

<https://wissenschaftplus.de/uploads/article/wissenschaftplus-fehldeutung-virus-teil-2.pdf>

<https://www.instand-ev.de/System/rv-files/340%20DE%20SARS-CoV-2%20Genom%20April%202020%2020200502j.pdf>

Fehldeutung Virus

WISSENSCHAFTPLUS magazin 02/2020 · Auszug Die Definition von SARS und Corona oder Covid-19 besagt, dass eine atypische Lungenentzündung als das die Krankheit charakterisierendes Krankheitsbild angesehen wird. Können bei einer Lungenentzündung bekannte Erreger nachgewiesen werden, wird die Lungenentzündung als eine typische bezeichnet, wenn nicht, als eine atypische. Eine von zwei, für die SARS und die Corona-Krise entscheidende Tatsache ist, dass mindestens 20–30% aller Lungenentzündungen atypisch sind. Die Ursachen für die atypischen Lungenentzündungen sind ganz klar bekannt und dürfen deswegen NICHT als Ursache eines unbekanntes Virus ausgegeben werden. Diese Tatsache wird von Infektiologen und Virologen unterdrückt und ist Grundlage der aktuellen Angsterzeugung und Panik, weil bei Betroffenen, in der Öffentlichkeit und bei Politikern der Eindruck entsteht, dass atypische Lungenentzündungen deswegen besonders gefährlich und häufiger tödlich enden würden, weil es noch keine Medikamente oder Impfstoffe für die angeblich neuartige Krankheit gibt. Ab dem Zeitpunkt, ab dem ein Testverfahren für das angeblich neue Virus angeboten wird, das, was von Beteiligten verschwiegen wird, auch gesunde Menschen „positiv“ testet, werden die Fallzahlen automatisch gesteigert. Zuerst werden auch Menschen mit typischen Lungenentzündungen, dann immer mehr Menschen mit anderen Krankheiten erfasst. Dies gilt als praktischer Beweis für die Ausbreitung des Virus. Automatisch werden zu der Ursprungserkrankung „atypische Lungenentzündung“ immer mehr andere Krankheiten hinzu addiert und dieses „Syndrom“ als „die neue Virus-Krankheit“ ausgegeben. Die andere, nicht nur für SARS und die Corona-Krise entscheidende Tatsache ist, dass Virologen, die krankmachende Viren behaupten, aus verständlichen Gründen eine offen daliegende Sachlage unterdrücken. Das angebotene Virus-Testverfahren ist ein genetisches Nachweisverfahren. Die Gensequenzen, die sie für den Nachweis-test verwenden, isolieren sie nicht aus einem Virus. Sie isolieren typische Gensequenzen, die vermehrt freigesetzt werden, wenn Gewebe und Zellen sterben. Diese generell kurzen Gensequenzen, Bestandteile des menschlichen Stoffwechsels, stellen die Basis für die weitere Laborarbeit dar. Aus vielen kurzen Gensequenzen können Virologen mit Hilfe von Computer-Programmen aber nur gedanklich lange Erbgutstränge konstruieren. Diese werden dann als reale, virale Erbgutstränge ausgegeben. Das ist der Grund, warum es auch bei getesteten Gesunden immer wieder zu positiven Testergebnissen kommt. Damit sich diese Virologen nicht selbst widerlegen, missachten sie konsequent zwei in der Wissenschaft vorgeschriebene Regeln. Die eine ist, alle Behauptungen selbst konsequent zu überprüfen. Die andere ist, alle verwendeten Annahmen und Methoden mittels Kontrollversuchen zu testen. Würden sie die Kontrollexperimente durchführen, würden sie feststellen, dass ALLE der kurzen Gensequenzen, die sie nur gedanklich zu einem

Virus-Erbgutstrang verknüpfen, aus dem menschlichen Stoffwechsel stammen und nicht von außen, von einem behaupteten Virus. Die Eigendynamik der Corona-Krise wurde durch eine Mitteilung eines jungen Augenarztes am 30.12.2019 im Internet ausgelöst, die sich sofort und sehr schnell verbreitete. Er teilte Freunden mit, dass in seinem Krankenhaus mehrere Menschen unter Quarantäne stünden, sieben Fälle von SARS bestätigt sind, sie vorsichtig sein und sich schützen sollten. Prof. Christian Drosten von der Charité in Berlin hörte davon, startete sofort die Entwicklung von Testverfahren für SARS-Viren, bevor überhaupt klar war und klar sein konnte, ob der Bericht aus China über SARS wahr und bewiesen ist, und vor allem, bevor die chinesischen Virologen ihre Ergebnisse veröffentlichten. Die maßgeblichen Virologen der Chinesischen Seuchenbehörde (CCDC) veröffentlichten am 24.1.2020 und 3.2.2020 ihre Ergebnisse. Sie berichten über die Isolation vieler kurzer Gensequenzen, die gedanklich aneinander gereiht, einen Erbgutstrang eines neuartigen Virus darstellen könnte. Ausdrücklich weisen die Autoren darauf hin – auch alle anderen beteiligten Virologen bis heute –, dass die zwingend notwendigen Experimente noch nicht durchgeführt wurden, die es erlauben würden, zu behaupten, dass es sich tatsächlich um einen Erbgutstrang eines krankmachenden Virus handelt. Im Gegenteil: Die chinesischen Virologen weisen sogar explizit darauf hin, dass der konstruierte Erbgutstrang bis zu 90% Ähnlichkeit mit Erbgutsträngen harmloser und seit Jahrzehnten bekannten, behaupteten Corona-Viren in Fledermäusen hat. Am 21.1.2020 (3 Tage vor der ersten Veröffentlichung der CCDC!) empfahl die WHO allen Nationen die Anwendung des von Prof. Drosten entwickelten Testverfahrens. Mit der Behauptung, dass er ein zuverlässiges Testverfahren für das in China sich schnell verbreitende Virus entwickelt hätte, hat Prof. Drosten, unter Missachtung der klar vorgegebenen Regeln wissenschaftlichen Arbeitens, die Bestandteil seines Arbeitsvertrages sind, und mittels Verletzung der Denkgesetze und Logik der Virologie, die Steigerung und Globalisierung der chinesischen Seuchenpanik ausgelöst und bewirkt.

Teil II

3WISSENSCHAFTPLUS magazin 02/2020 · Auszug 1. Anfang der Corona-Krise Als am 30.12.2019 der junge Augenarzt Li Wenliang in Wuhan via WhatsApp sieben befreundeten Ärzten mitteilte, dass in seinem Krankenhaus mehrere Menschen unter Quarantäne stünden, sieben Fälle von SARS bestätigt seien, sie vorsichtig sein und sich schützen sollten, beabsichtigte er damit nicht, eine Panik auszulösen. Ansonsten hätte er diese Mitteilung ins Internet gestellt und die Öffentlichkeit gewarnt. Einer der sieben Empfänger dieser privaten WhatsApp-Mitteilung veröffentlichte, ohne sich der möglichen Konsequenzen bewusst zu sein, einen „Screenshot“, also ein Foto dieser Mitteilung, im Internet. Natürlich verbreitete sich diese Information sehr schnell innerhalb Chinas und dann auch weltweit. Diese Mitteilung löste wegen der 2003 entstandenen Panik einer SARS-Krise, die die Weltgesundheitsorganisation (WHO) am 12.3.2003 als „weltweite Bedrohung“ einstufte, eine Welle von Angst, Panik und Nachfragen an chinesische Gesundheitsbehörden und die Regierung aus. Die Regierung in Peking entsandte daraufhin am 31.12.2019 eine „schnelle Eingreiftruppe“, bestehend aus Epidemiologen und Virologen der Chinesischen Seuchenbehörde (CCDC) nach Wuhan, um die Gesundheitsbehörden vor Ort, und aus der umgebenden Provinz Hubei zu unterstützen. Es ging darum, die Behauptungen über den Ausbruch einer Epidemie zu überprüfen und zu verifizieren. Falls es tatsächlich zu einem Ausbruch gekommen war, sollte die Situation angemessen kontrolliert werden. In der ersten maßgeblichen Publikation der Autoren der CCDC zu den Ergebnissen ihrer Recherche, „Ein neues Coronavirus von Patienten mit Lungenentzündung in China, 2019“¹ wird über keine Häufung von Fällen mit atypischer Lungenentzündung („patients with pneumonia of unknown cause“) berichtet. Sie berichten darüber, dass die vorgefundenen Patienten zu einem „Cluster“,

zu einer Gruppe mit gemeinsamen Merkmalen zusammengefasst werden können. Das gemeinsame Merkmal war der mehr oder weniger häufige Besuch eines Meeresfrüchte-Marktes (seafood wholesale market) in Wuhan. Wie klein die Gruppe der Patienten mit atypischer Lungenentzündung tatsächlich war, erkennt man daran, dass die CDC von nur vier Patienten Abstriche und Flüssigkeiten des unteren Atemtraktes nahmen, um darin nach bekannten und unbekanntem Erregern zu suchen. In der Zwischenzeit nahm die Panik in Wuhan und Umgebung extrem zu. Auch die Maßnahmen der Polizei, die den Augenarzt Li Wenliang am 3.1.2020 aufforderte, sich schriftlich mittels Unterzeichnung einer strafbewährten Unterlassungserklärung zu verpflichten, nichts mehr über einen möglichen SARS-Ausbruch zu verbreiten, konnte die entstandene, sich gefährlich zuspitzende Dynamik einer Panik nicht mehr verlangsamen. Am 10.1.2020 entwickelte Wenliang, und kurz darauf auch seine Eltern, die Symptomatik einer Lungenentzündung. Li Wenliang isolierte sich selbst, da er überzeugt war, dass er sich am Vortag bei einer Augenpatientin mit dem SARS-Virus infiziert hätte. Auch das steigerte die Panik. Die betreuenden Ärzte führten eine Vielzahl an unterschiedlichen Testverfahren durch, die alle negativ ausfielen. Da sich sein Gesundheitszustand verschlechterte und immer mehr Menschen öffentlich Anteilnahme an seinem Schicksal zeigten, wurde weiter getestet, bis dann ein erster SARS-Test am 30.1.2020 als „positiv“ bewertet wurde. Das Unheil der eskalierenden SARS-Panik, die zur globalen Corona-Krise mutierte, nahm seinen Lauf. Li Wenliang verbreitete dieses Ergebnis mit folgenden Worten im Internet: „Today nucleic acid testing came back with a positive result, the dust has settled, finally diagnosed.“ „Heute kam der genetische Test mit einem positiven Resultat zurück, der Staub hat sich gesenkt, endlich diagnostiziert.“ Diese Mitteilung steigerte die schon vorhandene Panik. Völlig außer Kontrolle geriet alles, als er seine von ihm unterschriebene Unterlassungs-Verpflichtung vom 3.1.2020 im Internet veröffentlichte. Diese für ihn gefährliche Veröffentlichung seiner Unterlassungserklärung galt und gilt für alle in Panik versetzte Menschen als der Beweis, dass es eine neue SARS-Epidemie gibt, weil ein Arzt, der selbst betroffen ist, trotz Androhung von Strafen, weiterhin die Öffentlichkeit informiert und warnt. Die Panik vergrößerte sich weiter, weil sich der Gesundheitszustand von Li Wenliang trotz intensivem Einsatz einer Vielzahl antibiotischer Substanzen verschlechterte und die Öffentlichkeit regelmäßig daran Anteil nahm. Die Situation stand kurz vor der Eskalation, weil die Berichterstattung über seinen Tod mehr als chaotisch und widersprüchlich war. Das war und ist die zentrale Grundlage, warum die chinesische und weltweite Öffentlichkeit annahm, dass in Wuhan ein erneuter SARS-Ausbruch geschah, der allerdings in eine neue Seuche, eine Pandemie mit neuem Namen, Covid-19, umdefiniert wurde.

2. Die eine, von zwei möglichen Ursachen der Angst von Li Wenliang Der Angst des Augenarztes Li Wenliang liegen zum einen die Vorgänge von 2003 in China zugrunde, als westliche Wissenschaftler behaupteten, dass in Südchina eine Häufung atypischer Lungenentzündungen aufgetreten sei. Zwei Tage nach der gedanklichen Erstellung eines Erbgutstranges des angeblich neuen Virus (SARS-CoV-1), an der Prof. Drosten maßgeblich beteiligt war,² hat Prof. Drosten ein angebliches Testverfahren für dieses angebliche Virus angeboten.³ Ca. 800 Menschen mit atypischer Lungenentzündung, also einer Lungenentzündung bei der keine bekannten Erreger nachgewiesen werden, die aber mit dem Test von Prof. Drosten „positiv“ getestet wurden, starben deswegen – eventuell fehl- und überbehandelt – mit der Diagnose SARS, anstatt „atypischer Lungenentzündung.“ Grundlage, dass die Angst vor SARS bis 2019 aufrecht erhalten und gesteigert wurde, sind zwei Veröffentlichungen im Jahr 2013⁴ und 2017⁵, die Spekulationen über die Möglichkeit des Auftretens neuer SARS-Coronaviren in Gang setzten. Die Autoren beider Publikationen sagen aus, dass es in gesunden 4WISSENSCHAFTPLUS magazin 02/2020 · Auszug Fledermäusen Hinweise für die Existenz kurzer Gensequenzen gibt, die als Bestandteile eines Virus gedeutet werden können.

Diese kurzen Gensequenzen hätten Ähnlichkeiten mit denjenigen kurzen Gensequenzen, die 2003 zu Bestandteilen des angeblichen SARS-Corona-Virus-1 (SARS-CoV-1) erklärt wurden. SARS steht für Schweres Akutes Respiratorisches Syndrom, was eine andere Beschreibung für die Symptome einer atypischen Lungenentzündung ist. Über diese gedanklichen (zur Realität umformulierten fiktiven) Erbgutstränge wird ausgesagt, dass es möglich ist, dass sie auch in Realität entstehen und ein echtes Virus bilden könnten. Ein solches, in Fledermäusen und anderen Wildtieren behauptetes, aber noch harmloses Virus könnte durch Biss, Kontakt oder Verzehr auf Menschen überspringen und zu einem tödlichen Killer werden. Im Menschen könnte sich dabei aus diesem harmlosen Virus, durch Veränderungen (Mutationen), ein tatsächlich neues und eine Krankheit auslösendes SARS-Corona-Virus verwandeln. Mit einem solchen Ereignis und der daraus resultierenden Welle von Erkrankungen, wie z.B. atypischen Lungenentzündungen, müsse jederzeit gerechnet werden. Bis heute ist es den Virologen weder gelungen, aus einem Patienten, einer Fledermaus, einem anderen Tier, noch im Labor ein SARS-Virus zu isolieren und daraus einen intakten und vollständigen Erbgutstrang eines SARS-Virus nachzuweisen. Die Vermutung der Virologen, dass es auch in Wirklichkeit virale Erbgutstränge gibt, die so aufgebaut sind wie die aus kurzen Gensequenzen gedanklich zusammengesetzten Erbgutstränge, konnte bis heute nicht bestätigt werden. Auch auf andere Art und Weise ist es bis heute nicht gelungen – obwohl die sehr einfachen Standardtechniken für die Längenbestimmung genetischer Sequenzen schon lange vorhanden sind - die Existenz und Anwesenheit eines kompletten Erbgutstrangs eines SARS-Virus zu beweisen. Die durch solche falschen Behauptungen massiv geschürten Ängste waren Grundlage der Befürchtungen des Augenarztes Li Wenliang, wie auch anderer Mediziner und Infektiologen nicht nur in Wuhan. Diese Behauptungen sind der Grund, warum die Epidemiologen und Virologen der CDC ab dem 31.12.2019 auf das Finden ähnlicher Gensequenzen fokussiert waren, die im Jahr 2003 als Bestandteile von SARS-Corona-Viren definiert wurden (sehen Sie hierzu die Ausführungen weiter unten).

3. Die zweite der möglichen Ursachen der Angst von Li Wenliang

Die SARS- und die Corona-Krise startete mit der Behauptung in den Medien, dass es eine Häufung von Patienten mit atypischer Lungenentzündung gibt. Diese Behauptung wurde nie belegt. Behauptet wurde nur, dass die aufgetretenen atypischen Lungenentzündungen, mit der Annahme des Auftretens eines neuen Virus erklärt werden könnten, weil einige der Menschen mit atypischer Lungenentzündung, Kontakt mit Tiermärkten hatten. Um die Vermutung bestätigen zu können, dass ein unbekanntes Virus die Ursache von atypischen Lungenentzündungen sein könnte, wurden bekannte, in der medizinisch-wissenschaftlichen Literatur beschriebene Tatsachen unterdrückt. Es gibt nämlich mehrere und breite Spektren an nicht-infektiösen Ursachen der atypischen Lungenentzündung. Diese atypischen Lungenentzündungen enden aus mehreren Gründen häufiger tödlich, als dies bei typischen Lungenentzündungen der Fall ist. Zu den Ursachen gehören das Einatmen giftiger Abgase, Lösungsmittel und Stoffe. Auch das Eindringen von Speisen, Getränken oder Mageninhalt, die bei Schluckstörungen oder Bewusstlosigkeit in die Lunge gelangen, können schwerste Lungenentzündungen verursachen (Aspirationspneumonie). Wasser alleine reicht aus, wenn es bei Ertrinkenden in die Lunge gelangt, schwere atypische Lungenentzündungen zu verursachen. Als weitere Ursache kommt das erkannte Spektrum an immunologischen Fehlverhalten, wie Allergien und Autoimmun-Reaktionen hinzu. Auch löst bekanntermaßen die Bestrahlung bei Krebs eine Entzündung der Lunge aus, die nicht von typischen Lungenentzündungen unterschieden werden kann. Bekannt sind gerade bei älteren Menschen Stauungspneumonien. Diese entstehen aufgrund von Wasseransammlungen (Ödeme), bei längerer Bettlägerigkeit, Herz- und/oder Nierenschwäche, was zu einer mangelhaften Belüftung und Durchblutung der Lunge, in

direkter Folge zur Entzündung der Lunge, also zur atypischen Lungenentzündung führen kann. Logischerweise bewirkt auch eine Kombination ansonsten unterschwelliger Ursachen die atypische Lungenentzündung. Eine atypische Lungenentzündung kann sehr schnell in eine typische übergehen, falls eine sekundäre Besiedlung der entzündeten Lunge erfolgt. Das ist der Grund, warum der Anteil atypischer Lungenentzündungen wahrscheinlich höher als die geschätzten 20-30% ist. Bei den Untersuchungen der fünf Menschen, die in den beiden für die Corona-Krise maßgeblichen Publikationen dokumentiert sind, wurde nicht nach einer möglichen Anwesenheit oder Vorgeschichte, Anzeichen, Mechanismen und Wirkung dieser bekannten Ursachen der atypischen Lungenentzündungen geforscht. Das machen Virologen meistens sowieso nicht und war den Mitgliedern der CCDC auch aus den gegebenen Umständen der Panik nicht möglich. Das Ausschließen der Erwähnung atypischer Lungenentzündungen beweist einen schweren ärztlichen Kunstfehler und verhindert korrektes Behandeln der Patienten. Die Betroffenen laufen daher Gefahr, mit einem nebenwirkungsreichen Cocktail aus antibiotischen Substanzen fehlbehandelt zu werden, der vor allem bei Überdosierung in der Lage ist, eigenständig den Tod von Patienten herbeizuführen.⁷ Allen muss klar sein, dass extreme Panik, vor allem bei Atemproblemen, eigenständig den Tod verursachen kann. Panik kann sogar in kürzester Zeit tödlich wirken, nicht nur bei Herz- Kreislaufbeschwerden. Die Antwort auf die entscheidende Frage, ob tatsächlich ein neues Virus nachgewiesen wurde oder ob nur körpereigene, kurze Stückchen genetischer Substanzen als Bestandteile eines Virus ausgegeben oder als solche fehlgedeutet werden, ist entscheidend dafür, ob die Corona-Krise schnell beendet werden kann. Wie bei H1N1 sagen die Verursacher der Corona-Krise, dass diese nur durch Impfen zu beenden sei. Die Idee des Impfens ist aber genauso widerlegt, wie die der Viren.

5 WISSENSCHAFTPLUS magazin 02/2020 · Auszug Hilfreich für die Bewertung und Einordnung der Geschehnisse rund um die Auslösung und Aufrechterhaltung der Corona-Krise ist die Erinnerung an die in der Zwischenzeit vergessene Schweinegrippe-Pandemie von 2009. Die mehrheitliche Bereitschaft in der Bevölkerung war damals, sich gegen die behaupteten Viren der Schweinegrippe impfen zu lassen. Dann kam es zu einer Verzögerung der angekündigten Auslieferung der Impfstoffe. Die Impfstoffe konnten nicht in Fertig-Spritzen abgefüllt werden, da die erstmals verwendeten neuartigen Wirkstoffverstärker das Impfstoff-Gemisch schädigten und unbrauchbar machten. Deswegen wurde der Impfstoff für jeweils 10 Personen in Ampullen abgefüllt, in die erst kurz vor dem Impf-Akt die Wirkstoffverstärker hineingegeben werden durften. In dieser Zeit wurde bekannt, dass die Wirkstoffverstärker, genannt Adjuvantien, ohne die ein Impfstoff seine Wirkung nicht entfalten könnte, neuartig und ungetestet sind. Es wurde bekannt, dass diese neuartigen Wirkstoffverstärker aus Nano-partikeln bestehen. Über Nanopartikel ist bekannt, dass sie aufgrund ihrer winzigen Größe sehr reaktiv sind, deswegen bei vielen chemischen Reaktionen als Katalysator eingesetzt werden und z.B. bei technischen Vorgängen bewirken, dass sich die Oberflächen ganz anders verhalten, als dies mit üblichen Methoden erreicht werden kann. Dann wurde bekannt, dass die Bundeskanzlerin Angela Merkel und die Bundeswehr diesen Impfstoff aber ohne den neuartigen Nanopartikel-Wirkstoffverstärker erhalten sollten, dagegen die Polizei und die Bevölkerung den Impfstoff mit den ungetesteten Nanopartikeln. Das führte dazu, dass 93% der Bevölkerung den für sie hergestellten Impfstoff abgelehnt hat. Nur 7% der Deutschen hat sich diesen Impfstoff verabreichen lassen. Der menschliche Stoffwechsel kann Nanopartikel nicht verstoffwechseln und ausscheiden. Wegen dieser Verweigerung fast der gesamten Bevölkerung verschwand die Schweinegrippe tatsächlich von einem Abend auf den nächsten Morgen, wie von Zauberhand bewirkt, aus den Medien in die Versenkung und die Impfstoffe in einen Hochofen. (Eine kleine Polemik ist erlaubt: Erstaunlicherweise hat das Schweinegrippe-

Virus H1N1 im Schweinsgalopp Reiß-aus genommen, keine anderen Menschen mehr infiziert, die Infizierten nicht erkranken lassen, seine mediale Präsenz so-fort gestoppt. Vielleicht hat sich das Schweinegrippe-Virus in Fischgrippe-Viren verwandelt, um in den Leibern von Lachsen die Flüsse hoch zu schwimmen, um dann wieder auf dem Fischmarkt in Wuhan mit gebündelter Kraft zuzuschlagen.) Aus dem Versagen der Pandemieplanung, die nicht zum Höhepunkt der Impfung kam, haben die beteiligten Epidemiologen, Infektiologen und Virologen gelernt. Sie analysierten die Ursachen und publizierten ihre Erkenntnisse und Empfehlungen für die Zukunft in der Ausgabe Nr. 12, Dezember 2010 des Bundesgesundheitsblattes. Der vielsagende Titel dieser Ausgabe: „Pandemien. Lessons learned“ Was so viel heißt wie: Die Lektionen, die wir aus dem Schweinegrippe-H1N1-Debakel gelernt haben! Einige der in dieser Ausgabe enthaltenen Beiträge sind im Internet einsehbar,⁸ die wesentlichen allerdings nicht. Die entscheidenden Empfehlungen für das Pandemie-Management sind:- Sicherstellung, dass Experten sich in öffentlichen Diskussionen nicht widersprechen.- Frühzeitige Einbindung von Leit- und Sozialen-Medien. - Kontrolle des Internets. Dies, um zu verhindern, dass Behauptungen und Kritik den Konsens und die Akzeptanz der Maßnahmen in Politik und Gesellschaft nicht gefährden. Diese Empfehlungen wurden nun erfolgreich umgesetzt! Das Internet wird zensiert, Kritiker werden unter anderem durch Beleidigungen ausgegrenzt. Auf zwingende, die Pandemie-Annahme widerlegende Argumente, die es in die Öffentlichkeit geschafft haben, wird einfach nicht eingegangen. In den Medien und der Politik wird nur ein Experte, Prof. Drosten gehört. Die einzige „Kritik“ an ihm, vorgetragen von einem HIV-Virologen, hatte die Funktion, die zentrale Existenz-Behauptung eines neuartigen Virus, SARS-CoV-2 zu stärken.

4. Die Globalisierung der chinesischen SARS-Virus-Panik und Weichenstellung zur Corona-Krise durch Prof. Drosten

Prof. Christian Drosten von der Charité in Berlin behauptet, dass er ab dem 1.1.2020 ein genetisches Nachweisverfahren entwickelt hat, mit dem er die Anwesenheit des neuen Corona-Virus in Menschen zuverlässig nachweisen kann.⁸ Die WHO hat das von ihm entwickelte Testverfahren am 21.1.2020 den Chinesen und allen Nationen als zuverlässiges Testverfahren empfohlen, um die Ausbreitung des angeblich neuen Corona-Virus feststellen zu können.¹⁰ Um a) nachvollziehen zu können, welche Annahmen und welches Tun den Behauptungen von Prof. Drosten zugrunde liegen und b), zu überprüfen, ob seine Schlussfolgerungen ein sicheres Testverfahren für das neue Corona-Virus entwickelt zu haben, logisch und wissenschaftlich bewiesen sind oder nicht, oder sogar widerlegt sind, bedarf es der Erklärung der verwendeten Begriffe, Techniken, Darstellung seiner Argumentation und der Analyse der beiden entscheidenden Publikationen, auf die sich Prof. Drosten bezieht. - Wie sind ein Virus und ein Corona-Virus definiert? - Wie sind in diesem Zusammenhang Sequenzen definiert? - Wie funktionieren die Nachweisverfahren von Sequenzen, die als PCR, als RT-PCR und als real-time RT-PCR bezeichnet werden? - Wann darf der Nachweis der Anwesenheit von Sequenzen in Menschen als Beweis für die Anwesenheit eines Virus ausgegeben werden?- Wie wird die Existenz eines Virus wissenschaftlich nachgewiesen?

Begriffe· Ein Virus ist in der Wissenschaft definiert über seine spezifische, nur diesem Virus zugehörige Erbsubstanz. · Die Erbsubstanz eines Virus wird auch als viraler Erbgutstrang, als virales genetisches Molekül oder als sein Genom bezeichnet. · Die virale Erbsubstanz eines Virus beinhaltet nacheinander die verschiedenen genetischen Sequenzen für die Bildung der verschiedenen viralen Eiweiße, die als virale Gene bezeichnet werden.

6 WISSENSCHAFTPLUS magazin 02/2020 · Auszug · Die Erbsubstanz eines Virus kann entweder aus den beiden genetischen Moleküllarten DNA oder RNA bestehen. · Corona-Viren sind dadurch definiert, dass sie aus einem bestimmten Molekül aus RNA bestehen, das von einer Hülle umgeben ist. · Die Erbsubstanz eines bestimmten Virus ist definiert durch seine genau bestimmte Länge und die exakte Bestimmung des Aufbaus des viralen Erbgutstranges. · Die Zusammensetzung des Erbguts eines Virus ergibt sich durch die genaue Bestimmung der Anzahl und der spezifischen Abfolge der vier Bausteine, aus der eine Erbsubstanz besteht. Die vier Bausteine einer Erbsubstanz werden als Nukleotide bezeichnet. · Der Vorgang der Bestimmung der spezifischen Abfolge der vier Bausteine einer Erbsubstanz wird als Sequenzierung bezeichnet. · Das Resultat der Bestimmung der Abfolge der Bausteine einer Erbsubstanz wird als Sequenz oder als genetische Sequenz bezeichnet. · Krankmachende Viren sind dadurch definiert, dass ihre Sequenz einmalig ist und in gesunden Organismen nicht vorkommt. · Um die Anwesenheit der Erbsubstanz eines Virus nachweisen und bestimmen zu können, muss entsprechend den Denkgesetzen und der Logik, die jeder Wissenschaft als Fundamental-Regel vorausgeht, dieses Virus isoliert werden und in Reinform vorliegen, damit nicht zelleigene Gensequenzen als Bestandteile eines Virus fehlgedeutet werden. · Die Bestimmung der Sequenz einer genetischen Substanz ist nur möglich, wenn diese in Form einer DNA vorliegt. · Um die Sequenz einer genetischen Substanz bestimmen zu können, die in Form einer RNA vorliegt, muss diese zuvor biochemisch in DNA umgewandelt werden. · Den Vorgang der Umwandlung einer genetischen Substanz aus RNA in DNA wird als „Reverse Transkription“ bezeichnet und mit „RT“ abgekürzt.

Die von Prof. Drosten verwendeten Techniken und erste Schlussfolgerungen. Die Anwesenheit und Länge einer Erbsubstanz wird dadurch bestimmt, indem diese in einem elektrischen Feld der Länge nach aufgetrennt wird. Kurze Stückchen wandern schneller, längere langsamer. Gleichzeitig werden, um die Länge der zu untersuchenden Erbsubstanz bestimmen zu können, verschieden lange Stückchen an Erbsubstanz mit bekannter Länge hinzugegeben. Diese zuverlässige Standardtechnik zum Nachweis und der Bestimmung der Länge an Erbsubstanz, wird als „Gelelektrophorese“ bezeichnet. · Ist die Konzentration einer bestimmten Erbsubstanz zu gering, so dass sie mit der Technik der „Gelelektrophorese“ nicht nachweisbar ist, kann diese durch die Technik der unbegrenzten Vermehrung von DNA, genannt Polymerase-Ketten-Reaktion, beliebig vermehrt werden. So kann nicht nachweisbare DNA in der Gelelektrophorese sichtbar gemacht werden. Das ist eine Voraussetzung, um genetische Substanz für weitere Untersuchungen, vor allem für die nachfolgende, entscheidende Bestimmung ihrer Länge und ihrer Sequenz zugänglich zu machen. Diese Methode wird abgekürzt auch als PCR bezeichnet. Der Erfinder der PCR-Technik, Kary Mullis, der 1993 hierfür den Nobelpreis für Chemie erhalten hat, hat früh darauf hingewiesen, dass diese, seine, für Reinraumanalytik in Computerchipfabriken entwickelte Methode sehr fehleranfällig ist. Er hat in seiner Nobel-preisrede, die auf der Seite des Nobelpreiskomitees dokumentiert ist, ebenso darauf hingewiesen, dass es keinen überprüfbaren, tatsächlich wissenschaftlichen Beweis dafür gibt, dass die genetische Substanz, die als Genom des HIV bezeichnet wird, tatsächlich eine Immunschwäche oder eine der verschiedenen Krankheiten auslöst, die unzulässig unter dem Begriff „AIDS“ zusammen gefasst und mit hochtoxischer Chemotherapie behandelt werden. Er wies darauf hin, dass es nur einen Konsens beteiligter Wissenschaftler gibt, dass „HIV“ eine Immunschwäche auslösen würde. Um eine DNA mit der PCR-Technik vermehren zu können, bedarf es der Kenntnis der Zusammensetzung, der Sequenz der DNA. Eine DNA kann nämlich nur dann mit der PCR vermehrt werden, wenn sich an den Anfang und das Ende der DNA kurze, künstlich hergestellte Genstücke binden, die exakt der Sequenz des Beginns und des Endes der zu vermehrenden DNA entsprechen. Diese kurzen Stückchen künstlich hergestellter DNA werden deswegen als Startermoleküle der PCR, als Primer

bezeichnet. Sie sind im Schnitt zwischen 24 bis 30 Nukleotiden (den Bausteinen der genetischen Substanz) lang. Mit der PCR können also keine unbekannt Sequenzen und keine unbekannt Viren nachgewiesen werden. Erst die Bestimmung der Sequenz eines Virus ermöglicht es, einen PCR-Test für den Nachweis einer Gensequenz zu entwickeln, die aus einem Virus stammt. · In der Frühzeit der PCR war es nur möglich, die Menge der vermehrten DNA erst nach dem Stopp der PCR-Vermehrungsreaktion mittels Gelelektrophorese zu bestimmen. Mittlerweile werden den für die PCR benötigten Enzymen und Substanzen bestimmte Farbstoffe beigegeben. Der Nachweis dieser Farbstoffe beim Verlauf der PCR zeigt ungefähr an, welche Konzentrationen an künstlich vermehrter DNA entstanden sind und wieviel DNA ungefähr beim Start der PCR tatsächlich vorhanden war. Weil die Bestimmung der Menge an künstlich erzeugter DNA noch während dem Lauf der PCR-Technik ungefähr bestimmt werden kann, wird diese Erweiterung der PCR-Technik als „re-al-time PCR“ bezeichnet. Eine „real-time PCR“, der ein anderer Schritt vorangeht, die Umwandlung von RNA in DNA mittels „Reverser Transkription“ (RT), wird deswegen als „real-time RT-PCR“ bezeichnet. · Prof. Drosten verwendet in dem von ihm entwickelten Test zum Nachweis des neuen Corona-Virus die Technik der „real-time RT-PCR.“ Er hat hierfür in einem Datenpool im Internet am 1.1.2020 angebotene, kurze genetische Sequenzen ausgesucht, die SARS-Viren zugeschrieben werden. Auf der Basis dieser Sequenzen von kurzen Genstückchen, die als mögliche Bestandteile von SARS-Viren gedeutet werden, hat er die für die PCR ausschlaggebenden PCR-Primer-Sequenzen entworfen, um damit das „noch“ unbekannt Virus in China mit seiner „real-time RT-PCR“ nachzuweisen. Als am 10.1. und 12.1.2020 im Internet vorläufige Zusammenstellungen von Sequenzen erschienen, die nachträglich verändert wurden und am 24.1.2020 und am 3.2.2020 veröffentlicht wurden,¹¹ stellte dies das Resultat der ersten beiden Versuche dar, das noch unbekannt Virus zu identifizieren. Die Virologen der CCDC setzten hierfür die Sequenzen kurzer Genstückchen mittels Computerprogrammen theoretisch zu einen möglichen Erbgutstrang

7 WISSENSCHAFTPLUS magazin 02/2020 · Auszug zusammen. Die Virologen der CCDC sagen in beiden Publikationen aus, dass es über diese Sequenz-Vorschläge noch keine Beweise gibt, dass sie tatsächlich Krankheiten auslösen können. Am 10.1. und 12.1.2020 waren die chinesischen Sequenz-vorschläge noch vorläufig und waren noch nicht dem strengen Prozess der wissenschaftlich vorgeschriebenen Überprüfung unterzogen worden. Durch die Tatsache, dass die Weltgesundheitsorganisation (WHO) am 21.1.2020, noch vor Veröffentlichung der Publikationen der beiden ersten chinesischen Sequenz-Vorschläge, den von Prof. Drosten entwickelten PCR-Nachweis-Test für den Nachweis des neuen Virus empfiehlt, ist ein erster Tatbestand bewiesen: Prof. Drosten benützte wissenschaftlich nicht geprüfte Daten für seinen schnell globalisierten PCR-Test des 2019-nCoV, das am 7.2.2020¹² unter Mitwirkung von Prof. Drosten in SARS-CoV-2 umbenannt wurde. Mit der Umbenennung am 7.2.2020 der Bezeichnung von „nCoV“ in „SARS-CoV-2“, einer bloßen Virus-Vermutung eines eventuell defekten oder harmlosen Virus, in einen gefährlichen Krankheitserreger, wurde in der Öffentlichkeit der Eindruck erweckt, dass in China ein tatsächliches SARS-Virus entdeckt wurde, das eine gefährliche Krankheit, nämlich SARS auslöst und das neue Idol Chinas, Li Wenliang getötet hat, der die Parteiführung in den Schatten stellte. Damit erfüllten Prof. Drosten und seine Kollegen der Virus-Nomenklatur-Gruppe die Erwartung der bis ins Mark und Bein erschrockenen Bevölkerung: „finally diagnosed“, „endlich diagnostiziert.“ Diese Erwartung wurde durch Eigendynamik der durch Dr. med. Li Wengling ausgelösten Massen-Panik erweckt und durch Prof. Drosten scheinbar erfüllt. Entscheidend bei der Bewertung dieser Tat ist die Tatsache, dass zu diesem Zeitpunkt alle direkt beteiligten Virologen aussagten – und bis heute aussagen –, dass es keine Beweise gibt, dass dieses neue Virus tatsächlich Krankheiten auslöst. Oder nur parallel

bei Erkrankungen, bei Heilungsvorgängen, nach Heilungsvorgängen, bei einigen Gesunden, bei vielen Gesunden oder bei allen Menschen auftritt? Allein hiermit ist bewiesen, dass Prof. Drosten die klar erkennbare Grenze wissenschaftlich gerechtfertigten Handelns zu einer erkennbaren und folgenreichen Betrugstat überschritten hat. Er wird sich auch nicht dadurch herausreden können, dass er zur Veröffentlichung seines Test-Verfahrens am 23.1.2020¹³ eine Zeitschrift benützte, die die darin getätigten Aussagen vor Drucklegung nicht überprüft.

5. Die für eine schnelle Beendigung der Corona-Krise entscheidenden Fragen

Es stellt sich die zentrale und alles entscheidende Frage, ob Prof. Drosten seiner wissenschaftlichen Pflicht nachgekommen ist, die Bestandteil seines Arbeitsvertrages ist,¹⁴ selbst und konsequent alle Behauptungen in seiner Publikation über das von ihm entwickelte Nachweisverfahren und seinen darauf basierenden öffentlichen Aussagen zu überprüfen. Aufgrund dieser zentralen wissenschaftlichen Pflicht ergeben sich drei zentrale

Fragen: I. Hat Prof. Drosten überprüft, ob die Gen-Sequenzen, die Grundlage seines Testverfahrens sind und die er von chinesischen Virologen zur Verfügung gestellt bekommen hat, tatsächlich Sequenzen sind, die aus einem Virus stammen? II. Hat Prof. Drosten die in der Wissenschaft zwingend vorgeschriebenen Kontrollexperimente durchgeführt, die beweisen, ob die von ihm verwendeten Sequenzen tatsächlich aus einem Virus stammen? Hat er die Kontrollexperimente durchgeführt, ob die von ihm verwendeten Sequenzen, die er dem neuen Virus zuschreibt, in Wirklichkeit nicht Sequenzen sind, die in jedem Stoffwechsel entstehen, vielleicht sogar in Pflanzen, wie z.B. in Tansanischen Papayas¹⁵ oder die im Stoffwechsel bei Erkrankungen vermehrt entstehen? III. Aufgrund welcher Annahmen, Experimente und Kontrollversuche kann Prof. Drosten behaupten, dass mit seinem Testverfahren, mit dem er nur Teilbereiche von 2 (zwei) Genen aus dem Genom von insgesamt 10 (zehn) Genen des Corona-Virus nachweist, ein ganzes, aktives und krankheitszeugendes Virus nachgewiesen wird? Und nicht nur Bruchstücke eines Virus, nach einem angenommenen erfolgreichen Kampf des Immunsystems oder die Anwesenheit von „defekten“ oder „unvollständigen“ oder „harm-losen“ Viren in unserer Erbsubstanz, die typisch sind und 50% der Genmassen unserer Chromosomen ausmachen? Die Antworten ergeben sich aus dem dokumentierten Tun von Prof. Drosten bei der Entwicklung des Testverfahrens und aus dem dokumentierten Nicht-Tun von Prof. Drosten bis heute. Der Virologe Prof. Drosten, der das Nachweisverfahren für das neue Corona-Virus (zuerst als 2019-nCoV dann, ab 7.2.2020 als SARS-CoV-2 bezeichnet) entwickelt hat, beschreibt die Entwicklung des Testverfahrens in einer Publikation, die am 23.1.2020 veröffentlicht wurde.¹⁶ Auf Seite 3 dieses Beitrages, linke Spalte, 8 Zeile von unten, beschreibt er den ersten und entscheidenden Schritt seines Vorgehens: „Vor der Bekanntgabe öffentlicher Virus-Sequenzen aus Fällen mit 2019-nCoV, haben wir uns auf Berichte aus den Sozialen Medien verlassen, in denen der Nachweis eines SARS-ähnlichen Virus angekündigt wurde. Deswegen haben wir angenommen, dass ein mit SARS in Verbindung stehendes CoV beim Ausbruch involviert ist.“ („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.“) Das heißt, Prof. Drosten und seine Mitarbeiter haben aufgrund von Berichten in den Sozialen Medien angenommen, dass beim behaupteten Ausbruch einer atypischen Lungenentzündung ein mit SARS in Verbindung stehendes Corona-Virus involviert sein könnte. Zu dieser Zeit lagen keinerlei klinische Daten vor, die Grundlage einer solchen Vermutung hätten sein können. Was war sein nächster Schritt? „Wir haben alle kompletten und partiellen (durchschnittliche Länge >400 Nukleotide) von mit SARS-

verbundenen Virus-Sequenzen heruntergeladen, die am 1.1.2020 auf der GenBank verfügbar waren.“ Weiter geht es in der rechten Spalte der Seite 3, 3. Zeile von oben: 8WISSENSCHAFTPLUS magazin 02/2020 · Auszug,, Diese Sequenzen haben wir [Anmerkung von mir, SL: anhand einer vorgegebenen SARS-Virus-Standardsequenz] ausgerichtet und die angeglichenen Sequenzen benützt, um unsere Tests zu entwickeln (Abbildung S1 im Supplement zu dieser Publikation).“ „Nach der Veröffentlichung der ersten 2019-nCoV-Sequenz auf virological.org, haben wir, auf der Basis wie gut sie zu dem 2019-nCoV-Genom passten, drei Tests ausgewählt.“ („We downloaded all complete and partial (if >400 nt) SARS-related virus sequences available in GenBank by 1 January 2020. [...] 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).) Aus seinen Ausführungen ergeben sich die klaren Antworten, Schlussfolgerungen und Konsequenzen: I. Hat Prof. Drosten überprüft, ob die Gen-Sequenzen, die Grundlage seines Testverfahrens sind und die er von chinesischen Virologen zur Verfügung gestellt bekommen hat, tatsächlich Sequenzen sind, die aus einem Virus stammen? Die Antwort ist Nein! Er konnte nicht überprüfen ob die angebotenen Sequenzen aus einem Virus stammen, denn die beiden entscheidenden Publikationen, in der die Gewinnung der von ihm benutzten Gensequenzen beschrieben ist, lagen ihm vor der Markteinführung seines Testes nicht vor. II. Hat Prof. Drosten die in der Wissenschaft zwingend vorgeschriebenen Kontrollexperimente durchgeführt, die beweisen, ob die von ihm verwendeten Sequenzen tatsächlich aus einem Virus stammen? Hat er die Kontrollexperimente durchgeführt, ob die von ihm verwendeten Sequenzen, die er dem neuen Virus zuschreibt, in Wirklichkeit nicht Sequenzen sind, die in jedem Stoffwechsel entstehen, vielleicht sogar in Pflanzen oder die im Stoffwechsel bei Erkrankungen vermehrt entstehen? Die Antwort ist: Nein! Weder er, noch die Virologen des CDC, noch andere haben nachweislich bis zum heutigen Tage diese notwendigen Kontrollversuche durchgeführt und falls doch, dann nicht veröffentlicht. Für diese entscheidenden Kontrollexperimente müssen kurze Gensequenzen des Stoffwechsels gesunder Personen verwendet werden, um diese zu sequenzieren. Diese kurzen Gensequenzen müssen wie die Gensequenzen aus kranken Menschen mit den gleichen Computer-Programmen zu einem langen Erbgutstrang eines Virus zusammengesetzt werden. Dieser Versuch wurde entweder nie vorgenommen oder nie veröffentlicht. Es wird dieser aus den Denkgesetzen und der Logik der Virologie resultierende, zwingende Kontrollversuch – um die eigenen Ergebnisse konsequent zu kontrollieren – nicht einmal erwähnt. In dem Moment, in dem dieser Versuch durchgeführt und veröffentlicht wird, ist die Corona-Krise augenblicklich beendet. Der andere, aus wissenschaftlicher Logik resultierende Kontrollversuch ist der, mittels dem entwickelten PCR-Verfahren (real-time RT-PCR) intensiv, mit klinischen Proben von Menschen mit anderen Erkrankungen als denen die dem Virus zugeschrieben werden und anhand von Proben von gesunden Menschen, Tieren und Pflanzen zu testen, ob nicht auch diese Proben „positiv“ getestet werden. Diese weiteren Kontrollexperimente, die logisch zwingend notwendig sind, um ein Testverfahren zu validieren, d.h. zu überprüfen, ob es gültig ist und eine Aussagekraft hat, wurden bis heute nicht durchgeführt und nicht einmal behauptet, dass sie durchgeführt wurden. Deswegen haben sich die Erfinder und Produzenten dieser Testverfahren durch entsprechende Hinweise auf den Beipackzetteln abgesichert z.B. dass der Test nur für Studienzwecke zu verwenden ist und für diagnostische Zwecke nicht geeignet ist. Ich kann mit Sicherheit vorhersagen, dass Menschen, die vermehrt Gensequenzen aus der Gewebeart der Plattenepithelien freisetzen, also z.B. Nierenpatienten, spätestens dann zu 100% mit dem von Prof. Drosten entwickelten PCR „positiv“ getestet werden, wenn deren Abstrichmenge ein wenig vervielfacht und konzentriert wird. Sehr wahrscheinlich können sogar alle Organismen positiv getestet werden. Ich rufe Biochemiker, Bioinformatiker, Virologen und Zellkulturspezialisten auf, diese Kontrollversuche

durchzuführen, zu veröffentlichen und mich darüber zu informieren. Ich habe ein Kontrollexperiment konzipiert, bei dem die Ausrede, dass das verwendete Probenmaterial zuvor oder während des Kontrollversuchs mit dem SARS-Cov-2-Virus verunreinigt worden sei, von vornherein ausgeschlossen ist. Die Kosten für die Durchführung der Kontrollexperimente werden übernommen, wenn ich und neutrale Beobachter bei der Durchführung der Kontrollexperimente anwesend sein dürfen und jeder Schritt dokumentiert wird. Bitte melden Sie sich für die Kontaktaufnahme beim Verlag. Die Resultate beenden die Corona-Krise augenblicklich. Es nützt nichts, wenn nur ich die Resultate der Kontrollversuche präsentiere. III. Aufgrund welcher Annahmen, Experimente und Kontrollversuche kann Prof. Drosten behaupten, dass mit seinem Testverfahren, mit dem er nur Teilbereiche von nur 2 (zwei) Genen aus dem Genom von insgesamt 10 (zehn) Genen des Corona-Virus nachweist, ein ganzes, aktives und krankheitszeugendes Virus nachgewiesen wird und nicht nur Bruchstücke eines Virus, nach einem angenommenen erfolgreichen Kampf des Immunsystems oder durch die Anwesenheit der zahlreichen „defekten“, „unvollständigen“ und „harmlosen“ Viren in unserer Erbsubstanz? Diese logischen Fragen hat Prof. Drosten überhaupt nicht ins Kalkül gezogen, denn sie kommen in seinen Publikationen und Behauptungen nirgendwo vor. Der Nachweis von nur kurzen Gensequenzen aus einem langen Erbgutstrang eines Virus kann niemals die Anwesenheit eines intakten und damit vermehrungsfähigen Virus beweisen. Um einen solchen PCR-Test als valide bezeichnen zu dürfen, müssten erst Studien unternommen werden, deren Ergebnisse zeigen, dass der Nachweis von kurzen Gensequenzen automatisch auch die Anwesenheit eines ganzen und intakten Erbgutstranges eines Virus nachweist. Solche logisch zwingenden Studien sind bis heute nicht durchgeführt oder erwähnt worden. Die auf dem Gebiet der zelleigenen, als endogen bezeichneten harmlosen, unvollständigen oder defekten Viren, führende Virologin, Frau Prof. Karin Mölling, hat zu Beginn der Corona-Krise die getroffenen Maßnahmen als ungerechtfertigt bezeichnet. Sie hat in Publikationen und in einem Buch¹⁷ aufgezeigt, dass die Hälfte der Erbsubstanz des Menschen, also die Hälfte der Sequenzen, 9WISSENSCHAFTPLUS magazin 02/2020 · Auszug aus denen unsere Chromosomen bestehen, aus inaktiven und defekten Gensequenzen von Viren besteht. Was sie nicht weiß, oder verschweigt, ist die Tatsache, dass der Stoffwechsel ständig eine große Menge an RNA-Gen-Sequenzen beliebiger Zusammensetzung hervorbringt, die nicht in Form von DNA-Sequenzen in den Chromosomen auftauchen. Diese Tatsache stellt die Existenz-Behauptungen aller RNA-Viren, wie z.B. Corona-Viren, Ebola-Virus, HIV, Masern-Virus und die SARS-Viren in Frage. Diese Tatsache ist auch Grundlage, warum mit Kontrollexperimenten nicht nur die Corona-Krise, sondern die Angst und Fehlbehandlung durch die gesamte Virologie der angeblichen Krankheitsviren sofort beendet wird. Ich kann versichern, dass die tatsächlichen Ursachen und Phänomene der Infektion, die Viren zugeschrieben werden, im „positiven“ Sinne des Wortes „Wissenschaft“ bewiesen sind. Ich verweise hierfür auf den vorangegangenen Beitrag „Fehldeutung Virus“ im Magazin WissenschaftPlus Nr. 1/2020, der auch als pdf-Datei erworben werden kann. Und natürlich auf die vielen vorangegangenen Beiträge rund um diese Fragestellung. Die Fortsetzung „Fehldeutung Virus III“ folgt. Quellen: ¹ A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019. N Engl J Med 2020; 382: 727-33. DOI: 10.1056/NEJ-Moa2001017. Veröffentlicht am 24.1.2020. ² Von der Verantwortung eines Virologen. Ist Christian Drosten Opfer oder Täter? Veröffentlicht im Blog des Friedensaktivisten Peter Frey, peds-ansichten.de am 26.5.2020. ³ SARS, Wikipedia. https://de.wikipedia.org/wiki/Schweres_akutes_Atemwegssyndrom (Eintrag vom 29.5.2020); ⁴ Xing-Yi Ge et al., Isolation and characterization of a bat SARS-like coronavirus that uses the ACE2 receptor. Nature. Band 503, 2013, S. 535–538, doi:10.1038/nature12711; ⁵ Discovery of a rich gene pool of bat SARS-related coronaviruses provides new insights into the origin of SARS coronavirus. Ben Hu, Lei-Ping Zeng, Xing-Lou Yang et al., PLoS Pathogens. 13(11): e1006698,

doi:10.1371/journal.ppat.1006698;⁶ Siehe Quelle 1 und: A new coronavirus associated with human respiratory disease in China. *Nature* | Vol 579 | 12 March 2020 | 265-269. <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2008-3>. Veröffentlicht am 3.2.2020.; ⁷ Pathological findings of COVID-19 associated with acute respiratory distress syndrome. *Lancet Respir Med* 2020; 8: 420–22. Published Online February 17, 2020. [https://doi.org/10.1016/S2213-2600\(20\)30076-X](https://doi.org/10.1016/S2213-2600(20)30076-X); ⁸ Bundesgesundheitsblatt, Ausgabe Nr. 12, Dezember 2010. Pandemien. Lessons learned <https://link.springer.com/journal/103/53/12>; ⁹ Detection of 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) by real-time RT-PCR. Prof. Christian Drosten und Mitarbeiter. *Euro Surveill.* 2020;25(3):pii=2000045. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.3.2000045>. Veröffentlicht am 23.1.2020. ¹⁰ Diagnostika: Erster Test für neuartiges Coronavirus entwickelt. *Medica Magazin* vom 21.1.2020. <https://www.medica.de/de/News/Archiv/Diagnostika>; ¹¹ Siehe 6; ¹² Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus: The species and its viruses – a statement of the Coronavirus Study Group. bioRxiv preprint doi: <https://doi.org/10.1101/2020.02.07.937862>; ¹³ Siehe 9; ¹⁴ §2 Grundsätze Guter Wissenschaftlicher Praxis: (1) u.a. „alle Ergebnisse konsequent selbst anzuzweifeln“ und „die anerkannten Grundsätze wissenschaftlicher Arbeit in den einzelnen Disziplinen einzuhalten.“ In: Neufassung der Satzung der Charité – Universitätsmedizin Berlin zur Sicherung Guter Wissenschaftlicher Praxis vom 20.06.2012 (AMB Charité Nr. 092, S. 658) Zu finden unter: https://www.charite.de/fileadmin/user_upload/portal/charite/presse/publikationen/amtl-mitteilungsblatt/2016/AMB_208.pdf; ¹⁵ Wie mit den Befunden in der Öffentlichkeit umgegangen wird, dass auch Früchte „positiv“ auf „SARS-Cov-2“ getestet werden ist, finden Sie beispielhaft hier: <https://www.zdf.de/nachrichten/panorama/coronavirus-papaya-ziege-tansania-test-100.html> ¹⁶ Siehe 9; ¹⁷ Siehe das Buch von Karin Mölling mit dem interessanten Titel „Viruses: More Friends Than Foes“, 420 Seiten, das 2016 auch auf Deutsch erschienen ist.