

Wie eine einzige Fehlinterpretation am 10.01.2020 die ganze Welt in die Irre führte !

Corona_Fakten • October 09, 2020

Diesen Artikel haben wir für Laien und insbesondere auch für die Experten unter Ihnen geschrieben, damit sind alle Virologen, Biochemiker, Mikrobiologen, Zellspezialisten und vor allem die Bio-Informatiker gemeint, **die aus sehr kurzen** Gensequenzen die lange Sequenz der behaupteten Viren **errechnen**. Jeder von Ihnen besitzt nicht nur die Pflicht zu moralisch-ethischem Handeln, sondern sollte auch dem beruflichen Ehrenkodex, den klaren Wissenschaftlichen Regeln folgen.

Die verbindlichen wissenschaftlichen Regeln schreiben das strikte Anzweifeln und Überprüfen wissenschaftlicher Aussagen vor, bevor diese veröffentlicht werden. Das ist bei Corona **nachweislich nicht** geschehen.

Das Gegenteil geschieht: Die bisher angeschriebenen Virologen entziehen sich mit **ständigem Ausweichen** den klaren Fragen, ignorieren sichtbar gemachte Widersprüche und Widerlegungen, verletzen Denkgesetze und Logik. Es ist klar, dass es schwierig sein kann, Fehler einzugestehen. Hier geht es aber erkennbar um Leben und den Erhalt von Gesellschaft und Wirtschaft.

Alle werden deswegen und hiermit gebeten, das Folgende in Ruhe und vor allem genauestens zu prüfen. Wir werden aufzeigen, wie es durch einen folgenschweren Irrtum im Dezember 2019 zu einer derartigen Fehlentwicklung, wie wir sie derzeit erleben, überhaupt hatte kommen können.

Was war nun der genaue Auslöser und wo passierte der Fehler, dem jedermann aufgesessen ist und den kaum einer wahrzunehmen schien? Sprich: Ein Fehler, den keiner „für voll“ nahm und der doch darin mündete, die ganze Welt in jenen Panikmodus zu versetzen, der dazu führte, dass man in kollektiver Weise die grundlegendsten wissenschaftlichen Aufgaben und Pflichten außer Acht ließ?

Es wäre uns ein Leichtes, etliche Damen und Herren Virologen sowie Experten verwandter Fachbereiche vorzuführen und bloßzustellen, allein anhand des E-Mail-

Verkehrs, in welchen wir die Verantwortlichen involvierten.

Hierin besteht aber nicht unser Grundanliegen, denn wir glauben noch immer an das Gute im Menschen, wir glauben an die innere Ehrlichkeit und **wissenschaftliche Wahrhaftigkeit**. Wir möchten, dass jeder die Möglichkeit erhält, sein Gesicht wahren zu können.

Einem jeden dieser Entscheidungsträger und Wissenschaftler in den betreffenden Behörden, Institutionen und Universitäten bietet sich jetzt die Chance, als Held in die Geschichte einzugehen und die ausgelöste Eigendynamik, die das Leben vieler Menschen, den Zusammenhalt der Gesellschaft und das Funktionieren der Wirtschaft gefährdet, nicht nur ein Ende zu bereiten. Die Corona-Krise birgt bei Bewältigung eine riesige Chance für alle.

Wie fing eigentlich die Corona-Panik an? Wir zeigen es Ihnen!



Die Corona-Krise fand ihren Ursprung in China.

Am 30.12.2019 teilte der Augenarzt Li Wenliang per Whatsapp an Berufskollegen

mit, dass sich 7 Menschen mit Lungenentzündung in seinem Krankenhaus befänden, die vielleicht an SARS litten.

Es handelte sich um lediglich sieben Patienten, **bis zum entscheidenden 20.1.2020 waren es in der 11-Millionen-Metropole Wuhan nur 49** – bitte halten Sie sich diese Relation vor Augen, wenn wir Sie daran erinnern, dass China eine Bevölkerung von um die 1,4 Milliarden Menschen aufweist.

Nun passierte etwas, was so nicht hätte geschehen dürfen: Einer der sieben Empfänger der privaten WhatsApp-Mitteilung veröffentlichte – ohne sich der möglichen Konsequenzen bewusst zu sein – einen Screenshot dieser Nachricht im Internet!

Gleichzusetzen mit der Geburtsstunde einer Panik: Sieben **vermeintliche SARS Fälle, wobei die Infektiologen die zahlreichen bekannten Ursachen von atypischer Lungenentzündung verschweigen!**

Am 31.12.2019, also genau einen Tag später, entsandte die Regierung in Peking eine „Eingreiftruppe“, die aus Virologen und Epidemiologen bestand, um die Angelegenheit in Wuhan zu unterstützen und um die Behauptung des Vorliegens einer epidemischen Lage zu überprüfen und zu verifizieren!

Ab hier beginnt es, heikel zu werden: Wir nähern uns genau den wichtigen Fakten, die zu all dem fehlgeleiteten panischen Verlauf führten – und nur von den wenigstens bemerkt wurden!

Am 01.01.2020 startete Prof. Christian Drosten von der Charité sofort mit der Entwicklung eines PCR-Testes, bevor überhaupt geklärt war bzw. geklärt sein konnte, ob der Bericht aus China über SARS wahr und bewiesen ist, und vor allem, **bevor die chinesischen Virologen ihre Ergebnisse der Öffentlichkeit zugänglich gemacht hatten!** Er sagte aus, dass er seit dem **01.01.2020 ein genetisches Nachweisverfahren entwickelt hat**, mit dem er die Anwesenheit eines neuen Corona-Virus in Menschen zuverlässig beweisen könne. Woher wollte er wissen, dass es sich nicht um das alte SARS-Virus von 2003 handelte oder um

unzählige Nicht-Corona-Viren, die ebenfalls eine atypische Lungenentzündung hervorrufen sollen?

Als am 10.1. und 12.1.2020 im Internet **vorläufige** Zusammenstellungen von Sequenzen erschienen, die nachträglich verändert und am 24.1.2020 sowie am 3.2.2020 wiederveröffentlicht wurden, stellte dies das Resultat der ersten beiden **Versuche** dar, das noch unbekannte Virus zu identifizieren. Die Virologen der CCDC hatten hierfür die Sequenzen kurzer Genstückchen mittels Computerprogrammen theoretisch zu einem möglichen Erbgutstrang zusammengesetzt. Was bedeutet das genau?

Der Publikation von Fan Wu et al, in Nature, Vol 579 vom 3.2.2020, in der das Genom (*kompletter Erbgutstrang*) des SARS-CoV-2 zum ersten Mal vorgestellt und **zur Vorlage aller weiteren Alignments (Ausrichtungen)** wurde, war zu entnehmen, dass man eindeutig die **gesamte** aus einer Bronchiallavage (BALF) eines Patienten gewonnene RNA genutzt hatte, **ohne dass zuvor eine Isolation oder Anreicherung von viralen Strukturen bzw. Nukleinsäuren stattgefunden hätte.**

Diese RNA wurde dann in cDNA umgewandelt und Moleküle mit einer Länge von gerade einmal 150 Nukleotiden sequenziert, um mithilfe derer rein rechnerisch das komplette Genom, welches eine Länge von ca. 30.000 Nukleotiden aufweist, zu konstruieren.

Damit Sie tatsächlich nachvollziehen können, was hier geschah, nochmal im Klartext:

Prof. Christian Drosten von der Charité in Berlin ließ in der Firma Tib Molbiol die Reagenzien (Primer) für den SARS-CoV-2-Virus-PCR-Test synthetisieren, **noch bevor** die chinesischen Wissenschaftler um Fan Wu in der Nacht **vom 10.1.2020 auf den 11.1.2020** ihre vorläufigen Sequenzvorschläge für das Virus online der Welt präsentiert hatten.

Weil uns dies in Erstaunen versetzte, knöpften wir uns deren Publikation vor und mussten der Tatsache ins Auge sehen, dass die chinesischen Virologen das Genom des später in SARS-CoV-2 umbenannten Virus lediglich rein **rechnerisch, durch Aufaddieren** von sehr kurzen Sequenzstücken erstellt haben.

Das vollständige Genom, geschweige denn größere Teile davon, wurde von ihnen nicht aufgefunden!

Mehr noch: Sie haben kein Virus oder virale Strukturen und hiervon die viralen Nukleinsäuren isoliert, sondern lediglich die gesamte mithilfe einer Lungenspülung gewonnene RNA.

Und man erschuf aus sehr kurzen Teilstückchen von üblicherweise 21 bis 25 Nukleotiden (Basen), darunter ganz Vereinzelte mit einer Länge um 100 Nukleotide dann das Genom des Virus, bestehend aus 30.000 Basen, lediglich computergestützt, durch die Anordnung an ein vorgegebenes Genom (Alignment).

Hätte es keine Genom-(*Erbgutstrang*)-Vorlage gegeben, hätte niemand ein neues Virus erstellen können. Bestehende Lücken wurden durch Fan Wu et al **rechnerisch geschlossen**, unter der **Annahme**, wie die **angenommenen** Eiweiße des **angenommenen** Virus und deren **angenommene** Gene (*beim SARS-CoV-2 sind es 10 Gene*) und deren RNA-Produkte **wahrscheinlich** aussehen.

Von welchem Umfang diese Lücken waren – ob es sich hier um 10 % oder 90 % des Genoms handelt, ist der Publikation nicht zu entnehmen.

Außerdem wird die RNA meistens in c(copy)DNA verwandelt, um sie (mit den NGS-Techniken) sequenzieren zu können. Direkte RNA-Sequenzierung (Third Generation Sequencing, z. B. Nanopore) ist keine Routine, da diese Technik 10 % Fehler erzeugt (oder die bisherigen Techniken 10 % Fehler erzeugten!).

Was hier getan wurde, ist die Schaffung eines Modells eines "Virus" am Computer, von dem man ausgeht, dass dieses in der Realität so existieren könne, weil ein Algorithmus, welcher zuvor programmiert wurde, dieses Modell als „richtig“ empfindet.

Wichtig ist aber zu verstehen, dass dieses Virus-Modell noch nie, von niemandem

weltweit, als Ganzes und Intaktes isoliert wurde.

Wären viele Viren vorhanden, könnte man sie wie Bakteriophagen einfach in großer Zahl im Dichtegradienten isolieren, in isolierter Form in großer Zahl fotografieren und komplett biochemisch charakterisieren.

Die Anwesenheit langer Nukleinsäuren kann man direkt in der Gelelektrophorese nachweisen, auch RNA, was bis heute bei keinem krankmachendem Virus geschehen ist.

Der nächste elementare Fehler:

Die chinesischen Virologen haben **keine Kontrollexperimente** durchgeführt, um auszuschließen,

- dass auch mit menschlicher/mikrobieller RNA aus einer Lungenspülung eines **gesunden** Menschen,
- eines Menschen mit einer **anderen Lungenerkrankung**,
- eines Menschen, der SARS-CoV-2-**negativ getestet** wurde,
- oder aus solcher RNA aus **Rückstellproben** aus der Zeit, als das SARS-CoV-2-Virus noch unbekannt war,

genau die gleiche Aufaddierung eines Virus-Genoms aus kurzen RNA-Bruchstücken möglich ist!

Nicht nur würden diese Kontrollexperimente beweisen, dass aus ganz normaler menschlicher/mikrobieller RNA das gleiche Genom (Erbgut-Modell) anhand eines Alignments erzeugt werden kann, sondern sind diese Kontrollexperimente wissenschaftliche Praxis und seit 1998 durch die Deutsche Forschungsgemeinschaft verpflichtend!

Allein dieses Fehlverhalten und die Fehlinterpretation durch alle Virologen, auf Grund von

a) Unkenntnis

b) *unzureichende Recherche der Studien*

c) *Panik*

d) *politischen Druck*

e) *oder einfach Ignoranz*

führte uns in diese falsche Pandemie.

Bis heute hat kein einziger Virologe weltweit ein ganzes und intaktes SARS-CoV-2-Virus in der Realität zu Gesicht bekommen.

Wenn es nicht so traurig wäre, könnten wir alle über diesen Fehler lachen, leider ist uns dieses aber bereits vergangen.

Bereits 1951 hatte sich die Virologie aufgelöst und verabschiedet:

Prof. Karlheinz Lüdtke, Max-Planck-Institut für Wissenschaftsgeschichte, Frühgeschichte der Virologie, Sonderdruck 125, 89 Seiten, 1999. i. K. (A 2) Preprint 1999.

Darin wird aufgezeigt, dass bis 1953 jedem Virologen und der Wissenschaftsgemeinschaft klar und bekannt war, dass alle Bestandteile, die bis dato als Bestandteile von Viren gedeutet wurden, sich durch Kontrollversuche als Bestandteile von abgestorbenen Geweben und Zellen entpuppten.

Diese wichtigen und elementaren Kontrollexperimente wurden bis heute beim SARS-CoV-2-Virus nicht durchgeführt!

Somit gibt es keinen einzigen Beweis dafür, dass wir ein neuartiges Virus gefunden haben!

Am 21.01.2020 (3 Tage vor der ersten Veröffentlichung der Chinese Center for Disease Control and Prevention [CCDC]) empfahl die WHO allen Nationen die Anwendung des von Prof. Drosten entwickelten "sicheren" Test-Verfahrens.

Hier nochmal der Tatbestand: Prof. Drosten benutzte wissenschaftlich **NICHT** geprüfte Daten für seinen schnell globalisierten PCR-Test des 2019-nCoV-Virus, das am 07.02.2020 unter seiner Mitwirkung in SARS-CoV-2 umbenannt wurde. Damit erweckte man den Schein, die Chinesen hätten tatsächlich ein neuartiges Virus entdeckt, dem war allerdings zu keiner Zeit so!

Die Behauptung, er habe ein zuverlässiges Testverfahren entwickelt, ist somit völlig unmöglich!

Am 23.01.2020: Veröffentlichung (PDF) der Entwicklung des Testverfahrens von Prof. Drosten. Auf **Seite 3** dieses Beitrags, **linke Spalte, 8 Zeile von unten**, beschreibt er den ersten und entscheidenden Schritt seines Vorgehens:

„Vor der Bekanntmachung öffentlicher Virus-Sequenzen aus Fällen mit 2019-nCoV, haben wir uns auf Berichte aus den Sozialen Medien verlassen, in denen der Nachweis eines SARS-ähnlichen Virus angekündigt wurde. Deswegen haben wir angenommen, dass ein mit SARS in Verbindung stehendes CoV beim Ausbruch involviert ist.“

Results

Before public release of virus sequences from cases of 2019-nCoV, we relied on social media reports announcing detection of a SARS-like virus. We thus assumed that a SARS-related CoV is involved in the outbreak.

Zu dieser Zeit lagen keinerlei klinische Daten vor, die diese Vermutung hätten stützen können.

Auf Seite 2 linke Spalte heißt es:

"Im vorliegenden Fall von 2019-nCoV sind Virusisolate oder Proben von infizierten Patienten der internationalen Gemeinschaft für das öffentliche Gesundheitswesen bisher nicht zugänglich. Wir berichten hier über die Einrichtung und Validierung eines diagnostischen Arbeitsablaufs für das 2019-nCoV-Screening und die spezifische Bestätigung, der in Ermangelung verfügbarer Virusisolate oder Original-Patientenproben entwickelt wurde. Design und Validierung wurden durch die enge genetische Verwandtschaft mit dem SARS-CoV von 2003 ermöglicht und durch den

Einsatz der synthetischen Nukleinsäuretechnologie unterstützt."

In the present case of 2019-nCoV, virus isolates or samples from infected patients have so far not become available to the international public health community. We report here on the establishment and validation of a diagnostic workflow for 2019-nCoV screening and specific confirmation, designed in absence of available virus isolates or original patient specimens. Design and validation were enabled by the close genetic relatedness to the 2003 SARS-CoV, and aided by the use of synthetic nucleic acid technology.

Methods

Erst Am 24.01.2020 und 03.02.2020 veröffentlichten die maßgeblichen Virologen der chinesischen Seuchenbehörde (CCDC) ihre Ergebnisse. Sie berichten über die Isolation „vieler“ kurzer Gensequenzen, die gedanklich aneinander gereiht, einen Erbgutstrang eines neuartigen Virus darstellen könnte (*Modell, anhand eines Alignments*).

Die Autoren wiesen **ausdrücklich** darauf hin (auch alle anderen beteiligten Virologen bis heute „Stand 09.10.2020“), dass die **zwingend notwendigen Experimente** noch nicht durchgeführt wurden, die es erlauben würden, die Behauptung aufzustellen, dass es sich tatsächlich um einen Erbgutstrang eines krankmachenden viralen Erregers handelt.

Im Gegenteil: Die chinesischen Virologen weisen sogar explizit darauf hin, dass der konstruierte Erbgutstrang bis zu 90 % Ähnlichkeit mit Erbgutsträngen harmloser und seit Jahrzehnten bekannter, behaupteter Corona-Viren in Fledermäusen hat.

Diese 90%-Ähnlichkeit ergibt sich aus der Tatsache, dass als Vorlage zum Ausrichten der zahlreichen sehr kurzen Gensequenzen (=Alignment) eben genau ein solches „Genom“ eines harmlosen Fledermaus-“Corona-Virus“ verwendet wurde. Wobei zu sagen ist, dass dieses Fledermaus-Genom, wie alle „Genome“

krankmachender „Viren“ nur errechnet, also gedanklich aus sehr kurzen körpereigenen Gensequenzen und/oder aus Genbruchstückchen zahlreicher Mikroben zusammen gesetzt wurden, die in der Realität als ganzer Erbgutstrang nie gefunden und als ganzes „virales Genom“ auch in der wissenschaftlichen Literatur an keiner Stelle auftauchen.

So heißt es in der Studie vom 24.01.2020 unter **Discussion** "*our study does not fulfill Koch's postulates*" (deutsch: *Unsere Studie erfüllt nicht die Koch'schen Postulate*).

Diese Tatsachen und Fakten zeigen eindeutig auf, dass zu keiner Zeit ein Nachweis für ein krankmachendes Virus existierte. Die Panik, die durch Medien und andere erzeugt wurde und immer noch wird ist keinesfalls zu rechtfertigen. In einem Interview zwischen Prof. Tanner (*Leiter der Corona-Taskforce und Präsident der Akademien*), Samuel Eckert und CoronaFakten bestätigte Prof. Tanner:

"dass der Test von Prof. Drosten nicht den notwendigen wissenschaftlichen Standards entspricht und sehr viele falsch-positiv-Ergebnisse erzeugte, so dass wir überhaupt erst in diese Corona-Panik geraten konnten. Prof. Tanner führte dazu im Folgenden beschwichtigend aus, dass man das Vergangene – sprich den Auslöser – ruhen lassen sollte, weil man das Rad nicht zurückdrehen kann. (Min 21:05 bis Min 23:00)."

Schlussfolgerung

Wenn man verstanden hat, dass bis heute folgende Dinge passiert sind:

- Es wurden keine Kontrollexperimente durchgeführt.
- Es handelt sich nur um ein gedankliches Modell eines neuen Virus, welches rechnerisch durch Aufaddieren und anhand eines Alignment kreiert wurde.
- Zu keiner Zeit wurde ein ganzes und intaktes Virus isoliert.

- Ein PCR-Test wurde entwickelt von Prof. Christian Drosten, welcher auf Annahmen beruht, die zu damaligen Zeit **überhaupt** keine wissenschaftliche Grundlage hatte und heute nur eine offensichtlich pseudo-wissenschaftliche Rechtfertigung hat, die sich bei der Überprüfung als irrig herausstellt und sich selbst widerlegt.
- Alle Virologen weltweit sind Opfer dieser gleichen Fehlannahme, da sie fundamentale wissenschaftliche Praxis missachteten, oder nicht überprüften.
- Die Medien erzeugten eine Panik, für die zu keiner Zeit eine Grundlage bestand.
- **Die Erkenntnisse, wie die Symptome in Wirklichkeit entstehen, die den Viren zugesprochen werden, sind vorhanden und warten auf Anwendung. Das ist nur eine der Dimensionen, warum die Corona-Krise eine Chance für alle ist.**

Viele weitere Posts finden Sie auf unseren Kanälen:

Telegram-Hauptkanal: https://t.me/Corona_Fakten

PayPal: [CoronaFakten Unterstützen](#) ❤️ (*CoronaFakten Premiumgruppe*)

Fragen können Sie per E-Mail senden: coronafaktenfragen@gmail.com

Folgend eine Liste unserer wichtigsten Artikel:

   [Corona_Fakten: Liste der wichtigsten Artikel](#) !