Mike Stone: Vytvoření genomu “SARS-COV-2”

written by Vladimír Bartoš | 11. 12. 2022

Zdroj

Přeložil: Vladimír Bartoš

> „K ověření a určení přítomnosti viru a podle nejzákladnějších pravidel vědeckého uvažování **je třeba virus izolovat a zobrazit v jeho čisté podobě, aby se vyloučilo, že buněčné genetické sekvence jsou nesprávně interpretovány jako součásti viru.“**
>
> -Ex-virolog Dr. Stefan Lanka

Pokud bychom se řídili pravidly logiky, bylo by jasné, že aby bylo možné logicky sekvenovat genom nějaké věci, musí být tato věc nejprve prokázána jako reálně existující. Pokud byste sekvenovali genom člověka, museli byste najít osobu, které genom patří, abyste zjistili, zda skutečně fyzicky existuje. Pokud sekvenujete psa, měli byste být schopni psa najít a prokázat jeho existenci. Logicky to dává smysl. Kdybych vám však ukázal sekvenci a tvrdil, že pochází z draka, vysmáli byste se mi. Očekávali byste, že dokážu, že drak, z něhož sekvence pochází, skutečně existuje. Podle této logiky, aby bylo možné vytvořit sekvenci jakýchkoli částic, o nichž se předpokládá, že jsou „virem“, musí být nejprve prokázáno, že tyto částice fyzicky existují. Bez tohoto důkazu existence nemá genom smysl.

Jak by tedy virolog prokázal, že „virový“ genom patří skutečnému „viru“? Teoreticky by měl být schopen odebrat vzorek (tj. tekutinu z bronchoalveolární laváže) přímo od nemocného pacienta a poté jej podrobit některému z purifikačních/izolačních procesů (centrifugace, filtrace, vysrážení atd.), které by se měly ve virologii běžně používat, ale ve studiích jaksi pravidelně chybí. Tento krok by se prováděl proto, aby se oddělily (izolovaly) částice, o nichž se domnívají, že jsou „virem“, od všeho ostatního, co je ve vzorku určitě obsaženo (hostitelské buňky, bakteriální buňky, buněčné zbytky, extracelulární vezikuly, exozomy atd.). Pod elektronovým mikroskopem by zkontrolovali, zda všechny částice v jejich vzorcích mají stejnou charakteristickou velikost a tvar. Teprve až by skutečně měli purifikovaný/izolovaný vzorek částic považovaných za „viry“, mohli by se pokusit prokázat patogenitu ve studiích na zvířatech. Teprve až by se prokázalo, že tyto částice skutečně existují, mohli by z nich získat genom, který by měl nějaký význam.

Byl tento postup proveden u „SARS-COV-2“ (nebo u jakéhokoli jiného „viru“)? Ne. Původní genom „SARS-COV-2“ **byl sestaven v počítači na základě nepřečištěné tekutiny z bronchoalveolární laváže (BALF) jednoho pacienta.** Nedošlo k žádnému pokusu o purifikaci odstřeďováním/filtrací vzorku, aby se oddělil „virus“ od všeho ostatního v tekutině BALF. Nebyla provedena kultivace „viru“ a následné sekvenování genomu z této toxické polévky. Použili přímo nepřečištěný BALF jednoho pacienta, který obsahoval mnoho necílového genetického materiálu a pouze na jeho základě určili genom „viru“. Sestavili ho a namapovali na model genomu pomocí počítačových algoritmů, predikčního softwaru a referenčních genomů z podobných nečištěných zdrojů.

Takto byl postup popsán v aktuální studii:

Nový koronavirus spojený s lidským respiračním onemocněním v Číně

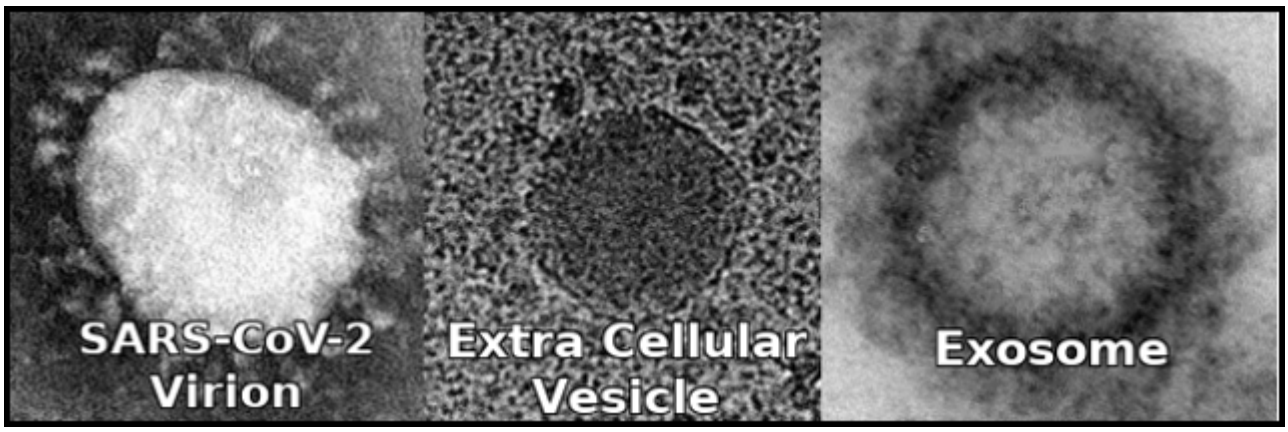
> „Abychom prozkoumali možné etiologické původce spojené s tímto onemocněním, **odebrali jsme tekutinu z bronchoalveolární laváže (BALF) a provedli hloubkové metatranskriptomické sekvenování.** Klinický vzorek byl zpracováván v laboratoři úrovně biologické bezpečnosti 3 v Šanghajském klinickém centru veřejného zdraví. Z 200 µl BALF byla extrahována **celková RNA a byla vytvořena metatranskriptomická knihovna pro párové sekvenování (150-bp čtení) pomocí přístroje Illumina MiniSeq, jak bylo popsáno dříve4,6,7,8.** Celkem jsme vygenerovali 56 565 928 sekvenčních čtení, **která byla de novo sestavena** a prověřena na potenciální etiologické agens. Z 384 096 kontigů sestavených pomocí Megahit9 měl nejdelší (30 474 nukleotidů (nt)) vysokou abundanci a byl úzce příbuzný s izolátem koronaviru (CoV) podobného netopýřímu SARS – netopýří SL-CoVZC45 (GenBank přístupové číslo MG772933) – který byl dříve odebrán v Číně, s identitou nukleotidů 89,1 % (doplňkové tabulky 1, 2). **Sekvence genomu tohoto viru, stejně jako jeho zakončení, byly určeny a potvrzeny pomocí reverzně transkripční PCR** (RT-PCR)10 , resp. 5′/3′ rychlé amplifikace konců cDNA (RACE). Tento kmen viru byl označen jako WH-Human 1 coronavirus (WHCV) (a byl také označen jako „2019-nCoV“) a jeho sekvenci celého genomu (29 903 nt) bylo

přiděleno přístupové číslo GenBank MN908947. **Přemapování dat ze sekvenování RNA na kompletní genom WHCV** vedlo k sestavení 123 613 čtení, která poskytla 99,99% pokrytí genomu při průměrné hloubce 6,04× (rozsah 0,01-78,84×) (Extended Data Obr. 3). **Virová nálož ve vzorku BALF byla pomocí qPCR odhadnuta** na 3,95 × 108 kopií na ml (Extended Data Obr. 4).

Organizace virového genomu WHCV byla určena zarovnáním sekvencí se dvěma reprezentativními zástupci rodu Betacoronavirus: koronavirem spojeným s lidmi (SARS-CoV Tor2, číslo zápisu v GenBank AY274119) a koronavirem spojeným s netopýry (netopýr SL-CoVZC45, číslo zápisu v GenBank MG772933). **Na základě tohoto zarovnání sekvencí a předpovědi ORF** byly zmapovány netranslační oblasti a otevřený čtecí rámec (ORF) WHCV. Genom viru WHCV byl podobný těmto dvěma koronavirům (obr. 1 a doplňková tabulka 3). Pořadí genů (5′ až 3′) bylo následující: ORF1ab replikázy, hrot (S), obal (E), membrána (M) a nukleokapsida (N). WHCV má 5′ a 3′ terminální sekvence, které jsou typické pro betakoronaviry, s 265 nt na 5′ terminálním konci a 229 nt na 3′ terminálním konci. **Předpokládaný replikázový** gen ORF1ab WHCV má délku 21 291 nt a obsahoval 16 **předpokládaných nestrukturálních proteinů** (doplňková tabulka 4), za nimiž následovalo (nejméně) 13 navazujících ORF. Kromě toho sdílí WHCV vysoce konzervovanou doménu (LLRKNGNKG: aminokyseliny 122-130) v nsp1 se SARS-CoV. Předpokládaná délka genů S, ORF3a, E, M a N viru WHCV je 3 822, 828, 228, 669 a 1 260 nt. Kromě těchto oblastí ORF, které jsou společné všem členům podrodu Sarbecovirus, je WHCV podobný SARS-CoV v tom, že **nese předpokládaný gen ORF8** (o délce 366 nt), který se nachází mezi geny ORF M a N. **Funkce ORF WHCV byly předpovězeny na základě funkcí známých koronavirů** a jsou popsány v doplňkové tabulce 5.“

https://www.nature.com/articles/s41586-020-2008-3

Mějte na paměti, že v BALF budou miliardy mikro a nanočástic, včetně téměř ve všech ohledech „virům“ identických exozomů, stejně jako buněčných zbytků a extracelulárních vezikul.



Na skutečnost, že v nepřečištěném vzorku BALF je mnoho zdrojů DNA/RNA, dále upozorňuje průvodce WHO „SARS-COV-2“ Genom:

Genomické sekvenování SARS-CoV-2

> „Odebrání hostitelského nebo jiného genetického materiálu, který není SARS-CoV-2, ve vzorku vede k vyššímu podílu čtení SARS-CoV-2 ve vygenerovaných sekvenačních datech, a tedy k vyšší šanci na získání úplného genomu. Metagenomické přístupy SARS-CoV-2 **proto obvykle zahrnují kroky k odstranění hostitelských a bakteriálních buněk, a to buď odstředěním nebo filtrací před extrakcí RNA**, nebo chemickým či enzymatickým odstraněním nežádoucí DNA/RNA. To je snazší u tekutých vzorků, z nichž lze buňky snáze oddělit, jako je bronchoalveolární laváž (tabulka 1).
>
> 4). Obsah ribosomální RNA (rRNA) a DNA se také běžně vyčerpává během přípravy knihovny pro sekvenování virové RNA a nosná RNA se často z extrakcí vynechává nebo nahrazena lineárním polyakrylamidem. **Navzdory těmto opatřením mohou vzorky stále obsahovat velké množství necílové hostitelské DNA/RNA**, která může být rovněž sekvenována. Metagenomické přístupy proto obecně těží ze vstupu vzorků s vysokou virovou zátěží (tak, že přiměřený podíl genetického materiálu ve vzorku tvoří virus).“
>
> **„Metagenomické sekvenování obvykle produkuje vysoké množství necílových, nevirových čtení.** Je také často (i když ne vždy, v závislosti na sekvenační platformě a multiplexování) nákladnější než přístupy založené na cíleném záchytu nebo na amplikonovém sekvenování, protože k vytvoření jednoho genomu SARS-CoV-2 je třeba získat více dat. Navíc kroky předúpravy, které jsou zvláště výhodné pro metagenomiku, jako je centrifugace, se obvykle neprovádějí pro molekulární diagnostické testy, takže pro metagenomické sekvenování může být nutné provádět nové extrakce, které zahrnují kroky předúpravy.“

https://www.google.com/url?sa=t&source=web&rct=j&url=https://www.who.int/publications-detail-redirect/9789240018440&ved=2ahUKEwjB9N-JgOjyAhVWvZ4KHVWZBckQFnoECB4QAQ&usg=AOvVaw28OrakzQD6BVezIuZC15Jw

WHO uvádí, že k odstranění hostitelských a bakteriálních buněk se obvykle provádí centrifugace (velmi rychlé odstřeďování materiálu za účelem oddělení větších částic od menších) a filtrace (používá se k dalšímu oddělení částic podle velikosti). Nikde v dokumentu o genomu SARS-COV-2 však není uvedeno, že by se tyto dva zásadní kroky prováděly. Navíc, i kdyby tyto purifikační kroky byly provedeny, WHO připouští, že bude sekvenováno i velké množství materiálu DNA/RNA mimo cíl hostitele. To znamená, že z metagenomické analýzy bude pocházet vysoký počet necílových „nevirových“ čtení. Bez ohledu na přečištění

tedy nelze v žádném případě tvrdit, že referenční genom „SARS-COV-2“ pochází z purifikovaného/izolovaného zdroje.

Table 4. Direct sequencing of clinical specimen and cell culture

Starting material	Quantity of viral RNA	Content of non-viral material	Reference
Serum, blood	Detection very infrequent	High in whole blood, low in serum	*(77, 122–126)*
Respiratory samples (naso-oropharyngeal swabs, sputum, bronchial lavage fluid)	Detection frequent at high levels	High but can be reduced through filtration and centrifugation	*(122, 127–135)*
Oral fluids and gargling, mouth washes	Detection highly variable depending on collection and handling process; can be frequent	High but can be reduced through filtration and centrifugation	*(133, 136–143)*

Bez purifikace/izolace neexistuje způsob, jak by mohli určit, že jimi sestrojený genom „SARS-COV-2“ pochází z jednoho zdroje. Ve studii se ani nepokusili o EM snímky, protože nebylo fyzicky přítomno nic, z čeho by mohli snímek získat.

Tuto obrovskou chybu se vědci snažili zakrýt tím, že se jako na záložní důkaz odvolávali na jinou studii:

> „Tyto genomické a klinické podobnosti se SARS, stejně jako jeho vysoký výskyt v klinických vzorcích, poskytují důkaz **o souvislosti** mezi WHCV a probíhajícím vypuknutím respiračního onemocnění ve Wuhanu a po celém světě. **Ačkoli izolace viru pouze od jednoho pacienta není dostatečná pro závěr, že tyto respirační příznaky způsobil právě on, naše zjištění byla nezávisle potvrzena u dalších pacientů v samostatné studii**29.“

Jsou zde dva problémy:

1. Neizolovali „virus“ od jednoho pacienta. Vytvořili sekvenci z BALF jednoho pacienta. Dvě zcela odlišné věci.
2. V jiné práci, na kterou odkazují, přiznávají, že ani oni neprokázali „virus“:

Vypuknutí pneumonie spojené s novým koronavirem pravděpodobného netopýřího

původu.

> „Studie poskytuje podrobnou zprávu o 2019-nCoV, **pravděpodobném etiologickém agens** zodpovědném za probíhající epidemii akutního respiračního syndromu v Číně a dalších zemích. U všech testovaných pacientů byla pozorována nukleotidově specifická a virově-proteinová sérokonverze a **poskytuje důkaz o souvislosti** mezi onemocněním a přítomností tohoto viru. Stále však zůstává mnoho naléhavých otázek, které je třeba zodpovědět. **Souvislost mezi virem 2019-nCoV a onemocněním nebyla ověřena pokusy na zvířatech, které by splňovaly Kochovy postuláty pro stanovení příčinné souvislosti mezi mikroorganismem a onemocněním.** Zatím neznáme ani rutinní přenos tohoto viru mezi hostiteli.“

https://www.nature.com/articles/s41586-020-2012-7

Všimli jste si zmínky o nesplnění Kochových postulátů? Jedná se o ČTYŘI logická kritéria, která vypracoval Robert Koch v roce 1890 a která WHO považuje za základní požadavek k prokázání, že mikrob způsobuje onemocnění:

„Přesvědčivá identifikace původce musí splňovat všechna kritéria takzvaných „Kochových postulátů“. V současné době probíhají v laboratoři v Nizozemsku další experimenty potřebné ke splnění těchto kritérií.“

https://www.who.int/csr/don/2003_03_27b/en/

SARS virus close to conclusive identification, new tests for rapid diagnosis ready soon

On 17 March, WHO established a global network of leading laboratories to collaborate in the identification of the causative agent of severe acute respiratory syndrome (SARS).

Early on, labs in the network narrowed the search to members of the paramyxovirus and coronavirus families. Findings shared by network labs earlier this week began pointing, with increasing consistency, to coronaviruses.

“Data from many network laboratories indicate that a coronavirus is the primary cause of the disease,” said WHO virologist and epidemiologist Klaus Stöhr. “This virus is unlike any known human or animal member of this virus family. It is consistently found in specimens from SARS patients from many countries. It has been isolated in cell-culture. We are very close to knowing for sure.”

Conclusive identification of a causative must meet all criteria in the so-called “Koch’s postulate.” The additional experiments needed to fulfil these criteria are currently under way at a laboratory in the Netherlands.

Scientists at Hong Kong University had previously announced, on 21 March, the isolation of a new virus that was strongly suspected to be the causative agent

Původní odkaz se zdá být nefunkční, ale toto je snímek obrazovky, který jsem pořídil, než spadl.

Pokud ve vás výše uvedené informace nevyvolají přinejmenším podezření ohledně platnosti A,C,T,G v počítačové databázi, o které se tvrdí, že je fyzickou entitou, úžasný článek Iaina Davise pro OffGuardian dále vysvětluje, proč je tento genom odebraný z BALFu jednoho pacienta problém. Uvádí pěknou historii stejně nekvalitního genomu „SARS-COV-1“ i dalších referenčních genomů, které byly použity jako základ pro vytvoření genomu „SARS-COV-2“: „

COVID19 – důkaz globálního podvodu

> „Centrum pro kontrolu a prevenci nemocí ve Wuhanu a Klinické centrum veřejného zdraví v Šanghaji zveřejnily první úplný genom SARS-CoV-2 (MN908947.1). Ten byl mnohokrát aktualizován. **MN908947.1 však byla první genetickou sekvencí popisující údajného etiologického agens COVID 19 (SARS-CoV-2).**
>
> Všechna následná tvrzení, testy, léčba, statistiky, vývoj vakcín a z nich vyplývající politiky **jsou založeny na této sekvenci.** Pokud testy tohoto nového viru neidentifikují nic, co by bylo schopno vyvolat onemocnění u lidí, není celé vyprávění o COVID 19 ničím jiným než šarádou.

Výzkumníci z WUHANu uvedli, že **genetickou sekvenci SARS-CoV-2 účinně poskládali dohromady porovnáním fragmentů nalezených ve vzorcích s jinými, dříve objevenými genetickými sekvencemi.** Ze shromážděného materiálu zjistili 87,1% shodu s koronavirem SARS (SARS-Cov). Použili sestavení de novo a cílenou PCR a našli 29 891 párů bází, **které měly 79,6% shodu sekvence se SARS-CoV.**

Museli použít sestavení de novo, protože neměli žádné předběžné znalosti o správné sekvenci nebo pořadí těchto fragmentů. Jednoduše řečeno, tvrzení WHO, že čínští vědci izolovali virus 7. ledna, je nepravdivé.

Wuhanský tým použil 40 cyklů amplifikace RT-qPCR, aby porovnal fragmenty cDNA (komplementární DNA sestavená z odebraných fragmentů RNA) s publikovaným genomem koronaviru SARS (SARS-CoV). **Bohužel není jasné, jak přesný je i původní genom SARS-CoV.**

V roce 2003 studoval tým vědců z Hongkongu 50 pacientů s těžkým akutním respiračním syndromem (SARS). **Od dvou z těchto pacientů odebrali vzorky a vytvořili kulturu v jaterních buňkách plodu opice.**

Z nalezeného genetického materiálu vytvořili 30 klonů. Nepodařilo se jim najít důkazy o přítomnosti jiného známého viru, **pouze v jednom z těchto klonovaných vzorků nalezli genetické sekvence „neznámého původu“.**

Při zkoumání těchto neznámých sekvencí RNA **zjistili 57% shodu s bovinním koronavirem a virem myší hepatitidy a odvodili, že jde o virus z čeledi Coronaviridae.** Vzhledem k tomu, že tyto sekvence naznačují, že se jedná o nově objevený virus SARS-CoV (nové objevy jsou pro vědce jako “nápoj bohů”), navrhli primery RT-PCR k testování tohoto nového viru. Vědci uvedli:

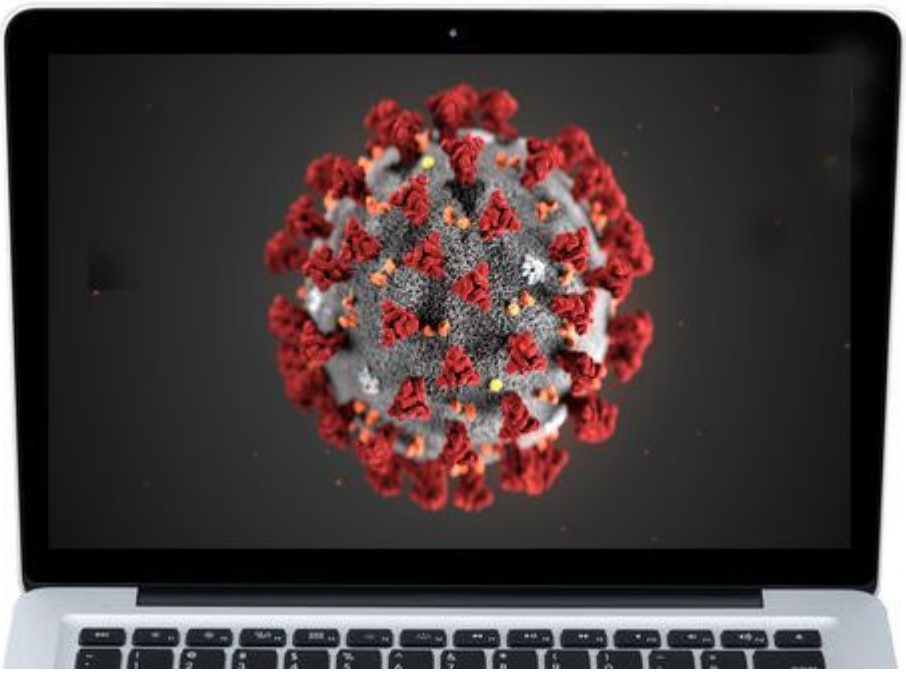
Byly navrženy primery pro detekci nového viru pro RT-PCR detekci genomu tohoto lidského koronaviru spojeného s pneumonií v klinických vzorcích. Ze 44 vzorků nosohltanu, které byly k dispozici od 50 pacientů se SARS, jich 22 prokázalo RNA lidského koronaviru spojeného s pneumonií.“

Polovina testovaných pacientů, kteří měli všichni stejné příznaky, byla pozitivní na tento nový údajný virus. **Nikdo neví, proč byla druhá polovina testována na tento nový virus SARS-CoV negativně.** Tato otázka nebyla položena.

Tento údajný virus měl pouze 57% sekvenční shodu s údajně známým koronavirem. Zbylých 43 % „tam“ jen bylo. Byla získána sekvenční data a zaznamenána jako nový genom pod přístupovým číslem GenBank AY274119.

Výzkumníci z Wuhanu následně zjistili 79,6% sekvenční shodu s AY274119, a proto jej označili za nový kmen SARS-CoV (2019-nCoV – nakonec přejmenovaný na SARS-CoV-2). **V žádné fázi tohoto procesu nikdo nevytvořil žádný izolovaný, purifikovaný vzorek jakéhokoli viru. Jediné, co měli, byly procentuální shody sekvencí s jinými procentuálními shodami sekvencí.“**

COVID19 – Evidence Of Global Fraud



Jak je vidět, genom „SARS-COV-2“ je sekvenčně shodný výtvor postavený na základech jiných velmi pochybných sekvenčně shodných výtvorů, z nichž žádný nepatří k purifikovaným/izolovaným částicím a všechny existují pouze jako A,C,T,G v počítačové databázi. Abychom to dále rozebrali krok za krokem, zde je vynikající vysvětlení procesu vytváření od Dr. Stefana Scoglia:

„Je to technické, ale pokusím se to zjednodušit: **supernatant obsahuje nejrůznější molekuly, miliardy různých mikro a nanočástic, včetně tzv. mimobuněčných vezikul (EV) a exozomů, užitečných částic produkovaných naším vlastním tělem a naprosto nerozlišitelných od virů:“**

„Jak tedy izolovat jeden konkrétní virus z této obrovské směsi miliard nerozlišitelných částic, mezi něž patří i užitečné exozomy?

No to je nemožné a tak virus „znovu vytvoříte“ pomocí RT-PCR: vezmete dva primery, dvě dříve existující genetické sekvence dostupné v genetických bankách, a dáte je do kontaktu s bujónem supernatantu, dokud se nepřipojí k nějaké RNA v bujónu, **čímž vznikne umělá molekula DNA**, která se pak namnoží prostřednictvím určitého počtu PCR cyklů: Čím vyšší je počet cyklů nutných k vytvoření dostatečného množství „virového“ materiálu, tím nižší je spolehlivost PCR – tedy její schopnost skutečně „získat“ ze supernatantu vůbec něco smysluplného – nad 30 cyklů bývá výsledek bezvýznamný a všechny studie, stejně jako současné stěrové testy, používají vždy více než 30 cyklů.

První nezodpovězená otázka zní: primery jsou tvořeny 18-24 bázemi (nukleotidy) každý; virus SARS-Cov2 se údajně skládá z 30 000 bází; **primer tedy představuje pouze 0,07 % genomu viru.** Jak je možné vybrat konkrétní hledaný virus na tak nepatrném podkladu, a navíc v moři miliard částic podobných viru? **Bylo by to jako hledat slona hledáním velmi malého šedě zbarveného chlupu jeho ocasu: hledáním šedě zbarveného chlupu byste mohli najít šedivé kočky, šedivé psy, šedivé lidi atd.**

Ale je toho víc. **Protože virus, který hledáte, je nový, zjevně neexistují hotové genetické primery, které by odpovídaly specifické frakci nového viru; vezmete tedy primery, o nichž se domníváte, že by se mohly blížit hypotetické struktuře viru, ale je to jen odhad, a když tyto primery aplikujete na supernatantní bujón, vaše primery se mohou navázat na kteroukoli z miliard molekul v něm přítomných a vy nemáte tušení, že to, co jste takto vytvořili, je hledaný virus.** Ve skutečnosti se jedná o nový výtvor vytvořený výzkumníky, kteří jej pak nazvou SARS-Cov-2, ale s předpokládaným „skutečným“ virem zodpovědným za onemocnění nemá vůbec žádnou spojitost.“

https://www.google.com/url?sa=t&source=web&rct=j&url=https://usercontent.one/wp/www.ooc.one/wp-content/uploads/2020/12/THE-INVENTED-PANDEMIC-the-lack-of-VIRUS-ISOLATION-and-the-INVALID-COVID-19-

test.pdf&ved=2ahUKEwiPtJr7quryAhUR3p4KHfScDlAQFnoECAQQAQ&usg=AOvVaw0WDO88-PRatFybu98B3ndX

Shrnuto a podtrženo:

- Genom „SARS-COV-2“ byl vytvořen na základě metagenomické analýzy odebrané **z nepřečištěného BALF jednoho pacienta.**
- Ve vzorku jsou potenciálně **miliardy podobných částic** (extracelulární vezikuly, exozomy, buněčné zbytky).
- U vzorku BALF **nebyly provedeny žádné purifikační kroky centrifugace/filtrace**
- WHO připouští, že navzdory purifikačním krokům **mohou vzorky stále obsahovat velké množství necílové hostitelské DNA/RNA**, která může být rovněž sekvenována
- WHO uvádí, že metagenomické sekvenování obvykle **produkuje vysoké množství necílových, „nevirových“ čtení.**
- Studie genomu SARS-COV-2 **nezahrnovala žádné EM snímky purifikovaných/izolovaných částic ani se nepokoušela prokázat patogenitu** pomocí studií na zvířatech, což přenechala jinému týmu/studii.
- Samostatný tým/studie rovněž **neprokázal patogenitu** a přiznal, že **nesplňuje Kochovy postuláty,** což je požadavek, který WHO považuje za zásadní pro prokázání, že mikrob způsobuje onemocnění.
- Vědci z Wuhanu uvedli, že genetickou sekvenci „SARS-CoV-2“ účinně sestavili **porovnáním fragmentů nalezených ve vzorcích s jinými, dříve objevenými genetickými sekvencemi.**
- Museli použít sestavení de novo, protože **neměli žádné předběžné znalosti o správné sekvenci nebo pořadí těchto fragmentů.**
- „SARS-COV-2“ měl **pouze 79,6% shodu** sekvence se „SARS-COV-1“.
- U původního „SARS“ mělo „virovou“ RNA **pouze 22 ze 44 vzorků pacientů**.
- „SARS-COV-1“ **měl pouze 57% sekvenční shodu** s údajně známým „koronavirem“.
- **Genomy „SARS-COV-2“ ani „SARS-COV-1“ nepocházejí z purifikovaných/izolovaných „virů“** a byly vytvořeny na základě sekvenční shody s jinými nečištěnými zdroji.

Vše, co se týká „SARS-COV-2“, pochází z podvodného genomu sešitého v počítačové databázi z neočištěného BALF jednoho pacienta. Nepokusili se oddělit částice z BALFu pomocí uznávaných purifikačních postupů. Nepořídili žádné EM snímky vzorku, které by prokázaly existenci částic považovaných za „virus“. Nepokusili se ani o buněčnou kulturu, která je považována za „zlatý standard“ důkazu „izolace viru“. Neexistuje žádný důkaz o fyzické entitě, ke které by genom „SARS-COV-2“ údajně patřil. Celý tento zmatek není nic jiného, než imaginární soubor písmen v počítačové databázi.