

## Comment créer votre propre “nouveau virus” généré par ordinateur



[Source : Recherches Covid-19]

Comment créer son propre “nouveau virus” à l’aide de programmes informatiques. Veuillez noter que ce “virus” (chaîne d’ARN) n’est pas réel, il est généré par ordinateur. Malheureusement, presque tout le monde, quand ils croient que c’est réel, a peur.

Ainsi, une fois que vous avez prélevé un échantillon d’ADN animal (fœtus de bovin), d’ADN humain, d’autres contaminants et d’ARN très délicat, vous le mélangez et laissez les ordinateurs créer un virus virtuel. Et si vous avez besoin de le présenter comme réel, et non pas comme il est réellement, simulé, vous pouvez opter pour un faux tableau de mortalité généré par ordinateur, le faire lancer par un universitaire comme le professeur Neil Ferguson et pour son rôle dans cette fraude criminelle, il pourra plus tard dire qu’il s’agissait d’une “erreur de jugement”.

On crée donc un faux virus, une simulation prédictive de la mortalité due à ce virus, puis on passe à la mise en place de tests de diagnostic erronés (RT PCR) qui, à partir d’un “positif” à partir de quelques séquences d’ARN, peuvent également être positifs pour une maladie qui n’existe pas réellement. Testez Testez Testez.

<https://cv19.fr/2020/10/26/les-tests-pcr-covid19-nont-aucune-signification-scientifique/>

L’histoire vraie et vérifiable de la création du virus 100% fictif “Sars CoV2” par de multiples logiciels.

Le 26 décembre, alors que les autorités chinoises inquiétaient les habitants de Wuhan en enfermant les médecins et les journalistes lanceurs d’alerte, un homme de Wuhan a été testé. Le résultat est arrivé comme le début de la nouvelle campagne de tests PCR : un test sans intérêt – un écouvillon de l’arrière de sa gorge ou de l’intérieur de son nez avait détecté la présence du “nouveau nouveau coronavirus”. Mais je vous demande comment c’est possible puisque le test PCR n’avait pas été développé et que le nouveau “nouveau” virus n’avait même pas été isolé. Les tests moléculaires nécessitent des connaissances sur le(s) agent(s) potentiel(s) pour déterminer le(s) test(s) correct(s).

La première séquence du génome du " SARS-CoV-2 ", Wuhan-Hu-1, aurait été publiée le 10 janvier 2020 (GMT) par un consortium dirigé par Zhang, Résumé : Une séquence complète du génome du coronavirus 2 (SARS-CoV-2) a été générée par ordinateur, et non isolée, à partir d'un échantillon d'ADN, d'ARN, d'ADN animal et d'additifs de culture provenant d'un patient sud-africain qui était retourné en Afrique du Sud après avoir voyagé en Italie. Par un consortium dirigé par Zhang en Chine ? ?! Un nouveau génome a été séquencé par modèle informatique, un génome de sars CoV2 n'a jamais été isolé, il a été généré.

Rapport sur le génome Virological.org

COVID-19, une nouvelle maladie présumée et non prouvée prétendument causée par un brin d'ARN " SARS-CoV-2 " (Zhou et al., 2020) se propagerait rapidement en Afrique du Sud (Ministère sud-africain de la santé et NHI, 2020), dans le reste du continent africain (Afrique CDC, 2020) et dans le monde (Organisation mondiale de la santé, 2020).

Rapport sur le génome Virological.org

COVID-19, une nouvelle maladie présumée et non démontrée, prétendument causée par un brin d'ARN "SARS-CoV-2" (Zhou et al., 2020), se propagerait rapidement en Afrique du Sud (ministère sud-africain de la Santé et NHI, 2020), dans le reste du continent africain (Afrique CDC, 2020) et dans le monde (Organisation mondiale de la Santé, 2020).

Le séquençage de nouvelle génération d'agents pathogènes peut aider les grandes entreprises pharmaceutiques à vendre et à commercialiser des médicaments et des vaccins (Gwrinn et al., 2019)... Au 1er avril 2020, plus de 3000 génomes de SARS-Cov-2( pourquoi ont-ils tous des génomes différents ? Selon le GISAIID, il y a maintenant plus de 40 000 génomes pour un seul et même croque-mitaine). Ils ont été créés à l'échelle mondiale par des modèles de séquençage et téléchargés au GISAIID (The GISAIID Initiative, 2020). Le site web Nextstrain (The Nextstrain Team, 2020) offre un suivi en temps réel .

"Le virus" (brin d'ARN généré par l'ordinateur) a été préparé sur des modèles informatiques.

"L'ARN viral du SARS-CoV-2 a été préparé en extrayant l'ARN total de cellules Vero (ATCC, CCL-81) infectées par le BetaCoV/Korea/KCDC03/2020 , à une multiplicité d'infection (MOI) de 0,05, et cultivé dans du DMEM (GIBCO) supplémenté/contaminé avec 2% de sérum foetal bovin (GIBCO) et de la pénicilline-streptomycine (GIBCO) à 37 C, 5% CO2. L'ARN est le quatrième élément et n'est pas isolé en plaques.

L'architecture transcriptomique est inconnue, il y a eu de nombreux événements de transcription discontinus.

Aucune preuve ou indice n'indique que le patient (ou le fœtus bovin) dont ils ont utilisé les échantillons pour générer un "virus" avait une maladie appelée covid. Pas de contrôle, pas de référence.

Des prélèvements nasopharyngés et oropharyngés provenant d'un "individu symptomatique" ont été collectés et combinés, contaminés par de l'ADN humain et animal.

La multitude de logiciels différents que vous devrez utiliser pour le fabriquer (comme, bien sûr, le SARS-CoV-2, juste sur l'écran de votre ordinateur) et le gouvernement ne vous laissera pas faire. Ce n'est pas un vrai "virus", un organisme/brin d'ARN que vous pouvez isoler et voir sur un microscope électronique ou un nanoscope. Il est important de noter que bien que la RT-PCR soit l'outil de diagnostic le plus utilisé pour la détection, un résultat positif n'indique pas une infection ou l'existence d'un "virus". Il ne peut qu'indiquer la présence de certains ARN que les amorces recherchent et ne prouve pas de manière concluante que les molécules d'ARN trouvées ont même une queue et une coiffe ou sont des molécules d'ARN vivantes et transmissibles. Comme les chercheurs ne savaient pas quel agent ils recherchaient au départ, on peut comprendre qu'ils ne pouvaient pas savoir quel agent (amorces) utiliser, c'est-à-dire quel acide nucléique rechercher et amplifier.

L'extraction totale des acides nucléiques a été réalisée à l'aide du kit MagNA Pure 96 DNA and Viral NA Small Volume Kit (Roche, Suisse) comme décrit par le fabricant. L'acide nucléique SARS-CoV-2 a été détecté ? ?? Mais comment ont-ils su quel était l'acide nucléique du SARS-CoV-2 s'ils n'avaient pas encore le génome ? En utilisant le test TIB Molbiol LightMix Sarbeco E-gene real-time polymerase chain reaction assay, qui a donné une valeur de 23,21 pour le seuil de cycle (Ct) (Corman et al, 2012) Une autre extraction d'acide nucléique, obtenue à l'aide du mini kit d'ARN viral QIAamp (QIAGEN, Allemagne), a été évaluée avec le kit de test ARN Qubit (Invitrogen, Carlsbad, CA, USA) et la station de bande magnétique Agilent 4200 (Agilent Technologies, Allemagne). La déplétion de l'ARN ribosomique de l'hôte a été réalisée à l'aide du kit de déplétion de l'ARNr NEBNext (New England Biolabs, Ipswich, MA, USA), suivie de la synthèse de l'ADNc. Les bibliothèques couplées ont été préparées à l'aide du kit de préparation de bibliothèque d'ADN Flex de Nextera, suivi d'un séquençage de 2x300 bp effectué sur Illumina MiSeq (Illumina, San Diego, CA, USA). Toutes les méthodes et techniques mentionnées ci-dessus ont été réalisées à l'Institut national des maladies transmissibles, une division du Service national des laboratoires de santé, à Johannesburg, en Afrique du Sud.

La séquence métagénomique qui en résulte (9 406 678 paires de lectures) – ils ont dit qu'elle n'était que de 30 000 – a donc été réduite à 23 489 (Q>20) en utilisant Trim Galore (Felix Krueger, 2019) et ensuite FastQ Screen (Steven Wingett, 2019) a été utilisé pour "filtrer". Les lectures d'ARN restantes (23 489 lectures) ont ensuite été mises en correspondance avec le génome complet de l'isolat de Wuhan-Hu-1 du SARS-CoV-2

... Il en manque 7 000, il existe un autre programme pour remédier à cela. Demandez à l'ordinateur d'ajouter 7 000 aléas.

(Numéro d'accès Genbank : MN908947.3) (Excusez-moi, mais comment pouvez-vous faire correspondre le prétendu premier génome à un autre ?) en utilisant CLC Bio (Qiagen, 2020) pour générer la séquence de consensus.

La séquence de consensus a été combinée avec une collection de 965 génomes SARS-CoV-2 téléchargés à partir de GISAID (Attendez, il n'y a pas de génomes si c'était prétendument le premier nouveau) et un alignement de séquence

multiple (MSA) a été généré en utilisant MAFFT v7.042 (Kato et Standley, 2013) fonctionnant dans Nextstrain (Hadfield et al., 2018) à l'Institut national sud-africain de bioinformatique (SANBI), Université de Western Cape, Cape Town, Afrique du Sud. Les lectures de séquences utilisées pour générer le consensus ont été mises en correspondance avec la séquence MN908947.3 en utilisant BWA-MEM v0.7.17 (Li, 2013) fonctionnant dans Galaxy (Afgan et al., 2018).

La séquence métagénomique qui en résulte (9 406 678 paires de lectures) – ils ont dit qu'elle n'était que de 30 000 – a donc été réduite à 23 489 ( $Q > 20$ ) en utilisant Trim Galore (Felix Krueger, 2019) et ensuite FastQ Screen (Steven Wingett, 2019) a été utilisé pour "filtrer". Les lectures d'ARN restantes (23 489 lectures) ont ensuite été mises en correspondance avec le génome complet de l'isolat de Wuhan-Hu-1 du SARS-CoV-2

... Il en manque 7 000, il existe un autre programme pour remédier à cela. Demandez à l'ordinateur d'ajouter 7 000 aléas.

(Numéro d'accès à la Genbank : MN908947.3) (Excusez-moi, mais comment pouvez-vous faire correspondre le prétendu premier génome à un autre ?) en utilisant CLC Bio (Qiagen, 2020) pour générer la séquence de consensus. Le consensus scientifique est un sujet très délicat.

La séquence de consensus a été combinée avec une collection de 965 génomes SARS-CoV-2 téléchargés à partir de GISAID ( Attendez, il n'y a pas de génomes si c'était prétendument le premier nouveau) et un alignement de séquence multiple (MSA) a été généré en utilisant MAFFT v7.042 (Kato et Standley, 2013) fonctionnant dans Nextstrain (Hadfield et al., 2018) à l'Institut national sud-africain de bioinformatique (SANBI), Université de Western Cape, Cape Town, Afrique du Sud. Les lectures de séquences utilisées pour générer le consensus ont été mises en correspondance avec la séquence MN908947.3 en utilisant BWA-MEM v0.7.17 (Li, 2013) fonctionnant dans Galaxy (Afgan et al., 2018).

Les variantes de la séquence de consensus ont été identifiées par l'inspection de la MSA, validées par l'inspection de la cartographie de lecture et visualisées en IGV (Robinson et al., 2011). Sur une liste initiale de 74 variants, 6 ont été confirmés par les preuves des lectures cartographiées et retenus. La profondeur de la couverture a été calculée à l'aide de samtools (Li et al., 2009), et la moyenne a été calculée sur le génome, ce qui a donné une profondeur moyenne de 10 lectures. Les régions à forte couverture (plus de 5 lectures) ont été identifiées en utilisant covtobed (Birolo et Telatin, 2020) et le fichier BED résultant utilisé pour masquer les positions des variantes (en utilisant Python et le module intervaltree dans un carnet Jupyter (Thomas et al., 2016)). Ce masquage a confirmé que les 6 variantes de bonne qualité mentionnées précédemment étaient situées dans les 76% du génome qui étaient couverts par des lectures à une profondeur supérieure à 5. Les variantes ont été insérées dans la séquence de référence MN908947.3 à l'aide de BioPython (Cock et al., 2009).

Virological.org Ref Séquence du génome entier du coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère (SARS-CoV-2) obtenu sur un patient sud-africain

atteint de la maladie à coronavirus 2019 (COVID-19)

<https://virological.org/t/whole-genome-sequence-of-the-severe-acute-respiratory-syndrome-coronavirus-2-sars-cov-2-obtained-from-a-south-african-coronavirus-disease-2019-covid-19-patient/452>

Les résultats de l'étude de Lancet sur les maladies infectieuses confirment la théorie selon laquelle il n'y a pas de nouveau virus ni de nouvelle maladie.

La fausse maladie un modèle de symptômes "COVID-19" s'est d'abord présentée sous la forme de trois modèles cliniques distincts. Woops fait des diagnostics erronés sur la base d'un test PCR qui n'était pas censé être utilisé pour diagnostiquer la maladie.

[https://www.thelancet.com/journals/laninf/article/PIIS1473-3099\(20\)30237-1/fulltext](https://www.thelancet.com/journals/laninf/article/PIIS1473-3099(20)30237-1/fulltext)

Pas de nouvelle maladie car il n'y a pas eu de nouveaux symptômes.

On dit maintenant que les symptômes sont les mêmes que ceux de la grippe = pas de nouvelle maladie.

Il a été rapporté dans les cas précédents la cinétique de l'ARN "viral" de deux patients qui ont développé une détérioration respiratoire tardive malgré la disparition de l'ARN "viral" nasopharyngien. Les tests se sont révélés négatifs, aucun "virus" n'a été trouvé, et la détérioration et la mort sont survenues sans lui, mais ils ont quand même insisté sur le fait qu'il y avait/est un nouveau virus et une nouvelle maladie.

Je suis désolé si je vous ai ennuyé jusqu'aux larmes mais 1) ils n'ont pas isolé de virus 2) il s'agit d'une fraude continue et d'une croyance religieuse totale dans un test PCR qui n'était pas censé être utilisé pour diagnostiquer des maladies mais qui est maintenant utilisé frauduleusement pour enregistrer des cas d'une maladie qui n'existe même pas. Cela dépasse l'entendement.

Alors détendez-vous, la mortalité due à un faux virus est de 0. Le problème est de lancer le canular auprès de l'OMS et des Nations unies par le biais des médias en infectant les personnes avec un virus mental, ce qui rend le réel dans leurs têtes. Le virus mental qui utilise la peur comme un récepteur contrairement à un virus généré par ordinateur peut être nocif car une réponse prolongée au stress n'est pas bonne pour le corps/esprit.

Pour en savoir plus.

<https://thegnmsolution.com/the-elusive-virus-2/>

<https://thegnmsolution.com/rational-voices-talk-about-covid-19/>

\*Vous ne pourrez probablement pas obtenir le laboratoire, l'équipement, les agents, le financement et les permis nécessaires pour jouer avec l'ADN. Le but de ce fil de discussion était de faire comprendre aux gens que ce Sars CoV2 n'est pas réel et qu'ils sont manipulés mentalement.

N'oubliez pas la grande question, la recherche intérieure qui est primordiale, découvrir qui vous êtes au-delà du nom et de la forme.

Source

: <https://notpublicaddress.wordpress.com/2020/08/08/how-to-create-your-own-no>

vel-virususing-computer-software/  
Traduction par <https://cv19.fr>