



Gesund leben
11.10.2020 | Dr. Joseph Mercola

**Neuer Bericht bringt Licht in die
Herkunft von SARS-CoV-2**

©M.G.Celal - shutterstock.com

Neuer Bericht bringt Licht in die Herkunft von SARS-CoV-2

©M.G.Celal - shutterstock.com

- Neuer Bericht bringt Licht in die Herkunft von SARS-CoV-2

Wenn ihre Vorgesetzten ihre Erkenntnisse bereits im Januar 2020 mit anderen geteilt hätten, dann hätte die Entdeckung von Dr. Li-Meng Yen möglicherweise dazu beigetragen, die Entwicklung der globalen COVID-19-Pandemie zu verhindern. Jetzt hat sie ihren Bericht veröffentlicht – und er ist alarmierend.

- Gesund leben [11.10.2020](#) [Dr. Joseph Mercola](#)

INHALTSVERZEICHNIS

- Der Yan-Bericht wird sofort zensiert
 - Yan-Bericht: SARS-CoV-2 ist genmanipuliert
 - Warum die These von der natürlichen Entstehung falsch ist
 - Schuppentiere und andere Tierarten sind als Zwischenwirt unwahrscheinlich
 - Ist der Restriktionsverdau der unwiderlegbare Beweis?
 - Zusammenfassung
 - Warum die Vertuschung?
 - Neue manipulierte Coronaviren sind bereits in Arbeit
 - Wappnen Sie sich!
-

Auf einen Blick

1. Die Wissenschaftlerin Dr. Li-Meng Yen hat Beweise vorgelegt, wonach SARS-CoV-2 höchstwahrscheinlich genetisch manipuliert wurde. Yen war früher an der University of Hong Kong School of Public Health, einem weltweit führenden Labor in Sachen Corona-Forschung.
2. Dr. Yen wirft der chinesischen Regierung und WHO-Vertretern in Hongkong vor, sie hätten versucht, den Ausbruch in Wuhan zu vertuschen.
3. Am Morgen des 14. September 2020 postete Yan auf Twitter einen Link zu ihrer Arbeit. Kurz darauf teilte sie in einem weiteren Tweet mit, dass der

Preprint-Server Zenodo »unverzüglich gehackt« und zum Absturz gebracht worden sei.

4. Yan und ihre Kollegen vertreten die These, SARS-CoV-2 sei auf der Grundlage des Fledermaus-Coronavirus ZC45/ZXC21 hergestellt worden. Das rezeptorbindende Motiv im Spike-Protein wurde so manipuliert, dass das Virus in der Lage ist, sich fest an den menschlichen ACE2-Rezeptor zu koppeln.

5. Mit der Molekularbiologin Alina Chan (Broad Institute von Harvard und MIT) zweifelt eine weitere Wissenschaftlerin den zoonotischen Ursprung von SARS-CoV-2 an. Das Virus war von Beginn an für eine Übertragung von Mensch zu Mensch geeignet, weshalb Chan davon überzeugt ist, dass die fehlende Zwischenphase der Evolution im Labor stattfand.

Am 31. Juli 2020 schrieb ich über eine Wissenschaftlerin aus Hongkong,¹ die erklärte, die chinesische Regierung und Vertreter der Weltgesundheitsorganisation WHO in Hongkong hätten den Ausbruch des Coronavirus in Wuhan vertuscht und zugelassen, dass sich das Virus ungehindert über die gesamte Welt ausbreitet.

Ihre Arbeit zu dem SARS-ähnlichen Ausbruch in Wuhan hätte verhindern können, dass es zu einer globalen Pandemie kommt, sagte die Whistleblowerin Dr. Li-Meng Yan, die an der University of Hong Kong School of Public Health gearbeitet hat, einer der besten Adressen in Sachen Coronavirus-Forschung. Leider jedoch hätten ihre Vorgesetzten ihre Erkenntnisse nicht weitergegeben, sagte Yen in einem Interview bei *Fox News*.

Yan wurde am 15. September 2020 erneut von *Fox News* interviewt. Dieses Mal ging es um ihren kurz zuvor veröffentlichten Bericht. Twitter begann auf seiner Plattform unverzüglich, das Interview zu zensieren.²



Wuhan Institute of Virology: Was geschah hier wirklich?

Ende Dezember 2019 habe ihr Vorgesetzter, der WHO-Berater Leo Poon, sie gebeten, unauffällig Berichten über eine SARS-ähnliche Krankheit nachzugehen, die sich im chinesischen Wuhan ausbreitete, sagt Yan. Chinas Regierung hatte sich geweigert, ausländische Fachleute hinzuzuziehen, und Poon wollte nun, dass Yan herausfinde, was dort tatsächlich geschieht.

Yan kontaktierte einen Kollegen von der chinesischen Seuchenschutzbehörde und erhielt auf diese Weise aus erster Hand Informationen über den Ausbruch. Man teilte ihr mit, dass es Übertragungen von Mensch zu Mensch gäbe und dass man Cluster in Familien gefunden habe.

Bis die WHO offiziell bestätigt, dass die Krankheit von Mensch zu Mensch übertragen werden kann, sollten allerdings noch einige Wochen vergehen. Tatsächlich hieß es zunächst in einer offiziellen Mitteilung der Weltgesundheitsbehörde, dass das Virus sich »nicht so einfach von Mensch zu Mensch überträgt«.

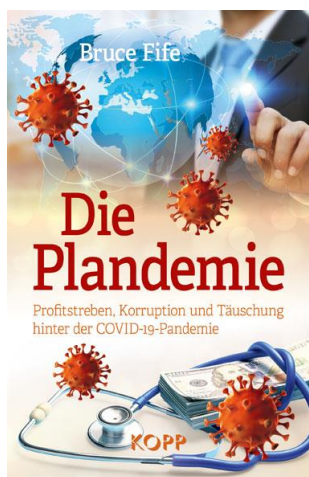
Am 16. Januar 2020 bat man Yan, erneut ihre Kontakte in China anzusprechen und zu fragen, ob sie mehr herausfinden könne. Ihre Ansprechpartner in den Behörden waren ängstlich, aber es wurde deutlich, dass Patienten und das an vorderster Front arbeitende medizinische Personal nicht ausreichend geschützt waren und dass die chinesischen Behörden bemüht waren, den Informationsfluss zu deckeln.

Sie informierte Poon und der sagte ihr, sie solle ruhig sein und der chinesischen Regierung nicht in die Quere kommen, ansonsten würde man sie beide »verschwinden« lassen. Auch Professor Malik Peiris, Co-Direktor

des Labors an der Hong Kong School of Public Health, blieb stumm. Yan sagte *Fox News*, die WHO habe ihrer Auffassung nach gemeinsame Sache mit der Kommunistischen Partei Chinas gemacht und verhindert, dass Informationen über das Virus nach außen dringen.

Der Yan-Bericht wird sofort zensiert

Im Juli 2020 gab Yan an, über Beweise zu verfügen, wonach SARS-CoV-2 künstlich hergestellt worden sei, und dass sie diese Beweise allen zugänglich machen werden. Am 11. September 2020 zitierte die *Sun*-Aussagen Yans aus einem Interview im britischen Fernsehen:³



Mehr Infos

»Die Genomsequenz ist wie ein menschlicher Fingerabdruck. Darauf basierend kann man diese Dinge identifizieren. Ich werde diese Beweise dafür nutzen, den Menschen zu sagen, warum es aus einem Labor in China stammt und warum sie diejenigen sind, die es hergestellt haben. Jeder wird das lesen können, auch wenn man über kein Biologie-Wissen verfügt, und jeder wird es für sich überprüfen und identifizieren und verifizieren können.«

3 Tage später, am 14. September 2020 veröffentlichten Yan und ihre Kollegen Shu Kang, Jie Guan und Shanchang Hu ihren Bericht («Unusual Features of the SARS-CoV-2 Genome Suggesting Sophisticated Laboratory Modification Rather Than Natural Evolution and Delineation of Its Probable Synthetic Route») auf dem Preprint-Server Zenodo.⁴

Am Morgen des 14. September postete Yan auf Twitter einen Link zu der Abhandlung.⁵ Kurz darauf teilte sie in einem weiteren Tweet mit, dass Zenodo nach Veröffentlichung des Berichts unverzüglich gehackt worden sei. Am nächsten Tag, dem 15. September, sperrte Twitter Yans Account.⁶ In Yans Bericht heißt es:⁷

»Die Beweise zeigen, dass es sich bei SARS-CoV-2 um ein Laborprodukt handeln dürfte, das mithilfe des Fledermaus-Coronavirus ZC45 und/oder ZXC21 als Vorlage und/oder als Gerüst erschaffen wurde.«

»Von der Faktenlage ausgehend, postulieren wir zudem einen synthetischen Weg für SARS-CoV-2 und zeigen, dass sich die Laborproduktion dieses Coronavirus [...] innerhalb von schätzungsweise 6 Monaten bewerkstelligen lässt.«

Bevor ich mich dem Inhalt von Yans Bericht zuwende, möchte ich noch darauf eingehen, dass Fragen aufkamen, ob Yan nicht zur »kontrollierten Opposition« gehört. Ihr Bericht scheint darüber hinaus der Arbeit von Yuri Deigin stark zu ähneln.⁸ Auf Twitter schrieb Deigin am 16. September:⁹

»Es ist schmeichelhaft zu sehen, dass der Yan-Bericht unseren Preprint mit @Rossana38510044 zitiert, aber ich muss zugeben, ich hätte erwartet, dass ein Whistleblower viel überzeugendere (und neuere) Beweise vorlegen kann und nicht nur aufwärmt, was bereits vor Monaten bekannt war. Außerdem: Warum fehlt der Verweis auf den Ausbruch von 2012?«

Interessanterweise hat sich ein zuvor anonymen Wissenschaftler öffentlich als einer der drei Coautoren von Yans Arbeit zu erkennen gegeben. Der anonyme Wissenschaftler hatte zuvor in einem Blog unter dem Titel »Nerd

has Power« ausführlich dokumentiert, warum es sich bei SARS-CoV-2 um ein künstliches Virus handelt und warum es offenbar konzertierte Bemühungen gibt, die Vorstellung zu verbreiten, SARS-CoV-2 sei auf natürliche Weise entstanden.¹⁰



[Wie Bill Gates den globalen Nachrichtenfluss und die Zensur kontrolliert](#)

[Mehr lesen ...](#)

Einige der zentralen Punkte seiner Arbeit habe ich in [»Warum wurde das Labor in Wuhan im vergangenen Herbst geschlossen?«](#) und [»Coronavirus: Diese Forschung hätte nie stattfinden dürfen«](#) dargelegt.

Weil »Nerd Has Power« seine Rohdaten veröffentlichte, »konnten ich und andere seine Arbeit überprüfen und verifizieren«, schreibt Steven Mosher, Präsident des Population Research Institute, einer Nonprofit-Organisation, die Menschenrechtsverstöße aufdeckt und gegen den Mythos ankämpft, die Erde sei überbevölkert.^{11,12}

Am 14. September 2020 gab sich »Nerd Has Power« auf Twitter als Shu Kang zu erkennen, einer der vier Autoren des Yan-Berichts.¹³ »Wie meine Koautoren stehe ich zu 100 Prozent zu diesem Bericht«, so Kang.

Yan-Bericht: SARS-CoV-2 ist genmanipuliert

Mittlerweile läuft die Zenodo-Webseite wieder und Yans Arbeit kann eingesehen werden. Nachfolgend einige ausgesuchte Zitate.¹⁴ (Wenn Sie wollen, können Sie sie mit Yurins Artikel in *Medium* vergleichen.¹⁵)

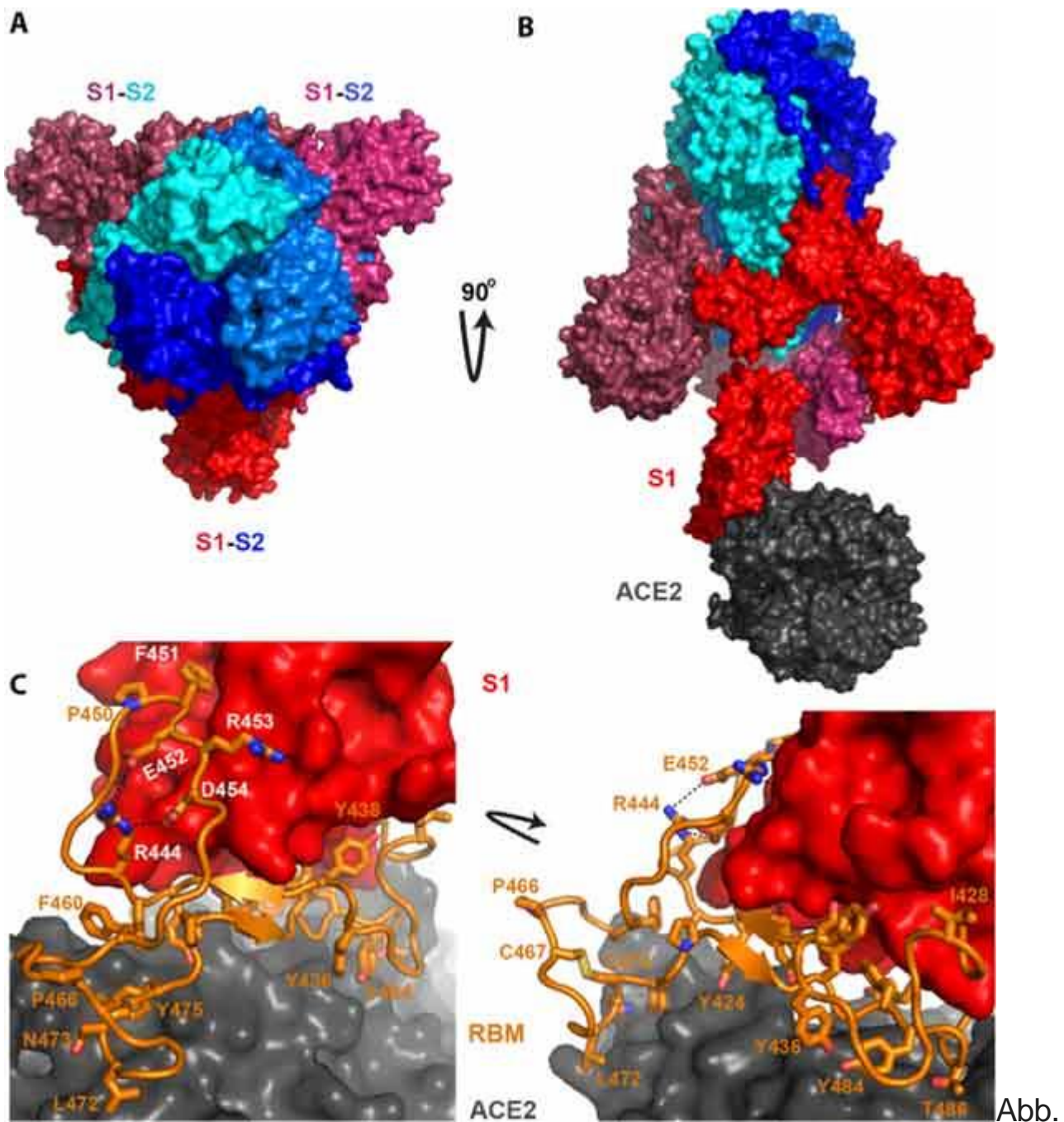
»Das rezeptorbindende Motiv des Spike-Proteins von SARS-CoV-2 kann nicht aus der Natur kommen und dürfte durch genetische Manipulation erzeugt worden sein.«

»Die Spike-Proteine dekorieren das Äußere der Coronavirus-Partikel. Sie spielen eine wichtige Rolle beim Infektionsgeschehen, da sie die Vermittlung zu den Rezeptoren der Wirtszelle übernehmen und dadurch helfen, Wirtsspektrum und Gewebetropismus des Virus zu bestimmen.«

»Das Spike-Protein ist in zwei Hälften unterteilt (siehe Abb. 3). Die Front oder Hälfte mit dem N-Terminus wird als S1 bezeichnet und ist dafür verantwortlich, den Wirtsrezeptor zu binden.«

»Sowohl bei Infektionen mit SARS-CoV wie auch mit SARS-CoV-2 ist hACE2 der Rezeptor der Wirtszelle. Innerhalb von S1 hat ein Segment von etwa 70 Aminosäuren direkten Kontakt mit hACE2 und wird dementsprechend auch als rezeptorbindendes Motiv (RBM) bezeichnet. (Abb. 3c)«

»In SARS-CoV und SARS-CoV-2 bestimmt das RBM voll und ganz, wie die Interaktion mit hACE2 abläuft. Die C-Terminus-Hälfte des Spike-Proteins wird S2 genannt und ihre Hauptfunktion besteht darin, die Trimer-Bildung zu erhalten und [...] die Membranfusion so zu gestalten, dass das Virus in die Zelle eindringen kann.«



3: Struktur des SARS-Spike-Proteins und wie es sich an den hACE2-Rezeptor bindet.

a) Drei Spike-Proteine, jedes aus einer S1- und einer S2-Hälfte bestehend, bilden ein Trimer.

b) Die S2-Hälften (blau schattiert) sind für die Trimer-Bildung verantwortlich, während der S1-Teil (rot schattiert) hACE2 (dunkles Grau) bindet.

c) Einzelheiten der Anbindung zwischen S1 und hACE2. Das S1-RBM, das wichtig und ausreichend für die Bindung ist, ist orange abgebildet.

Ablagerungen innerhalb des RMB, die entweder für die hACE2-Interaktion oder die Proteinfaltung relevant sind, werden als Stöcke angezeigt (die Zahlen entsprechen der Sequenz des SARS-Spike-Proteins).

»Ähnlich, wie es bei anderen Virusproteinen beobachtet wurde, wird auch bei S2 von SARS-CoV-2 eine hohe Sequenzidentität (95 Prozent) mit S2 von ZC45/ZXC21 beobachtet. Ganz anders beim S1-Protein, das bestimmt, welchen Wirt (Mensch oder Fledermaus) das Virus infizieren kann. Hier beträgt die Sequenzidentität der Aminosäuren zwischen SARS-CoV-2 und ZC45/ZXC21 nur 69 Prozent.«

»Abbildung 4 zeigt das Sequenzalignment der Spike-Proteine von sechs β -Coronaviren. Zwei wurden während der aktuellen Pandemie isoliert (Wuhan-Hu-1 und 2019-nCoV_USA-AZ1), zwei sind die vermuteten Virenvorlagen (Bat_CoV_ZC45, Bat_CoV_ZXC21), bei zwei handelt es sich um SARS-Coronaviren (Sars_GZ02, Sars).«

Das markierte RBM ist zwischen zwei orangefarbenen Linien hervorgehoben. Trotz der hohen Sequenzidentität für das Gesamtgenom unterscheidet sich das RBM von SARS-CoV-2 beträchtlich von denen, die man bei ZC45 und ZXC21 beobachtet.

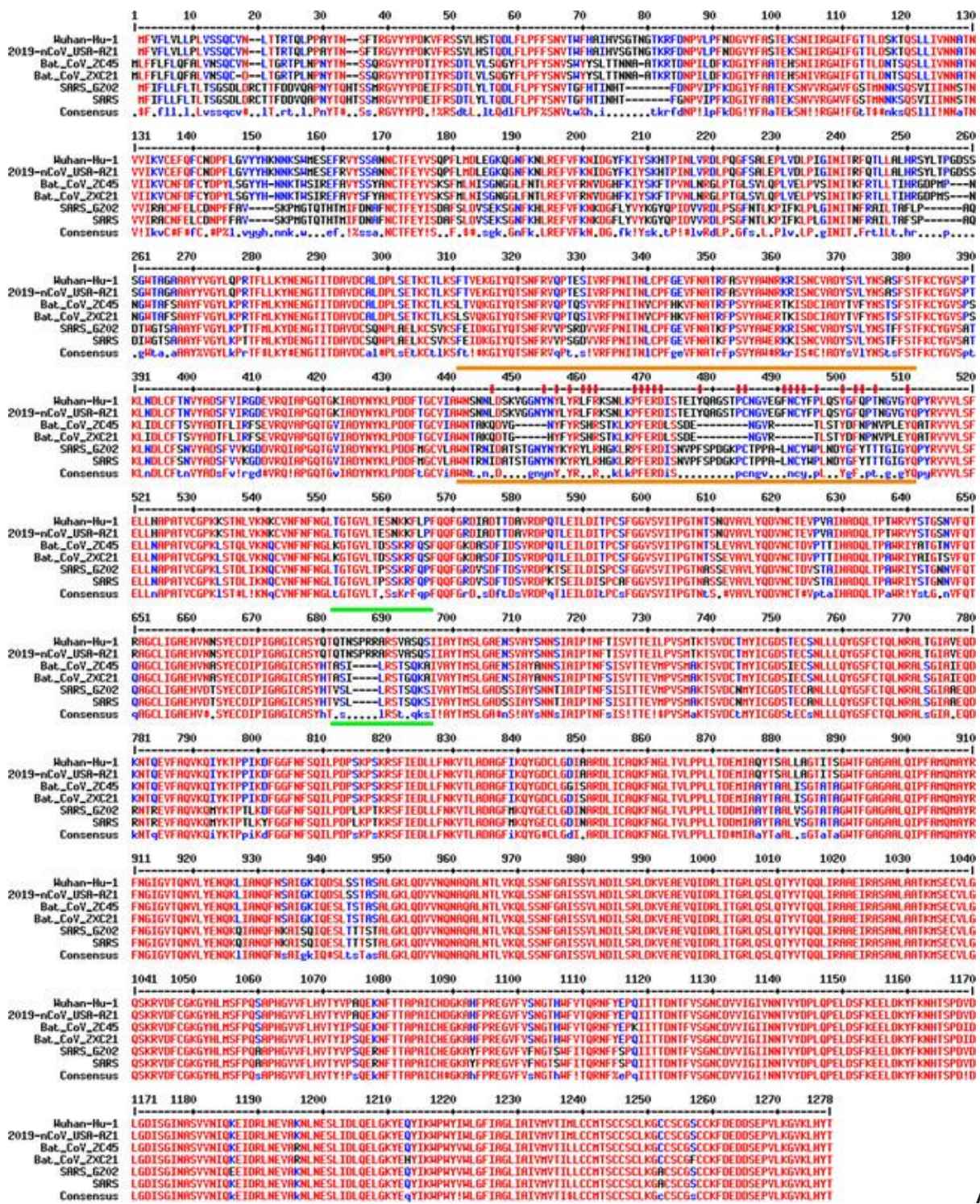


Abb.

4: Sequenzalignment der Spike-Proteine relevanter Coronaviren
 Verglichene Viren: Sars-CoV-2 (Wuhan-Hu-1: NC_045512, 2019-nCoV_USA-AZ1: MN997409), Fledermaus-Coronaviren (Bat_CoV_ZC45: MG772933, Bat_CoV_ZXC21: MG772934) und Sars-Coronaviren (SARS_G202: AY390556, SARS: NC_004718.3).

»Der Bereich zwischen zwei orangefarbenen Linien ist das rezeptorbindende Motiv, das wichtig für die Interaktion mit dem hACE2-Rezeptor ist. Essenzielle Rückstände sind durch rote Striche hervorgehoben. Der Bereich zwischen den beiden grünen Linien ist eine Furinspaltstelle, die nur in SARS-CoV-2 vorkommt, aber in keinem anderen B- β -Coronavirus.«

»Faszinierenderweise ähnelt das RBM von SARS-CoV-2 zu weiten Teilen dem RMB des SARS-Spike. Obwohl es sich hier nicht um ein exaktes »Copy and Paste« handelt, zeigt eine sorgfältige Untersuchung der Spike-hACE2-Strukturen, dass alle Rückstände »beibehalten« wurden, die entweder essentiell für die hACE2-Bindung oder die Proteinfaltung sind (orange Striche in Abb. 3c und durch kurze rote Linien in Abb. 4 Hervorgehobenes).«



Coronavirus: Diese Forschung hätte nie stattfinden dürfen

Mehr lesen ...

»Diese essentiellen Rückstände sind größtenteils präzise erhalten, auch jene, die an der Bildung von Disulfid-Bindungen beteiligt sind (C467, C474) und an elektrostatischen Interaktionen (R444, E452, R453, D454), die für die strukturelle Integrität des RBM unerlässlich sind (Abb. 3C und 4).«

»Bei den wenigen Veränderungen innerhalb der essenziellen Aminosäuren handelt es sich nahezu ausschließlich um hydrophobe »Ersetzungen« ... die sich weder auf die Proteinfaltung auswirken sollten noch auf die hACE2-Interaktion. Gleichzeitig ist die Mehrheit der nicht-essenziellen Aminosäure-

Rückstände »mutiert« (Abb. 4, RBM-Rückstände, die nicht durch kurze rote Linien markiert sind).«

»Allein von dieser Sequenzanalyse ausgehend, waren wir sehr früh nicht nur davon überzeugt, dass das Spike-Protein von SARS-CoV-2 hACE2 binden würde, sondern auch davon, dass die Bindung sehr stark dem zwischen dem ursprünglichen SARS-Spike-Protein und hACE223 ähneln würde. Neuere strukturelle Arbeiten stützten unsere Vorhersage ...«

»Es ist hochgradig ungewöhnlich, wie das SARS-CoV-2-RMB dem SARS-CoV-RBM ähnelt und dem Sequenz-Konservierungsmuster zwischen SARS-CoV-2 und ZC45/ZXC21. Insgesamt spricht dies dafür, dass Teile des SARS-CoV-2-Genoms nicht einer natürlichen Evolution von Viruspartikeln einer Quasispezies entstammen.«

Warum die These von der natürlichen Entstehung falsch ist

In ihrem Bericht legt Yan dar, warum die These, das Virus sei auf natürlichem Weg entstanden, nicht zutreffen kann. Bei einer vollständig natürlichen Entwicklung müsste die RMB des Virus entweder a) durch eine vor langer Zeit erfolgte Rekombination entstanden sein, der eine Analogie folgte, oder b) durch eine natürlich und vergleichsweise kürzlich erfolgte Rekombination. Ersteres schließt Yan aus:¹⁶

»Das Virus hätte sich in seinem neuen Wirt, in dem das ACE2-Protein hochgradig homolog zu hACE2 ist, sehr stark anpassen müssen. Es hätte im Genom zu zufälligen Mutationen kommen müssen, die das RMB mit der Zeit in seinen heutigen Zustand bringen – in dem es dem RBM von SARS-CoV auf hochgradig intelligente Weise ähnelt.«

»Eine derartige Analogie würde jedoch auch dazu führen, dass sich in anderen Teilen des Genoms große Mengen an Mutationen ansammeln und dass insgesamt eine vergleichsweise geringe Sequenzidentität gemessen wird.«



Mehr Infos

»Die hohe Sequenzidentität zwischen SARS-CoV-2 und ZC45/ZXC21 bei unterschiedlichen Proteinen (94 bis 100 Prozent Identität) spricht gegen dieses Szenario und deutet insofern eindeutig darauf hin, dass SARS-CoV-2 mit einem derartigen RBM nicht über eine Analogie einem ZC45/ZXC-21-ähnlichen Fledermaus-Coronavirus entsprungen sein kann.«

Auch die zweite Variante einer Rekombination in jüngerer Vergangenheit schließt Yan aus:¹⁷

»Bei dem zweiten Szenario hätte das ZC45/ZXC21-ähnliche Coronavirus erst vor kurzer Zeit rekombinieren müssen und seine RMB mit einem anderen Coronavirus tauschen müssen, dem es gelungen ist, ein tierisches ACE2 hochgradig homolog an hACE2 zu binden. Die Wahrscheinlichkeit eines derartigen Ereignisses hängt zum Teil von den generellen Anforderungen an natürliche Rekombinationen ab:«

»1. müssen die beiden unterschiedlichen Viren eine beträchtliche Ähnlichkeit der Sequenzen vorweisen,

2. müssen sie ko-infizieren und gleichzeitig in derselben Zelle desselben Tiers vorliegen,

3. darf das rekombinierte Virus nicht vom Wirt beseitigt werden oder dazu führen, dass der Wirt ausstirbt,

4. muss das rekombinierte Virus irgendwann stabil und innerhalb der Wirtsspezies übertragbar werden.«

»Was dieses Szenario einer kürzlich erfolgten Rekombination angeht, kann es sich beim Erregerreservoir nicht um Fledermäuse handeln, denn die ACE2-Proteine in Fledermäusen sind nicht ausreichend homolog zu hACE2, insofern wäre die Adaption nicht imstande, eine RBM-Sequenz zu erzeugen, wie wir sie bei SARS-CoV-2 beobachten. Das Erregerreservoir kann auch nicht aus Menschen bestehen, denn das ZC45/ZXC21-ähnliche Coronavirus wäre nicht imstande, Menschen zu infizieren.«

»Darüber hinaus gab es keine Beweise dafür, dass vor Ende 2019 ein SARS-CoV-2-Virus oder ein SARS-CoV-2-ähnliches Virus in der menschlichen Population kursierte. Laut einer aktuellen Bioinformatikstudie war SARS-CoV-2 vom Start des Ausbruchs an gut an den Menschen angepasst.«

Schuppentiere und andere Tierarten sind als Zwischenwirt unwahrscheinlich

Yan weist darauf hin, dass es noch eine dritte Möglichkeit einer natürlichen Entwicklung gibt, nämlich über einen Zwischenwirt, doch auch diese Theorie weist einen großen Haken auf. In dem Bericht heißt es: »Das ZC45/ZXC-21-ähnliche Virus und ein Coronavirus, das ein SARS-ähnliches RBM enthält, hätten in einem Zwischenwirt rekombinieren können, dessen ACE2-Protein homolog zu hACE2 ist.«

Mehrere Labore hätten dem Bericht zufolge gemeldet, dass man malaiische Schuppentiere entdeckt habe, die aus Malaysia nach China geschmuggelt worden waren und die mit Coronaviren infiziert waren, deren rezeptorbindende Domäne nahezu identisch zu der von SARS-CoV-2 war. Einige Beobachter stellten die These auf, dass es sich bei diesen Schuppentieren möglicherweise um Zwischenwirte gehandelt habe. Diese Theorie weist allerdings mehrere Schwachstellen auf, unter anderem:



[Die Ursprünge von SARS-CoV-2 – die tödlichste Vertuschung in der Geschichte der Menschheit?](#)

[Mehr lesen ...](#)

- Zwischen 2009 und 2019 sind Malaiische Schuppentiere wiederholt untersucht worden, doch niemals wurden in diesen Proben Coronaviren festgestellt.
- Aktuelle Forschung zeigt, dass die rezeptorbindende Domäne, die SARS-CoV-2 und das gemeldete Schuppentier-Coronavirus gemein haben, zehnmal stärker an menschliche ACE2-Rezeptoren anbindet als an die ACE2-Rezeptoren der Schuppentiere.
- Andere Untersuchungen haben gezeigt, dass keine tierischen ACE2-Proteine besseres Bindungspotenzial zum Spike-Protein von SARS-CoV-2 aufweisen als der menschliche ACE2-Rezeptor. Yan schreibt:¹⁸

»Diese Studie schließt buchstäblich alle Tiere von einer Rolle als Zwischenwirt aus, was mit den Beobachtungen übereinstimmt, wonach das SARS-CoV-2 von Beginn des Ausbruchs an gut an den Menschen angepasst war.«

»Das ist insofern signifikant, als diese Erkenntnisse in Summe dafür sprechen, dass es offenbar keinerlei Zwischenwirt für SARS-CoV-2 gibt. Das schmälert mindestens die Möglichkeit, dass es in einem Zwischenwirt zu einem Rekombinationsereignis gekommen sein könnte.«

Ist der Restriktionsverdau der unwiderlegbare Beweis?

Yan befasst sich dann mit etwas, was aus ihrer Sicht unzweideutig beweist, dass SARS-CoV-2 im Labor entstanden ist. Kurz gesagt glauben sie und ihre Kollegen daran, dass man das rezeptorbindende Motiv (RBM) und nicht das vollständige Spike-Protein ausgetauscht hat und auf diese Weise SARS-CoV-2 erschaffen wurde.

Dass ein derartiger Austausch möglich ist, hat ausgerechnet Dr. Zhengli Shi bewiesen, eine der Wissenschaftlerinnen, die die Ansicht vertreten, SARS-CoV-2 sei auf natürlichem Wege entstanden sei (siehe dazu diesen Artikel vom 10. September 2020 auf *Minerva*¹⁹). Yan schreibt:

»2008 tauschte die Gruppe von Dr. Zhengli Shi ein SARS-RBM in die Spike-Proteine mehrerer SARS-ähnlicher Fledermaus-Coronaviren, nachdem sie zuvor in einem für Codon optimierten Spike-Gen eine Restriktionsstelle eingesetzt hatten. Dann validierten sie die Bindung des resultierenden chimärischen Spike-Proteins mit hACE2.«



Mehr Infos

»In einer aktuelleren Veröffentlichung wurde das RBM von SARS-CoV-2 in die rezeptorbindende Domäne von SARS-CoV eingesetzt, was zu einem chimärischen RBD mit voller Funktionalität bei der Bindung von hACE2 führte. [...] Es ist erwähnenswert, dass der Autor dieser neueren Publikation Dr. Fang Li ist, seit 2010 ein aktiver Mitarbeiter von Dr. Zhengli Shi ...«

»Der erstaunliche Fund von EcoRI- und BstEII-Restriktionsschnittstellen an beiden Enden des SARS-CoV-2-RBM und die Tatsache, dass dieselbe RBM-Region sowohl von Dr. Shi als auch ihrem langjährigen Mitarbeiter mithilfe von Restriktionsverdau-Methoden ausgetauscht wurde, ist aller Wahrscheinlichkeit nach kein Zufall. Vielmehr handelt es sich um den unwiderlegbaren Beweis dafür, dass es sich beim RBM/Spike von SARS-CoV-2 um das Resultat genetischer Manipulation handelt.«

Yans Arbeit enthält auch Belege dafür, dass die chinesischen Wissenschaftler versuchten, ihre Spuren zu verwischen, was die Genmanipulation anging. Außerdem erwähnt sie, dass die Furinspaltstelle in SARS-CoV-2 ein weiterer Hinweis darauf ist, dass hier mit Genmanipulation gearbeitet wurde.

Zusammenfassung

Yan und ihre Kollegen stellen die These auf, dass SARS-CoV-2 auf der Grundlage des Fledermaus-Coronavirus ZC45/ZXC21 hergestellt wurde. Das rezeptorbindende Motiv im Spike-Protein wurde dann dahingehend manipuliert, dass das Virus imstande ist, sich fest an den menschlichen ACE2-Rezeptor zu binden.

»Gestützt wird dies durch das nachgewiesene Vorliegen einer einzigartigen Restriktionsverdau-Stelle an beiden Enden der RBM. An der S1/S2-Verbindung des Spike-Proteins könnte eine ungewöhnliche Furinspaltstelle eingesetzt worden sein, die zur verstärkten Virulenz und Pathogenität des Virus beiträgt«, schreibt Yan.

Das nachfolgende Diagramm zeigt, welche Schritte erforderlich sind, um SARS-CoV-2 zu erschaffen:

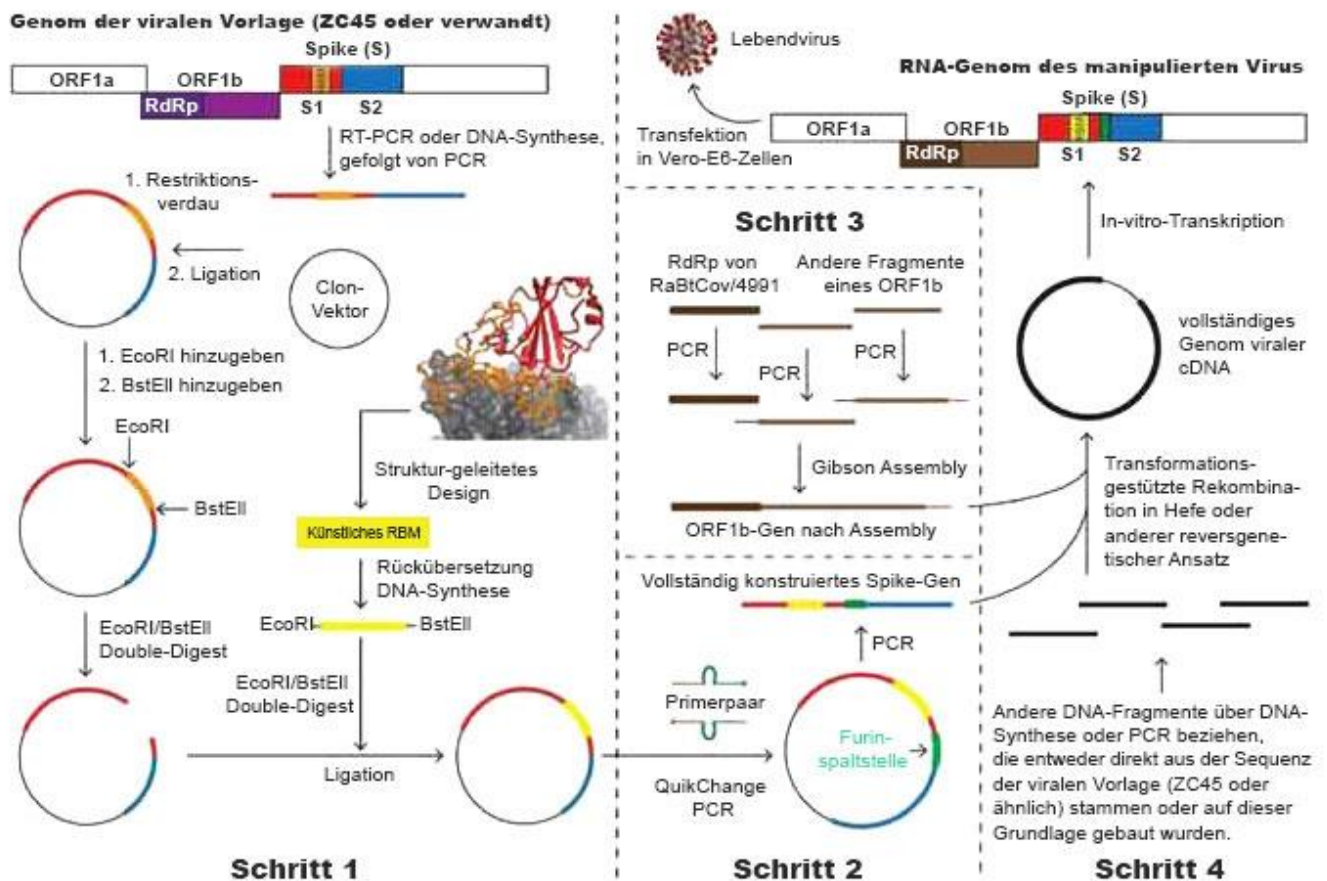


Abb. 8: Diagramm eines möglichen synthetischen Wegs, Sars-CoV-2 im Labor herzustellen.

Warum die Vertuschung?

In einem Artikel, der am 10. September 2020 auf *Minerva* veröffentlicht und von Aksel Fridstrom verfasst wurde,²⁰ wie auch in einem Artikel, den Rowan Jacobsen für das *Boston Magazine* schrieb und der am 09. September 2020 erschien,²¹ hinterfragt mit Alina Chan eine weitere Wissenschaftlerin die Theorie, wonach SARS-CoV-2 zoonotisch entstanden ist. Chan ist Molekularbiologin am Broad Institute of Harvard und MIT.

»Wenn die Öffentlichkeit und die Politik die Wahrheit darüber wüssten, was in vielen Laboren für gefährliche Forschung mit Krankheitserregern durchgeführt wird, wäre die Empörung groß. Wenn die Möglichkeit eines katastrophalen Zwischenfalls wie dieses verneint wird, könnte man das insofern als eine Art Jobsicherung ansehen.«

Rowan Jacobsen, Boston Magazine

Chan hat festgestellt, dass sich SARS-CoV-2 nicht so entwickelt hat, wie man es erwarten würde, wäre das Virus tatsächlich vom Tier auf den Menschen übergesprungen. Als es auf der Bildfläche auftauchte, war das Virus bereits perfekt auf die Übertragung von Mensch zu Mensch vorbereitet. Wie Yan und mehrere andere Wissenschaftler ist Chan zu der Schlussfolgerung gelangt, dass der fehlende Zwischenschritt in der Evolution der Übertragbarkeit im Labor erfolgt sein muss.



[Warum wurde das Labor in Wuhan im vergangenen Herbst geschlossen?](#)

[Mehr lesen ...](#)

Can hat ihre Arbeit (»SARS-CoV-2 Is Well Adapted for Humans. What Does This Mean for Re-Emergence?«) am 02. Mai 2020 auf dem Preprint-Server bioRxiv veröffentlicht.²² Wie in den meisten vergleichbaren Fällen schlugen auch ihr und ihren Mitautoren enorme Wellen der Kritik entgegen.

In seinem Artikel verweist Jacobsen auf einen der offenkundigsten Gründe für diese Reaktion:²³ »Wenn die Öffentlichkeit und die Politik die Wahrheit darüber wüssten, was in vielen Laboren für gefährliche Forschung mit Krankheitserregern durchgeführt wird, wäre die Empörung groß.« Insofern gelte: »Wenn die Möglichkeit eines katastrophalen Zwischenfalls wie dieses verneint wird, könnte man das als eine Art Jobsicherung ansehen.«

Die COVID-19-Kommission des Fachmagazins *The Lancet* hat sich auf die Fahnen geschrieben, auf der Suche nach den Ursprüngen von SARS-CoV-2 und der Klärung der Frage, ob das Virus aus einem Labor entwichen ist, »jeden Stein umzudrehen«. Interessanterweise leitet niemand anderes als Dr. Peter Dazak die Kommission, ein Wissenschaftler, der bereits zu dem Schluss gelangt ist, dass es sich um ein natürliches Virus handelt.²⁴

Als Präsident der EcoHealth Alliance steckt Dazak zudem tief in Interessenkonflikten, denn die EcoHealth Alliance hat von der US-Gesundheitsbehörde NIH Fördermittel für Coronavirus-Forschung erhalten –

eine Arbeit, mit der anschließend das Virologische Institut in Wuhan beauftragt wurde.

Mehr noch: Die NIH hat erklärt, bevor die EcoHealth Alliance weitere finanzielle Unterstützung erhält, müsse sie zunächst ausführlich darlegen, wie die Zusammenarbeit mit dem Labor in Wuhan ausgesehen hat.²⁵ In welcher Zwickmühle man nun steckt, fasst ein Zitat aus dem *Boston Magazine* möglicherweise am besten zusammen:

»Antonio Regalada, Biomedizin-Redakteur bei der *MIT Technology Review*, brachte es mit seinem Tweet auf den Punkt. Sollte sich erweisen, dass COVID-19 aus einem Labor kommt, »würde es das Gebäude der Wissenschaft bis ins Fundament erschüttern«.«²⁶

Dafür zu sorgen, dass die gefährliche Gain-of-Function-Forschung auch künftig stattfinden kann, wäre tatsächlich ein starkes Motiv dafür, bei der Geschichte vom zoonotischen Ursprung des Virus zu bleiben.

Chan zufolge gibt es aber Lösungsmöglichkeiten. So könnte diese Art von Forschung mithilfe »inaktiver Viren betrieben werden, denen im Vorfeld die Replikationsmöglichkeit genommen wird. Selbst wenn das Virus also aus der Gefangenschaft entkommt, wäre es nicht imstande, Kopien anzulegen«, schreibt Jacobsen.²⁷ Eine andere Möglichkeit bestünde darin, Bio-Labore der Hochsicherheitsstufe in dünn besiedelten Gebieten anzulegen und nicht inmitten von Großstädten.

Neue manipulierte Coronaviren sind bereits in Arbeit



Mehr Infos

Warum ist es wichtig, herauszufinden, wo SARS-CoV-2 tatsächlich herkommt? Sollte es aus einem Biowaffen-Hochsicherheitslabor entkommen sein, wäre das der Beweis dafür, dass man etwas unternehmen muss, um zu verhindern, dass so etwas noch einmal geschieht. Das ist insofern von großer Bedeutung, als derzeit rund um die Welt in Hochsicherheitslaboren daran gearbeitet wird, das aktive SARS-CoV-2-Virus noch weiter zu entwickeln.²⁸

Nur ein Beispiel: Forscher der Universität Pittsburgh wollen das Spike-Protein von SARS-CoV-2 – also das Protein, das es dem Virus erlaubt, sich Zugang zu menschlichen Zellen zu verschaffen – in den Milzbranderreger *Bazillus anthracis* einsetzen, also einen Krankheitserreger, der ohnehin schon verheerende Wirkung entfalten kann.²⁹

Andere Wissenschaftler plädieren dafür, dass die Forschung an dem infektiösen SARS-CoV-2-Virus auch in Laboren der Sicherheitsstufe 2 stattfinden kann. Derartige Einrichtungen unterliegen deutlich weniger strengen Vorgaben wie Labore der Stufen 3 und der höchsten Stufe 4.

Sollte die SARS-CoV-2-Pandemie tatsächlich auf ein Virus zurückzuführen sein, das aus einem Labor entkommen ist, dann wäre es vernünftig, sämtliche Gain-of-Function-Forschung zu unterbinden, bis die Sicherheitsprotokolle massiv nachgebessert wurden. Wollen wir wirklich eine weitere Katastrophe vermeiden, wäre es vermutlich am besten, derartige Forschung gleich komplett zu unterbinden.

Wappnen Sie sich!

Nach jetzigem Stand schreitet die Entwicklung von Krankheitserregern zu Biowaffen ungebremst voran. Daran dürfte sich auch nichts ändern, bis die Öffentlichkeit nicht laut genug echten Wandel einfordert.

Bis dahin sollten Sie dafür sorgen, dass Sie in Ihren eigenen vier Wänden auf alles vorbereitet sind. Ich lege Ihnen dringend ans Herz, sich mein [Interview mit Dr. David Brownstein](#) anzusehen, in dem er den Nutzen zerstäubten Wasserstoffperoxids erklärt. Egal, was als nächstes kommt, es ist wichtig, dass Sie über ein gut sortiertes Repertoire verfügen. Auf dieser Seite finden Sie auch ein neues Video, in dem beschrieben wird, wie die Vernebelungstherapie durchgeführt werden sollte.

Die Vernebelungstherapie sollte ein zentraler Baustein in Ihrem medizinischen Notfallkoffer sein, denn ich bin fest davon überzeugt, dass diese Methode bei vielen Menschen einen großen Unterschied machen kann, insbesondere bei Älteren, bei Menschen mit Vitamin-D-Mangel und/oder Stoffwechselproblemen und Insulinresistenz. Ich halte zerstäubtes Wasserstoffperoxid für eine der besten Optionen im Umgang mit Atemwegsviren, auch für noch gefährlichere als SARS-CoV-2, denn es ist davon auszugehen, dass wir uns künftig auch mit solchen Viren auseinandersetzen müssen.

Dieser Artikel erschien erstmals am 27. September 2020 auf [Mercola.com](#).

QUELLEN & WEITERFÜHRENDE INFORMATIONEN

1. [Fox News, 15. September 2020](#)
2. [Zero Hedge, 16. September 2020](#)
3. [The Sun, 11. September 2020](#)
4. [Zenodo, 14. September 2020](#)
5. [Twitter, Dr. Li-Meng Yan, 14. September 2020](#)
6. [Zero Hedge, 15. September 2020](#)
7. [Zenodo, 14. September 2020](#)
8. [Medium, 22. April 2020](#)
9. [Twitter, Yuri Deigin, 16. September 2020](#)
10. [Nerd Has Power, »RaTG13 — The Undeniable Evidence That the Wuhan Coronavirus Is Man-Made«](#)
11. [Population Research Institute](#)
12. [Steven Mosher, 15. Mai 2020](#)
13. [Twitter, Nerd Has Power, 14. September 2020](#)
14. [Zenodo, 14. September 2020, Seite 5](#)
15. [Medium, 22. April 2020](#)
16. [Zenodo, 14. September 2020, Seite 8](#)
17. [Zenodo, 14. September 2020, Seiten 8, 9](#)
18. [Zenodo, 14. September 2020, Seite 9](#)
19. [Minerva, 10. September 2020](#)

20. *Minerva*, 10. September 2020
21. *Boston Magazine*, 9. September 2020
22. *bioRxiv*, 02. Mai 2020 DOI: 10.1101/2020.05.01.073262
23. *Boston Magazine*, 9. September 2020
24. *Telegraph*, 15. September 2020
25. *The Wall Street Journal*, 19. August 2020
26. *Boston Magazine*, 9. September 2020
27. *Boston Magazine*, 9. September 2020
28. *Counterpunch*, 17. August 2020
29. *Counterpunch*, 17. August 2020

Quelle: <https://www.naturstoff-medizin.de/artikel/neuer-bericht-bringt-licht-in-die-herkunft-von-sars-cov-2/>
20201011 DD