

A FAREWELL TO VIROLOGY

Eine Einladung zur Befreiung von unnötigen Ängsten

(EXPERTENAUSGABE)

Dr. Mark Bailey

Inhaltsverzeichnis

KURZZUSAMMENFASSUNG DES AUTORS.....	3
1. TEIL EINS	4
1. SARS-CoV-2 nicht gefunden	4
2. Dr. Siouxsie Wiles - die „Isolations“-Akolytin der Virologie.....	5
3. Wofür Isolation bedeutsam ist.....	9
4. Was ist Virologie?	14
5. Der Mangel an Kontrollen zeugt vom unwissenschaftlichen Streben der Virologie	21
6. Tiermissbrauch und „Antikörper“-Studien	24
7. Das Viren-Mengen-Paradoxon	28
2. TEIL ZWEI.....	30
1. Fan Wu et al. „deus ex machina“	30
2. „Turtles all the way down“	37
3. Die Behauptung der CDC zu SARS-CoV-2	41
4. Die Enthüllungen von Peng Zhou et al.....	44
5. Mehr Täuschung aus Wuhan?	46
6. Professor Stephen Bustin's Vorbereitungsenn einer PCR-Pandemie	48
3. TEIL DREI	54
1. „Kleiner Sennenhund“ – ahnungslos oder irreführend?	54
2. Die „Laborleck“-Ablenkung.....	59
3. Virologie und die geschlossene Gesellschaft	63
4. Metagenomische Sequenzierung - der letzte Atemzug der Virologie?	67
5. Wozu die Existenz von Viren während eines Krieges in Frage stellen?	71
NACHWORT DES AUTORS	73
ÜBER DEN AUTOR.....	74
Zitierempfehlung der deutschen Übersetzung.....	74

KURZZUSAMMENFASSUNG DES AUTORS

Die Virologie erfand das Virenmodell, scheiterte aber immer wieder daran, ihre eigenen wissenschaftlichen Vorgaben einzuhalten. Es wird behauptet, dass Viren von Wirt zu Wirt - wie z.B. Menschen - übertragen werden und danach Krankheiten verursachen. Doch es fehlen Belege für diese Behauptungen. Zu den größten Misserfolgen der Virologie gehörte ihr Versagen, auch nur ein einziges Viruspartikel direkt aus den Geweben von Organismen, die als infiziert gelten, zu isolieren. Zur Verschleierung dieses Umstands suchten Virolog*innen Zuflucht in der Entwicklung ihrer eigenen pseudowissenschaftlichen Vorgehensweisen, um die etablierte wissenschaftliche Methode damit zu ersetzen, sowie in der Bedeutungsänderung von Begriffen in Wörterbüchern, um ihre unwissenschaftlichen Praktiken zu stützen. Beispielsweise erfordert das sogenannte Isolat der Virolog*innen nicht mehr die physische Existenz der Virus-Partikel, was der Isolations-Status allerdings zu gewährleisten hätte.

Ein Virus muss definierte physikalische und biologische Eigenschaften besitzen, d.h. ein replikationsfähiger intrazellulärer Parasit sein, der in der Lage ist, in einem Wirt wie dem Menschen Krankheiten zu verursachen. Jedoch sind „Viren“ wie SARS-CoV-2 nichts anderes als Phantomkonstrukte, die nur in der Vorstellung und in Computersimulationen existieren. In diesem Paradigma ist die Diagnose erfundener Krankheiten wie z.B. COVID-19 von nichts anderem als der Feststellung ausgewählter Gensequenzen und Proteine abhängig, von denen behauptet wird, dass sie „viral“ sind. Die Existenz eines Virus ist in diesem Zirkelschluss nicht erforderlich; dementsprechend können ganze „Pandemien“ auf der Grundlage digitaler Kreationen erzeugt und durch molekulare In-vitro-Reaktionen („Reagenzglas“) künstlich aufrechterhalten werden.

Diese Abhandlung enthält drei Teile.

Im ersten Teil werden einige geschichtliche Eckdaten der Virologie und die Misserfolge der Virolog*innen bei der Umsetzung der wissenschaftlichen Methode skizziert. Dabei wird aufgezeigt, dass die zahlreichen und weitreichenden Behauptungen der Virolog*innen allesamt Schwachstellen aufweisen, weil (a) direkte Belege fehlen und (b) die indirekten „Belege“ ungültig sind, da geeignete Kontrollversuche fehlen. Die angeführten Beispiele decken alle wichtigen Aspekte des virologischen Betrugs ab, einschließlich der Behauptungen über Isolation, zytopathische Effekte, Genomforschung, Antikörper und Pathogenitätsbelege aus Tierstudien.

Im zweiten Teil wird der Betrug untersucht, der zur Propagierung der COVID-19-„Pandemie“ eingesetzt wurde. Eine Darstellung der Methodik, auf die sich die ursprünglichen Erfinder Fan Wu et al. stützen, zeigt, wie das fiktive SARS-CoV-2 durch anti-wissenschaftliche Methoden und sprachliche Täuschungsmanöver „kreiert“ wurde. Es ist Teil einer fortlaufenden Täuschung, bei der die Behauptung der Virenexistenz darauf basiert, dass aktuelle Virenmodelle mit früheren „Virus“-Templates abgeglichen werden. Am Beispiel von SARS-CoV-2 wird gezeigt, wie die Spur der genomischen „Coronavirus“-Templates, die bis in die 1980er Jahre zurückführt, enthüllt, dass keiner dieser Gensequenzen nachweislich aus dem Inneren eines viralen Partikels stammt – die phylogenetischen Bäume sind Fantasieprodukte. Die inadäquate Anwendung der Polymerase-Ketten-Reaktion zur Virendiagnostik etablierte diesen betrügerischen Aspekt der Virologie und schuf so die „Fälle“, mit denen die Illusion einer Pandemie aufrechterhalten wurde.

Im dritten Teil wird analysiert, wie einige wichtige Beteiligte, „Gesundheits“-Institutionen und Mainstream-Medien die Viren-Illusion durch Informationskontrolle und Narrative, die die virologischen Behauptungen unkritisch aufgreifen, verstetigten. Wie es der Zufall so will gerät mit dem COVID-19-Betrug der Betrug der gesamten Virologie in den Brennpunkt des Interesses. Ab hier jedenfalls können Virologie-Laien diesen Betrug kritisch bewerten sowie abschließend das pseudowissenschaftliche Paradigma, das die Virologie um sich herum aufbaute, aufdecken und zu Grabe tragen.

Ziel der Abhandlung ist es, den Leser*innen Widerlegungen diverser Behauptungen über die Existenz pathogener Viren zur Verfügung zu stellen. SARS-CoV-2 diene als Hauptbeispiel, die Kritik lässt sich aber im Prinzip auf alle behaupteten Viren anwenden. Die folgenden Ausführungen beziehen sich auf die oft arkane Literatur der Virologie mit ihren idiosynkratischen Begriffsbestimmungen, die – das sei vorweg gesagt - die Lektüre dieser Abhandlung teilweise etwas anstrengend machen kann. Ich hoffe jedoch, dass diese Abhandlung die Lücke für all jene Leser*innen schließt, die die technischen Details der Virenhypothese etwas genauer verstehen möchten, und darlegt, auf welch tönernen Füßen die angeblichen Pandemien und betrügerischen medizinischen Praktiken stehen. Die Bedrohung der Menschheit durch die Virologie nimmt zu. Es ist daher an der Zeit, uns von diesen zerstörerischen pseudowissenschaftlichen Praktiken zu verabschieden und uns von unnötigen Ängsten zu befreien.

1. TEIL EINS

1. SARS-CoV-2 nicht gefunden

„Der vielleicht wichtigste Beleg dafür, dass die Theorie der pathogenen Viren problematisch ist, ist die Tatsache, dass in keiner veröffentlichten wissenschaftlichen Arbeit jemals gezeigt wurde, dass Teile, die der Definition von Viren entsprechen, direkt aus den Geweben oder Körperflüssigkeiten eines kranken Menschen oder Tieres isoliert und gereinigt wurden. Unter Verwendung der allgemein akzeptierten Definition von ‚Isolation‘, die die Trennung einer Sache von allen anderen Dingen bedeutet, besteht allgemeines Einvernehmen darüber, dass dies in der Geschichte der Virologie noch nie geschehen ist.“

- Dr. Thomas Cowan et al., The „Settling the Virus Debate“ Statement, 2022¹

Bis zum 11. September 2022 und nach umfangreichen Anfragen unter Berufung auf das Gesetz zur Informationsfreiheit, die von Christine Massey koordiniert wurden, war keine einzige von 209 hauptsächlich gesundheitlichen oder wissenschaftlichen Institutionen in über 35 Ländern dazu in der Lage, direkte Belege für das angebliche SARS-CoV-2-Virus vorzulegen.² Die Institutionen wurden gebeten, alle Dokumente vorzulegen, die „die Purifikation von ‚SARS-CoV-2‘, das beim Menschen eine Krankheit verursacht haben soll, (mittels Mazerierung, Filtrierung und Verwendung einer Ultrazentrifuge; manchmal von einigen auch als ‚Isolation‘ bezeichnet) direkt von einem erkrankten Menschen belegt...“. Nach dem Eingeständnis, dass es keine derartigen Belege gibt, behaupteten Institutionen wie das neuseeländische Gesundheitsministerium bei vielen Gelegenheiten, dass „es mehrere Beispiele dafür gibt, dass das Virus isoliert und in einer Labor-Umgebung angezüchtet wurde“.³ Bei den genannten Beispielen handelt es sich jedoch durchweg um Gewebe-Kultur-Surrogatexperimente, bei denen sich das Wort „Isolation“ von seiner gängigen Bedeutung gelöst hat, und es wurde nicht gezeigt, dass irgendein Partikel - ob tatsächlich abgebildet oder rein imaginär vorgestellt - die Eigenschaften eines krankheitsverursachenden Virus hat. In jedem Fall lenkt dies von dem größeren Problem ab, das durch die Informationsfreiheits-Anfragen aufgedeckt wurde, nämlich

¹ Cowan, Thomas et al.: The “Settling the Virus Debate” Statement, auf: www.drsembailey.com, 14.07.2022, <https://www.drsembailey.com/resources/settling-the-virus-debate/> [15.08.2023].

² Massey, Christine: 209 health/science institutions worldwide all failed to cite even 1 record of “SARS-COV-2” purification, by anyone, anywhere, ever, auf: www.fluoridefreepeel.ca, 06.06.2021, <https://www.fluoridefreepeel.ca/68-health-science-institutions-globally-all-failed-to-cite-even-1-record-of-sars-cov-2-purification-by-anyone-anywhere-ever/> [15.08.2023].

³ NZ Ministry of Health: Official Information Act response Ref: H202102878, auf: health.govt.nz, 18.11.2020, [h202007836_18_nov_2020.pdf](http://health.govt.nz/h202007836_18_nov_2020.pdf) [15.08.2023].

Ewert, Rebecca (General Counsel of University of Auckland): Antwort-E-Mail “OIA Request of SARS-COV-2”, auf: fluoridefreepeel.ca, 17.09.2020, <https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/03/Auckland-redacted-FOI-emails-updated-2022.pdf> [12.09.2023]

dass die als Viren bezeichneten Partikel niemals in menschlichen Probanden gefunden werden können. Die Virologie hat für diese fehlenden Belege Ausflüchte gesucht, aber selbst wenn man diese in Verlegenheit bringende Unzulänglichkeit berücksichtigt, gehen ihr die Ausreden aus, da ihre verschiedenen methodologischen Annahmen zunehmend von Außenstehenden in Frage gestellt werden. In dieser Abhandlung werden die vielen Aspekte der virologischen Anti-Wissenschaft skizziert, die dazu dienen, die Illusion aufrechtzuerhalten, dass krankheitserregende Viren existieren. Die Situation wird immer gefährlicher und seit Anfang 2020 wird die COVID-19-„Pandemie“ als trojanisches Pferd eingesetzt, um die Menschheit zu unterdrücken.

2. Dr. Siouxsie Wiles - die „Isolations“-Akolytin der Virologie

„Die Dichte-Gradienten-Zentrifugation ist die wissenschaftlich vorgeschriebene Standardmethode, um die Existenz von Viren zu beweisen. Obwohl diese Methode in fast allen Lehrbüchern der Mikrobiologie als Virus-Isolations-Methode vorgestellt ist, wird sie niemals bei den Experimenten angewandt, mit denen die Existenz von krankmachenden Viren bewiesen werden soll.“

- Dr. Stefan Lanka, Nov. 2015.⁴

Die Verteidigung der Methoden der Virologie wird von ihren Befürworter*innen übernommen, darunter Neuseelands Regierung und die von den staatlich finanzierten Medien favorisierte Mikrobiologin Siouxsie Wiles.⁵ Ihr Arbeitgeber, die University of Auckland, gehört zu den Einrichtungen, die jetzt bestätigt haben, dass „sie keine Arbeiten zur Reinigung eines Covid-19-Virus durchgeführt haben“⁶, d.h. das so genannte SARS-CoV-2-Virus weder in einem Menschen gefunden noch von ihm isoliert haben. Diese Professorin, die dem Land im März 2020 mitteilte, dass „die Welt in Aufruhr ist“⁷, wurde 2021 zur Neuseeländerin des Jahres ernannt, weil sie „Millionen Menschen weltweit geholfen hat, hinter die Angst und Komplexität der Pandemie zu sehen ... und dabei

⁴ Lanka, Stefan: Dismantling the Virus Theory – The ‚measles virus‘ as an example, auf: ResearchGate, 11/2015, https://www.researchgate.net/publication/316280466_Virology_State_of_the_Art [15.08.2023].

Lanka, Stefan: Viren entwirren – Das „Masernvirus“ als Beispiel, auf: Wissenschaftplus online Nr. 5/2015, 11/2015, <https://wissenschaftplus.de/cms/de/wichtige-texte> [15.08.2023].

⁵ „Profil von Siouxsie Wiles“ auf: University of Auckland/Neuseeland online, <https://profiles.auckland.ac.nz/s-wiles> [15.08.2023].

⁶ Massey, Christine: FOIs reveal that health/science institutions around the world (217 and counting!) have no record of SARS-COV-2 isolation/purification, anywhere, ever – Fluoride Free Peel, auf: [fluoridefreepeel.ca](https://fluoridefreepeel.ca/fois-reveal-that-health-science-institutions-around-the-world-have-no-record-of-sars-cov-2-isolation-purification/), 10.06.2023, <https://www.fluoridefreepeel.ca/fois-reveal-that-health-science-institutions-around-the-world-have-no-record-of-sars-cov-2-isolation-purification/> [15.08.2023].

⁷ Wiles, Siouxsie: Microbiologist Siouxsie Wiles gives advice on preventing coronavirus, auf: Youtube-Kanal von 1News, 15.03.2020, https://www.youtube.com/watch?v=u_YVN7KYzhA&t=43s [15.08.2023].

geholpen hat, uns sicher zu halten“⁸. In ihrer Erklärung vom November 2020 mit dem Titel „Die Koch’schen Postulate, COVID und das Labyrinth der Fehlinformation“, behauptete Wiles, dass „die Leute, die nach Belegen für die Existenz des SARS-CoV-2-Virus fragen, das für COVID-19 verantwortlich ist, ihre Anfrage auf spezifische Weise formulieren, um jeden Beleg für die Existenz des Virus auszuschließen“⁹. Ihr Artikel entglitt schnell in die Richtung, dass die Koch’schen Postulate für Viren ungeeignet und in diesem Zusammenhang als ungültig einzuordnen seien. Es ist unklar, warum sie die Rivers Postulate¹⁰, die speziell für Viren entwickelt wurden, nicht erwähnte - vielleicht, weil sie dann hätte zugeben müssen, dass auch diese Postulate nie erfüllt wurden.

Und während sich die Koch’schen Postulate auf die Feststellung der Ursachen von Krankheiten und Ansteckung beziehen, und nicht auf die Frage, ob virale Partikel in oder von Menschen gefunden werden können, hätte sie einfach erklären können, dass die Virolog*innen einen Großteil des 20. Jahrhunderts versucht haben, Viren direkt von kranken Menschen zu identifizieren – und zwar ohne Erfolg! Wiles führte dann fälschlicherweise Falkows Molekulare Postulate¹¹ in ihre Argumentation ein, ohne zu erläutern, wie diese zum Nachweis der physischen Existenz des behaupteten SARS-CoV-2 in einem Menschen oder anderswo verwendet werden könnten.

Wiles offenbarte damit ihre Wissenslücke, dass die Weltgesundheitsorganisation (WHO) 2003 forderte, dass in Bezug auf SARS-CoV-1 „die schlüssige Identifizierung eines Erregers alle Kriterien des [sic!] so genannten Koch’schen Postulats' erfüllen muss“ und dass „die zusätzlichen Experimente, die zur Erfüllung dieser Kriterien erforderlich sind, derzeit in einem Labor in den Niederlanden

⁸ Preston, Nikki: Passionate microbiologist Siouxsie Wiles named as New Zealander of the Year, auf NewZealand Herald online, 01.04.2021, <https://www.nzherald.co.nz/nz/passionate-microbiologist-siouxsie-wiles-named-as-new-zealander-of-the-year/LBFWVC3T5BBZNJX7J7GDOKXKQY/> [15.08.2023].

Anmerkung des Autors: Die Laudatio enthielt folgenden Wortlaut: „Trotz erheblicher Kritik – und zwar an ihrer Autorität, ihrem Erscheinungsbild, ihrem Geschlecht – reagierte Siouxsie’s weiterhin mit Empathie, Innovation und Mut auf eine der größten Herausforderungen unserer Zeit und ihre Arbeit wurde von Millionen gesehen und sogar von Regierungen und Organisationen als Teil ihrer offiziellen Pandemiekommunikation genutzt.“ <https://nzawards.org.nz/winners/dr-siouxsie-wiles-mnzm/> [15.08.2023].

⁹ Wiles, Siouxsie: Koch’s postulates, Covid, and misinformation rabbit holes, auf: University of Auckland, Neuseeland online, 16.11.2020 <https://www.auckland.ac.nz/en/news/2020/11/16/kochs-postulates-covid-and-misinformation-rabbit-holes.html> [15.08.2023].

¹⁰ Rivers, Thomas: Viruses and Koch’s Postulates, in: Journal of Bacteriology, Bd. 33/Nr. 1, 01.01.1937, <https://journals.asm.org/doi/10.1128/jb.33.1.1-12.1937> [15.08.2023].

¹¹ Anm. d. Autors: Falkow’s Molekulare Postulate lauten wie folgt: „1. Der untersuchte Phänotyp oder die untersuchte Eigenschaft sollte mit pathogenen Mitgliedern einer Gattung oder pathogenen Stämmen einer Art in Zusammenhang stehen. 2. Eine spezifische Inaktivierung des/der mit dem vermuteten Virulenzmerkmal verbundenen Gens/Gene sollte zu einem messbaren Verlust der Pathogenität oder Virulenz führen. 3. Die Reversion oder der allelische Ersatz der mutierten Gene sollte zur Wiederherstellung der Pathogenität führen.“ - Falkow, Stanley: Molecular Koch's Postulates Applied to Microbial Pathogenicity in: Reviews of Infectious Diseases, 07-08/1988, <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/3055197/> [15.08.2023].

durchgeführt werden“¹². Dieser Artikel der WHO wurde 2021 ohne Begründung von ihrer Website entfernt, kann aber weiterhin über das Internetarchiv abgerufen werden.¹³ Die phantasiereiche Behauptung, die Koch'schen Postulate seien 2003 von Fouchier et al. mit SARSCoV1 erfüllt worden, ist an anderer Stelle widerlegt worden.¹⁴ Das Affenexperiment von Fouchier et al.¹⁵ wurde nicht nur durch das Fehlen von Kontrollen und den unnatürlichen Expositionsweg entkräftet, sondern wie bei allen virologischen Veröffentlichungen gelang es ihnen nicht, ein Partikel nachzuweisen, das der Definition eines Virus entspricht. Wiles schien auch im Widerspruch zu Na Zhu et al. zu stehen, einem der ersten Teams, das behauptete, SARS-CoV-2 entdeckt zu haben, denn Na Zhu et al. räumten ein: „Obwohl unsere Studie die Koch'schen Postulate nicht erfüllt, liefern unsere Analysen Belege, die 2019-nCoV [später ‚SARS-CoV-2‘] beim Ausbruch von Wuhan implizieren. Zusätzliche Belege, die die ätiologische Bedeutung von 2019-nCoV beim Ausbruch in Wuhan bestätigen, umfassen ... Tierversuche (Affen), die die Pathogenität belegen.“¹⁶

*- Unabhängig davon, ob verschiedene Virologen die Gültigkeit der Koch'schen Postulate in Frage stellen wollen oder nicht, handelt es sich um eine weitere Ablenkung, da **die Postulate die physische Existenz einer Mikrobe voraussetzen** - Computersimulationen, Bilder von Vesikeln unbekannter biologischer Funktion und die Behauptung, dass Tieren Suppen, die Viren enthalten, verabreicht wurden, reicht für die Erfüllung der Postulate nicht aus.*

Wiles entschied auch, den eklatanten Missbrauch des Wortes „Isolation“ durch die Virologie zu legitimieren, indem sie die Frage nach der Umkehrung der Definition von „Isolat“ durch die Virologie wie folgt beantwortete: „Was den Gebrauch des Isolationsverständnisses im alltäglichen Sinne des Wortes betrifft statt der Definition, die für die gestellte Frage relevant ist? Nun, das ist einfach verdammt lächerlich und ein klares Zeichen dafür, dass diese Anfragen nach Evidenz nicht in gutem

¹² World Health Organization (WHO): Severe Acute Respiratory Syndrome (SARS) - multi-country outbreak - Update 12 (27.03.2003). [Anm. des Autors: Zum Zeitpunkt der Veröffentlichung nicht mehr abrufbar.].

¹³ WHO: Severe Acute Respiratory Syndrome (SARS) - multi-country outbreak - Update 12, auf: web.archive.org, 27.03.2003, https://web.archive.org/web/20030802232208/http://www.who.int/csr/don/2003_03_27b/en/ [15.08.2023].

¹⁴ Engelbrecht, Torsten et al.: Virus Mania - How the Medical Industry Continually Invents Epidemics, Making Billion-Dollar Profits At Our Expense, 3. Englische Auflage, Books on Demand, 22.04.2021

Bailey, Samantha: What Happened To SARS-1?“, auf: drsambailey.com, 27.01.2021, <https://drsambailey.com/resources/videos/viruses-unplugged/what-happened-to-sars-1/> [15.08.2023].

¹⁵ Fouchier et al.: Koch's Postulates fulfilled for SARS virus, in: Nature 423, 15.05.2003, <https://www.nature.com/articles/423240a> [15.08.2023].

¹⁶ Zhu, Na et al.: A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019, in: The New England Journal of Medicine, 382, 20.02.2020, <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31978945/> [15.08.2023].

Glauben gemacht werden“¹⁷. Sie schien nicht glauben zu können, dass andere darauf hingewiesen hatten, dass die Bezeichnung eines wissenschaftlich verwendeten Begriffs von den Virolog*innen einseitig geändert wurde, um zu suggerieren, dass ein bestimmter Beleg erbracht wurde. Wenn ihr Gebrauch von Isolation jedoch nicht das bedeutet, was die meisten Menschen denken, dann ist es wahrscheinlich, dass die meisten Menschen in die Irre geführt werden. Aus diesem Grund ist Wiles eine aktive Teilnehmerin an der Verbreitung von Desinformation, unabhängig davon, ob es sich nun um einen Akt der vorsätzlichen Blindheit handelt oder nicht. Wiles muss sich als Expertin beweisen und der Öffentlichkeit erklären, was die Definition der Isolation in der Virologie bedeutet, insbesondere im Hinblick auf den Nachweis der mutmaßlichen Existenz von Viren. Vielleicht denkt sie, dass sie das erklärt hat, als sie schrieb: „Wenn Virologen ein Virus aus einer Probe isolieren wollen, nehmen sie die Probe oder einen Teil davon und fügen dies einigen Zellen hinzu - normalerweise solche, die im Labor relativ einfach zu züchten sind - und sehen dann nach, ob die Zellen sterben und/oder ob irgendwelche Virenpartikel in das flüssige Nährstoffbad, in dem die Zellen wachsen, freigesetzt werden.“¹⁸ Es ist unklar, ob Wiles damit meint, dass das „Virusisolat“ durch (a) die Entnahme der Probe, (b) das Absterben einiger Zellen *in vitro*, (c) die Freisetzung angeblicher „Virenpartikel“ in der Gewebe-Kultur oder (d) alle oder eine gewisse Kombination dieser Elemente belegt wurde. Nichts von dem, was sie beschrieben hat, erfordert jedoch die Existenz von Viren - es ist ein Täuschungsmanöver, ob dies nun realisiert wird oder nicht. Die Beschreibung enthält einfach nur die Behauptungen, dass ein Virus in der Probe gewesen sei, dass der Zusammenbruch der experimentell gestressten Zellen im Reagenzglas dem imaginären Virus zuzuschreiben sei und dass einige der Bläschen (deren biologische Zusammensetzung und Funktion nicht festgestellt wurden) die Viren wären. Es gibt einen weiteren fatalen Fehler in dieser Übung. Wie in dieser Abhandlung detailliert dargelegt wird, sind die Behauptungen, dass die Existenz von SARS-CoV-2 mit dieser Methodik nachgewiesen wurde, alle wissenschaftlich ungültig, da *keines* dieser Experimente mit gültigen Kontrollen durchgeführt wurde.

Dies ist ein Beispiel dafür, wie Wiles in ihrer Rolle als eine der Hauptverantwortlichen für die Desinformationskampagne der neuseeländischen Regierung und deren todbringendes Programm zur Einführung eines injizierbaren Produkts namens ComirnatyTM gehandelt hat - mit der Behauptung, dass nicht-spezifische Gewebe-Kultur-Experimente die Existenz des Virus verifizieren, obwohl nichts dergleichen nachgewiesen wurde. Das Problem geht über SARS-CoV-2 hinaus - *jedes* Virus, dessen Existenz behauptet wird, stützt sich auf ähnliche Pseudowissenschaft. Die Geschichte der Virologie zeigt, dass die Zelltypen, die schließlich für diese Experimente ausgewählt wurden, solche sind, die dazu neigen, zu zerfallen – mit der Behauptung von virusinduzierten „zytopathischen Effekten“ (CPEs) und nicht solche, die „im Labor relativ leicht zu züchten“ sind, wie Wiles in ihrem

¹⁷ Wiles, Siouxsie: Koch's postulates, Covid, and misinformation rabbit holes, auf: University of Auckland, Neuseeland online, 16.11.2020, <https://www.auckland.ac.nz/en/news/2020/11/16/kochs-postulates-covid-and-misinformation-rabbit-holes.html> [15.08.2023].

¹⁸ Ebd.

Artikel behauptet. Vero E6-Affenzellen¹⁹ werden beispielsweise seit langem von Virolog*innen angeblich wegen ihrer „Eignung“, viele Viren zu beherbergen, bevorzugt. Allerdings ist verdächtig, dass die aneuploide²⁰ Nierenlinie anfälliger für toxische Insulte durch zusätzliche Bestandteile wie die allgegenwärtigen nephrotoxischen Antibiotika und Antimykotika, die der Kulturmischung hinzugefügt werden, ist. Als eine Gruppe versuchte, SARS-CoV-2 zu kultivieren, erzielte sie mit menschlichen Adenokarzinomzellen (A549), menschlichen Leberzellen (HUH7.0), menschlichen embryonalen Nierenzellen (HEK-293T) und einer großen braunen Fledermaus-Nierenzelllinie (EFK3B) nicht das gewünschte Ergebnis, erklärte dann aber, dass sie nach der Beobachtung von CPEs in Vero-E6-Zellen ein „virales Isolat“ hatte.²¹ Typischerweise schienen sie die Ironie der Situation nicht zu erkennen, dass das angebliche menschliche Atemwegsvirus nicht nachweislich den relevanten Zelltyp „infizieren“ kann, geschweige denn die relevante Spezies. Und die Relevanz ihrer experimentellen Ergebnisse wurde wieder einmal durch das Fehlen geeigneter Kontrollkulturen entkräftet.

3. Wofür Isolation bedeutsam ist

„Wer die Sprache kontrolliert, kontrolliert die Massen.“

- Saul Alinsky ²²

In Verlegenheit dürfte die Virologie auch die Tatsache bringen, dass sich die vermeintlichen Virenpartikel, die erfolgreich gereinigt wurden, nicht als replikationskompetent oder – aus sich heraus - krankheitsverursachend erwiesen haben. Mit anderen Worten: Was physisch isoliert wurde, kann nur als extrazelluläre Vesikel (EVs) bezeichnet werden. Im Mai 2020 erschien in der Fachzeitschrift „*Viruses*“ eine Publikation, in der Folgendes behauptet wurde: „Heutzutage ist es eine fast unmögliche Aufgabe, EVs und Viren mit Hilfe kanonischer Vesikel-Isolierungsmethoden wie der differentialen Ultrazentrifugation zu trennen, da sie aufgrund ihrer ähnlichen Dimension häufig gemeinsam pelletiert werden.“²³ „Heutzutage“ bedeutet im Gegensatz zur Vergangenheit - aber auch, dass die Unterscheidung von EVs und Viren in der Vergangenheit nicht möglich war. Es scheint wahrscheinlicher, dass sich die Virolog*innen von ihren eigenen Techniken distanzieren, um eine Widerlegung ihrer eigenen Postulate zu vermeiden. Möglicherweise müssen sie akzeptieren, dass

¹⁹ ATCC “VERO C1008 [Vero 76, clone E6, Vero E6]”: <https://www.atcc.org/products/crl-1586> [15.08.2023].

²⁰ Anm. des Autors: Unter Aneuploidie versteht man das Vorhandensein einer abnormen Anzahl von Chromosomen in einer Zelle.

²¹ Harcourt, Jennifer et al.: Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 from Patient with Coronavirus Disease, United States, in: Emerging Infectious Diseases, Band 6, 06/2020, https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/26/6/20-0516_article [15.08.2023].

²² Alinsky, Saul D.: Rules for Radicals – a Practical Primer for Realistic Radicals, Random House, 1971, [Rules for Radicals : Saul Alinsky : Free Download, Borrow, and Streaming : Internet Archive](https://www.archive.org/details/rulesforradicals-saulalinsky) [15.08.2023].

²³ Giannessi, Flavia et al.: The Role of Extracellular Vesicles as Allies of HIV, HCV and SARS Viruses, in: Viruses, 22.05.2020, <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7291340/> [15.08.2023].

der Grund, warum die differentielle Ultrazentrifugation nicht in der Lage ist, Viren von anderen Vesikeln zu trennen, darin liegt, dass sich ihre Behauptung, Viren seien in der Stichprobe enthalten, nicht halten lässt.

Die Virolog*innen lenken eindeutig von der grundlegenden Frage der Isolation ab, da sie nicht in der Lage waren, an dieser Front Belege zu liefern. Anstatt das Problem ehrlich und wissenschaftlich anzugehen, brachen sie eine sprachliche Konvention. Im Jahr 2017 wies die Perth Group in ihrem Meisterwerk „HIV - ein Virus wie kein anderes“ darauf hin, dass „in der Virologie Purifizierung zwar seine alltägliche Bedeutung behält, der Begriff von ‚Isolation‘ hingegen zielgerichtet dahingehend umdefiniert wird, dass er die Ergebnisse eines Experiments bezeichnet, von denen die Virologen behaupten, dass sie der Beleg für die Existenz eines bestimmten Virus sind.“²⁴ Mit anderen Worten: Diese Umdefinition ist zwar für die Virolog*innen bequem und praktisch, aber die Konsequenzen ihrer Behauptungen richten sich gegen die Menschenwürde, weswegen die Umdefinition als unangemessen und unmoralisch eingestuft werden sollte.

Im selben Aufsatz dokumentierte die Perth Group die folgenden Beispiele von Virolog*innen, wie sie die wissenschaftliche Sprache - je nach Bedarf - für ihre eigenen Zwecke missbrauchen:

„Vom HIV-Experten Jay Levy wird Virusisolation als eine ‚Probe eines Virus aus einer bestimmten Quelle‘ und von White und Fenner als die Fähigkeit, ‚ein völlig unvorhergesehenes Virus zu identifizieren oder sogar einen völlig neuen Erreger zu entdecken‘ definiert. Montagnier und Weiss verstehen unter Isolation die ‚Anzüchtung von ihnen [Viren] in Zellkultur‘. In der sechsten Auflage von Fields Virology aus dem Jahr 2013 wird Isolation auf folgende Art definiert: ‚Viren können von einem infizierten Wirt isoliert werden, indem man exkretiertes oder sekretiertes Material, Blut oder Gewebe entnimmt und auf die Induktion der ursprünglichen Symptome im identischen Wirt oder auf die Induktion einer abnormalen Pathologie in einem Ersatzwirt oder in einer Zellkultur untersucht... Sobald das Vorhandensein eines Virus festgestellt wurde, ist es oft wünschenswert, einen genetisch reinen Klon herzustellen‘. Es versteht sich von selbst, dass man, wenn man bei der Virusisolierung ‚eine Probe eines Virus aus einer bestimmten Quelle nehmen‘ oder ‚sie in Zellen in einer Kultur vermehren‘ will, zunächst den Nachweis erbringen muss, dass das Virus in ‚einer bestimmten Quelle‘ oder ‚in Zellkultur‘ existiert. Weder bedeutet Virusisolation ‚Induktion einer abnormalen Pathologie‘ noch ‚sobald das Vorhandensein eines Virus festgestellt worden ist‘.“²⁴

Es ist eine Farce, dass es diese Begriffsverdrehung gibt, und die grob irreführende Praxis entlarvt die vielen Behauptungen der Virologie über die Isolation als substanzlos. Aber bieten die Virolog*innen selbst eine Erklärung für ihren unaufhörlichen Missbrauch der englischen Sprache an? Im Jahr 2021

²⁴ Papadopoulos-Eleopoulos, Eleni et al.: HIV - A virus like no other, auf: The Perth group online, 12.07.2018, <http://theperthgroup.com/HIV/TPGVirusLikeNoOther.pdf> [15.08.2023].

erklärte der erfahrene Virologe Professor Vincent Racaniello sogar im Hinblick auf die Definition grundlegender Begriffe wie „Isolat“, dass „was passiert, ist, dass man im Labor von jemandem ausgebildet wird, und man hört, wie er Dinge sagt, und man assoziiert eine Bedeutung mit diesen Dingen, und dann tut man es auch, unabhängig davon, ob sie richtig oder nicht richtig sind“²⁵. In derselben Präsentation schien Racaniello selbst kein Problem mit seiner eigenen Definition von vermeintlich wissenschaftlichen Begriffen zu bemerken, als er sagte: „Ein Isolat ist ein Virus, das wir von einem infizierten Wirt isoliert und in einer Kultur vermehrt haben“. Ironischerweise erklärte Racaniello in einem Artikel aus dem Jahr 2015 über angemessene wissenschaftliche Terminologie und das Wort „transfection“²⁶:

„Wenn Sie die englische Sprache als ein dynamisches Mittel zur Kommunikation betrachten, das sich ständig weiterentwickelt und Wörter mit neuen Bedeutungen hervorbringt, dann stört Sie dieser falsche Gebrauch von ‚Transfektion‘ wahrscheinlich nicht. Aber Wissenschaftler müssen in ihrem Sprachgebrauch präzise sein, da sonst ihre Kommunikationsfähigkeit beeinträchtigt wird.“²⁷

Eine Analyse von Racaniellos Vortrag über virale Isolation und den Missbrauch von Sprache in der Wissenschaft erfolgte bereits von Dr. Samantha Bailey in „The Truth About Virus Isolation“ („Die Wahrheit über Virusisolation“)²⁸. Es veranschaulicht das Problem, dass mehrere Generationen von Virolog*innen in einer Welt des semantischen Zirkelschlusses gefangen zu sein scheinen, wenn auch mit unterschiedlichen Graden der Einsicht.

Die Virologie hat die Hypothese der Viren mit einer bestimmten Definition erfunden; wenn sie nun versucht, die Virenexistenz zu belegen, dann muss die Methode dieser Definition auch genügen. Im Kern geht es um ein einfaches Konzept und wir müssen Belege dafür vorgelegt bekommen, dass angeblich krankheitsverursachende Partikel neue Partikel verursachen, die Klone der ersteren sind. Die Behauptung, dass nachgewiesene Proteine und Nukleinsäuren einen spezifischen viralen Ursprung haben, ist nicht möglich, es sei denn, die angeblich viralen Partikel wurden wirklich durch Aufreinigung isoliert und haben nachgewiesenermaßen diese wichtigen biologischen Merkmale. Wie von der Perth Group in „HIV - A Virus Like No Other“ (HIV – Ein Virus wie kein anderes) dargelegt, ist laut Virolog*innen eine Aufreinigung aus mehreren Gründen notwendig, um die Existenz von Viren zu belegen, darunter die folgenden Gründe:

²⁵ Ebd.

²⁶ Anm. Des Autors: Unter „Transfektion“ wird in Comprehensive Biotechnology „ein Prozess, bei dem Nukleinsäure mithilfe verschiedener chemischer oder physikalischer Methoden in eukaryontische Zellen eingebracht wird“ verstanden. Vgl. Moo-Young, Murray: Comprehensive Biotechnology, 2. Auflage, Elsevier, 2011.

²⁷ Racaniello, Vincent: What does transfection mean?, auf: Virology blog, 12.02.2015, <https://www.virology.ws/2015/02/12/what-does-transfection-mean/> [15.08.2023].

²⁸ Bailey, Samantha: The Truth About Virus Isolation, auf: drsambailey online, 14.04.2021, <https://drsambailey.com/resources/videos/viruses-unplugged/the-truth-about-virus-isolation/> [15.08.2023].

1. Viren replizieren sich nur in lebenden Zellen. Da Zellen und Viren aus denselben biochemischen Bestandteilen bestehen, ist die Trennung der Teilchen vom zellulären Material wichtig, um zu bestimmen, welche Nukleinsäure und Proteine zu den Virus-Teilchen gehören.
2. Um zu belegen, dass die Partikel infektiös sind. Mit anderen Worten: Um zu belegen, dass es die Partikel sind – und nicht andere Faktoren –, die für die Produktion neuer Partikel verantwortlich sind. Dies erfordert die Purifikation beider Sets an Partikeln.
3. Um die biologischen und pathologischen Wirkungen aufzuzeigen.
4. Zur Gewinnung von Antigenen (Proteinen) und Nukleinsäuren, um Antikörper- bzw. Genomtests herzustellen.²⁹

Auch wenn es seltener vorkommt, verschleiern Virolog*innen gelegentlich die Bedeutung des Begriffs „Purifikation“. Am 23. Mai 2022 behauptete der belgische Professor für Virologie Marc Van Ranst³⁰, dass sie in Bezug auf SARS-CoV-2 „in einem anderen Artikel³¹ das Virus durch Ultrazentrifugation in Beta-Cyclodextrin weiter aufgereinigt hätten“³². Van Ranst bezog sich auf eine Veröffentlichung aus dem Jahr 2008, in der die „großmaßstäbliche Präparation von UV-inaktivierten SARS-Coronavirus-Virionen“ beschrieben wurde, die im Zusammenhang mit dem angeblichen SARS-CoV-1-Virus stand.³³ Dieses Papier skizziert jedoch lediglich ein Protokoll, das behauptet, Virionen zu purifizieren, und es gibt keinen Teil des Papiers, in dem die Existenz eines replikationskompetenten Partikels nachgewiesen wurde. Was gezeigt wurde, waren lediglich einige Bilder von geringer Qualität, von denen behauptet wird, dass sie „infizierte“ Vero E6-Zellen zeigen würden. (Siehe nächster Abschnitt zu den „zytopathischen Effekten“.) In Bezug auf die „Überprüfung der gereinigten Virionen“ infolge der Zentrifugation wurden keine Bilder vorgelegt, aber es wurde behauptet, dass „die Konzentration der gereinigten Virionen durch BCA [Bicinchoninsäure]-Test mit BSA [Rinderserumalbumin] als Standard bestimmt wird“. Dies war eine unbegründete Schlussfolgerung, da der BCA-Test ausschließlich die Gesamtproteinkonzentration in einer Lösung misst - die Technik ist nicht in der Lage, den Nachweis zu erbringen, dass irgendwelche „Virionen“ in einer Probe vorhanden sind.

In Abbildung 1 unten ist ein Bild abgedruckt, das vorgeblich gereinigte „Fledermaus-SARS-ähnliche Coronavirus“-Virionen zeigen soll und 2013 in Nature veröffentlicht wurde - die Bildüberschrift

²⁹ Papadopoulos-Eleopoulos et al., 2017, Seite 2-3.

³⁰ „Marc Van Ranst“ auf wikispooks, 28.10.2021, https://wikispooks.com/wiki/Marc_Van_Ranst [15.08.2023].

³¹ Tsunetsugu-Yokota, Yasuko: Large-scale preparation of UV-inactivated SARS coronavirus virions for vaccine antigen, in: Methods in Molecular Biology, 01.01.2008, https://doi.org/10.1007/978-1-59745-181-9_11 [15.08.2023].

³² Ranst, Marc: E-Mail mit Betreff Purification of SARS-CoV-2 an maxdecleyn@gmail.com vom 23.05.2022, 17:14, übersetzt und weitergeleitet von maxdecleyn@gmail.com an Christine Massey, auf: [fluoridefreepeel.ca](https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/06/Belgium-Marc-Van-Ranst-May-2022-PACKAGE.pdf), 23.05.2022, <https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/06/Belgium-Marc-Van-Ranst-May-2022-PACKAGE.pdf> [15.08.2023].

³³ Tsunetsugu-Yokota, Yasuko, 01.01.2008.

erklärt, warum eine solche Erklärung abwegig ist. (Die übliche Varianz in der Größe der Partikel ist offenbar darauf zurückzuführen, dass „[Coronaviren] - ohne Spikes - in der Regel einen Durchmesser von 80 bis 120 nm haben, obwohl der Durchmesser in Extremfällen zwischen 60 und 220 nm variieren kann.“³⁴) Auch die Behauptung in der zitierten Veröffentlichung von Van Ranst, dass „es besser ist, die Menge an Virionen durch 10 %ige SDS-PAGE zu bestimmen“³⁵ ist irreführend, da es sich hierbei lediglich um ein Gelelektrophorese-Verfahren handelt, mit dem Proteine nach ihrer Molekülmasse getrennt werden - sie kann keinen Beleg dafür liefern, dass die Proteine zu einem Virus gehören. Van Ranst erklärte außerdem, dass „wir die virale RNA in klinischen Proben bereits nachweisen“ können, „das virale Genom vollständig entschlüsseln“ können und „das Virus in Zellkulturen anzüchten, es in Tiermodellen impfen und Krankheiten auslösen“³⁶ können. Es ist unbekannt, ob Van Ranst erkannt hat, dass angesichts des Mangels an Kontrollversuchen, der bei all diesen Experimenten aufscheint, nicht der erforderliche Beleg für irgendein „Virus“ geliefert werden kann. Wenn Van Ranst also behauptet, dass „kein Wissenschaftler an der Existenz von SARS-CoV-2 zweifelt“³⁷, fragt man sich, ob die Virolog*innen nun die Definition von „Wissenschaft“ ändern müssen, um die irreführenden Praktiken aufrechtzuerhalten?

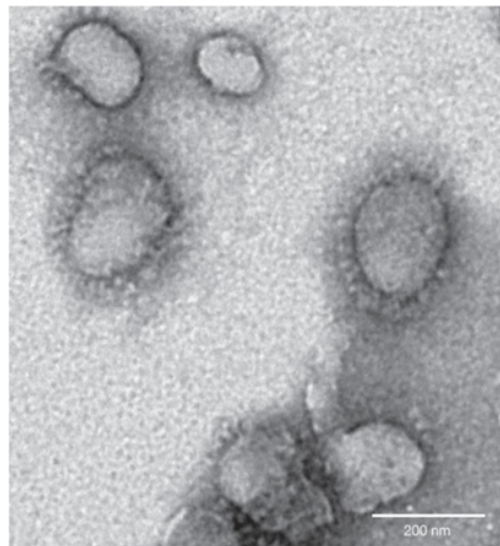


Abbildung 1

Dieses Bild wurde als „[eine] elektronenmikroskopische Aufnahme gereinigter Virionen“ beschrieben, die mittels „Ultrazentrifugation durch ein 20 %iges Saccharosekissen (5 ml) bei 80.000 g für 90 Minuten unter Verwendung eines Ty90-Rotors (Beckman) erhalten“ wurde. Abgesehen von der Tatsache, dass die biologischen Eigenschaften dieser abgebildeten Vesikel nicht belegt wurden, gibt es keinen Hinweis darauf, dass irgendetwas in der Vero-E6-Zellkultur gereinigt wurde, und es wurden keine anderen Kontextbilder zur Verfügung gestellt. Darüber hinaus wurden keine mikroskopischen Aufnahmen der Kontrollkultur dokumentiert. Quelle: Ge, Xing-Yi et al., Isolation and characterization of a bat SARS-like coronavirus that uses the ACE2 receptor, in: Nature, 30.10.2013, <https://doi.org/10.1038/nature12711> [15.08.2023].

³⁴ MacNaughton, Malcom & Heather Davies: Chapter 12: Coronaviridae, in: Animal Virus Structure, Elsevier, 01.10.1987, Online veröffentlicht am 29.05.2008, <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7133959/> [15.08.2023].

³⁵ Anm. des Autors: SDS ist die Abkürzung für engl. sodium dodecylsulfate polyacrylamide gel electrophoresis = dt. Natriumdodecylsulfat-Polyacrylamidgelelektrophorese

³⁶ von Ranst, Marc: E-Mail mit Betreff „Purification of SARS-CoV-2“ von maxdecleyn@gmail.com, auf fluoridefreepeel.ca, 17:14, 23.05.2022, [Belgium-Marc-Van-Ranst-May-2022-PACKAGE.pdf](https://www.fluoridefreepeel.ca/Belgium-Marc-Van-Ranst-May-2022-PACKAGE.pdf) (fluoridefreepeel.ca) [15.08.2023].

³⁷ Ebd.

Van Ranst war jedoch nicht der einzige Virologe, der Behauptungen über die Reinigung von Viren aufstellte. Auf eine E-Mail-Anfrage hin antwortete Dr. Marica Grossegese³⁸ vom Robert-Koch Institut: „Wir haben SARS-Partikel durch Dichtegradienten gereinigt. Allerdings nur von dem aus Zellkulturen gewonnenen Virus, wie Sie schrieben. Die Herausforderung bei der Reinigung von SARS aus Patientenproben ist, dass man keine sichtbare Bande erhält.“³⁹ Abgesehen von der ungenauen Terminologie, mit der der Name eines Syndroms („SARS“ ist das schwere akute Atemwegssyndrom) für ein postuliertes Virus verwendet wird, wurden keine weiteren Belege dafür geliefert, wie diese Behauptungen aufgestellt wurden. Darf ich daher vermuten, dass Grossegese auch die Definitionen von „Reinheit“ und „Virus“, wie sie in Abbildung 1 dargestellt sind, verwendet hat? Als sie dazu gedrängt wurde, weitere Details offenzulegen, wie die Experimente kontrolliert wurden, antwortete sie jedenfalls: „Wir dürfen keine Protokolle mit einer Privatperson teilen. Ich kann nur auf unsere Veröffentlichungen verweisen, in denen die Infektionsexperimente detailliert beschrieben sind.“ Es scheint, dass auch das Wort „Detail“ eine andere Bedeutung bekommen hat, da in den Veröffentlichungen versäumt wurde, die direkten Antworten in Bezug auf die verlangten Kontrollen zu enthüllen.

Der Bereich der Isolation ist einer der Bereiche, in denen die Virologie völlig aus den Fugen geraten ist, und wie in dieser Abhandlung dargelegt wird, bleibt SARS-CoV-2 nichts weiter als ein hypothetisches Computerkonstrukt, das aus Genfragmenten ungeprüfter Herkunft zusammengesetzt ist. Es wurde noch nie ein physisch isoliertes (d.h. gereinigtes) Partikel nachgewiesen, das für die Produktion identischer Partikel verantwortlich ist, oder nachweislich die Ursache eines pathologischen Effekts bei einem Menschen oder in einem experimentellen Tiermodell ist. Daher habe ich vorgeführt, dass die Erklärung von Virolog*innen wie Van Ranst sowie der WHO und ihren Anhängern, dass ein infektiöses Partikel mit der Bezeichnung „SARS-CoV-2“ eine Pandemie verursacht, offenkundig wissenschaftlicher und intellektueller Betrug ist.

4. Was ist Virologie?

„Wenn er aufgeschreckt wird, hebt der Vogel ab und fliegt in immer kleiner werdenden Kreisen herum, bis es ihm gelingt, sich auf den Rücken zu drehen und ganz zu verschwinden, was seine Seltenheit noch vergrößert.“

- Der mythische „Oozlum-Vogel“⁴⁰

³⁸ „Profil von Marica Grossegese“ auf researchGate.net, <https://www.researchgate.net/profile/Marica-Grossegese> [15.08.2023].

³⁹ Grossegese, Marica: E-Mail mit Betreff „SARS-CoV-2 / questions“ an Anonym vom 01.04.2022, 10:49 Uhr, auf: fluoridefreepeel.ca, <https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/07/RKI-Marcia-Grossegese-controls-PACKAGE-redacted.pdf> [15.08.2023].

⁴⁰ Wannan, Bill: Crooked Mick of the Speewah: And Other Tall Tales, Lansdowne Press, 1966.

Es ist schwer zu sagen, wie man die Virologie genau nennen soll, aber sie ist keine Wissenschaft. Die derzeitigen Praktiker betreiben eine Art algorithmische oder statistische Spekulation, die mit Zirkelschlüssen und confirmation bias (Anm. d. Übersetzer: Tendenz, etwas zu bestätigen) angereichert wird, wobei der entsprechende Widerlegungsprozess, der das Herzstück der wissenschaftlichen Methode darstellt, völlig fehlt. Während die Abkehr von der wissenschaftlichen Methode von den Akteuren auf den unteren Ebenen unbemerkt oder zufällig sein mag, gibt es auf den höheren Ebenen der globalen Hierarchie mit ziemlicher Sicherheit weitreichendere Motive. Die WHO, die Centers for Disease Control and Prevention (CDC) und die Health Security Agency des Vereinigten Königreichs sind zum Beispiel alle Teilhaber an den betrügerischen Vorgehensweisen der Virologie, wie in dieser Abhandlung dargelegt wird. Die anti-wissenschaftlichen Vorgehensweisen wiederholen sich jedoch in den meisten anderen Ländern, sei es in Bezug auf die Behauptung der Virusisolation und die pauschale Fehlanwendung der Polymerase-Kettenreaktion (PCR) für die klinische Diagnostik⁴¹ oder in Bezug auf das Versäumnis, die entscheidenden Kontrolldetails bei der Viruskultur und der Genomkreation offenzulegen, worauf sich ein Großteil dieser Abhandlung konzentriert.

Wie prüfen wir eine wissenschaftliche Theorie? Karl Popper drückte die zentrale Bedeutung der Widerlegung einer Theorie oder Hypothese so aus:

*„Es ist also meiner Ansicht nach die Möglichkeit, sie zu widerlegen, ihre Falsifizierbarkeit, die die Möglichkeit der Überprüfung einer Theorie und damit ihre Wissenschaftlichkeit bestimmt; und die Tatsache, dass alle Prüfungen einer Theorie Versuche zur Widerlegung von Voraussagen sind, die mit ihrer Hilfe abgeleitet wurden, diese Tatsache ist der Schlüssel der wissenschaftlichen Methode. Diese Auffassung von der wissenschaftlichen Methode wird durch die Geschichte der Wissenschaften bestätigt, die uns zeigt, dass wissenschaftliche Theorien oft durch Experimente verworfen werden und dass die Verwerfung von Theorien das Vehikel des wissenschaftlichen Fortschritts ist. Die Behauptung der Zirkelhaftigkeit der Wissenschaft kann also nicht aufrechterhalten werden“.*⁴²

Es ist daher eine berechtigte Frage, ob die Virologie jemals eine wissenschaftliche Ausrichtung hatte. Was die wissenschaftliche Methode betrifft, so stellen die Virolog*innen unfalsifizierbare Hypothesen auf, indem sie Paradigmen schaffen, bei denen eine beliebige Anzahl von Beobachtungen - sei es Krankheit oder angebliche Testergebnisse - ihren „Viren“ zugeschrieben werden können. Die Beobachtungen werden als Beleg für die Existenz des Virus in der Art eines Zirkelschlusses weitergegeben, der die nachweisbare Existenz eines Virus nicht mehr erfordert.

⁴¹ Bailey, Mark & John Bevan-Smith: The COVID-19 Fraud & War on Humanity, auf: drsambailey.com, 11.11.2021: <https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-19-fraud-war-on-humanity/> [15.08.2023].

⁴² Popper, Karl: The Open Society and its Enemies, Volume II The High Tide of Prophecy: Hegel, Marx, and the Aftermath, London: Routledge & Kegan Paul, 4rd Editionkkj 1962, first published 1947, 260.

Irgendwelche Behauptungen über die Reproduzierbarkeit, zum Beispiel in Form eines PCR-Verfahrens oder eines angeblichen viralen Genoms, sind lediglich weitere Kreisläufe derselben Schleife.

Historisch gesehen zeichnet sich die Virologie durch einen Mangel an validen Kontrollexperimenten aus und keine ihrer grundlegenden Behauptungen wurde durch die ordnungsgemäße Anwendung der wissenschaftlichen Methode begründet. Das erste angeblich entdeckte Virus war das Tabakmosaikvirus und einer der Belege dafür soll in Dmitri Iwanowskis Aufsatz „Über die Mosaikkrankheit der Tabakspflanze“ von 1903 enthalten sein.⁴³ Es ist jedoch offensichtlich klar, dass die von Iwanowski beschriebenen Experimente keine gültigen Kontrollvergeiche enthielten und daher unwissenschaftlich und nicht schlüssig waren. Er merkte sogar an, dass „diese Krankheit nur in Küstengegenden günstige Existenzbedingungen vorfindet“, dass „ein solcher Schluss völlig mit den oben angeführten Beobachtungen in Betreff des Einflusses der Feuchtigkeit auf die Entwicklung der Krankheit überein[stimmt]“ und dass die Mosaikkrankheit „scheinbar den feuchten und warmen Klimaten ausschliesslich eigen“ ist.⁴⁴ Als sich jedoch in dieser Zeit die Keimtheorie zur vorherrschenden Ideologie der Krankheitsverursachung entwickelte, leitete Iwanowski daraus ab, dass er einen unsichtbaren Virus entdeckt hätte statt die Mosaikkrankheit mit den Umgebungsbedingungen zu erklären.

Es mag vielleicht verlockend sein, den frühen Pionieren ihre unkontrollierten und unwissenschaftlichen Methodologien zu verzeihen, da sie einfach typisch für die damalige Zeit waren. Claude Bernard, Kritiker der Keimtheorie, hat jedoch schon Jahrzehnte zuvor, im Jahr 1865, folgende Einblicke in die Bedeutung von Kontrollen für die Einhaltung der wissenschaftlichen Methode angeboten:

„Wenn wir in der Tat das Experiment als eine in ein Phänomen eingebrachte Variation oder Störung charakterisieren, dann nur insofern, als wir damit implizieren, dass die Störung mit dem Normalzustand verglichen werden muss. Da Experimente in der Tat nur Urteile sind, erfordern sie notwendigerweise den Vergleich zwischen zwei Dingen; und das beabsichtigte oder aktive Element in einem Experiment ist wirklich der Vergleich, den der Verstand zu machen beabsichtigt.“⁴⁵

Bernard wies auf die Notwendigkeit einer gültigen Kontrolle oder eines geeigneten Vergleichs hin, um sicherzustellen, dass ausschließlich das neue experimentelle Element für das Ergebnis ursächlich ist. Daher ist das Wohlwollenste, was wir tun können, anzunehmen, dass sich vielleicht einige der

⁴³ Iwanowsky, Dmitri: Über die Mosaikkrankheit der Tabakspflanze, in: Zeitschrift für Pflanzenkrankheiten, Band 13, Nr. 1, 1903, 1-41, <https://www.jstor.org/stable/43221892> [15.08.2023].

⁴⁴ Ebd.

⁴⁵ Bernard, Claude: An Introduction to the Study of Experimental Medicine, 1865, übersetzt von Henry Greene, Schuman Inc., 1949.

frühen eifrigen Virenforscher der Bedeutung der wissenschaftlichen Methode bei ihrer enthusiastischen und ungezügelten Jagd auf unsichtbare Feinde nicht bewusst waren.

Um auf eine andere frühe Behauptung, Viren seien entdeckt worden, zu sprechen zu kommen, informiert uns das Lehrbuch „Retroviruses“ („Retroviren“) darüber, dass „1911 Peyton Rous am Rockefeller-Institut in New York über die zellfreie Übertragung eines Sarkoms bei Hühnern berichtet hat... Das von Rous isolierte Virus trägt den Namen seines Entdeckers: Rous sarcoma virus.“⁴⁶ Eine Durchsicht von Rous' Arbeit „A Sarcoma of the Fowl“⁴⁷ zeigt jedoch, dass er nicht behauptete, irgendetwas zu isolieren, geschweige denn etwas, das der Definition eines Virus entspricht. Seine Methode beinhaltete, Tumormaterial von Hühnern zu zerkleinern, zu filtern und anderen Hühnern direkt zu injizieren, wobei er beobachtete, dass einige von ihnen ebenfalls Tumore entwickelten. Er berichtete, dass die „Kontrollversuche“ darin bestanden, Hühnern ungefiltertes Tumormaterial zu injizieren, mit dem Ergebnis, dass die Hühner dazu tendierten, viel größere Tumore zu entwickeln. Rous postulierte das Vorhandensein eines ursächlichen ultramikroskopischen Organismus, räumte aber ein, dass „ein Agens von einer anderen Sorte nicht ausgeschlossen werden kann“. In der Tat lieferte das Experiment keinen Beleg für ein infektiöses und replizierendes Partikel. Es zeigte lediglich, dass krankes Gewebe, das über einen unnatürlichen und invasiven Weg in ein anderes Tier eingeführt wurde, einen ähnlichen Krankheitsprozess hervorrufen konnte.

Auch die Behauptung, der Pathologe William Gye habe 1925 gezeigt, dass Rous ein Virus gefunden habe, ist unbelegt. Er stellte lediglich die Behauptung auf, dass bei diesen Experimenten ein Virus am Werk war, und erklärte demonstrativ: „Ich möchte vor allem einen Aspekt bei der Suche nach den unsichtbaren Viren betonen, und zwar, dass der Tierversuch der endgültige Beleg für das Vorhandensein des Organismus in einem Inokulum ist.“⁴⁸ Auch hier beinhaltete der „endgültige Beleg“ nicht die tatsächliche Identifizierung eines infektiösen Organismus' im Inokulum - es wurde lediglich die Tumorbildung nach Injektion von erkranktem Gewebe nachgewiesen. Außerdem wurde 1927 festgestellt, dass das Sarkom des Geflügels durch die Injektion von verdünnter Arsensäure und fremdem embryonalen Gewebepulver ausgelöst werden konnte.⁴⁹ Die karzinogenen Effekte wurden auch nach der gleichen bakteriologischen Untersuchung, die Rous durchführte, reproduziert, und es wurde gezeigt, dass die Krankheit durch das fremde Gewebe und nicht durch das Wirtsgewebe verursacht wurde. Die Virenhypothese hätte verworfen werden müssen, aber ein halbes Jahrhundert

⁴⁶ Coffin, John M. et al. (Hrsg.): Retroviruses, in: Cold Spring Harbor (NY): Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1997.

⁴⁷ Rous, Peyton: A Sarcoma of the Fowl Transmissible by an Agent Separable from the Tumor Cells, in: Journal of Experimental Medicine, 01.04.2022, <https://doi.org/10.1084/jem.13.4.397> [15.08.2023].

⁴⁸ Gye, William E. et al.: Discussion on Filter-Passing Viruses and Cancer, in: British Medical Journal, Band 2, Nr. 3370, 01.08.1925, <https://www.jstor.org/stable/25445900> [15.08.2023].

⁴⁹ White, A. W. M.: A Study of Sarcoma of the Fowl Produced by Arsenic and Embryonic Pulp, in: The Journal of Cancer Research, 01.03.1927, <https://aacrjournals.org/jcancerres/article/11/1/111/449689/A-Study-of-Sarcoma-of-the-Fowl-Produced-by-Arsenic> [15.08.2023].

später hielt das Establishment sie am Leben und belohnte Rous 1966 mit einem Nobelpreis für „seine Entdeckung der tumorauslösenden Viren“.⁵⁰

Als John Enders und Thomas Peebles 1954 behaupteten, sie hätten das Masernvirus in menschlichen Zellen und in Nierenzellen von Affen vermehrt⁵¹, hätte man den unwissenschaftlichen Experimenten der Virologie keine weitere Toleranz entgegenbringen dürfen. Enders und Peebles fügten ihren Zellkulturen Rachenspülungen und Blut hinzu und kamen nach der Beobachtung von CPEs (d.h. absterbende und zerfallende Zellen in ihren Petrischalen) zu dem Schluss, dass die In-vitro-Erscheinungen „mit dem Masernvirus in Verbindung stehen könnten“. Sie warnten zwar davor, dass "zytopathische Effekte, die oberflächlich betrachtet denen einer Infektion mit Masern-Erregern sehr ähnlich sind, möglicherweise durch andere virale Erreger, die in der Affenniere vorhanden sind, oder durch unbekannte Faktoren ausgelöst werden können“, übergingen dann aber ihr eigenes Argument und zogen die unzutreffende Schlussfolgerung, dass „diese Gruppe von Erregern aus Repräsentanten der für Masern verantwortlichen viralen Spezies besteht“⁵². Enders und Peebles führten keine Kontrollexperimente durch, um zu überprüfen, ob das Kulturverfahren selbst, d.h. die Behandlung der Zellen im Reagenzglas, die gleichen CPEs erzeugen würde - wodurch die Gültigkeit ihrer Schlussfolgerung infrage gestellt worden wäre. Idealerweise hätten mehrere Kontrollexperimente durchgeführt werden sollen: einige ohne Zugabe von Humanproben, einige mit Humanproben von gesunden Probanden und einige mit Humanproben von erkrankten Probanden, die jedoch klinisch keine Masern oder eine andere angebliche „virale“ Erkrankung aufwiesen.

Die Virolog*innen haben jedoch weiterhin die unkontrollierte Methodik von Enders wiederholt und behaupten bis heute, dass solche CPEs unbestreitbare Belege für Viren seien. Dr. Stefan Lanka hat die Geschichte dieser unwissenschaftlichen Praktiken dokumentiert⁵³ und im Jahr 2021 nachgewiesen, dass CPEs in Zellkulturen durch den Laborprozess selbst induziert werden konnten.⁵⁴ Die Ergebnisse von Lankas Experimenten sind in Abbildung 2 unten dargestellt. In vielen virologischen Veröffentlichungen wird ein Kontroll- oder „Scheininfections“-Experiment erwähnt, allerdings fehlen detaillierte Erläuterungen solcher Experimente. Auf einer Webseite der Northwestern University, Illinois, heißt es, dass mock-infected „eine Kontrolle ist, die in Infektionsexperimenten verwendet wird“ und dass „zwei Gewebe-Varianten verwendet [werden]; das eine Gewebe ist mit dem Virus/

⁵⁰ "The Nobel Prize in Physiology or Medicine 1966" auf: NobelPrize.org, <https://www.nobelprize.org/prizes/medicine/1966/summary/> [15.08.2023].

⁵¹ Enders, John & William Peebles: Propagation in Tissue Cultures of Cytopathogenic Agents from Patients with Measles, in: Proceedings of the Society for Experimental Biology and Medicine (PSEBM), 86, 06/1954, 277-286, <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/13177653/> [15.08.2023].

⁵² Ebd.

⁵³ Lanka, Stefan: Fehldeutung Virus – Beispiel Masern, in: Wissenschaftplus Magazin, Ausgabe Nr. 1, 2020, <https://impfen-nein-danke.de/u/stefan-lanka-fehldeutung-virus-wissenschaftplus-1-2020-auszug.pdf> [15.08.2023].

⁵⁴ Braus, Dean: CPE - Control Experiment - 21 April 2021 - English version, auf: Odysee, 22.04.2021, <https://odysee.com/@DeansDanes:1/cpe-english:f> [15.08.2023].

Vektor desinfiziert und das andere wird genauso behandelt, nur ohne das Virus“.⁵⁵ Die Definitionen sind bereits problematisch, da Begriffe wie „Virus“ bzw. „infiziert“ eingeführt wurden und somit als existent vorausgesetzt werden, bevor sie feststehen. Jedenfalls wird deutlich werden, dass diejenigen, die an der angeblichen Virusisolierung und Genomkreierung beteiligt sind, das fiktiv infizierte Exemplar mit Sicherheit nicht auf dieselbe Art und Weise nur ohne das „Virus“ behandeln, und es wird deutlich werden, dass sie unaufrichtig sind oder offenkundig blocken, wenn sie dazu gedrängt werden, diese Tatsache zuzugeben.

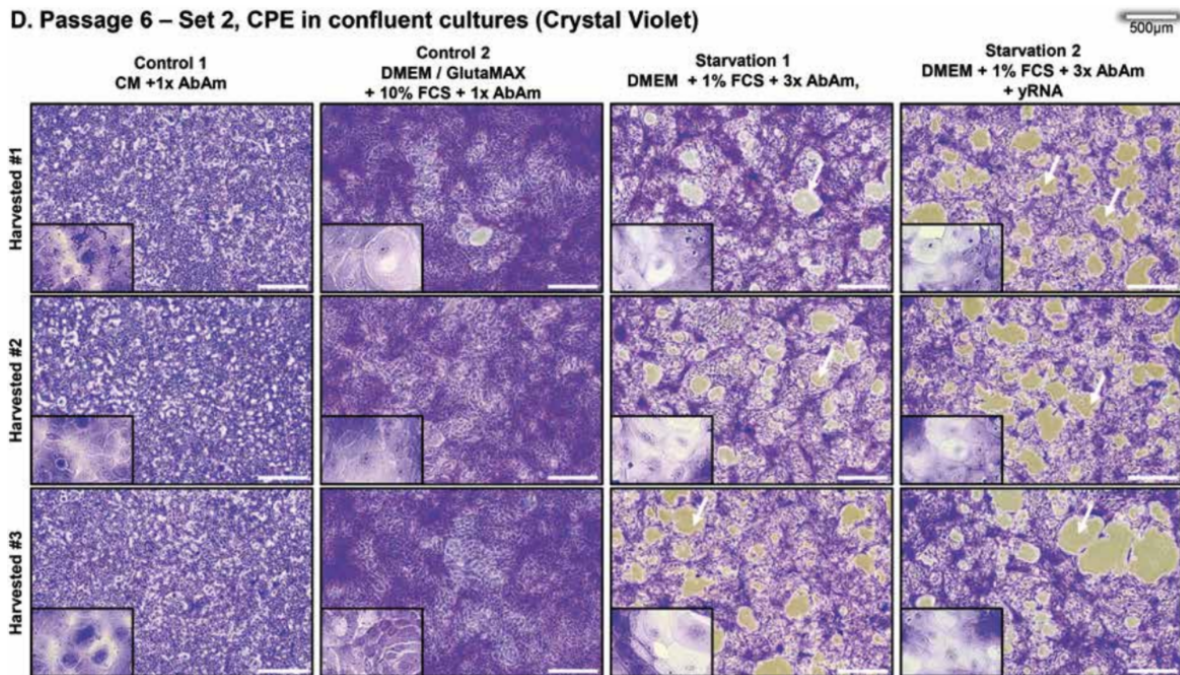


Abbildung 2

Experimente von Dr. Stefan Lanka: CPEs (weiße Pfeile) wurden induziert, indem die Epithelzellen durch Passagen und Antibiotika gestresst wurden. Die Zugabe von Hefe-RNA (4. Spalte) induzierte noch mehr CPEs. Es wurden keine „Viren“ hinzugefügt und die Experimente wurden dreifach durchgeführt. Quelle: Lanka, Stefan et al. „Präliminäre Resultate der Kontrollversuche – Die Reaktion primärer humaner Epithelzellen auf stringente Virusamplifikations-Bedingungen widerlegen die Existenzbehauptungen aller Viren und von SARS-CoV-2“ (25. März 2022) <https://coldwelliantimes.com/eilmeldung/kontrollexperiment-phase-1-mehrere-labore-bestatigen-die-widerlegung-der-virologie-durch-den-cytopathischen-effekt> [15.08.2023]

Im deutschen Original auf der Webseite von Stefan Lankas Wissenschaftsmagazin: <https://wissenschaftplus.de> in der Ausgabe 2021/2

Im Juni 2022 erklärte die University of Otago in ihrer Antwort auf eine Anfrage unter Berufung auf den Official Information Act (OIA) bezüglich des Aufsatzes „Characterization of the First SARS-CoV-2 Isolates from Aotearoa New Zealand as Part of a Rapid Response to the COVID-19 Pandemic“⁵⁶ (Charakterisierung der ersten SARS-CoV-2-Isolate aus Aotearoa Neuseeland als Teil der schnellen

⁵⁵ „mock-infected“ auf: Northwestern University Illinois online, <https://groups.molbiosci.northwestern.edu/holmgren/Glossary/Definitions/Def-M/mock-infected.html> [15.08.2023].

⁵⁶ Harfoot, Rhodri et al.: Characterization of the First SARS-CoV-2 Isolates from Aotearoa New Zealand as Part of a Rapid Response to the COVID-19 Pandemic, in: Viruses, Band 14, Nr. 2, 10.02.2022, <https://doi.org/10.3390/v14020366> [15.08.2023].

Reaktion auf die COVID-19-Pandemie), dass es sich „bei der von Professor Quiñones-Mateu und Kollegen veröffentlichten Publikation um eine beschreibende Veröffentlichung handelte“ und dass dies bedeutet, „dass es keine Hypothese zu bestätigen oder zu widerlegen gab“⁵⁷. Kurz gesagt fasst die Antwort die allgemeine Sachlage in der Virologie vielleicht unbeabsichtigt zusammen. Im Jahr 2008 erschien in der Zeitschrift „Infection and Immunity“ (Infektion und Immunität) ein Gastkommentar mit dem Titel „Descriptive Science“ (Beschreibende Wissenschaft), in dem erklärt wird, warum „beschreibende Forschung an sich selten beweiskräftig ist“ und lediglich als Ausgangspunkt für weitere Untersuchungen dienen kann⁵⁸. Casadevall und Fang, die Autoren, wiesen darauf hin, dass „Mikrobiologie und Immunologie heute experimentelle Wissenschaften sind und die Forscher infolgedessen über die bloße Beschreibung von Beobachtungen hinausgehen können, um Hypothesen zu formulieren und dann Experimente durchzuführen, um sie zu bestätigen oder zu widerlegen“. Wie in dieser Abhandlung dargelegt wird, wird das virologische Establishment diese erforderlichen Experimente weder offenlegen noch durchführen, anscheinend, um sich nicht selbst zu widerlegen. Das virologische Establishment beschränkt sich absichtlich auf laufende opportune selektive Datensammlung („fishing-expeditions“), die es erwartungsgemäß bestätigen, und demonstriert damit die eigene Unwissenschaftlichkeit, da es mit dem von Popper beschriebenen hypothesengesteuerten und falsifizierbaren Ansatz unvereinbar ist.

Ich habe zuvor in einem Postskriptum, das von A. F. Chalmers' Buch „What is this thing called Science?“⁵⁹ inspiriert wurde, geschrieben, dass eines der zentralen Probleme der Virologie darin besteht, dass sie sich selbst als Feld erfunden hat, bevor sie feststellte, ob Viren tatsächlich existieren. Seit ihrer Gründung hat sie versucht, sich selbst zu rechtfertigen:

*„In diesem Fall wurde nicht zuerst ein Virus beobachtet und erst in der Folge eine Viretheorie und –pathologie entwickelt. Die Wissenschaftler beschäftigten sich Mitte und Ende des neunzehnten Jahrhunderts mit der Identifizierung von **imaginierten** ansteckenden pathogenen Entitäten. Bei den Beobachtungen des naiven Induktionstheoretikers wurde ein Virus nicht a priori identifiziert, um dann seine Eigenschaften und Charakteristika zu untersuchen. Die damalige Vorannahme war,*

⁵⁷ Kennard, Kelsey: Antwortbrief zu: Official Information Request For Information Regarding the Paper “Characterization of the First SARS-CoV-2 Isolates from Aotearoa New Zealand as Part of a Rapid Response to the COVID-19 Pandemic”, auf: [fluoridfreepeel.ca](https://www.fluoridfreepeel.ca), 22.06.2022, <https://www.fluoridfreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/07/2022-06-22-University-of-Otago-Scientific-Method-Response-Redacted-Complete.pdf>, [15.08.2023].

⁵⁸ Casadevall, Arturo & Ferric C. Fang: Descriptive Science, in: Infection and Immunity, 14.07.2008, <https://doi.org/10.1128/iai.00743-08> [15.08.2023].

⁵⁹ Chalmers, Alan Francis: What is this thing called Science?, Open University Press, 2. Auflage, 16.12.1982. (Titel der deutschen Übersetzung: Wege der Wissenschaft – Einführung in die Wissenschaftstheorie)

dass ein sehr kleines Keimpartikel existiert, das die Ansteckung erklären kann. Dann wurde das erschaffen, was die Vorannahme bestätigte.“⁶⁰

Da eine wissenschaftliche Theorie verlangt, dass sie gemäß der wissenschaftlichen Methode wiederholt getestet und bestätigt wurde, ist es klar, dass „Viren“ nie das Stadium einer Theorie erreicht haben.⁶¹ Der Wissenschaft zufolge bleiben sie bloße Spekulation.

5. Der Mangel an Kontrollen zeugt vom unwissenschaftlichen Streben der Virologie

OIA-Anfragen ergaben, dass das neuseeländische Institut für Umweltwissenschaften und –forschung (Institute of Environmental Science and Research = ESR), das die Isolation und die genomische Sequenzierung des SARS-CoV-2-Partikels auf der unteren Seite der Erdkugel für sich beanspruchte, sich ebenfalls schuldig gemacht hat, weil es versäumte, gültige Kontrollen durchzuführen.⁶² In der Tradition von Enders haben sie nicht innegehalten, um zu prüfen, ob die von ihnen beobachteten CPEs oder Genome, die sie mit Hilfe von Computersimulationen zusammengestellt haben, auch in gültigen Kontrollvergleichen erzeugt werden könnten. Das heißt, sie haben keine Experimente mit anderen menschlichen Proben (sowohl von gesunden als auch von anders erkrankten) durchgeführt. Stattdessen beschrieb das ESR seine unzureichende „Negativkontrolle“ so: „Der Kolben unterliegt den gleichen Bedingungen wie die für die Viruskultur verwendeten Kolben. Wir verwenden jedoch nur Infektionsmedien“. Die zentrale Dirigentin bei diesen anti-wissenschaftlichen Bestrebungen ist die WHO. Es ist sehr aufschlussreich, dass in ihrem 94-seitigen Dokument „Genomic sequencing of SARS-CoV-2“ (Genomische Sequenzierung von SARS-CoV-2) nur in vier Sätzen von „Kontrollproben“ die Rede ist:

Im Absatz 6.4.2 des Dokuments „Genomsequenzierung des SARS-CoV-2 - Eine Anleitung zur Umsetzung für maximalen Effekt auf die öffentliche Gesundheit“ steht zum Thema Kontrollproben⁶¹ Folgendes:

„Negative Kontrollproben, wie z. B. Buffer oder Wasser, sollten immer in einem Sequenzierungslauf enthalten sein, der mehrere Proben enthält. Sie sollten so früh wie möglich einbezogen werden und sollten mit den Proben alle Phasen der Sequenzierungspipeline durchlaufen. Dies ist äußerst wichtig, um Kontaminationen

⁶⁰ Bailey, Mark: Warnings Signs You Have Been Tricked By Virologists...Again, auf: drsambailey.com, 25.07.2022, <https://drsambailey.com/warnings-signs-you-have-been-tricked-by-virologists-again/> [15.08.2023].

⁶¹ Ebd.

⁶² Bailey, Mark: Fact-check: New Zealand can't find the "SARS-CoV-2 virus", auf: drsambailey.com, 12.02.2022, <https://drsambailey.com/covid-19/fact-check-new-zealand-cant-find-the-sars-cov-2-virus/> [15.08.2023].

während eines Sequenzierungslaufs auszuschließen, die im Labor oder während der bioinformatischen Verarbeitung auftreten.

Positive Kontrollproben mit bekannten Gensequenzen können nützlich sein, um neu eingeführte oder angepasste bioinformatische Pipelines für das Konsens-Calling zu validieren, müssen aber nicht in jedem Sequenzierungslauf enthalten sein.“⁶³

Keine dieser Kontrollen ist jedoch geeignet, die „Genome“ zu validieren, die die Virolog*innen mit diesen Techniken erzeugen, da sie nur zur Kalibrierung der Pipeline (Arbeitsabläufe) dienen können. Wie sich gezeigt hat, kann die WHO nicht auf ein einziges gültiges positives Kontrollexperiment verweisen und dennoch nannte sie am 11. Februar 2020 die neue Krankheit, die sie erfunden hatte, „COVID-19“ mit der damit verbundenen Behauptung, dass sie durch ein neuartiges Coronavirus verursacht wurde.⁶⁴ Sie haben allen auf der Welt grünes Licht gegeben, SARS-CoV-2 in ihren Hinterhöfen zu „entdecken“, ohne gültige Kontrollexperimente zu fordern. Dennoch gibt es eine klare Notwendigkeit für vergleichende Kontrollen, bei denen ähnliche Proben von Patienten, aber ohne das angebliche Virus, auf die gleiche Weise verarbeitet werden, so dass nur eine Variable getestet wird. Der Vergleich der Ergebnisse einer Probe, die angeblich das Virus enthält, mit einer der im oben genannten WHO-Dokument beschriebenen Negativkontrollen kann das Verfahren nicht validieren, da die letzteren Proben nicht die Gensuppe enthalten, die Teil der ersteren ist. In jedem Fall kann die Negativkontrolle, auf die sich das ESR in Neuseeland beruft, selbst nach ihren eigenen Angaben nicht zur Validierung der Methodik beitragen, die sie zur Erstellung dieser Virusgenome verwenden, da es sich, wie die WHO erklärt, lediglich um eine vorsorgliche Kontaminationsprüfung handelt.

⁶³ WHO: Genomic sequencing of SARS-CoV-2 - A guide to implementation for maximum impact on public health, auf: who.int, 08.01.2021, <https://www.who.int/publications/i/item/9789240018440> [15.08.2023].

⁶⁴ WHO: WHO Director-General's remarks at the media briefing on 2019-nCoV on 11 February 2020, auf: who.int, 11.02.2020, <https://www.who.int/director-general/speeches/detail/who-director-general-s-remarks-at-the-media-briefing-on-2019-ncov-on-11-february-2020> [15.08.2023].

Da es nicht gelungen ist, postulierte Viren anzuzüchten, bevorzugt die moderne Virologie nun die direkte Metagenomik⁶⁵ von Rohproben - oft mit der Shotgun-Sequencing-Methode⁶⁶ und anschließend mit artifiziellem Zusammenfügen dieser genetischen-Fragmente - um neue in-silico⁶⁷ „Viren“ aus dem Nichts zu schaffen. Diese Erfindung stellt dann anderen eifrigen Virenforschern vorgefertigte PCR-Primer-Panels⁶⁸ zur Verfügung, so dass auch sie die gleichen Sequenzen entdecken können und behaupten können, es handele sich um dasselbe Virus. Das ESR war an einer Veröffentlichung beteiligt, in der sie die Entdeckung von SARS-CoV-2 bei neun Probanden durch diese Methode verkündeten.⁶⁹ Sie wurden von meinem Kollegen dazu aufgefordert, „alle Einzelheiten der Kontrollgruppe anzugeben, die beim Vergleich der Sequenzierungsergebnisse verwendet wurde“, aber anstatt die Frage zu beantworten, entschuldigte sich das ESR damit, dass es nicht an der „Generierung neuer Daten“ beteiligt sei und verwies auf einige Links zu SARS-CoV-2-Sequenzierungsprotokollen.⁷⁰ Wenn das ESR solche Protokolle verwendet, wie sie auf der Website protocol.io⁷¹ detailliert beschrieben sind, dann können wir sehen, dass sie unzureichende Kontrollen befürworten, die als „[eine] Negativkontrolle aus nukleasefreiem Wasser“ beschrieben werden, während eine optionale „Positivkontrolle ebenfalls eingeschlossen werden kann, bei der es sich um ein synthetisches RNA-Konstrukt oder eine hochreine klinische Probe handeln kann, die verdünnt

⁶⁵ Anm. des Autors: „Metagenomik ist das Forschungsgebiet, das sich mit der Struktur und Funktion ganzer Nukleotidsequenzen, die aus allen Organismen (typischerweise Mikroben) in einer Großprobe isoliert und analysiert wurden, beschäftigt. Metagenomik wird häufig zur Untersuchung einer bestimmten Gemeinschaft von Mikroorganismen eingesetzt, beispielsweise solchen, die auf der menschlichen Haut, im Boden oder in einer Wasserprobe leben.“ Vgl. „Metagenomics“ auf NIH National Human Genome Research Institute online, <https://www.genome.gov/genetics-glossary/Metagenomics#:~:text=Metagenomics%20is%20the%20study%20of,the%20study%20of%20microbial%20communities> [15.08.2023]. Anm. des Autors: Es handelt sich dabei um eine illegitime Methode, sofern sie von Virologen angewendet wird, da zu keinem Zeitpunkt nachgewiesen wurde, dass die erhaltenen und als „viral“ deklarierten Sequenzen von einem Virus stammen – wie in dieser Abhandlung näher erläutert wird.

⁶⁶ Anm. des Autors: Bei der Shotgun-Sequenzierung handelt es sich um eine Methode, mit der die DNA einer Probe zufällig in kurze Segmente von beispielsweise 150 Basenpaaren Länge fragmentiert wird. Diese kurzen Fragmente werden sequenziert, um „Reads“ zu erhalten. Von diesem Punkt an stützt sich der Prozess auf Sequenzassemblierungssoftware, um überlappende Lesevorgänge in „Contigs“ anzuordnen.

⁶⁷ „in silico“ auf Merriam Webster online: “In or on a computer: done or produced by using computer software or simulation.” (dt.: „In oder auf einem Computer: gemacht oder produziert mit Hilfe von Computersoftware oder Simulation.“), auf: web.archive.org, <https://web.archive.org/web/20111020130554/https://www.merriam-webster.com/dictionary/in%20silico> [15.08.2023].

⁶⁸ Anmerkung des Autors: Beispiel für ein SARS-CoV-2: “xGen™ SARS-CoV-2 Amplicon Panels”: <https://sg.idtdna.com/pages/products/next-generation-sequencing/workflow/xgen-ngs-amplicon-sequencing/predesigned-amplicon-panels/sars-cov-2-amp-panel> [15.08.2023].

⁶⁹ Eichler, Nick et al.: Transmission of severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 during border quarantine and air travel, New Zealand (Aotearoa), in: Emerging Infectious Disease Journal, 18.03.2021 <https://doi.org/10.3201/eid2705.210514> [15.08.2023].

⁷⁰ Letter from ESR, ‘Official Information Act Request: OIA Request for records from doi: 10.3201/eid2705.210514’, 25.03.2022. (Der Anfragende möchte anonym bleiben, der Autor hat den Brief in seinem Besitz.)

⁷¹ Quick, Josh: CoV-2019 sequencing protocol v3 (LoCost) V.3, auf: protocols.io, 25.08.2020, <https://www.protocols.io/view/ncov-2019-sequencing-protocol-v3-locost-bp2l6n26rgqe/v3?step=1> [15.08.2023].

werden kann“⁷². Noch einmal, diese Arten von Kontrollen können nur als Pipeline-Kalibrierungstechniken dienen, nicht aber als Validierung oder gar klinische Signifikanz der „Genome“, die sie zusammensetzen.

Trotz der ihnen zur Verfügung stehenden Mittel glaubt das ESR offenbar nicht an die Notwendigkeit, selbst zu prüfen, ob die Existenz von SARS-CoV-2 nachgewiesen werden kann. Am 19. Juli 2022 erklärten sie als Antwort auf eine OIA-Anfrage, dass „das ESR keine Experimente durchgeführt hat, um die Existenz des SARS-COV-2-Virus wissenschaftlich zu belegen, und daher keine Unterlagen zur Verfügung stellen kann“⁷³. Am 17. August 2022 räumten sie als Antwort auf eine weitere Anfrage ein, dass „das ESR keine Experimente durchgeführt hat, um wissenschaftlich zu belegen, dass [das] SARS-COV-2-Virus COVID-19 verursacht, und Ihnen daher keine Unterlagen zur Verfügung stellen kann“⁷⁴. Auch sonst hat niemand diese erforderlichen wissenschaftlichen Experimente durchgeführt.

6. Tiermissbrauch und „Antikörper“-Studien

Mit der Unfähigkeit, die physische Isolation eines krankheitsverursachenden Partikels nachzuweisen, das die Definitionskriterien eines Virus erfüllt, haben sich die Virolog*innen mit Tierversuchen beschäftigt, um die Uneingeweihten davon zu überzeugen, dass solche pathogenen Partikel existieren. Das Markenzeichen jener Veröffentlichungen ist, dass es ihnen an validen Kontrollen mangelt, so dass sie selbst unter der unbewiesenen Prämisse, dass sie mit „Viren“ hantieren, einen weiteren Aspekt der Anti-Wissenschaft der Virologie enthüllen. Ein anschauliches Beispiel war die Arbeit „Comparative pathogenesis of COVID-19, MERS and SARS in a nonhuman primate model“ („Vergleichende Pathogenese von COVID-19, MERS und SARS in einem nichtmenschlichen Primatenversuchstier“), die im Mai 2020 von einem Team veröffentlicht wurde, zu dem auch Christian Drosten und Ron Fouchier gehörten.⁷⁵ Die eklatante Widersprüchlichkeit dessen, was in *Science* veröffentlicht wurde, lässt sich wie folgt zusammenfassen:

1. Die acht Cynomolgus-Affen in den Experimenten wurden „mit SARS-CoV-2 unter Narkose mithilfe einer Kombination aus intratrachealer (4,5 ml) und intranasaler (0,25 ml pro Nasenloch) Route geimpft ...“⁷⁶ - dies ist kein natürlicher Expositionsweg und

⁷² Ebd.

⁷³ Letter from ESR, 'Official Information Act Request: FOIA: SARS-CoV-2 Proof of Existence', 19.07.2022. (Der Anfragende möchte anonym bleiben, der Autor hat den Brief in seinem Besitz.)

⁷⁴ (Letter from ESR, 'Official Information Act Request: SARS-CoV-2 Proof of Causation', 17.08.2022: <https://mega.nz/file/68QBklpQ#R58RAYD7bf3iq0ilUJAavQNCPruxDLvvlBEs8f8eei8>) (12.09.2023 aktuell nicht abrufbar).

⁷⁵ Rockx, Barry et al.: Comparative pathogenesis of COVID-19, MERS, and SARS in a nonhuman primate model, in: *Science*, Band 368 (6494), 29.05.2020, <https://www.science.org/doi/10.1126/science.abb7314> [15.08.2023].

⁷⁶ Ebd., Begleitmaterial

4.5 ml, die in die Lungen eines kleinen Affen (3,5 - 5,0 kg) gegossen werden, entsprechen etwa 80 ml ($\frac{1}{3}$ Tasse) fremden biologischen Materials, das in die Lungen eines Menschen gegossen wird, während diese schlafen. Allein diese Menge an Material reicht aus, um das Lungengewebe zu schädigen und eine Entzündung auszulösen.

2. Das Inokulum, das in ihre Lungen gegossen wurde, wurde aus „SARS-CoV-2 (Isolat BetaCoV/München/BavPat1/2020) hergestellt, das aus einem klinischen Fall in Deutschland gewonnen wurde“, und „das Virus wurde bis zur dritten Passage auf Vero E6-Zellen in OptiMEM I (1X) + GlutaMAX (Gibco), ergänzt mit Penicillin (10.000 IU/mL) und Streptomycin (10.000 IU/mL) angezüchtet“. - Sie haben behauptet, dass sie ein virales „Isolat“ haben, obwohl weder sie noch ihr Lieferant⁷⁷ die Existenz eines Virus in der Probe nachgewiesen haben. Alles, was gesagt werden kann, ist, dass die Probe fremdes biologisches Material aus der klinischen Probe vom Menschen und Affennierenzellen enthält und darüber hinaus auch zelluläre Abbauprodukte und zwei Antibiotika.
3. „Bei keinem der infizierten Tiere wurden offensichtliche klinische Symptome beobachtet, mit Ausnahme eines serösen Nasenausflusses bei einem älteren Tier am Tag 14 nach der Inokulation (p.i.). Während der Studie wurde bei keinem der Tiere ein signifikanter Gewichtsverlust beobachtet.“ - Mit anderen Worten: Trotz des direkten Eindringens des angeblichen SARS-CoV-2-Virus in die Lunge wurde keiner der Affen dadurch nennenswert krank.
4. „Am Tag 14 nach der Infektion galten alle verbleibenden Tiere als serokonvertiert, was durch das Vorhandensein von SARS-CoV-2-spezifischen Antikörpern gegen die S1-Domäne des Virus und die Nukleokapsidproteine in ihren Seren nachgewiesen wurde.“ - Es wurde nicht nachgewiesen, dass die S1- und Nukleokapsidproteine viralen Ursprungs sind, unabhängig davon, ob sie die Feststellung (durch einen In-vitro-Test) anderer Proteine, die als „Antikörper“ bezeichnet werden, in einem Wirt auslösen. Die Virolog*innen wenden wieder einmal einen Zirkelschluss an, um zu behaupten, dass der Nachweis eines Antikörpers die Existenz eines Virus belegt, weil der Antikörper als spezifisch für das angebliche Virus deklariert wird.
5. „Als Maß für die Virusausscheidung wurden Nasen-, Rachen- und Rektalabstriche mittels quantitativer Polymerase-Kettenreaktion mit reverser Transkription (RT-qPCR) auf das Virus untersucht...“ - Es gab keine „Virusausscheidung“, es wurden lediglich dieselben Sequenzen festgestellt, die kürzlich in die Atemwege der Affen gelangt waren. Jene fremden Nukleinsäuresequenzen verschwanden erwartungsgemäß im

⁷⁷ „Human 2019-nCoV Isolate“ auf: European Virus Archive Global bzw. web.archive.org, <https://web.archive.org/web/20200313012923/https://www.european-virus-archive.com/virus/human-2019-ncov-isolate> [15.08.2023].

Laufe der nächsten Tage durch natürliche Ausscheidungsmechanismen aus den Körpern der Affen.

6. „SARS-CoV-2-RNA wurde nur in einem Rektalabstrich von einem Tier am Tag 14 nach der Infektion festgestellt und zu keinem Zeitpunkt der Studie wurde virale RNA im Vollblut nachgewiesen.“ - Auch dies deutet darauf hin, dass sie nur das eingeschleuste Genmaterial an denselben Stellen fanden, an denen es eingeschleust worden war. (Der einzige positive Rektalabstrich könnte ein falsch-Positiver Fall gewesen sein oder der Affe hatte etwas von dem eingeführten biologischen Material geschluckt.) In keinem einzigen Fall konnten sie nachweisen, dass das postulierte „Virus“ irgendwelche invasiven Eigenschaften hatte.
7. Vier der Affen wurden vier Tage nach der Inokulation mit der fremden biologischen Suppe getötet und autopsiert. Bei zwei der vier Affen wurden kleine Konsolidierungsherde in der Lunge festgestellt und die Autoren stellten fest, dass „die wichtigste histologische Läsion im konsolidierten Lungengewebe sowohl der jungen als auch der alten Tiere die Alveolen und Bronchiolen betraf und zeigte sich in Form von akutem oder fortgeschrittenem DAS [diffuser alveolarer Schaden]“. Die histologischen Merkmale wurden als charakteristisch für „SARS-CoV-2“ bezeichnet - siehe Abbildung 3 unten für eine Erläuterung, warum diese Behauptungen völlig unbegründet sind.

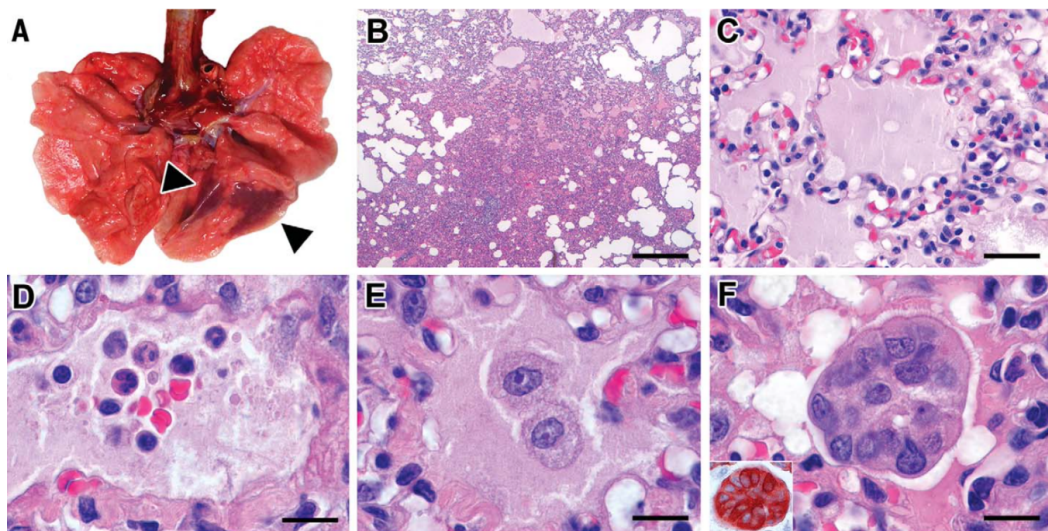


Abbildung 3

Einige der Bilder, die in der Publikation „Comparative pathogenesis of COVID-19, MERS, and SARS in a nonhuman primate model“ <https://www.science.org/doi/10.1126/science.abb7314> („Vergleichende Pathogenese von COVID-19, MERS und SARS in einem nichtmenschlichen Primatenversuchstier“) präsentiert werden und von denen behauptet wird, sie zeigten „charakteristische pathologische Veränderungen“ von SARS-CoV-2. Die Lungenveränderungen in (A)–(C) stimmen mit einer Lungenentzündung überein, die dadurch verursacht wird, dass dem Affen eine Flüssigkeit mit fremdem biologischen Material direkt in die Luftröhre gegossen wird, während er unter Narkose stand. Die histologischen Veränderungen (D)–(F) stellen lediglich entzündliche Zellen wie Makrophagen und Neutrophile dar, wie es bei einer solchen zugefügten Pneumonitis zu erwarten wäre. Kontrollexperimente wurden nicht durchgeführt.

8. „Die Expression von SARS-CoV-2 Antigen wurde in einer mäßigen Anzahl von Typ-I-Pneumozyten und einigen wenigen Typ-II-Pneumozyten innerhalb von DAS-Herden festgestellt.“ - Dies wurde durch eine immunhistochemische (IHC) Färbetechnik behauptet, die auf „einem polyklonalen Kaninchen-Antikörper gegen SARS-CoV-Nukleoprotein (40143- T62, Sino Biological, Chesterbrook, PA, USA)“ basierte. Leider stellt der Anbieter dieses Produkts zu ihren Ungunsten fest: „IHC-, FCM-, IF-, IP- und andere Anwendungen sind nicht validiert worden. (Antikörper-Anwendungen sind nicht mit den korrespondierenden positiven Virusproben validiert worden.)“⁷⁸ Jedenfalls kann dieses Beispiel dazu verwendet werden, um den weit verbreiteten Irrtum bezüglich Antikörpern als „Beleg“ für Viren aufzuzeigen. Sino Biological gibt an, dass die Antikörper das Ergebnis der Injektion ihres „SARS-CoV-Nukleokapsidproteins (His-Tag)“-Produkts⁷⁹ in Kaninchen sind. Dieses Nukleokapsidprotein wurde wiederum aus „einer DNA-Sequenz hergestellt, die das SARS-CoV (Isolat:Tor2) Nukleoprotein kodiert“. In Kapitel 2.1 werden wir sehen, dass die „Tor2“-Sequenz eine der beiden In-silico-Vorlagen war, die von Fan Wu et al. zur Erfindung von SARS-CoV-2, einem weiteren In-silico-Modell, verwendet wurden. Zusammenfassend lässt sich sagen, dass es sich um einen weiteren Zirkelschluss handelt: Bei keinem Protein wurde nachgewiesen, dass es aus einem Virus stammt, auch bei keinem Nukleokapsidprotein wie in diesem Fall. Es wurde einfach behauptet, dass sie „virale“ Proteine in Tiere injizierten und die Tiere daraufhin andere Proteine produzierten, die angeblich „Antikörper“ sind. Die Existenz eines Virus wurde jedoch weder bewiesen noch für diese Art von Experiment gefordert. (Ein weiteres Beispiel: Die Erzeugung von „HIV-Antikörpern“ bei 100% der gesunden Freiwilligen, denen ein Covid-19-Impfstoffkandidat der University of Queensland injiziert wurde, ist eine Peinlichkeit für diejenigen, die sowohl die HIV- als auch die Impfstoffindustrie bewerben.⁸⁰)

Der fehlerhafteste Aspekt des Tierversuchs war jedoch, dass er nicht gemäß der wissenschaftlichen Methode durchgeführt wurde, da Kontrollversuche fehlten. Es wäre erforderlich gewesen, eine vergleichbare Gruppe von Affen einem inneren Angriff mit der gleichen Zusammensetzung und dem gleichen Volumen an biologischer Suppe, das *ohne* das angebliche „Virus“ in ihre Lungen gegossen wurde, auszusetzen. Um Missverständnisse zu vermeiden: Ich befürworte ein solches Experiment nicht, da es sich um ein grausames Verfahren handelt, das nichts mit natürlichen Expositionswegen

⁷⁸ “SARS-CoV/SARS-CoV-2 Nucleocapsid Antibody, Rabbit PAb, Antigen Affinity Purified” auf: sinoBiological.com bzw. web.archive.org, <https://web.archive.org/web/20201126211805/https://www.sinobiological.com/antibodies/cov-nucleocapsid-40143-t62> [15.08.2023].

⁷⁹ “SARS-CoV Nucleocapsid Protein (His Tag)” auf: sinobiological.com bzw. web.archive.org, <https://web.archive.org/web/20220601171827/https://www.sinobiological.com/recombinant-proteins/sars-cov-nucleocapsid-40143-v08b> [15.08.2023].

⁸⁰ Bailey, Samantha: Covid-19 Shots, Cancer and HIV, auf: drsambailey.com, 14.07.2021, <https://drsambailey.com/resources/videos/vaccines/covid-19-shots-cancer-and-hiv/> [15.08.2023].

zu tun hat - es geht lediglich darum, auf das Konzept eines angemessen kontrollierten Experiments hinzuweisen. Leider wiederholen sich solche unwissenschaftlichen Methoden in allen untersuchten Tierversuchen. Kein einziger dieser Versuche zeigt: (a) eine natürliche Methode der Exposition mit Proben, die angeblich Viren enthalten, (b) gültige „Scheinfektionen“ (z. B. die unredliche Verwendung von ausschließlich phosphathaltiger Kochsalzlösung) oder (c) die Übertragung von Krankheiten von Tier zu Tier. Dies gilt natürlich zusätzlich zu dem grundlegenden Problem, dass keine der Studien die tatsächliche Existenz eines infektiösen Partikels zeigt, das sie zu testen vorgeben.

Außerdem: Wenn die „Viren“ so ansteckend sind, warum wird dann nicht einfach eine Probe in die Tierkäfige gesprüht, damit sie sie einatmen? Wieder einmal werden solche Experimente vermieden, damit sich die Virolog*innen nicht selbst widerlegen, wenn sie Ansteckung mit den imaginierten Partikeln behaupten.

7. Das Viren-Mengen-Paradoxon

Wir werden zu der Annahme verleitet, dass in einem Wirt wie dem Menschen die viralen Partikel in so großer Zahl produziert werden, dass sie die Zellen, in denen sie sich befinden, zerbrechen können, während sie gleichzeitig in so winzigen Mengen vorhanden sind, dass sie nach Angaben von Virolog*innen in keiner Patientenprobe erblickt werden können. In Bezug auf das angebliche SARS-CoV-2-Partikel wurde berechnet, dass „ein Niesen eines COVID-19-Patienten 200 Millionen Viren enthält“⁸¹. Entnimmt man jedoch eine (größere) Probe direkt aus der Nase oder der Lunge eines Probanden, sind exakt keine zu finden. Um dieses unbequeme Problem zu vertuschen, haben sich die Virolog*innen darauf verlegt, indirekte „Belege“ durch Gewebekulturen anzubieten, um auf diese Weise zu versuchen, das fehlende Virus aus dem Hut zu zaubern. Wie wir in „The COVID-19 Fraud & War on Humanity“ („Der COVID-10-Betrug und Krieg gegen die Menschlichkeit“) dargelegt haben, handelt es sich dabei um den zweiten Teil der doppelten Täuschung der Virologie, und zwar „der Ersatz des einen gefälschten Stellvertreters (nämlich der Induzierung von zytopathischen Effekten [CPEs], indem typisch abnorme Zelllinien in vitro inokuliert werden) durch den anderen postulierten Stellvertreter (nämlich der Infektion eines gesunden oder nicht erkrankten Wirts in vivo), um die Kausalität zwischen dem vorgeblichen Erreger und der Krankheit herzustellen“⁸². Wir sollen also glauben, dass die menschlichen Atemwege, die mit den angeblich perfekten Wirtszellen ausgekleidet sind, nicht genug Viren produzieren, um sie zu sehen, ein Reagenzglasexperiment mit Gewebe einer anderen Spezies und eines anderen Zelltyps aber schon?

⁸¹ Autor*in nicht genannt: „Number of the day: one sneeze of a COVID-19 patient contains 200 million viruses“, auf: Новые известия, 22.05.2020, <https://en.newizv.ru/news/science/22-05-2020/digit-of-the-day-200-million-viruses-are-contained-in-one-sneeze-of-a-patient-of-covid-19> [15.08.2023].

⁸² Bailey, Mark & John Bevan-Smith, 11.11.2021.

Nach dem Verständnis der Virologie sind die hypothetisierten Partikel passiv und produzieren keine Abfallprodukte, so dass es daher ein Rätsel ist, wie sie einem menschlichen Wirt Krankheit zufügen können. Pfizer schlug dem Laien vor, dass „das Immunsystem auf die Verletzung dieser Körperzellen mit einem Hochfahren reagiert“, führte aber keine wissenschaftlichen Quellen für diese phantasievolle Behauptung an.⁸³ Die Autoren der „Medizinischen Mikrobiologie“ (1996) wagten in der 4. Auflage eine noch steilere Hypothese:

*Direkte Zellschäden und Zelltod durch virale Infektion **könnten** [Herv. M.B.] entstehen durch (1) Abzweigung von Zellenergie, (2) Abschaltung der makromolekularen Synthese der Zelle, (3) Konkurrenz von viraler mRNA für zelluläre Ribosomen, (4) Konkurrenz von viralen Promotoren und Transkriptionsverstärkern für zelluläre Transkriptionalfaktoren wie RNA-Polymerasen und Hemmung der Interferon-Abwehrmechanismen. Indirekte Zellschäden können aus der Integration des viralen Genoms, der Induktion von Mutationen im Wirtsgenom, Entzündung und der Immunantwort des Wirts resultieren.*⁸⁴

Im Grunde genommen haben die Virolog*innen zahlreiche hypothetische Pathogenitätsmechanismen für einen Teil, der in einem Organismus wie dem Menschen vorkommen soll, aufgestellt. Und selbst wenn diese spekulativen Mechanismen zum Tragen kämen, müsste eine enorme Anzahl von Zellen betroffen sein, um Symptome zu erzeugen. Aber eine enorme Anzahl von Zellen würde dazu führen, dass astronomische Mengen an viralen Partikeln aus ihnen austreten - warum können also niemals Viruspartikel gefunden werden? Die Virologie hat die Angewohnheit, von solchen Aspekten abzulenken, die Zweifel an ihrem trügerischen Modell aufkommen lassen.

⁸³ “How do Viruses Make us Sick?” auf Pfizer.com, 07.12.2020, https://www.pfizer.com/news/articles/how_do_viruses_make_us_sick [15.08.2023].

⁸⁴ Baron, Samuel et al.: Viral Pathogenesis, in: Medical Microbiology, 4. Ausgabe, 1996, <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK8149/> [15.08.2023].

2. TEIL ZWEI

1. Fan Wu et al. „deus ex machina“

„Sie waren dazu verpflichtet und fest entschlossen, ein Virus als Ursache für diesen Typ zu finden. Also fahndeten sie mit Hilfe von Technologie, die man Meta-Transkriptomik nennt, nach all dieser RNA, Millionen von kleinen RNA-Strängen in dieser Person. Und es ist eines dieser Gen-Dinger... sie können sich die gesamte RNA, die gesamte DNA ansehen, sie sequenzieren, sie amplifizieren... Es ist technologiegesteuert, nicht wissenschaftsgesteuert... Und sie haben eine Sequenz gefunden und dann entschieden, dass sie ein ‚Virus‘ entdeckt haben, obwohl sie nie ein Virus angefasst haben, und sie sagten, das sei die Ursache für die Lungenentzündung dieses Typs.“

- Dr. David Rasnick, über die „Entdeckung“ von SARS-CoV-2 durch Fan Wu et al.⁸⁵

In „The COVID-19 Fraud & War on Humanity“⁸⁶ beschrieben wir die Erfindung von SARS-CoV-2 durch das Team von Fan Wu, das ein In-silico-„Genom“ aus Genfragmenten unbekannter Herkunft zusammenstellte, die in den groben Lungenspülungen eines einzigen „Falles“ gefunden und in „A new coronavirus associated with human respiratory disease in China“ („Ein neues Coronavirus, das mit der menschlichen Atemwegserkrankung in China assoziiert ist“) dokumentiert wurden⁸⁷. Eine weitere Analyse dieses Papiers ist angebracht, da es veranschaulicht, wie die betrügerische COVID19Pandemie mit Hilfe eines erfundenen „Genoms“ durch tiefe meta-transkriptomische Sequenzierung geschaffen wurde, die einfach darauf abzielte, die gesamte RNA in einer Rohprobe nachzuweisen, und wie sie dazu missbraucht wurde, einen nicht existierenden Erreger zu erfinden. Die Behauptung, jeder könne erklären, „dass sie aus einer einzigen menschlichen Person, bei der eine Lungenentzündung diagnostiziert wurde, einen neuen RNA-Virusstamm aus der Familie der Coronaviridae identifiziert haben, der hier als ‚WH-Human 1‘ Coronavirus bezeichnet wird“⁸⁸, ist an sich schon eine Farce. Fan Wu und seine Kolleg*innen versuchten, dies zu rechtfertigen, indem sie konstatierten: „Obwohl die Isolation des Virus von nur einem einzigen Patienten nicht ausreicht, um darauf zu schließen, dass es diese respiratorischen Symptome verursacht hat, wurden unsere Ergebnisse in einer separaten Studie bei weiteren Patienten unabhängig bestätigt.“ Erstens gab es keine physische Isolation irgendeines Virus, wie wir gleich im Detail besprechen werden. Zweitens

⁸⁵ Wallach, Mike: The Viral Delusion – The (Tragic) Pseudoscience of SARS-CoV-2 and the Madness of the Modern Psychology, Episode 1, Behind the Curtain of The Pandemic. The Pseudoscience of SARS-CoV-2, auf: paradigmshift.uscreen.io, 10.10.2022, <https://paradigmshift.uscreen.io/> [15.08.2023].

⁸⁶ Bailey, Mark & John Bevan-Smith, 11.11.2021.

⁸⁷ Wu, Fu et al.: A new coronavirus associated with human respiratory disease in China, in: Nature, 579, 03.02.2020, <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2008-3> [15.08.2023].

⁸⁸ Ebd.

bezieht sich ihre Behauptung, die Ergebnisse seien „unabhängig bestätigt“ worden, auf das Papier von Peng Zhou et al. vom Februar 2020 - ein Papier, das nichts bestätigen kann und dessen Betrug in Kapitel 2.4 diskutiert wird. Alles, was gesagt werden kann, ist, dass, wenn man einen Zirkelschluss anwendet, das Auffinden ähnlicher Gensequenzen bei mehr als einer Gelegenheit als Beleg für ein Virus angesehen wird. Die GISAID-Datenbank ist die Schatztruhe dieser Entsetzen erregenden virologischen Fehldeutung und enthielt bis zum 29. August 2022 mehr als 12,8 Millionen Behauptungen, SARS-CoV-2 „gefunden“ zu haben.⁸⁹ Keiner von ihnen kann jedoch auf ein tatsächliches Virus hinweisen: Sie haben einfach „Bingo“ gerufen, indem sie ähnliche Sequenzen zusammenstellten, die sie mit Fan Wu et al. und anderen früheren Zusammenstellungen abgeglichen haben; ein tatsächliches Virus ist nicht erforderlich.

Anzumerken ist auch, dass der Autor zwar keine Aussage über die Ursache irgendeiner Lungenentzündung oder eines akuten fieberigen Atemwegssyndroms macht, die medizinische Fachwelt aber anerkennt, dass in etwa der Hälfte der Fälle kein „Erreger“ identifiziert wird.^{90,91} Welchen Grund hatten Fan Wu et al. also, zu vermuten, dass ihr Patient ein ganz neues Virus in sich trug? Offenbar, weil „epidemiologische Untersuchungen des Wuhan Center for Disease Control and Prevention (Wuhan Zentrum für Krankheitskontrolle und –prävention) ergaben, dass der Patient in einer lokalen Markthalle für Meeresfrüchte arbeitete“⁹². Das scheint ein sehr schwacher Grund zu sein, wenn man bedenkt, dass diese Straßenmärkte in China extrem verbreitet sind und dass trotz der Fledermaus-Ursprungs-Theorien, wie Fan Wu et al. berichten, „keine Fledermäuse zum Verkauf angeboten wurden“.⁹³

Jedenfalls erhielten sie etwas bronchoalveoläre Lavageflüssigkeit (BALF) von ihrem Patienten und berichteten, dass mit dieser Rohprobe „Gesamt-RNA aus 200µl BALF extrahiert wurde“⁹⁴. Im Abschnitt „Methoden“ wurde beschrieben, dass dies „mit dem RNeasy Plus Universal Mini Kit (Qiagen)“, d.h. durch Zentrifugieren mit einer Drehsäule, erreicht wurde. Sie behaupteten, dass „ribosomale RNA-Depletion während des Aufbaus der Bibliothek durchgeführt wurde“, jedoch ist dies zweifelhaft - siehe Kapitel 2.5 -, da eine hohe Übereinstimmung mit bekannten menschlichen

⁸⁹ GISAID: <https://www.gisaid.org/> [15.08.2023].

⁹⁰ Cilloniz, Catia et al.: Microbial Etiology of Pneumonia: Epidemiology, Diagnosis and Resistance Patterns, in: International Journal of Molecular Sciences, 17(12): 2120, 16.12.2016, [Microbial Etiology of Pneumonia: Epidemiology, Diagnosis and Resistance Patterns - PubMed \(nih.gov\)](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33111111/) [15.08.2023].

⁹¹ Liu, Gao Shan et al.: Viral and Bacterial Etiology of Acute Febrile Respiratory Syndrome among Patients in Qinghai, China, in: Biomedical and Environmental Sciences, Band 32, Nr. 6, 06/2019, <https://www.besjournal.com/article/doi/10.3967/bes2019.058> [15.08.2023].

⁹² Wu, Fan et al.: A new coronavirus associated with human respiratory disease in China, in: Nature, Band 579, 265-269, 03.02.2020, <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2008-3> [15.08.2023].

⁹³ Xiao, Xiao et al: Animal sales from Wuhan wet markets immediately prior to the COVID-19 pandemic, in: Scientific Report 11, 11898, 07.06.2021, <https://www.nature.com/articles/s41598-021-91470-2> [15.08.2023].

⁹⁴ Wu, Fan et al., 03.02.2020.

RNA-Sequenzen verblieb. Anschließend führten sie eine Shotgun-Sequenzierung des Gebräus durch, die mit einer zufälligen Fragmentierung des Genmaterials in kurze Abschnitte von durchschnittlich 150 Nukleotiden und einer Umwandlung der RNA in DNA unter Verwendung eines Reverse-Transkriptase-Enzyms begann⁹⁵. 56.565.928 solcher kurzen Reads wurden erzeugt und diese Informationen wurden in Megahit und Trinity eingespeist, Software-Plattformen für die De-novo-algorithmenbasierte Assemblierung. Mit Hilfe von Megahit wurden 384.096 Contigs oder hypothetische überlappende Sequenzen generiert, und das längste (30.474 Nukleotide) wurde mit einer „Nukleotiden-Identität von 89,1%“ als Fledermaus SL-CoVZC45 deklariert, ein weiteres fiktives Konstrukt, auf das später eingegangen wird. (Trinity generierte über 1,3 Millionen Contigs, aber das längste war nur 11.760 Nukleotide lang - mit anderen Worten, sie hätten das „Genom“ nicht gefunden, wenn sie nur diese Software-Plattform verwendet hätten). Das Wort „Virus“ tauchte plötzlich auf, als sie erklärten: „Die Genomsequenz dieses Virus sowie seine Termini wurden durch reverse Transkription (PCR) bestimmt und bestätigt.“ Dies ist eine Irreführung, da die PCR lediglich vorselektierte Sequenzen amplifiziert und nicht dazu in der Lage ist, ein bisher unbekanntes Genom zu verifizieren. Der PCR-Experte Stephen Bustin erklärte: „Für die PCR muss man die Sequenz des Ziels kennen... sobald Sie wissen, dass etwas in Ihrer Probe ist, dann würden Sie versuchen, es zu isolieren, ja. Und sobald Sie es dann isoliert haben, sequenziert man es wieder oder man macht eine PCR.“⁹⁶ Mit anderen Worten, die PCR selbst kann den Ursprung der Sequenzen nicht identifizieren und die Methodik von Fan Wu et al. hat den Ursprung der von ihnen beschriebenen Sequenzen nicht festgestellt. Doch gleich im nächsten Satz verkünden sie der Welt, dass „dieser Virusstamm als WH-Human 1 Coronavirus (WHCV) bezeichnet wurde“.

- *Ich möchte betonen, dass hier das betrügerische Virus, das bald in SARS-CoV-2 umbenannt werden sollte, **aus dem Nichts erfunden wurde**. Ein Virus, von dem die WHO ohne den geringsten Beleg vorlegen zu können behauptet, es sei der Erreger von COVID-19.*

⁹⁵ Illumina: RNA Sequencing Methods Collection - An overview of recent RNA-Seq publications featuring Illumina® technology, auf: [illumina.com](https://www.illumina.com/content/dam/illumina-marketing/documents/products/research_reviews/rna-sequencing-methods-review-web.pdf), 2017: https://www.illumina.com/content/dam/illumina-marketing/documents/products/research_reviews/rna-sequencing-methods-review-web.pdf [15.08.2023].

⁹⁶ Coppolino, Eric F.: Interview with Dr. Stephen Bustin am 01.02.2021, in: Planet Waves FM, 01.02.2021, <https://planetwaves.net/planet-waves-fm-interview-with-dr-stephen-bustin/> [15.08.2023].

Halinen, Joshua: Planet Waves FM Interview with Stephen Bustin, conducted by Eric F. Coppolino, Transkript für Chiron Return, auf: [web.archive.org](https://web.archive.org/web/20221113050225/https://cormandrostenreview.com/wp-content/uploads/2021/02/bustin-transcript.pdf), 01.02.2021, <https://web.archive.org/web/20221113050225/https://cormandrostenreview.com/wp-content/uploads/2021/02/bustin-transcript.pdf> [15.08.2023].

Denn es ist dieses „Genom“, das am 5. Januar 2020⁹⁷ bei GenBank eingereicht wurde, das von Drosten et al. genutzt wurde, um ihre beliebigen PCR-Protokoll-Assay-Sequenzen⁹⁸ unbekannter Herkunft zu produzieren, die wiederum in irritierender Eile von der WHO für die Verwendung auf der ganzen Welt veröffentlicht wurden und wodurch WH-Human 1 zum weltweiten Referenzgenom für einen angeblichen Erreger wurde. Es ist diese Erfindung, die für das ganze Bündel von destruktiven Machenschaften verantwortlich ist, das der Welt nach der Verkündung der Pandemie durch die WHO am 11. März 2020 auferlegt wurde.⁹⁹

Jeder, der dem Aufmerksamkeit schenkt, kann jedoch erkennen, dass es in der Arbeit von Fan Wu et al. keinerlei Hinweise auf ein Virus gibt. Ein Virus ist angeblich ein winziger replikationsfähiger zwingend intrazellulärer Parasit, der aus einem Genom besteht, das von einer proteinhaltigen Hülle umgeben ist: Es ist ein infektiöses Partikel, das in einem Wirt Krankheiten verursacht. Aber alles, was Fan Wu et al. vorzuweisen hatte, war ein 41-jähriger Mann mit Lungenentzündung und ein mit Hilfe von Software zusammengestelltes „Modellgenom“, das aus Sequenzen ungeklärter Herkunft bestand, die in der Lungenspülung des Mannes gefunden wurden. Um ihre Deutung legitim erscheinen zu lassen, erklärten sie: „Die virale Genomorganisation von WHCV wurde durch Sequenzabgleich mit zwei repräsentativen Mitgliedern der Gattung Betacoronavirus bestimmt: einem Coronavirus, das mit Menschen assoziiert ist (SARS-CoV Tor2, GenBank-Zugangsnummer AY274119), und einem Coronavirus, das mit Fledermäusen assoziiert ist (Fledermaus SL-CoVZC45, GenBank-Zugangsnummer MG772933).“ Bei diesen angeblichen Genomen handelt es sich ebenfalls lediglich um In-silico-Konstrukte, deren Existenz in der Natur nie als vollständige Genome bewiesen wurde, geschweige denn, dass sie nachweislich aus dem Inneren eines Virus stammen. Zum Beispiel wurde Fledermaus-SL-CoVZC45 im Jahr 2018 erfunden durch „19 degenerierte PCR-Primerpaare ..., die durch mehrfaches Alignment von verfügbaren SARS-CoV- und Fledermaus-SL-CoV-Sequenzen entwickelt wurden, die in GenBank hinterlegt sind“¹⁰⁰.

„Derzeit werden für die virale Ganzgenomsequenzierung drei Hauptmethoden auf der Grundlage von HTS [Hochdurchsatzsequenzierung] verwendet:

⁹⁷ Zhang, Yongzhen et al.: Wuhan seafood market pneumonia virus isolate Wuhan-Hu-1, complete genome, GenBank: MN908947.1, eingereicht am 05.01.2020, <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MN908947.1> [15.08.2023].

⁹⁸ Corman, Victor et al.: Detection of 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) by real-time RT-PCR, in: Eurosurveillance, Band 25, Nr. 3, 23.01.2020, <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.3.2000045> [15.08.2023].

Anm. des Autors: Zusätzlich zu der GenBank: MN908947.1, die erstmals auf virological.org <https://virological.org/t/novel-2019-coronavirus-genome/319> [15.08.2023] öffentlich zugänglich gemacht wurde, verwendeten Drosten et al. bei der Entwicklung ihres PCR-Protokolls auch "vier weitere Genome, die am 12. Januar in der von der Global Initiative on Sharing All Influenza Data (GISAID) kuratierten Virussequenzdatenbank hinterlegt wurden".

⁹⁹ WHO: WHO Director-General's remarks at the media briefing on 2019-nCoV on 11 February 2020, auf: who.int, 11.02.2020, <https://www.who.int/director-general/speeches/detail/who-director-general-s-remarks-at-the-media-briefing-on-2019-ncov-on-11-february-2020> [15.08.2023].

¹⁰⁰ Hu, Dan et al.: Genomic characterization and infectivity of a novel SARS-like coronavirus in Chinese bats, in: Emerging Microbes & Infections, 12.09.2018, <https://doi.org/10.1038/s41426-018-0155-5> [15.08.2023].

Metagenomsequenzierung, Target-Anreicherungssequenzierung und PCR-Amplikonsequenzierung, die jeweils Vor- und Nachteile aufweisen (Houldcrob et al., 2017). Bei der metagenomischen Sequenzierung wird die gesamte DNA (und/oder RNA) aus einer Probe - die neben dem Wirt auch Bakterien, Viren und Pilze enthält - extrahiert und sequenziert. Es ist ein einfacher und kostengünstiger Ansatz und der einzige Ansatz, der keine Referenzsequenzen erfordert. Die beiden anderen HTS-Ansätze, die Anreicherung von Zielmolekülen und die Amplikonsequenzierung, benötigen beide Referenzinformationen, um Köder oder Primer zu entwickeln. Die Grenze der metagenomischen Sequenzierung liegt darin, dass sie eine sehr hohe Sequenzierungstiefe erfordert, um genügend virales Genommaterial zu erhalten.“¹⁰¹

Die wichtigere Einschränkung bei der „viralen“ Sequenzierung besteht darin, dass das Verfahren selbst die Herkunft der Genfragmente nicht bestimmt, wie kann es also zur Bestimmung der Sequenz eines zuvor unbekannten Genoms verwendet werden? Zur Klarstellung: Wir sprechen hier nicht von Situationen, in denen die Herkunft der Sequenzen unabhängig verifiziert werden kann, z. B. bei physisch isolierten Bakterienzellen. Außerdem ist es ein reiner Akt der Willkür zu erklären, dass Sequenzen viral sind, wenn durch einen Eliminierungsprozess ausgeschlossen werden kann, dass sie in den Gendatenbanken bislang keiner anderen Erkrankung zugeordnet werden konnten. Keiner der Virolog*innen weist nach, dass die Sequenzen viraler Natur sind, wenn sie die allererste Vorlage zusammensetzen und erklären, dass sie ein pathogenes Virus entdeckt haben. Zu keinem Zeitpunkt hat jemals einer von ihnen die angeblichen Viruspartikel gereinigt, um ihre Verbindung zu den Sequenzen zu belegen. Und doch wurde das erste erfundene De-novo-Genom zum Prüfstein, an dem andere eifrige Virenforscher ihre eigenen In-silico-Genome ausrichteten oder „bestätigende“ PCR-Protokolle entwarfen.

Soweit mir bekannt ist, verfügen die Virolog*innen über keine Labortechniken, mit denen sie direkt überprüfen können, ob überhaupt ein vollständiger 30-Kilobasen-RNA-Strang in irgendeiner ihrer Proben vorhanden ist. Die existierende Pulsfeld-Gel-Elektrophorese-Technik kann nur DNA-Stränge dieser Größe zuverlässig differenzieren.¹⁰² Jedenfalls bleiben diese Simulationen eine Ablenkung, denn selbst für den Fall, dass die physische Existenz eines In-silico-SARS-CoV-2-Genoms - eine vollständige 30-Kilobasen-RNA-Sequenz - in der Natur nachgewiesen werden kann, hätten die Virolog*innen noch viel zu tun. In erster Linie müssten sie nachweisen, dass diese Sequenz zu einem krankheitsverursachenden, replikationskompetenten Partikel gehört, der einen Menschen krank machen kann statt lediglich zu behaupten, dass er dies tut.

¹⁰¹ Maurier, Florence et al: A complete protocol for whole-genome sequencing of virus from clinical samples: Application to coronavirus OC43, in: Virology, Band 531, 05/2019, <https://doi.org/10.1016/j.virol.2019.03.006> [15.08.2023].

¹⁰² Schwartz, David & Charles Cantor: Separation of Yeast Chromosome-Sized DNAs by Pulsed Field Gradient Gel Electrophoresis, in: Cell, Band 37, 05/1984, [https://doi.org/10.1016/0092-8674\(84\)90301-5](https://doi.org/10.1016/0092-8674(84)90301-5) [15.08.2023].

Zu diesem Thema hatte ich einen E-Mail-Austausch mit einem Evolutionsbiologen des Wellcome Sanger Institutes, der vorschlug, dass die Long-Read-RNA-Sequenzierung (im Gegensatz zur bloßen Shotgun-Sequenzierung) den notwendigen Beleg für die Existenz von „SARS-CoV-2“ liefert.¹⁰³ Er bezog sich auf eine Veröffentlichung vom April 2022, die die RNA-Sequenzierung durch Oxford Nanopore Technologies (ONT) long-reads¹⁰⁴ beinhaltet und behauptete, dass dies die Validität der „Virus“-Genome bestätige, die zuvor durch Shotgun-Sequenzierung erstellt wurden. In der dargereichten Studie wurde ein Experiment beschrieben, bei dem die Reaktionen verschiedener „SARS-CoV-2-infizierter“ und „mock-infizierter“ Zelllinien verglichen wurden. Die experimentellen Zellen waren angeblich „mit dem australischen SARS-CoV-2-Virus (Australia/ VIC01/2020, NCBI: MT007544.1) infiziert“, das von den Autoren Leon Caly et al. als „Isolat“¹⁰⁵ bezeichnet wurde, obwohl die Isolation eines Virus nie nachgewiesen wurde, wie in Abbildung 4 unten erläutert und wie wir in „The COVID-19 Fraud & War on Humanity dargelegt haben“¹⁰⁶. Die Argumentation des Evolutionsbiologen beruht also darauf, dass das betrügerische Produkt eines betrügerischen Experiments mit einem „Schein-Infektions-Experiment“ verglichen wird, wobei ersteres durch die irreführende Deklaration der „Virusisolation“ entkräftet wird und das letztere sich selbst entkräftet, da die Virolog*innen ihre Definition insofern verändert haben, als sie erlauben, mehrere Variablen gleichzeitig zu verändern. Das Erzielen längerer Reads ändert nichts an diesen grundlegenden Problemen. Der Evolutionsbiologe hat behauptet, dass die Veränderungen der beobachteten Sequenzen und Proteine im Laufe der Zeit Belege für ein sich entwickelndes Virus darstellen.¹⁰⁷ Er ist ein weiteres Opfer der Täuschung der Virologie durch die fadenscheinige Anbringung des Wortes „viral“ an diese Teilchen. Als all diese Sequenzen und Proteine ursprünglich in Gewebekulturexperimenten entdeckt wurden, konnte nicht nachgewiesen werden, dass sie zu pathogenen Viren gehören. Dennoch hält die Behauptung, dass sie „viral“ sind, bis heute an.

¹⁰³ Bailey, Mark et Zachary Arden: moderierter E-Mail-Austausch mit Zackery Arden, auf: [fluoridefreepeel.ca](https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/06/Mark-Bailey-Zachary-Arden-emails-redacted.pdf), 06/2022, <https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/06/Mark-Bailey-Zachary-Arden-emails-redacted.pdf> [15.08.2023].

¹⁰⁴ Chang, Jessie et al.: Long-Read RNA Sequencing Identifies Polyadenylation on Elongation and Differential Transcript Usage of Host Transcripts During SARS-CoV-2 In Vitro Infection, in: *Frontiers in Immunology*, Band 13, 06.04.2022, <https://doi.org/10.3389/fimmu.2022.832223> [15.08.2023].

¹⁰⁵ Caly, Leon et al.: Isolation and rapid sharing of the 2019 novel coronavirus (SARS-CoV-2) from the first patient diagnosed with COVID-19 in Australia, in: *Medical Journal of Australia*, 01.04.2020, <https://doi.org/10.5694/mja2.50569> [15.08.2023].

¹⁰⁶ Bailey, Mark & John Bevan-Smith, 11.11.2021.

¹⁰⁷ Mark Bailey & Zachary Arden: 06/2022.

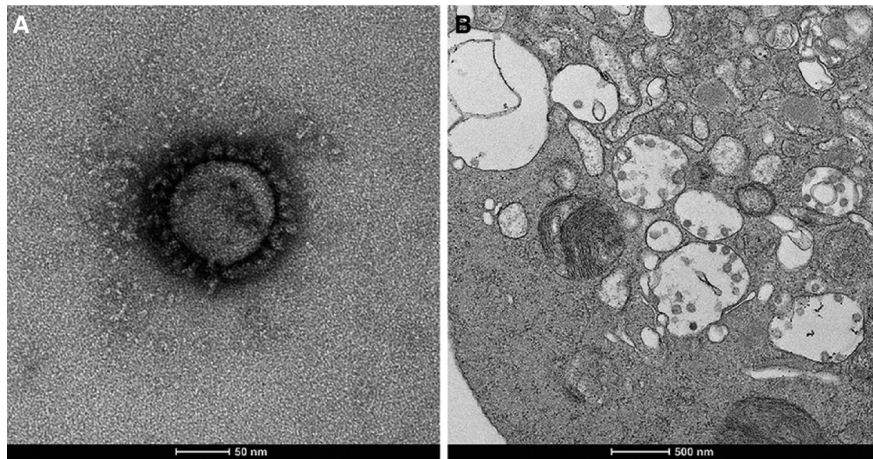


Abbildung 4

Caly et al. „Isolierung“ von SARS-CoV-2. <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.5694/mja2.50569>

Die elektronenmikroskopischen Aufnahmen stammen von einem Vero/hSLAM-Zellkulturüberstand: (A) wurde als „Virion“ deklariert, obwohl es sich lediglich um ein Partikel unbekannter Herkunft handelt. Darüber hinaus entstanden die Kapsel-„Spikes“, nachdem das Enzym Trypsin die äußeren Proteine verdaut hatte, um das gewünschte Aussehen zu erzeugen. (B) informiert uns einfach über die Größe der Partikel in einer Gewebemischung. Es wurde kein gültiges Kontrollexperiment mit einer ähnlichen menschlichen Probe durchgeführt.

Im gleichen Sinne und einige Monate nach diesem Austausch behauptete der Pathologe/Virologe Dr. Sin Hang Lee, dass sein Preprint-Papier¹⁰⁸ „unwiderlegbare Sanger-Sequenzierungsbelege dafür liefert, dass das Virus [SARS-CoV-2] existiert und weiter mutiert“ - mit einer offenen Einladung, seine Arbeit anzufechten.¹⁰⁹ Auch hierauf antwortete ich, indem er auf den fortlaufenden Missbrauch der wissenschaftlichen Terminologie durch die Virologie sowie auf das zugrundeliegende Problem der ungeklärten Herkunft der analysierten Gensequenzen einging:

„Um die Probleme der Virologie aufzudecken, ist es entscheidend, die Methodik jeder Veröffentlichung zu untersuchen, und in diesem Fall ist es nicht anders... Diejenigen von uns, die die Virus-Narrative anzweifeln, weisen darauf hin, dass keine RNA- (oder DNA-) Sequenzen jemals nachweislich aus dem Inneren eines bestimmten identifizierbaren Partikels stammen, das die Definition eines Virus erfüllt. Somit können entweder alle RNAs nur von einem bekannten Organismus exprimiert werden, künstlich eingeführt werden (z.B. synthetische mRNA-Injektionen) oder von unbekannter Herkunft sein. Die ‚Mutationen‘ existieren nur in In-silico-Modellen, die sich in der Natur nicht als unabhängige Entitäten erwiesen haben. Es gibt andere Gründe, warum RNA-Sequenzen in dynamischen biologischen Systemen variieren können und dies auch tun, und ich kann mir nicht vorstellen, dass irgendein Virologe diese Tatsache bestreiten würde. Der einfache Nachweis von RNAs reicht nicht aus, um Rückschlüsse auf ihre

¹⁰⁸ Lee, Sin: Implementation of the eCDC/WHO Recommendation for Molecular Diagnosis of SARS-CoV-2 Omicron Subvariants and Its Challenges, auf: web.archive.org / auf: preprints.org, 14.06.2022, <https://web.archive.org/web/20220615201835/https://www.preprints.org/manuscript/202206.0192/v1> [15.08.2023].

¹⁰⁹ Bailey, Mark, 25.07.2022.

Herkunft zu ziehen. Es sind weitere Experimente erforderlich, um diese Bestimmung vorzunehmen.“¹¹⁰

In der Tat kann keine noch so gute Genom- oder Proteomtechnologie der Tatsache entgehen, dass es sich bei solchen Daten, die als Beleg für Viren dienen sollen, durchweg um „Schildkröten“¹¹¹ handelt.

2. „Turtles all the way down“¹¹²

Wie bereits erwähnt, handelte es sich bei „Fledermaus SL-CoVZC45“ um ein 2018 erfundenes In-silico-Genom mit einer Länge von 29.802 Nukleotiden¹¹³, das von Fan Wu et al. als Vorlagengenom für die Erfindung des SARS-CoV-2-Genoms verwendet wurde. Es stammte angeblich aus dem Darm einer Fledermaus, die in der Provinz Zhejiang, China, gefangen worden war. In dieser Studie berichteten die Autoren, dass „alle Fledermäuse zum Zeitpunkt des Fangs gesund erschienen und keine offensichtlichen klinischen Auffälligkeiten aufwiesen“, erklärten jedoch, dass ein Virus in 89 von 334 Fledermäusen auf der Grundlage eines „Pan-Coronavirus Reverse Transkription (RT)-PCR-Tests“ nachgewiesen wurde. Die Behauptung, dass ein Virus-Isolat vorliegt, weil ein CPE induziert wurde, wurde bereits als weit hergeholte Deutung entlarvt, aber in diesem Fall wurde dieses Phänomen nicht einmal in Vero-E6-Zellkulturen beobachtet. Stattdessen versuchten sie eine andere Methode, um „die Pathogenität des ZC45-Erregers zu testen“. Dazu nahmen sie 20 µl des zermahlenen Darmgewebes von Fledermäusen und injizierten sie direkt in die Gehirne von drei Tage alten BALB/c-Ratten. (Gemessen am Gewicht entspräche dies der Injektion von mehreren hundert Millilitern des Materials in ein menschliches Gehirn.¹¹⁴) Der Kontraproduktivität, ein solches biologisches Gewebe direkt in die Gehirne von neugeborenen Tieren aus Inzucht zu injizieren, sollte keiner weiteren Erklärung bedürfen. Wie bei virologischen Experimenten üblich gab es keine Kontrollgruppe, bei der ähnliches biologisches, aber virenfrees Material in die Gehirne anderer Rattenjungtiere injiziert wurde. Sie berichteten, dass „mutmaßliche Viruspartikel“ in einigen der Rattengehirnen zu sehen waren, wiesen aber zu keinem Zeitpunkt die Zusammensetzung oder biologische Funktion dieser beobachteten „mutmaßlichen Viruspartikel“ auf ihren Objektträgern nach. Darüber hinaus wurde eine „Infektion“ auf der Grundlage positiver RT-PCR-Tests erklärt, die in den Rattenjungtieren zum Zeitpunkt ihrer Tötung dieselben RNA-Sequenzen nachgewiesen haben,

¹¹⁰ Ebd.

¹¹¹ Anm. d. Übers.: Mit „turtles“ spielt M.B. auf die Argumentationsfigur des „infiniten Regresses“ an.

¹¹² Anm. d. Übers.: „Turtles all the way down“ bezieht sich auf das zirkuläre Weltbild, demgemäß die Welt auf dem Rücken einer Schildkröte ruht und diese Schildkröte ihrerseits auf einer Schildkröte bzw. einem endlosen Stapel an Schildkröten sitzt.

¹¹³ Hu, Dan et al., 12.09.2018.

¹¹⁴ Western Australian Government - Animal Resource Centre: Rat and Mice Weights, auf Government of Western Australia online, 24.06.2021, https://web.archive.org/web/20210624150454/https://www.arc.wa.gov.au/?page_id=125 [15.08.2023].

die ihnen kurz zuvor injiziert worden waren - offensichtlich nichts, was die Existenz eines Virus voraussetzt.

Ohne irgendwelche vermeintlichen Viruspartikel physisch zu isolieren, fuhren sie fort, die Darmproben zu homogenisieren, zu zentrifugieren und zu filtern, bevor sie erklärten: „Die virale RNA wurde mit einem Viral RNA Mini Kit (Qiagen, Hilden, Deutschland) gemäß den Empfehlungen des Herstellers extrahiert.“ (Siehe Kapitel 2.6 für eine Erklärung, warum es nicht möglich ist, dass Kits dieser Art RNA auf der Grundlage ihrer Herkunft selektiv extrahieren, unabhängig davon, ob Viren vorhanden sind oder nicht.) Anschließend erfolgte der Schritt der reversen Transkription, bevor die PCR-Amplifikation ihres Gebräus durchgeführt wurde. Sie behaupteten, das vollständige Genom von [SL-CoV]ZC45 mit Hilfe von 19 degenerierten PCR-Primerpaaren sequenziert zu haben, die „durch mehrfaches Alignment von verfügbaren SARS-CoV- und Fledermaus-SL-CoV-Sequenzen – hinterlegt in GenBank - entwickelt wurden“. Mit anderen Worten basierte ihre Erklärung, ein virales Genom entdeckt zu haben, nicht auf dem direkten Nachweis eines Virus, sondern auf der Entdeckung von Sequenzen unklarer Herkunft, die an noch fiktiveren „Virus“-Vorlagen ausgerichtet waren. Es wurde nicht bekannt gegeben, wie viele PCR-Amplifikationen in diesem Schritt stattfanden, aber der „RT-PCR-Screening“-Schritt umfasste eine erste Runde von 40 Zyklen, gefolgt von einer zweiten Runde von 30 Zyklen. Eine solche lächerliche Amplifikation würde zu Artefakten führen, d.h. die Zielsequenzen werden lediglich durch den Prozess selbst „gefunden“ und sind nicht unbedingt physisch in den Proben vorhanden.

Bemerkenswert ist, dass die Geschichte mit dem Fledermausvirus seit dem SARS-„Ausbruch“ im Jahr 2003 die angesagteste Lügengeschichte ist und dass die menschliche Rasse jetzt nach tausenden von Jahren ständig von Viren bedroht ist, die aus chinesischen Fledermaushöhlen herauskommen. Im Jahr 2005 war der Präsident der EcoHealth Alliance, Dr. Peter Daszak, Mitverfasser eines Artikels, der in der Zeitschrift Science mit dem Titel „Bats Are Natural Reservoirs of SARS-Like Coronaviruses“¹¹⁵ („Fledermäuse sind natürliche Speicher von SARS-ähnlichen Coronaviren“) erschien. In dieser Studie konnten Daszak und seine Kollegen keine „Coronaviren“ in ihrer Auswahl von Fledermäusen durch die übliche betrügerische Technik der Beobachtung von in vitro CPEs finden und stellten daher fest, dass „kein Virus aus Fäkalabstrichen von PCR-positiven Proben unter Verwendung von Vero E6-Zellen isoliert wurde“. Sie erklärten jedoch mit Freude, sie hätten Belege für solche Viren durch ihre übertrieben hohen (35-45) Zyklen-PCR-Produkte, die aus rohen Fledermausproben gewonnen wurden. Diese wurden als „virale Sequenzen“ bezeichnet, weil sie im Rahmen des virologischen Zirkelschlusses genau eben jene „viralen“ Sequenzen „gefunden“ hatten, auf die ihr PCR-Protokoll ausgelegt war. Sie warnten die Welt auftragsgemäß davor, dass „unter den zoonotischen-Viren in Fledermäusen eine genetische Vielfalt besteht, die die Möglichkeit erhöht, dass Varianten die Artengrenze überschreiten und Krankheitsausbrüche in der menschlichen Bevölkerung verursachen“.

¹¹⁵ Li, Wendong et al.: Bats Are Natural Reservoirs of SARS-Like Coronaviruses, in: Science, Band 310, Nr. 5748, 28.10.2005, <https://doi.org/10.1126/science.1118391> [15.08.2023].

Leider hat sich diese Zoonose-Folklore von der virologischen Fachliteratur bis in die Vorstellungswelt der Öffentlichkeit verbreitet. Daszak ist ein eifriger Förderer und Stifter der Fledermausvirus-Geschichte und riet seinen Kolleg*innen 2015, dass sie, um die Einnahmen zu sichern, „das öffentliche Verständnis für die Notwendigkeit von MCMs (medical countermeasures = medizinischen Gegenmaßnahmen) wie einem Pan-Influenza- oder Pan-Coronavirus-Impfstoff erhöhen müssen“¹¹⁶.

Jedenfalls führt ein Zweig einer der imaginären Coronavirus-Vorlagen zu einer der ursprünglichen Behauptungen über das SARS-CoV-Genom zurück, das angeblich die Ursache des ersten SARS-„Ausbruchs“ war. Im April 2003 reichten Yijun Ruan et al. ihr „SARS-Coronavirus Sin2500, vollständiges Genom“ bei GenBank ein, das die Zugangsnummer AY283794.1 erhielt.¹¹⁷ Dieses Genom wurde jedoch nicht durch die direkte Sequenzierung vermeintlicher Viruspartikel, sondern – wie gewohnt – durch die Sequenzierung der RNA in einem Vero-Zellkulturexperiment durch „sowohl Shot-Gun- als auch Specific-Priming-Ansätze“ mit einem Abgleich mit „der MausHepatitis-Virus-Genomsequenz (NC_001846) als Rückgrat“¹¹⁸ erfunden. Das NC_001846.1-Genom wurde wiederum 1997 erfunden und angeblich von einem Virus abgeleitet, das „ursprünglich von Dr. Lawrence Sturman erhalten“ und sequenziert wurde, „indem als Vorlagen zytoplasmatische RNA verwendet wurden, die aus L2-Zellmonolayern extrahiert wurde, die mit dem Wildtyp MHVA59, C12, C3, C5 C8, B11 oder B12 infiziert waren“¹¹⁹. Die Behauptung, dass sie mit einem Virus begannen, scheint auf Dr. Sturmans Versicherung zu beruhen, dass die von ihm zur Verfügung gestellte Probe so etwas enthält.

Es sollte an dieser Stelle klar sein, dass jedes Coronavirus-Genom mit anderen so genannten Genomen verglichen wurde, ohne dass die Virolog*innen nachweisen konnten, dass irgendeine dieser Sequenzen von einem Virus stammt. Es ist daher sehr lehrreich, zum angeblich ersten vollständigen Coronavirus-Genom zurückzugehen, das veröffentlicht wurde, und zwar das „Avian Infectious Bronchitis Virus“, das 1987 von Bournsnel et al.¹²⁰ veröffentlicht wurde und später von anderen als eine der ursprünglichen Vorlagen verwendet wurde. Sie sequenzierten keine der postulierten viralen Partikel direkt, aber verwendeten „siebzehn cDNA-Klone, die die 3' 27.569 kb

¹¹⁶ Forum on Medical and Public Health Preparedness for Catastrophic Events: Developing MCMs for Coronaviruses, in: Rapid Medical Countermeasure Response to Infectious Diseases: Enabling Sustainable Capabilities Through Ongoing Public- and Private-Sector Partnerships: Workshop Summary (English Edition), National Academies Press, 29.07.2016, <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK349040/> [15.08.2023].

¹¹⁷ Genbank: SARS coronavirus Sin2500, complete genome – Genbank AY283794.1, 27.04.2003, <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/30468042> [15.08.2023].

¹¹⁸ Ruan, Yijun et al.: Comparative full-length genome sequence analysis of 14 SARS coronavirus isolates and common mutations associated with putative origins of infection, in: Lancet, 361(9371), 1779-1785, 24.05.2003, <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7140172/> [15.08.2023].

¹¹⁹ Leparco-Goffart, Isabelle et al.: Altered Pathogenesis of a Mutant of the Murine Coronavirus MHV-A59 Is Associated with a Q159L Amino Acid Substitution in the Spike Protein, in: Virology, 08.12.1997, <https://doi.org/10.1006/viro.1997.8877> [15.08.2023].

¹²⁰ Bournsnel, Michael et al.: Completion of the Sequence of the Genome of the Coronavirus Avian Infectious Bronchitis Virus, in: Journal of General Virology, Band 68, Nr. 1, 01.01.1987, <https://doi.org/10.1099/0022-1317-68-1-57> [15.08.2023].

von 3' des Genoms abdecken“, mit dem Hinweis, dass die Klone „von RNA abgeleitet wurden, die aus gradientengereinigtem Virus des Beaudette-Stammes isoliert wurde“ (Beaudette & Hudson, 1937; Brown & Bournsnel, 1984). In der zitierten Arbeit von Brown & Bournsnel heißt es: „Die Präparation von cDNA-Klonen wurde zuvor beschrieben (Brown und Bournsnel, 1984)“¹²¹. Als Quelle wird ihre Publikation mit dem Titel „Die RNA des Virengenoms der infektiösen Bronchitis bei Vögeln enthält Sequenzhomologien zwischen den Genen“¹²² angegeben. In diesem Aufsatz wird behauptet, dass der „IBV-Stamm Beaudette in 11 Tage alten embryonierten Eiern gezüchtet wurde“ und dass „die Virionen aus Allantoisflüssigkeit isoliert und durch isopyknische¹²³ Zentrifugation auf Saccharosegradienten gereinigt [wurden]“. Es wurde jedoch in keiner dieser Arbeiten nachgewiesen, dass sie (a) irgendetwas gereinigt haben - geschweige denn „Virionen“ - das die Form von affirmativen elektronenmikroskopischen Aufnahmen hätte, oder (b) gültige Kontrollversuche durchgeführt haben. Alles, was wir sehen können, ist, dass sie davon ausgingen, dass Viren in ihrer Kulturmischung vorhanden waren, und nach der Zentrifugation behaupteten, die nachgewiesenen RNA Sequenzen stammten von diesen imaginären Viren.

Die ursprüngliche Behauptung, sie hätten es mit einem Virus (IBV) zu tun, geht auf die 1930er Jahre zurück und beruhte auf denselben logisch nicht zwingenden Schlussfolgerungen, die aus der Methodik der RousSarkom-„Virus“-Experimente von 1911 gezogen wurden (siehe Kapitel 1.4). Im Falle des IBV wurde Material von erkrankten Hühnern entnommen, durch Berkefeld-Bakterienfilter geleitet und dann in die Atemwege anderer Hühner eingeführt¹²⁴. Mit der Begründung, dass diese Methodik auch die Empfängervögel krank machen könnte, wurde erklärt, dass „diese Ergebnisse zeigen, dass die Krankheit durch ein filtrierbares Virus verursacht wird“. Es wurde jedoch in keinem einzigen Experiment nachgewiesen, dass ein infektiöses Partikel für die toxischen Effekte verantwortlich ist. Kurz gesagt, die nachfolgenden „Coronavirus“-Phylogenetische-Bäume, die seit den 1980er Jahren erstellt wurden, sind kein Beleg für „sich entwickelnde Viren“, sondern Beleg für ein mehrstufiges Markierungsschema, zu dem es keine etablierte physische Entsprechung in der Natur gibt.

¹²¹ Bournsnel, Michael & T.D.K. Brown: Sequencing of coronavirus IBV genomic RNA: a 195base open reading frame encoded by mRNA B, in: Gene, Band 21, Nr. 1-2, 07-08/1984, online verfügbar ab 16.01.2003, [https://doi.org/10.1016/0378-1119\(84\)90169-0](https://doi.org/10.1016/0378-1119(84)90169-0) [15.08.2023].

¹²² Brown, T.D.K. & Michael Bournsnel: Avian infectious bronchitis virus genomic RNA contains sequence homologies at the intergenic boundaries, in: Virus Research, Band1, Nr. 1, 01/1984, online verfügbar ab 12.1.2002, [https://doi.org/10.1016/0168-1702\(84\)90031-5](https://doi.org/10.1016/0168-1702(84)90031-5) [15.08.2023].

¹²³ Anm. des Autors: Bei der isopyknischen Zentrifugation werden die Partikel nach ihrer Dichte getrennt, bei der rate-zonal-Zentrifugation nach ihrer Größe. Vgl. Madhu: Difference between rate zonal and isopycnic centrifugation, auf: differencebetween.com, <https://www.differencebetween.com/difference-between-rate-zonal-and-isopycnic-centrifugation/> [15.08.2023].

¹²⁴ Beach, J. R. & O. W. Schalm: A Filterable Virus, Distinct from that of Laryngotracheitis, the Cause of a Respiratory Disease of Chicks, in: Poultry Science, Band 15 , Nr. 3, 01.05.1936, online verfügbar ab 11.12.2019 <https://doi.org/10.3382/ps.0150199> [15.08.2023].

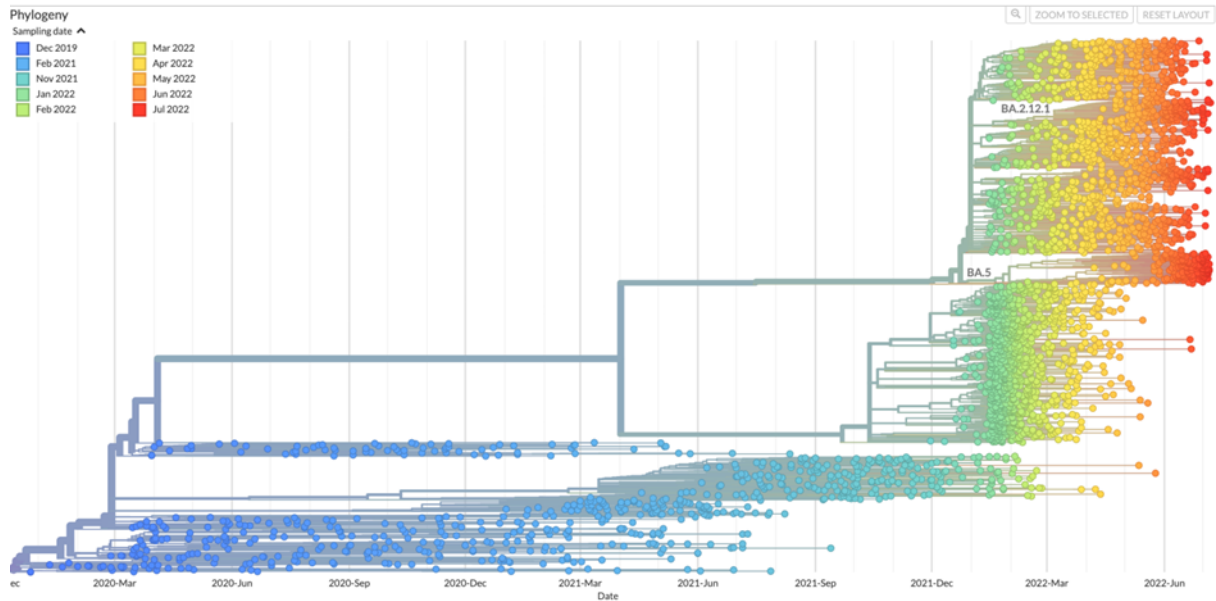


Abbildung 5

Der phylogenetische Stammbaum von SARS-CoV-2 auf [GISAID.org https://gisaid.org/phylogenetics/global/nextstrain/](https://gisaid.org/phylogenetics/global/nextstrain/) Stand vom 15. Juli 2022. Es wurde nie gezeigt, dass das erste „Genom“ vom Dezember 2019 (Fan Wu et al.) von einem Virus stammt, vielmehr wurden durch den Zirkelschluss der Virologie ähnliche Sequenzen, die an anderen Orten gefunden wurden, als Beleg für ein sich entwickelndes „Virus“ angeführt. Aufgrund der fehlenden Kontrollversuche stellt sich jedoch heraus, dass es sich um einen fiktiven in silico-Stammbaum handelt. Das Detektieren ausgewählter genetischer Sequenzen in der Umwelt oder vielmehr die Behauptung, ausgewählte genetische Sequenzen in der Umwelt zu detektieren, bestätigt die Existenz eines Virus in keiner Weise, angesichts der Tatsache, dass die Herkunft der Sequenzen nicht belegt oder fehlgedeutet wurde. Gleiches gilt für aufgespürte Proteine.

Die Menschheit läuft nun Gefahr, dass die mutmaßlichen Coronavirus-Genome, die aus den Spekulationen der Virolog*innen hervorgegangen sind, nun als Vorlagen für die Herstellung und Injektion von Produkten bei bedauernswerten Empfängern verwendet werden, denen vorgegaukelt wurde, dass die neueste Erfindung der Virologie echt sei. Das heißt, dass man sich auf die genomischen Erfindungen der Virologie verlassen hat, um völlig unnötige medizinische und politische Interventionen zu schaffen. Die gefährliche und höchst experimentelle mRNA- und Nanolipid-Biotechnologie hat in den letzten 30 Jahren mehr Menschen getötet als alle anderen Impfstoffe zusammen - und wir haben gerade erst begonnen, zu zählen.¹²⁵

3. Die Behauptung der CDC zu SARS-CoV-2

Mit der inzwischen bekannten Langsamkeit brauchten die CDC acht Monate, um auf eine Anfrage gemäß Informationsfreiheitsgesetz zu antworten, die sich auf ihre Behauptungen zur „Isolierung von SARS-CoV-2“ in ihrer im Juni 2020 veröffentlichten *Emerging Infectious Diseases*-Studie „Ernsthaftes akutes Atemwegssyndrom von einem Patienten mit Coronavirus-Krankheit, Vereinigte Staaten von

¹²⁵ <https://vaersanalysis.info/> [15.08.2023].

Amerika“ von Jennifer Harcourt et al. bezog¹²⁶. Die Fragen, die mein Kollege an die CDC richtete, waren einfach und beinhalteten Folgendes:

*„Haben die Wissenschaftler bei dieser Arbeit Kontrollgruppen verwendet? Wenn ja, wurden bei den Kontrollgruppen die gleichen Formeln von Zellkulturmischungen verwendet wie bei der Experimentalgruppe **ohne** die Probe, die die angeblichen Viren enthält? Kurz gefasst: Wenn Kontrollgruppen verwendet wurden, geben Sie bitte Details zu den Kontrollgruppen an.“¹²⁷*

Anstatt Jennifer Harcourt oder einen ihrer Mitarbeiter*innen zu bitten, diese einfache Anfrage zu beantworten, antwortete die CDC am 29. März 2022, dass sie „37 Seiten mit zugänglichen Datensätzen und eine Excel-Tabelle geortet“ habe, angeblich im Zusammenhang mit dem angeforderten Material¹²⁸. Zusammenfassend lässt sich sagen, dass die „Suchergebnisse“ der CDC Folgendes umfassten¹²⁹:

1. Interne CDC-E-Mails, in denen Bilder wie in Abbildung 6 geteilt werden, zeigen angeblich „Bildausschnitte von potenziellem 2019 N-CoV aus dem ersten US-Fall“. CDC-Forschungsmikrobiologe Azaibi Tamin hoffte, dass „einige dieser 7 Lysate zeigen, dass der CPE durch das 2019 N-CoV verursacht wird“, während Stephen Lindstrom kommentierte, es seien „sehr schöne unglückliche Zellen“. Natalie Thornburg, die Leiterin des Immunologie-Teams für Atemwegsviren, fragte dann, ob sie „die Original-JPEG- oder TIFF-Dateien für deren CPE-Bilder schicken könnten“ und erklärte, dass sie „mit einer Arbeit an einer qualitativ hochwertigen Grafik beginnen [möchte]“.
2. Die GenBank-Zugangsnummern MT020880 und MT020881, die in der Veröffentlichung von Harcourt et al./CDC aufgelistet und bereits öffentlich zugänglich waren.
3. Die Veröffentlichung von Na Zhu et al. im New England Journal of Medicine „Ein neuartiges Coronavirus aus Patienten mit Lungenentzündung in China, 2019“¹³⁰, die laut der CDC-Elektronenmikroskopikerin Cynthia Goldsmith „zwei sehr schöne EM-Bilder in Abbildung 3 hat, eines von ‚menschlichem Atemwegsepithel‘“ (Seite 16/37 der PDF). Wir haben in „The COVID-19 Fraud & War on Humanity“ herausgearbeitet, dass Na Zhu und seine Kolleg*innen sich ebenfalls unkontrollierter Experimente zum

¹²⁶ Harcourt, Jennifer et al., 06/2020.

¹²⁷ Anonym, E-Mail „FOIA: Control Group Information requested for Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 from Patient with Coronavirus Disease, United States“, 01.08.2021. (Der anonymisierte Brief befindet sich im Besitz des Autors.)

¹²⁸ Andoh, Roger: Brief via E-Mail von Roger Andoh, Centers for Disease Control and Prevention und Agency for Toxic Substances and Disease Registry (CDC/ATSDR), an **anonym** zur FOI-Anfrage #21-01704-FOIA, auf: fluoridefreepeel.ca, 29.03.2022, <https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/05/CDC-Harcourt-mock-infected-MS-PACKAGE-redacted.pdf> [15.08.2023].

¹²⁹ Ebd.: Seite 37/37

¹³⁰ Zhu, Na et al., 20.02.2020, 728

Zusammenbruch von Kulturgewebe schuldig gemacht haben, in denen sie elektronenmikroskopische Aufnahmen von extrazellulären Vesikeln unbewiesener Zusammensetzung und biologischer Funktion „2019-nCoV“ getauft haben¹³¹. (Einer der Co-Autoren der Arbeit, Wenjie Tan, sagte am 18. März 2020 zu Torsten Engelbrecht, dass sie „ein Bild von sedimentierten Viruspartikeln haben, nicht von gereinigten“¹³². Die Behauptung, dass es sich um „Viruspartikel“ handelt, ist also lediglich eine These, da in keinem Teil dieser Arbeit die Zusammensetzung oder die biologische Funktion dieser abgebildeten Bläschen gezeigt wird.)

4. Eine Tabelle mit nicht informativen PCR-Zyklus-Schwellenwerten für „vier Viren“, die an das Diagnoselabor der CDC Abteilung für Atemwegsviren weitergeleitet wurden.
5. Eine Seite begann mit den Worten: „Aus verwaltungstechnischen Gepflogenheiten und um Ihre Anfrage vollständig zu beantworten, haben die Programmverantwortlichen die folgenden Informationen unten mit den entsprechenden Weblinks zur Verfügung gestellt“. Diese enthielten aber absolut keine Informationen darüber, wie die Experimente der CDC zur „viralen Isolation“ angemessen kontrolliert wurden.



Abbildung 6

In ihrer FOIA-Antwort <https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/05/CDC-Harcourt-mock-infected-MS-PACKAGE-redacted.pdf> vom 29. März 2022 wurden die Details der Bilder zum „Schein“-Experiment von den CDC trotz ausdrücklicher Anfrage nicht bereitgestellt. Die anderen Bilder liefern angeblich die Belege für die zytopathischen Wirkungen (und damit die implizite Existenz) von SARS-CoV-2.

¹³¹ Bailey, Mark & John Bevan-Smith, 11.11.2021.

¹³² Engelbrecht, Torsten & Konstantin Demeter: COVID19 PCR Tests are Scientifically Meaningless, in: off-Guardian, 27.06.2020, <https://off-guardian.org/2020/06/27/covid19-pcr-tests-are-scientifically-meaningless/> [15.08.2023].

Am 23. Dezember 2021 reichte auch Christine Massey eine Anfrage an die CDC ein, in der sie um vollständige Informationen zum „Scheininfections“-Experiment von Harcourt et al. bat, einschließlich „der Menge des Materials von nicht infizierten nasopharyngealen und oropharyngealen Abstrichproben, die der Zellkultur-Kontrollgruppe hinzugefügt wurde“¹³³. Die CDC antworteten schließlich am 10. Mai 2022 auf Massey's Anfrage mit 36 Seiten ähnlich wenig hilfreichen Informationen und der folgenden Entschuldigung:

*„In Bezug auf bestimmte Teile Ihrer Anfrage ergab eine Suche in unseren Unterlagen keine Dokumente, die Ihre Anfrage betreffen. Diese Teile beziehen sich auf Ihre Anfrage nach spezifischen ‚Details zur Zellkultur der Experimentalgruppe‘, ‚Details zur scheininfizierten Kontrollgruppe‘ und ‚Details zur *Gesamt*genom-Sequenzierung – Purity und Kontrolldetails‘ Ihre Anfrage wurde an das National Center for Immunization and Respiratory Diseases (NCIRD, dt.: Nationales Zentrum für Immunisierung und Atemwegserkrankungen) zur Suche weitergeleitet. Die Mitarbeiter des NCIRD antworteten, dass bestimmte Details ihrer Anfrage nicht als von der CDC kontrollierte oder verwaltete Aufzeichnungen verfügbar sind.“¹³⁴*

Mit anderen Worten, die CDC scheint völlig ignorant gegenüber der Tatsache zu sein, dass sie nicht der wissenschaftlichen Methode folgt, oder sie hat erkannt, dass das Spiel vorbei ist, und gibt unaufrichtige Antworten. So oder so kann man sie nicht als Quelle zuverlässiger wissenschaftlicher Informationen ernst nehmen, da auch sie ihre Virenbelege nur auf unkontrollierte Experimente stützen.

4. Die Enthüllungen von Peng Zhou et al.

Es hat Situationen gegeben, in denen die Ermittler Antworten zu ihren Methoden gegeben haben, in denen sie - absichtlich oder nicht - überraschend offen über ihre unwissenschaftlichen Experimente gesprochen haben. Am 3. Februar 2020 veröffentlichten Peng Zhou und Kollegen ihren Artikel „Ein Lungenentzündungsausbruch, der in Verbindung mit einem neuen Coronavirus steht, dessen Ursprung wahrscheinlich Fledermäuse sind“ im Magazin *Nature* und behaupteten, „ein neues Coronavirus (2019-nCoV) identifiziert und charakterisiert zu haben“¹³⁵. In ihrem „Isolation“-

¹³³ Massey, Christine: FOIA request to CDC: Harcourt et al. "SARS-COV2 isolation" paper - unpublished details, auf: [fluoridefreepeel.ca](https://www.fluoridefreepeel.ca), 08:18 AM, 23.12.2021, <https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/05/CDC-Harcourt-mock-infected-CM-PACKAGE-redacted.pdf> [15.08.2023].

¹³⁴ Magyar, Emerique (CDC/ATSDR) : abschließender Antwortbrief auf die FOIA-Anfrage vom 23.12.2021 mit der Nummer #22-00578-FOIA an Christine Massey, auf: [fluoridefreepeel.ca](https://www.fluoridefreepeel.ca), 05:27 PM, 10.05.2022: <https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/05/CDC-Harcourt-mock-infected-CM-PACKAGE-redacted.pdf> [15.08.2023].

¹³⁵ Zhou, Peng et al.: A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin, in: *Nature*, 579, 12.03.2020 <https://www.nature.com/articles/s41586-020-2012-7> [15.08.2023].

Experiment legten die Autoren Bilder vor, die anscheinend CPEs in den angeblich „2019-nCoV-infizierten“ Vero E6-Zellen, aber keine CPEs in den „Schein-infizierten Zellen zeigten“¹³⁶ – die letzteren wurden dabei als „Kontrolle“ bezeichnet. Aber wie genau waren diese scheinbaren Kontrollexperimente aufgebaut? Die Details waren in der veröffentlichten Arbeit nicht enthalten, sodass sie im August 2021 von einem meiner Kollegen kontaktiert wurden, der einige verblüffende Eingeständnisse von einem der Mitautoren der Arbeit, Xing-Lou Yang, gewann. Zum Einen gab es keine positiven Kontrollexperimente, d.h. mit vergleichbaren menschlichen Proben ohne das angebliche Virus. Abgesehen davon gab Yang an, dass sie in der Versuchsgruppe die Penicillin- und Streptomycindosis verdoppelt hatten.¹³⁷ Auf die Frage, warum diese Variable verändert wurden, lautete die Antwort: „Die Intention von Anti-Anti [den beiden Antibiotika] ist es, eine Kontamination durch Bakterien oder Pilze während der Virus-Isolierung zu verhindern, so dass eine Konzentration von 1% oder 2% das Zellwachstum nicht beeinträchtigte. 2% in der 1. Gen [Generation, Anm. M.B.] diente dem Zweck, eine Kontamination der Proben zu verhindern.“¹³⁸

Mein Kollege schlug Yang vor, das „Kontroll“-Experiment mit den höher dosierten Antibiotika zu wiederholen, um sicherzustellen, dass dies nicht einer der Faktoren ist, die die CPEs in der Nierenzelllinie auslösen. Yang antwortete daraufhin ausweichend: „Wenn Sie sicherstellen könnten, dass Sie eine Kontamination durch bac [Bakterien] oder Pilze verhindern können, brauchen Sie die Anti-Anti nicht zu verwenden“¹³⁹ und ignorierte dabei scheinbar den entscheidenden Punkt, dass es die zusätzlichen Antibiotika selbst sein könnten, die für die Zellen toxisch waren (zumal Streptomycin bekanntermaßen nierenschädigend ist). Zumindest wurde deutlich, dass sie im Kontrolldurchgang mehr als eine Variable verändert und damit ihre Ergebnisse noch weiter entkräftet haben (siehe. Abbildung 7).

Control Group Vero E6

- Cell Culture Plate: 24 wells
- Cell Lines: Vero E6
- DMEM: 0.5 ml per well
- FBS: 2%
- Anti-Anti: 1%
- Trypsin: None

Experimental Group Vero E6

- Cell Culture Plate: 24 wells
- Cell Lines: Vero E6
- DMEM: 0.5ml per well
- FBS: 2%
- Anti-Anti: 2%(1st gen), 1% (next gen)
- Trypsin: None

Abbildung 7

Die Studie von Peng Zhou et al. und deren bisher unveröffentlichte Methodik: In der Experimentalgruppe wurden doppelt so viel Antibiotika verwendet wie in der Kontrollgruppe und nur in einer der 24 Petrischalen der Experimentalgruppe wurde ein zytopathischer Effekt beobachtet. Es wird erklärt, dass dies Evidenz für einen neuen viralen Erreger „2019-nCoV“ liefert, der später in SARS-CoV-2 umbenannt wurde.

¹³⁶ Ebd., Extended Data Fig. 6: Isolation and atigenic characterization of 2019-nCoV, auf: nature.com, <https://www.nature.com/articles/s41586-020-2012-7/figures/9> [15.08.2023].

¹³⁷ E-Mail von Xing-Lou Yang, 05.08.2021; sie befindet sich im Besitz des Autors.

¹³⁸ Ebd.

¹³⁹ Ebd.

Eine weitere verblüffende Enthüllung der Autoren war, dass in ihrer Versuchsgruppe nur eine von 24 Petrischalen mit Vero-E6-Nierenzellkulturen Anzeichen von CPEs aufwiesen.¹⁴⁰ Das, was als experimentelle Fehlerspanne betrachtet werden sollte, ist die Grundlage einer der Erklärungen eines angeblich tödlichen neuen Krankheitserregers, der in einem Artikel beschrieben wird, der bis Juli 2022 1,34 Millionen Mal aufgerufen und über zehntausend Mal zitiert wurde.¹⁴¹ Erkennen die anderen Autoren, die diese Arbeit zitiert haben, wie hauchdünn die „Belege“ sind, auf denen dieses Kartenhaus namens COVID-19 aufgebaut ist? Vielleicht sind sie von einer solchen Enthüllung völlig unbeeindruckt, da biologische Experimente zunehmend aufgegeben werden, während man absurderweise behauptet, dass In-silico-„Genome“ ausreichende Belege für die Existenz von Viren liefern. Zhou et al. verkündeten stolz, dass ihre Computersimulation auf der Ebene des Gesamtgenoms „zu 96% identisch mit einem Fledermaus-Coronavirus ist“. Sie beschlossen, ihre neue virale Erfindung mit dieser Sequenz abzugleichen, da sie (obwohl es sich auch bei dieser Sequenz um ein künstliches Computerkonstrukt handelt, auf die man sich gemäß des Konsensprinzips geeinigt hat) davon ausgingen, dass „frühere Studien gezeigt haben, dass einige Fledermaus-SARS-CoVs das Potenzial haben, Menschen zu infizieren“¹⁴². Ihre Software baute zusammen, was zu den GenBank-Zugangsnummern MN996527-MN996532 wurde, und diese Form von gekünstelten „Belegen“, denen es ebenfalls an gültigen Kontrollen fehlt, wurde in dieser Abhandlung dokumentiert.

5. Mehr Täuschung aus Wuhan?

Anfang 2022 veröffentlichte ein Mathematiker, der mit Dr. Stefan Lanka zusammenarbeitet, eine Analyse der assoziierten Sequenzdaten, die von Fan Wu et al. erstellt wurden.¹⁴³ Er kam zu folgendem alarmierenden Schluss:

„Eine Wiederholung der de novo Assemblierung mit Megahit (v.1.2.9) zeigte, dass die veröffentlichten Ergebnisse nicht reproduziert werden konnten. Wir detektierten möglicherweise (...) (ribosomale) Ribonukleinsäuren humanen Ursprungs, im Gegensatz zu dem, was [von Fan Wu et al.] berichtet wurde (...) Es fehlt der Nachweis, dass zur Konstruktion des behaupteten Virusgenoms für SARS-CoV-2 ausschließlich

¹⁴⁰ Ebd.

¹⁴¹ Zhou, Peng et al.: Article metrics, A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin, auf Nature.com, zuletzt aktualisiert am 21.08.2023, <https://www.nature.com/articles/s41586-020-2012-7/metrics> [15.08.2023].

¹⁴² Zhou, Peng et al., 12.03.2020.

¹⁴³ Ein anonymen Mathematiker: Strukturelle Analyse von Sequenzdaten in der Virologie · Tabellen und Abbildungen, in: Wissenschaftplus magazin, 01/2022.

English version: <https://brandfolder.com/s/3z266k74ppmnwkvfrxs6jjc> [15.08.2023].

Deutsche Version: [Strukturelle-Analyse-von-Sequenzdaten-Wplus-01-2022.pdf](https://www.wissenschaftplus-magazin.de/Strukturelle-Analyse-von-Sequenzdaten-Wplus-01-2022.pdf) ([impfen-nein-danke.de](https://www.wissenschaftplus-magazin.de/impfen-nein-danke.de)) [15.08.2023].

virale Nukleinsäuren verwendet wurden. Weiter wurden in Bezug auf die Konstruktion der behaupteten viralen Erbgutstranges keine Ergebnisse möglicher Kontrollexperimente veröffentlicht. Dies gilt ebenso für alle weiteren in der vorliegenden Arbeit betrachteten Referenzsequenzen. Im Falle von SARS-CoV-2 bestünde eine naheliegende Kontrolle darin, dass aus unverdächtigen RNA-Quellen menschlichen, oder auch anderen Ursprungs, das behauptete Virusgenom nicht assembliert werden kann.“

Abgesehen von der Tatsache, dass die derzeitigen Methoden der Virologie zum Aufspüren von Viren abgelehnt werden sollten, wirft die mangelnde Reproduzierbarkeit ihrer eigenen experimentellen Resultate sofort Fragen zu den Umständen auf, unter denen die ursprünglichen Erfinder von SARS-CoV-2 ihr neues Virus der Welt bekannt gaben. Tatsächlich ergab diese unabhängige Analyse nur 28.459 Contigs, deutlich weniger als die von Fan Wu et al. angegebene Zahl (384.096). Außerdem betrug das längste unabhängig ermittelte Kontig 29.802 Nukleotide, was 672 Nukleotide kürzer war als das von Fan Wu, was bedeutet, dass „die veröffentlichten Sequenzdaten nicht die ursprünglichen Reads sein können, die für die Assemblierung verwendet wurden“. Die Analyse des Mathematikers ergab Folgendes:

„Der Abgleich mit der Nukleotiddatenbank am 05.12.2021 zeigte eine hohe Übereinstimmung (98,85%) mit ‚Homo sapiens RNA, 45S pre-ribosomal N4 (RNA45SN4), ribosomal RNA‘ (GenBank: NR_146117.1, vom 04.07.2020). Diese Beobachtung steht im Widerspruch zu der Behauptung in [1], dass eine ribosomale RNA-Depletion durchgeführt und humane Sequenzlesungen unter Verwendung des menschlichen Referenzgenoms (human release 32, GRCh38.p13) gefiltert wurden. Bemerkenswert hierbei ist die Tatsache, dass die Sequenz NR_146117.1 erst nach der Veröffentlichung der hier betrachteten Sequenzbibliothek SRR10971381 publiziert wurde. Diese Beobachtung unterstreicht die Schwierigkeit der a priori Bestimmung des exakten Ursprungs der einzelnen Nukleinsäurefragmente, die zur Konstruktion behaupteter viraler Genomsequenzen Verwendung finden.“

Damit waren die Probleme aber noch nicht vorbei. Die Verteilung der Abdeckung des Genoms war bei einigen Contigs extrem inhomogen und angesichts der hohen Fehlerquote stellte sich die Frage, ob einige der Sequenzen einfach durch die PCR-Amplifikationsbedingungen selbst erzeugt wurden. Auch hier handelt es sich um eine anti-wissenschaftliche Methode, da keine geeigneten Kontrollexperimente (mit ähnlichen, vom Menschen stammenden Proben) durchgeführt werden, um diese Möglichkeiten zu untersuchen. Die unabhängige Analyse enthüllte, dass Fan Wu et al. bei ihrem 41-jährigen Mann aus Wuhan, der sich mit einer Lungenentzündung als einer der ersten behaupteten COVID-19-Fälle vorstellte, bessere In-silico-Übereinstimmungen für „HIV“ und „Hepatitis D-Virus“ hätten finden können als „ein neues Coronavirus“. Wenn die Virolog*innen ein

Virus finden wollen, hängt alles davon ab, wie sie ihre Protokolle gestalten und wonach sie den Computer suchen lassen - und woher sollen diese „Geschichtenerzähler*innen“ wissen, wonach sie suchen sollen?

6. Professor Stephen Bustin's Vorbereitungen einer PCR-Pandemie

„Wissenschaftler neigen zu der Annahme, dass alles, was außerhalb ihres Interessengebiets liegt, wahr ist und dass sie sich einfach darauf verlassen können.“

– David Crowe nach seinem Interview mit Stephen Bustin im April 2020.¹⁴⁴

Um die Illusion der COVID-19-„Pandemie“ aufrechtzuerhalten, wurden Fälle benötigt. Diese wurden durch das weltweit größte „Testprogramm“ für Menschen bereitgestellt, bei dem Milliarden von PCR-Kits auf der ganzen Welt verteilt wurden. Es bleibt uns ein Rätsel, warum Stephen Bustin, der ein „weltbekannter Experte auf dem Gebiet der quantitativen PCR ist und dessen Forschung sich auf die Umwandlung molekularer Techniken in praxistaugliche, robuste und zuverlässige Werkzeuge für den klinischen und diagnostischen Einsatz konzentriert“¹⁴⁵, nicht entschieden auf die unangemessene Verwendung des PCR-Verfahrens hingewiesen hat. Bustin war der Hauptautor der 2009 veröffentlichten „MIQE-Richtlinien: Mindestinformationen für die Veröffentlichung quantitativer Echt-Zeit-PCR-Experimente“¹⁴⁶, in der die wichtigsten konzeptionellen Überlegungen für Real-Time-PCR-Experimente wie folgt skizziert wurden:

2. *„Die analytische Sensitivität bezieht sich auf die Mindestanzahl von Kopien in einer Probe, die mit einem Test genau gemessen werden kann, wohingegen die klinische Sensitivität der Prozentsatz an Personen mit einer bestimmten Störung ist, die der Test als für diese Störung positiv identifiziert.“*
3. *Analytische Spezifität bedeutet, dass der qPCR-Test die entsprechende Zielsequenz nachweist statt andere, nicht-spezifische Ziele, die ebenfalls in einer Probe vorhanden sind. Diagnostische Spezifität ist der Prozentsatz der Personen ohne eine bestimmte Erkrankung, die der Assay als negativ für diese Erkrankung identifiziert.“*

¹⁴⁴ Crowe, David: Simplifying RT-PCR, 21.04.2020, in: Podcast „The Infectious Myth“, <https://infectiousmyth.podbean.com/e/the-infectious-myth-simplifying-rt-pcr/> [15.08.2023].

¹⁴⁵ „Stephen Bustin“ – Profil auf Anglia Ruskin University online, <https://www.aru.ac.uk/people/stephen-bustin> [15.08.2023].

¹⁴⁶ Bustin, Stephen A. et al.: The MIQE Guidelines: Minimum Information for Publication of Quantitative Real-Time PCR Experiments, in: Clinical Chemistry, 01.04.2009, <https://doi.org/10.1373/clinchem.2008.112797> [15.08.2023].

Wenn Bustin der Wissenschaft treu geblieben wäre, hätte er die PCR-Pandemie im Januar 2020 stoppen müssen, als die Corman-Drosten PCR-Protokolle veröffentlicht wurden.¹⁴⁷ Das Wort „Spezifität“ taucht nur einmal im Corman-Drosten-Papier auf und es hatte nichts mit der Diagnostik eines klinischen Zustands zu tun, geschweige denn mit einer Virusinfektion. Es gab keinen „Nachweis von 2019-nCoV“, wie in dem Papier behauptet wurde. Bestimmt wurde lediglich die analytische Spezifität ihres Tests zum Nachweis ausgewählter Zielsequenzen. Konkret wurde ein In-vitro-Molekularreaktionsexperiment mit synthetischer Nukleinsäure-Technologie durchgeführt, wofür die Existenz eines Virus nicht erforderlich ist. Außerdem wurde nicht bestimmt, wie das PCR-Ergebnis mit einem klinischen Zustand zusammenhängt, d.h. es wurde nie gezeigt, dass die COVID-19-PCR-Kits irgendetwas in einem menschlichen Subjekt diagnostizieren: eine erfundene Krankheit, die auf einem fiktiven Virus basiert.

Abgesehen von der Frage der Spezifität wurde nicht veröffentlicht, dass der Weltexperte für PCR im April 2020 zu David Crowe sagte, dass es (selbst gemäß des Selbstverständnisses der Virologie) „absoluter Unsinn“ sei, ein Coronavirus-PCR-Testergebnis bei 36-37 Zyklen als „positiv“ zu bezeichnen, wie es weltweit praktiziert wurde und dass dies „überhaupt keinen Sinn“ ergebe¹⁴⁸. Der PCR-Betrug wurde jedoch noch offensichtlicher, als Eric Coppelino Bustin im Februar 2021 auf Planet Waves FM interviewte.¹⁴⁹ Coppelinos Absicht war es, Genaueres über den problematischen Schritt der reversen Transkription (RT) des RT-PCR-Verfahrens herauszufinden, aber er war nach dem Interview fassungslos, als er feststellte, dass der Test, den er für manchmal ungenau hielt, völlig betrügerisch war.¹⁵⁰ Bustin schien sich unwohl zu fühlen, als Coppelino darauf hinwies, dass alle positiven PCR-Ergebnisse als „bestätigter Fall von Infektion“ bezeichnet wurden, auch wenn sie keine Symptome aufwiesen.¹⁵¹ Anstatt zuzugeben, dass die diagnostische Spezifität der PCR-Kits nie bestimmt worden war, gab Bustin nur nebensächliche Erklärungen ab, wie z.B. die Behauptung, dass „die Intensivstationen im Moment überfüllt sind“.

Außerdem verteidigte er die verwendeten PCR-Protokolle mit der Behauptung, dass „diese Lungenentzündung durch dieses Virus verursacht wurde“, dass dieses Virus dort auftauchte, „wo immer mehr Menschen mit den gleichen Symptomen erkrankten“ und dass „diese Primer (...) das Virus [detektieren]“. Als Coppelino ihn auf das Fehlen der Virus-Isolierung ansprach, die notwendig wäre, um diese Behauptungen aufstellen zu können, antwortete Bustin, dass „die Sequenz erstellt wurde, indem man die Proben des ursprünglichen Patienten nahm, sie etwas anzüchtete, sie dann sequenzierte und die Sequenz zerlegte“ – dabei sei das SARS-Virus „herausgekommen“. Leider

¹⁴⁷ Corman, Victor et al.: 23.01.2020.

¹⁴⁸ Crowe, David: Stephen Bustin on Challenges with RT-PCR, in: Podcast “The Infectious Myth”, 14.04.2020, <https://infectiousmyth.podbean.com/e/the-infectious-myth-stephen-bustin-on-challenges-with-rt-pcr/> [15.08.2023].

¹⁴⁹ Coppelino, Eric F., 01.02.2021.

¹⁵⁰ Persönlicher Austausch mit Eric Coppelino, die Nachrichten befinden sich im Besitz des Autors.

¹⁵¹ Coppelino, Eric F., 01.02.2021.

reproduzierte Bustin den Missbrauch des Wortes „Isolation“ durch die Virologie und die unpräzise Terminologie bei der Bestimmung eines „Virus“. Der entscheidende Punkt ist, dass es keine Rolle spielt, wie gut die Primer konzipiert sind. Wenn die Herkunft oder die Bedeutung der Gensequenzen, die durch die PCR amplifiziert werden, unbekannt sind, dann kann aus ihrem bloßen Vorhandensein nichts weiter geschlossen werden. Bustin kann der Welt die Möglichkeit einer sehr hohen Analyseleistung eines PCR-Protokolls beteuern, aber die Feststellung seiner Diagnoseleistung ist der Punkt, an dem sich die Gültigkeit entscheidet. Selbst wenn die physische Existenz von SARS-CoV-2 nachgewiesen und die PCR als gültiges Diagnoseinstrument akzeptiert worden wäre, müsste Bustin zugeben, dass keiner der PCR-Tests gemäß seinen MIQE-Leitlinien entwickelt wurde und keiner als klinisch validiert gelten kann.

Es war eine Überraschung, dass er in demselben Interview jegliche Vorkenntnis über den Schein-Pertussis-Ausbruch in Dartmouth-Hitchcock, New Hampshire, im Jahr 2006 von sich wies, als das PCR-Kit, das eingeführt wurde, zu einer 100%igen Falschpositiven-Rate führte.¹⁵² Bustin gab an, erst wenige Tage vor dem Interview, also etwa 15 Jahre nach der Gegebenheit, zum ersten Mal davon erfahren zu haben, als er auf der Website von Coppelino darüber las, und zwar aus einem für die Zwecke des Interviews zur Verfügung gestellten Artikel. Der Vorfall war jedoch allgemein bekannt und wurde in der New York Times besprochen, mit Kommentaren von vielen Fachleuten aus dem Bereich der öffentlichen Gesundheit und der Diagnostik.¹⁵³ Im Jahr 2006 war Bustin Professor für Molekularbiologie und es grenzt an ein kleines Wunder, dass der PCR-Spezialist im Jahr 2006, als sich der Vorfall ereignete, noch keine Anfragen von medizinischen Kolleg*innen erhalten hatte. Tatsächlich gab es zu diesem Zeitpunkt nur sehr wenige PCR-Expert*innen, an die man sich wenden konnte, und es war ein frühes Indiz dafür, wie katastrophal die PCR als klinisches Diagnoseinstrument missbraucht werden könnte. Als wäre das nicht schon schlimm genug, handelte es sich dabei um einen Vorfall, bei dem die angeblich ursächliche Mikrobe (das Bakterium *Bordetella pertussis*) physisch isoliert werden konnte und ihre Gensequenzen bestimmt werden konnten, um die PCR zu kalibrieren. Im Gegensatz dazu werden die PCR-Protokolle für SARS-CoV-2 einfach auf genetische Fragmente unbekannter Herkunft kalibriert. Als Coppelino ihn zu diesem Punkt nachdrücklich befragte, antwortete Bustin: „Nun, wissen Sie, dies ist eine Standardmethode, also kann ich das wirklich nicht weiter kommentieren, außer dass ich das für vollkommen akzeptabel halte und dass es die richtige Methode ist.“¹⁵⁴

¹⁵² CDC: Outbreaks of Respiratory Illness Mistakenly Attributed to Pertussis - New Hampshire, Massachusetts, and Tennessee, 2004-2006, in: Morbidity and Mortality Weekly Report, Band 56, Nr. 33, 24.08.2007, <https://www.cdc.gov/mmwr/preview/mmwrhtml/mm5633a1.htm> [15.08.2023].

¹⁵³ Kolata, Gina: Faith in Quick Test Leads to Epidemic That Wasn't, in: The New York Times, 22.02.2007, <https://www.nytimes.com/2007/01/22/health/22whoop.html> [15.08.2023].

¹⁵⁴ Coppelino, Eric F., 01.02.2021.

Als Bustin von Coppelino interviewt wurde, hatte Bustin bereits eine Arbeit mit dem Titel „COVID-19 und diagnostisches Testen für SARS-CoV-2 mittels RT-qPCR – Fakten und Trugschlüsse“ verfasst, eingereicht und später im Februar 2021 veröffentlicht.¹⁵⁵ In diesem Papier erklärten Bustin und Co, dass „[der Corman-Drosten]-Test funktioniere und spezifisch sei, dass die beteiligten Wissenschaftler erstaunlichen Scharfsinn und Selbstlosigkeit gezeigt hätten und dass die Geschwindigkeit, mit der PCR-basierte Tests entwickelt und in die Praxis umgesetzt werden können, bemerkenswert sei“. Sieht man von diesem andienenden Lob ab, bleibt die offensichtliche Frage, wofür er spezifisch sei? Wollten Bustin und Co. damit sagen, dass die PCR-Tests spezifisch sind für (a) kurze Ziel-RNA-Sequenzen, (b) ein Coronavirus namens SARS-CoV-2 oder (c) die von der WHO erfundene Krankheit namens COVID-19? Das Corman-Drosten-Papier bestimmte nur die analytische Spezifität für die Amplifikation einiger ausgewählter RNA-Sequenzen - es hatte nichts mit der Bestimmung eines Virus oder der Diagnose einer Krankheit zu tun. Der Entwickler der MIQE-Leitlinien weiß sicherlich, dass von den drei Optionen nur die erste wissenschaftlich haltbar war und nichts für die klinische Anwendung validiert wurde oder wird. Und dennoch fährt er in seinem Papier mit der substanzlosen Fehldeutung fort, dass „PCR-Testungen sehr gut für groß angelegte Tests geeignet sind, wie die Millionen von Tests, die bis heute durchgeführt wurden, täglich belegen.“ Hat Bustin vergessen, dass die „Tests“ einfach ein molekulares Amplifikationswerkzeug sind? Wie der Erfinder der PCR, Dr. Kary Mullis, 1993 warnte: „Ich glaube nicht, dass man die PCR missbrauchen kann, nein, die Ergebnisse, die Interpretation davon hingegen [wird missbraucht].“¹⁵⁶

Bei der PCR werden lediglich ausgewählte Gensequenzen amplifiziert und die molekulare Reaktion selbst ist nicht in der Lage, ihre Herkunft oder die Relevanz ihres Vorhandenseins zu bestimmen. Wenn ein bestimmtes PCR-Protokoll korrekt durchgeführt wird und eine bekannte 100%ige Analysensensitivität und Spezifität hat, bedeutet ein positives Ergebnis nichts anderes als dass das Vorhandensein einer Zielsequenz bestätigt wurde. Wenn jedoch behauptet wird, die PCR sei ein Diagnoseinstrument, sollte es offensichtlich sein, dass klinische Validierungsstudien durchgeführt werden müssen, bevor der Test für die klinische Praxis eingebracht wird. Das Corman-Drosten-Papier übersprang diesen Schritt und die WHO akzeptierte den Betrug, indem sie Versionen des PCR-Protokolls am 13. und dann am 17. Januar 2020 auf ihre Website stellte, noch bevor das Papier veröffentlicht worden war.¹⁵⁷ Danach wurde die PCR einfach mittels eines Zirkelschlusses benutzt, um die Behauptung aufstellen zu können, dass bei Menschen eine Infektion diagnostiziert werden könne.

¹⁵⁵ Bustin, Stephen et al.: COVID-19 and Diagnostic Testing for SARS-CoV-2 by RT-qPCR—Facts and Fallacies, in: International Journal of Molecular Sciences, 28.02.2021, <https://doi.org/10.3390/ijms22052459> [15.08.2023].

¹⁵⁶ James, David: PCR Inventor: “It doesn’t tell you that you are sick”, auf: off-guardian.org, 05.09.2020, <https://off-guardian.org/2020/10/05/pcr-inventor-it-doesnt-tell-you-that-you-are-sick/> [15.08.2023].

¹⁵⁷ Corman, Victor et al.: Diagnostic detection of 2019-nCoV by real-time RT-PCR, auf WHO online, 17.01.2020, https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/protocol-v2-1.pdf?sfvrsn=a9ef618c_2 [15.08.2023].

In der nächsten Phase der Frühphase der angeblichen Pandemie verbreiteten „Expert*innen“ wie der außerordentliche Professor Sanjaya Senanayake, Spezialist für Infektionskrankheiten aus Australien, in der Öffentlichkeit unbegründete Behauptungen über die Genauigkeit der Tests. In einem Interview am 26. April 2020 erklärte er in Bezug auf die COVID-19-Testungen: „Es gibt keinen wirklichen Goldstandard, mit dem man sie vergleichen könnte... für COVID-19 haben wir keinen Goldstandard-Test, also sind die aktuellen Tests, die wir verwenden, die PCR-Tests... sie sind unser Goldstandard, aber wenn wir versuchen, dies zu umgehen, denken wir, dass sie wahrscheinlich etwa 70 % der Fälle erfassen.“¹⁵⁸ Senanayake gibt damit zu verstehen, dass man bei einem Mangel an einem Goldstandard einfach davon ausgehen kann, dass ein neuer PCR-Test sich selbst validieren kann. Dies steht jedoch im Widerspruch zu jeder Kompetenz in Bezug auf die Testvalidierung. Durch diese Abweichung von den etablierten Grundsätzen der Validierungslogik ist unklar, wie er berechnet hat, dass der Test in „etwa 70 %“ der Fälle funktioniert, ganz zu schweigen von der Notwendigkeit, sich geistig sehr zu verbiegen, um nachvollziehen zu können, dass etwas, das „Goldstandard“ genannt wird, nur 70 % der Fälle nachweist. Es würde mit seinem versehentlichen Eingeständnis übereinstimmen, dass es bei COVID-19-Tests „keinen wirklichen Goldstandard“ gibt, weil der wirkliche Goldstandard etwas ist, das nicht existiert - nämlich die physische Isolation und der Nachweis eines viralen Partikels.

Die WHO war nicht besorgt wegen des Fehlens eines Goldstandards oder eines Nachweises eines Virus und zementierte den PCR-Betrug, indem sie behauptete, ein COVID-19-Fall sei „eine Person mit einem Labornachweis [im Jahr 2020 typischerweise PCR] einer COVID-19-Infektion, unabhängig von klinischen Anzeichen und Symptomen“¹⁵⁹. Mit diesem einen Satz verkündeten sie, dass die klinisch nicht validierten PCR-Tests eine 100-prozentige Diagnosespezifität haben, und verdrehen die Bedeutung des Wortes „Infektion“, um Personen einzuschließen, die keine Anzeichen oder Symptome haben. Das Wort „Infektion“ leitet sich etymologisch von „inficere“ ab, was „beflecken“ bedeutet. In Mosbys Medizinischem Wörterbuch aus dem Jahr 2009 wird der Begriff Infektion wie folgt definiert: „(1) das Eindringen pathogener Mikroorganismen in den Körper, die sich fortpflanzen und vervielfachen, bzw. durch lokale Zellschädigung, Toxinabsonderung oder Antigen-Antikörper-Reaktion im Wirt eine Krankheit verursachen, und (2) eine Krankheit, die durch das Eindringen pathogener Mikroorganismen in den Körper verursacht wird“.¹⁶⁰ Während der Autor keine Aussage darüber trifft, ob irgendwelche Mikroben pathogen sind, bezieht sich die etablierte Bedeutung von „Infektion“ auf einen Krankheitszustand - andernfalls sollte ein Begriff wie

¹⁵⁸ Senanayake Sanjaya: Interview von Jeremy Fernandez S. mit Senanayake über The Virus, auf: Youtube-Kanal von ABC News, 24.04.2020, [Coronavirus Q&A: Your questions answered by experts | ABC News - YouTube](https://www.youtube.com/watch?v=...) [15.08.2023].

¹⁵⁹ „WHO COVID-19: Case Definitions“ auf WHO online web.archive.org, 07.08.2020, https://web.archive.org/web/20200830173812/https://www.who.int/publications/i/item/WHO-2019-nCoV-Surveillance_Case_Definition-2020.1 [15.03.2023].

¹⁶⁰ „infection“ auf Mosby's Medical Dictionary – 8. Auflage, Elsevier, 2009.

„Kommensalismus“¹⁶¹ verwendet werden. Die WHO erfand eine ausgeweitete neue Definition des „Pandemie-Begriffs“¹⁶² und unterläuft nun die Definition von Infektion – eine Definition, die sie durch die alleinige Verwendung von PCR-Ergebnissen vom Konzept der Krankheit abkoppelt. Kary Mullis hätte es nicht einfacher ausdrücken können, als er sagte, die PCR sei „nur ein Verfahren, mit dem man aus etwas Unspezifischem eine ganze Menge von Unspezifischem machen kann“¹⁶³. Leider haben in der COVID-19-Ära mehr als einmal einflussreiche Persönlichkeiten wie Bustin und Senanayake die Verwendung eines molekularen Herstellungswerkzeugs durch Virolog*innen unterstützt, um alle möglichen unbegründeten Behauptungen aufzustellen, einschließlich der beiden Behauptungen, dass 1) die unbestätigte Fähigkeit vorhanden ist, eine neuartige Infektion zu diagnostizieren, und 2) dass der Nachweis eines angeblichen Virus möglich ist.

Bemerkenswert ist, dass eine voreingenommene Fehlinterpretation der PCR zu beginnen scheint, bevor der Amplifizierungsprozess überhaupt begonnen hat. Laut „High Pure Viral RNA Kit“ von Roche, das zur Vorbereitung der Proben für die PCR verwendet wird, isoliere es „schnell virale RNA aus Säugetierplasma, Serum, Körperflüssigkeiten und Zellkulturüberständen“¹⁶⁴. Aus dem mitgelieferten Beipackzettel geht nicht hervor, wie das Kit vermeintliche virale RNA von anderer in der Probe vorhandenen RNA trennt.¹⁶⁵ Das Verfahren umfasst einen „Poly(A)-Träger-RNA“-Bindungsschritt, aber polyadenylierte Sequenzen sind nicht spezifisch¹⁶⁶ und die folgenden Schritte des Pufferns und der Zentrifugation, die sie beschreiben, sind auch nicht dazu in der Lage, die Herkunft der RNA zu bestimmen. Trotzdem wird im Abschnitt „Protokolle“ verkündet, dass das Endprodukt „gereinigte virale RNA“¹⁶⁷ ist, so dass jeder, der diese unbegründete Behauptung glaubt, denkt, dass ihr anschließendes positives RT-PCR-Ergebnis der Beleg für ein Virus sei. Dasselbe gilt für das „High Pure Viral Nucleic Acid Kit“ von Roche, worauf sich die Teams von beispielsweise Na Zhu und Peng Zhou berufen, wenn sie behaupten, SARS-CoV-2 in Proben von Patienten und in

¹⁶¹ „commensalism“ (dt.: „Kommensalismus“) auf Merriam-Webster online, <https://www.merriam-webster.com/dictionary/commensalism> [15.08.2023]. Anm. des Autors: Das Merriam-Webster-Wörterbuch definiert Kommensalismus als "eine Beziehung zwischen zwei Arten von Organismen, bei denen der eine Nahrung oder andere Vorteile von dem anderen erhält, ohne ihm zu schaden oder zu nützen".

¹⁶² Law, Ron: WHO and the pandemic flu "conspiracies", Rapid response, in: The British Medical Journal, 06.06.2010, <https://www.bmj.com/rapid-response/2011/11/02/who-changed-definition-influenza-pandemic> [15.08.2023].

¹⁶³ James, David, 05.09.2020.

¹⁶⁴ Roche: High Pure Viral RNA Kit - Product No. 11858882001, auf: web.archive.org, https://web.archive.org/web/20220511055249/https://lifescience.roche.com/en_au/products/high-pure-viral-rna-kit.html [15.08.2023].

¹⁶⁵ Roche: 'High Pure Viral RNA Kit - Version: 10/20, Cat. No. 11 858 882 001' Beipackzettel, 10/2020: <https://web.archive.org/web/20220511061317/https://pim-eservices.roche.com/LifeScience/Document/96aae49e-ad12-eb11-fe90-005056a772fd> [15.08.2023].

¹⁶⁶ Edmonds, Mary: A history of poly A sequences: from formation to factors to function, in: Progress in Nucleic Acid Research and Molecular Biology, Band 71, 2002: [https://doi.org/10.1016/S0079-6603\(02\)71046-5](https://doi.org/10.1016/S0079-6603(02)71046-5) [15.08.2023].

¹⁶⁷ Roche: High Pure Viral RNA Kit - Version: 10/20, Cat. No. 11 858 882 001, Beipackzettel, 09/2020: <https://web.archive.org/web/20220511061317/https://pim-eservices.roche.com/LifeScience/Document/96aae49e-ad12-eb11-fe90-005056a772fd> [15.08.2023].

Zellkulturexperimenten entdeckt zu haben. Erneut stellt Roche die unberechtigte Behauptung auf, dass die im Abschnitt „Protokolle“ beschriebenen Schritte zu „gereinigten viralen Nukleinsäuren“¹⁶⁸ führen würden.

Nebenbei bemerkt: Bustin wurde speziell zu den Behauptungen von Roche befragt, als ihm Folgendes gesagt wurde: „Ich nehme an, das Kit muss in der Lage sein, virale NAs [Nukleinsäuren] von allen anderen zu unterscheiden. Haben virale NAs eine chemisch einzigartige Eigenschaft?“ Darauf antwortete er: „Der Extraktionsprozess ist nicht für eine bestimmte Nukleinsäure spezifisch, aber er kann spezifisch für Nukleinsäuretypen sein. Einige Kits können DNA oder RNA extrahieren, aber das bedeutet, dass jegliche DNA und RNA [Herv. M.B.] in der extrahierten Probe vorhanden sein wird... Eine kleine Menge des extrahierten Materials wird dann der PCR-Reaktion unterzogen. Das ist es, was die Spezifität liefert.“¹⁶⁹ Mit anderen Worten: Bustin hat sich nicht bemüht, eine Erklärung für die betrügerischen Behauptungen von Roche zur Verfügung zu stellen, sondern verschleierte das Problem, indem er die Spezifität der Herkunft der Nukleinsäuren durch die Spezifität der Sequenzen, die für die PCR ausgewählt wurden, ersetzt hat. Dies läuft auf eine sprachliche Verwirrung hinaus, die dazu beitrug, dass ein „Virus“ aus dem Nichts auftauchen konnte.

3. TEIL DREI

3.1. „Kleiner Sennenhund“ – ahnungslos oder irreführend?

„Ich hätte es nie gesehen, wenn ich es nicht geglaubt hätte.“

- Ashleigh Brilliant¹⁷⁰

Wir sind mit dem Vorwurf vertraut, es sei unmöglich, dass die Mehrheit der medizinischen und wissenschaftlichen Gemeinschaft wissentlich an den unwissenschaftlichen Methoden der Virologie beim COVID-19-Betrug beteiligt ist. Ich stelle keine solche Hypothese auf, obwohl ich mich frage, ob und wie lange Unwissenheit als Verteidigung dienen kann. In der Tat wurde deshalb bereits in einem früheren Abschnitt dieser Abhandlung (in Kapitel 1.4 „Was ist Virologie?“) der Gedanke vorgebracht, dass „die Abkehr von der wissenschaftlichen Methode von den Mitarbeitern der unteren Ebene unbemerkt oder versehentlich erfolgen kann“. Frisch gebackene Virolog*innen sind darauf trainiert, den Methoden ihrer Vorgesetzten zu folgen, und es ist unwahrscheinlich, dass sie in ihrer gewählten Karriere - und natürlich auch bei der Finanzierung – weit kommen, wenn sie die Grundlage der Arbeit ihres Labors in Frage stellen.

¹⁶⁸ Roche: High Pure Viral Nucleic Acid Kit - Version: 10/20, Cat. No. 11 858 874 001, Beipackzettel, auf: archive.org, 09/2020, <https://web.archive.org/web/20220514075629/https://pim-eservices.roche.com/LifeScience/Document/d927229f-ad12-eb11-0091-005056a71a5d> [15.03.2023].

¹⁶⁹ Nachricht von Stephen Bustin an einen Kollegen des Autors vom 15.09.2021; sie befindet sich im Besitz des Autors.

¹⁷⁰ Brilliant, Ashley auf: ashleighbrilliant.com [15.08.2023].

Am 29. Januar 2020 postete ein chinesischer Virologie-Wissenschaftler, der sich „Winjor Little Mountain Dog“ nennt, einen Text mit der Überschrift „Dokumentation der ersten Erfahrung der Entdeckung eines neuartigen Coronavirus“¹⁷¹. Er beschrieb darin die leidenschaftliche Geschichte eines Insiders, der entschlossen war, die Wahrheit darüber herauszufinden, was in den vergangenen Monaten in Wuhan geschah und wer WH-Human 1 alias „WH-01/2019“, das später in „SARS-CoV-2“ umbenannt wurde, wirklich „entdeckt“ hatte. Für diejenigen unter uns, die sich der Täuschung bewusst sind, die in der COVID-19-Scharade stattgefunden, ist der Text sicherlich verdächtig, Teil einer Gaslighting-Operation zu sein. Andernfalls lässt die relative Leichtigkeit in der Herleitung, aus welchem Labor die Geschichte stammt, diesen Virologie-Wissenschaftler - für einen Bürger des kommunistischen chinesischen Staates - äußerst naiv erscheinen. Im Folgenden wird das Dokument jedoch so dargestellt, wie es beschrieben wird, nämlich so, als würde der Erzähler daran glauben, dass sie Viren entdeckt haben – wie in den folgenden ausgewählten Passagen zu sehen sein wird:

„Ich habe gerade am 26. Dezember 2019 angefangen zu arbeiten. Wie gewohnt werde ich zunächst die Ergebnisse der automatischen Auswertung der pathogenen Mikroorganismen des mNGS für diesen Tag durchstöbern.“

Hier beschrieb der Autor sein Labor, das metagenomische NGS von Rohproben von Patienten durchführt, wie in den vorangegangenen Abschnitten dieser Abhandlung dargelegt wurde. Das gab das Thema für den Text des Autors vor, in dem „Viren“ hinsichtlich ihrer Gensequenzen beschrieben werden, die in der Umwelt nachgewiesen und mittels Computersoftware zusammengesetzt werden können.

„Entgegen unserer Erwartung wurde festgestellt, dass in einer Probe ein empfindlicher Erreger gemeldet wurde, das SARS-Coronavirus mit Dutzenden von Sequenzen – und diese Probe enthielt nur diesen einen bedeutenden Erreger.“

Es ist gewagt, von verschiedenen Sequenzen, die in einer Rohprobe entdeckt wurden, zur Meldung eines „Erregers“ zu springen, offenbar auf der Grundlage, dass dies durch ein Computerprogramm festgestellt werden kann. Und nicht nur das: Der Computer habe ein „SARS-Coronavirus“ gefunden, so dass irgendwie bekannt ist, dass es mit dem klinischen Krankheitsbild „schweres akutes respiratorisches Syndrom“ in Verbindung gebracht werden kann.

„(...) dieser Erreger ist dem Bat SARS-gleichen Coronavirus am ähnlichsten, mit einer Gesamtähnlichkeit von etwa 87% und einer Ähnlichkeit zu SARS [SARS-CoV-1] von etwa 81%. Die Anzahl der Sequenzen im Alignment hat sich von einigen Dutzend auf über 500 erhöht. Darüber hinaus wurden fünf Contigs zusammengefügt, die zusammen

¹⁷¹ „记录一下首次发现新型冠状病毒的经历“, 29.01.2020: <https://freewechat.com/a/MzAxMjMyMDk0Ng==/2650112053/1/1580318101> [am 15.08.2023 nicht mehr abrufbar], "Dokumentation der Erfahrungen der ersten Entdeckung des neuartigen Coronavirus, https://github.com/flodebarre/covid_origin_documents/blob/main/2020-01-30_LittleDog.md [15.08.2023].

mehr als 1200 bp [Anm. d. Übersetzer: Basenpaare) ergeben. Zum jetzigen Zeitpunkt kann im Grunde genommen bestätigt werden, dass es sich um ein Coronavirus handelt... In einer solch dringenden Situation bleibt keine Zeit für Literaturrecherchen und es liegen nicht viele Daten vor... Wir analysierten Tausende von Coronavirus-Genome wie einen Teppich und bewerteten sie in Bezug auf Ähnlichkeit, Genomabdeckung und sogar Genomverteilung; schließlich fanden wir die beiden ähnlichsten Genome, Fledermaus-SL-CoVZC45 und Fledermaus-SL-CoVZXC21.“

Aus heiterem Himmel wird die Existenz des Virus „bestätigt“: durch den Vergleich einiger neuer In-silico-Assemblys mit anderen In-silico-Assemblys, die zuvor in Gendatenbanken gespeichert wurden. Der Autor fährt fort, die nächste Aktivität zu beschreiben, nämlich wie sie den phylogenetischen Stammbaum analysieren und einen Evolutionspfad für die jüngste Ergänzung des virologischen ausgedachten Familienstammbaums erstellen. Die Tatsache, dass ein Virus eine tatsächliche physische Existenz als eigenständiges Partikel mit spezifischen biologischen Merkmalen haben muss, einschließlich der Fähigkeit, in Wirte einzudringen und Krankheiten zu verursachen, wird komplett außen vor gelassen. Der Autor behauptet lediglich, dass „die Analyse im Wesentlichen bestätigt hat, dass in der Probe dieses Patienten tatsächlich ein Virus vorhanden ist“. Später im Text klingt er etwas vorsichtiger hinsichtlich der klinischen Pathogenität, bleibt aber von der Existenz des Virus überzeugt, indem er beiläufig anmerkt: „Ob die Lungenentzündung durch dieses Virus verursacht wurde, haben wir weder analysiert noch konnten wir es analysieren. Die Entdeckung des Virus bedeutet nicht, dass die Lungenentzündung durch das Virus verursacht wurde“.

„...am 30. Dezember hörte ich, dass es eine ganze Reihe von Patienten mit ähnlichen Symptomen gibt... Was mich wirklich wieder nervös machte, war, dass uns ein Freund und Geschäftsmann die Sequenz zur Analyse zur Verfügung stellte. Ich analysierte sie und es war tatsächlich das gleiche Virus! Der erste Gedanke im Unterbewusstsein ist ,dieses Virus ist ansteckend!“

Es ist unklar, ob der Autor wusste, dass all die „ähnlichen Symptome“, die bei den in Wuhan beschriebenen Patienten auftraten, unspezifische Atemwegssymptome waren. Bis heute ist COVID-19 kein legitimer klinischer Befund, da die „bestätigten“ Fälle lediglich auf dem Ergebnis eines molekularen Untersuchungsprozesses beruhen.¹⁷² Darüber hinaus haben wir uns bereits mit dem Zirkelschluss und dem selbstreferenziellen Prozess befasst, mit dem ein „Virusgenom“ durch die Methodik der Virologie erfunden wurde und mit dem anschließend behauptet wurde, dass die

¹⁷² WHO: WHO COVID-19 Case definitions. Updated in Public health surveillance for COVID-19 | COVID-19: Surveillance, case investigation and epidemiological protocol, 16.12.2020, https://web.archive.org/web/20210706065726/https://www.who.int/publications/i/item/WHO-2019-nCoV-Surveillance_Case_Definition-2020.2 (Anm. des Autors: In der kleinen Fußnote heißt es: "Überwachungsfälle sollten nicht als alleinige Grundlage für die Steuerung des klinischen Managements verwendet werden.")

Entdeckung von fast identischen Assemblys (Baugruppen) an anderen Orten ein Beleg dafür ist, dass es sich um „dasselbe Virus“ handelt.¹⁷³

„Grund zur Sorge gibt, dass dieses unbekannte Virus genauso furchterregend sein könnte wie SARS; das Spannende besteht darin, dass wir diesen Erreger mit Hilfe der mNGS-Technologie frühzeitig entdeckt und bestätigt haben, den Patienten unter Quarantäne gestellt haben und dass es möglich sein könnte, das Virus zu verhindern und zu kontrollieren, bevor es sich weit verbreitet - in der Wiege erwürgt!... Ich hoffe auch, dass nach unserer Erfahrung mit diesem neuen Corona-Virus-Ereignis die Fähigkeit des Landes, mit großen Ereignissen im Bereich der öffentlichen Gesundheit umzugehen, große Fortschritte gemacht hat...Soweit ich weiß, hätten wir die Ersten sein sollen, die dieses Virus entdeckt haben, weil das Seuchenbekämpfungssystem erst dann angefangen hat zu intervenieren, als wir die Ergebnisse gemeldet haben.“

Es bleibt dem/der Leser*in überlassen zu entscheiden, ob der Autor wirklich glaubte, dass er und seine Kollegen die ersten waren, die SARS-CoV-2 entdeckten - und dass Expert*innen des öffentlichen Gesundheitswesens über diese Fähigkeiten verfügen - oder ob dieser Text als ein weiterer Teil der COVID-19-Propaganda manipuliert und „geleaked“ ist. Es gab nie ein Virus, das sich ausbreitete. Das Einzige, was sich in der Welt ausbreitete, abgesehen von der Angst, war das „Genom“ von WH-Human1 und die PCR-Tests, die auf dessen Sequenzen geeicht waren. Die „Pandemie“ hätte in ihren Anfängen durch die Zurückweisung dieser Tests gestoppt werden können; stattdessen haben unkundige „Experten“ des öffentlichen Gesundheitswesens der Anti-Wissenschaft der Virologie geglaubt und sind seither am COVID-19-Betrug beteiligt.

Little Mountain Dog wollte angeblich bekannt machen, dass ihr Labor „das erste war, das das Virus entdeckte“, nachdem sie am 24. Dezember 2019 eine Probe aus Wuhan entnommen und anschließend am 11. Januar 2020 in die GISAID-Datenbank unter der Zugangs- ID „EPI_ISL_402123“ eingegeben hatten. Zusammen mit der In-silico-Sequenz von Fan Wu et al. wurde EPI_ISL_402123 bei der Entwicklung der PCR-Protokolle durch das Team von Christian Drosten verwendet (siehe Abbildung 8 unten). Wie David Rasnick jedoch feststellte, „haben sie nie ein Virus angefasst“. Dies verleiht der „LabLeak“-Hypothese eine gewisse Ironie; ein Narrativ, das bereits im Februar 2020 in den Mainstream-Medien auftauchte.¹⁷⁴ Das „Virus“ wurde sicherlich in einem Labor erfunden, aber es war ein Computelabor. Und die einzige Information, die absichtlich nach außen gelangte, war eine Computersimulation. Die Ergebnisse der Simulation wurden als digitaler Code über das Internet in die ganze Welt verschickt und die daraus resultierenden PCR-Primer, die massenhaft in Kits eingesetzt wurden, schufen die „Fälle“ für den COVID-19-Betrug.

¹⁷³ Bailey, Mark & John Bevan-Smith, 11.11.2021.

¹⁷⁴ Coppolino, Eric F.: Chronology for Covid & SARS-CoV-2 PCR and Metagenomics, auf: chironreturn.org, 11.07.2022, [The Covid Chronology :: New Edition Posted – Chiron Return Inc.](https://chironreturn.org) [15.08.2023].

Die Geschichte des Little Mountain Dog wurde fortgesetzt, als im April 2022 in der Washington Post ein Leitartikel mit folgendem Titel erschien: „Als die Pandemie explodierte, sah ein Forscher die Gefahr. Chinas Führer schwiegen.“¹⁷⁵ Sie berichteten, dass Little Mountain Dog in dem kommerziellen Labor „Vision Medicals“ in Guangzhou in Südchina tätig war und „ihre Geschichte deutet auf eine Vertuschung mit tragischen Folgen von historischem Ausmaß hin. Eine ernste Gefahr wurde verschleiert, bis es zu spät war“. Der Leitartikel nahm alle virologischen Behauptungen für bare Münze und stellte paradoxerweise fest, dass „die Episode einmal mehr unterstreicht, warum eine ernsthafte Untersuchung notwendig ist, um zu ergründen, wie die Pandemie begann“. Eine seriöse Untersuchung dieses Themas zeigt, dass hinter dieser „Pandemie“ nichts weiter als eine Lügengeschichte steckt, die von den Virolog*innen erfunden und von Verkaufsstellen wie der Washington Post verbreitet wird.

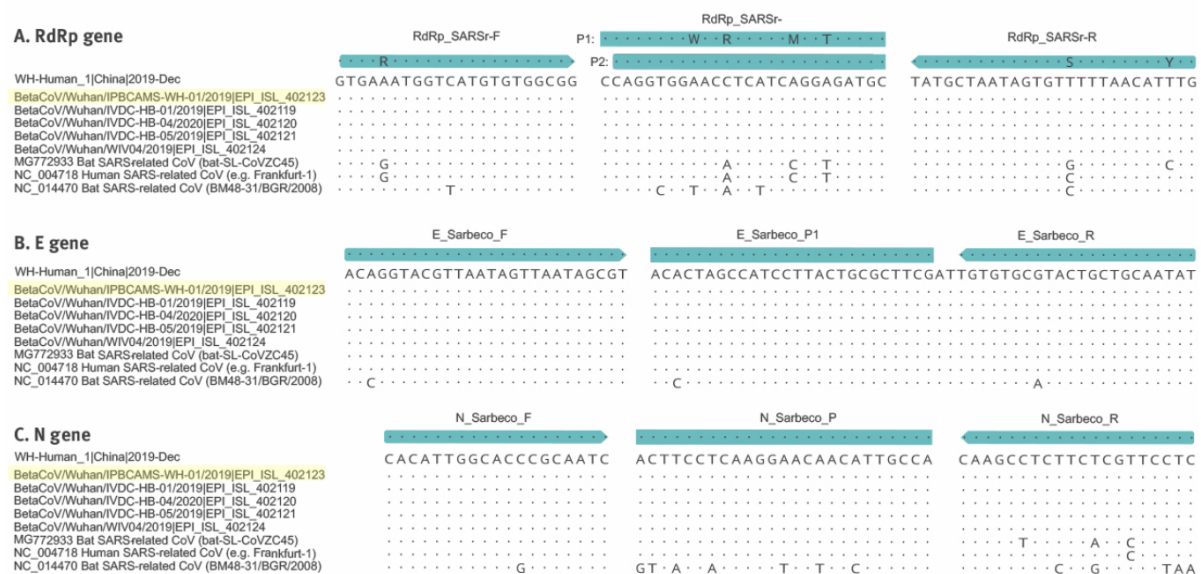


Abbildung 8

GISAID-Hinterlegung „EPI_ISL_402123“ von Little Mountain Dog. Diese erschien neben Fan Wu et al.s Hinterlegung von „WH-Human_1|China|2019-Dec“ für das Corman-Drosten RT-PCR-Protokoll, wo es hieß: „Das Alignment [WH-Human_1|China|2019-Dec] wurde durch zusätzliche Sequenzen ergänzt, die unabhängig auf GISAID veröffentlicht wurden.“ Quelle: „Nachweis des neuartigen Coronavirus 2019 (2019-nCoV) durch Echtzeit-RT-PCR (vgl. Abbildung 2).“

¹⁷⁵ Editorial Board: As the pandemic exploded, a researcher saw the danger. China's leaders kept silent., in: The Washington Post, 22.04.2022, <https://www.washingtonpost.com/opinions/interactive/2022/china-researcher-covid-19-coverup/> [15.08.2023].

3.2. Die „Laborleck“-Ablenkung

„Sie gehen hier davon aus, dass die Pocken eine Sache, eine Entität sind. Dieser Fehler wird von fast allen Anhängern der selbsternannten ‚regulären Schule‘ begangen und es wird Ihnen wahrscheinlich neu sein, wenn man Ihnen sagt, dass weder die Pocken noch irgendeine andere Krankheit eine Entität, sondern eine körperliche Verfassung ist.“

- Dr. Montague R. Levenson, 1909.¹⁷⁶

Am 19. Mai 2022 verfasste Jeffrey Sachs, der Vorsitzende der Lancet COVID-19-Kommission, gemeinsam mit Neil Harrison ein Papier mit dem Titel „Ein Aufruf zu einer unabhängigen Untersuchung des SARS-CoV-2-Virus“.¹⁷⁷ Die Veröffentlichung begann mit der folgenden Rahmendarstellung der COVID-19-Situation:

„Seit der Identifizierung von SARS-CoV-2 in Wuhan, China, im Januar 2020 ist der Ursprung des Virus ein Thema intensiver wissenschaftlicher Debatten und öffentlicher Spekulation. Die beiden wichtigsten Hypothesen lauten, dass das Virus durch den Kontakt des Menschen mit einem infizierten Tier („Zoonose“) oder durch einen forschungsbezogenen Zwischenfall auftauchte.“

Die Behauptung, es gäbe „zwei Haupthypothesen“, beruht jedoch darauf, die Annahme zu akzeptieren, dass „die Identifizierung von SARS-CoV-2“ bedeutet, dass das Partikel sowohl eine physische Existenz als auch die spezifischen biologischen Eigenschaften hat, die erforderlich sind, um die Definition eines Virus zu erfüllen, d.h. ein übertragbarer, replikationsfähiger intrazellulärer Parasit zu sein, der die angeblich neuartige Krankheit „COVID-19“ verursache. Wie in „The COVID-19 Fraud & War on Humanity“ umrissen, gibt es keine Belege dafür, dass das Partikel oder die vorgeschlagene neuartige Krankheit existiert.¹⁷⁸ Darüber hinaus wurde in dieser Abhandlung das Papier von Fan Wu et al. und deren substanzlose Behauptung über die „Identifizierung“ eines Virus in Wuhan Anfang 2020 detaillierter analysiert. Demgegenüber beginnen Vertreter von Lab Leaks wie Sachs und Harrison ihre Analyse mit der völligen Akzeptanz der unwissenschaftlichen Prämissen der Virologie.

In ihrem Papier zitieren sie Aspekte wie „die Sammlung von SARS-ähnlichen Fledermaus-CoVs aus der freien Wildbahn [und] ... die Analyse und Manipulation dieser Viren“ und beklagen, dass „die genaue Art der durchgeführten Experimente, einschließlich der gesamten Palette der draußen gesammelten Viren und der anschließenden Sequenzierung und Manipulation dieser Viren,

¹⁷⁶ Autor nicht genannt: English City of Leicester as Example of Benefits of Abolition of Vaccination, in: Bridgeport Evening Farmer, 21.08.1909.

¹⁷⁷ Harrison, Neil and Jeffrey Sachs: A call for an independent inquiry into the origin of the SARS-CoV-2 virus, in: Proceedings of the National Academy of Sciences, 19.05.2022, <http://www.pnas.org/doi/abs/10.1073/pnas.2202769119> [15.08.2023].

¹⁷⁸ Bailey, Mark & John Bevan-Smith, 11.11.2021.

unbekannt bleibt“. Sie wissen offensichtlich nicht, dass „SARS-ähnliche Fledermaus-CoVs“ nichts anderes als zermahlene Fledermaus-Innereien sind, von denen behauptet wird, dass sie „pathogen“ sind, wenn man diese Suppe direkt in die Gehirne von Rattenjungen injiziert. Die Manipulation solcher Proben mag ein Weg sein, um Finanzmittel zu sichern und die Unwissenden zu beeindrucken, aber sie ändert nichts an der biologischen Realität. Mit solchen Experimenten lässt sich weder nachweisen, dass ihre Proben Viren enthalten, noch dass sie in der natürlichen Welt pathogene Eigenschaften haben. Wenn sie in den von ihnen geförderten öffentlichen Versuchen nicht einmal die Existenz von Viren nachweisen können, besteht kaum Grund zur Sorge - es spielt keine Rolle, was hinter verschlossenen Türen vor sich geht, weil sie von vornherein keine Viren haben.

In Bezug auf das von den Virolog*innen vorgelegte „SARS-CoV-2-Genom“ erklärten Sachs und Harrison, sie wüssten nicht, „ob die Einfügung der FCS [Furinspaltstelle¹⁷⁹] das Ergebnis einer natürlichen Evolution war - vielleicht über ein Rekombinationsereignis in einem intermediären Säugetier oder einem Menschen - oder das Ergebnis einer vorsätzlichen Einführung der FCS in ein SARS-ähnliches Virus als Teil eines Laborexperiments“. Sie wären besser beraten gewesen, zu untersuchen, wie festgestellt wurde, dass *auch nur eine einzige* der von ihnen analysierten Sequenzen oder Proteine zu einem pathogenen Virus gehört. Die Debatte während der letzten Jahre über die Feinheiten der Furinspaltstelle ist einfach ein Mikrokosmos innerhalb des breiteren Paradigmas der „viralen“ Genomik und Proteomik.

Ebensowenig kann die Erwähnung angeblicher Virenforschung, die an der University of North Carolina (UNC) durchgeführt wird, oder vermeintlich geleakte Förderanträge wie „DEFUSE“ an die US Defense Advanced Research Projects Agency (Behörde des Verteidigungsministeriums für Forschungsprojekte) als Virenbelege zugelassen werden.¹⁸⁰ Um es klar zu sagen: Es wird nicht bestritten, dass Einrichtungen wie die UNC seit Jahrzehnten mit Sequenzen wie Spike-Proteinen experimentiert haben. Einige dieser Sequenzen wurden patentiert und bei der Entwicklung injizierbarer biologischer Wirkstoffe verwendet - kürzlich vielen Menschen unter dem Deckmantel von COVID-19-Impfstoffen aufgezwungen.¹⁸¹ All dies setzt jedoch nicht voraus, dass es Partikel gibt, die als Viren qualifiziert werden können.

Leider ist ‚das Buch der Behauptungen der Virologie‘ so unübersichtlich geworden, dass die meisten Leser*innen nicht erkennen, dass es größtenteils aus widerlegten Hypothesen besteht. Wenige Tage nachdem Sachs und Harrison ihren Artikel veröffentlicht hatten, dachte „The Intercept“, sie seien

¹⁷⁹ Anm. des Autors: Furin ist ein Protein-spaltendes Enzym, das in Menschen und Tieren präsent ist. Virologen behaupten, dass Furin bei der Produktion von SARS-CoV-2 in einer Zelle das Spike-Protein an der „Furin-Spaltstelle“ schneidet, bevor es die Zelle verlässt.

¹⁸⁰ Bailey, Samantha: Gain of Function Garbage, auf: drsambailey.com, 18.01.2022, <https://drsambailey.com/resources/videos/covid-19/gain-of-function-garbage/> [15.08.2023].

¹⁸¹ Bailey, Mark & John Bevan-Smith, 11.11.2021.

ebenfalls auf einer Ermittlungsspur, bei der es um „die faszinierende Theorie des Engineerings von Viren“¹⁸² ging. Sie berichteten von einer Studie¹⁸³ der UNC Chapel Hill aus dem Jahr 2016 in Zusammenarbeit mit Ralph Baric, in der es heißt: „Die Wissenschaftler kreierten ein neues Virus, indem sie die Spikes eines Fledermaus-Coronavirus verwendet haben, das vom Wuhan Institut für Virologie [WIV] isoliert und charakterisiert worden war“. Es ist mit Sicherheit davon auszugehen, dass der Autor die Erkenntnis nicht zu schätzen weiß, dass Virolog*innen das Wort „isoliert“ in irreführender Weise verwenden. Außerdem entlarvt Abb.1 in Kapitel 1.3 die irreführende Behauptung, dass das WIV „gereinigte Virionen“ hatte, die dann angeblich von Baric et al. nachträglich verwendet wurden, als sie „ein neues Virus erschufen“. Es gab keine Belege dafür, dass eines der beiden Labore mehr als nur eine abnormale Affennierenzellkultur-Suppe hatte.

Die Laborleck-Hypothese ist lediglich ein weiteres Narrativ in der COVID-19-Ära, das in der öffentlichen Meinung die Illusion der materiellen Existenz von SARS-CoV-2 sowie von pathogenen Viren und mikrobebedingten Ansteckungen im Allgemeinen aufrechterhält. In den letzten Monaten wurde das auf Angst basierende Narrativ fortgesetzt mit Meldungen über Affenpockenausbrüche und der angeblichen Entdeckung von Polio-„Viren“ in London; die COVID-19-Laborleck-Theorie erhielt sogar vom Generaldirektor der Weltgesundheitsorganisation Rückendeckung zur Unterstützung der von ihm genannte Phantomkrankheit und -pandemie.¹⁸⁴ Es scheint wahrscheinlich, dass es in Zukunft weitere „Laborleck“-Geschichten geben wird, wenn sie weiterhin so effektiv Aufmerksamkeit auf sich ziehen.

Wie die „Little Mountain Dog“-Geschichte beruht auch die „Lab Leak“-Geschichte nicht auf dem wissenschaftlichen Nachweis eines Virus, sondern lediglich auf dem Glauben, dass es ein Virus gibt - gefördert durch einige Schein-Belege. In dasselbe Horn blies auch das Lowy Institute, das sich selbst als australische „internationale politische Denkfabrik“ bezeichnet, als es im November 2020 einen Artikel mit der folgenden Einleitung veröffentlichte:

„Im April 2020 gab Dr. Ai Fen, Leiterin der Notaufnahme des Zentralkrankenhauses von Wuhan, der chinesischen Zeitschrift Renwu ein Interview. Sie beschrieb sehr detailliert, wie sie Ende Dezember 2019 damit begann, zahlreiche Patienten, die grippeähnliche Symptome aufwiesen und auf die üblichen Behandlungen nicht ansprachen, in der Notaufnahme zu behandeln. Sie erzählte, wie ihr ‚der kalte Schweiß ausbrach‘, als der erste Virusbericht eines dieser Patienten zurückkam. Sie kreiste kurzerhand die Worte ‚SARS-Coronavirus‘ ein, machte einen Screenshot des Berichts und schickte ihn an

¹⁸² Lerner, Sharon: Jeffrey Sachs presents evidence of possible lab origin of COVID-19, auf: theintercept.com, 19.05.2022, <https://theintercept.com/2022/05/19/covid-lab-leak-evidence-jeffrey-sachs/> [15.08.2023].

¹⁸³ Menachery, Vineet et al.: SARS-like WIV1-CoV poised for human emergence, in: Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 14.03.2016, <https://doi.org/10.1073/pnas.1517719113> [15.08.2023].

¹⁸⁴ Bailey, Mark: Lab Leaks and other Legends, auf: drsambailey.com, 28.06.2022, <https://drsambailey.com/covid-19/lab-leaks-and-other-legends/> [15.08.2023].

Kollegen. Sehr schnell verbreitete sich ihr Bericht in den medizinischen Kreisen von Wuhan. Doch anstatt das Krankenhaus und die Behörden zu mobilisieren, wurde Dr. Ai von der Disziplinarkommission des Krankenhauses wegen ‚Verbreitung von Gerüchten‘ und ‚Gefährdung der Stabilität‘ gerügt. Anstatt die Mitarbeiter und die Öffentlichkeit zu warnen, wiesen die Krankenhausbehörden die Mitarbeiter an, keine persönliche Schutzausrüstung zu tragen, und übermittelten den Ärzten Anweisungen der örtlichen Gesundheitsschutzbehörde, dass es den Ärzten verboten sei, Nachrichten und Berichte über das Virus weiterzugeben, um einen Panikausbruch zu vermeiden.“¹⁸⁵

Für leichtgläubige Menschen mag es wie ein Versuch der Behörden klingen, den Beginn der „viralen Pandemie“ zu vertuschen, aber wer mit der Widerlegung der Virologie vertraut ist, durchschaut die Täuschungen sofort - keine Erzählung mit diesem Framing erfordert ein tatsächliches Virus. Das Einkreisen des SARS-Coronavirus in einem „Virenbericht“ basiert auf nichts anderem als dem, was Fan Wus und andere Teams in ihren Trockenlaborsimulationen getan haben.

Ein anderer Arzt, Li Wenliang, der von der BBC als „Whistleblower“ bezeichnet wird¹⁸⁶, wurde Berichten zufolge ebenfalls von den chinesischen Behörden zensiert, nachdem er den Bericht von Dr. Ai veröffentlicht hatte. Es wurde behauptet, dass der 33-jährige Dr. Li später an COVID-19 starb, nachdem er sich „bei seiner Arbeit im Zentralkrankenhaus in Wuhan mit dem Virus infiziert hatte“. Die aufwändige Werbedarstellung als „Vertuschung“ durch die Konzernmedien und Wikipedia¹⁸⁷ könnte als komödiantisch bezeichnet werden, wenn sie nicht Teil eines Krieges gegen die Menschheit wäre. All diese Geschichten führen auf dasselbe Angstnarrativ zurück, das einen ansteckenden und „tödlichen Virus“ beinhaltet. Dieses ermöglicht die Ausbreitung dieses Betrugs und ebnet den Weg für weitere ähnliche Betrügereien in der Zukunft. Es verblüfft mich, dass so viele Mitglieder der „health freedom‘ community“ (Gemeinschaft der Gesundheitsfreiheit) zwar an sich keiner der Behauptungen der Konzernmedien über COVID-19 trauen, aber bei der Meldung, dass ein tödlicher Virus frei herumläuft - die größte Lüge von allen – eine Ausnahme machen.

Der Behauptung, dass „Coronavirus“-Patentlinge den Beleg für die Existenz von Viren liefern, kann ebenfalls zügig entgegengetreten werden. Im Jahr 2021 veröffentlichte Dr. David Martin von MCAM® International „Das Fauci/COVID-19 Dossier“¹⁸⁸ als Teil der Aktivitäten des Unternehmens,

¹⁸⁵ Khalil, Lydia: Digital Authoritarianism, China and COVID, auf: lowyinstitute.org, 02.11.2020, <https://www.lowyinstitute.org/publications/digital-authoritarianism-china-and-covid>

¹⁸⁶ Autor*in nicht genannt: Li Wenliang: Coronavirus kills Chinese whistleblower doctor, auf: BBC online, 07.02.2020, <https://www.bbc.com/news/world-asia-china-51403795> [15.08.2023].

¹⁸⁷ „Li Wenliang“ auf: Wikipedia https://web.archive.org/web/20220716081451/https://en.wikipedia.org/wiki/Li_Wenliang [15.08.2023].

¹⁸⁸ Martin, David: The Fauci/COVID-19 Dossier, 18.01.2021, https://www.davidmartin.world/wp-content/uploads/2021/01/The_Fauci_COVID-19_Dossier.pdf [15.08.2023].

„die Überwachung möglicher Verstöße gegen das Genfer Protokoll von 1925 ,über das Verbot des Einsatzes von erstickenden, giftigen oder ähnlichen Gasen sowie von bakteriologischen Mitteln im Kriege‘ sowie die Biowaffenkonvention (BWK) von 1972 ,über das Verbot der Entwicklung, Herstellung und Lagerung bakteriologischer (biologischer) Waffen und Toxinwaffen sowie über die Vernichtung solcher Waffen“.

Trotz zahlreicher Patente, die „Methoden zur Herstellung rekombinanter Coronaviren“ einbezogen, sowie staatlicher Zuschüsse für den „Gain-of-Funktion-Spezialisten“ wie Dr. Ralph Baric und sein Team an der UNC Chapel Hill steht nichts in diesen Dokumenten, was einen wissenschaftlichen Beleg für die Existenz von Viren beinhaltet. Die Patentämter und diejenigen, die Forschungsgelder bewilligen, sind nicht die Schiedsrichter der biologischen Plausibilität, sondern geben lediglich die Behauptungen der Virolog*innen weiter. Das Dossier war kein schlagender Beleg für „gain of function“-Aktivitäten mit pathogenen Viren. Vielleicht haben diejenigen, die das dachten, Martins einleitenden Haftungsausschluss nicht beachtet, dem gemäß „die Verwendung der Begriffe, die in der medizinischen und wissenschaftlichen Literatur allgemein anerkannt sind, nicht bedeutet, dass das Dogma, für das sie stehen, akzeptiert oder abgelehnt wird“.

3.3. Virologie und die geschlossene Gesellschaft

„Ich bin kein Wissenschaftler, aber es ist das Recht und die Pflicht eines jeden Bürgers, sich die Aussagen der Wissenschaftler anzuschauen und zu verstehen, sie selbst zu analysieren und vernünftige Schlussfolgerungen zu ziehen. Wir alle sind dazu in der Lage und es gibt keinen besonderen Grund, warum die wissenschaftliche Natur des Problems bedeuten sollte, dass wir unsere Freiheit in die Hände von Wissenschaftlern legen müssen.“

- Lord Sumption, 2020¹⁸⁹

Es war die britische Gesundheitssicherheitsbehörde, UKHSA (United Kingdom's Health Security Agency), die eine der seltsamsten Antworten gab, die je in Bezug auf die Vertuschung der wahren Natur der vermeintlichen Kontrollen ihren angeblichen „SARS-CoV-2 Isolations- und Sequenzierungs-Experimenten“ zu sehen war. Am 27. Oktober 2021 antworteten sie auf eine Anfrage gemäß des

¹⁸⁹ Lord Sumption: Jonny Dymonds Interview mit Lord Sumption, auf: BBC Radio 4's The World at One, 30.03.2020 [Das

Video ist am 15.08.2023 auf bbc.co.uk nicht mehr abrufbar]; Transcript von Kathy Gyngell: A hysterical slide into a police state: Judge warns of liberty being forced into lockdown, auf: conservativewoman.co.uk, 31.03.2020, <https://www.conservativewoman.co.uk/a-hysterical-slide-into-a-police-state-judge-warns-of-liberty-being-forced-into-lockdown/> [15.08.2023].

Gesetzes zur Informationsfreiheit bezüglich der Virusisolation mit der Behauptung, dass das in Abbildung 9 dargestellte Bild den „Beleg“ für das SARS-CoV-2-Virus liefere.¹⁹⁰

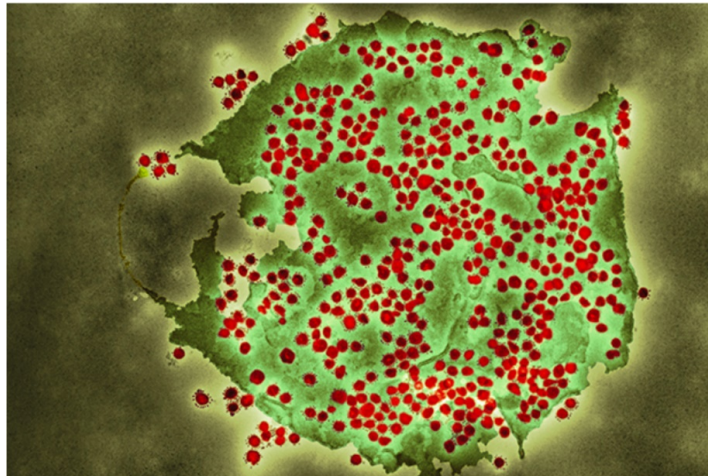


Abbildung 9

Hiermit behauptete die UKHSA am 27. Oktober 2021, SARS-CoV-2 zu „belegen“.
<https://ukhsa.blog.gov.uk/2021/02/05/what-do-we-know-about-the-new-covid-19-variants/>
 [15.08.2023].

Mein Kollege, der die Anfrage gestellt hatte, ließ sich nicht im Geringsten von einem computergenerierten Bild täuschen, das keinerlei Informationen über die Quelle des Bildes oder die Art seiner Herstellung enthielt. Die UKHSA fuhr fort, Hypothesen aufzustellen, indem sie feststellte, dass Viren „ein Wirtszellsubstrat benötigen, um sich zu replizieren“¹⁹¹. Sie schlussfolgern: Die Isolation eines Virus ohne ein Medium ist daher nicht möglich... „Diese Medien und alle hinzugefügten Produkte sind steril und enthalten kein zusätzliches Genmaterial.“ Wir können nur darüber spekulieren, was die UKHSA glaubt, was die Wirtszellen enthalten, wenn nicht Genmaterial! Wie die CDC schien auch das Reaktionsteam der UKHSA durchblicken zu lassen, dass die Veröffentlichung von Na Zhu et al. „Ein neuartiges Coronavirus von Patienten mit Lungenentzündung in China, 2019“ die Gewissheit lieferte, dass das imaginäre SARS-CoV-2-Virus-Partikel physisch existierte.

Mein Kollege wies die UKHSA darauf hin, dass sie keine Belege für ein Virus habe und sich daher selbst belasten, indem sie „unnötigerweise jeden verletze, indem sie ihnen Angst einflöße, ihnen kurzerhand ihre Rechte nehme und sie zu einer unnötigen und schädlichen Behandlung zwingt, was moralisch verwerflich ist“¹⁹². Unbeirrt schrieben meine Kolleg*innen ein paar Monate später erneut an die UKHSA und forderten die Offenlegung der vollständigen Methodik der Zellkulturexperimente und aller vergleichbaren Kontrollen in dem Artikel in der Public Health England „Duration of

¹⁹⁰ E-Mail vom Information Rights Team, UKHSA, „Case ref: 1409 - FOI Purification of SARS-CoV-2 and Variants (CF)“, 27.09.2022.

¹⁹¹ Ebd.

¹⁹² UKHSA, Case ref: 1409 - FOI Purification of SARS-CoV-2 and Variants (CF), im Besitz des Autors, 27.09.2022.

infectiousness and correlation with RT-PCR cycle threshold values in cases of COVID-19, England, January to May 2020“¹⁹³ („Dauer der Infektiosität und Korrelation mit RT-PCR-Zyklus-Schwellenwert bei Fällen von COVID-19, England, Januar bis Mai 2020“). Der Antwortbrief der UKHSA vom 25. März 2022 enthielt einen Text, der entweder eine verschwörerische Vereinbarung zwischen der WHO und souveränen Nationalstaaten abbildete, die Einzelheiten der „Viruskultur“-Täuschung, die den Kern des COVID-19-Betrugs bildet, nicht zu veröffentlichen, oder eine tiefgreifende Unkenntnis seitens der UKHSA, die SARS-CoV-2 als „hochgefährliches Virus“¹⁹⁴ bezeichnete:

Gemäß Abschnitt 1(1)(a) des Gesetzes kann die UKHSA bestätigen, dass sie über die angeforderten Informationen zu den oben genannten Fragen verfügt. Die angeforderten Informationen sind jedoch gemäß Abschnitt 24(1) - Nationale Sicherheitsausnahme - von der Offenlegung ausgenommen. Abschnitt 24(1) sieht vor, dass eine Information von der Offenlegung ausgenommen ist, wenn die Ausnahme von Abschnitt 1(1)(b) zum Zweck des Schutzes der nationalen Sicherheit erforderlich ist. Wobei „erforderlich“ bedeutet, dass die Inanspruchnahme der Ausnahmeregelung vernünftigerweise notwendig ist...

Zu den Faktoren, die für die Aufrechterhaltung der Ausnahmeregelung sprechen, gehören:

- Die Offenlegung von Informationen würde sehr detaillierte technische Daten umfassen und Fachwissen übertragen, was direkt gegen eine ausdrückliche Aufforderung der Weltgesundheitsorganisation (WHO) gegenüber Public Health England (PHE, jetzt UKHSA) im Jahr 2020 verstoßen würde, die Einzelheiten der Kulturamplifikation von SARS-CoV-2 nicht zu veröffentlichen oder allgemein zugänglich zu machen;*
- Die Offenlegung würde Details der verwendeten genauen Methodik der Virusamplifikation für ein als hochgefährlich eingestuftes Virus beschreiben, das die Sicherheitsstufe 3 erfordert und eine Bedrohung für die nationale und globale Biosicherheit darstellen könnte, wenn es an ein unbestimmtes oder unbeurteiltes Mitglied der Öffentlichkeit oder an Agenten mit böser Absicht weitergegeben würde;*

¹⁹³ Singanayagam, Anika et al.: Duration of infectiousness and correlation with RT-PCR cycle threshold values in cases of COVID-19, England, 01-95/2020, in: Euro Surveillance, Band 25, Nr. 32, 13.08.2020, <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.32.2001483> [15.08.2023].

¹⁹⁴ Anmerkung des Autors: Die UKHSA selbst hatte erklärt, dass „COVID-19 seit dem 19. März 2020 im Vereinigten Königreich nicht mehr als Infektionskrankheit mit hohen Folgen (HCID) gilt“. Vgl. „high consequence Infectious Disease“ auf gov.uk online, <https://www.gov.uk/guidance/high-consequence-infectious-diseases-hcid> [15.08.2023].

- Die Offenlegung dieser Informationen würde eine bedeutende „Know-how“-Fähigkeit liefern, das unter bestimmten Umständen als Biosicherheitsrisiko angesehen werden könnte.¹⁹⁵

Mein Kollege beantragte eine Überprüfung dieser Entscheidung, aber die Entscheidung wurde von der UKHSA am 3. Mai 2022 mit der Begründung aufrechterhalten, dass die Offenlegung der Details des Zellkulturexperiments „durch die Bedrohung der nationalen Sicherheit, die die Offenlegung darstellt, aufgewogen wird.“¹⁹⁶ Es ist unklar, warum die Geheimhaltung der Details ihrer experimentellen Methodik für die Bemühungen des Vereinigten Königreichs um den „Schutz der nationalen Sicherheit“ notwendig ist. Es wurde aufgedeckt, dass die Virolog*innen keine gültigen Kontrollexperimente durchführen und ihre Behauptungen über „Viren-Isolate“ in der wissenschaftlichen Literatur nicht belegt sind. Sind die Behörden besorgt, dass es, sobald sie offiziell auch alles zugeben, einen Aufstand geben wird, wenn die breite Öffentlichkeit die Verbrechen erkennt, die auf der Grundlage von Behauptungen begangen wurden, die aus betrügerischen virologischen Experimenten stammen? Dass sie die Freigabe dieser Informationen an die Öffentlichkeit unter Berufung auf „Biosicherheit“ verhindern, ist paradox, da die Existenz des angeblich „hochgefährlichen Virus“ nicht nachgewiesen werden kann.

Die substanzlosen Antworten der UKHSA wurden vielleicht nur noch von Maggie Throup, der parlamentarischen Staatssekretärin für Impfstoffe und öffentliche Gesundheit, übertroffen. In einer E-Mail an die Parlamentskollegin Rachael Maskell vom 27. Juni 2022 erklärte Throup Folgendes:

„Die britische Gesundheitssicherheitsbehörde (UKHSA) verwendet bei COVID-19 nicht die Postulate von Koch, da sie zu einschränkend sind und eher auf eine Assoziation als eine Kausalität hindeuten. Auch Koch verwarf seine Postulate, als er die asymptomatische Übertragung entdeckte. Die Bradford-Hill-Kriterien werden üblicherweise verwendet, wenn ein Virus mit einer Krankheit in Verbindung gebracht wird. Es sei jedoch darauf hingewiesen, dass SARS-CoV-2 die Koch’schen Postulate erfüllt, wie in dem folgenden Artikel gezeigt wird, in dem [ein] Tiermodell verwendet wurde.“¹⁹⁷

¹⁹⁵ UKHSA: Antwort-E-Mail vom 25.03.2022 mit der Referenznummer 25/01/2022/ag/2334 auf die FOIA-Anfrage „SARS-CoV-2 Isolation and Sequencing Experiments’ Controls“ vom 25.01.2022, auf: fluoridefreepeel.ca, 25.03.2022, <https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/05/UK-HSA-isolation-sequencing-methods-PACKAGE-redacted.pdf> [15.08.2023].

¹⁹⁶ UKHSA: Antwort-E-Mail vom 03.05.2022 mit der Referenznummer 25/01/2022/ag/2334 auf die FOIA-Anfrage „SARS-CoV-2 Isolation and Sequencing Experiments’ Controls“ vom 01.04.2022, auf: fluoridefreepeel.ca, 03.05.2022, [UK-HSA-isolation-sequencing-methods-PACKAGE-redacted.pdf \(fluoridefreepeel.ca\)](https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/05/UK-HSA-isolation-sequencing-methods-PACKAGE-redacted.pdf) [15.08.2023].

¹⁹⁷ Throup, Maggie: Antwort vom 16.05.2022 auf Anfrage mit der Ref: ZA50772 von Rachael Maskell vom 15.05.2022, <https://www.parliament.co.uk/question/315/coronavirus> [15.08.2023].

Wie bereits früher in diesem Abschnitt der Abhandlung umrissen wurde, ist es abwegig zu behaupten, die Postulate könnten erfüllt werden, wenn die Existenz der postulierten Mikrobe nie nachgewiesen wurde. Darüber hinaus trägt der Artikel aus dem Jahr 2020, auf den sich Throup bezieht, den Titel „Die Pathogenität von SARS-CoV-2 in hACE2 transgenen Mäusen“¹⁹⁸. Diese Arbeit belegte nie, dass sich ein Virus in den Proben befand, hatte keine gültigen Kontrollen, erfüllte die Koch'schen Postulate nicht und wies andere Aspekte des Betrugs auf.¹⁹⁹ Auch bei ihren weiteren Darlegungen verbreitete Throup die unbewiesenen Behauptungen der Virologie, indem sie behauptete, dass eine andere Studie²⁰⁰ „den Verlauf der COVID-19-Krankheit zeigte - von dem Moment an, in dem eine Person zum ersten Mal mit SARS-CoV-2 in Berührung kommt, über die gesamte Dauer der Infektion hin bis zu dem Punkt, an dem das Virus offensichtlich eliminiert wird“. Abermals wurde in dem Artikel einfach behauptet, dass sich ein Virus in den Proben befand und dass es keine gültigen Kontrollen gab, ganz zu schweigen von den anderen unwissenschaftlichen Aspekten der Studie, die bereits an anderer Stelle vorgetragen wurden, - einschließlich der umfassenden Widerlegung der Studie durch ViroLIEgy, als der Artikel noch ein Preprint war.²⁰¹ Mit anderen Worten: Politiker*innen wie Throup verbreiten die widerlegten Geschichten der Virologie und setzen damit ihre Wählerschaft einer empörenden Reihe von unnötigen und mitunter tödlichen Konsequenzen aus.

3.4. Metagenomische Sequenzierung - der letzte Atemzug der Virologie?

Läuft die reduktionistische Absicht der Molekularbiologie Gefahr, durch die Menge der von ihr produzierten Daten konterkariert zu werden - oder gar durch das fesselnde Interesse an ihrer Sammlung?

- Sir John Maddox²⁰²

Die Kosten für die Sequenzierung sind dramatisch gefallen von zunächst über 5000 US-Dollar pro Roh-Megabase (2001) auf etwa 500 US-Dollar pro Mb (2007) und dann nochmal bis Mitte 2021 auf

¹⁹⁸ Bao, Linlin et al.: The pathogenicity of SARS-CoV-2 in hACE2 transgenic mice, in: Nature, 583, 07.05.2020, <https://www.nature.com/articles/s41586-020-2312-y> [15.08.2023].

¹⁹⁹ Bailey, Samantha: Koch's Postulates: Germ School Dropout, auf: drsambailey.com, 08.09.2021, <https://drsambailey.com/resources/videos/germ-theory/kochs-postulates-germ-school-dropout/> [15.08.2023].

²⁰⁰ Killingley, Ben et al.: Safety, tolerability and viral kinetics during SARS-CoV-2 human challenge in young adults, in: Nature Medicine, 31.03.2022, <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/35361992/> [15.08.2023].

²⁰¹ Stone, Mike: Challenging "SARS-COV-2", auf: viroliegy.com, 11.02.2022, <https://viroliegy.com/2022/02/11/challenging-sars-cov-2/> [15.08.2023].

²⁰² Maddox, John: Finding wood among the trees, in: Nature, 333(6168), 11, 05.05.1988, <https://www.nature.com/articles/333011a0.pdf> [15.08.2023].

0,005 US-Dollar pro Mb.²⁰³ Zudem führte das Aufkommen der Next Generation Sequenzierung (NGS) um 2005 zu einer massiven Verringerung des für die Sequenzierung von Genomen erforderlichen Zeitaufwands. So steht in einem Artikel in „Biology and Medicine“ aus dem Jahr 2017 Folgendes:

„Das menschliche Genom zum Beispiel besteht aus 3 Milliarden Basenpaaren. (...) Die Sequenzierung des menschlichen Genoms mit der Sanger-Sequenzierung dauerte fast 15 Jahre, erforderte die Zusammenarbeit vieler Labore auf der ganzen Welt und kostete etwa 100 Millionen US-Dollar, während die Sequenzierung mit NextGenerationSequencing (NGS-Sequenzern) unter Verwendung des 454 Genome Sequencer FLX zwei Monate dauerte - für etwa ein Hundertstel des Preises“²⁰⁴.

In demselben Artikel heißt es weiter: „Leider sind NGS nicht dazu in der Lage [sic!], die vollständige DNA-Sequenz des Genoms zu lesen, sondern sind darauf beschränkt, kleine DNA-Fragmente zu sequenzieren und Millionen von Reads zu erzeugen. Diese Beschränkung bleibt ein negativer Punkt vor allem für Genomassemblierungs-Projekte, weil es hohe Rechenleistung erfordert.“

Es wird darauf hingewiesen, dass im Hinblick auf die Virologie ein weitaus größeres Problem als die „Rechenleistung“ darin besteht, dass ein Verfahren, das für die Sequenzierung von Genmaterial bekannter Herkunft (z.B. menschliche, bakterielle und Pilzzellen) eingesetzt werden kann, sich in eine algorithmische Zusammenstellung von Genfragmenten unbekannter Herkunft verwandelt hat. Dies ist die Grundlage der eifrigen Virenforscher für die Identifizierung dessen, was sie für Viren halten. Die Rechenleistung stellt für die Virolog*innen kein Problem mehr dar, da sie in ihrer vollständig anti-wissenschaftlichen „wet-lab pipeline“-Methodik (Anm. d. Übersetzer: Arbeitsschritte der Labormethoden) - unter Einbezug von Rohproben - nach Informationen schürfen und diese generierten, ungefilterten Reads in ihre theoretische „dry-lab-pipeline“ (Anm. d. Übersetzer: theoretische Arbeitsschritte im Computer) und ihre In-silico-Modelle einspeisen.

Es scheint, als hätte die Kombination aus massiv gesunkenen Sequenzierungskosten und verkürzten Zeitfenstern das Abrutschen der Virologie in den unwissenschaftlichen Bereich beschleunigt. Die Menschheit zahlt einen sehr hohen Preis für nicht existierende Viren, die nach Belieben erfunden und als Entschuldigung für fadenscheinig Maßnahmen und Freiheitseinschränkungen verwendet werden. In einer Veröffentlichung vom Oktober 2019 in „Critical Reviews in Microbiology“ wird behauptet, dass „mNGS [metagenomic NGS] bei der Identifizierung seltener, neuartiger, schwer zu

²⁰³ Wetterstrand, Kris A.: DNA Sequencing Costs: Data, auf: National Human Genome Research Institute online, zuletzt aktualisiert am 16.05.2023, <https://www.genome.gov/about-genomics/fact-sheets/DNA-Sequencing-Costs-Data> [15.08.2023].

²⁰⁴ Khouk, Mehdi et al.: Generations of Sequencing Technologies: From First to Next Generation, in: Biology and Medicine, 06.03.2017, (PDF) [Generations of Sequencing Technologies: From First to Next Generation](https://www.researchgate.net/publication/313811111-Generations_of-Sequencing_Technologies_From_First_to_Next_Generation) (researchgate.net) [15.08.2023].

detektierender und ko-infizierter Erreger direkt aus klinischen Proben gute Ergebnisse erzielt“²⁰⁵. Allerdings ist „gut“ in Bezug auf die Identifizierung neuer „viralen Erreger“ bedeutungslos, da auch sie in den Wirbelstrom des Zirkelschlusses der Virologie geraten sind. Die meisten der „neuartigen Erreger“, die sie in ihrem Artikel aufführen, waren Viren, die aus der angeblich günstigen „kultur-unabhängigen“ modernen mNGS-Technik stammen. Aber auch hier gilt: Wenn niemand angebliche Viren kultivieren oder physisch isolieren kann, wie kann behauptet werden, dass verschiedene Gensequenzen aus Umweltproben von ihnen stammen? Wie bereits dargelegt stützten Fan Wu et al. ihre Erklärung eines „neues Coronavirus“ in Wuhan ausschließlich auf derartig dargebotene Gensequenzen. Der Versuch der Virologie, diese Methodik als Beleg für Virus-Partikel auszugeben, hat eine unfalsifizierbare Hypothese eingeführt, was mit der wissenschaftlichen Methode unvereinbar ist.



Abbildung 10

Das Illumina MiniSeq-System – wie Fan Wus Team und andere im 21. Jahrhundert mithilfe von Computeralgorithmen in silico-„Viren“ finden. Es erfolgt im Computerlabor, ohne die Existenz eines Partikels zu belegen, der tatsächlich eine Infektionskrankheit verursacht.

Die Spezialisierung (und zunehmende Automatisierung) des genomischen Prozesses führt zu einer Situation, in der nur wenige Menschen das Gesamtbild von der klinischen Beurteilung eines Patienten bis hin zu den generierten Nukleotidsequenzen auf einem Computerbildschirm erfassen können. Die Virolog*innen machen den „Virusgenom“-Prozess vom ersten Schritt an ungültig, indem sie nie nachweisen, dass sie einen Partikel haben, das der Definition eines Virus entspricht. Sie

²⁰⁵ Han, Dongsheng et al.: mNGS in clinical microbiology laboratories: on the road to maturity, in: Critical Reviews in Microbiology, 06.11.2019, <https://doi.org/10.1080/1040841X.2019.1681933> [15.08.2023].

weisen auch nie nach, dass die Sequenzen, die sie als „viral“ bezeichnen, aus einem solchen imaginierten Partikel stammen. Stattdessen behaupten sie, dass solche Erklärungen - ob die Sequenzen als „nicht-menschlich“ oder „neuartig“ bezeichnet werden und inwieweit sie zufällig mit „bekannten viralen“ Sequenzen übereinstimmen, die zuvor in den Gendatenbanken hinterlegt wurden – durch Konsensentscheidungen bestätigt werden können. Die Natur gehorcht jedoch nicht den Geschichten, die sich die Menschen ausdenken.

Das Metagenomik-Verfahren ermöglicht die De-novo-Erfindung solcher viralen Sequenzen und hat das Karussell der Virologie bis ins 21. Jahrhundert weiter drehen lassen. Aufgrund der Unfähigkeit der Virologie, ihre eigenen Postulate aus dem vergangenen Jahrhundert zu erfüllen, wird ihre Zukunft jedoch mit ziemlicher Sicherheit ausschließlich auf diesem Missbrauch der Metagenomik oder zumindest ihrer zweckfremden Anwendung beruhen. Man könnte hoffen, dass das jüngste Scheitern zahlreicher Organisationen beim Nachweis, dass sie gültige Kontrollexperimente durchführen, darauf hindeutet, dass das Konzept viraler Pandemien wissenschaftlich gesehen in den letzten Zügen liegt. Sie können nur so lange propagiert werden, wie dieser Betrug vor der Öffentlichkeit verborgen bleibt. Es war zu erwarten, dass im letzten Atemzug der Virologie die Metagenomik weiterhin irreführend als „technologischer Fortschritt“ verkauft wird, mit dem bequemerweise behauptet wird, dass durch sie die angemessenen wissenschaftlichen Belege als überholt gelten.

Wie vorstehend ausgeführt, können die Irrtümer eines solchen „technologischen Fortschritts“ in der Regel mit einer einfachen Frage aufgedeckt werden, um zu prüfen, ob die wissenschaftliche Methode befolgt wird. So behauptete beispielsweise ein kanadisches Team im Jahr 2020, es habe verschiedene Techniken der „Ganzgenomsequenzierung von SARS-CoV-2“ anhand von Nasenabstrichen, die zwei Personen entnommen worden waren, die angeblich an COVID-19 erkrankt waren, miteinander verglichen.²⁰⁶ Einer der Autoren war Dr. Andrew McArthur, außerordentlicher Professor für Biochemie und biomedizinische Wissenschaften an der McMaster University in Kanada. Er wurde gefragt, ob sie „[versucht haben], RNA aus uniniziertem Überstand und virenfremem Gewebe - das genauso wie das infizierte Gewebe/der infizierte Überstand behandelt wurde - zu extrahieren“, um nachzusehen, ob sie auch auf diese Weise ein „SARS-CoV-2-Genom“ zusammenstellen können. McArthur antwortete: „Wir hatten keine Abstriche von gesunden Kontrollen, aber die Studie umfasste Negativkontrollen für Anwendungen/Bibliotheken, d.h. keine tatsächliche RNA.“²⁰⁷ Tatsächlich gab es nur eine einzige Erwähnung einer „Kontrolle“ in der Veröffentlichung, in der es

²⁰⁶ Nasir, Jalees et al.: A Comparison of Whole Genome Sequencing of SARS-CoV-2 Using Amplicon-Based Sequencing, Random Hexamers, and Bait Capture, in: Viruses, Band 12, Nr. 8, 15.08.2020, <https://www.mdpi.com/1999-4915/12/8/895> [15.08.2023].

²⁰⁷ McArthur, Andrew G.: Antwort via E-Mail vom 02.06.2022, 20:29, auf die E-Mail-Anfrage vom 30.05.2020, 17:32, zur Studie „A Comparison of Whole Genome Sequencing of SARS-CoV-2 Using Amplicon-Based Sequencing, Random Hexamers, and Bait Capture“, <https://www.fluoridefreepeel.ca/wp-content/uploads/2022/06/Mubareka-Mossman-etc-no-valid-controls-PACKAGE-redacted.pdf> [15.08.2023].

hie: „Eine Negativkontrollbibliothek ohne SARS-CoV-2-RNA-Extrakt wurde unter Verwendung von ARTIC amplification einbezogen.“ Noch einmal: Das Fehlen einer gltigen Kontrolle, nmlich einer vom Menschen stammenden Probe ohne das angebliche „Virus“, reiht diese Arbeit in die umfangreichen Archive der metagenomischen Pseudowissenschaft der Virologie ein. Ironischerweise wird in der Studie auch behauptet, dass „COVID-19 durch das schwere akute respiratorische Syndrom Coronavirus 2 (SARS-CoV-2) verursacht wird, ein neuartiges Coronavirus, das im Dezember 2019 aufgetaucht ist“, wobei aus der Verffentlichung von Peng Zhou et al. zitiert wird, deren Betrug bereits in dieser Abhandlung gezeigt wurde.

3.5. Wozu die Existenz von Viren whrend eines Krieges in Frage stellen?

Ich habe eine Reihe von Aktivist*innen in der „Gesundheitsfreiheits“-Bewegung beobachtet und mit ihnen Kontakt gehabt, die behaupten, dass es sinnlos ist, Diskussionen darber zu fhren, ob die Existenz von SARS-CoV-2 oder anderen pathogenen Viren nachgewiesen wurde. Einige der vorgebrachten Argumente lauten, dass dies a) von den Verbrechen, die gegen die Menschheit begangen wurden, ablenke, dass es b) ein strategischer Fehler sei, da es zu einer weiteren Spaltung fhre, und c) dass, wenn die virale Hypothese (oder die breitere Keim-„Theorie“) bestritten werde, eine alternative Theorie prsentiert werden msse. Ich verzichte darauf, eine lange Liste von Personen zu liefern, die solche Behauptungen aufstellen, aber ein Beispiel ist der britische Akademiker Dr. Roger Watson, der im Mrz 2022 erklrte: „Es ist schwer zu verstehen, wie Sam Bailey zu ihren Ansichten kommt, und man muss kein Virenleugner sein, um die Art und Weise, wie die Pandemie gehandhabt wurde, hchst kritisch zu sehen“²⁰⁸. Watsons Kritik veranschaulicht - wie ich hoffentlich berzeugend dargestellt habe -, dass solche Meinungen auf ein einseitiges Informationsniveau hinweisen, das virologische Behauptungen unreflektiert reproduziert. Unsere Ansichten sollten fr diejenigen nicht schwer zu verstehen sein, die sich ausfhrlich mit der Geschichte, den anti-wissenschaftlichen Methoden und den Verlautbarungen der Virolog*innen, einschlielich der Erklrung eines „neuartigen Coronavirus“ im Jahr 2020, befasst und sich bemht haben, diesen Betrug der ffentlichkeit in einfacher Sprache zu vermitteln.

In einigen Fllen konstatieren diese Kritiker, dass alles an der Pandemie ein Betrug ist, *aufer* der Behauptung der Virolog*innen (und der WHO), dass SARS-CoV-2 als pathogenes Partikel physisch existiert. Sie knnen nicht erkennen, dass schon die Grundlage des Betrugs ein Betrug ist. Die Schwierigkeit fr einige, sogar fr diejenigen in der Freiheitsbewegung, knnte darin bestehen, dass die Zurckweisung der Existenz des Virus mit den Kosten verbunden wre, einen Groteil ihres Lebenswerks in Frage zu stellen. Allerdings sollte man whrend einer Recherche nicht aus Grnden

²⁰⁸ Bailey, Samantha: The COVID “Sceptics” Who Spread Viral Dogma, auf: drsambailey.com, 17.03.2022, <https://drsambailey.com/covid-19/the-covid-sceptics-who-spread-viral-dogma/> [15.08.2023].

der Bequemlichkeit oder weil der aktuelle Wissensstand nicht mehr ausreicht aufhören. Im Gegenteil, es ist ein schwerwiegender Fehler, sich die grundlegenden „Fakten“ vom virologischen Establishment diktieren zu lassen. Das Herzstück des COVID-19-Betrugs beruht auf den Behauptungen der Virologie. Es ist kein strategischer Fehler, unsere Energie darauf zu richten, die Irrtümer der Virologie aufzudecken. Andernfalls eröffnet das Abwehren der COVID-19-Maßnahmen bei gleichzeitigem Unangetastetlassen der virologischen Täuschung die Tür für eine beliebige Anzahl von „viralen Pandemien“ in der Zukunft. Einblicke in den gesamten Betrug beseitigen die gegenstandslose Angst vor Ansteckung und stattdessen uns mit einem solideren Weg zu dauerhafter Freiheit aus.

NACHWORT DES AUTORS

Unabhängig davon, wie lang eine Abhandlung zu diesem Thema auch sein mag, wird es immer Fragen der Form „Aber was ist mit...?“ geben. Der Wunsch, beobachtete Phänomene an das Virenmodell anzupassen, ist auf vielen Ebenen stark verankert. Es war nicht das Ziel dieser Abhandlung, periphere Phänomene oder die Ursache verschiedener Krankheiten bei Organismen wie dem Menschen zu erklären. Wie bereits ausführlich dargelegt wurde, muss lediglich nachgewiesen werden, dass die Virologie die Virenhypothese selbst widerlegt hat, da sie ihren eigenen Ansprüchen nicht genügt. Die Virolog*innen haben keine direkten Belege für krankheitserregende Viren erbracht und stattdessen in indirekten Beobachtungen Zuflucht gesucht, die aufgrund der fehlenden Kontrollversuche der Experimente wertlos sind. Hinzu kommt, dass die Einhaltung der wissenschaftlichen Methode uns nicht dazu verpflichtet, eine alternative Erklärung für diese Phänomene zu liefern - wenn eine Hypothese auch nur ein einziges Mal widerlegt wurde, ist sie erledigt. Tragischerweise sind die Erklärungen für viele der „Aber was ist mit...?“-Fragen bereits an anderer Stelle beantwortet worden, aber die Verführung durch das „Virus“ und der Moloch der es umgebenden Interessen haben für viele Menschen eine künstliche Wissensbarriere gebildet. Angesichts dieser Tatsachen habe ich mich bemüht, dem höchsten Zweck zu dienen, den ich kenne, und hoffe, dass meine Beiträge der Menschheit helfen werden, die imaginären viralen Fesseln ein für alle Mal abzuwerfen.

„Der Fortschritt besteht nicht in der Vermehrung der Wahrheit, sondern darin, sie von ihren Hüllen zu befreien. Die Wahrheit wird wie Gold gewonnen, nicht indem man sie größer werden lässt, sondern indem man alles, was nicht Gold ist, von ihr abwäscht.“

- Leo Tolstoj²⁰⁹

²⁰⁹ Christian, R.F. (Hrsg.): „Tolstoy's Diaries“, Flamingo (28.03.1994).

ÜBER DEN AUTOR

Dr. Mark Bailey

MB ChB (Bachelor in Medizin und Chirurgie)

PGDip MSM (Postgraduiertendiplom für Muskel-Skelett-Medizin)

MHealSc (Otago) (Master in Gesundheitswissenschaft in Otago/Neuseeland)

Dr. Mark Bailey ist ein Mikrobiologie-, Medizinindustrie- und Gesundheitsforscher, der zwei Jahrzehnte lang in der medizinischen Praxis, einschließlich klinischer Studien, gearbeitet hat.

Zitierempfehlung der deutschen Übersetzung

Bailey, Mark: A Farewell to Virology - Eine Einladung zur Befreiung von unnötigen Vorfällen, auf: dr-sambailey.com, 25.09.2023, <https://drsambailey.com/a-farewell-to-virology-expert-edition/>