The Freedom Articles

<https://thefreedomarticles.com/covid-admissions-cdc-scientists-accidentally-destroy-official-narrative/>

(išversta su DeepL.com)

**CDC mokslininkai prisipažino, kad SARS-CoV-2 surinkti panaudojo tik 37 bazines poras iš tikrų audinių**

Ankstesniame straipsnyje kalbėjau apie tai, kad SARS-CoV-2 yra susiūtas Frankenšteino virusas, nes jis yra kompiuteriu sukurtas skaitmeninis abstraktus kūrinys, o ne tikras gyvas virusas. Jis niekada nebuvo tinkamai išgrynintas ir izoliuotas, kad jį būtų galima sekuliuoti nuo galo iki galo, kai jis bus gautas iš gyvo audinio; vietoj to jis tiesiog skaitmeniniu būdu surinktas iš kompiuterinės virusų duomenų bazės. CDC mokslininkai teigia, kad jie paėmė tik 37 bazių poras iš 30 000 bazių porų genomo! Tai reiškia, kad apie 0,001 % viruso sekos yra gauta iš tikrų gyvų mėginių arba tikrų kūno audinių. Štai citata:

"Viso genomo sekos nustatymas

Remdamiesi koronaviruso etalonine seka (GenBank prisijungimo Nr. NC045512), sukūrėme 37 poras įterptinių PGR, apimančių genomą. Iš izoliatų išskyrėme nukleino rūgštį ir amplifikavome naudodami 37 atskiras įterptines PGR."

Įdomu tai, kad kitoje pastraipoje CDC mokslininkai teigia, jog tolesnei analizei ir (arba) konstravimui jie naudojo "kiekybinę PGR", o tai prieštarauja tam, ką kadaise pasakė PGR išradėjas Kary Mullis, būtent, kad "kiekybinė PGR yra oksimoronas", nes PGR iš esmės yra kokybinis, o ne kiekybinis metodas.

<https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/26/6/20-0516_article>   
**Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 from Patient with Coronavirus Disease, United States**   
„Whole-Genome Sequencing

*We designed 37 pairs of nested PCRs spanning the genome on the basis of the coronavirus reference sequence (GenBank accession no. NC045512). We extracted nucleic acid from isolates and amplified by using the 37 individual nested PCRs. We used positive PCR amplicons individually for subsequent Sanger sequencing and also pooled them for library preparation by using a ligation sequencing kit (Oxford Nanopore Technologies,* [*https://nanoporetech.comExternal Link*](https://nanoporetech.com)*), subsequently for Oxford Nanopore MinION sequencing. We generated consensus nanopore sequences by using Minimap version 2.17 (*[*https://github.comExternal Link*](https://github.com)*) and Samtools version 1.9 (*[*http://www.htslib.orgExternal Link*](http://www.htslib.org)*). We generated consensus sequences by Sanger sequencing from both directions by using Sequencher version 5.4.6 (*[*https://www.genecodes.comExternal Link*](https://www.genecodes.com)*), and further confirmed them by using consensus sequences generated from nanopore sequencing.****"***