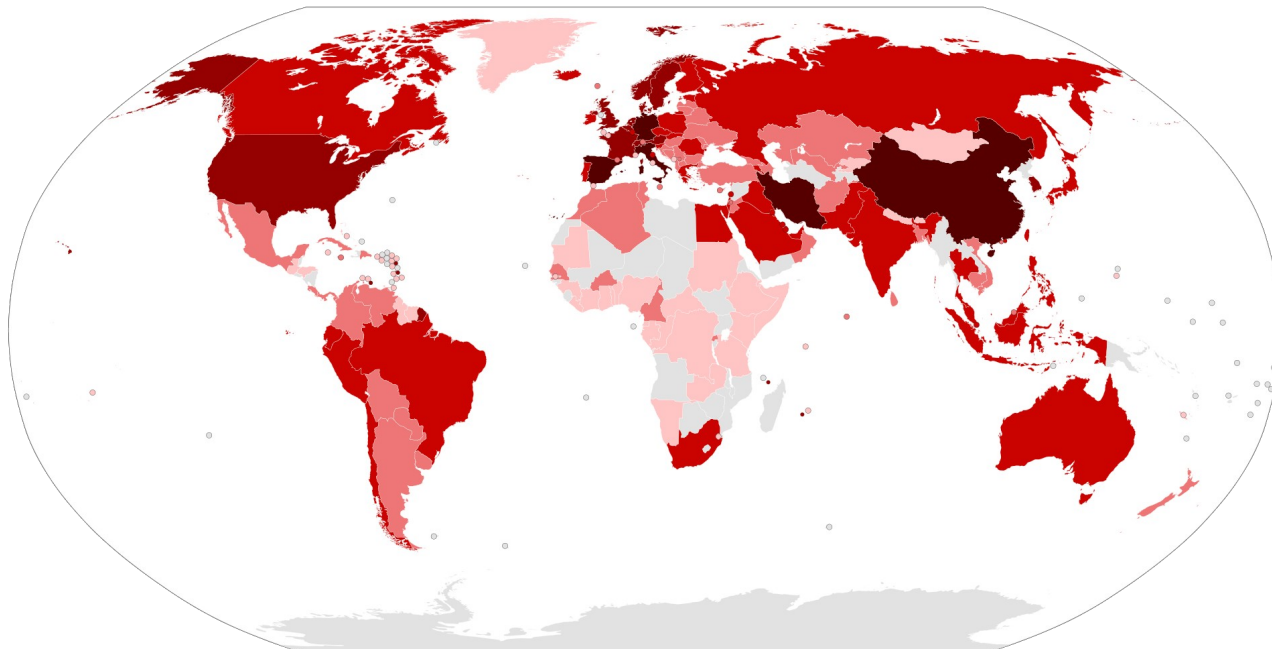


WIRUS HAPLOGRUPOWY

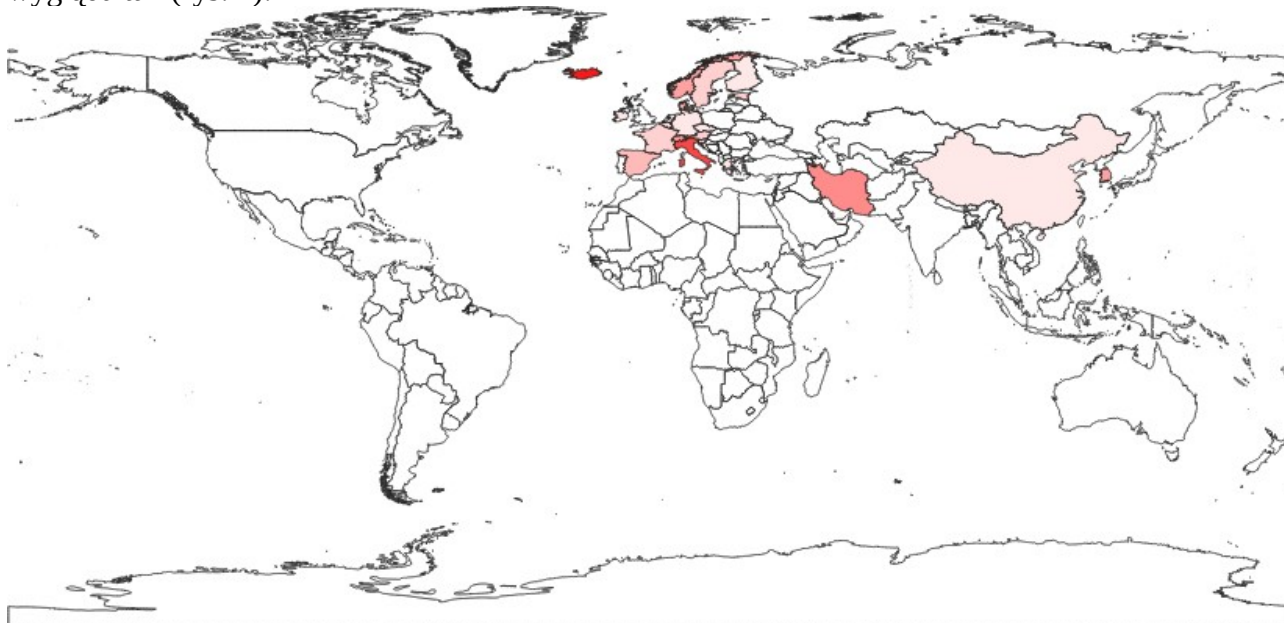
Uporządkujmy fakty, zanim wyjaśnimy, co oznacza tytuł artykułu a w zasadzie jego teza zawarta w tytule.

Zachorowalność na koronawirusa Świecie obecnie podawana jest tak¹ (rys. 1):



Rys. 1. Zachorowalność koronawirusa na Świecie podana w wartościach bezwzględnych jako liczba zachorowań w danym kraju.

Podczas gdy w istocie, po uwzględnieniu stosunku zachorowań do liczby populacji kraju, wygląda tak (rys. 2):

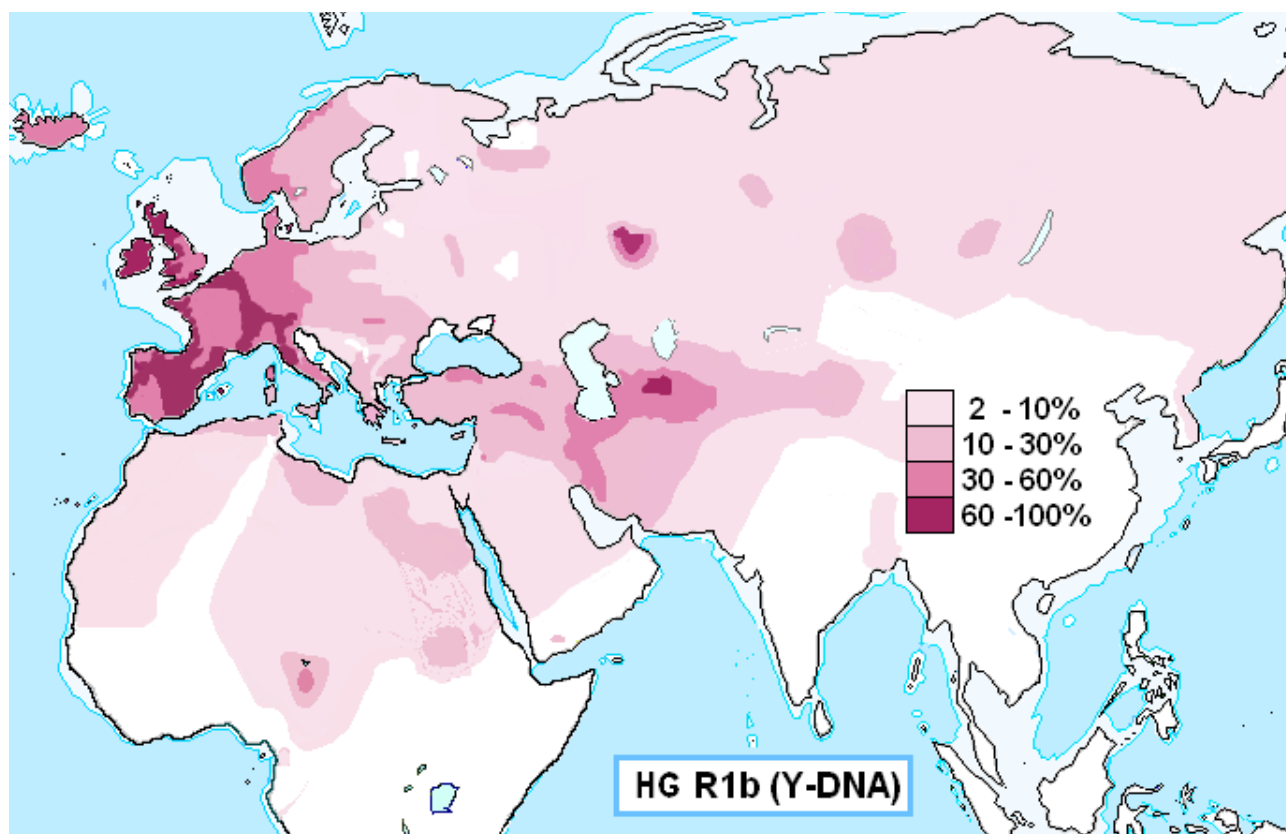


Rys. 2. Mapa zachorowań na koronawirusa po uwzględnieniu stosunku zachorowań do liczby populacji kraju.

Można nawet uznać, że niektóre kontynenty są praktycznie wolne od tego wirusa, gdyż rozprzyna się on w dużych populacjach krajów.

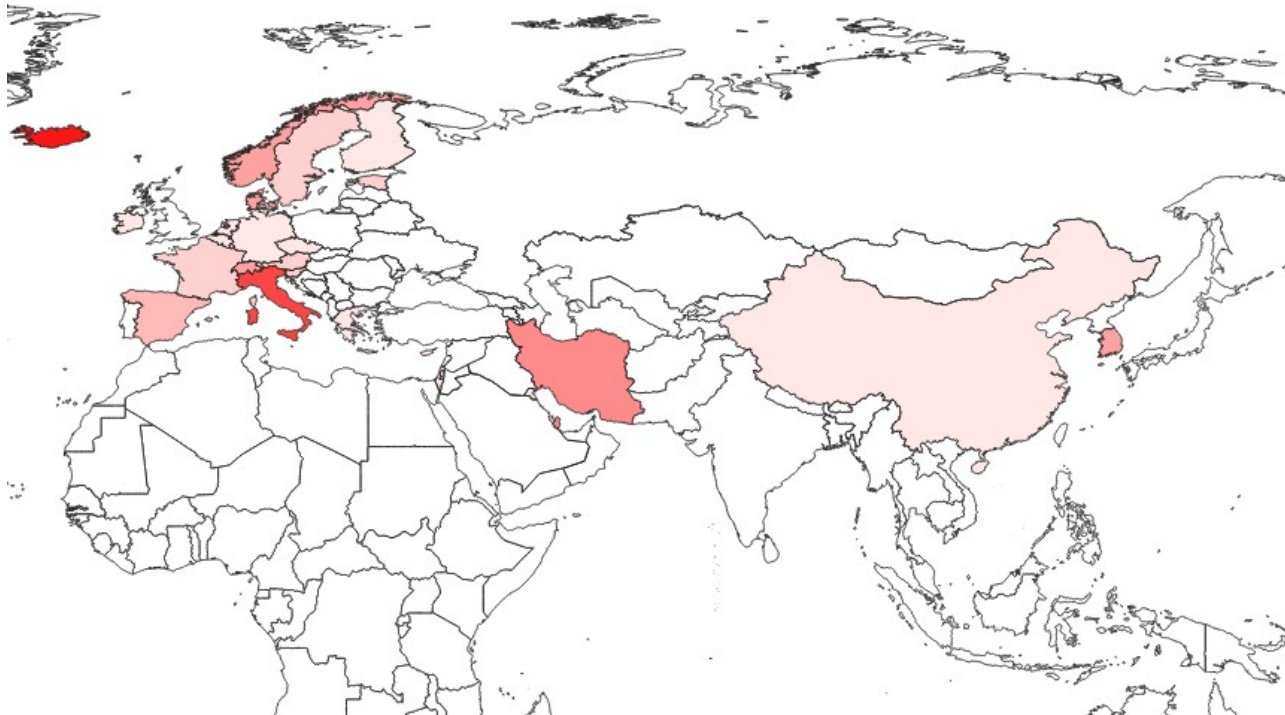
1 Pochodzi z: https://pl.wikipedia.org/wiki/Plik:COVID-19_Outbreak_World_Map.svg.

I teraz weźmy mapę rozprzestrzenienia się haplogrupy² R1b³ (rys. 3):



Rys. 3. Mapa⁴ rozprzestrzenienia haplogrupy R1b.

I teraz odnośną mapę w ujęciu proporcjonalnym zachorowań w stosunku do populacji krajów, którą nazwiemy mapą proporcjonalną zachorowań na koronawirusa (rys. 4):



Rys. 4. Mapa proporcjonalna zachorowań na koronawirusa.

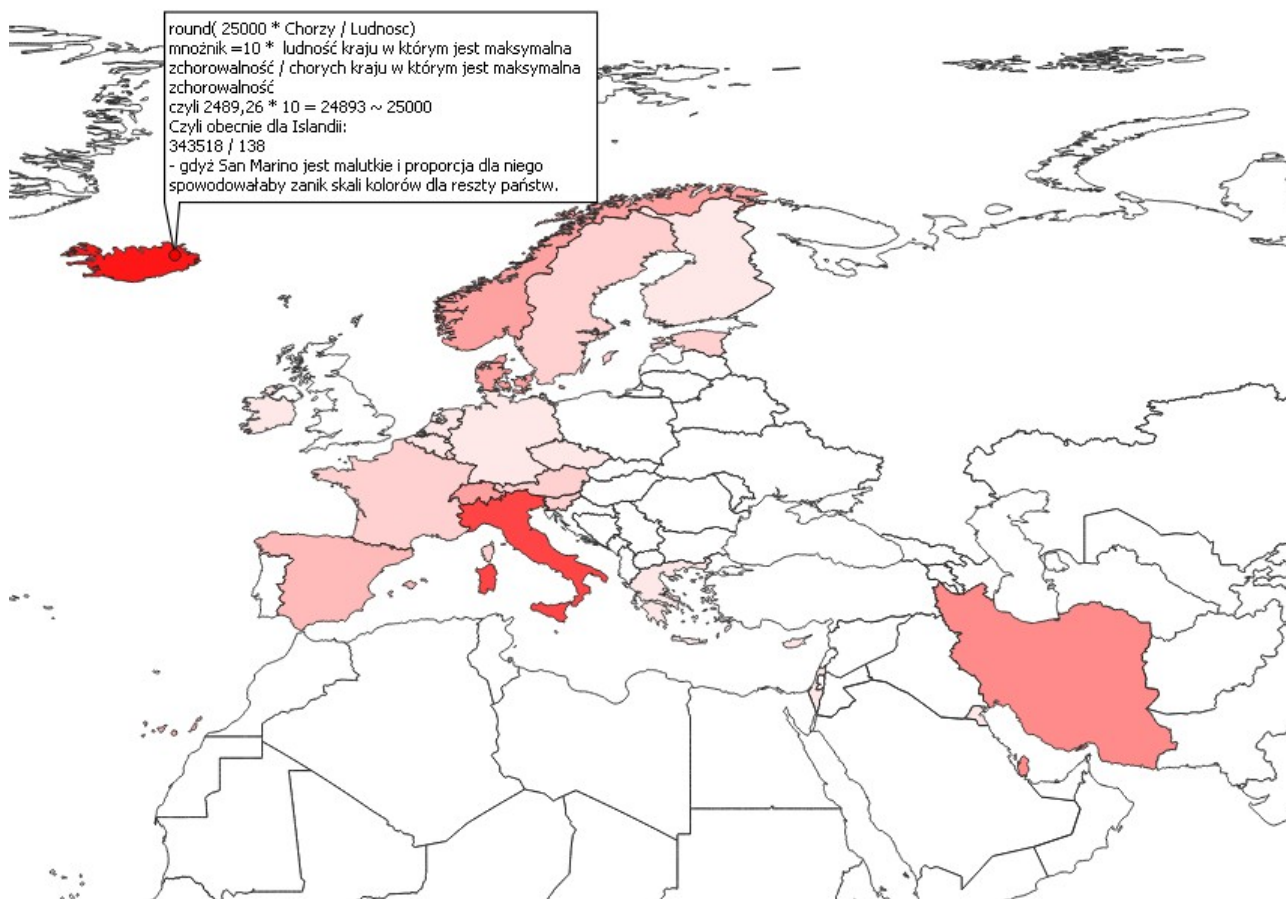
² O haplogrupach proszę przeczytać sobie gdzie indziej, pełno jest tego choćby w Internecie.

³ Inaczej zwana jako: **R-M343**, **Hg1** lub **Eu18**.

⁴ Pochodzi z: https://en.wikipedia.org/wiki/Haplogroup_R1b.

Czy te mapy (rys. 3 i rys. 4) prawie idealnie się nie pokrywają? Mapa proporcjonalna zachorowań na koronawirusa nieznacznie tylko odbiega od mapy rozprzestrzenienia haplogrupy R1b w... Chinach. Poza tym zgadza się nawet jeśli idzie o większe występowanie haplogrupy R1b w Iranie. Kluczowym jest tu brak danych z Turkmenistanu, gdzie występuje maksimum haplogrupy R1b w tamtym rejonie. Generalnie zachód Europy i północ jest relatywnie najbardziej zagrożonym obszarem Świata – czyli dokładnie tam, gdzie haplogrupa R1b występuje najliczniej w stosunkach procentowych populacji krajów.

W samej Europie i u sąsiadów wygląda to tak:



Rys. 5. Mapa proporcjonalna Europy i sąsiadów zachorowań na koronawirusa (w ramce podany jest uproszczony sposób ustalania proporcji zachorowań do ludności kraju).

Nie widać tego na mapie, ale najgorsza sytuacja jest w San Marino – prawie siedem razy gorsza proporcja niż na najbardziej zagrożonej według mapy (rys. 5) Islandii. Jednak na mapie widać by to było jak małą kopkę zagrożenia – szpilę – wśród innych krajów. Dlatego, żeby to nie zaburzało wskazań, za podstawę liczenia maksimum przyjąłem Islandię. Dane są z dnia 18. marca 2020 roku czyli w miarę świeże, bo sprzed dwu dni.

Możliwy scenariusz:

1. Mamy (gdyż go stworzyliśmy) wirusa agresywnego dla przedstawicieli haplogrupy R1b – czyli właśnie **wirusa haplogrupowego** albo w skrócie **haplowirusa**.
2. W naszym kraju nie ma prawie przedstawicieli haplogrupy R1b.
3. Wypuszczamy wirusa w swoim kraju (żeby odwrócić od siebie oskarżenie, że to my go wyhodowaliśmy-wyprodukowaliśmy).

4. Wirus jest regresywny, to znaczy szybko wyczerpuje w naszym kraju populację z haplogrupą R1b, gdyż mało jest naszych mieszkańców z haplogrupą R1b w stosunku do ogólnej liczby mieszkańców naszego kraju.
5. Wysyłamy naszych „turystów” po Świecie, żeby roznieśli wirusa.
6. U nas epidemia wygasa z uwagi na regresywność wirusa w tak małej części populacji mieszkańców naszego kraju z haplogrupą R1b.
7. Jesteśmy bohaterami – skutecznie zatrzymaliśmy epidemię u siebie – podczas gdy wszystkie kraje, mające haplogrupę R1b w większym procencie niż u nas, przeżywają gehennę pandemii.

Wnioski:

Oczywiście, to jeden z możliwych scenariuszy, gdyż dopuszczalne są inne, na przykład, że ktoś, kto nie był z Chin, wypuścił wirusa w Chinach, gdyż wiedział, że będzie tam regresywny. Może chciał, by o to teraz ktoś oskarżył Chińczyków. Jednakże, obojętnie, kto to zrobił, **jeśli istnieją wirusy rozpoznające haplogrupę potencjalnych chorych, to zaczęła się nowa era wojny biologicznej** – nie ślepa zaraza, atakująca wszystkich a zaraza inteligenta, atakująca wybiórczo ludzi z daną haplogrupą.

Jeśli teza artykułu jest fałszywa, to nawet mnie to ucieszy, ale żeby rozwiązać wszelkie wątpliwości, dobrze by było sprawdzić u chorych ich haplogrupę, a ściślej, czy nie mają haplogrupy R1b. Co skutkiem uzyskanych wyników należy zrobić, to pytanie nie do mnie. **Jeśli potwierdzi się zbieżność występowania haplogrupy R1b i agresywności koronawirusa, to otworzy się mnóstwo możliwości jego zahamowania.** Trzeba tylko najpierw dostrzec tę zbieżność – co czyni ten artykuł – a potem wysnuć z tego wnioski, po potwierdzeniu jego tezy lub zaprzeczeniu.

Nie chcąc komplikować wywodu nadmierną ilością tekstu, na tym skończę.

Z Bogiem.

Andrzej Marek Hendzel