



Christian Drosten ✓
@c_drosten

Diejenigen, die öffentlich behaupten, unsere SARS-CoV-2 PCR sei nicht gegen menschliche Coronaviren und Erkältungsviren validiert, sollten sich einfach mal die Mühe machen, die Publikation zu lesen. Auch Herr [#Wodarg](#) und Frau [#Kämmerer](#). Tabelle 2. [eurosurveillance.org/content/10.280...](https://www.eurosurveillance.org/content/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.3.2000045#html_fulltext)

9:24 vorm. · 26. Sep. 2020 · Twitter Web App

1.574 Retweets 96 Zitierte Tweets 11.536 „Gefällt mir“-Angaben



https://www.eurosurveillance.org/content/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.3.2000045#html_fulltext

Auszug, Seite 25

Results

Before public release of virus sequences from cases of 2019-nCoV, we relied on social media reports announcing detection of a SARS-like virus. We thus assumed that a SARS-related CoV is involved in the outbreak. **We downloaded all** complete and partial (if > 400 nt) SARS-related virus sequences available in GenBank by 1 January 2020. The list (n = 729 entries) was manually checked and artificial sequences (laboratory-derived, www.eurosurveillance.org synthetic, etc), as well as sequence duplicates were removed, resulting in a final list of 375 sequences. **These sequences were aligned and the alignment was used for assay design** (Supplementary Figure S1). **Upon release of the first 2019-nCoV sequence at virological.org, three assays were selected based on how well they matched to the 2019-nCoV genome** (Figure 1). **The alignment was complemented by additional sequences released independently on GISAID (<https://www.gisaid.org>), confirming the good matching of selected primers to all sequences.** Alignments of primer binding domains with 2019-nCoV, SARS-CoV as well as selected bat-associated SARS-related CoV are shown in Figure 2.

Übersetzung

Vor der öffentlichen Freigabe von Virussequenzen aus Fällen von 2019-nCoV waren wir auf Berichte in den sozialen Medien angewiesen, die den Nachweis eines SARS-ähnlichen Virus ankündigten. Wir gingen daher davon aus, dass eine SARS-ähnliche CoV an dem Ausbruch beteiligt ist. Wir haben alle vollständigen und partiellen (wenn > 400 nt) SARS-bezogenen Virussequenzen **heruntergeladen**, die bis zum 1. Januar 2020 in der GenBank verfügbar waren. Die Liste (n = 729 Einträge) wurde manuell geprüft und künstliche Sequenzen (aus dem Labor, www.eurosurveillance.org synthetisch, usw.), sowie Sequenzduplikate wurden entfernt, was zu einer endgültigen Liste von 375 Sequenzen führte. **Diese Sequenzen wurden ausgerichtet und die Ausrichtung wurde für das Assay-Design verwendet** (ergänzende Abbildung S1). **Nach Freigabe der ersten 2019-nCoV-Sequenz bei virological.org wurden drei Assays ausgewählt, je nachdem**

wie gut sie mit dem 2019-nCoV-Genom übereinstimmten (Abbildung 1). Das Alignment wurde durch zusätzliche Sequenzen ergänzt, die unabhängig voneinander auf GISAID (<https://www.gisaid.org>) veröffentlicht wurden, was die gute Übereinstimmung der ausgewählten Primer mit allen Sequenzen bestätigte. Die Alignments der Primerbindungsdomänen mit 2019-nCoV, SARS-CoV sowie ausgewählten fledermausassoziierten SARS-assoziierten CoV sind in Abbildung 2 dargestellt.

Erläuterung der Begriffe und Methodik

Alignments : [Sequenzalignment](#), die Untersuchung biologischer Sequenzen auf funktionelle oder evolutionäre Ähnlichkeit

Ausrichtung: Quelle: <https://biology.stackexchange.com/questions/49326/alignment-of-sequenced-fragments-in-next-generation-sequencing-sequence-assembly>

Assembly and alignment are generally used to refer to two different algorithms that work in two different ways.

Alignment takes your sequence fragments, and compares them to a reference genome, and tells you where that read aligns and how closely it aligns. For a while, popular aligners used Burrows-Wheeler transform algorithms to make special indexed versions of the genome, this made alignment to the index far faster.

Assembly is when you have no reference, and use the overlap of the reads to build large contigs. For a while De Bruijn graphs were a popular algorithm for that.

Übersetzung:

Zusammenbau und Ausrichtung werden im Allgemeinen verwendet, um sich auf zwei verschiedene Algorithmen zu beziehen, die auf zwei verschiedene Arten arbeiten.

Alignment nimmt Ihre Sequenzfragmente und vergleicht sie mit einem Referenzgenom und sagt Ihnen, wo das Lesegerät aligniert und wie eng es aligniert. Eine Zeit lang verwendeten beliebte Alignment-Geräte Burrows-Wheeler-Transformationsalgorithmen, um spezielle indizierte Versionen des Genoms zu erstellen, wodurch die Alignierung an den Index wesentlich schneller erfolgte.

Eine Ausrichtung ist, wenn Sie keine Referenz haben und die Überlappung der Lesevorgänge nutzen, um große Contigs zu erstellen. Eine Zeitlang waren De Bruijn-Graphen dafür ein beliebter Algorithmus.

Zusammenfassung: Die Drosten PCR Sequenz wurde von ihm zusammengestellt ohne das „Virus“ jemals fein gereinigt isoliert zu haben und als krank machende Ursache der Symptome wissenschaftlich nachgewiesen zu haben. Drosten **ging davon aus**, dass ein Sars ähnliches Virus die Ursache der Symptome ist und hat dazu die passende Sequenz des neuartigen Virus Sars-COV-2 nebst Krankheit Covis 19 erfunden einen RT- PCR Test entwickelt der umgehend von der WHO bestätigt wurde. Auf Grundlage dieser Sequenz werden bis heute die verwendete RT-PCR Test Software ausgerichtet. Auf dieser Grundlage wurde die Pandemie ausgerufen, weil millionenfach positiv auf mit Sars-CoV-2 infiziert und oder an oder mit „Corona“ Verstorbene gemeldet werden.

Weitere Informationen finden Sie auf dem **Telegram Hauptkanal** (es gibt mehrere Nebenkanäle !

https://t.me/Corona_Fakten