



« LA FRAUDE COVID 19 EST UN CRIME CONTRE L'HUMANITE »

Comme le CNT canal historique n'a eu de cesse de le dénoncer dès mai 2020 avec son « Attestation de dé-confinement sans conditions depuis le 1er mai 2020 », puis avec sa « Sommation-Rappel à la loi » envoyée à des milliers de responsables publics et privés dès octobre 2020, puis dans la « Sommation de faire et de répondre » envoyée à 6 ministres le 5 octobre 2021, et dans ses nombreux articles traduits relatifs à « La fraude scientifique dévoilée », la « COVID 19 » est bien « UNE PANDÉMIE-FANTÔME VOLONTAIREMENT ENTRETENUE », la « vaccination » est devenue de fait « obligatoire » et il s'agit de bien « crimes contre l'humanité ». En décembre 2021, un scientifique britannique de haut niveau confirme bien que la virologie moderne utilise des MÉTHODES ANTISCIENTIFIQUES pour affirmer l'existence du virus SRAS-CoV-2 ainsi que d'autres virus, et que la fraude sur « l'isolement » du virus, sur son génome artificiel, sur sa pathogénicité, sur les cas PCR et sur le « vaccin » génique expérimental est rendue possible par le SCIENTISME AUTORÉFÉRENTIEL NON SCIENTIFIQUE DE LA VIROLOGIE et constitue un crime contre l'humanité ! Par un scientifique biomédical

Traduction fournie par le Conseil National de Transition (CNT) français canal historique

<https://conseilnational.fr>

(Article original par The Exposé le 3/12/2021 : « New Study published by top British Biomedical Scientist proves the Covid-19 Fraud is a Crime against Humanity »
<https://dailyexpose.uk/2021/12/03/new-study-proves-covid-is-a-fraud/>)

« Une nouvelle étude publiée par un scientifique biomédical britannique de premier plan prouve que la fraude covid-19 est un crime contre l'humanité »

PAR THE EXPOSÉ LE 3 DECEMBRE 2021

Au cours des vingt derniers mois, nous avons été soumis à des règles et des restrictions qui ont modifié de manière négative la vie de nombreux membres de la société. Ces mesures ont été soigneusement élaborées par le gouvernement, aidé par les conseils du Groupe de conseil scientifique pour les urgences (SAGE). Leurs conseils ont permis de s'assurer que la peur et la propagande ont un effet optimal pour terrifier le public et l'obliger à se conformer à des règles absurdes, disproportionnées et surtout nuisibles.

La pensée rationnelle et critique a été désapprouvée et les preuves s'opposant au récit du gouvernement ont été censurées, dans un "brûlage des livres" des temps modernes, les auteurs étant considérés comme des théoriciens de la conspiration. Ces experts dans divers domaines, notamment la santé, la médecine, la politique et les sciences sociales, doivent disposer d'une plate-forme pour fournir aux gens les preuves indispensables de ce qui se passe réellement dans le monde sous le couvert d'une "pandémie".

Nous, à Exposé, sommes dans une position privilégiée pour fournir cette plateforme et pouvons partager des points de vue que nous n'entendrons pas dans les médias grand public. Aujourd'hui, nous avons la chance d'avoir reçu l'autorisation d'un scientifique biomédical britannique de haut niveau ayant 30 ans d'expérience dans son domaine, de partager son article détaillé, qui est une analyse de la virologie responsable de chaque étape du programme de "pandémie".

FRAUDE et crimes contre l'humanité rendus possibles par le scientisme non scientifique et autoréférentiel de la virologie

par un scientifique biomédical.

Le scientisme vaudou de la virologie n'est pas une vraie science.

L'existence du nouveau coronavirus appelé SARS-CoV-2 n'a pas été prouvée dans la nature et il n'a pas été établi qu'il était la cause du "COVID-19", la maladie pandémique inventée par l'Organisation mondiale de la santé (OMS). De même, il n'existe pas de variantes du "virus", qui n'existent elles aussi que de manière hypothétique dans les ordinateurs, et dans les banques de gènes en ligne.

Cette fraude au COVID-19 a permis l'utilisation généralisée d'injections hautement expérimentales et dangereuses qui contiennent une séquence d'ARNm de la protéine spike générée par ordinateur qui donne l'ordre au corps de s'empoisonner. Ces injections contiennent également des substances non biologiques non déclarées à des fins inconnues et tuent plusieurs milliers de personnes dans le monde et en blessent gravement beaucoup d'autres.

La fraude virologique permet ces crimes contre l'humanité car le SRAS-CoV-2 n'a jamais été isolé physiquement ni démontré comme étant l'agent causal du COVID-19.

Le génome d'un "virus" qui n'avait pas été isolé et purifié, a été publié début janvier 2020, nommé SARS-CoV-2 par le Comité international de taxonomie des virus le 11 février, le même jour où le directeur général de l'OMS, Tedros Adhanom Ghebreyesus, a annoncé sa supposée maladie résultante (COVID-19) dont les symptômes sont indiscernables de ceux d'autres maladies respiratoires.

La grande majorité du public et du corps médical ignore que la virologie moderne utilise des méthodes antiscientifiques pour affirmer l'existence du virus SRAS-CoV-2 ainsi que d'autres virus. La plupart des gens seraient surpris d'apprendre que le "virus" n'a jamais été trouvé à l'intérieur d'un être humain ni démontré comme étant la cause d'une quelconque maladie.

La fraude COVID-19 exige l'absence de ce virus, de sorte qu'il n'y a aucune référence matérielle à laquelle le génome généré par ordinateur peut être comparé.

La double tromperie de la virologie est la suivante :

- 1) La substitution de la signification du dictionnaire et du sens scientifique du substantif **isoler** par la signification opposée. Isoler (définition réelle) : Chimie, bactériologie. Obtenir (une substance ou un micro-organisme) dans un état non combiné ou pur.
- 2) La substitution de la méthode indirecte consistant à induire des effets cytopathiques (ECP) en inoculant des lignées cellulaires anormales in vitro à la méthode indirecte établie consistant à infecter un hôte non malade in vivo pour déterminer la causalité entre l'agent pathogène proposé et la maladie.

Même l'utilisation de lignées cellulaires saines "normales" ne permettrait pas d'établir la causalité selon les postulats de Koch ou tout autre postulat scientifique utilisé pour établir la causalité, car il ne s'agit que d'observations in vitro impliquant des virus présumés.

La production d'ECP est au cœur des allégations frauduleuses d'isolement et de pathogénicité de la virologie moderne : **un échantillon (par exemple un écouvillon nasal) est prélevé sur une personne et ajouté à des cellules dans un tube à essai, si les cellules meurent, il est faussement déclaré qu'un virus a été "isolé".**

Par définition, un virus est une particule infectieuse qui peut provoquer une maladie chez un hôte vivant. Aucune de ces propriétés déterminantes n'a été démontrée dans les expériences virologiques décrivant l'isolement et la pathogénèse supposés.

Les virologistes ont passé plusieurs décennies à tenter de le faire sans succès, mais au lieu d'admettre qu'il y a un problème avec toute la théorie du virus, ils ont simplement changé le sens du mot isoler dans les années 1950. Les virologues n'isolent pas réellement les virus, ils prétendent simplement le faire à tort.

Le processus utilisé par les virologues pour prétendre à l'"**isolement**" peut être résumé comme suit :

À partir de la "soupe" biologique mélangée prélevée dans les poumons ou les écouvillons nasaux d'un patient, qui contient toutes sortes de matières, y compris des cellules humaines, d'innombrables microbes commensaux et des contaminants potentiels (bactéries, champignons), les plates-formes d'assemblage de novo recherchent de courts fragments génétiques. Après avoir trouvé des millions de fragments uniques dans la soupe, les logiciels assemblent un long morceau (un "génom") en fonction des paramètres définis dans le programme. Il y a un peu de découpage et de collage de séquences et si des morceaux sont "manquants", d'autres modèles prêts à l'emploi peuvent être ajoutés pour combler les lacunes. Les algorithmes, modèles de probabilité et sélections arbitraires créés par l'homme ne peuvent déterminer son existence physique dans la nature, car tout "génom" de coronavirus utilisé comme modèle dans sa production sera également hypothétique.

Cette méthodologie n'offre aucun lien confirmable avec le monde matériel ou physique, ce qui fait du tout dernier membre du genre Coronavirus un simple produit supplémentaire des processus autoréférentiels de la virologie. C'est ainsi que **les virologues continuent d'inventer des virus pour rester en activité**, fournissant aux entreprises pharmaceutiques la justification de la production de vaccins lucratifs.

L'anti-science de la virologie et la perversion du mot "isolement" sont délirantes, malhonnêtes et très trompeuses. Ce n'est pas une base solide pour la santé et le bien-être des individus ou de populations entières.

Fan Wu et al. ont été les premiers à inventer le génome du SRAS-CoV-2 et ont utilisé l'échantillon de liquide pulmonaire d'un patient pour l'analyse de la plateforme d'assemblage de séquençage de novo afin de rechercher de courts fragments génétiques ou "reads". **Il est important de comprendre que les échantillons séquencés n'étaient pas des virus physiquement isolés**, mais des échantillons bruts contenant des millions de fragments génétiques provenant du patient lui-même, et des nombreux microbes différents (bactéries, champignons) qui composent le microbiome, ainsi que des contaminants environnementaux potentiels.

On ne sait pas exactement comment Fan Wu et ses collaborateurs ont su quel "génom" choisir alors que toutes les options étaient **des constructions informatiques hypothétiques**, mais ils ont choisi le plus long (30 474 nucléotides), car il présentait une identité de nucléotides de 89,1 % avec le génome in silico (généralisé par ordinateur) du coronavirus de la chauve-souris (SL-CoVZC45) qui a été inventé en 2018. Il a ensuite été réduit à 29 875 nucléotides dans la version suivante sur GenBank peut-être pour qu'il ressemble davantage aux 29 802 nucléotides du génome modèle de la chauve-souris. Le modèle final a été redessiné avec une séquence terminale complètement différente comportant 23 bases adénines consécutives, le faisant ainsi ressembler davantage au modèle de chauve-souris qui comporte 26 bases adénines consécutives sur sa queue.

En se basant sur le fait qu'un ARN d'origine inconnue faisait partie de la culture dans laquelle de nombreuses cellules sont mortes (peut-être en raison d'une famine induite et d'un stress causé par des substances cytotoxiques), Fan Wu et al ont affirmé avoir réussi à isoler le virus 2019-nCoV BetaCov.

Cette fraude a été récompensée par des subventions en 2020 d'un montant total de 900 000 dollars de la Fondation Bill et Melinda Gates accordées aux deux institutions auxquelles 14 des 19 coauteurs de l'article frauduleux étaient affiliés.

Peng Zhou et al. ont ensuite apporté leur contribution à la fraude en publiant un article qui ne remplissait aucun des postulats permettant d'identifier un virus ou de confirmer qu'il est à l'origine d'une quelconque maladie. Le supposé virus n'a pas été physiquement isolé et purifié pour une caractérisation biochimique et reste donc entièrement théorique.

L'Académie chinoise des sciences, à laquelle 24 des 27 coauteurs étaient affiliés, a été récompensée par une subvention de la Fondation Bill et Melinda Gates d'un montant total de 359 820 dollars pour 2020 en rapport avec COVID-19.

Na Zhu et al. ont également revendiqué l'isolement du virus, mais il est clair que les auteurs n'entendent pas par "isolement" le sens scientifique postulé dans le dictionnaire, mais le sens antonymique substitué de la virologie et la substitution de cellules hôtes malades à des cellules hôtes non malades pour établir la causalité entre un prétendu virus et les symptômes du patient.

Contrairement à Fan Wu et al. et Peng Zhou et al., Na Zhu et al. ont bien produit des images de ce qu'ils ont appelé des "particules de 2019-nCoV" mais sans aucune vérification de leur composition biochimique à partir d'un spécimen purifié. Il n'est pas possible d'établir à partir de leurs images que les particules sont des virus pathogènes infectieux ou qu'elles contiennent le prétendu génome du SRAS-CoV-2.

"Bien que notre étude ne réponde pas aux postulats de Koch, nos analyses fournissent des preuves de l'implication du 2019-nCoV dans l'épidémie de Wuhan." Na Zhu et al

Cette affirmation est basée sur des photos de vésicules extracellulaires de composition et d'origine inconnues que les auteurs ont nommées "2019-nCoV".

L'Institut national de contrôle et de prévention des maladies virales, auquel 13 des 18 coauteurs de l'article de Na Zhu et al étaient affiliés a été récompensé par 71 700 dollars en 2020 par la Fondation Bill et Melinda Gates pour cette recherche frauduleuse.

Caly et al. ont affirmé que les cellules Vero (cellules rénales de singe) "*présentaient des vésicules liées à la membrane cytoplasmique contenant des particules de coronavirus*", mais n'étaient pas en mesure de voir les "*virions*" typiques avec la protéine spike. **Ils ont ajouté davantage de trypsine** digérant les protéines aux cultures cellulaires, ce qui a permis de digérer la couche protéique externe d'un "*virion*" sphérique de 100 nm **pour fabriquer "la frange en forme de couronne caractéristique des protéines spike"**, ce qui a "*immédiatement amélioré la morphologie des virions.*" En d'autres termes, **lorsque les vésicules (peut-être des exosomes) ne ressemblaient pas à ce qu'ils attendaient d'un coronavirus, ils l'ont artificiellement modifié avec une dose extra-large de l'enzyme trypsine.**

Ces supposés virions n'ont pas été purifiés et leur composition biochimique n'a donc pas pu être confirmée. Le "génome" a en fait été constitué après avoir généré "environ 30 000 000 de lectures" à partir du mélange de cultures tissulaires. Comme pour tous les autres articles de cette nature, aucune explication n'a été fournie quant à la manière dont ces particules sont connues pour causer des maladies ou si ces mêmes particules existent à l'intérieur des humains. Scientifiquement parlant, on ne peut que parler de vésicules extracellulaires de signification inconnue, produites par des cellules rénales anormales de singe stressées in vitro.

Malgré les tromperies qui imprègnent la virologie, les virologues adhèrent toujours à leurs croyances non scientifiques. C'est du scientisme et non de la science.

Le scientisme est l'application non critique de méthodes techniques qui deviennent un système de croyance sécularisé dont l'autorité repose sur ses propres présupposés et sa performativité. Les suppositions, les hypothèses et les abstractions sont considérées comme concluantes et réelles.

En revanche, **la méthode scientifique** comprend les éléments suivants :

- 1) L'observation objective : Des mesures et des données.
- 2) Preuves.
- 3) L'expérience et/ou l'observation comme repères pour tester les hypothèses.
- 4) Induction : raisonnement visant à établir des règles générales ou des conclusions tirées de faits ou d'exemples.
- 5) Répétition.
- 6) L'analyse critique.
- 7) Vérification et test : exposition critique à l'examen, à la révision par les pairs et à l'évaluation.

Les virologues prétendent avoir élucidé l'intégralité du génome de virus tels que le "SRAS-CoV-2" et le télécharger dans des banques de données. **Ils affirment avoir un "isolat" du virus, mais ils le déclarent après avoir construit le génome à partir de leur mélange contenant des fragments génétiques d'origine inconnue à l'aide d'algorithmes informatiques.**

Les virologues ne travaillent pas avec un génome complet car ils ne travaillent pas avec un virus complet. **Ils travaillent avec des fragments aléatoires de matériel biologique** et prétendent ensuite que cela constitue la preuve de l'existence d'un virus. Lorsque l'on examine attentivement leurs expériences, **on ne trouve aucune preuve matérielle de l'existence d'un virus.**

Aucun virus appelé SARS-CoV-2 n'a jamais été correctement isolé et purifié en tant que structure unique complète. Ce qui se passe, c'est le séquençage shotgun d'échantillons bruts qui contiennent de nombreux fragments génétiques mixtes d'origine inconnue. Le séquençage shotgun est une méthode utilisée pour séquencer des brins d'ADN aléatoires, nommée par analogie avec le groupement semi-aléatoire des plombs d'un fusil de chasse. **Il n'y a aucune preuve que le "génome" in silico qui en résulte existerait réellement dans la nature ou qu'il aurait un rapport quelconque avec un "virus". L'invention du "virus" est présentée comme une découverte, son faux statut est assuré par l'acte de le faire exister en le nommant.**

La PCR (réaction en chaîne par polymérase) peut seulement amplifier des séquences nucléotidiques sélectionnées, mais ne peut pas déterminer leur provenance ou leur signification. **La fraude de la Virologie PCR repose sur l'attribution d'une signification aux séquences amplifiées :**

- 1) Référence au **génome imaginaire in silico** mais **pas à une entité physique prouvée** appelée SARS-CoV-2.
- 2) Référence à une "maladie" qui, par un **raisonnement circulaire absurde**, a été définie par le résultat de la PCR lui-même.

Les fraudeurs se réfèrent de façon fallacieuse à la PCR comme au test "étalon-or", mais en réalité, au mieux, il s'agit d'un **simple test de substitution** pour un virion entier et, au pire, d'un test générateur d'artefacts faussement positifs.

Lorsque la PCR est mal réalisée et/ou à des nombres de cycles élevés (ce qui est fréquent), la séquence cible peut même ne pas être présente dans l'échantillon et un résultat "positif" est simplement un artefact du processus de PCR. **La PCR ne peut pas diagnostiquer le statut infectieux d'une personne de manière prouvée et aucun lien cohérent n'a jamais été trouvé entre un état pathologique et les résultats de la PCR.**

L'application erronée d'une PCR totalement inexacte signifie que **le COVID-19 est une construction scientifiquement dénuée de sens qui n'est rien d'autre qu'une illusion auto-référentielle.**

Christian Drosten et al. ont publié des séquences de tests PCR non évaluées par des pairs, conçues pour détecter le prétendu virus "*sans disposer de matériel viral*" en janvier 2020.

L'article de Drosten a été publié dans Eurosurveillance le 23 janvier, soit deux jours seulement après la soumission du manuscrit. Drosten, qui est accusé de détenir un titre de doctorat frauduleux, n'a pas déclaré qu'il était membre du comité de rédaction d'Eurosurveillance.

Chantal Reusken, co-auteur, a également omis de déclarer qu'elle faisait partie du comité éditorial d'Eurosurveillance. Olfert Landt, un autre coauteur de Drosten, PDG de TIB, fabricant d'un kit PCR lucratif basé sur les séquences de test publiées, n'a pas déclaré son conflit d'intérêts avant le 29 juillet 2020.

Les tests PCR de masse effectués selon le protocole de Drosten ont rapidement débouché non pas sur une pandémie virale mais sur **une pandémie de PCR.**

L'hôpital universitaire de la Charité à Berlin, où étaient basés de nombreux auteurs de la PCR de Drosten, a ensuite reçu une subvention "covid" pour 2020 d'un montant total de 249 550,70 USD.

La PCR a été conçue pour détecter les séquences génétiques d'un "virus" dont l'existence dans la nature n'a pas été prouvée, mais qui détecte au contraire des séquences d'origine inconnue et génère un nombre élevé de faux résultats positifs.

Grâce au test PCR, une tyrannie médicale a été imposée à la majeure partie du monde, basée sur un scientisme déconnecté du monde réel et tellement absurde que la détection de quelques fragments génétiques de quelque chose chez une personne peut servir d'excuse pour enfermer un pays entier.

Le test PCR, totalement inutile, a généré des nombres de cas astronomiques qui ont ensuite servi de base aux modèles informatiques d'épidémie "COVID-19". La modélisation des épidémies est connue pour l'inexactitude de ses prédictions et a produit des chiffres "COVID-19" grotesques, tous basés sur des chiffres sans valeur.

Neil Ferguson, de l'Imperial College de Londres (ICL), qui se moque du verrouillage des frontières, a une longue expérience de la production de modèles informatiques catastrophistes et de spéculations inexactes.

En 2001, l'équipe de l'ICL a réalisé la modélisation de la fièvre aphteuse qui a conduit à l'abattage de six millions de moutons, de porcs et de bovins, coûtant environ 10 milliards de livres au Royaume-Uni. Les travaux de l'ICL sur ce sujet ont été décrits comme "gravement défectueux" par de véritables experts.

En 2002, Ferguson a prédit que jusqu'à 50 000 personnes mourraient de la maladie de la vache folle, chiffre qui, selon lui, pourrait atteindre 150 000 si des moutons étaient concernés. Au Royaume-Uni, le nombre total de décès a été de 177.

En 2005, Ferguson a affirmé que la grippe aviaire pourrait tuer jusqu'à 200 millions de personnes. Le nombre total de décès a été de 282 dans le monde.

En 2009, Ferguson et l'équipe de l'ICL ont affirmé que la grippe porcine tuerait 65 000 personnes au Royaume-Uni. En réalité, la grippe porcine a tué 457 personnes au Royaume-Uni.

Ferguson était l'auteur principal d'un rapport de l'ICL, publié sans examen par les pairs le 16 mars 2021, prédisant que 550 000 personnes au Royaume-Uni et 2,2 millions de personnes aux États-Unis mourraient du COVID-19 dans un délai d'environ trois mois.

Lorsque la programmation à la base des rapports Ferguson a finalement été publiée pour examen public, elle a été ridiculisée par les experts universitaires. Il s'appuyait sur un code informatique vieux de 13 ans, destiné à modéliser la grippe et qui, selon un expert, était un "bogue qui ressemble plus à un bol de pâtes aux cheveux d'ange qu'à un morceau de programmation finement réglé". Des scientifiques de l'université d'Édimbourg ont indiqué qu'il avait échoué "au test scientifique de base consistant à produire les mêmes résultats à partir du même ensemble initial de paramètres".

L'ICL a été récompensé par des subventions de la Fondation Gates pour 2020 d'un montant total de 91 494 791 dollars. Depuis 2002, la Fondation Bill et Melinda Gates a accordé à l'ICL des subventions d'un montant total de 302 164 640 USD, soit 16 000 000 USD par an au cours des 19 dernières années.

Des modèles informatiques inexacts fondés sur de faux chiffres de cas ont suscité la peur et la confusion, entraînant des débats passionnés sur les raisons pour lesquelles le "virus" se comporte si différemment selon les endroits, sur l'existence ou non d'une surmortalité et sur l'efficacité des "vaccins".

Le remède commercialisé de manière agressive pour ce virus prétendument mortel est **une protéine de pointe produite par une séquence génétique qui ne se trouve pas dans la nature mais dans un brevet américain de 2007**. Les "vaccins" basés sur cette séquence ont tué plusieurs milliers de personnes dans le monde et en ont blessé des millions d'autres.

Si ces **méthodes anti-scientifiques** continuent d'être **crués et acceptés**, il est probable que nous verrons encore plus de **pseudo-pandémies** nécessitant plus de "vaccins", se poursuivant indéfiniment comme faisant partie de la "nouvelle normalité". Nous le constatons déjà avec **un flux constant de "variants préoccupants"**.

Il n'y a rien de normal à ce que **l'industrie pharmaceutique et les organisations mondialistes créent une demande de thérapies génétiques inutiles par la peur et la création de pseudo-pandémies**. Il n'y a rien de normal dans **la censure sans précédent du débat scientifique** et dans le fait d'**empêcher les praticiens médicaux de fournir de véritables conseils et un consentement éclairé**.

La fraude à l'isolement du virus, la fraude au génome viral artificiel (y compris les nouveaux variants), la fraude à la pathogénicité, la fraude à la PCR et la fraude au "vaccin" expérimental de thérapie génique sont des crimes contre l'humanité rendus possibles par le scientisme autoréférentiel non scientifique de la virologie.

Références

1. Fan Wu et al. "A new coronavirus associated with human respiratory disease in China", Nature, Vol 579 (3 Feb 2020).
2. Peng Zhou et al. "A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin", Nature, 579 (12 Mar 2020).
3. Na Zhu et al. "A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019", The New England Journal of Medicine, 382 (20 février 2020).
4. Leon Caly et al. "Isolation and rapid sharing of the 2019 novel coronavirus (SARS-CoV-2) from the first patient diagnosed with COVID-19 in Australia", MJA, 212/10 (1 Jun 2020).
5. Victor M Corman, Christian Drosten et al "Detection of 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) by real-time RT-PCR", Eurosurveillance, 25/3 (23 Jan 2020).
6. LA FRAUDE DE COVID-19 ET LA GUERRE CONTRE L'HUMANITÉ Dr Mark Bailey et Dr John Bevan-Smith
7. Covid-19 : Dénoncer les mensonges. Dr Vernon Coleman

**Traduction fournie par le Conseil National de Transition
(CNT) canal historique : www.conseilnational.fr**

Le Conseil National de Transition (CNT) canal historique, créé par des français éclairés, proclamé le 18 juin 2015 et déclaré à l'ONU le 29/09/2015 puis le 26 août 2021, dénonce depuis des années :

- non seulement les traîtres qui se succèdent pour usurper le pouvoir depuis au moins 2008 suite à la **disparition de la constitution et de la république** du fait de la ratification du traité de Lisbonne imposant à la France la tutelle de l'Union l'Europe malgré l'avis contraire du peuple exprimé par le référendum du 29 mai 2005, (*)
- mais aussi les **crimes contre l'humanité et le génocide en cours commis par l'imposition des vaccins aux nourrissons et l'imposition des mesures COVID19 fondées sur un virus fantôme qui n'a jamais été isolé scientifiquement**, et en tout état de cause, même s'il existait un virus tueur, sans aucune preuve scientifique de l'utilité ni de l'efficacité sanitaire de ces mesures pour lutter contre une épidémie !

Le Conseil National de Transition (CNT) est désormais la seule autorité publique représentant légitimement la souveraineté nationale du peuple de France. Ce n'est pas un parti politique, mais essentiellement un outil juridique conforme au droit français et au droit international pour permettre au peuple sous oppression d'exercer sa souveraineté selon le « Programme de la Transition,» dans la paix et la liberté (cf. <https://conseilnational.fr>).

(*) Voir toutes explications sur la disparition constitutionnelle de la république en 2008 et sur les crimes commis par les usurpateurs en lisant :

- la Sommation de 2020 : <https://conseilnational.fr/sommation>,
- le Laissez-passer du CNT de janvier 2021 : <https://conseilnational.fr/documents/#laissez-passer>,
- le document « Que dit la Constitution ? » : <https://conseilnational.fr/faites-valoir-vos-droits/#constitution>,
- la « *SOMMATION de faire et de répondre* » envoyée le 5 octobre 2021 à 6 ministres sur l'absence de preuve scientifique de l'existence d'un virus, de sa pathogénicité et de l'efficacité sanitaire des mesures COVID : <https://conseilnational.fr/sommation-d-octobre-2021/>

Informez-vous pour être responsable ! Soyez responsable pour être libre !

Avez-vous CONSCIENCE de votre POUVOIR de dire « *NON* » ? La liberté est un choix !

Si nous n'acceptons pas d'appliquer ces mesures COVID, ils ne peuvent rien.

Avec le Conseil National de Transition (CNT) nous pouvons ensemble choisir la LIBERTÉ et restaurer l'état de droit !

Pour faire valoir VOS DROITS vous pouvez télécharger :

- votre « *LAISSEZ-PASSER – Exemption des mesures Covid* » avec Mode d'emploi et modèle de *Plainte* à déposer,
- votre « *Déclaration de ZONE AUTONOME DE LA FRANCE LIBRE* » pour ouvrir tout établissement légalement,
- votre modèle de « *CONTESTATION de PV de contravention COVID* » et de « *CONTESTATION d'avis d'amende majorée* »
- votre modèle anonyme de « *LETRE D'INFORMATION SUR L'OBLIGATION VACCINALE* » : mettez en demeure les responsables de crimes contre l'humanité qui vous privent de vos droits par menaces ou refus d'accès aux soins, à l'enseignement, au lieu de travail, transports, aux commerces, etc. !

Rendez-vous sur :

<https://conseilnational.fr/documents/>

Inscription sur le site : <https://conseilnational.fr/adhesion/>