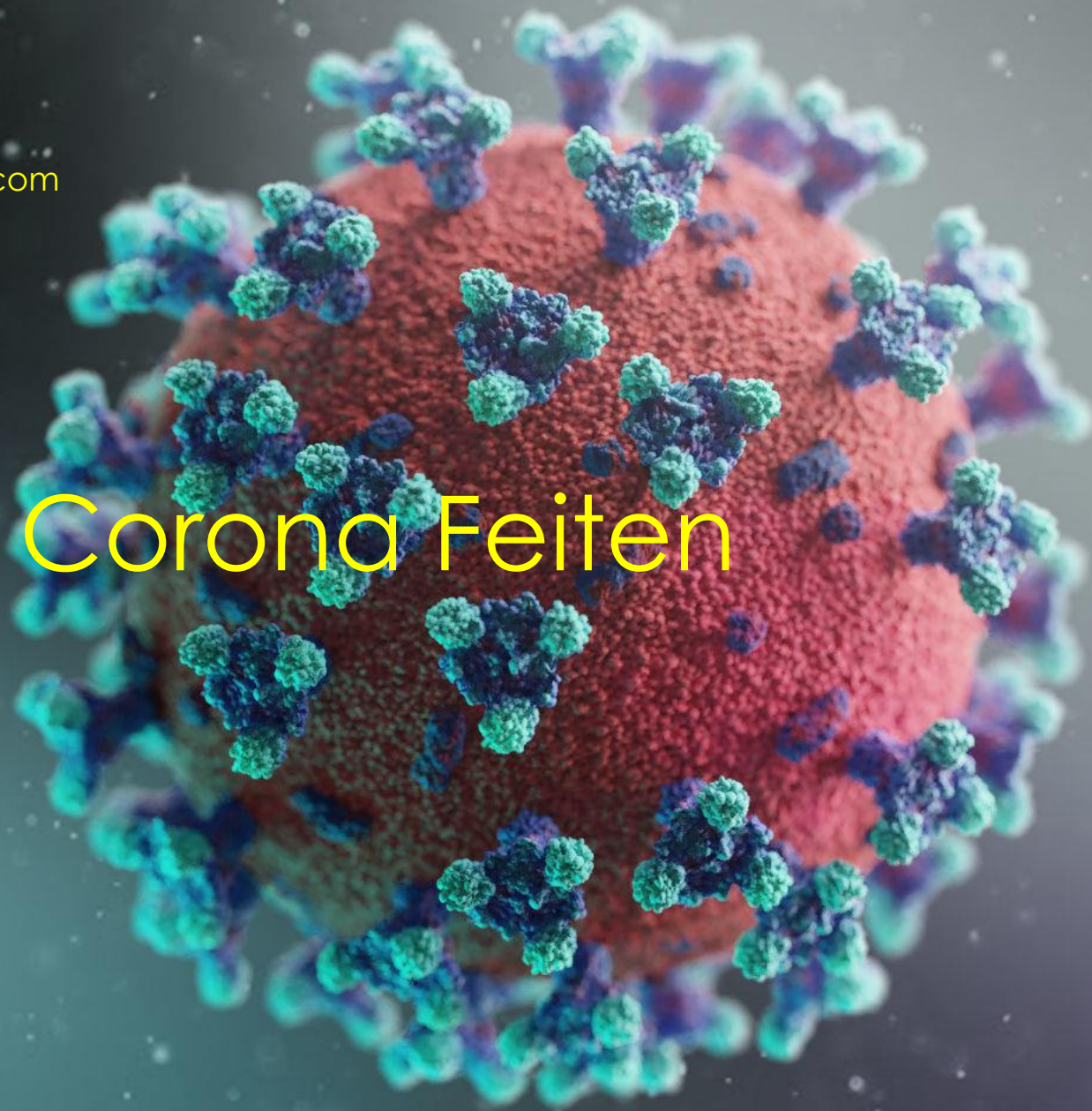


Juleon Schins

ingenuousness.org@gmail.com

Storende Corona Feiten



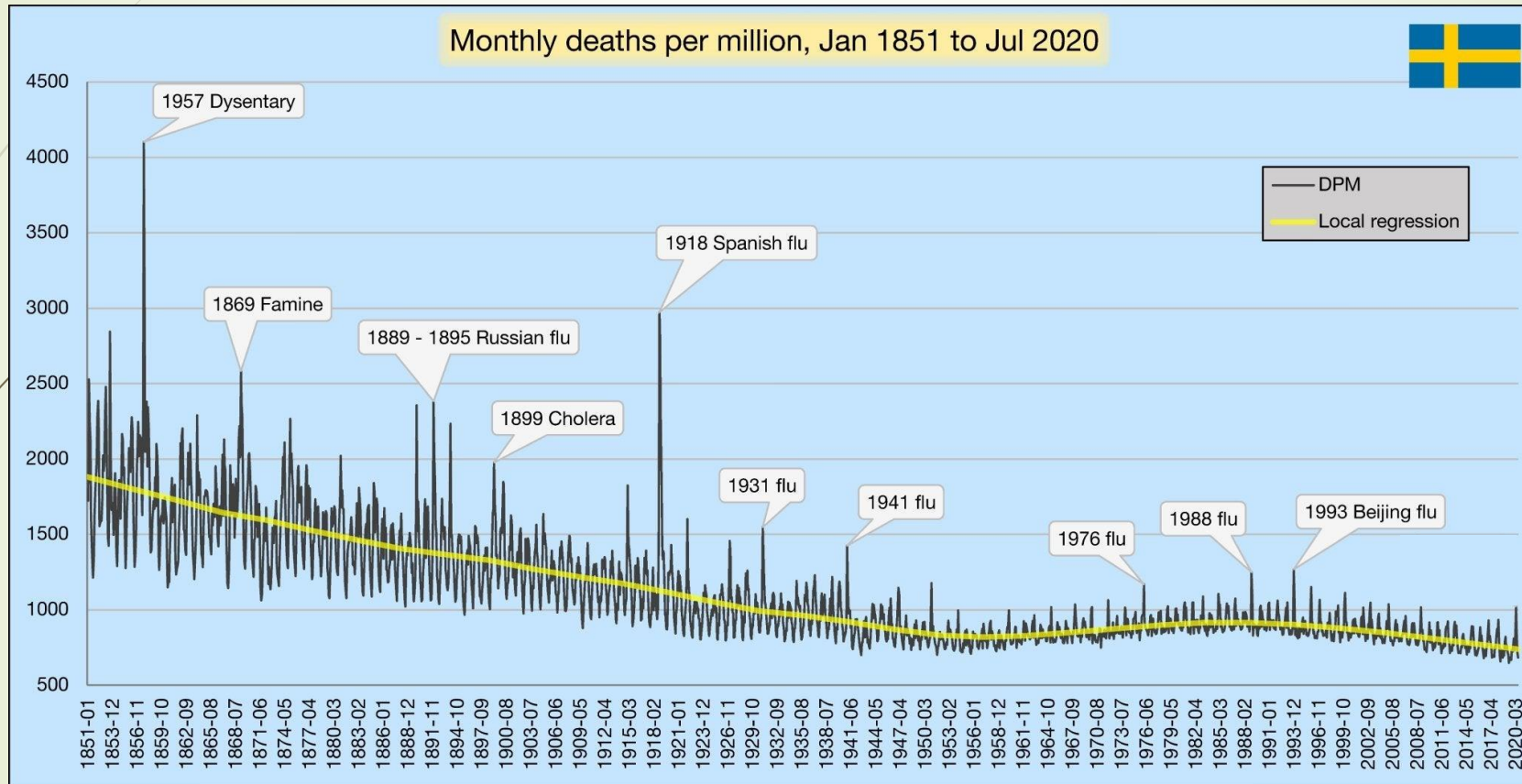
Dogma's van de media

- onhygiënische markt in Wuhan
- masker-afstand-vuistgroet noodzakelijk doch onvoldoende
- dus lockdowns en vaccins
- gelukkig hebben deze geen noemenswaardige negatieve bijwerkingen



Deel 1: epidemiologie

Zoek de Covid-piek in Zweden



- gegevens in Nederland **gecensureerd**
- Zweedse covid piek voorbijgegaan **zonder vaccin & zonder lockdown**

Initiële aanbeveling thuis-medicatie door 22 landen

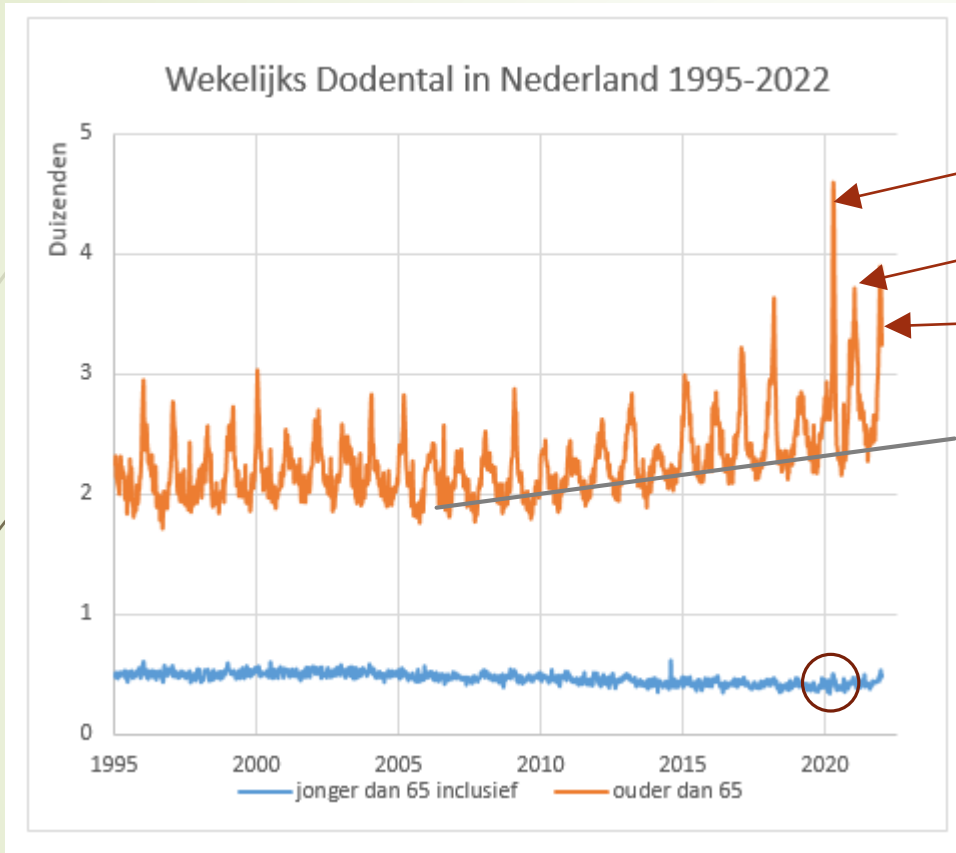
- Hydroxychloroquine/chloroquine
- Ivermectine
- Azithromycine
- Vitamine D
- Zink

deze goedkope medicijnen zijn,
(i) na de virusuitbraak
(ii) in bijna alle landen (China)
(iii) van staatswege
verboden
zogenaamd vanwege schadelijke bijwerkingen

Table 1. Listing of early home-based treatment kits provided for ac

Country	Drugs and supplements
Algeria	Chloroquine/Hydroxychloroquine
Argentina	Ivermectin
Brazil	Hydroxychloroquine, Ivermectin, Azithromycin (Vitamin D and zinc who can afford)
Bangladesh	Ivermectin, Doxycycline
Cameroon	Chloroquine/Hydroxychloroquine
China	Chloroquine/Hydroxychloroquine plus other traditional medicine up to Chinese herbal medicines
Colombia	Ivermectin
Egypt	Chloroquine/Hydroxychloroquine
France	Hydroxychloroquine, Azithromycin, and Lopinavir-Ritonavir
Ghana	Chloroquine/Hydroxychloroquine
India	Hydroxychloroquine, Ivermectin, alone or in combination with other drugs
Korea	Hydroxychloroquine
Mexico	Ivermectin, hydroxychloroquine
Morocco	Chloroquine/Hydroxychloroquine
Mozambique	Chloroquine/Hydroxychloroquine
Nigeria	Chloroquine/Hydroxychloroquine
Peru	Ivermectin, Azithromycin
Senegal	Chloroquine/Hydroxychloroquine
South Africa	Chloroquine/Hydroxychloroquine
Spain	Patients who are already taking hydroxychloroquine within or outside als for COVID-19 as well as patients undergoing chronic treatment with should continue taking them and, in any case, maintain their usual follow-up with their doctors
Taiwan	Hydroxychloroquine
Uganda	Chloroquine/Hydroxychloroquine, Azithromycin

Nederland: Covid-19 onzichtbaar in oversterfte onder <65 jaar



Covid feb-mrt 2020

tweede golf winter 2020/2021

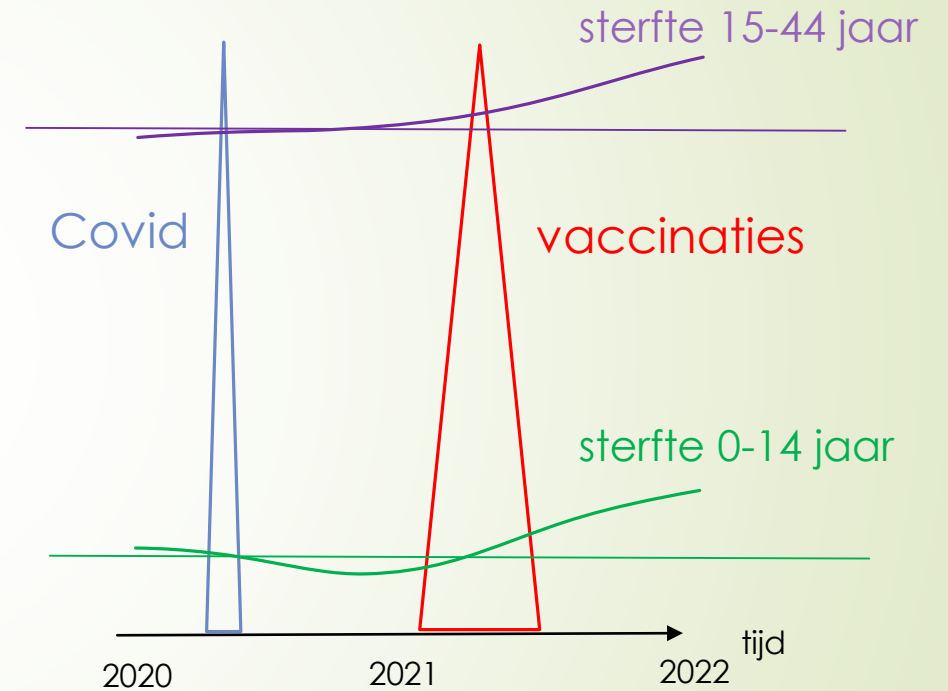
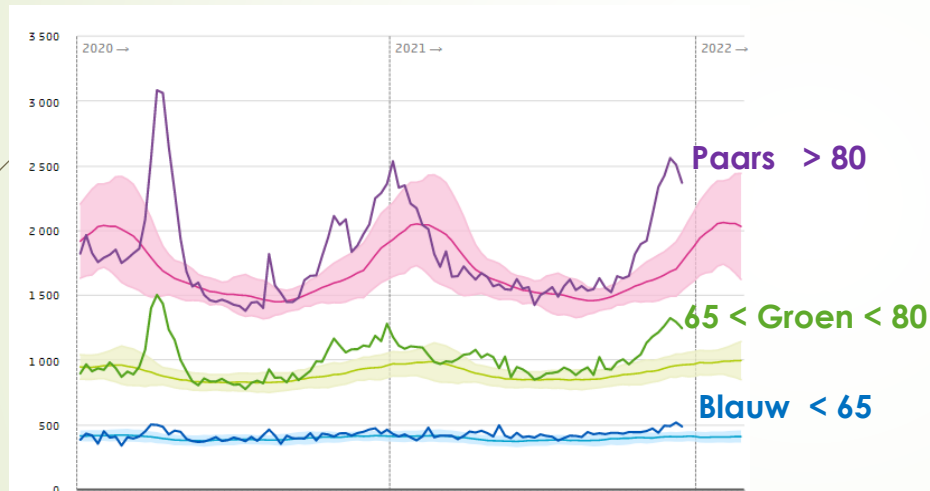
derde golf winter 2021/2022

vergrijzing

➤ Bij ouderen: gestorven **door** of **met**?

wekelijkse sterfte naar leeftijdsgroep

Wekelijkse sterfte in NL (CBS)



- ➡ Vaccinatie veroorzaakt oversterfte in 2021, niet Covid

Verenigde Staten: VAERS meldingssysteem bijwerkingen (lareb)



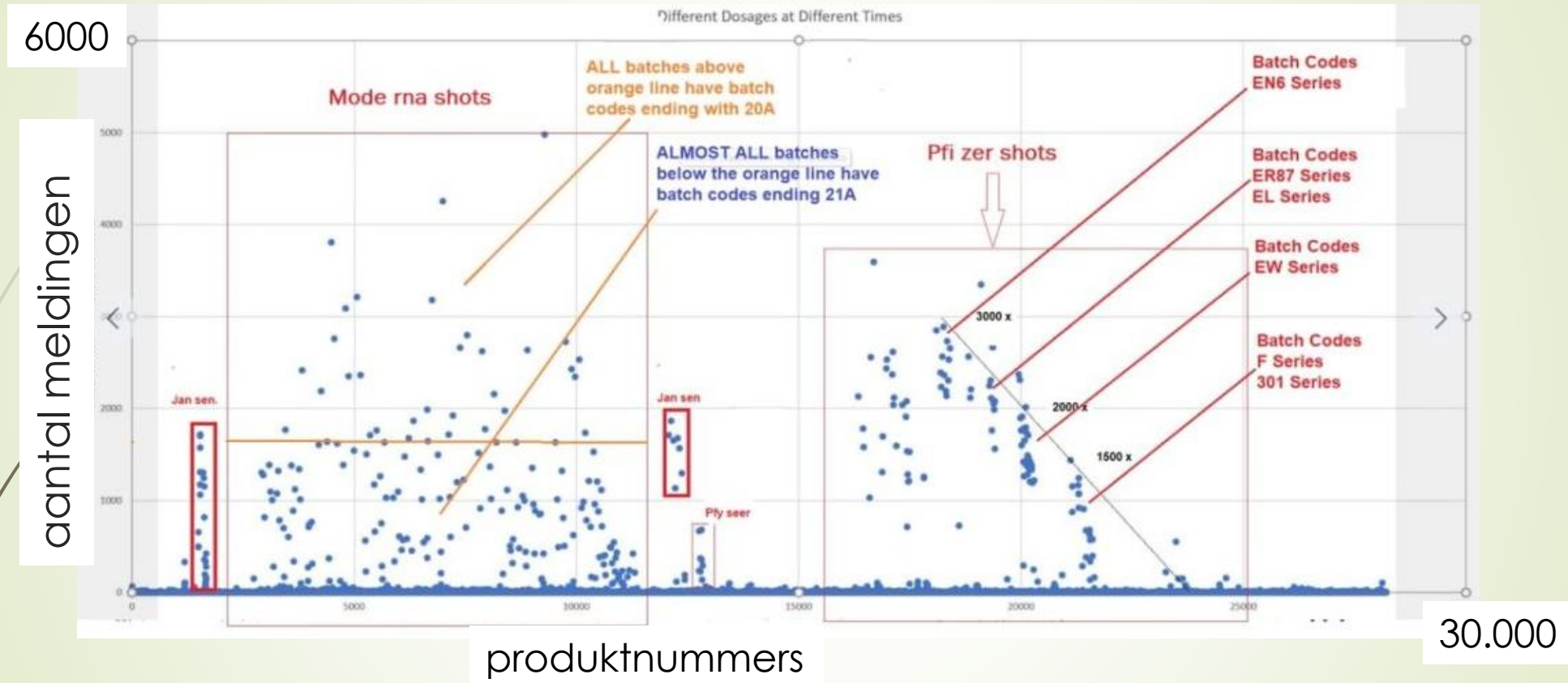
Objectives of VAERS

The primary objectives of VAERS are to:

- Detect new, unusual, or rare vaccine adverse events;
- Monitor increases in known adverse events;
- Identify potential patient risk factors for particular types of adverse events;
- Assess the safety of newly licensed vaccines;
- Determine and address possible reporting clusters (*e.g., suspected localized [temporally or geographically] or product-/batch-/lot-specific adverse event reporting*);
- Recognize persistent safe-use problems and administration errors;
- Provide a national safety monitoring system that extends to the entire general population for response to public health emergencies, such as a large-scale pandemic influenza vaccination program.

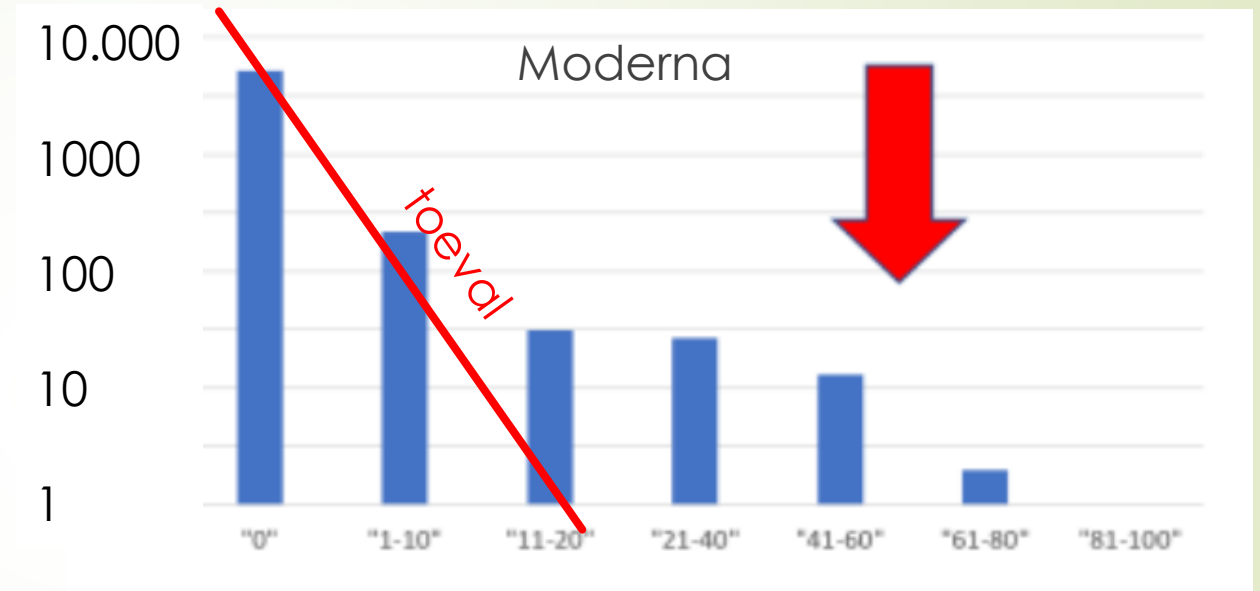
product-/batch-/lot-specific adverse event reporting
produktnummer-specifieke melding van negatieve reactie

Aantal meldingen per produktnummer: niet Poisson-verdeeld



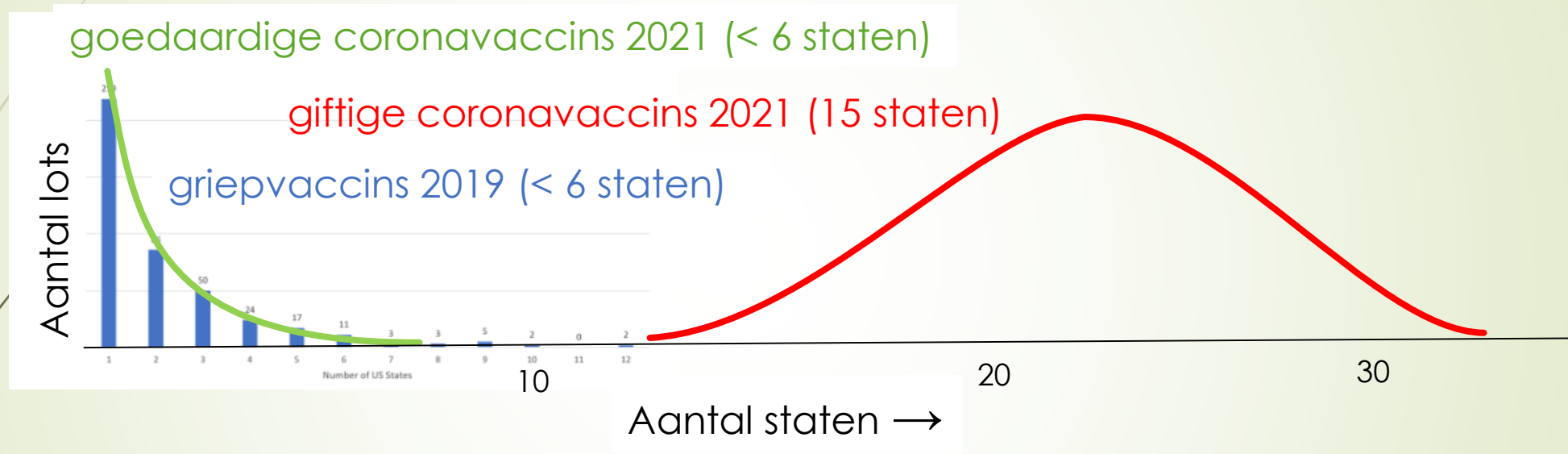
- 5% van de produktnummers zijn giftig, dus 0.5% van alle vaccins
- *slechte produktnummers zijn 100% zijn dodelijk*

Aantal doden per produktnummer: niet toevals-verdeeld



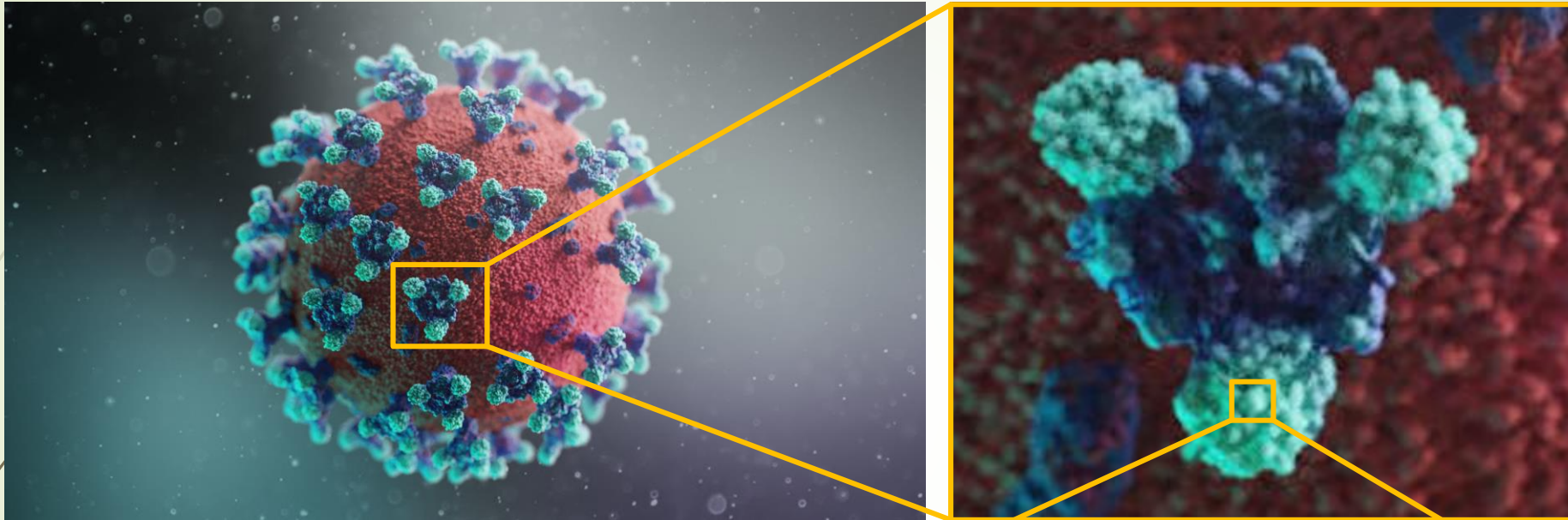
- Kans op 1 dode is 1:2.000
- **Toeval** als kans op 2 doden $(1:2.000)^2$ net als bij dobbelsteen

verspreiding over de VS: kwade opzet

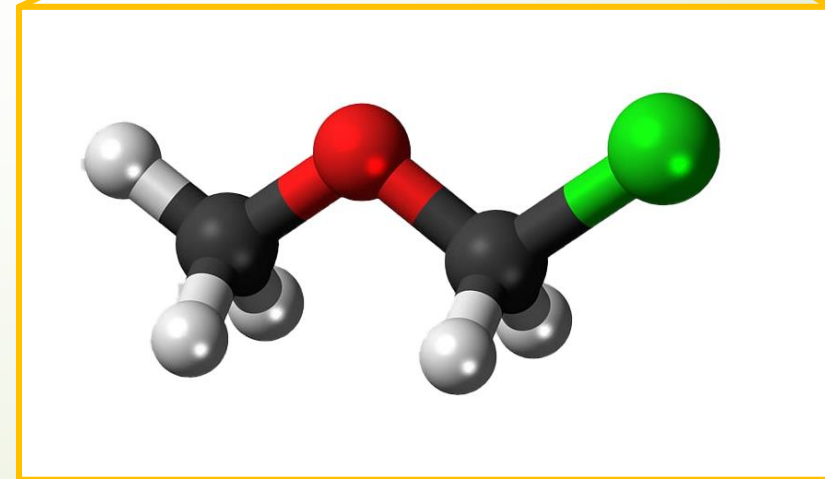


- Bron: VAERS
- Paardekooper (Kingston) & Yeadon (ex-Pfizer)

Deel II: Biologie

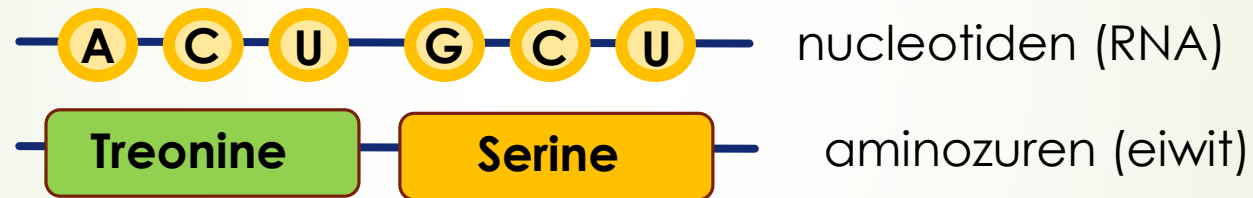


- licht/donkerblauw: eiwit
- 1 blauw bolletje: aminozuur



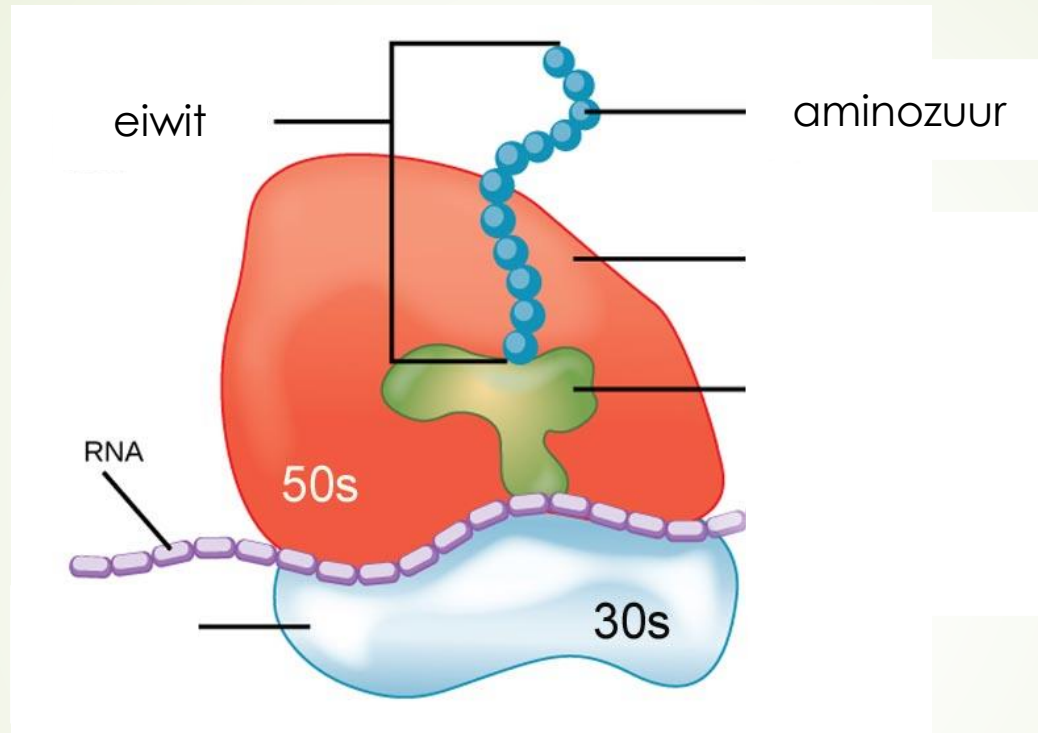
Enkele belangrijke begrippen

- Eiwit = ketting van aminozuren
- DNA, RNA = ketting van nucleotiden



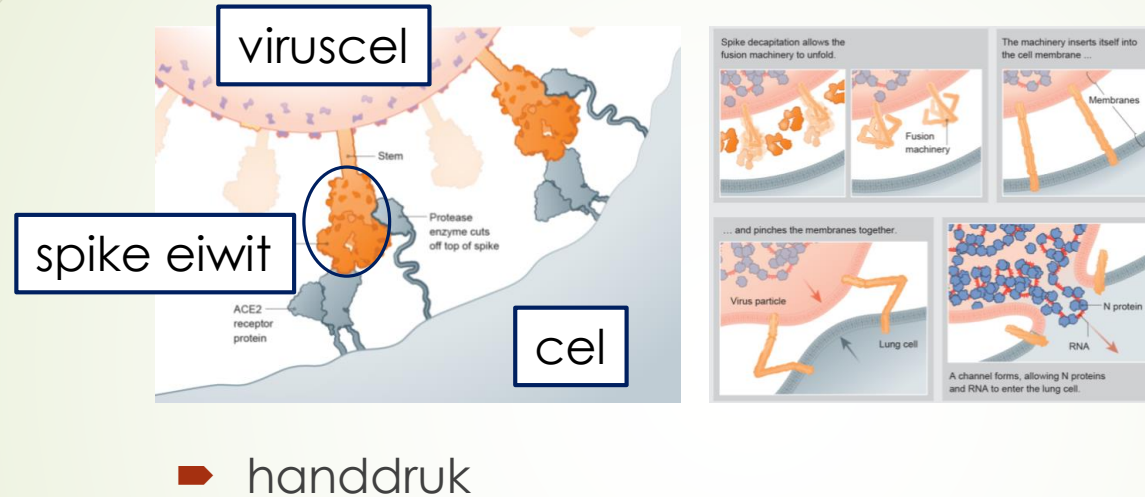
- nucleotiden: 4 varianten (A, C, G, U)
- Aminozuren: 20 varianten
- 3 nucleotiden voor 1 aminozuur: $4^3 = 64$ varianten

Biologische kopieermachine



- RNA in, eiwit uit
- DUS NIET: eiwit in, eiwit uit

Hoe het virus werkt



➤ harpoen

➤ langslij

➤ versmelting

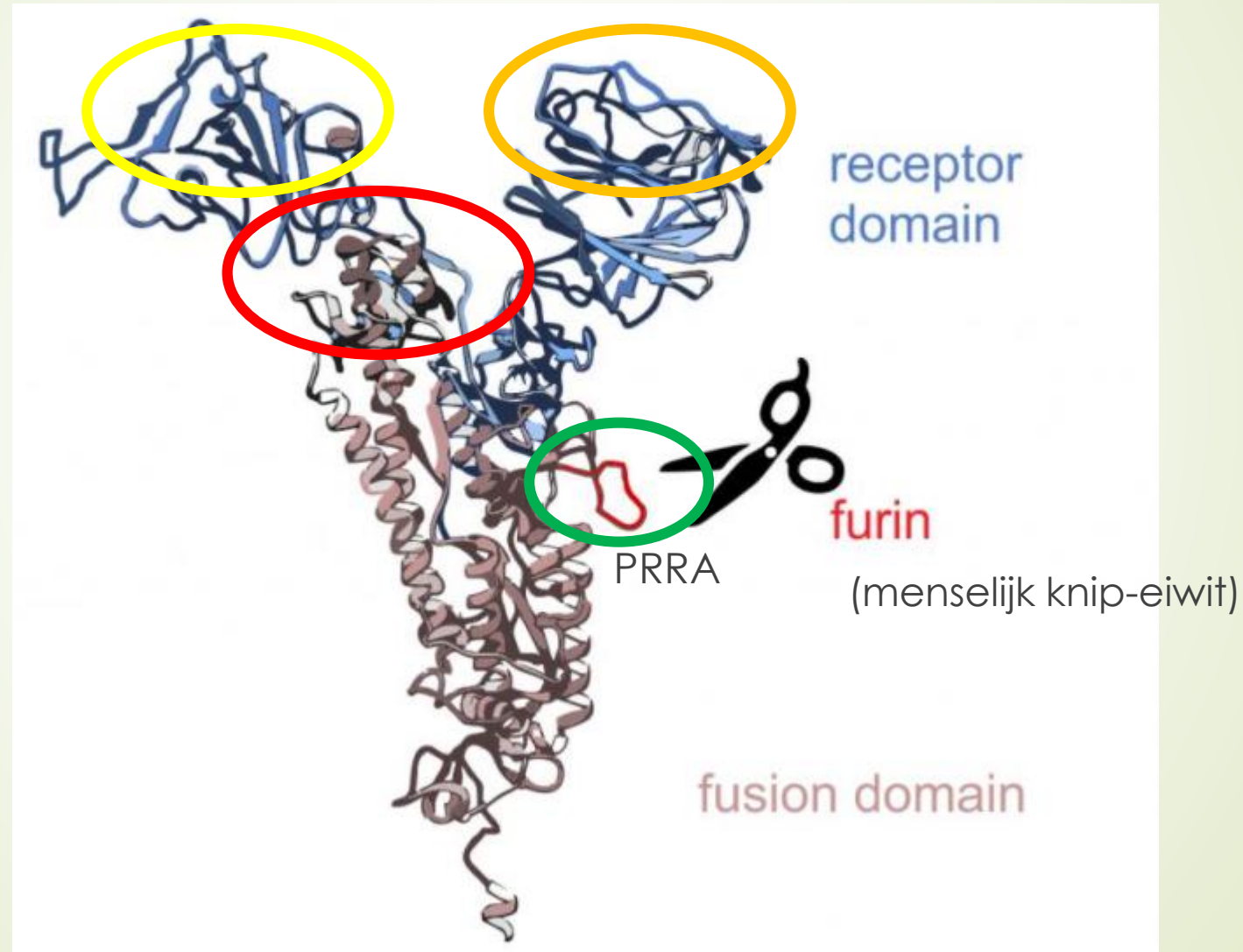
➤ injectie

- **probleem:** bij het vleermuisvirus werkt de handdruk met menselijke longcellen niet
- **feit:** die handdruk werkt uitstekend voor het HIV virus
- **oplossing:** gebruik HIV-componenten om het spike-eiwit van het vleermuisvirus aan te passen

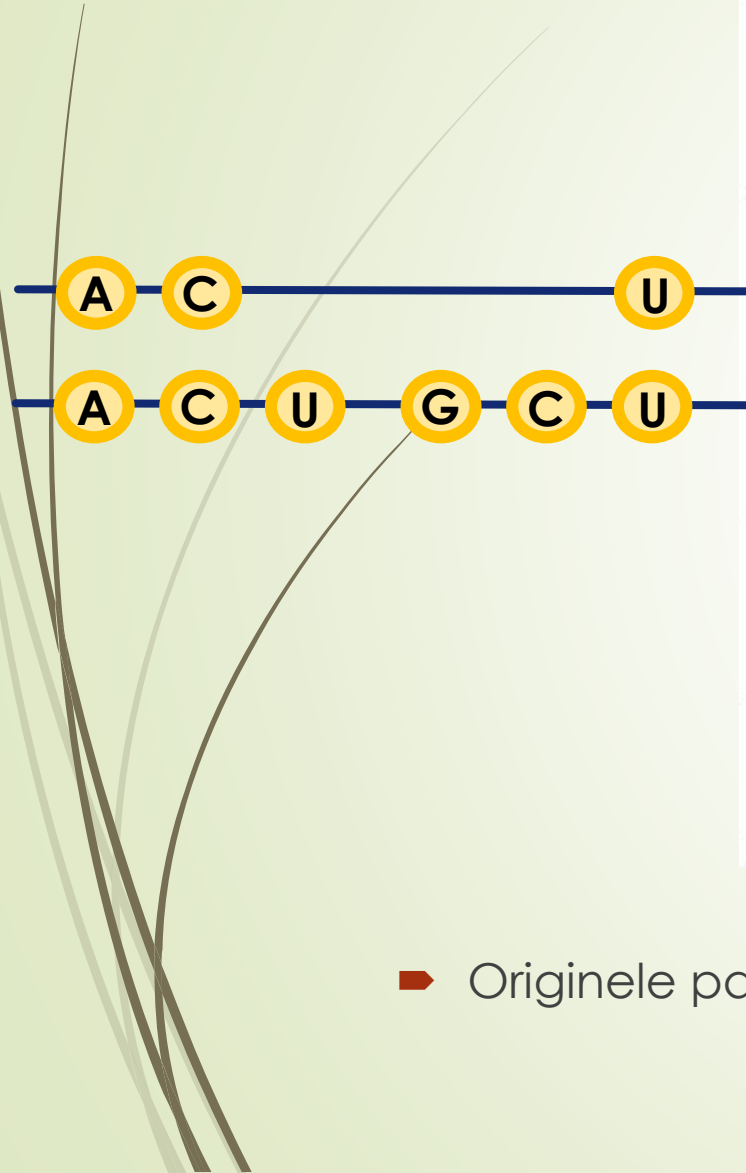
Onderdelen van het *spike* eiwit: receptor en harpoen

➤ S1

➤ S2



Invoegingen (*inserts*) in het RNA van het vleermuisvirus



Motifs	Virus Glycoprotein	Motif Alignment	HIV protein and Variable region
Insert 1	2019- nCoV (GP) HIV1(GP120)	71 76 TNGTKR TNGTKR 404 409	gp120- V4
Insert 2	2019- nCoV (GP) HIV1(GP120)	145 150 HKNNKS HKNNKS 462 467	gp120- V5
Insert 3	2019- nCoV (GP) HIV1(GP120)	245 256 RSYL- - -TPGDSSSG RTYLFNETRGNSSSG 136 150	gp120- V1
Insert 4	2019- nCoV (Poly P) HIV1(gag)	676 684 QTNS-----PRRA QTNSSILMQRSNFKG PRRA 366 384	Gag



- Originele paper geweigerd in wetenschappelijke tijdschriften

Patentaanvraag 2017 van Moderna op HIV-insert

➡ CTCCTCGGGCGGGGCA**CGTAG**

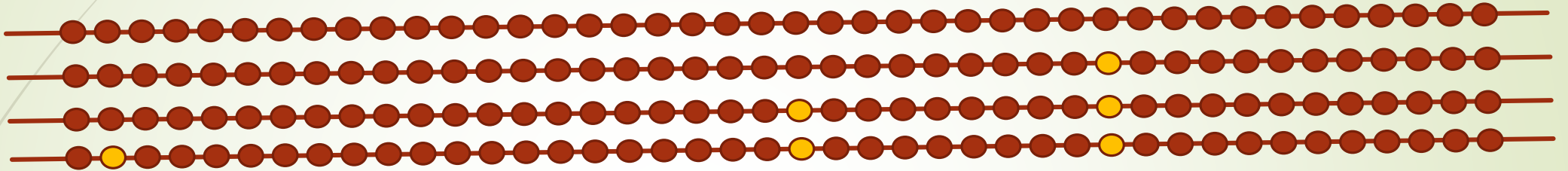
nucleotidefragment codeert voor

➡ **P**RRAR

aminozuurfragment dat het harpoen vrijmaakt

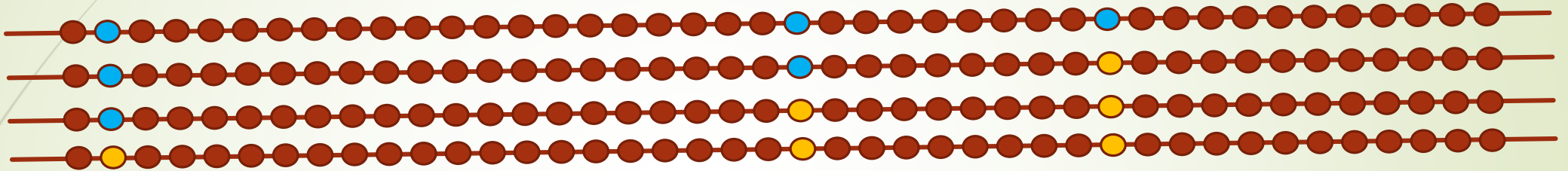
➡ **CGG** in de natuur nog nooit waargenomen, wel **CGT**

natuurlijke evolutie zonder selectie



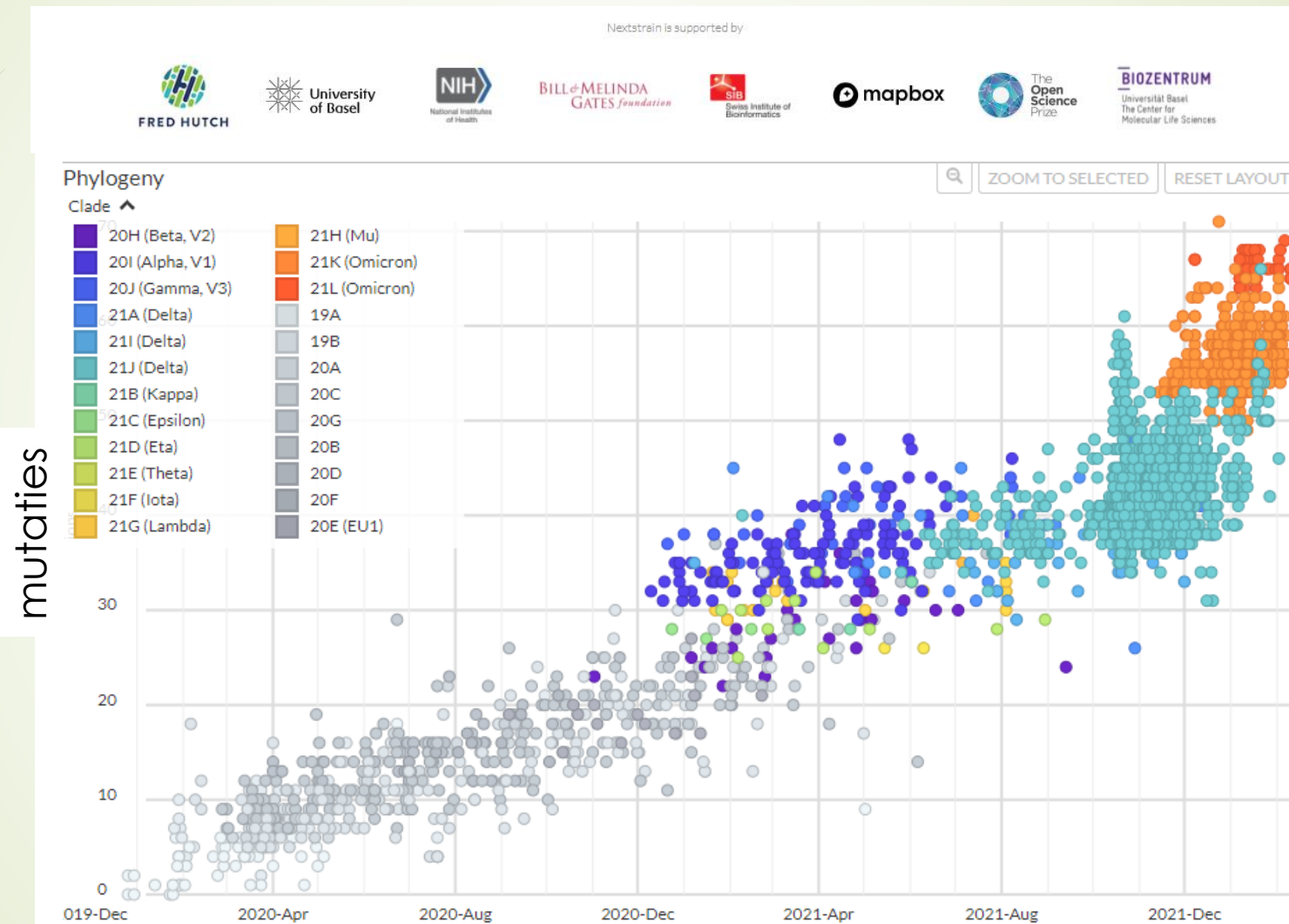
- SARS-Cov-2 bestaat uit 30.000 nucleotiden, 25 mutaties per jaar
- spike eiwit bestaat uit 1273 x 3 nucleotiden, 3 mutaties per jaar

natuurlijke evolutie zonder selectie

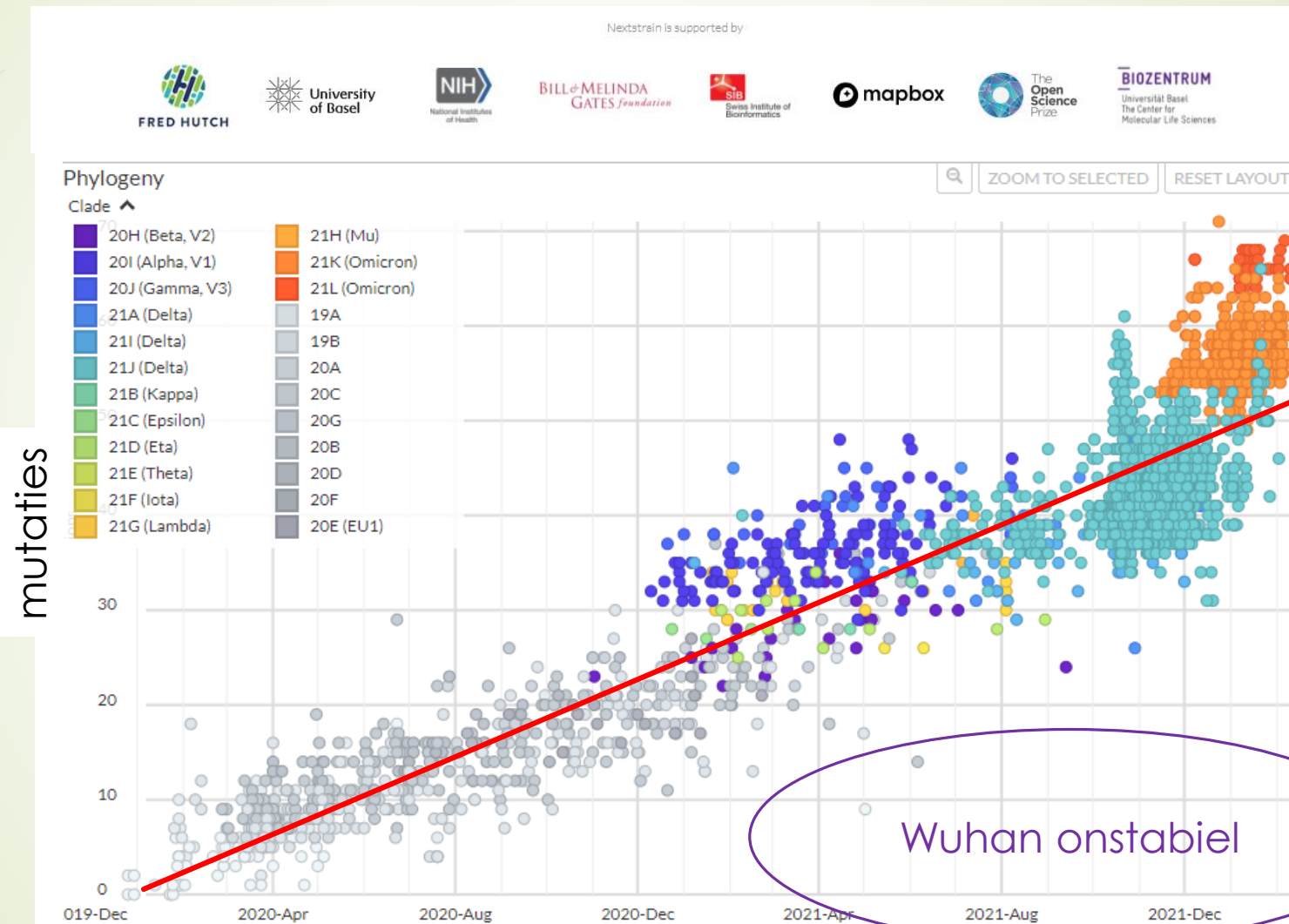


- SARS-Cov-2 bestaat uit 30.000 nucleotiden, 25 mutaties per jaar
- spike eiwit bestaat uit 1273 x 3 nucleotiden, 3 mutaties per jaar

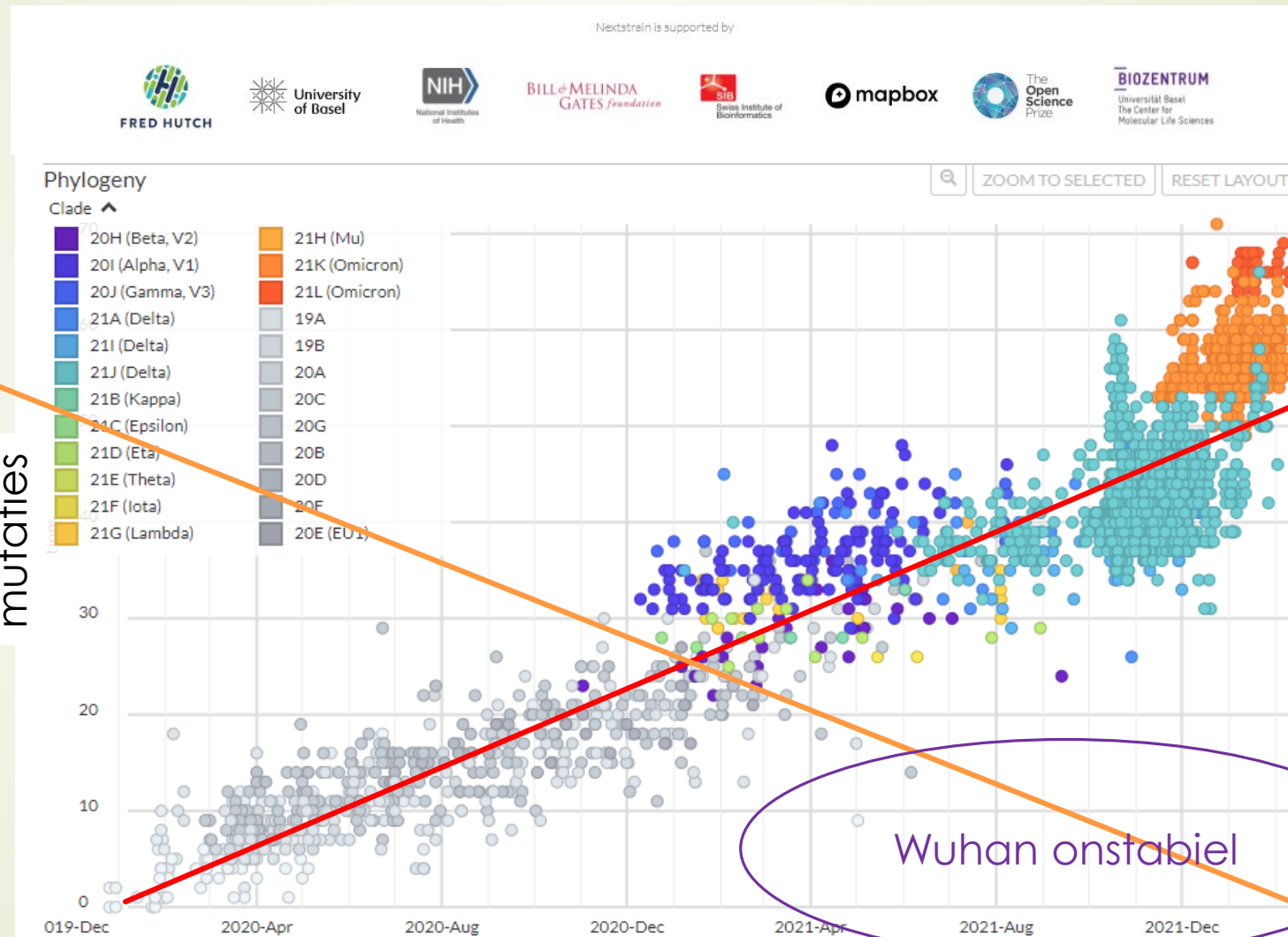
nexstrain: natuurlijke evolutie uit Wuhan



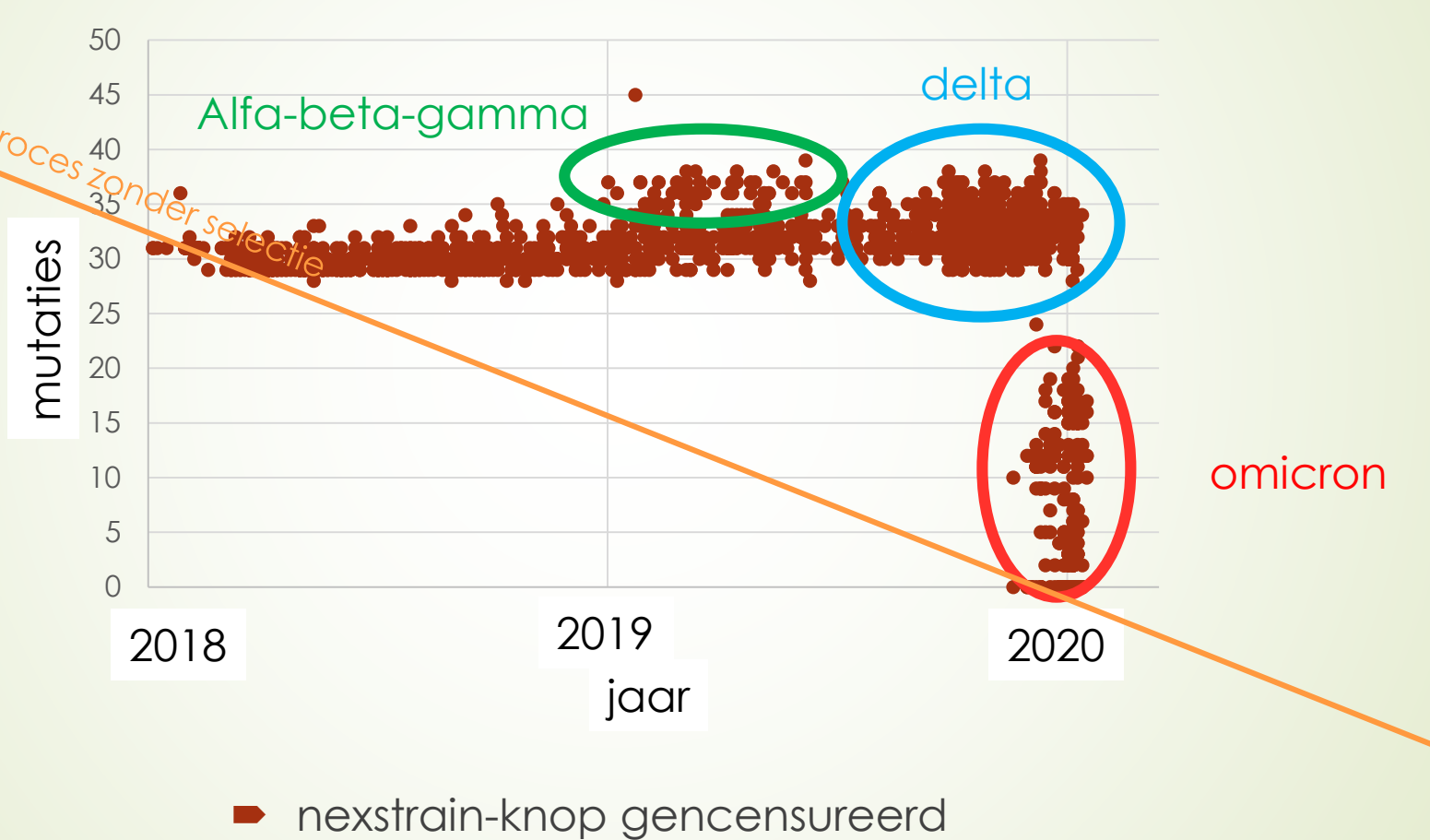
nexstrain: natuurlijke evolutie uit Wuhan



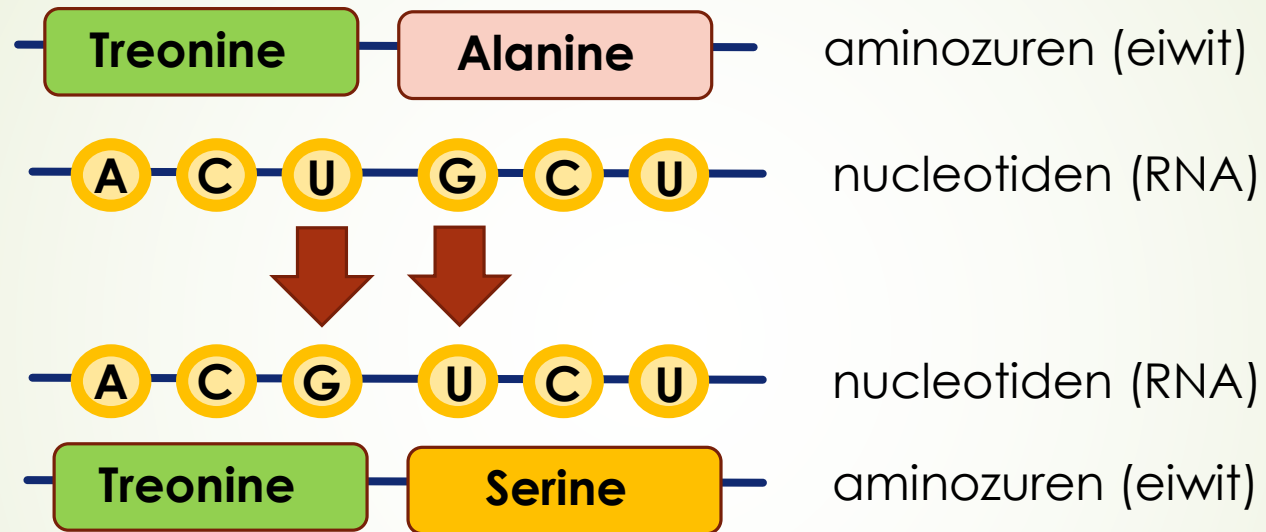
nexstrain: natuurlijke evolutie uit Wuhan



Mutaties m.b.t. Ω



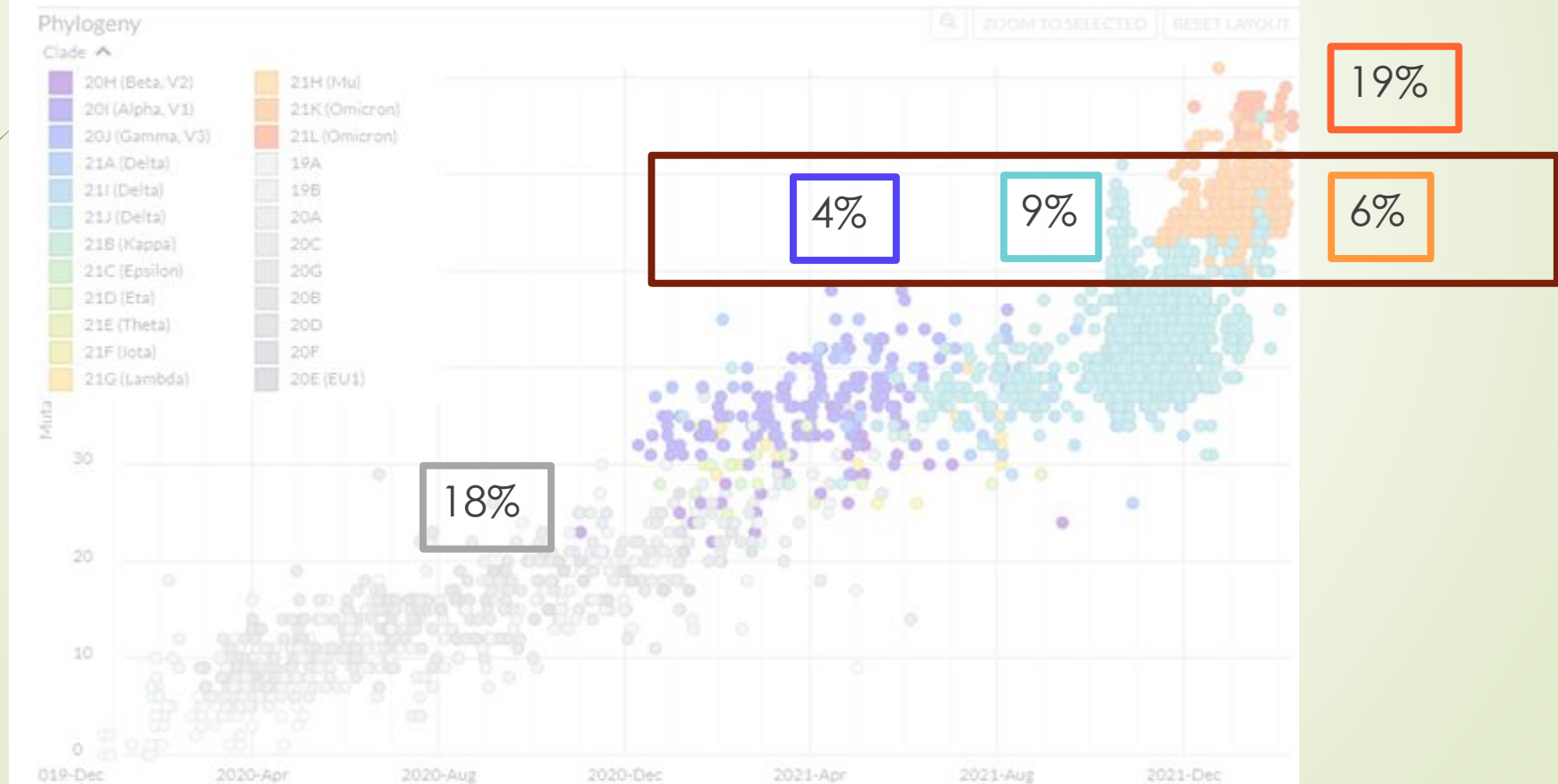
stille mutaties en natuurlijke-evolutie-leeftijd virus



- stille mutatie: alleen nucleotide, niet aminozuur
- actieve mutatie: ook aminozuur

veelvuldige 'labelekken'

- Natuurlijke evolutie > 15%
- Laboratorium < 15%





storende Covid feiten

- **Oversterfte in 2020 gevolg van vaccinatie (niet van Covid)**

Wereldwijd neemt de oversterfte < 65 jaar epidemisch toe

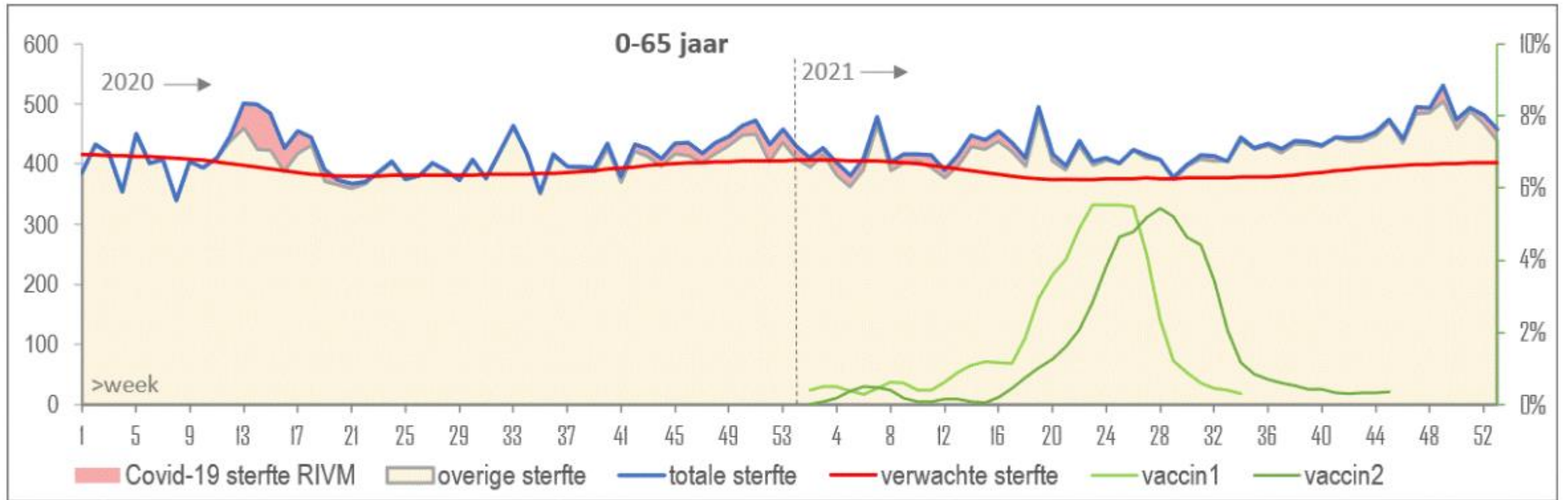
- **Laboratorium: vleermuisvirus uitgebreid met segmenten HIV**

Moderna heeft in 2017 patent aangevraagd op deze methode

- **Ook latere SARS-Cov-2 varianten niet natuurlijk geëvolueerd**

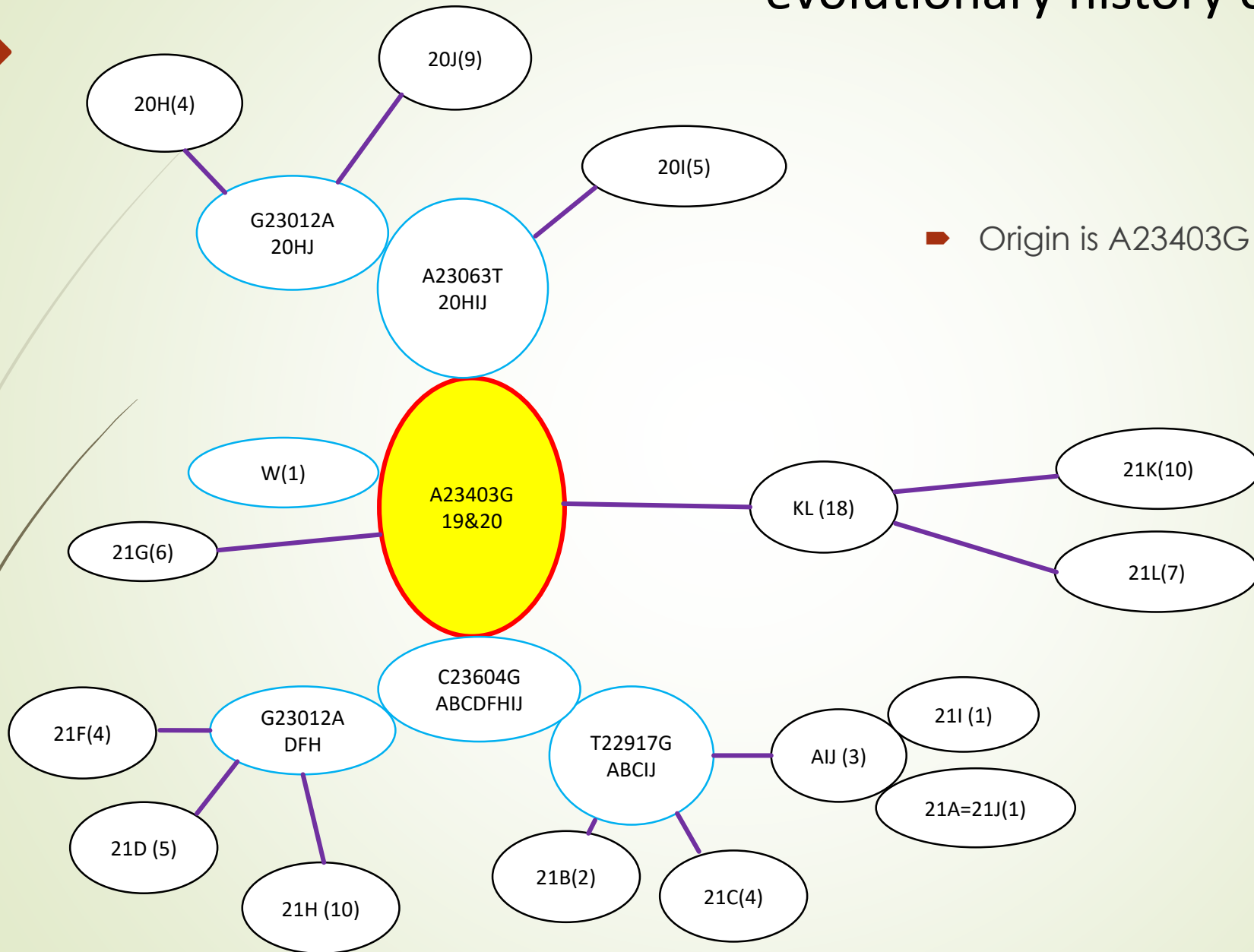
Direct uit laboratorium afkomstig

vaccinaties



Figuur 5. Sterftecijfers en het wekelijks percentage gevaccineerde 0-65 jarigen met het 1e en het 2e vaccin. Het booster vaccin is in deze leeftijdsgroep later gestart en betreft nog een gering percentage gevaccineerden.

evolutionary history of Spike gene



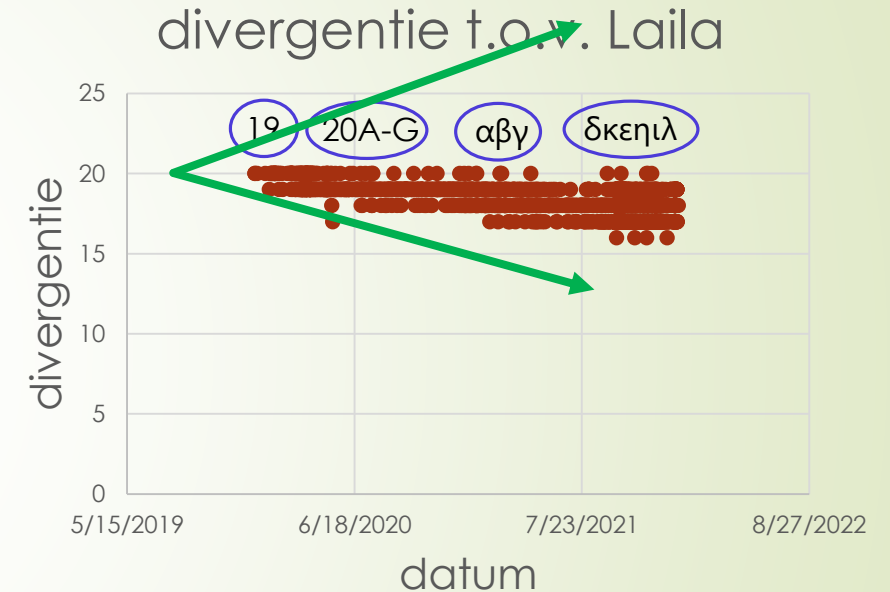
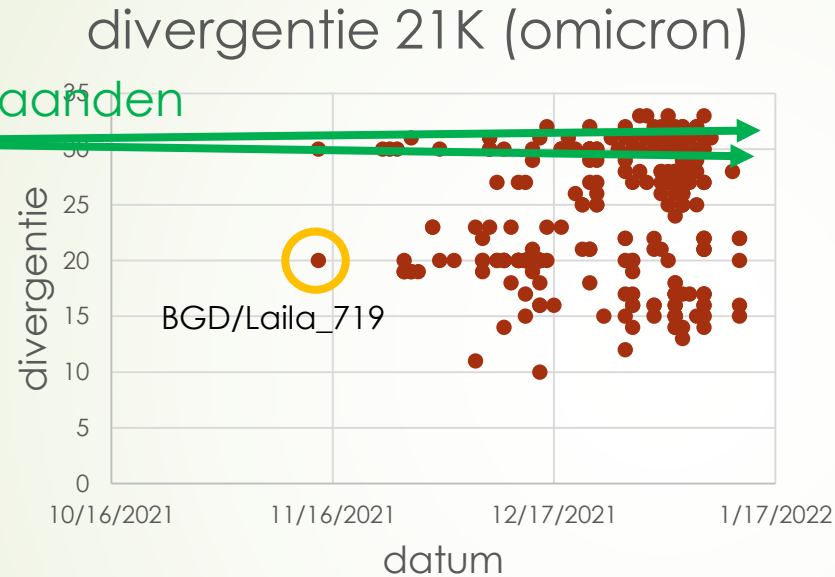


Moderna patent 2017

- genoemd segment is in de natuur nog nooit waargenomen, omdat de code CGG voor arginine (R) uitermate zeldzaam is: voor arginine gebruikt de natuur vijf alternatieve opties
- Patent 15/425813: "The invention relates to compositions and methods for the preparation, manufacture and *therapeutic use* of oncology-related polynucleotides, oncology-related primary transcripts and oncology-related m(ature)m(essenger)RNA molecules"
- blader naar <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov> (biotechnology information)

Evolutie van het Spike-coderend gen van 21K (omicron)

1 mutatie elke 4 maanden



- 16 tussensoorten ontbreken. Als omicron toch natuurlijk is geëvolueerd, dan blijkt
- uit divergentie: dat zijn oorsprong vóór 2018 ligt, dus **oudste** variant
- uit zijn interne signatuur: na 20D de **jongste** variant

Nextstrain veronderstelt dat Sars-CoV-2 varianten uit Wuhan-virus zijn ontstaan door natuurlijke evolutie

Genomic epidemiology of SARS-CoV-2 with global subsampling



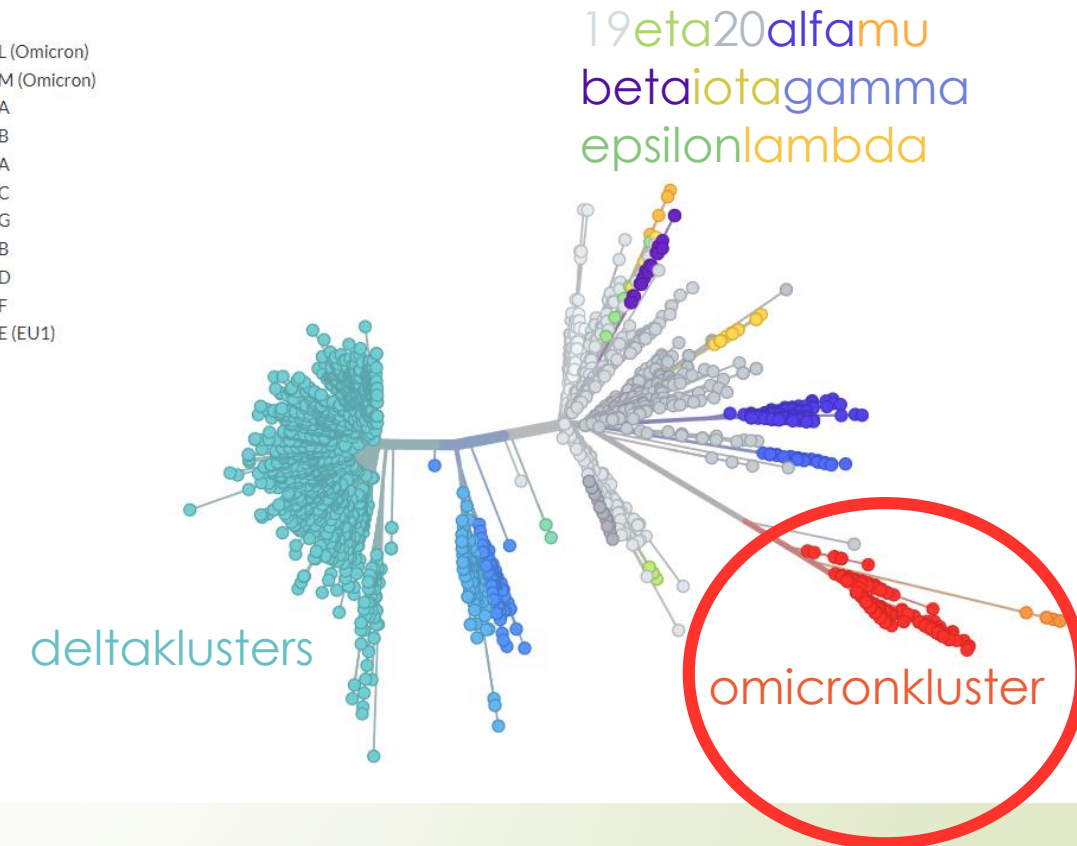
Built with [nextstrain/ncov](#). Maintained by the [Nextstrain team](#). Enabled by data from [GenBank](#).

Showing 2638 of 2638 genomes sampled between Dec 2019 and Jan 2022.

Phylogeny

Clade ^

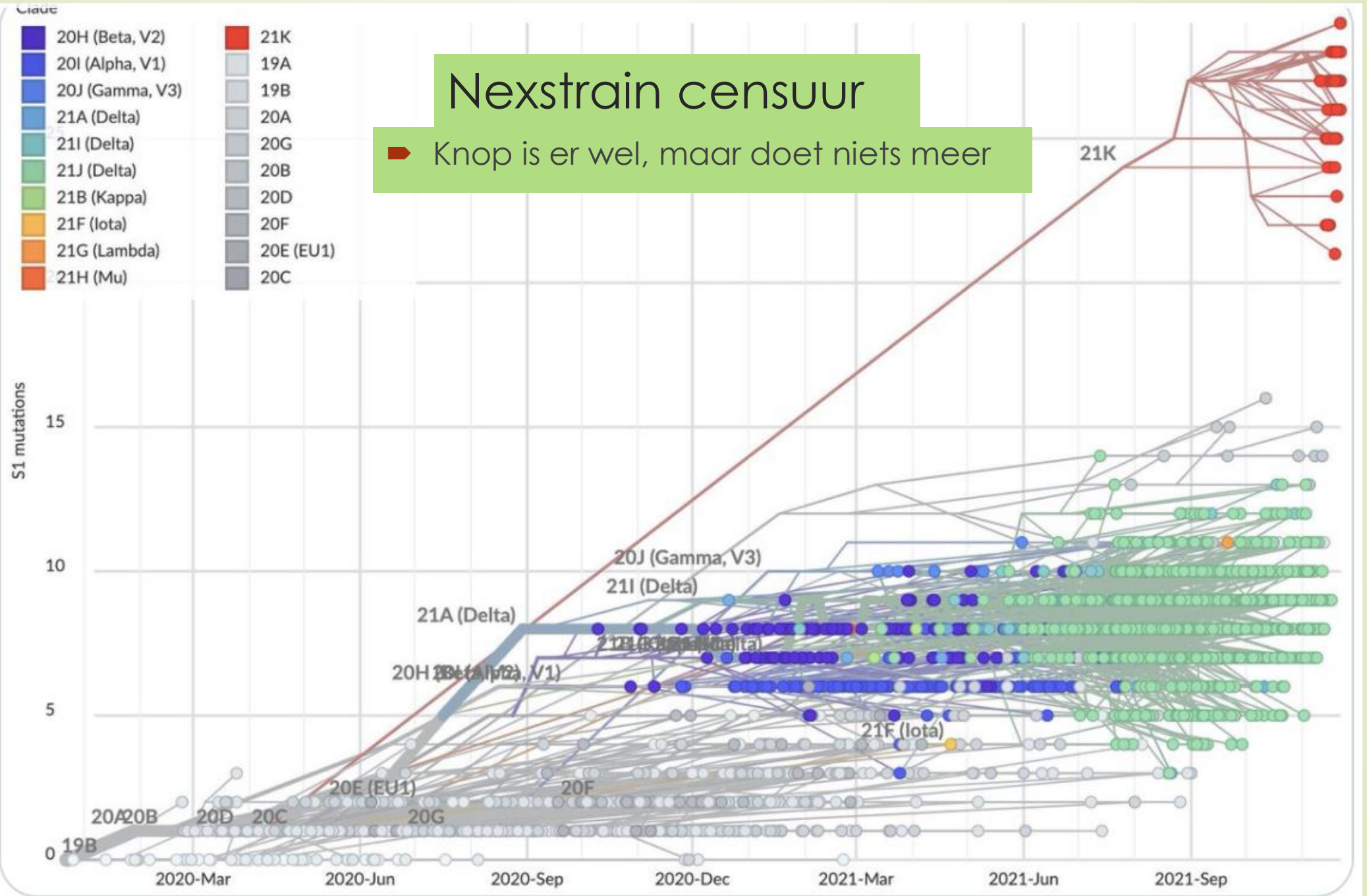
20H (Beta, V2)	21L (Omicron)
20I (Alpha, V1)	21M (Omicron)
20J (Gamma, V3)	19A
21A (Delta)	19B
21I (Delta)	20A
21J (Delta)	20C
21B (Kappa)	20G
21C (Epsilon)	20B
21D (Eta)	20D
21F (Iota)	20F
21G (Lambda)	20E (EU1)
21H (Mu)	



- Klusters met lange verbindingslijnen passen niet in natuurlijk-evolutionair patroon

Nexstrain censuur

Knop is er wel, maar doet niets meer



Gewijzigde onderdelen

zijaanzicht

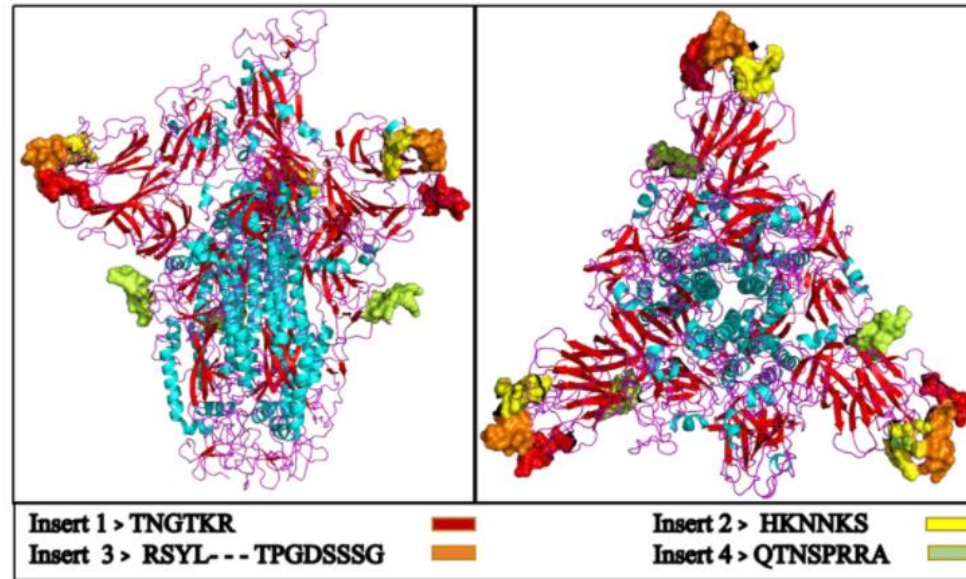
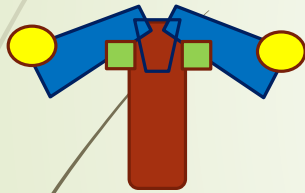
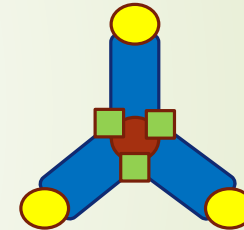


Figure 3. Modelled homo-trimer spike glycoprotein of 2019-nCoV virus. The inserts from HIV envelop protein are shown with colored beads, present at the binding site of the protein.

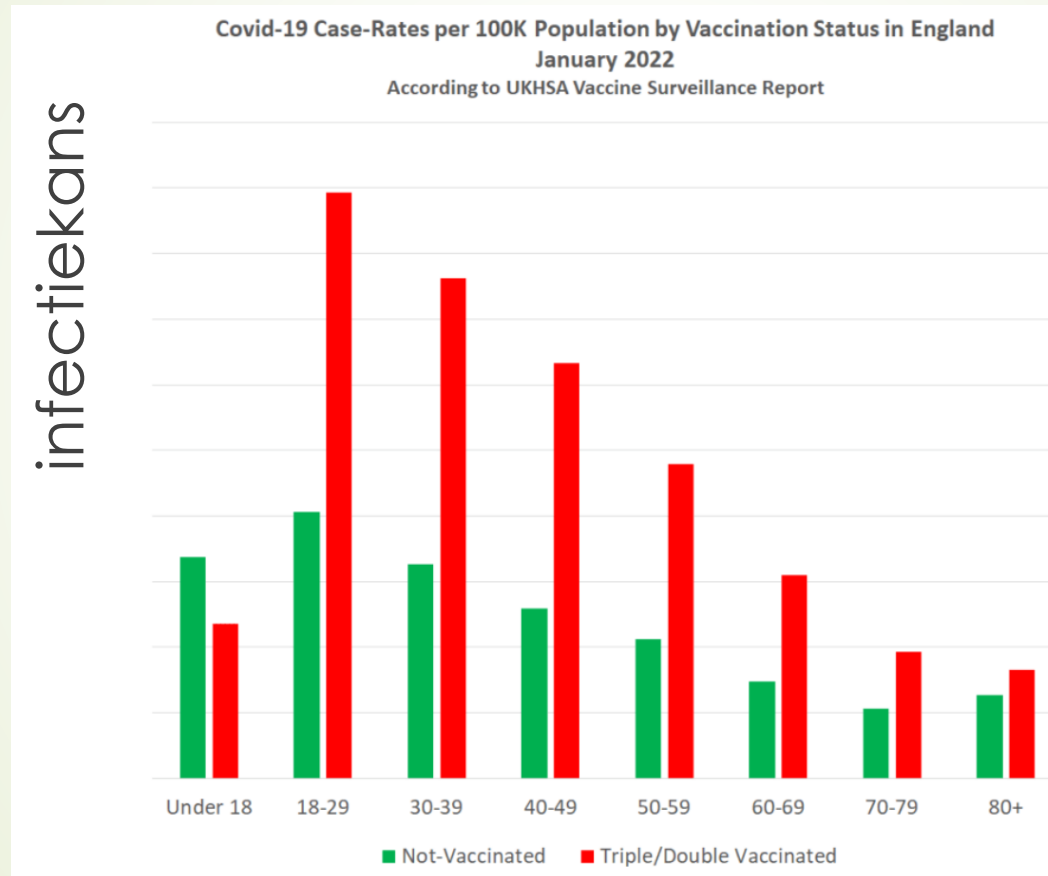
onderaanzicht



- structuur trimeer: paraplu met drie ribben
- groen: knipdomein (activatie harpoon)
- oranje, geel, rood: exclusief voor mens

infectie Ω in Engeland: 35% meer gevaccineerden

- UKHSA ([UK Health Security Agency](#), het Engelse RIVM), tweede weekrapport 2022



- gegevens gecensureerd 1 week na publicatie