby na to pytanie?

WW: Gdzie oni wszyscy są?

RF: Gdzie są prawnicy, którzy mają coś do powiedzenia w sprawie tego, czy dane działania polityczne są uzasadnione czy nie?

WW: Mamy odpowiednie narzędzia. W Niemczech jest też wielu mądrych ludzi.

RF: A zatem gdzie oni wszyscy są?

WW: Mamy mądrych lekarzy, którzy uchronili nas przed tą groźną szczepionką przeciwko tak zwanej świńskiej grypie. Mamy tylko cztery miliony ludzi, którzy sami się zaszczepili, a w Niemczech zamówiono wtedy 50 milionów dawek szczepionki. Na szczęście lekarze byli na tyle rozsądni, że powiedzieli: „To bzdura, nie róbmy tego. Nie zalecamy tego naszym pacjentom”. A teraz, wobec tego, co obecnie się dzieje, mogę tylko powiedzieć, że jeśli mielibyśmy zaszczepić się na to szczepionką, która została

opracowana w tak skrajnie krótkim czasie, to ci, którzy uczestniczą w tym procederze, musieliby być szaleni. Żaden lekarz, który odpowiedzialnie leczy swoich pacjentów, nie będzie tego zrobić; mogę to sobie wyobrazić tylko w takiej sytuacji, w której lekarze zostaliby przekupieni,

RF: Gdyby dzisiaj profesor Kämmerer powiedziała mi, że te testy PCR oznaczają, że trzeba ogłosić alarm, bo przekroczyliśmy dziesiąty poziom bezpieczeństwa, to pomyślałbym: „O cholera, więc moje dotychczasowe wątpliwości wcale nie były uzasadnione”. Jednak ona powiedziała, że to nic nie znaczy.

Pojawia się coraz więcej pytań, a jednocześnie nikt nie udziela na nie odpowiedzi - ani politycy, ani też środowisko medyczne. Od Włochów usłyszałem tylko: „Coś tu się nie zgadza”. Naprawdę trzeba zadać sobie to ważne pytanie, zresztą Pan też obracał się w kręgach politycznych, o to, czy nie ma tam ludzi, którzy powiedzieliby: „Stop. Zanim zmusimy ludzi do znoszenia takich restrykcji, dowiedzmy się więcej na ten temat”. Czy któryś z polityków zareagował w ten sposób czy też wszyscy powtarzają tylko: „Pandemia! Pandemia!”?

WW: Zdarzają się pojedyncze osoby, lecz trudno powiedzieć, czy naprawdę tak myślą. Śmiem w to wątpić.

RF: Być może jest to również kwestia charakteru i asertywności. Jeśli mam jakieś pytania, to je zadaję.

Większość jednak tak nie postępuje. Dlaczego? To dla mnie zagadka.

WW: Dla mnie też. To jest pytanie, które w jakiś sposób wiąże się z psychologią, na które być może ktoś powinien udzielić odpowiedzi z psychologicznego punktu widzenia. Ma to oczywiście coś wspólnego z mediami, z tym, co widzimy i jak widzimy świat i ludzi, z którymi się spotykamy, gdy wspólnie jedziemy metrem. Jeśli wszyscy zachowują się tak samo, jeśli wszyscy noszą maskę, to ja również szybko ją zakładam. A zatem jeśli uda mi się nakłonić ludzi do określonych zachowań, to wszyscy postąpią tak samo. Tak kreuje się moda: „Spójrz, wszystkie dzieci mają tę samą markę butów, tylko Ty nie”.

RF: No tak.

WW: Czyli działa tu czynnik psychologiczny. Przykładowo ich rodzice mogą jeździć tą samą marką samochodu, co ich przyjaciele. To mody, które łatwo się przyjmują, w konsekwencji czego dane zachowanie staje się nagle zwyczajne, oczywiste, rozsądne.

RF: Rzeczywiście nie ma wystarczającej podstawy do wprowadzania tych wszystkich obostrzeń, a tym bardziej podstawy prawnej. Peter Mfiller²⁵, byty sędzia

²⁵ Peter Aloysius Müller (ur. 25 września 1955 w Illingen) – niemiecki polityk i prawnik, działacz/ Unii Chrześcijańsko-Demokratycznej (CDU), w latach 1999-2011 premier Saary, sędzia Federalnego Trybunału Konstytucyjnego.

Federalnego Trybunatu Konstytucyjnego, ostrożnie, ale wystarczająco wyraźnie, wskazał, że prawdopodobnie doszło tu do naruszenia wszystkich podstaw prawnych. Jednali kiedy o tym słyszę, a zarazem widzę, że ludzie wciąż zachowują się tak, jakby wybuchła epidemia gorączki krwotocznej Ebola, to stwierdzam, że to zjawisko prawdopodobnie ma przyczynę psychologiczną. Dlatego musimy pilnie porozmawiać o tym z psychologami i psychiatrami.

WW: Uważam, że jest to nieodpowiedzialne również ze strony Federalnego Trybunatu Konstytucyjnego, który jedynie powoływał się na Instytut Roberta Kocha [ale nie odnosił się do jego opracowań - przyp. tłum.]. To właśnie Instytut Roberta Kocha dysponuje tymi informacjami. To jest nasz oficjalny urząd do takiej walki, instytut federalny. On działa. Federalny Trybunał Konstytucyjny nie uwzględnił jednak tych informacji. Wpatrywali się w Pana Lothara Wielera²⁶ i Pana Jensa Spahna²⁷ jak w wyrocznie, słuchając, co powiedzą na ten temat.

RF: Co mówią o tym ich pracownicy? Czy nie można ich o to zapytać?

WW: Stoją niżej w hierarchii, przez co są zależni od instytucji. Nie są niezależnymi naukowcami. Stracą pracę, jeśli coś powiedzą. A gdy ktoś się wytamie i coś powie, zaraz zastrzega: „Proszę nie wymieniać mojego nazwiska”¹.

²⁶ Sef Instytutu im. Roberta Kocha.

²⁷ Minister Zdrowia w Niemczech.

RF: Tak, zgadza się. Spróbujemy do nich dotrzeć. Mamy przecież możliwość wysłuchania anonimowych opinii.

WW: To naprawdę jest straszne. W tym kontekście myślę też o państwach autorytarnych, o Turcji, w której nie możesz mówić o tym jako sędzieja, gdyż zostajesz zwolniony, oraz o Rosji i innych krajach totalitarnych. W tym kontekście przeraża mnie to, co dzieje się w naszym kraju.

RF: Tak, myślę, że obecnie wielu ludzi już doświadcza tych restrykcji, ale jednocześnie nadal wzbudza się w nich strach związany z tą pandemią. Tymczasem tak naprawdę mam coraz silniejsze wrażenie, że należy się bać czegoś zupełnie innego.

WW: Starałem się tego dowieść od samego początku tej pandemii. Już w lutym próbowałem pokazywać ludziom, że nie muszą bać się chorób. Jak co roku są tak samo niebezpieczne, jednak to obecne zagrożenie nie różni się od tego z poprzednich lat. W gruncie rzeczy mogę to udowodnić i wielu innych w międzyczasie też już tego dowiodło.

VF: Pandemia testów, która w zasadzie się tu zadomowiła.

WW: *Fact-checks* (weryfikacja faktów), na przykład w „Correctiv”²⁸, zupełnie zawiodła. Myślałem, że „TAZ”²⁹

²⁸ „Correctiv” - organizacja dziennikarska zajmująca się dziennikarstwem śledczym.

²⁹ „Die Tageszeitung” (skrót „ta”) ~ siódmy pod względem nakładu dziennik niemiecki założony w 1978 roku w Berlinie Zachodnim.

to krytyczna gazeta. Jednak trzeba będzie zrezygnować z tej prenumeraty!

RF: Też tak myślałem. Poszukujemy w mediach głównego nurtu jakichś rzetelnych informacji, które teoretycznie powinny tam być.

WW: Krytycznych informacji. Gdzie one są? Gdzie można usłyszeć przeciwną opinię?

RF: Szukałem długo. Jednak nic nie znalazłem. Potem zadzwoniliśmy się, bo pomyślałem, że ktoś musi coś o tym wiedzieć. Dopiero wtedy odkryłem, że owszem, są już informacje na ten temat, lecz nie w mediach głównego nurtu. By je znaleźć, trzeba to sprawdzić w „Rubikonie”³⁰ albo oglądać kanaty, które o tym informują. W USA media głównego nurtu mówią o tym, ale jednak ostrożnie. Nawet John Ioannidis³¹ wypowiada! się na ten temat w „New York Timesie”. Jednak nie znalazłem niczego w zwykłych mediach głównego nurtu w Niemczech.

WW: Kiedy w lutym zacząłem szukać informacji w głównych mediach, znalazłem tylko krótką wypowiedź w ZDF³².

³⁰ Niemiecki portal informacyjny, www.rubikon.news.

³¹ John Ioannidis - epidemiolog, profesor Uniwersytetu, jeden z najczęściej cytowanych naukowców świata.

³² ZDF - druga co do wielkości niemiecka telewizja publiczna.

RF: To moje następne pytanie. Dlaczego postanowił Pan, że chce się tym zająć?

WW: Poszedłem do „Correctiv” i zapytałem, czy nie zechcieliby sprawdzić tego, co się obecnie dzieje, gdyż zajmują się tego typu zagadnieniami. W końcu wspierałem ich finansowo. Poszedłem tam, zadzwoniłem do redaktora, któremu powiedziałem, że musi się tym zająć, bo ta sprawa za bardzo przypomina tamtą ze świńską, a potem z ptasią gripą, na co on odpowiedział: „Tak, muszę to omówić z naszym zespołem”. Nigdy jednak się ze mną nie skontaktowali. Zadzwoniłem do nich, powiadomiłem ich o tym, ale nie przekazałem im zbyt wiele treści. Rzekomo mnie sprawdzali, by zweryfikować fakty. Kłamali.

Zatem powiedziałem im, że nie dostaną już ode mnie żadnego wsparcia, gdyż to samo mówi „TAZ”. Przez cały ten czas, gdy pracowałem jako polityk specjalizujący się w kwestii zdrowia, byłem zawsze krytyczny. Transparentny. Oczywiście redaktorami są ci sami ludzie, tj. Pani Berg w „Süddeutsche Zeitung”⁵⁴ i Pan Rainer Woratschka^M w „Tagesspiegel”. Wcześniej zawsze miałem z nimi do czynienia. Traktowali to poważnie, pytali, byli zainteresowani. Teraz natrafiłem na mur. Albo im nie wolno, albo nie mają odwagi. Nie wiem. To, co się dzieje, jest koszmarnie.

⁵⁴ „Süddeutsche Zeitung” - największy opiniotwórczy dziennik w Niemczech.

⁵⁴ Rainer Woratschka ~ niemiecki dziennikarz zajmujący się polityką społeczną, pracujący w dzienniku „Tagesspiegel”.

RF: Nie rozumiem, dlaczego ludzie, którzy zwykle zadają pytania i myślą krytycznie, teraz patrzą na to w taki sam sposób. Czytałem artykuły o ludziach, którzy wściekle oburzają się na tych, którzy nie noszą masek, obrzucając ich inwektywami i uciekając się do przemocy fizycznej, a jednocześnie sami nie zastanawiają się nad tym paradoksem, że w jednym pomieszczeniu należy przebywać z tymi samymi osobami w masce a w innym nie. Jak **już** wspomniałem, widziałem to jako prawnik w salach sądowych: w jednych należało mieć maseczkę, a w innych nie. To wszystko nie ma sensu. Dlaczego ci ludzie, którzy zwykle zadają pytania w sprawach wielkiej polityki, nie pytają teraz o tak proste rzeczy? Czy chodzi tylko o psychologię?

WW: Tak, trzeba by zapytać o to psychologów.



9. PROR KORNELIA POŁOK PROR ROMAN ZIELIŃSKI

9.1 Testy PCR całkowicie niewiarygodne

24 sierpnia 2020

Dobry wieczór, ekipa ALTER SHOT TV³¹⁵, czyli Paweł Nogal i Darek Galczak, który jest niewidoczny, ale ciężko pracuje, żebyście mogli nas zobaczyć, zaprasza na rozmowę na gorący w ostatnich dniach temat, czyli o wykorzystaniu testów PCR w diagnostyce zakażeń koronawirusem. Spotykamy się w wakacyjnej scenerii otoczeni urokliwymi halami i górskimi krajobrazami. Dzisiaj gościemy w domu Pani profesor Kornelii **Połok**

³¹⁵ Wywiad dla ALTER SHOT TV, pr/e|r/any i u/upefniony pr/e/ prof. Kornelii Połok i prof. Romana Ziehrńskiego, <https://youtu.be/MjPFuWZJmjs>.

oraz Pana profesora Romana Zielińskiego. Dziękujemy za zaproszenie. Spędziliście Państwo z nami dużo czasu na rozmowach o obecnej pandemii, o człowieku i jego genomie, a przede wszystkim wyjaśniając wiele szczegółów technicznych dotyczących reakcji PCR i jej ograniczeń w diagnostyce wirusów. Są Państwo biologami, genetykami. Proszę powiedzieć Michałowi o sobie, swojej pracy i swoim „oprzyrządowaniu zawodowym”.

Profesor Roman Zieliński: Witam Państwa serdecznie. Na początku pragnę bardzo gorąco podziękować Panu Pawłowi Nogalowi za zaproszenie nas do programu. Korzystając z okazji, chciałbym pogratulować tej pięknej inicjatywy, jaką jest ALTKR SHOT TV - niezależny kanał informacyjny, tak bardzo potrzebny w dzisiejszych czasach w sytuacji tak zwanej pandemii SARS-CoV-2 oraz choroby COVID-19.

Paweł Nogal: Pani Kornelio, proszę powiedzieć parę słów o sobie.

Profesor Kornelia Polok: Jesteśmy biologami, genetykami. Od wielu lat specjalizujemy się w genetyce roślin, zwierząt i bakterii. Pracowaliśmy z blisko pięćdziesięcioma różnymi gatunkami, wykorzystując szereg technik z zakresu genetyki klasycznej i molekularnej. Metodą PCR (ang. *Polymerase Chain Reaction* - Łańcuchowa Reakcja Polimerazy) posługujemy się od blisko trzydziestu lat, a więc od momentu, gdy reakcja PCR została wprowadzona do laboratoriów badawczych. Mamy także duże doświadczenie

w zakresie całego spektrum metod molekularnych, które wykorzystujemy w analizach na poziomie komórkowym, osobniczym i populacyjnym. Dlatego uważamy, że możemy wyjaśnić pewne aspekty związane z epidemią koronawirusa SARS-CoV-2.

RZ: To ja może dopowiem kilka stów, ponieważ nasunął mi się taki wątek troszkę historyczny. W połowie lat siedemdziesiątych ubiegłego wieku zacząłem stosować metody molekularne w badaniach genetycznych. To była wtedy w Polsce wielka nowość. Metoda opierała się na analizie białek enzymatycznych, a otrzymane wyniki interpretowaliśmy genetycznie, głównie na potrzeby genetyki populacyjnej. Były to nowe metody badawcze, przywiezione przez Panią profesor Marię Krzakową¹⁶ ze Stanów Zjednoczonych. Następnie, w połowie lat dziewięćdziesiątych, też jako jedni z pierwszych, wprowadziliśmy kolejne metody analizy molekularnej, tym razem oparte już o analizy samego DNA, za pomocą powszechnie dzisiaj stosowanej reakcji PCR.

Jak niektórzy z Was wiedzą, Pan Roman prowadzi aktywnie konto na Facebooku, gdzie dzieli się swoimi spostrzeżeniami, więc dla tych z Was, którzy śledzą jego proll, nie jest nowością to, o czym tutaj mówimy. W tym miejscu chciałbym zadać Wam pytanie dotyczące historii ogłoszenia pandemii, jej zakresu, groźby

¹⁶ Prof. dr hab Maria Kr/akowa. Zakład Genetyki. Instytut Biologu Ekspc-rymenaln[. Uniwersytet im. A. Mickiewic/a w Po/namu.

jej rozprzestrzeniania się, a przede wszystkim sposobu rozpoznawania zakażeń koronawirusem. Jak, jako genetycy, zapatrujecie się na wiarygodność danych dotyczących zakażeń? Jest to ważna informacja, ponieważ w ten sposób diagnozowana jest spora liczba osób, w konsekwencji czego podejmowane są setki różnych działań o charakterze społecznym, które ostatecznie prowadzą się do tego, że jesteśmy zamykani w domach albo drastycznie zostają ograniczone nasze swobody obywatelskie. Jak się Państwo zapatrujecie na tę sprawę, czyli na sposób rozpoznania zakażenia tym wirusem u ludzi?

RZ: Można było ogłosić pandemię. Można zrozumieć postępowanie władz na tym początkowym etapie pandemii, ponieważ była to światowa histeria. U nas obostrzenia ogłoszono w połowie marca, ale wcześniej stan wyjątkowy wprowadzili Czesi. Dlatego ta histeria mogła się udzielić władzy. To tyle odnośnie do usprawiedliwiania jej działań. Rząd powinien bardzo szybko przeanalizować sytuację, oprzeć się na dobrych ekspertach i wyciągnąć wnioski.

My już po 15 marca wypowiadaliśmy się na Facebooku na ten temat, zamieszczaliśmy swoje analizy i pisaliśmy, że ta pandemia, ta tak zwana pandemia, nie ma racji bytu, ponieważ sezonowa grypa czy przeziębienie zostały sprytnie zamienione na CCMD-19, który jest wywołany przez SARS-CoV-2. Objawy wywoływane przez koronawirusa SARS-CoV-2 były typowe dla zachorowań grypopodobnych. Zresztą od dawna wiadomo, że koronawirusy są

odpowiedzialne za 15-20% objawów o charakterze przeziębieniowym, zaś liczba różnorodnych szczepów, które wywołują objawy grypopodobne, może przekraczać nawet tysiąc (Rosano et al, 2019).

No właśnie, ale przecież mamy osoby, u których rozpoznano objawy...

KP: Są to prawdopodobnie stany przeziębieniowe, podobnie jak każdego roku w okresie jesienno-zimowym.

Ale przecież zakażenie jest jakoś rozpoznawane...?

RZ: Każdego roku w okresie jesienno-zimowym pojawia się temat grypy. W tym roku nagle zniknął

Zniknął, to prawda.

KP: Zniknął też temat przeziębień.

RZ: I nad tym należało się zastanowić.

Owszem, ale to jest pewien ciąg logiczny, który Wam, fachowcom jest doskonale znany. Mamy tę propagandę informacyjną. Codziennie na paskach serwisów informacyjnych w telewizji wyświetlana jest wiadomość: przetestowano X osób, chorych jest Y osób. Czyli mam bazową informację o zakażonych i o chorych, na podstawie której buduje się całą strukturę różnych rozwiązań społecznych. Co możemy powiedzieć o tym testowaniu?

RZ: No właśnie, trzeba się zastanowić, co to jest informacja bazowa. Opiera się ona na wykonaniu testu wykorzystującego reakcję PCR. Jeżeli wynik testu jest pozytywny, to twierdzi się, że dana osoba jest zarażona SARS-CoV-2, niezależnie od tego, czy ma objawy choroby czy też nie.

W takim razie powiedzcie coś o testowaniu opartym o reakcję PCR, o wiarygodności testów, przydatności testu PCR, a także o jego dalszej kombinacji, czyli RT-PCR. Powiedzcie tak, by było to zrozumiałe dla przeciętnego człowieka, który nie jest specjalistą. Najpierw porozmawiajmy o istocie tego testu, na czym on polega. Potem zadamy kolejne pytania dotyczące tego, z czego wynika to, że testy PCR funkcjonują tak powszechnie, bo przecież nie jest to tylko specyfika polska, prawda?

KP: „Test PCR” jest niedokładnym określeniem, ponieważ jest to test wykorzystujący reakcję PCR, czyli reakcję łańcuchową polimerazy. Jest to reakcja, która pozwala na powielenie materiału genetycznego, a konkretniej DNA w warunkach *in vitro* (poza organizmem). Reakcja PCR powiela tylko i wyłącznie DNA, a więc nie może powielić materiału genetycznego koronawirusa...

Jaki jest problem z DNA wirusa?

RZ: Ten wirus nie ma DNA.

KP: Materiałem genetycznym koronawirusów jest jednoniciowy RNA. Reakcja PCR jest prowadzona przy

pomocy enzymu specyficznego dla DNA - polimerazy DNA. Enzym ten nie powieli RNA, gdyż nie ma takich właściwości. Stąd reakcja PCR jest dostosowana do DNA i służy namnażaniu DNA. Reakcja PCR jest świetną techniką laboratoryjną, doskonałą metodą badawczą, która świadczy nieocenione usługi na rzecz analiz genomów roślin, zwierząt i człowieka. Bez tego nie poznalibyśmy tych genomów, gdyż trwałoby to bardzo długo. Nie jest to jednak metoda, którą można wykorzystywać w rutynowej diagnostyce koronawirusa.

No właśnie, czyli musimy niestety zacząć od tego „ABC”, byśmy wszyscy zrozumieli istotę testów PCR. Może też jakimś cudem w końcu dotrze do polityków, że powinni zadać pytania decydentom, korzystając z procedur parlamentarnych. Zapytam prowokacyjne: o co chodzi z tym DNA wirusa?

KP: SARS-CoV-2 jak każdy koronawirus nie ma DNA. Jego materiałem genetycznym jest RNA, nieco inny kwas nukleinowy. Myślę, że wszyscy wiemy ze szkoły lub gdzieś słyszeliśmy, że w przyrodzie występują dwa typy kwasów nukleinowych. Jeden to kwas deoksyrybonukleinowy, DNA, który jest materiałem genetycznym wszystkich organizmów żywych, a więc bakterii, roślin, zwierząt, w tym człowieka, bo przecież człowiek należy do królestwa zwierząt. Również niektóre wirusy zawierają DNA. Drugim kwasem nukleinowym jest kwas rybonukleinowy, który różni się od DNA

pewnymi cechami¹⁷. RNA występuje jako materiał genetyczny tylko u niektórych wirusów, w tym u koronawirusów.

Reakcja PCR służy do analizy, a właściwie do powielania DNA. Żeby zbadać materiał genetyczny wirusa, który ma RNA, a nie DNA, trzeba to RNA przekształcić na DNA. Reakcja przekształcająca RNA na DNA nie jest reakcją *stricto* PCR. W reakcji tej, zwanej odwrotną transkrypcją¹⁸, wykorzystywany jest inny enzym (odwrotna transkryptaza). Inna jest też specyfika reakcji. W wyniku reakcji odwrotnej transkrypcji powstaje dość niestabilna hybryda - taka cząsteczka, która składa się częściowo z RNA i częściowo z DNA. Dopiero tę hybrydę możemy poddać analizie przy pomocy reakcji PCR.

Cząsteczka DNA, która powstała na bazie RNA, jest określana jako tzw. „cDNA”, gdzie „c” pochodzi od słowa „komplementarny”. RT-PCR, termin, który jest ostatnio w powszechnym użyciu, to procedura polegająca na przeprowadzeniu odwrotnej transkrypcji i PCR w „jednej probówce”, tak że eksperymentator ma wrażenie, jakby prowadził jedną reakcję.

W przypadku koronawirusów, ze względu na specyfikę samego ich materiału genetycznego, ta hybryda, która powstaje w wyniku odwrotnej transkrypcji, nie nadaje się do bezpośredniej analizy za pomocą PCR ze względu na jej niestabilność. Analiza genomu wirusa, identyfikacja jego genów i sekwencji

¹⁷ Obecność rybozy zamiast deoksyrybozy, uracylu zamiast tymmy: RNA jest **jednociowy, podczas gdy DNA jest dwuniciowy**.

¹⁸ RT - ang. *reverse transcription*.

wymaga dodatkowej obróbki molekularnej polegającej na wstawieniu cDNA do innego organizmu. Oczywiście powyższe informacje są przedstawione w sposób uproszczony, celowo pomijam pewne szczegóły metodyczne, które są oczywiste dla genetyka molekularnego, aby nie komplikować opisu.

Bardzo dobrze, właśnie o to chodzi w tym przekazie.

KP: Częsteczkę cDNA trzeba wstawić do innego organizmu, który ją ustabilizuje i namnoży. Najczęściej do tego celu wykorzystuje się bakterię *Escherichia coli*, czyli pałeczkę okrężnicy. Nie można łatwo namnożyć cząsteczki cDNA koronawirusa w samej reakcji PCR ze względu na jej niestabilność. W badaniach nad koronawirusem, w których ustala się sekwencję genomu wirusa, tj. jakie geny on zawiera, które z nich mogą pełnić funkcję infekcyjną i za co który gen odpowiada, wykorzystuje się procedurę polegającą na wstawieniu sekwencji koronawirusa do specjalnego szczepu *E. coli*, który pozwala kontrolować namnażanie wirusa oraz umożliwia ustabilizowanie długich fragmentów cDNA(Almazanetal.,2015).

Tak przygotowaną cząsteczkę cDNA wirusa możemy badać w jakikolwiek sposób, również z wykorzystaniem reakcji PCR. Jest to proces długotrwały, który stosuje się w laboratoriach badawczych. Na potrzeby diagnostyki nie stosuje się tak długiej i złożonej procedury, ponieważ nie ma na to czasu ani środków. Testy diagnostyczne muszą być tak skonstruowane, aby móc szybko otrzymać wynik.

Czyli idea reakcji PCR, jej doniosłość, polegała na tym, że umożliwiono biologom, badaczom, naukowcom takim jak Wy, łatwiejszy dostęp do dużej ilości materiału genetycznego w stosunkowo krótkim czasie.

KP: Tak, reakcja PCR umożliwiła dostęp do dużej ilości materiału genetycznego w krótkim czasie dzięki możliwości powielenia dowolnego fragmentu DNA miliony razy. Dzięki reakcji PCR mamy dzisiaj wydajne metody sekwencjonowania DNA, czyli ustalania kolejności nukleotydów w DNA.

Dzięki automatyzacji reakcji PCR możliwe było poznanie sekwencji genomów w stosunkowo krótkim czasie. Lepiej przez to rozumiemy ewolucję. To dzięki PCR możliwy był Projekt Sekwencjonowania Genomu Ludzkiego oraz liczne inne projekty sekwencjonowania genomów roślin i zwierząt. Reakcja PCR oddała nieocenione usługi w poznaniu naszego dziedzictwa, zrozumieniu podłoża chorób oraz związków między człowiekiem a środowiskiem.

No to dobrze, ale wróćmy jeszcze do wykorzystywania reakcji PCR w testowaniu przypadków zakażeń **koronawirusem**. Powiedziała Pani, Pan też wcześniej o tym pisał, że reakcja PCR może namnożyć materia! genetyczny wirusa. Przypuszczani, że wielu naukowców uważa, iż testy PCR, identyfikujące zakażenie koronawirusem, są wiarygodne. Oficjalny przekaz też jest taki. Czy rzeczywiście testy PCR służące do wykrywania zakażeń koronawirusem są

wiarygodne? Z jakimi praktycznymi problemami podważającymi wiarygodność tej metody w testowaniu koronawirusa możemy się spotkać, na co będzie zwrócili uwagę jako naukowcy?

KP: Reakcja PCR, jak każda metoda molekularna, jest reakcją wymagającą. Tym samym test wykorzystujący reakcję PCR wymaga zarówno bardzo ścisłego przestrzegania procedur, jak i bardzo dużej dokładności. Reakcja PCR i wykorzystujące ją testy na koronawirusa nie są wystandaryzowane do tego stopnia, by można je było stosować w laboratoriach diagnostycznych. Z zasady reakcja PCR daje różne wyniki w zależności od laboratorium i od urządzenia, którego użyjemy do jej przeprowadzenia, czyli namnożenia materiału genetycznego, w tym przypadku cDNA.

Łańcuchowa reakcja polimerazy wykorzystuje zmiany fizyczne cząsteczki DNA zachodzące pod wpływem temperatury. W zależności od temperatury, DNA, które chcemy powielić, jest silnie (podwójna spirala) albo częściowo „splecione”, albo znaczna jego część jest rozpleciona i występuje w postaci pojedynczych nici (tzw. denaturacja). Podniesienie temperatury prawie do temperatury wrzenia (94-95°C) sprawia, że większość DNA występuje w postaci pojedynczych nici.

Ułatwia to dostęp enzymu, polimerazy DNA, która przeprowadza reakcję. Następnie temperatura jest szybko obniżana np. do około 50°C, co ułatwia przyłączenie się starterów, elementów niezbędnych do rozpoczęcia reakcji, gdyż

polimeraza DNA nie potrafi syntetyzować nowej cząsteczki z niczego (*de novo*). Enzym ten może jedynie wydłużać istniejącą cząsteczkę DNA. Temu służą startery dodawane do reakcji, które przyłączają się do wyjściowej nici DNA, a następnie polimeraza dołącza do nich kolejne nukleotydy.

Ten etap decyduje o specyfice reakcji, dlatego ważna jest temperatura przyłączania starterów i szybkość, z jaką obniżymy temperaturę z 94°C do np. 50°C. Jeżeli obniżymy ją za wolno, to reakcja nie zajdzie albo zajdzie niekompletnie, a wyniki będą dość niewiarygodne. Poszczególne aparaty, tak zwane termocyklery, które służą do przeprowadzania reakcji PCR, różnią się profilem termicznym w zależności od firmy. Każda firma ma swoją procedurę dotyczącą tego, w jaki sposób obniża czy podnosi temperaturę. Pomiędzy poszczególnymi firmami zachodzą pewne różnice, więc jeżeli prowadzi się taką reakcję na przykład w tym samym laboratorium na różnych termocyklarach, to trzeba ją osobno optymalizować dla każdego termocyklara. Mówię tu o różnych firmach, bo jedna firma na ogół zachowuje ten sam standard.

Kolejnym aspektem jest duży wpływ wykorzystywanych do tego celu odczynników. To znaczy, że należy zawsze pracować na odczynnikach tej samej firmy, stosując takie same procedury, ponieważ jakiegokolwiek odstępstwo może wpłynąć na zaburzenie wyników, jakie się uzyskuje. W badaniach te problemy reakcji PCR omija się w ten sposób, że optymalizuje się i sprawdza każdy etap analizy, począwszy od pobrania materiału genetycznego, przez jego izolację

po optymalizację samej reakcji PCR. Ponadto specjalnie konstruuje się materiał badawczy, a więc tworzy się schemat eksperymentu, uwzględnia wiele osobników i konstruuje populację, która składa się z określonej grupy genotypów. Często doprowadza się do na przykład takiej sytuacji, że badane osobniki różnią się tylko jedną lub dwoma sekwencjami, które chcemy analizować. Jest szereg różnego rodzaju stopni kontrolnych umożliwiających uzyskanie wiarygodnego wyniku. Natomiast nie czyni się tego na potrzeby diagnostyki, ponieważ jest to bardzo pracochłonne.

No właśnie. Przedstawiła Pani taki idealny model laboratoryjny. Tymczasem nie było szans na to, że takie standardy zostaną zachowane w przypadku masowego testowania ludzi, np. tych przysłowiowych górników na Śląsku.

KP: Z założenia każda procedura powinna być wystandaryzowana, zanim zostanie wykorzystana w diagnozowaniu ludzi. Jednakże reakcja PCR jest trudna do wystandaryzowania właśnie ze względu na zależność od odczynników, od warunków reakcji, od przyzwyczajień poszczególnych ludzi i od laboratorium. Przykładowo optymalizujemy reakcję PCR, której celem jest analiza specyficznej sekwencji u jakiegoś organizmu. Potem ktoś mnie prosi, abym pojechała do innego laboratorium i im też wprowadziła tę reakcję. Wówczas muszę na nowo optymalizować tę reakcję, ponieważ będzie ona inaczej pracowała w tamtym

laboratorium. PCR jest metodą bardzo czułą. Przy jej pomocy możemy wykryć niemalże pojedynczą cząsteczkę DNA. Jednakże ta czułość jest w pewnym stopniu jej wadą.

Wadą dla celów diagnostycznych?

KP: Tak, ponieważ testy wykorzystujące reakcję PCR są wrażliwe na każde zanieczyszczenie, na każde odstępstwo od procedury. Poza tym trzeba również wiedzieć, jak odczytywać te wyniki. Jest to szczególnie istotne w przypadku odmiany ilościowej PCR (qPCR - *Real Time PCR*), która jest stosowana w diagnostyce koronawirusa, ponieważ nie mamy tutaj wizualnej kontroli wyników na trwałym nośniku, jakim jest na przykład żel agarozowy lub poliakrylamidowy.

Przede wszystkim istotne jest rozróżnienie pomiędzy wynikiem, który nam pokazuje, że reagują ze sobą same startery albo same odczynniki, tworząc tzw. dimery, a faktycznym produktem reakcji. Dla osób, które nie mają wprawy, nie jest to proste, tym bardziej że w przypadku testu na koronawirusa przewidywany produkt reakcji jest stosunkowo krótki (około 100 par zasad) i może być mylony z dimerami, które powstają w wyniku reakcji starterów ze sobą.

Ale zapewniają nas, że odczytem wyników zajmują się fachowcy.

KP: Tak powinno być. Niestety wypowiedzi, jakie mogliśmy usłyszeć na początku tzw. epidemii, przeczyły temu. Słyszeliśmy wówczas, że odczynniki reagują same ze sobą,

że trudno jest odróżnić efekt reakcji odczynników od faktycznego wyniku testu. Opisywaliśmy te nonsensy. Prof. Roman Zieliński umieścił kilka postów na ten temat na swoim profilu na Facebooku, w których odniósł się zarówno do braku umiejętności odczytu wyników testów, jak i kardynalnych błędów genetycznych popełnianych przez wypowiadające się wówczas osoby¹⁹.

Właśnie. Czy testy PCR mogą odczytywać coś innego oprócz rzeczywistego **koronawirusa**, a właściwie obecności jego RNA w organizmie człowieka? Co jeszcze mogą odczytywać?

RZ: Głównie ludzkie RNA.

Nie ma między nimi różnicy? Czy specjalista tego nie odróżni?

KP: W genomie ludzkim występuje wiele sekwencji podobnych do sekwencji wirusowych. W wymazach pobranych z nosogardzieli ludzkie RNA stanowi 95% całego materiału genetycznego. Istnieje więc ryzyko, że przede wszystkim to ludzkie RNA będzie namnażane i odczytywane jako wynik pozytywny.

Rozumiem, że chodzi o fragmenty w genomie ludzkim, które odpowiadają wzorcowi koronawirusa, RNA koronawirusa, tak?

¹⁹ Chod/ito o definicję kodu genetycznego, zmienności i mutacji.

KP: Tak w uproszczeniu można opisać to zjawisko. W ludzkim genomie jest bardzo wiele sekwencji nukleotydowych, podobnych do sekwencji wirusowych. My mówimy, że są to homologi, czyli geny/sekwencje podobne. Jest to zjawisko powszechne w przyrodzie i genom człowieka nie jest pod tym względem wyjątkiem. Wszyscy mamy wspólne dziedzictwo ewolucyjne, wszystkie organizmy pochodzą od odległego wspólnego przodka, wszystkie wreszcie mają ten sam typ materiału genetycznego (DNA), tę samą „maszynę” syntezy białek, w której uczestniczy RNA.

Mamy około 30% genów podobnych do genów bakteryjnych. Mamy geny, które pochodzą od roślin, jak na przykład hemoglobina, której przodkiem jest leghemoglobina występująca u strączkowych. Mamy również wiele genów wirusowych. Co więcej, genom ludzki zawiera około 60% sekwencji wirusopodobnych, które pochodzą od wirusów RNA, do których należą również koronawirusy. Oczywiście istnieją tu również pewne niuanse. Chodzi raczej o wspólnego przodka, o typ wirusów, które zawierają jako materiał genetyczny RNA.

Ponadto sekwencje te mogą się przemieszczać w genomie ludzkim (retrotranspozony) zarówno na przestrzeni tysięcy lat ewolucji, jak i w trakcie życia osobniczego, np. w okresie zarodkowym. Sekwencje wirusopodobne mogą wpływać pozytywnie na genom ludzki (np. przyczyniły się do rozwoju mózgu, chronią przed infekcjami wirusowymi w okresie zarodkowym), mogą też jednak mieć wpływ

negatywny (np. powstanie hemofilii typu B). Nie jest to śmieciowe DNA, jak niegdyś uważano. Sekwencje wirusopodobne są istotnym elementem ludzkiego genomu. W przypadku testów na koronawirusa materiał biologiczny pobiera się najczęściej z nosogardzieli, gdzie znajdują się tkanki ludzkie oraz wirusy i bakterie. Przy okazji izolowania RNA z takich tkanek mogą być wykrywane sekwencje wirusopodobne będące częścią ludzkiego genomu. Gdybyśmy chcieli badać *stricte* RNA wirusa, musielibyśmy mieć czystego wirusa, bez dodatków ludzkich.

Jak to zrobić? Jak wyizolować czystego wirusa? Czy to się w ogóle robi? Czy jest to możliwe do zrobienia w tym przypadku?

KP: Wirusy RNA, a właściwie wszystkie wirusy, należy hodować w kulturze komórkowej, czyli w towarzystwie komórki, którą wirus wykorzystuje do namnażania. Koronawirus jest patogenem. Wszystkie wirusy są patogenne, nie jesteśmy w stanie hodować ich samodzielnie.

Czyli koronawirus musi mieć towarzysza, żywiciela.

KP: Musi mieć „towarzysza”. Na etapie izolacji RNA na cele badawcze oddziela się materiał! genetyczny komórki żywiciela od RNA wirusa poprzez szereg procesów identyfikacyjnych. Materiał genetyczny wstawia się wówczas do komórek bakteryjnych, a potem analizuje na poziomie DNA, który jest stabilny. Można wówczas stosunkowo łatwo

wykorzystać całe spektrum dostępnych metod molekularnych. Ale to bardzo złożona procedura, która przez wiele lat była trudna do wykonania w przypadku koronawirusów. Te metody opracowano dopiero około dziesięciu lat temu dla wirusa SARS-CoV-1, a potem MERS (Almazan et al., 2014).

Kilkukrotnie czyszczenia RNA nie przeprowadza się podczas zwykłej izolacji, takiej masowej, za pomocą jakiegoś gotowego zestawu odczynników, czyli tzw. „kitu”, który izoluje całkowity RNA. Zresztą w przypadku izolacji całkowitego RNA większość w tej masie to ludzkie RNA, w którym dużą część stanowi jeden rodzaj RNA, który nie odpowiada pojedynczym genom, ale typowi RNA, który jest związany z syntezą białek (rRNA).

A zatem, jeżeli chcielibyśmy analizować przykładowo RNA będące efektem ekspresji pojedynczych genów ludzkich, czyli tzw. mRNA, należałoby odpowiednio przygotować to RNA. Fachowo określa się to jako wzbogacanie biblioteki RNA, które polega na pozbyciu się tego, czego nie chcemy. A przecież RNA wirusa jest jeszcze mniej. Oczywiście znowu nie wzbogacamy RNA na potrzeby testów diagnostycznych, gdyż wzbogacanie obejmuje szereg procedur molekularnych.

Mówiąc wprost, taki jeden test musiałby chyba być przeprowadzany przez kilka tygodni?

KP: Ależ oczywiście, procedura analizy trwałaby znacznie dłużej, niż trwają testy diagnostyczne na koronawirusa.

I
*
S
N
Z
N
N
O
R
E
O
D
j
o
o
-
E
3
*
o
E
o
~
as

Podobno wyniki testów na koronawirusa są znane już po kilkunastu godzinach.

KP: Te procedury trwają jedynie kilka godzin, ponieważ tyle trwa automatyczna izolacja RNA za pomocą kitu, reakcja RT-qPCR plus ewentualnie identyfikacja i interpretacja wyników. Izolowane na potrzeby diagnostyki RNA nie jest czystym RNA wirusa, a jego zawartość nie jest określana ilościowo. Nie wiadomo więc, ile tego RNA jest w analizowanych próbach. Tym samym nie jest to metoda, która pozwoli wiarygodnie zidentyfikować wirusa, gdyż prawdopodobnie będziemy identyfikować wszystko, co znajdzie się w pobranej próbce.

RZ: Wróć do tego wątku o izolacji RNA. Gdy już mamy tego wirusa w hodowli komórkowej i chcemy potwierdzić jego obecność za pomocą RT-qPCR, to nie zawsze go wykryjemy. W przypadku wirusa SARS-CoV-1 okazało się, że RT-qPCR potwierdził jego obecność w 10% powtórzeń, gdy zastosowano izolację automatyczną, oraz w 40% powtórzeń, gdy izolacja była manualna (Chm et al., 2006). To pokazuje, jak trudno jest zidentyfikować koronawirusa metodą PCR, a to głównie dlatego, ponieważ jego materiał genetyczny jest niestabilny.

Czyli niestabilność materiału genetycznego koronawirusa oraz podobieństwo z naszym, ludzkim materiałem genetycznym są przyczynami problemów z testami RT-qPCR?

KP: Podobieństwo materiału genetycznego wirusa z naszymi genami, ale nie tylko. Również z genami innych organizmów. Trzeba też pamiętać o tym, że w przypadku testu PCR nie identyfikujemy całego genu. Do tego służy sekwencjonowanie. W testach diagnostycznych wykrywających koronawirusa produkty reakcji PCR nie są poddawane sekwencjonowaniu, a więc nie znamy całej sekwencji.

Test prowadzi się w ten sposób, że bierze się dwa fragmenty znacznikowe, które rozpoczynają reakcję PCR. Są to tzw. startery, które są krótkimi fragmentami DNA^w „pasującymi” najczęściej do końców badanej sekwencji. Przykładowo, jeżeli przy pomocy PCR chcemy powielić sekwencję składającą się z tysiąca nukleotydów, to projektujemy startery „pasujące” do nukleotydów w pozycjach od jeden do dwadzieścia i od dziewięćset osiemdziesięciu do tysiąca.

To oczywiście tylko przykład. W testach na koronawirusa powiela się znacznie krótsze fragmenty, ale zasada pozostaje taka sama. Podczas reakcji PCR z DNA reaguje tylko te czterdzieści nukleotydów. Cała reszta może być czymkolwiek pomiędzy tymi dwoma starterami. A zatem, jeżeli te dwa wyjściowe startery znajdą w ludzkim genomie podobną sekwencję, to mogą się preferencyjnie przyłączyć do tej ludzkiej sekwencji, ponieważ będzie zdecydowanie więcej ludzkiego RNA niż materiału genetycznego wirusa.

⁴⁰ RZ: O takim właśnie jego aspekcie chciałem powiedzieć. Test PCR daje dobre rezultaty, jeśli pracuje się

na wyizolowanym i oczyszczonym materiale genetycznym. Spójrzmy na ten materiał biologiczny, który pobieramy w związku z badaniem obecności koronawirusa. Jest to wymaz z nosogardzieli, w którym jest wszystko. Głównie są to tkanki ludzkie, a także wiele bakterii i wirusów. Masa mikroorganizmów w ciele człowieka to średnio dwa kilogramy. Najwięcej jest ich w jelicie, ale w nosogardzieli też całkiem sporo. Może tam być ponad tysiąc różnych szczepów mikroorganizmów. Wśród nich może także znajdować się koronawirus.

Może być? A zatem może jest, a może go nie ma?

RZ: No tak, znalezienie koronawirusa w tej masie jest prawie niemożliwe. Z dużym prawdopodobieństwem można powiedzieć, że wykrywa się wszystko inne, tylko nie koronawirusa, ponieważ niespełniona jest podstawowa zasada, dzięki której uzyskuje się wiarygodny wynik z testu wykorzystującego PCR, mianowicie nie dysponujemy czystym materiałem genetycznym wirusa, a jedynie mieszaniną RNA różnego pochodzenia.

Czyli nie ma czystego materiału genetycznego?

RZ: Dlatego test PCR nie może dobrze działać, nie jest wiarygodny. Mimo to powszechnie wykonuje się te testy.

No właśnie. Dlaczego?

RZ: Należy zadać pytanie „dlaczego?”, ponieważ sądzę, iż wśród naukowców to już powszechna wiedza, że testy PCR na koronawirusa nie są wiarygodne.

Czy rzeczywiście jest to powszechna wiedza?

RZ: Uważam, że tak, ponieważ problemy z testami PCR ujawniają się już wszędzie. Coraz częściej pisze się i mówi o tym w mediach. Wystarczy wspomnieć 80% fałszywie pozytywnych wyników w Czechach. Na pewno rządzący też mają tę wiedzę. Uważam, że te testy są tak namiętnie wykonywane, ponieważ stwierdzają coś, co kwalifikuje się jako pozytywny wynik PCR, czyli niby diagnozują koronawirusa.

WHO dało rekomendację tej metodzie testowania jako miarodajnej dla oceny stanu zakażenia.

KP: Tak. Tyle tylko, że w tej instrukcji dołączonej do testów jest wyraźnie powiedziane, że za pomocą tej metody mogą być również wykrywane bakterie i inne wirusy⁴¹. Oznacza to, że producenci testów zastrzegają, że wynik pozytywny nie musi oznaczać zakażenia koronawirusem.

Tak to widzimy.

KP: Warto podkreślić, że protokół testu na koronawirusa nie jest tu wyjątkiem. Takie zastrzeżenie jest powszechną praktyką stosowaną w instrukcjach do tego typu kitów. Wszystkie metody molekularne dobrze sprawdzają się w laboratorium badawczym, gdyż każdy etap jest tam kontrolowany. Bardzo trudno w przypadku PCR-u czy jakiegokolwiek metody molekularnej stworzyć tak zwany kit, który pozwoli

⁴¹ Np. CDC 2019-nCoV/ lipca 2020- Centres for Disease Control and Prevention. Division of Viral Diseases. RT-PCR Diagnostic Panel. Atlanta. USA.

uzyskać miarodajny wynik, gdy zmieszamy odczynnik numer jeden z odczynnikiem numer dwa. W przypadku melod molekularnych jest to bardzo trudne ze względu na tę dużą zależność reakcji od szeregu czynników fizykochemicznych i ludzkich. Ponadto wspólne dziedzictwo powoduje, że test na danego wirusa lub test na gen A u organizmu A może wykryć również geny podobne u innych organizmów. Zresztą w trakcie swoich badań obserwowaliśmy mnóstwo przykładów tego zjawiska. Przykładowo testy PCR, które służyły wykrywaniu określonych genów u prątka gruźlicy, pozwalały nam wykrywać podobne geny (homologi) u sosny, mszaków i pijawek. Te same startery, te same warunki reakcji. Fakt, że byty to geny bardzo istotne dla funkcji życiowych, kodujące enzymy związane z odpowiedzią na stres.

Wykorzystanie starterów specyficznych dla prątka gruźlicy, w analizie genów podobnych u innych gatunków, było możliwe dzięki wspólnemu dziedzictwu. Wszyscy pochodzimy od wspólnego przodka i mamy ten sam materiał genetyczny. Ulega on przetasowaniom w trakcie ewolucji, ale ta reorganizacja dotyczy głównie sekwencji niekodujących.

Sekwencje kodujące, jeżeli porównamy na przykład genom człowieka z **genomem** myszy, są podobne nawet w 90%. Powiem prowokacyjnie: biolog ewolucyjny, który analizowałby tylko geny, mógłby stwierdzić, że człowiek i mysz nie są gatunkami. Oczywiście byłby to błąd metodyczny, gdyż nie można wnioskować o ewolucji jedynie na podstawie pojedynczych genów. Człowiek i mysz znacznie

różnią się pozostałymi sekwencjami, tzw. niekodującymi. Są to sekwencje powtarzalne, sekwencje wirusopodobne, retrotranspozony i tak dalej. Jeżeli więc weźmiemy genom bakterii, jeśli weźmiemy genom wirusa, to jest duża szansa, że znajdziemy coś podobnego w ludzkim genomie, a pewnie i w roślinnym. Dlatego w testach PCR tak istotne jest dysponowanie czystym materiałem genetycznym.

Czy test PCR nie odróżni fragmentów pochodzenia ludzkiego od tych wirusowych?

RZ: Nie zawsze odróżni, zwłaszcza gdy odczytuje się wynik za pomocą krzywej obrazującej ilość produktu, natomiast nie sprawdza się długości fragmentów na żelu czy przez sekwencjonowanie. Wówczas pozytywny wynik PCR nie jest dowodem, że jesteśmy zakażeni koronawirusem.

KP: By zilustrować, jak mylny może być test PCR, sięgnijmy po kolejny przykład z naszej praktyki dotyczący analizy roślin transgeniczných, do których wprowadzono konkretny gen, a którego obecność została potwierdzona innymi metodami molekularnymi¹². Chcieliśmy potwierdzić obecność tego genu także za pomocą PCR. Okazało się, że stwierdziliśmy wszystko, w tym homologi, ale tego wprowadzonego genu test PCR nie był w stanie wykryć.

Czyli jesteśmy w jakimś takim trochę scMzofremicznym stanie faktycznym. Wy jesteście biologami, genetykami,

¹² Hłbydry/aqa DNA-DNA, anali/a ekspresji

ale medycyna to przecież pokrewna dziedzina. Nikt nie może być lekarzem, jeśli nie jest przynajmniej przyzwyczajony wyedukowany w zakresie biologii. W pewnym sensie medycyna to nauka przynależąca do szeroko rozumianej biologii. Wyprowadźcie mnie z błędu, jeżeli jest inaczej. Czy między Wami nie ma jakiejś transmisji, dobrej komunikacji? Czy doszło już do takiej separacji, że zajmujemy się tylko analizowaniem wyników, które dostarcza nam ktoś inny? O co tu chodzi?

RZ: Ja powiem tak, dobrze wykształceni medycy powinni się nieco dziwić.

Dziwią się. Są tacy.

RZ: Lekarze nie przeprowadzają tych testów laboratoryjnych. .. Od tego są technicy. Oni jedynie otrzymują informacje o wyniku, na przykład: „wynik pozytywny na obecność koronawirusa”. Na pewno się dziwią, no ale cóż mogą poradzić oprócz wyrażenia tego zdziwienia. Nie oni decydują o wprowadzeniu diagnostyki na koronawirusa za pomocą takiego właśnie ułomnego testu. A zatem ten test nie jest testem, który ma wspomóc leczenie choroby. On ma inne cele do spełnienia.

Przeraża mnie, ile takich problemów mamy w kwestiach testowania różnych innych schorzeń. Koronawirus i związane z nim regulacje to problem dotkliwy społecznie i bardzo nośny medialnie. Dlatego o nim rozmawiamy. Nigdy nie sądziłem, że będę rozmawiał!

z genetykami o testowaniu wirusów, a okazuje się, że to jest podstawowy element, na bazie którego zbudowano tę piramidę regulacji społeczno-politycznych. Dlatego o tym rozmawiamy.

Jednak cały czas zastanawia mnie kondycja środowiska naukowego, kwestia komunikacji między środowiskami decyzyjnymi (nie tylko w Polsce) a środowiskami naukowymi, które przecież mają opracowane naukowo te metody diagnostyczne. Gdzie tutaj tkwi problem? Czy rzeczywiście naukowcy nie mają siły przebicia? Czy ten aspekt sprawy, w tym wypadku samo przeprowadzanie testów, zosta! na tyle skutecznie wykorzystany przez przemysł farmaceutyczny, że nie możecie się przebić, że Wasz głos w ogóle się nie liczy? Bo nigdzie oficjalnie nie usłyszymy tego głosu. Są tylko jakieś publikacje w mniej lub bardziej nośnych mediach, ale nigdzie tam nie znalazłem jakiegokolwiek odniesienia do tej argumentacji, którą też znam, bo nie jesteście jedynymi naukowcami, którzy podnoszą tę kwestię.

Dlaczego nie ma przełożenia, takiego jednoznacznego stanowiska środowiska naukowego, nie ma tego feedbacku, jeżeli chodzi o środowiska polityczne, decyzyjne? Gdzie tutaj tkwi problem? Jak to wygląda z Waszej perspektywy?

KP: Problemów pewnie jest kilka. Należałoby zacząć od atomizacji nauki jako takiej i tak zwanej „punklozy”, o której mówi się już od pewnego czasu, ale która jest prowadzona

na szeroką skalę. Zdobywamy punkty, od tego zależy nasz byt, etat i tak dalej. Żeby zdobyć punkty, trzeba publikować w czasopiśmie określonego typu, a więc temat musi być poprawny politycznie, jak to się teraz ładnie mówi. Troszeczkę inny pogląd się nie przebiję. Zatem to jest jedna rzecz. Drugą jest atomizacja, która polega na daleko idącej specjalizacji. W tej chwili zarówno studia medyczne, jak i - w mniejszym stopniu - studia biologiczne, które jednak jeszcze zachowują pewien ogólny profil, są kierunkami studiów, na których uczy się poszczególnych przedmiotów, poszczególnych zagadnień. Każdy omawia dane zagadnienie ze swojego punktu widzenia. Nie ma współpracy pomiędzy poszczególnymi dziedzinami, dyscyplinami i specjalizacjami.

Nie ma wymiany myśli.

KP: Tak, nie ma wymiany myśli, nie ma dyskusji. Dyskurs został zredukowany niemalże do zera. Od wielu lat się go nie prowadzi. Należałoby również zwrócić uwagę na to, że nauka, ta, którą dziś znamy, to po prostu biznes. To nie jest dochodzenie do prawdy, ale biznes, za którym stoją pieniądze, często bardzo duże. Ktoś musi dawać naukowcom granty, by mieli środki na badania, ponieważ są one kosztowne. Nie wystarczy pójść w teren i przy pomocy szkła coś zaobserwować. W tej chwili, aby coś opublikować, a więc wracamy do kwestii punktów, trzeba wykonać badania w laboratorium molekularnym, a to kosztuje. I koło się zamyka. Jesteśmy na łańcuszku grantodawców.

Może w Polsce tak do końca tego nie widać, ponieważ nie mamy silnego prywatnego przemysłu, który finansowałby badania, ale w Stanach Zjednoczonych czy w Europie Zachodniej wiele grantów jest finansowanych przez prywatne firmy. Wystarczy spojrzeć na podziękowania umieszczone na końcu publikacji. Chyba jest dość oczywiste, że w tym momencie pojawia się konflikt interesów. Jeżeli firma produkująca test PC R będzie finansowała badania molekularne - czy to koronawirusa, czy czegoś innego, to konflikt jest oczywisty. Zawsze istnieje pokusa, by te wyniki przedstawić tak, by były korzystne dla grantodawcy. Czasami *post factum* pojawiają się oskarżenia o, delikatnie mówiąc, „naciąganie wyników”.

Stwierdzenie faktu o istnieniu konfliktu interesów.

KP: Wiele czasopism naukowych, w mniejszym stopniu biologicznych niż medycznych, gdzie w grę wchodzi pieniądze (hodowla w rolnictwie, diagnostyka w medycynie), to czasopisma będące w pewnym sensie „słupami reklamowymi”. Jeżeli przejrzy się, kto uczestniczył w badaniach, kto dawał granty, że wykorzystano testy, które zostały dostarczone przez określoną firmę, to można wyciągnąć z tego jednoznaczne wnioski, czemu służy dana praca. Zresztą w Stanach Zjednoczonych chyba od czasów Jamesa Watsona i Francis Cricka⁴³ badania genetyczne stały się badaniami

¹¹ W 1962 roku James Watson, Francis Crick i Maurice Wilkins otrzymali Nagrodę Nobla za ich odkrycia dotyczące struktury cząsteczkowej kwasów nukleinowych (przyp. red.).

bardzo komercyjnymi. Zaczęto komercjalizować wszystko, co możliwe, łącznie z genami, z różnego rodzaju odmianami, w tym lokalnymi, zagrabiając w ten sposób dziedzictwo pokoleń. Prawdopodobnie tych problemów jest więcej, a ten nieszczęsny test PCR jest jedynie czubkiem góry lodowej.

Niestety tak to obecnie wygląda.

KP: Z jednej strony duża część środowiska naukowego jest uzależniona od grantów, od etatów. Z drugiej środowisko, które jest niezależne, najprawdopodobniej nie ma siły przebicia, ponieważ jego poglądy są niepoprawne politycznie.

Jak możemy i czy w ogóle możemy to zmienić? Jak Wara się wydaje? Jak to wygląda z Waszej perspektywy?

RZ: Zawsze można próbować. Kropla draży skałę. W każdym razie nie można pozostawać biernym, nawet gdyby pozostało się samemu. Wówczas też można walczyć.

Piękne słowa.

RZ; Walczyć do końca i mieć z tego satysfakcję: przegrałem, ale się nie poddałem.

KP: To, że ktoś jest osamotniony w jakiejś opinii, nie znaczy, że jest w błędzie, prawda?

No tak, nauka nie jest demokratyczna. Tutaj ilość głosujących tak czy inaczej nie oznacza, że mają rację.

KP: Jeżeli jakiś pogląd jest wyznawany przez większość, to też nie nadaje mu waloru prawdziwości. Natomiast znamy liczne przykłady manipulacji nauką. W przeszłości tworzone określone koncepcje na rzecz określonych rządów.

Nauki ścisłe i medyczne, biologiczne też były poddawane próbie ideologizacji?

RZ: Tak się działo.

Pan pisaf chyba o tym na Facebooku. Ma Pan na myśli Łysenkę⁴⁴, tak?

RZ: Tak, chodzi o Łysenkę, który zrujnował rolnictwo byłego ZSRR swoimi teoriami o możliwości modyfikacji cech dziedzicznych przez środowisko, np. określony sposób żywienia. Genetyka była wrogiem pewnych systemów politycznych, a zwłaszcza totalitarnego, ponieważ mówi o dziedziczeniu, a więc utrzymuje, że są pewne uwarunkowania, których nie można zmienić środowiskowo. Jeżeli jakieś określone koncepcje polityczne czy ideologiczne zakładają, że na przykład człowieka można ukształtować w dowolny sposób, to już dochodzi do konfliktu z nauką - z genetyką.

⁴¹ Trofim Łysenko - radziecki agrobiolog i agronom, przeciwnik genetyki - 7apr/ec/ai istnieniu genów, nie uznając zmienności dziedzicznej za główny czynnik przystosowawczy (przyp. red.).

Także lata trzydzieste ubiegłego wieku były tragiczne dla genetyków z Europy Wschodniej. W tamtym czasie na świecie istniały dwie najważniejsze szkoły genetyczne: rosyjska i amerykańska; równoważne. Niestety większość rosyjskich genetyków skończyła życie w obozach koncentracyjnych. W efekcie czego ta genetyka rosyjska, radziecka, a potem środkowoeuropejska, c/yli państw satelitarnych, jak na przykład Polski, była opóźniona.

Studiowałem na Uniwersytecie Adama Mickiewicza w Poznaniu w pierwszej połowie lat siedemdziesiątych. Byliśmy pierwszym rocznikiem, który miał seminaria z genetyki, a najśłynniejszy polski genetyk międzynarodowej rangi, profesor Wacław Gajewski, został relegowany z Uniwersytetu Warszawskiego i prowadził swoje badania w ogrodzie botanicznym w Warszawie. Wydawało się, że to już przeszłość, ale te czasy znowu wracają.

Niestety.

RZ: Oznacza to, że genetycy muszą być czujni, muszą zabierać głos, dawać świadectwo prawdzie, że pandemia koronawirusa, te testy i te nieuzasadnione restrykcje, to kolos na „glinianych nogach”.

Wszystkie założenia wymagają **weryfikacji**.

RZ: Obserwując ten maseczkowy terror, te ograniczenia, mam wrażenie, że to jakiś matrix, jakaś ścierna. Wszystko to służy zarządzaniu społeczeństwem. Maseczki, dystans - to wygląda na tresowanie społeczeństwa.

Tak, to jest behawioralne ćwiczenie społeczne, eksperyment na wielką skalę.

RZ: Przykre to.

Jesteście Państwo przedstawicielami środowiska naukowego. Nie wydaje Wam się, że to, o czym tutaj mówimy, wyjdzie na jaw za rok, dwa, a może nawet za dzień? Gniew, reakcje ludzi, którzy poczują się oszukani, mogą być bardzo nieprzewidywalne. Czy nie wydaje Wam się, że odpowiedź na to ze strony oszukanych ludzi może stanowić zagrożenie dla całego środowiska naukowego, łącznie z Wami i **wszystkimi** takimi ludźmi jak Wy?

Trzeba jasno powiedzieć, że nie jesteście jedyni. Media nie nagłaśniają takich poglądów, jakie Wy reprezentujecie, ale to nie oznacza, że jest Was mato. Być może jesteście w mniejszości, ale jednak jesteście. W związku z tym, czy nie obawiacie się, że cała nauka, łącznie z Waszą dyscypliną, zostanie wypchnięta poza nawias, brutalnie skasowana? Nauka jako całość. Wszyscy naukowcy zapłacą tę symboliczną cenę za to testowe **kłamstwo** i nie tylko. Skupiliśmy się na głównym aspekcie tego zjawiska, czyli na testach PCR, gdyż w tym zakresie jesteście fachowcami, możecie się śmiało wypowiadać na ten temat jako ludzie kompetentni. Jednak czy cała nauka nie zapłaci wysokiej ceny za to kłamstwo?

RZ: W każdym razie nauka przestanie mieć znaczenie. Takie mogą być konsekwencje.

Obecnie wypowiada się wielu ludzi z tytułami profesorskimi, którzy jednak mówią zupełnie inne rzeczy niż Wy. Jeśli przeciętny człowiek będzie to weryfikował, to w którymś momencie musi dojść do oczywistej, jedynej logicznej konkluzji, że nie ma co słuchać tych profesorów, ponieważ niewiele wiedzą. Gdy potwierdzi się to PCR-owskie kłamstwo, naukowcy będą postrzegani jako osoby tolerujące wszystko niezależnie od faktów.

RZ: Byłoby dobrze, gdyby doszli do takich konkluzji. Temu służy to spotkanie, by ludzie się zastanowili, zweryfikowali pewne przekazy - ten oficjalny, rządowy i ten nasz, i sami doszli do wniosków.

KP: Należałoby się w tym miejscu zastanowić nad tym, czy finansować naukę, która w ten sposób okłamuje społeczeństwo.

To jest ten problem, o którym Pani wcześniej mówiła. To właśnie sposób finansowania nauki powoduje bazowy problem z uczciwością wśród naukowców.

KP: Pamiętajmy, że część teorii, które znamy dzisiaj jako wielkie teorie, chociażby teoria Einsteina czy Darwina, były w dużej mierze pracami wykonywanymi za własne środki. Jedynie czasami naukowcy mieli mecenasów. Prace te były realizowane ze względu na potrzebę poszukiwania prawdy. Einstein nie pracował na uczelni, gdy tworzył teorię względności. Był urzędnikiem biura patentowego.

Tak, to prawda.

KP: Dzisiaj mówimy o nauce jako o pewnym systemie korporacyjno-biznesowym. Niekoniecznie oznacza ona poszukiwanie prawdy. Oczywiście jest wielu uczciwych naukowców, którzy poszukują prawdy. Jednakże ze względu na przekaz medialny są oni w mniejszości albo ich głos nie dociera do społeczeństwa. Jeżeli mamy finansować naukę, taką, która działa rzeczywiście wbrew społeczeństwu, wbrew człowiekowi, to należy zastanowić się, czy warto. Ja nie mam wątpliwości, że to, co się dzieje z tą pandemią, to działanie przeciwko człowiekowi jako gatunkowi biologicznemu.

Człowiek rozumny, *Homo sapiens*, wyewoluował jako gatunek społeczny, jako ludzie, którzy utrzymują ze sobą kontakty. To pozwoliło nam dokonać postępu, to jest kluczem naszego rozwoju. Gdy zaczyna nam się mówić, że nie możemy się ze sobą spotykać lub mamy się bać jeden drugiego, to podważamy nasze ewolucyjne dziedzictwo. Ograniczanie kontaktów międzyludzkich to właściwie koniec funkcjonowania człowieka jako gatunku rozumianego bardzo biologicznie, pomijając te wszystkie aspekty społeczne. Jesteśmy częścią środowiska, jesteśmy częścią natury i nie możemy się od niej odrywać. A te działania, z którymi stykamy się obecnie, prowadzą do stworzenia zatowarzyszonych jednostek.

Cyfrowe jednostki.

Tak, cyfrowe, żyjące wirtualnie. Takiej nauki nie ma sensu finansować, bo w dalszej perspektywie przyniesie ona

^

z
N

<
O

IL

R °
a.

j

d

o
L

B

3

*
u.

o

*

or

człowiekowi więcej szkód niż pożytku. Nauka powinna dostarczać wiarygodnych, a nie propagandowych informacji, jak to się dzieje w przypadku testów czy maseczek. Jeżeli boję się zakażenia koronawirusem, to mogę założyć maseczkę, ale to nie może być przymus. To powinna być moja suwerenna decyzja wynikająca z tego, czy mam obawy czy nie mam, czy chcę to robić czy nie.

Zalecenie zachęca, Inspiruje do myślenia.

KP: Oczywiście. Poza tym dzisiaj jest maseczka, a co będzie jutro? To nie jest tak, że pewne rzeczy nie mogą się wydarzyć. Dzisiaj dzieją się rzeczy, które wczoraj wydawały nam się absurdem.

Tak, dzisiaj już wiemy, że wszystko może się wydarzyć. Dziś nie ma już rzeczy niemożliwych.

KP: Za moment może się okazać, że nie będziemy mogli wyjść z domu bez pozwolenia. Znamy przykłady takich restrykcji obowiązujących już w niektórych państwach na świecie. W przeszłości też były epidemie. Przez dziesięciolecia, przez setki, przez tysiące lat ludzie zmagali się z chorobami. Tak przebiegała nasza ewolucja. Były epidemie znacznie gorsze niż ta obecna tak zwana pandemia, z którą mamy teraz do czynienia. Nigdy jednak nie zakazywano ludziom kontaktowania się. Oczywiście zalecano ostrożność, ale nikt nie mówił, że nie mogę się spotkać z dziadkiem albo z rodzicami. Nikt nie dzielił ludzi, nie twierdził, że ci,

starsi, są najbardziej narażeni, więc lepiej niech nie chodzą na wesela.

To, co się obecnie wydarzyło, pokazuje, że po raz kolejny genetyka stała się sprawą polityczną. Tak było w czasach komunizmu. W tym kontekście przywołaliśmy postać Łysenki. Tak było w latach pięćdziesiątych ubiegłego wieku, gdy genetyka była na cenzurowanym. Teraz jest trochę odwrotnie, albowiem genetyka staje się „świętym Graalem” tzw. epidemii koronawirusa, ale bardzo negatywnym. Jeżeli do tej genetyki dołożymy koncepcje eugeniczne, które powstały w Stanach Zjednoczonych przed drugą wojną światową, z których skądinąd obficie potem czerpano, to ponownie okaże się, że to genetyka jest źródłem wszelkiego zła, które prowadzi do likwidacji ludzkości.

RZ: Jeden z moich postów na Facebooku nosił tytuł: *Genetyka - dobrodziejstwoczyprzekleństwo?*. O ile pamiętam, doszedłem wtedy do pesymistycznych konkluzji.

Myślę, że temat eugeniki, który poruszyła Pani Kornelia, jest bardzo ważny. Warto poświęcić temu odrębny czas. Powinniśmy wrócić do historii, wyciągnąć z niej wnioski, bo to rzeczywiście się nie skończyło, lecz jest nam dzisiaj sprzedawane w bardziej wyrafinowanej formie, lepiej opakowane propagandowo. Myślę, że możemy chyba dzisiaj zakończyć tę rozmowę takim ogólnym apelem o myślenie, o dążenie do prawdy i niepoddawanie się. Bardzo dziękujemy Pani profesor

Kornelii Polok I Panu profesorowi Romanowi Zielińskiemu. Ekipa kanału ALTER SHOT TV miała przyjemność gościć u Państwa w domu, tutaj u podnóża Tatr. Bardzo dziękujemy.

9.2 Niemożność potwierdzenia zakażenia koronawirusem przez testy PCR

8 października 2020

Dr Mariusz Btochowiak: W wywiadzie dla ALTER SHOT TV kwestionowaliście Państwo przydatność metody PCR do diagnostyki koronawirusa. Stanowisko to spotka!© się z krytyką części środowisk (np. wywiad zamieszczony na stronie KONKRET24, TVN24 oraz portalu POD MIKROSKOPEM), które zarzucały Państwu, że: „kwestionujecie dawno znane fakty naukowe”, gdyż metoda PCR ma szerokie zastosowania, w tym w diagnostyce medycznej.

RZ: Wywiad dla ALTER SHOT TV na temat PCR wzbudził duże zainteresowanie. Pojawily się liczne pytania związane zarówno z samą procedurą, jak i stosowaniem testów w praktyce, tym bardziej że rosyjska ruletka pozytywnych i negatywnych wyników testów się nasilała. Wraz z coraz większą liczbą wyników fałszywie pozytywnych narastały wątpliwości dotyczące stosowanych testów, podnoszone zarówno przez osoby borykające się z nieuzasadnioną kwarantanną,

jak i przez naukowców. Wyrazem tego był wzrost liczby artykułów naukowych analizujących testy RT-qPCR oraz próby poszukiwania innych metod diagnostycznych.

Zapewne to właśnie narastające wątpliwości odnośnie do testów PCR legły u podłoża zmiany rozporządzenia dotyczącego do kierowania i zwalniania z kwarantanny. Obecnie zrezygnowano z wymogu dwukrotnego uzyskania negatywnego testu na rzecz wystąpienia objawów. Przy ich braku kwarantannę kończy się po upływie 10 dni. Zarówno nowa procedura, jak i doniesienia naukowe potwierdzają wyrażone przez nas wątpliwości. W tym wywiadzie chcemy odnieść się do pytań i zarzutów, które zrodziły się w związku z poprzednim wywiadem, a także do wątpliwości, które pojawiły się w przestrzeni publicznej w związku z coraz liczniejszymi publikacjami kwestionującymi wiarygodność testów RT-qPCR.

KP: Zarzuty te są nadużyciem i wskazują, że albo nie wysłuchano całego wywiadu, albo popełniono błąd nieuprawnionego uogólnienia. Wywiad dotyczył diagnostyki zakażeń koronawirusem za pomocą testów PCR, co wielokrotnie było podkreślane w wywiadzie, w którym zwracałam uwagę na ogromne znaczenie metody PCR w badaniach genomów i ich sekwencjonowaniu. Nie byłoby Projektu Sekwencjonowania Genomu Ludzkiego, gdyby nie technika PCR. To jej zawdzięczamy wiedzę dotyczącą ewolucji genomów, w tym obecności wielu sekwencji wirusopodobnych w genomie człowieka, oraz dużego udziału homologii (obecność genów podobnych) w genomach nawet bardzo odległych

organizmów. Tak więc uogólnianie zawartych w wywiadzie wniosków dotyczących koronawirusa na wszelkie zastosowania testu PCR jest nieuprawnione.

RZ: Diagnostyka medyczna to nie tylko wykrywanie wirusów. To przede wszystkim diagnostyka chorób uwarunkowanych genetycznie. W tym zakresie reakcja PCR oddaje nieocenione usługi. Ma ona również zastosowania w mikrobiologii, np. do śledzenia rozprzestrzeniania się szczepów lekoopornych, a także w wirusologii, pozwalając na identyfikację wirusów. Ale nie o tym był tamten wywiad.

Czysty materiał genetyczny jest warunkiem
sine qua BOB wiarygodności testów

RZ: Kluczem do prawidłowego zastosowania techniki PCR jest dysponowanie czystym materiałem genetycznym organizmu, który chcemy badać. Jeżeli ten warunek zostanie spełniony, wówczas test wykorzystujący reakcję PCR może być wiarygodny. W trakcie rozmów prowadzonych po zakończeniu wywiadu jeden z lekarzy zapytał mnie, czy te wszystkie krytyczne uwagi odnośnie do PCR dotyczą także innych testów. Chodziło o test PCR wykrywający wirusa zapalenia wątroby będącego również wirusem RNA. Po potwierdzeniu przez lekarza informacji, że test wykonuje się na materiale genetycznym pobranym z surowicy krwi, mogłem z pełną odpowiedzialnością powiedzieć, że ten test jest wiarygodny. Oczywiście nie w 100%, bo na reakcję PCR wpływają jeszcze inne czynniki, ale z pewnością w tym przypadku

poziom biednych wyników nie przekroczy 5%. Spełniony został bowiem podstawowy warunek, czyli dysponowanie materiałem genetycznym wirusa bez zanieczyszczeń ludzkim DNA/RNA. Surowica krwi nie zawiera ludzkich komórek.

KP: Technika PCR z jednej strony pozwala nam powielać dowolny fragment DNA, ale z drugiej pokazuje, że sekwencje genów mogą być podobne u różnych organizmów i zamiast sekwencji docelowej wykryjemy sekwencję podobną. Należy być tego świadomym, wykorzystując PCR w diagnostyce. Dlatego tak istotna jest czystość materiału pobranego do analizy. Ten warunek nie jest spełniony

w przypadku testów PCR mających wykryć zakażenie koronawirusem. Tymczasem tego oczekuje się od tego testu, pomimo że nie odróżnia on zakażenia od kolonizacji (obecności koronawirusa).

Problem miewiarygodności testów PCR dotyczy nie tylko koronawirusa. Przykładem jest test na obecność *Borrelia burgdorferi*, bakterii odpowiadającej za boreliozę, która może dostać się do naszego organizmu w wyniku ukąszenia przez kleszcza. Okazuje się, że test PCR wykrywający *B. burgdorferi* daje fałszywie pozytywne wyniki, zwłaszcza gdy materiał genetyczny jest pobierany ze stawów (Li et al., 2011). Nie został bowiem spełniony podstawowy warunek wyizolowania czystego materiału genetycznego bakterii. Stąd wyniki przypominają ruletkę, podobnie jak to obserwujemy w przypadku testów PCR mających wykryć, choć w tym przypadku nie jest to możliwe, zakażenie koronawirusem.

1
*
5
Z

1
^

^
N
Q

1
S
o.

j
"

o
L

i
Q

^
*

£

o
-

Przecież testy na koronawirusa wykonują specjaliści, stosujący odpowiednie procedury. Czy wiedza o tym, iż PCR wymaga czystego materiału genetycznego, nie jest powszechna? Czy nie ma odpowiednich procedur?

RZ: Wiedza ta powinna być powszechna, gdyż jest to alfabet biologii molekularnej. W publikacjach naukowych znaczna część opisu jest poświęcona wykazaniu, że w reakcji PCR użyto czystego materiału genetycznego danego organizmu i to, co powieliliśmy, jest tym, czego szukaliśmy. Innymi słowy, musimy udowodnić, że zidentyfikowaliśmy np. gen koronawirusa, a nie ludzkiego homologa. Tymczasem okazuje się, że na potrzeby testowania ludzi te podstawowe zasady nie są stosowane.

Co gorsza, spotykałem się z uwagami osób pracujących w laboratoriach diagnostycznych, że PCR nigdy nie wymagał czystego materiału genetycznego. Ich zdaniem wystarczy użyć starterów specyficznych dla genów organizmu, który chcemy wykryć. Dla mnie te wypowiedzi są przerażająco niekompetentne. Podważają bowiem wieloletnie praktyki obowiązujące w biologii molekularnej, zaprzeczają informacjom zawartym w podręcznikach laboratoryjnych (np. Sambrook et al, 2012), a także w większości zestawów diagnostycznych. Nie wiem, czy są one wynikiem niewiedzy czy też specjalistycznego kształcenia, które uczy procedur zamiast zrozumienia mechanizmów. Ślepa wiara, że specyficzny starter załatwi wszystko, nie uwzględnia wiedzy o ewolucji genomów oraz chemizmu reakcji PCR.

KP: Materiał genetyczny koronawirusa jest najczęściej izolowany z wymazu z nosogardzieli. Wymaz ten zawiera zarówno tkanki ludzkie, jak i komórki bakteryjne oraz wirusy, czyli z pewnością zawiera materiał genetyczny człowieka (DNA) oraz ludzkie RNA, może też zawierać materiał genetyczny (DNA) i RNA bakterii oraz materiał genetyczny wirusów (DNA/RNA). Dlatego skuteczna identyfikacja koronawirusa z wymazów z nosogardzieli wymagałaby oddzielenia RNA wirusa od całej reszty. Inaczej mówiąc, należałoby się pozbyć DNA i RNA człowieka, DNA i RNA bakteryjnego itd. Tymczasem procedura izolacji polega na izolacji wszystkich kwasów nukleinowych zawartych w mieszaninie uzyskanej z wymazu.

Zawsze izoluje się łącznie DNA i RNA, bez względu na rodzaj badanego materiału. Dopiero w kolejnych etapach pozbywamy się niechcianego kwasu nukleinowego. W przypadku koronawirusa powinniśmy się pozbyć ludzkiego DNA. Natomiast w procedurze izolacji materiału genetycznego z nosogardzieli nic jesteśmy w stanie pozbyć się RNA innego pochodzenia niż koronawirusowy. Dlatego testy PCR na koronawirusa są niewiarygodne i mogą dawać wyniki fałszywie pozytywne, bowiem namnażany jest także ludzki materiał genetyczny oraz pochodzący od innych mikroorganizmów bytujących w ciele człowieka.

Czy to oznacza, że testy rekomendowane do diagnostyki koronawirusa nie zalecają procedury pozbywania

się zanieczyszczeń spowodowanych obcym materiałem genetycznym?

KP: Niestety nie. W odniesieniu do izolacji RNA koronawirusa mamy do czynienia z pewnym przekłamaniem. Panel CDC / lipca 2020 (2019-nCoV)⁴⁵ jest rekomendowany do jakościowej identyfikacji wirusa metodą RT-qPCR z wymazów pobieranych z nosogardzieli (strona druga tego protokołu). Na stronie czternastej protokół zawiera jednoznaczną informację, iż wyniki są uzależnione od jakości RNA. Kity do izolacji RNA nie są dostarczane wraz z zestawem do reakcji PCR. Należy je zamówić osobno. Panel CDC 2019-nCoV (CDC 2019-nCoV, 2020, s. 8) jedynie zaleca kity do izolacji RNA. Niestety znaczna ich część dotyczy izolacji całkowitego RNA z próby, bez możliwości oddzielenia RNA ludzkiego od wirusowego. Tak więc kity te nie pozwalają na izolację tylko wirusowego RNA.

Ponadto izolacja przy pomocy tych kitów wymaga dodatkowo traktowania wyizolowanych kwasów nukleinowych enzymem DNazą, tak aby pozbyć się ludzkiego i bakteryjnego DNA, którą też należy oddzielnie dokupić. Jest to dodatkowy etap izolacji, który nie zawsze jest wykonywany w zautomatyzowanej procedurze. Kilka z zalecanych kitów przeznaczonych do izolacji RNA jest rekomendowanych jako dedykowane do izolacji wirusowego RNA, np. OjIAamp Viral RNA mini kit firmy QIAGEN, nr 52904, 52906.

⁴⁵ Zob. pr/yp 39, s. 285.

Jednakże w protokole dedykowanym dla tego kitu z lipca 2020 roku (QIAamp Viral RNA Mini Handbook, 2020) na stronie siódmej czytamy: *RNA wirusowe może być izolowane z plazmy, osocza lub innych płynów ustrojowych, które nie zawierają komórek ludzkich*⁴⁶. Oznacza to, że kit QIAMP nie jest przeznaczony do izolacji RNA wirusa z nosogardzieli, gdyż w wymazie są zawarte komórki ludzkie. Innymi słowy, chociaż testy PCR opisywane przez panel CDC 2019-nCoV są rekomendowane do identyfikacji zakażeń koronawirusem w materiale pobranym z nosogardzieli, to już metody izolacji RNA wymienione przez tenże panel do tejże diagnostyki nie są rekomendowane...

Podobnie w rekomendowanych zestawach do RT-qPCR wyraźnie jest zaznaczone, że RNA nie powinno być zanieczyszczone genomowym DNA (GoTaq Promega, 2020, s. 4). Jak można uzyskać wiarygodny wynik, gdy pierwszy etap procedury jest błędnie przeprowadzony? Dlatego te testy PCR na koronawirusa są niewiarygodne.

RZ: Ja bym jeszcze wskazał na problem z walidacją ilości RNA w próbie. W żadnej procedurze diagnostycznej nie określono jednoznacznie ilości RNA niezbędnej do reakcji, ograniczając się jedynie do podania sposobu rozcieńczenia i liczby mikrolitrów próby RNA, jaką należy dodać do mieszaniny reakcyjnej PCR. Precyzyjne podanie ilości RNA, np. w nanogramach, jest kluczowe dla uzyskania wiarygodnych wyników w reakcji PCR. Zbyt mała ilość może

ang. *Real RNA can be purified from plasma, serum and other cell-free fluids.*

dać wynik negatywny, zbyt duża może zmniejszyć specyfikę reakcji (wynik fałszywie pozytywny) lub ją zahamować (wynik fałszywie negatywny).

W diagnostyce koronawirusa wykorzystuje się ilościowy PCR (qPCR, Real-Time PCR), a to oznacza, że więcej cząsteczek RNA na początku reakcji da więcej cząsteczek produktu reakcji. Tym samym odczyt wyników względem standardu traci sens. Efektywność izolacji kwasów nukleinowych zależy od wielu czynników, takich jak stan tkanki, wiek itd. W efekcie z tej samej ilości materiału wyjściowego możemy otrzymać np. 10 ng (nanogramów) RNA, 100 ng lub 1000 ng. Jeżeli za każdym razem RNA będzie rozpuszczone w 100 mikrolitrach, to pobierając do analizy pięć mikrolitrów, jak zaleca panel CDC, dodamy odpowiednio: 0,5 ng, 5 ng i 50 ng RNA, co oczywiście będzie miało ogromny wpływ na przebieg reakcji i jej ostateczny wynik. To jest kolejny przykład braku optymalizacji testów PCR do wykrywania koronawirusa i tym samym przyczyna problemów wielu błędnie zdiagnozowanych osób.

Walidacja testów:

testy do badań vs. testy diagnostyczne

Czyli problemy z wiarygodnością testów wynikają z błędnie przeprowadzonego pierwszego etapu izolacji materiału genetycznego wirusa. Jednak te testy przeznaczone do diagnostyki zakażeń koronawirusem są walidowane. Autor kanału popularnonaukowego POD

MIKROSKOPEM w serwisie YouTube stwierdził, że problemy, o których mówiliście w wywiadzie dla ALTER SHOT TV, odnoszą się do testów na potrzeby badań. Natomiast testy na potrzeby diagnostyki przeszły walidację i te zarzuty ich nie dotyczą. Na dowód tego cytował informacje zawarte w protokole do takiego testu.

RZ: Autor kanału POD MIKROSKOPEM, wykorzystując panel CDC (2019-nCoV), o którym mówiliśmy przy okazji izolacji RNA wirusa, dokonał manipulacji, ponieważ me przedstawił informacji zawartej na samym początku panelu 2019-nCoV. Otóż na stronach drugiej oraz trzydziestej siódmej tego dokumentu możemy przeczytać:

Wyniki pozytywne wskazują na infekcję koronawirusem, ale nie wykluczają infekcji bakteryjnej lub infekcji innymi wirusami; wykryty patogen może nie być przyczyną obserwowanej choroby.

/.../ Wyniki negatywne nie wykluczają infekcji 2019-nCoV / nie powinny być wykorzystywane do podejmowania decyzji o stanie pacjenta; wyniki negatywne muszą być korelowane z objawami klinicznymi (CDC 2019-nCoV, 2020, s. 2).

Ponadto wyniki pozytywne i negatywne są silnie zależne od rozpowszechnienia wirusa w populacji, co też zostało uwzględnione w tej publikacji:

Wyniki fałszywie negatywne są bardziej prawdopodobne, gdy rozpowszechnienie jest wysokie, wyniki fałszywie pozytywne, gdy rozpowszechnienie jest niskie lub przeciętne (CDC 2019-nCoV, 2020, s. 37).

Czyli mamy test PCR, którego wynik pozytywny nie musi oznaczać zakażenia koronawirusem, natomiast wynik negatywny nie wyklucza zakażenia. Do tego, manipulując wyżej zacytowanym rozpowszechnieniem wirusa w populacji, można wpływać na odczyt wyników. Po co nam taki test? Jaka jest jego wiarygodność, skoro ani nie mogę potwierdzić, ani wykluczyć zakażenia?

KP: Przytaczane zastrzeżenia nie są wyjątkiem w przypadku testów PCR. Producenci zawsze się zastrzegają w razie ewentualnych zarzutów, ponieważ z pewnością znają ograniczenia reakcji PCR. Natomiast twierdzenia autora portalu POD MIKROSKOPFM O „gorszej jakości” testów do badań, czyli *for research use*, w stosunku do tych zwalidowanych testów diagnostycznych, są nadużyciem.

Podobnie nadużyciem jest twierdzenie, że w panelu CDC 2019-nCoV zwalidowano testy. Panel to przewodnik do przeprowadzania testów na koronawirusa w laboratoriach akredytowanych przez FDA. Zatem to nie testy były walidowane, lecz laboratoria. Warto dodać, że procedura obejmuje skróconą ścieżkę ewaluacji i może być wykorzystywana tylko w nagłych przypadkach.

W panelu CDC oprócz zasad postępowania podane są także zalecane zestawy diagnostyczne firm komercyjnych z numerami katalogowymi, w tym zalecane startery, kontrole, zestawy dla RT-qPCR oraz zestawy do izolacji RNA (CDC 2019-nCoV, 2020, s. 5-8). Każde laboratorium może wybrać dowolną kombinację poleconych zestawów, a następnie musi

zwalidować procedurę według wytycznych FDA. Dzięki temu uzyskuje akredytację na przeprowadzenie testów diagnozujących zakażenie koronawirusem na potrzeby kliniczne.

RZ: Zestawy komercyjne, które są zalecane przez panel, nie różnią się od zestawów do badań. Są to tożsame produkty, te same numery katalogowe. Zanim firma wypuści zestaw diagnostyczny, przeprowadza szereg testów mających potwierdzić ich wiarygodność. Należy jednak pamiętać, że ostatecznie wiarygodność testów zależy od końcowego użytkownika, stąd liczne zastrzeżenia w opisach kitów odnośnie do jakości materiału genetycznego, sprzętu, procedury itd.

Zestawy do badań różnią się od zestawów do diagnostyki głównie prawami patentowymi. Te wykorzystywane na rzecz badań nie mogą służyć do zarabkowania. Dlatego są one często oferowane instytucjom badawczym po niższej cenie. Różnica pomiędzy zestawami badawczymi a diagnostycznymi jest taka jak pomiędzy programem komputerowym sprzedawanym do użytku domowego lub edukacji za 400 złotych a programem przeznaczonym do użytku komercyjnego dla firmy za 2000 złotych. Jednakże nadal są to tożsame produkty. Tym samym, jeżeli zestawy PCR do badań nie są dobrze zoptymalizowane, to zestawy diagnostyczne będą miały identyczne wady.

Jak Państwo wytłumaczycie Informację o wiarygodności testów potwierdzoną danymi w panelu CDC, o którym mówicie?

KP: Procedury, które powszechnie określa się jako walidacje testów, to ocena przydatności zestawów diagnostycznych wraz z informacjami o spodziewanych błędach przeprowadzana przez upoważnione do tego jednostki. Niestety zazwyczaj nie mamy danych dotyczących tego, na jakiej podstawie wyciągnięto te wnioski i kto przeprowadził badania. Nie zawsze też są podane informacje o wykorzystanych zestawach diagnostycznych lub brakuje wiadomości o jakości wyizolowanego materiału. Nie podaje się np. surowych danych, co w literaturze naukowej jest standardem.

W odniesieniu do panelu CDC 2019-nCoV należy zauważyć, że granica wykrywalności RNA koronawirusa nie była analizowana w izolatach pobranych od pacjentów ani nawet w kulturze wirusa SARS-CoV-2. W zamian wykorzystano produkt otrzymany w wyniku transkrypcji *in vitro* (poza organizmem) genu N tak spreparowanego, aby „udawał” izolaty kliniczne (CDC 2019-nCoV, 2020, s. 49). Niestety ta informacja jest bardzo nieprecyzyjna, ponieważ panel CDC 2019 podaje, że analizował sekwencję z bazy NCBI (GenBank) o numerze akcesyjnym MN908947.2 (wersja nr 2). Tymczasem 17 stycznia 2020 sekwencja ta została zastąpiona wersją o numerze MN908947.3 (wersja nr 3).

Panel CDC 2019 nCoV jest z lipca 2020. W związku z tym nie jest oczywiste, dlaczego wykorzystano starszą wersję sekwencji genu N. Na domiar złego ta starsza wersja została usunięta z bazy NCBI (podjęta 12 września 2020 r. próba odnalezienia jej napotkała na spore trudności - na platformie

wyświetlała się jedynie informacja: *bad gateway: błąd 502*; podobnie było w przypadku próby dostania się tam za pomocą linku do starszej wersji umieszczonego na stronach **NCBI**), co nie jest rutynową praktyką. Zawsze przechowuje się wszystkie wersje danej sekwencji. Wreszcie niezwykle istotna w tym kontekście informacja, że czułość testu PCR badano na sztucznej konstrukcji, jakim jest produkt transkrypcji *in vitro*.

Ten ostatni proces prowadzi do powstania czystego RNA wirusowego - w tym przypadku było to RNA reprezentujące zaledwie jeden gen wirusa, czyli nie było problemu z zanieczyszczeniem go obcym materiałem genetycznym. Badane RNA nie zawierało nawet innych genów wirusa. Taki materiał nijak się ma do zanieczyszczonych wymazów z nosogardzieli i nie powinien być stosowany jako dowód wiarygodności metody w warunkach klinicznych. To poważny błąd metodyczny.

RZ: Warto też przyrzeć się tabeli dostępnej na panelu CDC (CDC 2019-nCoV, 2020, s. 44). Otóż na około dwa tysiące wyników negatywnych otrzymano 49 wyników pozytywnych. Sekwencjonowanie produktów reakcji u tych 49 pozytywnych pacjentów wykazało, że tylko 17 produktów odpowiadało sekwencji **koronawirusa**, przy czym zgodność sekwencji wynosiła od 82% do 100%, co wskazuje na to, że tylko 1/3 (35%) wyników pozytywnych faktycznie oznaczała kolonizację (tj. obecność) lub zakażenie **koronawirusem**, a 2/3 (65%) to wyniki fałszywie pozytywne.

Z takim wskaźnikiem test diagnostyczny RT-qPCR z pewnością nie jest wiarygodny i bardziej przypomina rosyjską ruletkę. Oczywiście znowu brakuje informacji, jakie zestawy diagnostyczne wykorzystano do badania tych dwóch tysięcy pacjentów. Nie podano również metodyki sekwencjonowania ani nie pokazano wyników sekwencjonowania w postaci nałożonych sekwencji (tzw. analiza zbieżności, ang. *alignment*).

Wymienione w cytowanym panelu „sekwencjonowanie genetyczne” jest terminem dobrym dla pozycji popularnonaukowej, ale nie dla poważnego opracowania mającego służyć na potrzeby diagnostyki. W rzeczywistości nawet nie wiemy, czy te 17 potwierdzonych przypadków uzyskano faktycznie w wyniku sekwencjonowania, gdyż informacja podana w panelu mówi o potwierdzeniu przez sekwencjonowanie lub hodowlę wirusa. Zresztą tych problemów w stosowanych testach PCR jest tyle, że należałoby poświęcić temu odrębne, kilkudziesięciostronicowe opracowanie, włączając w to różnorodność stosowanych testów i brak jednego standardu.

Czy mam rozumieć, że nie istnieje jakiś jednolity standard, „złoty standard” dla testów PCR na koronawirusa? Skąd w takim razie wiemy, że test wykrywający np. 1000 cząstek wirusa (tj. całych wirusów) oznacza chorobę?

RZ: Problem w tym, że nie wiemy, ile potrzeba cząsteczek wirusa do wywołania choroby. Stosowane testy na koronawirusa

to tzw. PCR ilościowy (**qPCR**), a więc z założenia możliwa powinna być ocena liczby cząstek wirusa i korelacja tej liczby z objawami chorobowymi. Tymczasem powszechnie stosowane testy RT-qPCR są wykorzystywane niezgodnie z ich przeznaczeniem do oceny jakościowej obecności wirusa.

Nie oceniają one, ile tego wirusa jest w organizmie, tylko czy w ogóle jest. Jest to dziwne zastosowanie testu qPCR, ponieważ za największą zaletę tej metody uważa się właśnie możliwość określenia liczby kopii wirusa na początku reakcji. Wynik ilościowy pozwala podjąć właściwe decyzje odnośnie do terapii (Stefańska et al., 2012).

Tajemnicą pozostaje, dlaczego w przypadku koronawirusa zrezygnowano z tej cennej właściwości testu qPCR, zadowolając się jedynie wynikiem: pozytywny/negatywny. Jest to szczególnie niezrozumiałe w obliczu katastroficznych przewidywań odnośnie do rozprzestrzeniania się „pandemii” i liczby zgonów. Przecież odróżnienie zakażenia od choroby powinno być priorytetem każdego testu diagnostycznego!

Wirusy, w tym koronawirusy, od zawsze współistniały z człowiekiem i wielu z nas wytworzyło odporność na nie. Dążenie do likwidacji każdego wirusa, który współbytuje z nami, jest z góry skazane na niepowodzenie. W miejsce jednego zlikwidowanego wirusa pojawi się inny, a przy okazji możemy doprowadzić do zaburzenia ekosystemu, jakim jest organizm człowieka. Chyba że zamkniemy wszystkich w sterylnych pomieszczeniach i poddamy całkowitej kontroli, tworząc „ludzi w probówkach”.

KP: Stosowanie testu PCR jako jedynej metody wykrywania koronawirusa przeczy wszystkim dotychczasowym standardom mikrobiologicznym i wirusologicznym. Do tej pory każdy nowy test porównywano z najlepszą istniejącą metodą identyfikacji patogenu. W diagnostyce chorób wirusowych takim „złotym standardem” jest hodowla cząsteczek wirusowych (Stefańska et al., 2012).

Dlatego przed wprowadzeniem testów qPCR na masową skalę ich wyniki należało skonfrontować z hodowlą wirusa oraz skorelować z objawami. Tego niestety nie zrobiono. I chyba nie był to przypadek, gdyż izolacja wirusa jako metoda diagnostyczna nie jest rekomendowana przez WHO (WHO 2020). W zamian arbitralnie okrzyknięto metodę PCR „złotym standardem” dla zakażeń koronawirusem.

Spotkało się to ze sprzeciwem części środowiska naukowego ze względu na niską czułość testów **RT-qPCR**. Potwierdzenie wyników pozytywnych uzyskano jedynie dla 35% prób, natomiast pozostałe 65% okazały się wynikami fałszywie pozytywnymi. Wskazywano na konieczność skorelowania wyników PCR z objawami i wynikami testów na przeciwciała na różnych etapach choroby (Hernandez-Huerta et al., 2020).

Celem diagnostyki zakażeń wirusowych jest podjęcie trafnych decyzji o sposobie leczenia, a nie pogoń za zdrowymi, bezobjawowymi nosicielami wirusa. To, że PCR coś wykrywa, nie oznacza, że to coś stanowi dla nas zagrożenie. Wyniki testów diagnostycznych zawsze powinny

być powiązane z innymi wynikami i informacjami o osobie chorej, a nie stanowić sztukę samą w sobie.

RZ: Stosowane testy qPCR na koronawirusa są także problematyczne. Nie istnieje jednolity standard dla wszystkich laboratoriów. Są zalecenia, jak panel CDC **2019-nCoV**, ale to procedura dedykowana przede wszystkim laboratoriom amerykańskim. Zresztą, jak wcześniej zaznaczyłem, panel rekomenduje określone zestawy diagnostyczne, w związku z czym poszczególne laboratoria mogą stosować różne kombinacje zestawów. Światowa Organizacja Zdrowia także ogranicza się jedynie do ogólnych wskázówek (WHO 2020).

Podobnie ogólne informacje znajdujemy na stronach ECDC, czyli Europejskiego Centrum Zapobiegania i Kontroli Chorób (ECDC 2020) oraz Ministerstwa Zdrowia (2020). Ta ostatnia instytucja w sprawie testów odsyła do anglojęzycznych dokumentów WHO i ECDC. Nie znajdziemy tam rekomendowanego protokołu ani nazw stosowanych testów. Myliłby się ten, kto myśli, że takie dane znajdzie na stronach Państwowej Inspekcji Sanitarnej.

Z kolei laboratoria akredytowane do testowania PCR na koronawirusa nie udostępniają protokołów ani pełnego wydruku analizy wyników testów, ograniczając się do podania samego wyniku: „pozytywny” lub „negatywny”. Lista laboratoriów, które są akredytowane do przeprowadzania testów molekularnych na dzień 7 września 2020 roku, obejmowała 185 jednostek, które zostały wymienione z nazwy

na stronie Ministerstwa Zdrowia. Jednak nie podano tam linka do strony internetowej żadnego z tych laboratoriów.

Po wejściu na stronę internetową danego laboratorium trzeba włożyć wiele wysiłku w to, by znaleźć informację o testach na koronawirusa. Sprawdzenie losowo np. Instytutu Genetyki Sądowej w Bydgoszczy; al. A. Mickiewicza 3/5, oraz Uniwersyteckiego Szpitala Klinicznego we Wrocławiu, ul. Borowska 213, niestety zakończyło się niepowodzeniem. Nie znalazłem tam żadnej informacji o przeprowadzaniu testów na SARS-CoV-2. Próżno więc było oczekiwać, że znajdę protokół analizy i informację o stosowanych kitach.

Osoby dociekliwe są odsyłane przez laboratoria do zagranicznego producenta testów, czyli cała procedura testowania jest nietransparentna i odbywa się niejako w tajemnicy. Rozumiem, że istnieje konkurencja, ale w przypadku sprawy tak istotnej jak zdrowie społeczeństwa, w kwestii testów opłacanych przez to społeczeństwo, dostarczenie protokołów stosowanych w poszczególnych laboratoriach oraz podanie informacji o dostawcach testów i ich składzie powinno być obowiązkiem rządu.

Testy PCE a zakażenie koronawirusem

O ile dobrze zrozumiałem, testy PCR mogą, mówiąc precyzyjnie i w sposób ścisty, jedynie potwierdzić **OBECNOŚĆ** fragmentu materiału genetycznego, który

może, ale nie musi, należeć do koronawirusa. Może to być bowiem również fragment materiału genetycznego człowieka lub bakterii czy innych wirusów. Z zakażeniem natomiast mamy do czynienia wyłącznie wtedy, kiedy zdolny do namnażania się wirus, a więc nie jego fragment (który jest do tego niezdolny), wnika do organizmu człowieka, a konkretnie do komórki, i zaczyna się namnażać.

Czy zatem test PCR może cokolwiek powiedzieć o zakażeniu czy też jedynie potwierdzić OBECNOŚĆ fragmentu materiału genetycznego? Jak dla mnie są to dwie diametralnie różne sprawy. Ponadto z punktu widzenia diagnostyki i skutków społecznych kluczowym i krytycznym zagadnieniem jest to, co te testy PCR mogą wykazać odnośnie do faktycznego zakażenia, które swoją drogą w większości przypadków nie daje żadnych objawów klinicznych, co oznacza, że człowiek pozostaje zdrowy.

RZ: Dla ścisłości przypomnę, iż reakcja PCR jest wykorzystywana do namnożenia DNA. W odniesieniu do ko-

ronawirusa, zawierającego jako materiał genetyczny RNA, musi to być reakcja RT-PCR, a więc reakcja PCR musi być poprzedzona przepisaniem RNA wirusa na DNA w procesie odwrotnej transkrypcji. Test RT-PCR namnaża taki materiał genetyczny i tym samym potwierdza jego obecność. w odniesieniu do którego użyte w reakcji startery wykazują komplementarność.

Gdyby założyć, że startery są specyficzne jedynie dla sekwencji koronawirusa, to wtedy w przypadku jego obecności w organizmie uzyskalibyśmy potwierdzenie tego, czyli wynik pozytywny. Idąc dalej tym tropem, musimy powiedzieć, że za pomocą tego testu nie jesteśmy w stanie odróżnić, czy koronawirus dokonał jedynie kolonizacji błon śluzowych, czy już zakażenia poprzez проникnięcie do komórek, w których uzyskał zdolność do namnażania się. Nie jesteśmy nawet w stanie powiedzieć, czy uzyskany pozytywny wynik związany jest *i* obecnością wirusa w naszym organizmie czy też są to jedynie nieaktywne jego cząstki.

A zatem, odpowiadając na Pana pytanie związane z tym „krytycznym zagadnieniem”, czyli tym, „co testy PCR mogą powiedzieć na temat faktycznego zakażenia”, można udzielić odpowiedzi, która niejako sama się nasuwa: niczego takiego nie mogą stwierdzić. Dla pocieszenia powiem, że stan faktycznego zakażenia można „dostrzec” bez testu PCR, obserwując jedynie swój organizm. Zakażenie jest równoznaczne infekcji, a ta ma objawy, początkowo w postaci kataru lub bólu gardła. Objawy te mogą się oczywiście rozwinąć lub może nie dojść do ich ujawnienia, gdy organizm w porę poradzi sobie z zakażeniem. Dlatego tak ważne jest dbanie o zdrowie i aktywność ruchową. Wtedy bowiem wzmacniamy swoją nabytą odporność, utrzymując w aktywności układ immunologiczny.

Nie dokończyłem jednak odpowiedzi na Pana pytanie. Powielony w wyniku reakcji RT-qPCR materiał genetyczny

w ogóle nie musi należeć do koronawirusa. Pamiętajmy, że materiał biologiczny pobrany w wymazie z nosogardzieli jest zanieczyszczony innym materiałem genetycznym, innymi wirusami, bakteriami, ludzkim DNA. Użyte w tej reakcji startery mogą również namnożyć ten materiał genetyczny. Dzieje się tak dlatego, ponieważ sekwencje homologiczne do użytych w reakcji starterów znajdują się w tym „zanieczyszczonym” materiale genetycznym.

Reasumując, wynik pozytywny świadczy jedynie o tym, że jakiś materiał genetyczny został namnożony w wyniku reakcji RT-PCR. Aby określić, jakie jest jego pochodzenie, należałoby zsekwencjonować produkt tej reakcji. Przytoczone wcześniej wyniki zaprezentowane przez panel CDC pokazują, że uzyskany wynik pozytywny w teście na obecność koronawirusa to w 65% wynik fałszywie pozytywny, Ten wynik świadczy o obecności w wymazie innego materiału genetycznego niż koronawirusa.

Jak już wyjaśniliśmy, testy PCR nie mogą zupełnie nic powiedzieć na temat zakażenia koronawirusem, ale czy chociaż dałoby radę tak zwalidować testy PCR, tak je zaprojektować, żeby jednoznacznie, z całą pewnością potwierdzały obecność całego, konkretnego koronawirusa (w naszym przypadku SARS-CoV-2) lub jednoznacznie potwierdzały jego brak w wymazie z nosogardzieli? Podkreślam „całego” koronawirusa, bo jedynie taki, a nie jego fragment, może potencjalnie zakażać. A jeśli taka

walidacja jest możliwa, to w jaki sposób należałoby ją przeprowadzić i jak diagnosta w laboratorium musiałby przeprowadzać takie testy, by uzyskać jednoznaczne, na 100% pewne wyniki: pozytywny/negatywny.

RZ: Nie ma testów, które dają 100% pewności. Zawsze istnieje jakieś prawdopodobieństwo błędu i dobrze jest, gdy wynosi ono około 5% lub mniej. Przykładowo testy PCR wykrywające wirusa HIV są swoiste w 99,5%, co oznacza, że wynik fałszywie pozytywny pojawi się u jednej osoby na dwieście.

KP: Obecne testy RT-qPCR z pewnością można poprawić. Pierwszym warunkiem jest dostosowanie się do wymogów producentów testów w zakresie jakości i ilości RNA użytego w teście. Producenci zalecają określenie optymalnej ilości RNA, przy czym optymalizację powinno się rozpocząć od 100 ng, a także zwracają uwagę na konieczność oceny jakości RNA. Powinniśmy się także pozbyć ludzkiego DNA, który jest w wymazie z nosogardzieli.

Najefektywniejsze byłoby traktowanie DNazą, enzymem, który trawi DNA. Mniej efektywna, ale szybsza byłaby filtracja lub wirowanie materiału pobranego z wymazu w celu oddzielenia komórek ludzkich przed samą procedurą izolacji kwasów nukleinowych. Niezbędnym elementem jest także zaprojektowanie lepszych starterów oraz zoptymalizowanie temperatury przyłączania starterów w reakcji PCR. Już te elementy powinny poprawić wiarygodność wyników.

Dodatkowo można się zastanowić nad rozdzielaniem odwrotnej transkrypcji od reakcji PCR. Wówczas w reakcji

odwrotnej transkrypcji możliwe byłoby zastosowanie uniwersalnego startera, dzięki któremu pozbylibyśmy się większości ludzkiego RNA (rRNA: rybosomalny RNA) i tym samym zwiększylibyśmy udział RNA wirusowego w próbie.

Dalsze modyfikacje mogłyby polegać na wydłużeniu amplitfikowanych produktów i/lub pokryciu większą liczbą par starterów większego fragmentu genomu. Przykładowo, na 1000 par zasad można zaprojektować trzy/cztery pary starterów, które powielająby wzajemnie nakładające się fragmenty. Taką metodę z powodzeniem wykorzystuje się w wykrywaniu lekoopornych szczepów prątka gruźlicy, a także w wykrywaniu obcych genów u organizmów transgenicznych.

RZ: Zaproponowane modyfikacje powinny umożliwić powrót do ilościowego PCR, a więc do tego, do czego reakcja qPCR została stworzona. Oznacza to, że efektem qPCR powinna być ocena liczby cząsteczek SARS-CoV-2 na podstawie ilości uzyskanego produktu reakcji. Liczbę tę należałoby skorelować z objawami klinicznymi.

Już wielokrotnie pisaliśmy, że nie każdy wynik ma znaczenie kliniczne. Człowiek styka się z tysiącami wirusów i na ogół tego nie zauważa. Nasz układ odpornościowy nauczył się z nimi żyć i bronić przed nimi. Problem pojawia się wtedy, gdy jest zbyt dużo wirusa. Zaletą ilościowego PCR jest odpowiedź na pytanie, kiedy jest go na tyle dużo, że pojawiają się objawy chorobowe. Następnie można korzystać z qPCR, monitorując ilość wirusa w organizmie w trakcie terapii.

Tak wykorzystuje się reakcję qPCR w monitorowaniu skuteczności terapii przy zakażeniu wirusem HIV czy w przypadku wirusowego zapalenia wątroby typu C. Dlatego całkowicie niezrozumiała jest rezygnacja z ilościowego oznaczenia SARS-CoV-2 w obecnie stosowanych testach RT-qPCR.

KP: Test RT-qPCR wykrywający SARS-CoV-2 nigdy nie powinien być stosowany samodzielnie. Koronawirusy wywołują około 10-15% stanów określanych jako przeziębienie. Obok nich infekcje górnych dróg oddechowych powodują rinowirusy, wirusy paragrypy i wiele innych. U osób z objawami chorobowymi istotne jest określenie, z jakim „koktajlem” wirusowym mamy do czynienia. U osób bez objawów również należałoby sprawdzić obecność innych wirusów. Wówczas mielibyśmy porównanie, czy jedynie SARS-CoV-2 się rozprzestrzenił, czy może inne wirusy zachowują się podobnie.

Nie można mówić o rozprzestrzenianiu się zakażenia jednym wirusem, nie mając porównania z poprzednimi latami oraz innymi, podobnymi wirusami. Zestawienie z innymi wirusami „przeziębieniowymi” i „grypopodobnymi” jest niezbędne w świetle narzucanego tzw. reżimu sanitarnego. Uważa się, że dłuższy czas spędzony w zamkniętych, suchych pomieszczeniach, co ma miejsce w okresie jesienno-zimowym, promuje wystąpienie objawów chorobowych ze względu na zmiany w układzie oddechowym oraz przemieszczanie się cząstek wirusa na większą odległość w suchym

powietrzu. Tym samym zamiast kwarantanny powinno się nas zachęcać do aktywnego spędzania czasu na zewnątrz!

RZ: Opisując możliwe modyfikacje testu RT-qPCR, trochę odbiegliśmy od głównego pytania, a mianowicie, czy jest możliwe takie zaprojektowanie reakcji PCR, aby stwierdzić obecność „całego” wirusa. Odpowiedź brzmi: nie. Reakcja RT-qPCR umożliwia jedynie namnażanie fragmentów wirusa. Przyjmuje się, że PCR pozwala namnożyć bez problemu fragmenty DNA - około pięciu, maksymalnie dziesięciu tysięcy par zasad, przy czym ilościowy PCR na ogół pozwala na namnożenie znacznie krótszych fragmentów DNA w porównaniu ze standardowym PCR.

Genom koronawirusa SARS-CoV-2 ma około 30 tysięcy par zasad. Aby namnożyć cały genom, musielibyśmy zastosować kilkanaście par starterów i nie jest powiedziane, że dałoby to pożądany efekt. Obecność „całego” wirusa można potwierdzić poprzez sekwencjonowanie jego genomu, o czym już mówiliśmy. Nowe generacje technik sekwencjonowania oparte o reakcję PCR (NGS - *Next Generation Sequencing*) są obecnie powszechnie stosowane u organizmów o znacznie większym genomie niż koronawirus. Pewnym problemem jest umiejętność złożenia sekwencji (ang. *annotation*), co wymaga przeszkolenia bioinformatycznego.

Z drugiej strony wirus ma zaledwie 30 tysięcy par zasad i złożenie tak krótkiej sekwencji powinno być w zasięgu możliwości laboratoriów diagnostycznych, tym bardziej że procedura jest wspomagana coraz lepiej dostosowanym

oprogramowaniem komputerowym. Domyślałam się, że wirusolodzy zaprzeczą stwierdzeniu o małym genomie SARS-CoV-2, gdyż dla nich to duży wirus. Faktycznie wirus grypy ma potowe mniejszy genom (14 tysięcy par zasad). Jednakże w porównaniu z genomem ludzkim, który ma 3,2 miliarda par zasad, czy genomem pszenicy, która ma 17 miliardów par zasad, genom koronawirusa jest na tyle maty, że zsekwencjonowanie i złożenie sekwencji nie stanowi problemu.

Reasumując, można powiedzieć, że obecne testy RT-qPCR można poprawić, tak aby uzyskać z nich klinicznie istotną informację z zastrzeżeniem, że reakcja wymagałaby dłuższego czasu potrzebnego na kontrolę poszczególnych etapów. Natomiast testy RT-qPCR nie pozwalają na wykrycie „całego” wirusa. Można to uzyskać poprzez sekwencjonowanie, które jest bardziej wymagające technicznie niż RT-qPCR. Obecnie sekwencjonowanie (NGS) na dużą skalę coraz częściej wykorzystuje się do badania bioróżnorodności różnych siedlisk, zróżnicowania genetycznego populacji i gatunków oraz śledzenia dróg migracji. Tym samym wykorzystanie metody *Next Generation Sequencing* na cele epidemiologiczne wydaje się uzasadnione.

Media w Polsce doniosły, że polscy specjaliści opracowali szybki i tani test mający rzekomo wykrywać zakażenie koronawirusem. Mam na myśli metodę RT-LAMP (*Loop Mediated Isothermal Amplification*).

Czy to rzeczywiście tak przełomowy test, za pomocą którego faktycznie można potwierdzić lub wykluczyć zakażenie SARS-CoV-2 lub chociaż wykryć obecność całego **koronawirusa**?

Metoda RT-LAMP znana jest od 2000 roku. Dla uzyskania pozytywnego wyniku testu tą metodą potrzebna jest obecność co najmniej 80 cząstek wirusa na 1 ml próby. Tradycyjny test RT-PCR nie wykrywa takiej śladowej ilości (poniżej 1 pikograma), dając wynik ujemny, czyli negatywny.

Konsekwencją zastosowania tej uproszczonej metody będzie drastyczne zwiększenie liczby wykrywanych tzw. bezobjawowo chorych. Raczej nie będzie to miało znaczenia klinicznego. Koronawirus i jemu podobne wirusy stanowią otaczający nas mikrobiom. Wykrycie tego wirusa może nie mieć też związku z ewentualnym zakażeniem, które ma miejsce wtedy, gdy wirus wniknie do komórek, namnaża się w nich i powoduje infekcję (ból gardła, katar). Problemem tej metody nadal jest używanie starterów, które z powodzeniem mogą namnażać ludzkie RNA. Według WHO jedynym wiarygodnym testem jest sekwencjonowanie wyizolowanego materiału genetycznego. RT-LAMP „wykryje koronawirusa” u prawie każdego z nas.

Chcę też zwrócić uwagę na to, że doniesienia prasowe na temat opracowanej przez polskich naukowców uproszczonej metody identyfikacji koronawirusa są ze sobą sprzeczne. W jednych z nich podano, że materiał biologiczny do badań zostanie pobrany ze śliny, w innych, że z nosogardzieli.

I
S
*
Z
E
>
N
M
O
g
F
O
«
a
j
o
o
L
F
Z
B
*

*
R
£
o

Ponadto pojawiła się informacja, że do wykonywania testów będzie wykorzystana metoda sekwencjonowania NGS (*New Generation Sequencing*), co jest technicznie niemożliwe do zrealizowania w czasie tej kilkuminutowej diagnostyki.

Podczas epidemii świńskiej grypy okazato się, że niektóre państwa zakupiły masowe ilości niepotrzebnych szczepionek, na czym firmy farmaceutyczne zarobiły miliardy dolarów. Jak widać, dzisiaj oprócz presji na niepotrzebne szczepionki przeciwko koronawirusowi zarabia się również na nieużytecznych testach PCR, marnując pieniądze podatników. Ile takie testy kosztują? Jaka to jest sumaryczna kwota w skali naszego kraju?

RZ: To pytanie nie do nas. Należy z nim zwrócić się do Ministerstwa Zdrowia i zapytać o to w trybie udostępnienia informacji w dostępie publicznym.

Optimalizacja reakcji PCR

t
W
N
o.
W
>
F

Rozumiem, że istnieje obecnie duże zamieszenie w odniesieniu do stosowanych testów i protokołów. Jednakże pacjent, który chce otrzymać wiarygodny wynik, zakłada, że test rekomendowany przez instytucje państwowe jest wiarygodny. Czy konieczne jest podawanie „kuchni” analiz molekularnych?

RZ: Oczywiście, że w większości przypadków, otrzymując wyniki, nie zastanawiamy się nad sposobem ich

pozyskania. Jednakże nigdy do tej pory nie zmuszano ludzi do przeprowadzania testów, na podstawie których zamknięto ich na miesiące w domu. Nigdy też nie mieliśmy do czynienia z testami, które wmawiały ludziom zdrowym, że są chorzy. I wreszcie nigdy testy nie dawały tak różnorodnych wyników jak test PCR na koronawirusa. Jako pacjent mam prawo wiedzieć, jak uzyskano wyniki.

Obecna sytuacja jest absurdałna. Jako naukowiec mam zawsze obowiązek podawać w pracach, jaki zestaw diagnostyczny zastosowałem, szczegółowo opisać etapy analizy i interpretację wyników. Jeśli przyjdę do laboratorium jako pacjent, to zastosowane tam odczynniki, protokół i sposób odczytu wyników nabierają charakteru tajemnicy państwowej. Ja zaś muszę się zadowolić jedynie wynikiem: pozytywny/negatywny, który na dodatek może okazać się nieprawdziwy.

Jeżeli będę miał pecha i wynik okaże się pozytywny, to dodatkowo mogę zostać zamknięty w domu, a moje życie i dotychczasowe przyzwyczajenia legną w gruzach. Uzyskanie wyniku pozytywnego w teście na koronawirusa prowadzi do tak poważnych konsekwencji, że cała ta procedura powinna być transparentna. Czarę goryczy przelewa fakt, że reakcja PCR i jej odmiany mogą dawać różne wyniki w zależności od zastosowanej procedury, laboratorium i odczynników. Dlatego tym bardziej istotne jest interpretowanie wyników tej reakcji w powiązaniu z objawami i innymi testami.

KP: Jak wcześniej zaznaczyliśmy, kluczem do uzyskania wiarygodnych wyników jest czysty materiał genetyczny,

ale nie tylko. Specyfika reakcji zależy także od pozostałych elementów procedury: stężenia matrycy (powielanego DNA), nukleotydów, starterów (krótkich fragmentów DNA niezbędnych do rozpoczęcia reakcji i specyficznych, tj. komplementarnych dla sekwencji, którą chcemy powielić), rodzaju i stężenia polimerazy DNA, stężenia jonów magnezu, które są niezbędne do prawidłowego działania polimerazy (jony magnezu są kofaktorem dla polimerazy DNA) oraz pH środowiska. Istotny jest również profil termiczny reakcji, a więc temperatury i czas poszczególnych etapów reakcji PCR, a także liczba cykli.

Czy nie jest tak, że firma, która wypuszcza kit, już to zrobiła i laboratorium dostaje gotową mieszankę odczynników wraz z procedurą typu: zmieszaj roztwór A z roztworem B?

KP: Z założenia tak powinno być, ale problem z reakcją PCR polega na tym, że zależy ona od warunków danego laboratorium i od używanego tam sprzętu, dlatego każde z laboratoriów musi ją zoptymalizować we własnym zakresie. Oczywiście nie wszystkie elementy. Niektóre są stałe, ale z pewnością należy samemu dobrać temperaturę przyłączania starterów, liczbę cykli i stężenia matrycy.

Z dostępnych protokołów już wiemy, że stężenie wyizolowanego RNA, a tym samym stężenie matrycy w reakcji PCR, czyli cDNA, nie jest optymalizowane. Ba, nawet nie wiemy, ile jej się dodaje, bo ilość RNA nie jest sprawdzana

i kwantyfikowana. Przykładowo, w odniesieniu do pozostałych elementów, panel CDC 2019-nCoV-2 podaje ilość poszczególnych odczynników, jakich należy użyć (CDC 2019-nCoV, 2020, s. 17). Tymczasem producenci testów wyraźnie zaznaczają, że koncentracja starterów i fluorescencyjnej sondy oraz matrycy RNA powinna zostać zoptymalizowana w każdym laboratorium, gdyż wyniki te różnią się znacznie pomiędzy poszczególnymi laboratoriami (np. GoTaq Promega, 2020; TagPath Thermofisher, 2020).

Wymieniła Pani liczbę cykli jako element wpływający na **specyfikę** reakcji. Ostatnio było głośno o tym w przestrzeni publicznej. Wielu ekspertów wypowiedziało się na ten temat, mówiąc, że liczba cykli jest stanowczo za duża. Gdyby zmniejszyć ją np. o połowę, to wówczas liczba wyników pozytywnych również byłaby mniejsza.

RZ: Faktycznie, liczba cykli ma duży wpływ na specyfikę reakcji PCR. W protokołach RT-qPCR zalecanych do testowania koronawirusa liczba cykli wynosi około 40 (np. GoTaq Promega, 2020; TagPath Thermofisher, 2020), natomiast panel CDC 2019-nCoV-2 zaleca nawet 45 cykli. Nie można jednak podchodzić mechanicznie do tego parametru, gdyż liczba cykli zależy także od spodziewanej długości powielanego fragmentu i wielkości badanego genomu. Dłuższe sekwencje i większe genomy wymagają większej liczby cykli. Nie mniej jednak 40-45 cykli dla sekwencji

pojedynczego genu o wielkości 1000 par zasad, nawet dla dużego genomu, byłoby bardzo wysoką liczbą.

Przykładowo u sosny powielenie metodą qPCR genu rDNA o długości prawie tysiąca par zasad wymaga zaledwie 35 cykli, a genom sosny jest prawie milion razy większy od genomu koronawirusa. Liczba cykli dla koronawirusa też jest duża, biorąc pod uwagę przewidywaną długość powielanej sekwencji. Wynosi ona, w zależności od użytych starterów, najczęściej około 100-200 par zasad, a czasami 500.

Tak dużą liczbę cykli (40-45) na ogół stosuje się w procedurach, w których powieliła się wiele sekwencji jednocześnie, np. w metodach markerowych skanujących genom, metodach poszukujących miejsc insercji transpozonów itd. Dla jednego genu jest to nieuzasadnione, zaś duża liczba cykli może być jednym z czynników promujących niespecyficzne przyłączanie starterów i tym samym wpływających na wiarygodność metody.

Odwrotna transkrypcja

Opisujecie Państwo reakcję PCR. Jednakże w przestrzeni publicznej często pojawia się skrót „RT-qPCR” na oznaczenie testów na koronawirusa. Czy jest jakaś różnica między PCR a RT-qPCR? Jaki to ma wpływ na wiarygodność testów?

RZ: Faktycznie, w przypadku testów na koronawirusa nie mamy do czynienia z typową reakcją PCR, o czym już

wspominaliśmy wcześniej. Materiałem genetycznym koronawirusów jest RNA i dlatego w rzeczywistości mamy do czynienia z dwoma procesami: i) przekształceniem RNA na DNA w procesie odwrotnej transkrypcji oraz ii) właściwą reakcją PCR. Stąd skrót całej procedury: RT-PCR.

Do tego stosujemy odmianę reakcji PCR, w której ilość wytworzonego produktu reakcji odczytywana jest przy pomocy fluoryzującej sondy. W tradycyjnej reakcji PCR produkt jest rozdzielany na żelach agarozowych lub poliakrylamidowych i widoczny w postaci prążka. W qPCR dzięki fluoryzującej sondzie na ekranie komputera dostrzegamy przyrost produktu PCR w postaci krzywej. Ponieważ metoda ta pozwala na odczyt ilości wytworzonego produktu, a tym samym na ocenę liczby cząsteczek RNA/DNA na początku reakcji, nosi nazwę „ilościowego PCR” (qPCR) lub „PCR w czasie rzeczywistym” (Real Time PCR).

Dlatego pełna nazwa testu na koronawirusa jest często zapisywana jako RT-qPCR. Zaletą qPCR jest krótszy czas reakcji, natomiast wadą trudność w ocenie wielkości produktu reakcji, co może prowadzić do odczytów fałszywie pozytywnych. Część produktów reakcji PCR dla koronawirusa jest bardzo krótka (około 100 par zasad). Mogą być one łatwo mylone z dimerami powstającymi w wyniku reakcji starterów (Park et al, 2020).

KP: Konieczność przeprowadzenia dwóch reakcji, tj. odwrotnej transkrypcji i reakcji PCR, też ma wpływ na czułość RT-qPCR, tym bardziej że w diagnostyce stosuje się

kity, w których obie reakcje przeprowadzane są w jednej probówce (tzw. jednoetapowy RT-qPCR). Ten sposób prowadzenia reakcji charakteryzuje się mniejszą czułością niż przeprowadzenie dwóch reakcji oddzielnie.

Przy przeprowadzaniu obu reakcji w jednej probówce w mieszaninie reakcyjnej jest zarówno odwrotna transkryptaza, jak i polimeraza DNA, matryca RNA oraz startery do PCR. To nie pozostaje bez wpływu na przebieg reakcji PCR. Odwrotna transkryptaza i polimeraza DNA mają inne optimum temperaturowe (odpowiednio 40-48°C i 72°C), ponadto wykorzystuje się tu inne bufony. Te ostatnie mogą mieć hamujący wpływ na działanie polimerazy DNA, tym samym zmniejszając wydajność PCR, a nawet całkowicie ją hamując, prowadząc ostatecznie do fałszywie negatywnych wyników.

Sama odwrotna transkrypcja też może mieć różną efektywność. Szczególnie nieefektywne jest przekształcanie RNA w DNA (cDNA), gdy mało jest matrycy, a dużo RNA innego pochodzenia. Z taką sytuacją mamy do czynienia w przypadku materiału genetycznego wyizolowanego z wymazów z nosogardzieli. Większość stanowi ludzkie RNA i ewentualnie ludzkie DNA. Są to idealne warunki do niespecyficznego przebiegu reakcji PCR, polegającej na przyłączaniu się starterów do innych niż koronawirusowych sekwencji komplementarnych.

Istnieje tzw. efekt Monte Carlo, który w uproszczeniu polega na losowym przyłączaniu się starterów do matrycy podczas RT-PCR. gdy jest bardzo mało docelowej

sekwencji. Wówczas im mniej sekwencji docelowej - np. RNA koronawirusa, tym mniejsze jest prawdopodobieństwo, że produkt reakcji odzwierciedli zawartość tego koronawirusa w wyjściowej próbce.

Wyniki testów PCR na koronawirusa mają ogromny wpływ na dalsze funkcjonowanie danej osoby nie tylko pod względem zdrowotnym, ale przede wszystkim społecznym. Tymczasem Państwo twierdzą, że procedura reakcji RT-aPCR w przypadku koronawirusa w dużej mierze promuje przypadkowe wyniki, tę tzw.

rosyjską ruletkę, o czym Państwo pisaliście na swojej stronie na Facebooku. Może jednak ta krytyka jest nieco nad wyraz? A może nie ma innej procedury?

RZ: O przesadzie moglibyśmy mówić wtedy, gdyby nasza krytyka testów spotykała się z prawidłowymi wynikami w praktyce. Wówczas byłoby to tylko „profesorskie gadanie”. Tymczasem w realnym świecie ludzie stykają się z niewiarygodnymi wynikami, niejako z huśtawką pozytywnych i negatywnych wyników. W sytuacji braku objawów fizycznych miesiącami są przetrzymywani w domach, bo uzyskanie dwóch z rzędu wyników negatywnych czasami graniczy z cudem.

Myślę, że zmiana rozporządzenia dotycząca zwalniania z kwarantanny osób, u których nie występują objawy, a zwłaszcza rezygnacja z testów PCR na rzecz objawów, potwierdza, że to, o czym mówimy, nie jest tylko akademicka

~
*
~
Z

~
~
~

~
~
~

~
~
~

~
~
~

~
~
~

~
~
~

~
~
~

~
~
~

~
~
~

~
~
~

~
~
~

~
~
~

~
~
~

~
~
~

dyskusją. I chociaż rozporządzenie jest krokiem w dobrym kierunku, to i tak jeszcze daleko do normalności, w której test PCR przestanie być „świętym Graalem”, a jego wyniki będą w końcu korelowane z objawami, gdy wreszcie zrozumiemy, że to służby medyczne są dla nas, a nie my dla nich, że podstawą zawodów medycznych jest zasada *primum non nocere*. Antidotum nie może być gorsze niż choroba.

KP: Zapytał się Pan, czy istnieje jakaś inna procedura. Oczywiście, że tak. Reakcję odwrotnej transkrypcji i reakcję qPCR można przeprowadzić oddzielnie - w dwóch etapach, w dwóch próbkach. Zarówno w procedurze jednoetapowej, przeprowadzanej w jednej próbce, jak i w dwuetapowej reakcja odwrotnej transkrypcji przebiega identycznie. Jedynie eksperymentator widzi różnicę. W procedurze jednoetapowej przygotowuje on jedną próbkę, a więc tylko raz miesza wszystkie odczynniki. Natomiast w procedurze dwuetapowej musi przygotować dwie próbki i dwukrotnie mieszać odczynniki.

Ta dwukrotna manipulacja materiałem genetycznym jest prawdopodobnie powodem rezygnacji z procedury dwuetapowej przez laboratoria diagnostyczne. Obawiają się one, że zwiększy to możliwość przypadkowego zakażenia badanego materiału. Biorąc jednak pod uwagę ogromną ilość wyników fałszywie pozytywnych (2/3 wszystkich pozytywnych wyników), wydaje się, że prawdopodobieństwo zakażenia materiału w procedurze dwustopniowej byłoby mniejszym problemem.

Ponadto procedura dwustopniowa mogłaby rozwiązać pewne problemy z niespecyficznym przyłączaniem się starterów do ludzkiego RNA podczas odwrotnej transkrypcji ze względu na niższą temperaturę tej reakcji niż w reakcji PCR. W konsekwencji może to prowadzić do wyników fałszywie pozytywnych.

W procedurze dwustopniowej możliwe jest dodanie starterów specyficznych dla genów koronawirusa po reakcji odwrotnej transkrypcji. Samą odwrotną transkrypcję można wówczas przeprowadzić przy pomocy uniwersalnego startera oligo dT, który przyłącza się specyficznie do ni RNA (informacyjny RNA). Dzięki temu można wyeliminować większość wyizolowanego ludzkiego rRNA (rybosomowe RNA, 95% udziału), który odpowiada frakcji związanej z rybosomami (rybosomy uczestniczą w syntezie białek).

Ponieważ koronawirus ma RNA podobne do ludzkiego mRNA, efektywność przekształcenia RNA wirusowego na cDNA byłaby zdecydowanie wyższa niż w przypadku dodawania starterów specyficznych na etapie reakcji odwrotnej transkrypcji. Tym samym mielibyśmy szansę na większą wiarygodność wyników.

Bardzo szczegółowo opisują Państwo poszczególne problemy związane z reakcją RT-qPCR, odnosząc się do procedur i **chemizmu reakcji**. Ja mam jednak pewną wątpliwość związaną z tą procedurą. W **wiadzie** dla ALTER SHOT TV opisał Pani ideę reakcji

dyskusją. I chociaż rozporządzenie jest krokiem w dobrym kierunku, to i tak jeszcze daleko do normalności, w której test PCR przestanie być „świętym Graalem”, a jego wyniki będą w końcu korelowane z objawami, gdy wreszcie zrozumiemy, że to służby medyczne są dla nas, a nie my dla nich, że podstawą zawodów medycznych jest *asadaprimum non nocere*. Antidotum nie może być gorsze niż choroba.

KP: Zapytał się Pan, czy istnieje jakaś inna procedura. Oczywiście, że tak. Reakcję odwrotnej transkrypcji i reakcję qPCR można przeprowadzić oddzielnie - w dwóch etapach, w dwóch próbkach. Zarówno w procedurze jednoetapowej, przeprowadzanej w jednej próbce, jak i w dwuetapowej reakcja odwrotnej transkrypcji przebiega identycznie. Jedyne eksperymentator widzi różnicę. W procedurze jednoetapowej przygotowuje on jedną próbkę, a więc tylko raz miesza wszystkie odczynniki. Natomiast w procedurze dwuetapowej musi przygotować dwie próbki i dwukrotnie mieszać odczynniki.

Ta dwukrotna manipulacja materiałem genetycznym jest prawdopodobnie powodem rezygnacji z procedury dwuetapowej przez laboratoria diagnostyczne. Obawiają się one, że zwiększy to możliwość przypadkowego zakażenia badanego materiału. Biorąc jednak pod uwagę ogromną ilość wyników fałszywie pozytywnych (2/3 wszystkich pozytywnych wyników), wydaje się, że prawdopodobieństwo zakażenia materiału w procedurze dwustopniowej byłoby mniejszym problemem.

Ponadto procedura dwustopniowa mogłaby rozwiązać pewne problemy z niespecyficznym przyłączaniem się starterów do ludzkiego RNA podczas odwrotnej transkrypcji ze względu na niższą temperaturę tej reakcji niż w reakcji PCR. W konsekwencji może to prowadzić do wyników fałszywie pozytywnych.

W procedurze dwustopniowej możliwe jest dodanie starterów specyficznych dla genów koronawirusa po reakcji odwrotnej transkrypcji. Samą odwrotną transkrypcję można wówczas przeprowadzić przy pomocy uniwersalnego startera oligo dT, który przyłącza się specyficznie do mRNA (informacyjny RNA). Dzięki temu można wyeliminować większość wyizolowanego ludzkiego rRNA (rybosomowe RNA, 95% udziału), który odpowiada frakcji związanej z rybosomami (rybosomy uczestniczą w syntezie białek).

Ponieważ koronawirus ma RNA podobne do ludzkiego mRNA, efektywność przekształcenia RNA wirusowego na cDNA byłaby zdecydowanie wyższa niż w przypadku dodawania starterów specyficznych na etapie reakcji odwrotnej transkrypcji. Tym samym mielibyśmy szansę na większą wiarygodność wyników.

Bardzo szczegółowo opisują Państwo poszczególne problemy związane z reakcją RT-qPCR, odnosząc się do procedur i chemizmu reakcji. Ja mam jednak pewną wątpliwość związaną z samą procedurą. W wywiadzie dla ALTER SHOT TV opisała Pani ideę reakcji

RT-PCR, jednakże użyła tam Pani stwierdzenia „hybryda złożona z RNA i DNA”. Tymczasem w przestrzeni publicznej funkcjonuje cDNA. Użycie terminu „hybryda” spotkało się z krytyką ze strony niektórych profesorów wirusologii. Zapytam prowokacyjnie: czy popełniła Pani błąd?

KP: Oczywiście, że nie popełniłam błędu, chociaż błądźć jest rzeczą ludzką, a mądrość polega na umiejętności przyznania się do błędu i zrewidowania swoich poglądów. Niestety, tym razem błędzą profesorowie, wirusolodzy, którzy twierdzą, że użycie słowa „hybryda” w odniesieniu do odwrotnej transkrypcji jest nieuprawnione, gdyż „nie powstaje hybryda DNA-RNA, tylko tzw. komplementarne DNA,cDNA”.

Reakcja odwrotnej transkrypcji polega na przepisaniu RNA na dwuniciowe DNA, które nazywane jest cDNA, gdyż cząsteczka DNA jest kolinearna do RNA, czyli ma jedną nić identyczną jak RNA, a drugą komplementarną. Zapis cDNA pozwala odróżnić DNA powstałe na matrycy RNA w wyniku odwrotnej transkrypcji od genomowego DNA. Ma to ogromne znaczenie przy deponowaniu sekwencji w bazach danych, ponieważ zapis cDNA od razu mówi nam, że DNA zawiera tylko geny, a dokładniej jedynie część kodującą genów (tzw. egzony), i jest pozbawione wszelkich innych sekwencji.

Reakcja odwrotnej transkrypcji jest przeprowadzana w dwóch etapach. W pierwszym etapie cząsteczka RNA jest matrycą do syntezy pierwszej nici DNA za pomocą enzymu

odwrotnej transkryptazy. W wyniku tej reakcji powstaje hybryda RNA-DNA, cząsteczka, która składa się z jednej nici RNA i jednej DNA połączonych słabymi wiązaniami wodorowymi. Jest to cząsteczka niestabilna zarówno w laboratorium, jak i w organizmach żywych oraz w wirusach.

W drugim etapie hybryda RNA-DNA jest przekształcana w dwuniciową cząsteczkę cDNA. Proces ten polega na trawieniu fragmentów RNA w hybrydzie RNA-DNA, co prowadzi do powstania luk w łańcuchu RNA. Luki te są dosyntetyzowane przez polimerazę DNA. Jest to tzw. synteza drugiej nici cDNA. W jej efekcie otrzymujemy cząsteczkę, która ma jedną, ciągłą nić DNA (pierwsza nić) oraz jedną nić złożoną z fragmentów DNA i RNA (druga nić). Dopiero tę cząsteczkę możemy wykorzystać w reakcji PCR.

Oczywiście w procedurach laboratoryjnych oba te etapy odwrotnej transkrypcji są przeprowadzane w jednej probówce. Eksperymentator ma wrażenie, że przeprowadza jedną reakcję. Jednakże nie zwalnia go to z posiadania wiedzy na temat procesu, który wykorzystuje. Tym bardziej że jest to wiedza podstawowa, przekazywana w ramach kursów biologii i genetyki molekularnej na studiach przyrodniczych i medycznych. Zasady reakcji odwrotnej transkrypcji wraz z powstawaniem hybrydy RNA-DNA są opisane w anglojęzycznej Wikipedii. Można się także z nimi zapoznać na naszej stronie internetowej⁴⁷.

⁴⁷ Zob. www.matgen.pl - strona poświęcona biologu medyc|, molekularnej i genetyce.

RZ: Warto dodać, że proces odwrotnej transkrypcji to nie wymysł biologów molekularnych, ale zjawisko występujące w przyrodzie u niektórych wirusów RNA (np. wirus HIV). Odwrotna transkrypcja może także zachodzić w komórkach roślin i zwierząt, w tym człowieka. We wszystkich tych organizmach występują tzw. retrotranspozony, czyli geny, które potrafią się przemieszczać, tzn. zmieniać swoje miejsce w genomie.

Omawiana grupa przemieszcza się w ten sposób, że najpierw sekwencja DNA retrotranspozonu jest kopiowana na RNA, a następnie z RNA na DNA za pomocą odwrotnej transkryptazy. W procesie tym powstaje najpierw hybryda RNA-DNA, a potem dwuniciowe DNA. Odwrotną transkryptazą jest także enzym telomeraza niezbędny dla prawidłowego utrzymania struktury chromosomów. Wreszcie hybryda RNA-DNA powstaje podczas transkrypcji (przepisanie informacji z DNA na RNA) u wszystkich organizmów żywych.

Powstanie hybrydy RNA-DNA w procesie transkrypcji jest nieodłącznie związane z mechanizmem syntezy kwasów nukleinowych. Niestety, błąd dotyczący negowania powstawania hybrydy RNA-DNA w procesie odwrotnej transkrypcji nie jest jedynym, na który natknąłem się, słuchając wypowiedzi ekspertów w związku z tzw. pandemią. Jakiś czas temu profesor zanego polskiego uniwersytetu, omawiając koronawirusa, pomylił kod genetyczny (reguła określająca sposób przetłumaczenia informacji zawartej w kwasie nukleinowym na białko, rodzaj szyfru), który jest

taki sam u wszystkich organizmów żywych, z informacją genetyczną, czyli sekwencją nukleotydów w DNA, która jest unikalna dla poszczególnych gatunków, a nawet osobników.

Za takie błędy studenci dostają oceny niedostateczne, tymczasem profesorom od pandemii uchodzi to na sucho. Wraca w tym miejscu problem atomizacji nauki oraz jej korporacyjno-biznesowego charakteru wspieranego przez media głównego nurtu. Niestety te problemy w czasie tzw. pandemii uderzyły ze zwiększoną siłą, doprowadzając do zapaści gospodarki, bezprecedensowego prześladowania społeczeństwa i niszczenia więzi międzyludzkich w imię łagodnego wirusa.

Co mogą wykryć startery specyficzne dla korotiawirasa?

Kilka tygodni temu pojawiła się informacja, jakoby jeden ze starterów wykorzystywanych w testach PCR na koronawirusa był zgodny z sekwencją genu zlokalizowaną na chromosomie 8 człowieka. Przeciwnicy pandemii dostali wiatru w żagle, gdyż obecność koronawirusowej sekwencji w genomie ludzkim dowodziła niewiarygodności pozytywnych wyników testu PCR na koronawirusa. Informację tę uznano za sensacyjną.

RZ: Nie jest to żadna sensacja. Raczej zdziwiłbym się, gdyby było inaczej. Obecność sekwencji podobnych (homologicznych) u różnych organizmów jest zjawiskiem

powszechnym. To właśnie te sekwencje homologiczne powodują, że w reakcji PCR należy wykorzystywać czysty materiał genetyczny organizmu, który badamy.

Jeżeli mamy mieszaninę materiału genetycznego różnych organizmów, to niekoniecznie wykryjemy to, co chcemy. Zamiast docelowej sekwencji możemy wykryć homologi. Oczywiście nie zawsze to przeszkadza. Jeżeli chcemy ocenić skażenie mikrobiologiczne żywności, to na ogół zależy nam na stwierdzeniu obecności jakichkolwiek mikroorganizmów. Żywność powinna być mikrobiologicznie czysta. Otrzymanie w tym przypadku pozytywnego wyniku testu PCR jest oczekiwanym rezultatem.

Czasami wykorzystujemy parę starterów do wykrywania homologów u różnych organizmów, aby badać ewolucję genów. Jednym z takich genów jest gen kodujący katalazę -peroksydazę u bakterii. Homologi tego genu znajdujemy u roślin i zwierząt, w tym u człowieka.

Innym przykładem są geny homeotyczne, które odpowiadają za symetrię osiową. Geny te są podobne u muszki owocowej i ssaków w 90%. Wreszcie w genomie człowieka znajdują się sekwencje HERV-K, które są niezbędne w procesie embriogenezy i wykazują podobieństwo do genów wirusa HIV. Prawdopodobnie wniknęły do genomu naszych przodków 30 mln lat temu.

Takich przykładów możemy wymieniać mnóstwo. Pokazują one, że genom człowieka jest efektem milionów lat ewolucji. Wiele aspektów jest dla nas jeszcze nieznanymi, zaś

wirusy obecne w naszym środowisku stanowią istotny element naszego rozwoju ewolucyjnego. Dlatego historyczne działania ograniczające kontakty międzyludzkie i kontakty ze środowiskiem (maseczki) w dłuższej perspektywie pogorszą naszą kondycję zdrowotną. Powyższe zalecenia byiyby zrozumiały w przypadku wysokiej śmiertelności wirusa, ale gdy 80% społeczeństwa przechodzi zakażenie bezobjawowo, to tzw. reżim sanitarny brzmi jak groteska.

KP: W diagnostyce zakażeń zależy nam na wykryciu konkretnego czynnika chorobotwórczego, a nie homologa. Dlatego musimy tak projektować reakcję PCR, aby była ona wysoce specyficzna. Wykorzystanie mieszaniny materiału genetycznego różnego pochodzenia, jak to ma miejsce w przypadku koronawirusa, aż się prosi o problemy. Dziwi mnie jedynie brak wiedzy ewolucyjnej u specjalistów, wirusologów i diagnostów, którzy ślepo wierzą w moc specyficznych starterów.

Zwolennicy pandemii jednak uznali informację o sekwencjach koronawirusowych w genomie człowieka za *fake news* i natychmiast wytoczyli cały arsenat dowodzący, że autorzy tej informacji popełnili błąd krytyczny. Jaka jest Państwa opinia na temat tej wiadomości?

KP: Pojawił się festiwal zarzutów pod adresem Instytutu Pasteura, bo podobno stamtąd wyszła ta „sensacyjna” informacja. Aby ocenić, czy podczas analiz bioinformatycznych

Tabela 1. Wyniki przeszukiwania genomu ludzkiego (baza HumanRefSeq_gene) za pomocą starterów 2019-nCoV_N1 z wykorzystaniem programu BLAST (blastn) w bazie NCBI

Symbol startera	Chromosom	Gen	Bofaycle [%]	Podobieństwo
2019-nCoV_N1 F	12	<i>Mt\$Mamwe 1321></i>	100	100
	12	białko aktywujące GTPazę Rho, SLIT-ROBO (SR-GAP1), NG_051659 1	90	100
	2	kompleks utrzymujący minichromosomy (MCM6), NG_051659 1	100	100
	2	fosfolipazaB1 (PLB1), NG_051297 1	85	94,12
	1	białko nośnikowe AL (SLCA1), NG_030006 1	90	100
	13	c/ynnik B zwią/any z kohezyną (PDS5B), NG_021308 2	95	100
2019-nCoV_N1 R	12	białko błonowe 132D (TMEM132D), NG_052808 1	100	100
	12	białko centrosomu 83 (CEP82), NG_051825 1	100	100
	2	białko EH(EHPB1), NG_016758 2	100	100
	2	białko 11 błonowych kanałów potasowych (KCNH7), NG_041938 1	100	100
	1	białko adaptorowe DAB (DAB1), NGJM6914 2	100	100
	13	białko wiążące ATP (ABCC4), NG_050651 1	95	100

*W poszukiwaniach wykorzystano sekwencję startera Forward, ponieważ jest ona identyczna jak sekwencja nici DNA zdeponowanej w bazie NCBI. Sekwencja startera Reverse jest komplementarna do nici zapisanej w bazie NCBI. Sekwencja startera Reverse 5' TCT GGT TAC TGC CAG TTG AAT CTG3' została przepisana od końca 3', czyli 3'GTC TAA GTT GAC CGT CAT TGG TCT5', a następnie przekształcona na sekwencję komplementarną 5'CAG ATT CAA CTG GCA ACC AGA3', która została wykorzystana w programie BLAST do przeszukiwania sekwencji podobnych w genomie człowieka. W sumie zidentyfikowano co najmniej 100 sekwencji za pomocą każdego ze starterów. W tabeli 1 przedstawiono przykładowe wyniki

popołniono błąd, należałoby je prześledzić. Sama analiza me jest skomplikowana, aczkolwiek wymaga znajomości terminologii i umiejętności dobrania parametrów analizy. Pełna sekwencja genomu człowieka jest dostępna w bazie NCBI. Wykorzystując narzędzie BLAST, można samodzielnie wykonać taką analizę.

Dla mnie w tej analizie niejasne było tłumaczenie sekwencji startera na sekwencję aminokwasów. Miałoby to uzasadnienie, gdybyśmy chcieli przeprowadzić analizy ewolucyjne, gdyż sekwencja aminokwasów jest mniej zmienna niż sekwencja DNA. Reakcja PCR jest prowadzona z wykorzystaniem DNA, dlatego moim zdaniem analizę należało przeprowadzić na poziomie DNA genomowego, ewentualnie wykorzystując sekwencje transkrybowane.

RZ: Dlatego czasami warto być niedowiarkiem i wykonać własne analizy, takie jak te, które zamieszczamy obok w tabeli 1. Postanowiliśmy poszukać w genomie człowieka sekwencji podobnych do starterów wykorzystywanych w reakcji PCR wykrywających zakażenie koronawirusem. Do analiz wykorzystaliśmy startery opisane przez panel CDC 2019-n-CoV-2 jako specyficzne dla genu N koronawirusa i oznaczone symbolami 2019 nCoV_N1 F (starter Forward) oraz 2019 nCoV_N1 R (starter Reverse).

Matrycą był genom człowieka (DNA) zdeponowany w bazie HumanRefSeq_gene (NCBI). Zawiera ona przede wszystkim geny, a więc sekwencje transkrybowane. Oznacza to, że możemy je znaleźć zarówno w DNA, jak i w RNA człowieka.

Startej" Forward ma sekwencję taką jak mRNA oraz nić DNA zdeponowana w NCBI (sensowna, kodująca). Starter Reverse jest komplementarny do nici sensownej, dlatego przed wykonaniem analiz odpowiednio go przekształciliśmy.

Oba startery bez problemu znalazły około sto podobnych sekwencji w genomie człowieka. Wiele z nich dotyczyło istotnych genów związanych z cyklem komórkowym, strukturą jądra, szlakami sygnałowymi. Kilka z tych znalezionych sekwencji przedstawiliśmy w tabeli 1. Warto zwrócić uwagę, że w każdym z czterech zaprezentowanych chromosomów podobne sekwencje znajduje zarówno starter Forward, jak i Reverse. Tym samym można wyobrazić sobie reakcję PCR, w której startery przyłączają się do np. sekwencji z chromosomu 2 w orientacji umożliwiającej amplifikację, czyli powielenie fragmentu ludzkiego DNA.

KP: Chyba najciekawszy jest wynik dla białka błonowego 132D (TMEM132D), którego gen zlokalizowany jest na chromosomie 12. Otóż zarówno starter Forward, jak i Reverse znajdują podobną sekwencję w tym genie, tym samym umożliwiając jego amplifikację (gen zaznaczony na zielono w tabeli 1). A zatem, wykorzystując startery na koronawirusa, można zamplifikować gen ludzki.

Podobieństwo sekwencji starterów do sekwencji genów człowieka na poziomie 100% w zasadzie umożliwia taką amplifikację bez zmiany profilu termicznego. Nie oznacza to, że taka reakcja z pewnością zajdzie. Przy dużej ilości materiału koronawirusowego w próbce, zapewne to on właśnie będzie

powielany preferencyjnie, głównie ze względu na łatwiejszy dostęp do matrycy koronawirusowej niż ludzkiej (mała odległość pomiędzy starterami, duża ilość sekwencji docelowej).

Problem zaczyna się, gdy wirusa jest mało lub go nie ma. Oczywiście sekwencja TMEM132D, która byłaby amplifikowana przez startery koronawirusowe, byłaby znacznie dłuższa niż przewidywany produkt reakcji dla koronawirusa, a tym samym wymagałaby dłuższych czasów wydłużania DNA (etap elongacji) oraz większej liczby cykli niż gen N koronawirusa.

Problem w tym, że liczba cykli rekomendowanych dla koronawirusa wynosi 40-45 (CDC 2019-nCoV-2), a to wystarcza do namnożenia dłuższych fragmentów genu TMEM132D. Z pewnością ograniczenie liczby cykli RT-qPCR pozwoliłoby przynajmniej częściowo uniknąć problemu amplifikacji długiego genu ludzkiego. Jest prawdopodobne, że ilość ludzkiego materiału genetycznego przy np. 20-25 cyklach byłaby zbyt mała, aby przekroczyć wartość, poza którą odczytuje się wynik jako pozytywny.

Czy nie jest tak, że w reakcji PCR zawsze wykorzystuje się dwa specyficzne startery, które przyłączają się w ściśle określony sposób i nie ma możliwości, aby przyłączyły się w innym miejscu lub w innej orientacji? Podobno tylko jedna nić DNA jest kodująca.

KP: Gdybyśmy zawsze wiedzieli, która nić jest kodująca oraz gdybyśmy byli pewni, że startery przyłączają się w ściśle

określonym miejscu, do którego pasują jak klucz do zamka, to nie rozmawialibyśmy dzisiaj. Nie byłoby o czym, gdyż test PCR byłby w 100% wiarygodny. Niestety tak nie jest.

Pojęcia „nić kodująca” (sensowna) oraz „niekodująca” (antysensowna) mają znaczenie porządkujące. Umożliwiają jednorodny zapis w bazach danych, w których jest podana sekwencja tylko jednej nici. Przyjęto, że zaczyna się ona od końca 5' oraz że domyślnie jest to nić kodująca (sensowna), czyli mająca identyczną sekwencję jak mRNA. W większości przypadków nie wiemy, która nić jest kodująca, aż do momentu gdy zidentyfikujemy produkt genu. W rzeczywistości sekwencje kodujące są na obu niciach, np. sekwencja genu A jest na nici sensownej, a genu B na nici antysensownej. Konsekwencją tego jest uwzględnianie wszystkich możliwości w analizach bioinformatycznych.

RZ: Pojęcia „starter Forward” i „Reverse” też mają znaczenie umowne. Przyjęto, że starter Forward ma sekwencję identyczną jak nić sensowna i znajduje się na początku sekwencji przeznaczonej do powielenia. Starter Reverse jest komplementarny do nici sensownej i zlokalizowany na końcu powielanej sekwencji. W reakcji PCR z cDNA koronawirusa startery te przyłączają się tak, jak zaprojektowaliśmy, czyli Forward na początku, a Reverse na końcu.

Wynika to ze znajomości produktu powielanego genu, co pozwala jednoznacznie zidentyfikować nić sensowną. Sytuacja wygląda inaczej, gdy rozpatrujemy możliwość powielenia DNA lub cDNA ludzkiego przy pomocy starterów

koronawirusowych. Tutaj nie wiemy, która nić jest sensowna. Sekwencje podobne mogą być rozrzucone po całym genomie. Startery mogą się przyłączyć do DNA ludzkiego w dowolnej orientacji. Przykładowo, starter Reverse może przyłączyć się na początku, a Forward na końcu sekwencji nr 1.

Oczywiście nie oznacza to, że każda para starterów znajdzie sekwencje podobne w genomie człowieka w stosunkowo bliskiej odległości (około 1000-5000 par zasad) i przeprowadzi amplifikację (powielenie fragmentu w reakcji PCR). Z drugiej strony literalne trzymanie się nazewnictwa nie ma wiele wspólnego z rzeczywistością i może prowadzić do błędnego wrażenia, że dana para starterów nie jest w stanie przeprowadzić amplifikacji w innym genomie niż koronawirus.

KP: Warto pamiętać, że produkty reakcji PCR niekoniecznie muszą być efektem amplifikacji sekwencji oflankowanej parą starterów Forward i Reverse. Oczywiście, jeżeli startery są specyficzne dla koronawirusa i PCR prowadzimy tylko z cDNA koronawirusa, to powstaną jedynie fragmenty, które na początku mają starter Forward, a na końcu Reverse. Natomiast gdy matrycą jest DNA/cDNA ludzkie, to mogą powstać trzy typy fragmentów: oflankowane starterami Forward i Reverse, oflankowane z dwóch stron starterami Forward oraz oflankowane z dwóch stron starterami Reverse. Reakcja jednoimienna (Forward-Forward lub Reverse-Reverse) zajdzie, gdy starter znajdzie na obu niciach

w niewielkiej odległości sekwencje komplementarne. Tak więc, aby ocenić możliwość amplifikacji sekwencji ludzkich

za pomocą slarterów koronawirusowych w reakcji *in silico* (w komputerze), należy uwzględnić wszystkie opcje.

Domyślam się, że zaraz usłyszę głosy oburzenia: jak to, w reakcji PCR niezbędne są dwa różne startery: Forward i Reverse. Upředzając te zarzuty, przypominam, że istnieją liczne techniki PCR (markery DNA typu RAPD, DAE AP-PCR), które wykorzystują tylko jeden starter. Wówczas starter przytacza się do sekwencji komplementarnych na obu niciach, przy czym muszą one znajdować się na tyle blisko, aby polimeraza mogła przeprowadzić reakcję.

Stosując startery Forward i Reverse w reakcji PCR z dużymi genomami, zwłaszcza gdy sekwencji docelowych może być dużo (np. miejsca insercji transpozonów, czyli genów, które mogą się przemieszczać w genomie), zawsze powstają trzy typy fragmentów i dopiero dodatkowa reakcja PCR, tzw. selektywna amplifikacja, pozwala wyeliminować np. fragmenty jednoimienne. Upieranie się, że istnieje tylko jedna możliwość przyłączenia się starterów, jest myśleniem życzeniowym i dowodzi nieznamomości genomów oraz procesów molekularnych.

Startery, czyli dlaczego tak mato jest wyników pozytywnych

Wydaje mi się, że mamy do czynienia z pewną sprzecznością. Państwo dowodzą, że istnieje możliwość amplifikacji DNA ludzkiego przy pomocy

starterów **koronawirusowych**. Jednocześnie udział testów pozytywnych na koronawirusa w ogólnej puli testów nie przekracza **5%**. Jeżeli startery na koronawirusa wykrywałyby sekwencje ludzkie, to powinniśmy mieć 99% testów pozytywnych.

RZ: Skupialiśmy się na wynikach fałszywie pozytywnych, gdyż to one są szczególnie dotkliwe dla dotkniętych nimi osób. W praktyce częściej mamy do czynienia z wynikiem fałszywie negatywnym, który oznacza, że test nie wyszedł z przyczyn związanych z przebiegiem reakcji. Diagnosta odczytuje wtedy wynik negatywny. Nie jest jednak wykluczone, że pacjent jest zakażony koronawirusem.

Wcześniej mówiliśmy o nieefektywnej odwrotnej transkrypcji, możliwości inhibicji polimerazy DNA przez bufony dla odwrotnej transkryptazy. Inhibitorami reakcji PCR mogą być również zanieczyszczenia komórkowe oraz pozostałości odczynników użytych do izolacji.

KP: Najistotniejszym czynnikiem wpływającym na negatywne wyniki są startery, które są elementem, który w głównej mierze odpowiada za specyfikę reakcji. Dobrze zaprojektowany starter powinien mieć określoną długość (najczęściej około 20 par zasad), stabilność, która związana jest z przewagą zasad GC (powyżej 50%) oraz stabilnością końca 3'.

Startery nie powinny reagować ze sobą, tworząc tzw. homodimery (łączą się wówczas dwa identyczne startery) lub heterodimery (łączą się różne startery). Analiza

starterów wykorzystywanych w teście PCR na koronawirusa nie jest łatwa, ponieważ producenci kitów niechętnie udostępniają takie informacje, zasłaniając się prawami patentowymi lub odwołując do list starterów rekomendowanych przez CDC i WHO.

Panel CDC 2019-n-CoV-2 wymienia na cele diagnostyczne tylko akceptowane zestawy, ale nie podaje sekwencji starterów. Sekwencje te są podane w części opisanej jako startery do badań. Dodatkowo w przestrzeni publicznej można znaleźć startery podane przez Instytut Pasteura i startery używane przez Chiński Instytut Kontroli oraz Zapobiegania Chorobom Wirusowym (CDC Chiny).

RZ: Mówiąc o trudnościach w dostępie do informacji o starterach, można dojść do wniosku, że nie mam prawa wiedzieć, jaki test/lek mi się aplikuje. Zastanawiam się, czy nie jest to przejaw komercjalizacji nauki posuniętej do granic rozsądku, o czym mówiliśmy w wywiadzie dla ALTER SHOT TY. Przez wiele lat podstawą pracy badawczej było samodzielne projektowanie starterów oraz optymalizacja reakcji PCR. Teraz proponuje mi się kit, o którym niewiele wiem, łącznie z brakiem informacji o starterach. Optymalizacja takiego kitu jest praktycznie niemożliwa. W efekcie o wynikach testu decyduje firma, która może go lepiej lub gorzej skomponować.

Oczywiście mogę samodzielnie skorzystać z sekwencji koronawirusa zdeponowanych w bazie NCBI i zaprojektować startery np. dla genu N. Obawiam się jednak, że

szybko okazałoby się, że ktoś ma patent na ten gen i nie mogę bezkarnie projektować starterów, nawet gdybym wyizolował koronawirusa np. ze swojego wymazu i samodzielnie go zsekwencjonował.

Doszliśmy do sytuacji, w której coś, co jest elementem mojego organizmu, nie zawsze jest moją własnością. Może trochę przejęskrawiam, ale liczne procesy sądowe dotyczące patentowania ludzkich genów potwierdzają te obawy. Przykładowo genów człowieka nie można patentować, bo jest to produkt naturalny. Natomiast cDNA otrzymany na bazie danego genu już można⁴⁸.

To oddzielenie procesu badawczego od komercyjnych zastosowań prowadzi do powszechnego przekonania, że materiał genetyczny do PCR nie musi być czysty, że w odwrotnej transkrypcji nie powstaje hybryda, tylko od razu gotowa cząsteczka cDNA, że PCR jest łatwy do wykonania, gdyż wystarczy zmieszać zawartość np. dwóch probówek. Te nieszczęsne testy PCR na koronawirusa pokazały, że posunięty do granic możliwości scjentyzm w połączeniu z zastosowaniami komercyjnymi utracił z pola widzenia człowieka.

KP: Pomimo nadmienionych trudności postanowiliśmy przeanalizować wszystkie dostępne startery pod kątem prawidłowości ich zaprojektowania. Wnioski są niestety zatrważające. Tylko jedna para starterów specyficzna dla genu ludzkiej RNazy P (panel CDC 2019-nCoV-2) pozwala na przeprowadzenie specyficznej reakcji z minimalizacją

⁴⁸ *Process Assoaatwnfor Molecular Pathologyv. MyriadGenettcs.*

Tabela 2 Charakterystyka starterów wykorzystywanych w testach RT-qPCR wykrywających koronawirusa
W analizie pominięto starter dla sondy fluorescencyjnej, ponieważ przyłącza się ona do produktu reakcji PCR.

Tym samym nie wpływa na specyfikę reakcji na etapie przyłączania starterów

Symbol starterem	Gen	Sekwencja (5'→3')	Liczba nt nukleotydów (diagnoza)	GC [%]	Hoiaio-dtoieiy ³ Max. AG [kcal/mol]	Hetero ⁴ -ełteery ³ Max. AG [kcal/mol]	Temperatura topnienia starterów ⁴ [°C]	Temperatura przyłączenia starterów [°C]		Literatura
								Gptyin&laa	Stosowana	
2019-nCoV_N1 F ⁻	N	GAC CCC AAAATC AGCGAAAT	20	45	niestabilne -3,6	stabilne -5,0	48,4	48-53 duża różnica pomiędzy starterami	55	CDC 2019-nCoV-2
2019-nCoV_N1 R ⁻		TCT GGT TAC TGC CAG TTG AAT CTG	24	46	stabilne -6,6		53,7			
2019-nCoV_N2 F ⁻	N	TTACAAACATTG GCCGCAA	21	38	b. stabilne -9,28	stabilne -6,75	46,9	46-50	55	CDC 2019-nCoV-2
2019-nCoV_N2 R ⁻		GCG CGA CAT TCC GAAGAA	18	56	b, stabilne -10,36		49,3			
2019-nCoV_N3 F ⁻	N	GGG AGC CTT GAA TAC ACCAAAA	22	45	niestabilne -3,9	stabilne -4,3	51,3	50-52	55	CDC 2019-nCoV-2
2019-nCoV_N3 R ⁻		TGTAGCACGATT GCAGCATTG-	21	48	stabilne -7,1		50,8			
N-F	N	GGG GAA CTT CTC CTGCTAGAAT	22	50	stabilne -5,1	stabilne -4,7	53,1	51-53	55	CDC Chiny
N-R		CAG ACA TTT TGC TCTCAAGCTG	22	45	stabilne -6,3		51,3			
RP-F	RNaza P ludzka	AGA TTT GGA CCT GCGAGCG	19	58	niestabilne -3,6	stabilne -6,6	52,1	52-55	55	CDC 2019-nCoV-2
RP-R		GAG CGG CTG TCT CCA CAAGT	20	60	stabilne -4,7		54,5			

ORFlab-F	ORF, nukleoproteina	CCC TGT GGG TTTT AACTTAA	20	45	stabilne -6,1	niestabilne -3,4	48,4	47-49	55	CDC Chiny
ORFlab-R		ACGATTGTGCAT CAG CTGA	19	47	b. stabilne -13,4		47,7			
CoVIP2 F ⁻	RdRp	ATG AGC TTA GTC CTG TTG	18	44	stabilne -6,4	niestabilne -3,2	44,8	44-45	55-58	Instytut Pasteura
CoVIP2 R ⁻		CTC CCI TTG TTG TGTTGT	18	44	b. stabilne -3,9		44,8			
CoVIP4 F ⁻	RdRp	GGTAACTGGTAT GATTTCG	19	42	niestabilne -3,6	stabilne -4,3	45,6	45-47	55-58	Instytut Pasteura
CoVIP4 R ⁻		CTG GTCAAG GTT AAT ATA GG	20	40	stabilne -4,9		46,3			
RdRp_SARSr F ⁻	RdRp	GTG ARATGG TCA TGTGTG GCGG	27	55	stabilne -5,4	stabilne -6,5	54,9	48-53 duża różnica pomiędzy starterami	55	Eurorins-Genomics
RdRp_SARSr R ⁻		CARATG TTA AAS ACACTATTAGCATA ¹	26	27	stabilne -5,2		47,9			
E_Sarbeco F ⁻	E	ACAGGTACG TTA ATAGTTAAT AGC GT	26	35	stabilne -6,3	stabilne -8,1	51,0	50-52	55-58	Instytut Pasteura
E_Sarbeco R ⁻		ATATTG CAG CAG TAC GCA CAC A	>2	45	stabilne -7,1		51,3			

F = starter Forward, R = starter Reverse,

t = puryna, czyli guanina lub adenina, S = guanina lub cytozyna.

Hetero- i homodimery określone zostały na podstawie entalpii swobodnej startera. Wartości AG>0 (G większe od 0) oznaczają brak dimerów, AG<0 (G mniejsze od 0) oznaczają występowanie dimerów, przy czym przyjęto, że AG od -4 do 0 oznacza niestabilne struktury drugorzędowe, które nie powinny stanowić problemu, a temperatura przyłączania starterów powinna odpowiadać temperaturze topnienia; wartości od -8,9 do -4,1 oznaczają stabilne struktury drugorzędowe, ich likwidacja wymaga podniesienia temperatury przyłączania starterów; AG<-9 kcal/mol oznaczają bardzo stabilne struktury drugorzędowe, które wymagają znacznego podniesienia temperatury przyłączania starterów, rekomendowane przeprojektowanie startera.

Temperatura topnienia starterów obliczona dla sekwencji >13 par zasad według wzoru $81,5 + 16,6 (\log Na^+) + 41 * (G+C) / \text{długość startera} - 600 / \text{długość startera}$. Dla typowego stężenia Na^+ wynoszącego 0,05mM wzór przyjmuje postać $59,9 + 41 * (G+C) / \text{długość startera} - 600 / \text{długość startera}$. Temperatura topnienia jest temperaturą, w której 50% starterów występuje w postaci dupleksów starter-matryca, czyli jedno 50% starterów jest połączonych z matrycą, a drugie 50% występuje w postaci jednoniciowej.

Zalecana temperatura przyłączania starterów wynosi maksymalnie +/- 5°C w stosunku do temperatury topnienia starterów.

wyników fałszywie negatywnych, co pokazane jest w tabeli 2, gdzie startery zaznaczone są na zielono. Jest to jedyna para, w której oba startery mają więcej niż 50% par GC, co zwiększa ich stabilność. Startery te mają zbliżoną i wysoką temperaturę topnienia, co pozwala na zastosowanie stosunkowo wysokiej temperatury przyłączania starterów. Jest ona nieznacznie wyższa (1°C) od temperatury topnienia starterów, co stwarza szansę na rozbitcie dimerów oraz przyłączenie się starterów do matrycy. Dimery, czyli efekty reakcji starterów samych ze sobą, znacznie obniżają efektywność reakcji PCR. Startery nie przyłączają się do matrycy, tym samym generując wyniki fałszywie negatywne, jeżeli produkty reakcji są krótkie, to dimery mogą być mylone z właściwym produktem, dając wyniki fałszywie pozytywne.

Niestety, stabilne dimery, zaznaczone na żółto w tabeli 2, powstają dla wszystkich par starterów. Szczególnie problematyczne są oba startery 2019-nCoV-N2, które tworzą silne struktury drugorzędowe (w tabeli 2 zaznaczone na czerwono). W zasadzie powinny one zostać przeprojektowane, gdyż stwarzają duże prawdopodobieństwo wyników fałszywie negatywnych. Uzyskane przez nas wyniki nie są odosobnione. Chociażby Park i pozostali autorzy tej publikacji (2020) zwracali uwagę na problemy ze starterami w testach PCR na koronawirusa.

RZ: Kolejnym aspektem związanym ze starterami jest temperatura ich przyłączania się do matrycy. Jest to

najważniejszy parametr wpływający na specyfikę reakcji. Temperaturę tę wyznacza się na podstawie tzw. temperatury topnienia starterów, czyli temperatury, w której 50% startera jest połączonego z matrycą.

Za optymalną temperaturę przyłączania przyjmuje się właśnie temperaturę topnienia startera. Jeżeli mamy jeden starter, to sprawa jest prosta, ale w przypadku dwóch starterów idealnie byłoby je dobrać tak, aby miały taką samą lub bardzo zbliżoną temperaturę topnienia. Warunek ten spełnia większość par starterów. Niestety istnieje bardzo duża rozbieżność pomiędzy optymalną temperaturą przyłączania starterów a tą rekomendowaną przez panel CDC dla reakcji qPCR. Stosowana temperatura jest nawet o 7-10°C wyższa od optymalnej wyznaczonej na podstawie starterów.

Ta reakcja nie ma szans zajść prawidłowo. Jeżeli temperaturę przyłączania starterów w reakcji PCR podniemiemy znacznie (np. powyżej 5°C), to startery nie łączą się z matrycą i będą występowały w mieszaninie reakcyjnej jako jednoniciowe fragmenty (zdenaturowane). Zbyt wysoka temperatura uniemożliwia nawet tworzenie dimerów. Z naszej praktyki wynika, że czasami wystarczy podnieść temperaturę przyłączania starterów o 1-2°C powyżej temperatury topnienia, aby reakcja nie wyszła. Czyli wiele wyników negatywnych może wynikać nie tyle z braku matrycy, ile z braku jakiegokolwiek produktu reakcji. Po prostu reakcja nie zaszła.

Przeprowadzający reakcję diagnosta taki rezultat analizy na obecność koronawirusa zakwalifikuje jako wynik negatywny. Wyjściem nie jest obniżenie temperatury, gdyż wówczas startery przytaczają się losowo i mamy wyniki fałszywie pozytywne. Niestety, niezbyt starannie zaprojektowane startery mszczą się później w trudnościach z uzyskaniem wiarygodnych wyników reakcji PCR.

Sekwencjonowanie

Skoro jest tyle problemów z testem PCR, to dlaczego nie stosuje się innej metody diagnozowania? Mówiliście Państwo o sekwencjonowaniu. Dlaczego nie sekwencjonuje się produktu reakcji PCR?

RZ: Powiem przewrotnie: skoro nawet sekwencjonowanie potwierdza tylko 1/3 pozytywnych wyników testu PCR na koronawirusa, to może nikomu się to nie opłaca. W rzeczywistości przyczyn może być kilka. Sekwencjonowanie jest nieco bardziej złożone niż test PCR i być może nie nadaje się do wprowadzenia na masową skalę. Proponowane są testy wykorzystujące sekwencję całego genomu wirusa, tj. 30 tysięcy par zasad (30 kpz), podzieloną na 98 fragmentów. Jednakże takie testy są niewątpliwie drogie i wymagają oprzyrządowania bioinformatycznego. To ograniczyłoby ich wykorzystanie.

Warte rozważenia byłoby sekwencjonowanie tych genów, które wykorzystują obecne testy PCR w przypadku pacjentów z ewidentnymi objawami. Wówczas obciążenie

laboratoriów byłoby mniejsze, leczenie bardziej ukierunkowane, moglibyśmy też uzyskać bardziej wiarygodne informacje o wirusie i jego rozprzestrzenianiu się. Na dłuższą metę byłoby to z pożytkiem dla wszystkich, ponieważ łatwiej byłoby identyfikować osoby zagrożone bez „zamykania” całego społeczeństwa.

KP: Myślę, że problemem we wdrożeniu sekwencjonowania produktów PCR jest ich długość, która dla najczęściej wykorzystywanych genów wirusa: RdRp, E i N wynosi około 100 par zasad. Standardowe sekwencjonowanie metodą Sangera, która wykorzystuje reakcję PCR, na ogół nie daje dobrych rezultatów dla tak krótkich sekwencji.

W laboratoriach badawczych takie krótkie sekwencje specjalnie się przygotowuje, np. wstawia się do bakterii *E. coli* (klonowanie) i w ten sposób można sekwencjonować dłuższe fragmenty. Ewentualnie sekwencjonuje się obie komplementarne nici. Możliwe jest też zastosowanie pirosekwencjonowania, metody pozwalającej na szybki odczyt wielu krótkich fragmentów DNA. Obecnie może ona być wykorzystywana do identyfikacji niektórych bakterii, grzybów i wirusów, w tym wirusa grypy. Wadą tej metody są koszty, wymagana jest bowiem inwestycja w drogi sprzęt. Dlatego sekwencjonowanie na dużą skalę fragmentów PCR identyfikowanych w obecnych testach na koronawirusa raczej nie nadaje się do rutynowej diagnostyki.

Z drugiej strony sekwencjonowanie, zwłaszcza najnowszej generacji (NGS), jest z powodzeniem stosowane

w diagnostyce chorób genetycznych. Oczywiście choroby genetyczne występują rzadziej niż przypadki koronawirusa, ale przecież nie ma potrzeby diagnozowania wszystkich ludzi. Istotne jest, aby diagnostyka służyła wykrywaniu czynnika patogenego u osób z silnymi objawami, ponieważ ułatwia to leczenie i zwiększa szansę na powrót do zdrowia. I w tych przypadkach sekwencjonowanie byłoby dobrym rozwiązaniem. Natomiast testowanie osób, które nie wykazują objawów lub te objawy są tak nieznaczne, że tego nie zauważają, jest zbędnym wydatkowaniem środków publicznych. Przecież nie wykonuje się testu PCR u każdego, kto zgłasza się do lekarza z grypą czy przeziębieniem.

RZ: Należy mieć nadzieję, że to testowe szaleństwo szybko się zakończy, a reakcja PCR zostanie właściwie wykorzystana z uwzględnieniem jej ograniczeń. Życzyłbym sobie, żeby „PCR-yzm” przypominający mroczne czasy Łysenki został zastąpiony rzetelnymi badaniami naukowymi prowadzącymi do diagnostyki zgodnej z potrzebami i naturą człowieka. Oby w imię złe pojętego bezpieczeństwa nie podważano istoty człowieczeństwa, kontaktów społecznych, wolności i prawa do samostanowienia.

Chcielibyśmy serdecznie podziękować Panu dr. Mariuszowi Btochowiakowi za umieszczenie w II tomie *Fałszywej pandemii* naszego uzupełnionego wywiadu dla ALTER SHOT TV oraz za możliwość wypowiedzenia się na łamach niniejszej książki. Jest to dla nas duże wyróżnienie. Jesteśmy pod wrażeniem pierwszego tomu, który wnikliwie oddziela

fakty od szumu medialnego. Mamy nadzieję, że grono naukowców i lekarzy, którzy mają odwagę przeciwstawić się „medialnej pandemii”, przedstawiając dane naukowe zamiast propagandy, będzie się powiększać. Człowiek jest istotą społeczną, tak wyewoluował. Odarcie człowieka z tego ewolucyjnego dziedzictwa oznacza jego zagładę, jego koniec jako gatunku biologicznego.

Bardzo dziękuję za tę tak ważną w dzisiejszej sytuacji rozmowę i mam nadzieję, że przyczyni się ona do szybkiego wycofania testów PCR w diagnostyce koronawirusa i uwolnienia dziesiątek tysięcy ludzi z kwarantanny.

Literatura dotycząca omawianych w wywiadzie zagadnień związanych ze stosowaniem testów PCR:

- Almazan E, Soła L, Zuniga S., Marquez-Jurado S., Morales L, Becares M., Enjuanes L. 2014. Coronavirus reverse genetic systems: infectious clones and replicons. *VirusResearch*, 189:262-270.
- Almazan E, Marquez-Jurado S., Nogales A., Enjuanes L. 2015. Engineering infectious cDNAs of coronavirus as Bacterial Artificial Chromosomes. W: Maier HJ et al. (eds.), Coronaviruses: methods and protocols. *Methods in Molecular Biology*, 1282:135-152.
- CDC 2019-nCoV [2020.08.31]. Centre for Disease Control and Prevention. CDC 2019-Novel Coronavirus (2019-nCoV). Real-Time RT-PCR diagnostic panel. For

- Emergency use only. *CDC-006-00019*, revision: 05. Do-step: <https://www.fda.gov/media/134922/download>.
- CDC Chiny 2020 [30.09.2020]. China CDC. Dostęp: http://ivdc.chinacdc.cn/kyjz/202001/120200_i_21_211337.html.
- Chiu RWK., Jin Y., Chung GTY., Lui W, Chan ATC, Lim W, Lo YMD. 2006. Automated extraction protocol for quantification of SARS-Coronavirus RNA in serum: an evaluation study. *BMC Infectious Diseases*, 6: 20.
- ECDC 2020 [2020.09.12]. European Centre for Disease Prevention and Control. Strategies for the surveillance of CCMD-19. *Technical guidance*. 9 April 2020. Dostęp: <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/strategies-surveillance-covid-19>.
- GoTaq Promega 2020 [2020.09.12]. GoTaq probe 1-step. RT-qPCR system. Instruction for use of products A6120, A6121. Technika! manual. Dostęp: <https://pl.promega.com/resources/protocols/technical-manuals/101/gotaq-probe-1-step-rt-qpcr-system-protocol/>.
- Hernandez-Huerta MT., Perez-Campos Mayoral L., Sanchez Navarro LM., Mayoral-Andrade G., Perez-Campos Mayoral E., Zenteno E., Perez-Campos E. 2020. Should RT-PCR be considered a gold standard in the diagnosis of CCMD-19. *J Med Vir*. Letters to editors. 2020: 1-2.
- Li X., McHugh GA., Damie N., Sikand VK., Glickstein L., Steere AC. 2011. Burden and viability of *Borrelia burgdorferi* in skin and joints of patients with erythema

migrans of Lyme arthritis. *Arthritis & Rheumatism*, 63:2238-2247.

Ministerstwo Zdrowia 2020 [2020.09.12]. Rekomendacje dotyczące walidacji badań molekularnych w kierunku SARS-CoV-2 w sieci laboratoriów COVID. Dostęp: <https://www.gov.pl/web/zdrowie/rekomendacje-dotyczacc-walidacji-badan-molekularnych-w-kierunku-sars-cov2-w-sieci-laboratoriow-covid>.

Park M., Won J., Choi BY., Lee J. 2020. Optimization of primer sets and detection protocols for SARS-CoV-2 coronavirus disease 2019 (**COVID-19**) using PCR and real-time PCR. *Experimental & Molecular Medicine*, 52:963-977.

Polok K., Zieliński R. [2020.09.28]. Prof. Kornelia Polok i Prof. dr hab. Roman Zieliński. PCR-ym - o prawdziwej roli testów. Dostęp: <https://youtu.be/MJP-FuWZJmjs>.

QIAamp viral RNA Mini handbook, nr 52904, 52906. 2020.
 QIAGEN HB00354-0007 07/2020.

Rosano A., Bella A., **Gesualdo E.**, Acampora A., Pezzotti P.,

Marchetti S., Ricciardi W, Rizzo C. 2019. Investigating the impact of influenza on excess mortality in all ages in Italy during recent seasons (2013/2014-2016/2017). *International Journal of Infectious Diseases*, 88:127-134.

Sambrook J., Fritsch EE, Maniatis T. 2012. Molecular cloning. A laboratory manual. 4th edition New York: Cold Spring Harbor Laboratory Press. E9.

Stefańska I., Romanowska M., Brydak LB. 2012. Methodos of defection of selected respiratory viruses. *Postępy High Med Dosw*, 66: 452-460.

TaqPath Termofisher 2020 [2020.09.12]. *TaqPath 1-step RT-qPCR master mix, CG*. Catalog numbers: A15299, A15300. Userguide. Publication number MAN0007959, revision 1.0. Dostęp: <https://www.thermofisher.com/order/catalog/product/A15299#/A15299>.

WHO 2020 [2020.09.12]. Diagnostic testing for SARS-CoV-2. Interim guidance. 11 September 2020. Dostęp: <https://www.who.int/publications/i/item/diagnostic-testing-for-sars-cov-2>.



10. PODZIĘKOWANIE

Bardzo dziękuję wszystkim tłumaczom, którzy swoją pracą wsparli powstanie tej książki:

Natalii Badowskiej

Wiesławie Dtużniewskiej

Zbigniewowi Ficnerowi

Ewie Grolik

Billemu Sole

Sylwestrowi Sujdakowi

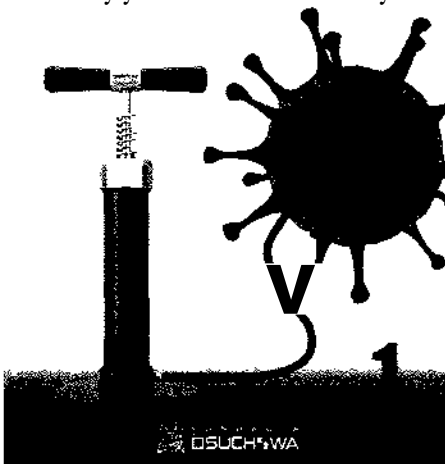
Marii Wojciechowskiej

Chciałbym również podziękować Pawłowi Nogalowi z ALTERSHOT.W za udostępnienie wywiadu z prof. Kornelią Polok i prof. Romanem Ziełińskim.

W rozdziale 7 zostały wykorzystane ikony wykonane przez Freepik, Vectors Market, Srnashicons i Those Icons znajdujące się na stronie www.flaticon.com.

Graszywa pandemia

Krytyka naukowców i lekarzy



Niewielka, ale arcyciekawa książka jest trudna do odrzucenia dla wyznawców spiskowej teorii o pandemii, ho oparta jest na naukowych konkretach, liczbach, zestawieniach, których większość mediów nie chce analizować albo nawet zauważać, z jakichś powodów zdając się na pohukiwanie orosnącym zagrożeniu.

Maciej Pawlicki, *Drugafala hysterii*,
„Sieci”, nr 33 (402) 2020

Zamówienia:
tel. 724221223
sklep@osuchowa.org

OSUCH WA

Nasze dane sugerują, że COVID-19 odznacza się śmiertelnością, któmmfęśd się w granicach sezonowej grypy.

frfcdrmeń, Johnioannldis,
epMenáofoS i biostatpE*, Jeden z naj-
częściej
cytowanych naukowców świata

„, wirus wpływa w znacznie wyolbrzymiony sposób ncr nasze życie. To jest zupełnie nieproporcjonalne do neaywistego zagrożeniu, które pochodzi od koronawkusa. Astronomiczne gospodar-cze szkotty, któns term powstają, nk są adekwatne do zagrożenia tym wirusem. Jestem przekonany, że umieralność z po-wodu koronawlrusa nie będzie widoczna w umieralności rocznej nmwet w posta-ci piku (waost zgonów odbiegający od średniej).

*... każdy, kto umarł na tzw. koronmwirnsa, miał choroby współistniejące,
... koronmwims tylko na zasadzie wyjątku jest śmiertelny, a w większości wypadków jest VJznacznej mierze nieszkodliwą infek-cjąwirusową.*

Prof. dr med. Klaus Puschel,
ekspert w dziedzinie medycyny sądowej,
dyrektor Instytutu Medycyny Sądowej
kliniki uniwersyteckiej w Hamburgu

Na pytanie, czy widzi jakieś różnice w ciałach zmarłych, w których stwierdzono obecność koronawirusa w porównaniu do innych chorób zakaźnych, prof. Klaus Puschel odpowiada:
Nie. Obraz jest podobny do innych infekcji wirusowych dróg oddechowych i płuc. Myślę, żeżczasem ustalimycóśspecyficznie związanego z COVID-19, ale zasadniczo przebieg i obraz organów wewnętrznych jest taki sam.

BESTSELLER W NIEMCZECH
W ciągu pierwszych 8 tygodni ponad 500 tys. egzemplarzy sprzedanych

Dr Karina Reiss
Dr Sucharit Bhakdi

KORONA WIRUS

FAŁSZYWY ALARM?

Liczby, konkrety, konteksty



**KORONAWIRUS
FAŁSZYWY ALARM?**

Dr Karina Reiss • Dr Sucharit Bhakdi



Ja książka jest dla tych, którzy wciąż wierzą w złowrogi wirus, wciąż żyją w niepewności i obawie o jutro, w obawie o zakażenie siebie i najbliższych. W tym strachu, niepewności nie da się przecież długo wytrzymać. Chcemy, aby ta książka przywróciła tak potrzebny spokój tym wszystkim rodakom, którzy ulegli pandemicznej psychozie. Spokój niezbędny do normalnego funkcjonowania w tych nienormalnych czasach.



Wydawnictwo
PROHIBITA



F U N D A C J A



OSUCHOWA

Fundacja Osuchowa z siedzibą w Warszawie, powołana została w 2015 roku z inicjatywy Grzegorza Brauna i ma na celu dobro Kościoła Katolickiego, narodu i państwa polskiego, a w szczególności:

- promocję i urzeczywistnianie wartości chrześcijańskich,
- kultywowanie tradycji narodowych i katolickich,
- zabezpieczanie przyszłości cywilizacji łacińskiej,
- działanie na rzecz Wiary, Rodziny i Własności,
- działanie na rzecz polskiej racji stanu, bezpieczeństwa i obronności państwa polskiego,
- działanie na rzecz rozwoju szkolnictwa na wszystkich poziomach kształcenia,
- wspieranie polskiej przedsiębiorczości, wynalazczości i innowacyjności,
- działanie na rzecz jedności Polaków w kraju i zagranicą, a także umacnianie i zabezpieczanie więzi międzypokoleniowych w narodzie polskim,
- działanie na rzecz dobrego imienia Polski w świecie,
- działanie na rzecz obrony Polaków i katolików w świecie,
- działanie na rzecz podnoszenia poziomu życia politycznego i społecznego w Polsce,

Cele te realizuje wspierając działalność patriotycznej, katolickiej, narodowej i wolnościowej Organizacji Pobudka, której wiodący program brzmi: „Kościół-Szkoła-Strzelnica-Mennica”.

Wesprzyj działalność Fundacji Osuchowa poprzez przekazanie darowizny na cele statutowe:

liłCOITA: 521140**1889** 0000 5757 72flś **1001**
TYTUłWPłATY: darowizna na cele statutowe

Wesprzyj działalność Fundacji Osuchowa jako organizacji
pożytku publicznego poprzez coroczne
przekazanie 1% podatku dochodowego - IrKRS**0000589261**

Zapraszamy do sklepu Fundacji Osuchowa
<https://sklep.osuchowa.org>, tel. +48724221223
skiep@osuchowa.org