

Schriftlich bestätigt - Forscher können keinen Nachweis für ein krankmachendes Virus erbringen

[Corona_Fakten auf Telegram](#) January 17, 2022

Schriftlich Bestätigt



*Forscher können keinen Nachweis
für ein
krankmachendes Virus erbringen*

Es scheint schier unfassbar, was Sie in der Reihe *"Schriftlich bestätigt – Forscher können keinen Nachweis für ein krankmachendes Virus erbringen"* zu lesen bekommen werden. Diese Reihe wird aus mehreren Artikeln bestehen, die nach und nach veröffentlicht werden, exklusiv auf Corona_Fakten [1]

Für all diejenigen, die vehement die Behauptung vertraten, dass das Coronavirus wissenschaftlich nachgewiesen wurde, muss und wird hier ein Weltbild zusammenbrechen.

Die, welche uns immer wieder vorwarfen, wir würden eine Nebelkerze zünden, um die Kritiker lächerlich zu machen, sollten mit diesem Artikel zum Schweigen gebracht werden. Denn nicht wir sind es, die das Narrativ unendlich lange aufrechterhalten, es sind diejenigen, die sich bis heute verweigern, die Virenexistenz infrage zu stellen.

Doch traurige Realität scheint eher, dass die meisten Kritiker, welche die Virusexistenzfrage als lächerlich hinstellen oder absichtlich ignorieren, einfach von Angst getrieben sind, in eine Ecke gedrängt oder als Spinner eingestuft zu werden und dabei möglicherweise "Follower" zu verlieren.

Kleiner Tipp an die oben genannten: Ihr könnt Eure Befürchtungen beiseitelegen. Wir besaßen und besitzen das notwendige Rückgrat, um genau dieses Thema aufzuarbeiten, in die Welt hinauszuposaunen und sogar 1,5 Millionen Euro demjenigen zu überreichen [2], der eine Publikation benennen kann, in welcher den wissenschaftlichen Regeln Genüge getan wurde.

Es kann nur einen einzigen Grund geben, warum das Geld bisher nicht eingefordert wurde – dessen Betrag übrigens höher als das Preisgeld für den Nobelpreis ist: Niemand kennt eine Publikation, die den wissenschaftlich vorgeschriebenen Regeln gerecht wird!

Mitstreiter und wir von Corona_Fakten haben diverse Forscher, Virologen, Molekularbiologen, Anwälte, Medien und weitere Personen angeschrieben mit der Bitte, uns die Publikation(en) zu nennen, bei denen die wissenschaftlichen Beweise der Existenz eines Corona-Virus vorliegen, inklusive der dokumentierten Kontrollversuche aller getätigten Schritte der Beweisführung.

Doch bis dato war offensichtlich niemand dazu in der Lage. Dies lässt sehr tief blicken. Und bedeutet im Umkehrschluss, dass Verantwortliche sich blind auf Aussagen anderer verlassen, Behauptungen nicht selbst überprüfen und kritiklos als unumstößlichen Fakt übernehmen.

Leider tägliche, traurige Realität!

Für mich liegen folgende Gründe für dieses stümperhafte Vorgehen auf der Hand:

Entweder:

- sind diejenigen einfach zu faul, sich mit den notwendigen Publikationen zu beschäftigen
- sind diejenigen zu "beschäftigt", sich die notwendigen Publikationen durchzulesen

- war der auf die mediale Panikmache folgende Zeitdruck so enorm, so dass sich einfach extrem viele Fehler einschleichen konnten
- sind diejenigen nicht in der Lage, die maßgeblichen Publikationen inhaltlich zu verstehen

Oder: Sie agieren absichtlich, mit Vorsatz – was die schlimmste aller Varianten wäre!

Warum zweifeln wir die Existenz des SARS-CoV-2 und aller anderen behaupteten krankmachenden Viren an?

Damit Sie, lieber Leser, verstehen, warum überhaupt die Existenz der behaupteten krankmachenden Viren angezweifelt wird und warum dieser Umstand der wichtigste Punkt unter allen anderen, die derzeit in der Kritiker-Szene herumschwirren ist, werden wir versuchen, dies kurz und knapp zu erläutern.

Der wohl entscheidendste Grund ist, dass mit einer Widerlegung der Behauptung, man habe ein neues krankmachendes Virus entdeckt, alle – und ich meine damit wirklich alle – Maßnahmen und Einschränkungen sowie jede Impfung komplett vom Tisch wären und nichts anderes als eine Gefahr für Leib und Leben darstellten!

Ein weiterer Ansatz könnte sein, dass durch die Erkenntnis, dass es sich bei dieser Idee von gefährlichen herumfliegenden Viren um ein Hirngespinnst handelt, sich ein neuer Weg in eine sinnvolle, für den Menschen gemachte Medizin bahnen würde, bei welcher die Ursachen von "Krankheit" und "Symptomen" eindeutig und nachvollziehbar sind – und große Bereiche der Pharmabranche ihrer Existenzgrundlage beraubt werden würden.

Jede Diskussion über Tests, Statistiken (Todeszahlen, tatsächlich "Erkrankte"), Maßnahmen und anderes erlaubt ständige Ausflüchte in Argumentationen, welche wiederum in unendliche Diskussionen ausufern ...

Mit anderen Worten: Jeder, der nicht die Virenexistenzfrage stellt, untermauert automatisch das Narrativ der krankmachenden Viren, für welche NIE! ein wissenschaftlicher Beweis erbracht wurde. Auf diese Weise stützen diese Kritiker, mag sein auch unbewusst, das permanente Befeuern der Pandemielage.

Warum sind wir uns so sicher, dass es keinen wissenschaftlichen Nachweis für ein krankmachendes Virus gibt?

Die Beantwortung dieser Frage ist fast zu simpel, Sie können sich das kaum vorstellen.

Im Jahre 1998 [3] wurden wegen einer Vielzahl an systematischen und umfangreichen Fälschungen in der Infektions- und Krebsforschung im Regelwerk die „Vorschläge zur Sicherung guter wissenschaftlicher Praxis“ zusammengefasst und veröffentlicht. Sie wurden 1997 von einer internationalen Kommission im Auftrag der Deutschen Forschungsgesellschaft (DFG) erstellt und auftragsgemäß von Universitäten und der Hochschulrektorenkonferenz präzisiert, in Druckform und im Internet veröffentlicht und in Deutschland für alle staatlichen Wissenschaftsinstitutionen und Wissenschaftler verbindlich gemacht. Diese Regeln und Vorgaben sind Bestandteil des Arbeitsvertrages jedes einzelnen.

Wissenschaft muss für jeden nachvollziehbar und falsifizierbar sein.

Leider werden diese Regeln in der Virologie kontinuierlich missachtet und man handelt hierdurch anti-wissenschaftlich.

Der andere Punkt ist der Nachweis eines krankmachenden Virus selbst.

Um solch eine Behauptung aufstellen zu dürfen, sind verschiedene Schritte unabdingbar. Werden diese nicht erfüllt, darf und kann niemand von einem wissenschaftlich einwandfreien Nachweis sprechen, maximal von einer Spekulation – und eine Spekulation ist bei Weitem kein Nachweis!

Wenn behauptet wird, dass eine ganz spezifische Struktur verantwortlich für das Auslösen ganz spezifischer Symptome sei, müssen mindestens folgende Dinge lückenlos durchgeführt und dokumentiert werden:

Isolierung der behaupteten Struktur

Die Struktur muss aus einem erkrankten Patienten isoliert werden, isoliert im Sinne des Wortes, also von allen anderen Bestandteilen getrennt werden. Dies wusste schon Luc Montagnier und bestätigte dies beim HI-Virus [4]. Dies ist zwangsweise notwendig, da sonst niemals behauptet werden darf, dass die sequenzierten Genbruchstücke, welche ich erhalten habe, zu einer einzigen Struktur gehören. Befindet sich noch anderes genetisches Material innerhalb der "isolierten" Probe, sind die erhaltenen Gensequenzen unmöglich zuzuordnen. Die Behauptung, das sei Standardvorgehen in der Virologie, macht diesen Umstand nicht besser, sondern zeigt die Selbsttäuschung der Virologie selbst auf.

Ich erhalte bei dieser Art der Sequenzierung viele kurze Gensequenzen aus einer Mischung aus allem Möglichen. Eine Zuordnung als Verursacher kann somit unmöglich getätigt werden.

Der erzeugte Erbgutstrang des behaupteten Virus muss einzigartig sein.

Die sequenzierten Gensequenzen, bzw. das Zusammensetzen dieser (*Sequenz-Alignment*), zu einer langen Gensequenz, welche dann als virales Genom behauptet wird, darf nicht in:

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

Alle Schritte der Kontrollexperimente müssen durchgeführt und dokumentiert werden.

Das erste Kontrollexperiment wäre wie eben beschrieben das Konstruieren des Genoms anhand von Proben unterschiedlicher Herkunft.

Der zweite, aus wissenschaftlicher Logik resultierende Kontrollversuch ist der, mittels des entwickelten PCR-Verfahrens (real-time RT-PCR) intensiv, mit klinischen Proben von Menschen mit anderen Erkrankungen als denen, die dem Virus zugeschrieben werden und anhand von Proben gesunder Menschen, Tiere und Pflanzen zu überprüfen, ob nicht auch deren Proben sich als „positiv“ getestet herausstellen.

Das Dritte Kontrollexperiment bezieht sich auf den im Labor hervorgerufenem cytopathischen Effekt, bei dem behauptet wird, dieser sei die Folge eines Virus. Hier fehlen ebenfalls gänzlich die Kontrollgruppen.

Wir fragten sowohl kritische Virologen und Epidemiologen als auch Befürworter der Corona-Maßnahmen, niemand konnte auch nur eine einzige Publikation nennen, bei der die Regeln für wissenschaftliches Arbeiten eingehalten wurden

Prof. Sucharit Bhakdi & Prof. Karina Reiss

Fangen wir bei zwei geschätzten Maßnahmen-Kritikern an, bei welchen einer der beiden später nicht mehr sicher war, ob das "Erste" SARS-CoV-2 in China jemals isoliert wurde ... [5]

Nachdem Prof. Bhakdi und seine Frau Prof. Karina Reiss die Publikumsfrage[6],

"ob denn jemals das SARS-CoV-2 wirklich isoliert wurde", mit einem klarem **ja** beantworteten und sogar erfolgreiche Tierversuche behaupteten,

fragten wir bei den beiden gezielt nach, ob diese uns die wissenschaftliche[n] Publikation nennen können, bei der der Nachweis, sprich die Isolierung eines neuartigen Coronavirus, dokumentiert wurde, samt seinen Tierversuchen.

Die erste Antwort seitens Prof. Bhakdi war:

"Bitte unseren Artikel über Immunität und Impfung von der Homepage Goldegg-Verlag herunterladen. Die Information ist im Zitat 5 gegeben. Die SARS-CoV-2 Stämme können von European Virus Archive Global bezogen werden."

Von: Sucharit Bhakdi

Gesendet: 10. September 2020 um 13:16 Uhr

An: XY

Betreff: AW: Ihr Vortrag am 6.9.2020 in Kiel mit Prof. Reiss

Bitte unseren Artikel über Immunität und Impfung von der Homepage GoldeggVerlag herunterladen. Die Information ist im Zitat 5 gegeben. Die SARS-CoV-2 Stämme können von European Virus Archive Global bezogen werden.

Grüße,
Sucharit Bhakdi

Leider verwies sein Hinweis lediglich auf eine Übersichtsarbeit und keine direkte Publikation, was wenig hilfreich war und den Verdacht erhärtete, dass beide keine Publikation nennen können.

Wir wurden also konkreter, um Ausflüchte zu vermeiden:

Frage:

"Können sie mir eine konkrete Publikation benennen, in der die Existenz eines SARS-CoV-2 behauptet und wissenschaftlich bewiesen ist und können sie die darin befindlichen Textstellen benennen, in denen die Beweisführung UND die Kontrollexperimente dokumentiert sind, die beweisen, dass tatsächlich virale Nukleotidsequenzen und nicht zelluläre, im Alignment zum langen viralen Genom ausgerichtet wurden."

Und genau jetzt wird es spannend.

Prof. Bhakdi & Prof. Reiss haben uns folgende Publikation als Nachweis für die von uns geforderte Beweisführung der Isolierung eines SARS-CoV-2, samt seiner Kontrollexperimente genannt:

Publikation: "Virus Isolation from the First Patient with SARS-CoV-2 in Korea" [7]

Von: Karina Reiss

Gesendet: 11. September 2020 um 16:35 Uhr

An: XY

Cc: Sucharit Bhakdi

Betreff: Re: Aw: AW: Ihr Vortrag am 6.9.2020 in Kiel mit Prof. Reiss

Sehr geehrter Herr XY,

es gibt sehr viele Studien in denen Sars-CoV-2 Viren aus Menschen isoliert wurden.

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7036342/>

Viele diese Isolate sind anschließend konserviert worden und wurden in Tierversuchen erfolgreich eingesetzt.

Da gibt es aus wissenschaftlicher Sicht keine Zweifel.

Beste Grüße,

Karina Reiß

Auf Nachfrage beim Autor der Publikation selbst, ob **die in ihren in-vitro-Experimenten dargestellten elektronenmikroskopischen Aufnahmen gereinigte Viren abbilden,**

bestätigte dieser schriftlich selbst [8]

Antwortender Autor: Wan Beom Park

Datum: March 19, 2020

Antwort: *"We did not obtain an electron micrograph showing the degree of purification."*

Übersetzung: *"Wir haben keine elektronenmikroskopische Aufnahme erhalten, die den Grad der Reinigung zeigt."*

Von "박완범" <wbpark1@snu.ac.kr> ☆

Betreff **RE: FW: Re: Question re Coronavirus RNA, II**

An Torsten ★

Kopie (CC) "오명돈" <mdohmd@snu.ac.kr> ☆

Dear Torsten Engelbrecht

I'm Wan Beom Park, first author of this article. I'm writing instead of Dr Oh, because he has been so busy due to COVID-19.

1. Can you please send me the list of ingredients of this "virus transport medium"?

Ans: UTM tube has universal transport medium. It is commercial kit and ingredients are not informed by the company.

2. In your paper you write "culture supernatant of Vero cells infected was used for RNA extraction". Was RNA obtained from the density at which CoV particles band?

Ans: We used blindly culture supernatant in order to extract RNA.

3. What is that density and did you obtain an EM showing the degree of purification?

Ans: No, we did not obtain an EM showing the degree of purification.

4. Do the EM shots show ultracentrifuged, sedimented virus particles? And do images C and D show the purified virus?

Ans: Yes, the EM shots show ultracentrifuged, sedimented virus particles rather than the purified virus.

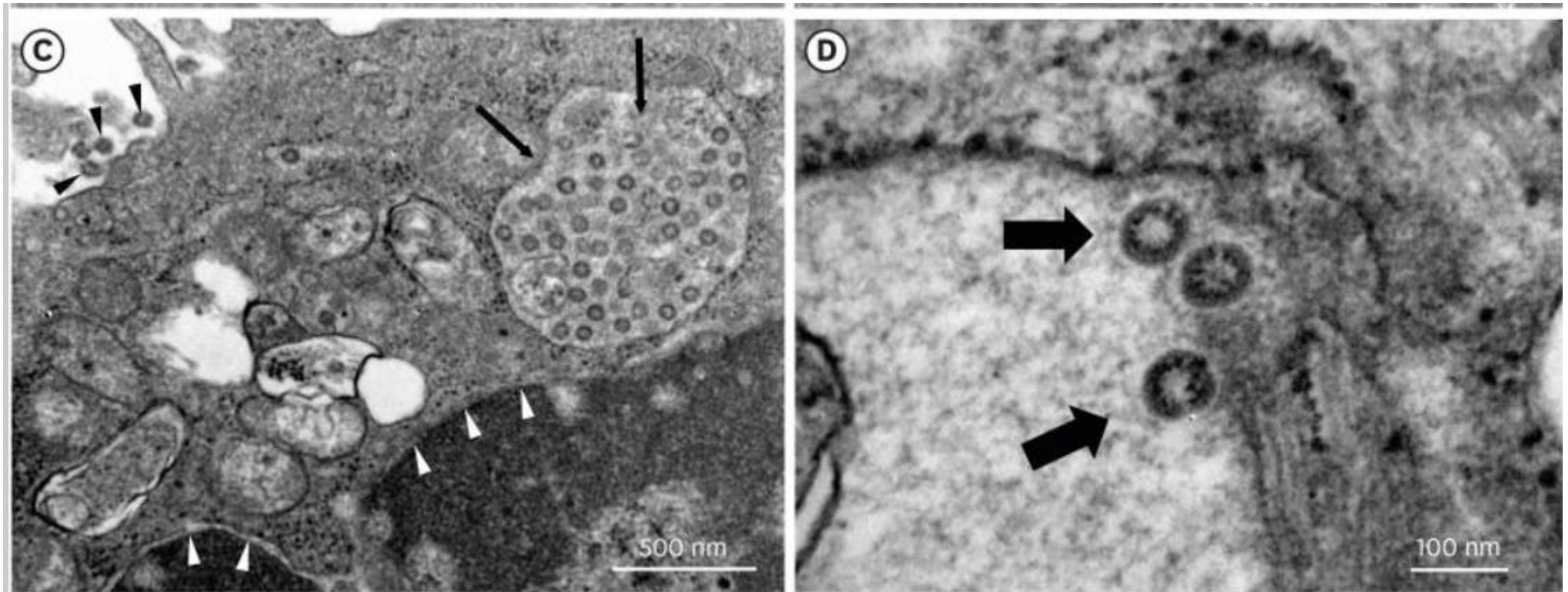
Thank you for your interest in our article.

Best,

Wan Beom Park

[8]

Jedem, der die Bilder der Studie begutachtet, wird sofort klar, dass hier keine Strukturen in isolierter Form vorliegen.



[7]

Hier wird behauptet, man habe eine virale Struktur innerhalb von Zellen fotografiert (*nicht isoliert, wie der Autor der Studie persönlich bestätigte*). Die Behauptung, diese Studie würde ein Virus in isolierter Form nachweisen, wird zu keinem Zeitpunkt untermauert.

Einer Struktur die Ursächlichkeit anzudichten krankmachend zu sein, ohne diese zuvor isoliert und die notwendigen Kontrollexperimente durchgeführt zu haben, darf und kann nicht als wissenschaftlich bezeichnet werden!

Des Weiteren werden in dieser Studie keinerlei Kontrollexperimente durchgeführt, die wir aber explizit erwähnten und forderten, und welche die Pflicht eines jeden Wissenschaftlers sind.

Hier stellt sich die Frage, warum Prof. Bhakdi und Prof. Karina Reiss diese Tatsache nicht wissen bzw. nicht wissen wollen, uns aber trotzdem diese Studie als Nachweis verkaufen wollten.

Jedem muss spätestens hier klar sein: Die beiden haben es nicht überprüft oder sie ignorieren diese Tatsache aus anderweitigen Gründen. Sie missachten damit beide die Regeln und Pflichten eines jeden Wissenschaftlers.

Was uns persönlich daran sauer aufstößt ist, dass beide weiterhin öffentlich behaupten, es gäbe das Virus, es sei längst nachgewiesen, jedem Diskurs mit uns darüber aus dem Weg gehen, selbst aber nicht in der Lage sind, auch nur eine einzige Publikation zu benennen.

Nachdem wir Prof. Reiss und Prof. Bhakdi darauf aufmerksam gemacht haben, verwiesen diese uns erneut wieder auf ihren Artikel über Immunität und Impfung der Homepage Goldegg-Verlag "Zitat 5", mit dem Zusatz:

"Das ist das was wir ihnen anbieten können".

Mit anderen Worten, sie können nichts anbieten, haben keinen Nachweis, behaupten aber nach wie vor, das Virus würde existieren, als wäre nichts gewesen.

Genau hier liegt das Problem der allermeisten. Sie haben nichts überprüft, möchten sich aber niemals einer Diskussion stellen.

Fassen wir es ganz konkret zusammen:

- Wiederholung von etwas Falschem und Unwahrem macht etwas nicht plötzlich richtig und wahr!
- Herr Bhakdi, das, was Sie anbieten, ist extrem unwissenschaftlich!
- Es ist offensichtlich und für jeden überprüfbar, dass die Autoren nur kurze, zelleigene Sequenzen zu etwas Längerem aufaddieren und dieses dann als Virus-Genom ausgegeben wird.
- Die in der Wissenschaft zwingend vorgeschriebenen Kontrollversuche zum Ausschluss zelleigener Artefakte finden nicht statt!
- Allein dieser Sachverhalt sollte ihnen offenbaren, dass „ihr Angebot“ nichts wert ist.

Bitte lieber Leser, lesen Sie sich den kompletten E-Mail Verkehr selbst durch [9]

Prof. Marcel Tanner

Schweizer Epidemiologe, Malariaforscher und Public-Health-Spezialist. Er ist Präsident der R. Geigy-Stiftung, Präsident der Akademien der Wissenschaften Schweiz und Direktor emeritus des Schweizerischen Tropen- und Public Health Instituts (Swiss TPH) und ehemaliger Leiter der Corona-Taskforce

Nachdem wir gemeinsam (*Samuel Eckert und das Corona_Fakten Team*) ein Interview mit Prof. Tanner (*Präsident der akademischen Wissenschaften*) führten, bestätigte er gleich mehrere elementare Dinge: [10]

- **dass der Test von Prof. Drosten nicht den notwendigen wissenschaftlichen Standards entspricht und sehr viele falsch-positive Ergebnisse erzeugte, sodass 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).**
- **Prof. Tanner bestätigte ebenfalls (bei Min 53:15), dass es nicht ausreicht, ein Alignment durchzuführen, um ein krankmachendes Virus nachzuweisen. (Genau dies wurde in China lediglich getan)**
- In dem Gespräch ging es u.a. darum, ob mittlerweile eine Publikation existiert, die eine Isolation des SARS-CoV-2 Virus durchgeführt hat. Prof. Tanner verwies uns an Prof. Volker Thiel vom Institut für Virologie und Immunologie der Universität Bern. Unsere Email-Kommunikation hat ergeben (*siehe weiter unten*), dass auch hier kein Isolatnachweis erbracht werden konnte. Diese abschließende Aussage können wir anhand unseres E-Mail-Verkehrs belegen. Damit tritt genau die Situation ein, die Prof. Tanner im Gespräch überraschend ehrlich artikulierte:

„Und wenn man dann zum Schluss kommt, es gibt wirklich kein Isolat.... Dann haben wir ein Problem!“
[\(Min 56:14 bis Min 56:27\)](#)

Was wir Herrn Prof. Tanner sehr hoch anrechnen ist, dass er sich nie gescheut hat, in einen Diskurs mit uns zu treten.

Schweizer IVI rund um Prof. Thiel, Prof. Schweizer

Ich fasse die wichtigsten Kernpunkte des Schriftverkehrs zusammen:

Unsere Ausgangsfrage an Prof. Thiel beinhaltete fünf einfache Fragen:

1. Was verstehen Sie bei SARS-CoV-2 unter einem Isolat?
2. Haben Sie hierzu publiziert und falls nein, auf welche Publikationen beziehen Sie sich?
3. Wo in der oder den entscheidenden Publikationen ist beschrieben, dass eine virale Struktur oder Moleküle, die dem Virus zugeschrieben werden im Sinne des Wortes "Isolation" isoliert wurden?
4. Wo sind die Kontrollexperimente dokumentiert, die beweisen, dass die Nukleinsäuren, die für die Ausrichtung/Alignment des Genoms des Virus verwendet wurden, tatsächlich viraler Natur sind und nicht gewebeeigen?
Für den Fall, dass die in Frage 4 genannten Kontrollexperimente noch nicht durchgeführt wurden, erlauben Sie uns bitte folgende weitere Frage:
5. Würden Sie, wenn ein solches Kontrollexperiment auf unsere Kosten durchgeführt werden würde (Isolation von RNA aus uninfizierten Zellkulturen, Sequenzierung und Alignment zum SARS-CoV-2-Genom), diese Daten mit uns zusammen publizieren?

Von: <[redacted].ch <[redacted].ch>

Gesendet: Donnerstag, 10. September 2020 18:26

An: 'volker.thiel@vetsuisse.unibe.ch' <volker.thiel@vetsuisse.unibe.ch>

Betreff: Anfrage CV Publikation

Guten Tag Herr Prof. Thiel,

Herr Prof. Marcel Tanner hat in einem persönlichen Gespräch im Bezug auf Isolate des Sars-Cov2 Virus sowie entsprechende Infektions-Experimente auf Sie verwiesen.

Bei allen bisherigen Anfragen an die Autoren bisher publizierter Arbeiten, bei denen eine Isolation behauptet wurde, musste schriftlich eingeräumt werden, dass es sich NICHT um eine reinkulturelle Isolation des Corona-Virus handelt. Prof. Tanner hat in diesem Zusammenhang auf Ihre Arbeiten verwiesen und festgestellt, dass Sie über solche Daten verfügen.

Bitte erlauben Sie uns, folgende Fragen zu stellen um deren Beantwortung wir freundlich bitten:

1. Was verstehen Sie bei SARS-CoV-2 unter einem Isolat?
2. Haben Sie hierzu publiziert und falls nein, auf welche Publikationen beziehen Sie sich?
3. Wo in der oder den entscheidenden Publikationen ist beschrieben, dass eine virale Struktur oder Moleküle, die dem Virus zugeschrieben werden im Sinne des Wortes "Isolation" isoliert wurden?
4. Wo sind die Kontrollexperimente dokumentiert, die beweisen, dass die Nukleinsäuren, die für die Ausrichtung/Alignment des Genoms des Virus verwendet wurden, tatsächlich viraler Natur sind und nicht gewebeeigen?

Für den Fall, dass die in Frage 4 genannten Kontrollexperimente noch nicht durchgeführt wurden, erlauben Sie uns bitte folgende weitere Frage:

5. Würden Sie, wenn ein solches Kontrollexperiment auf unsere Kosten durchgeführt werden würde (Isolation von RNA aus uninfizierten Zellkulturen, Sequenzierung und Alignment zum SARS-CoV-2-Genom), diese Daten mit uns zusammen publizieren?

- Weder Volker Thiel, noch jemand anderes aus seinem Hause konnte eine eigene Publikation vorlegen, in der nach wissenschaftlichen Regeln ein neues krankmachendes Virus nachgewiesen werden konnte.
- Man bestätigte, dass Virologen nicht wirklich isolieren und gesteht damit ein, dass die Herkunft der sequenzierten Gensequenzen nicht zugeordnet werden können!
- Man lieferte vorerst nur Wikipedia-Links und Hausblätter zu den Grundlagen der Virusisolation.
- Das IVI bestätigte ergänzend, dass lediglich eine "Isolierung" in einem Gemisch von Patientenproben und Zellkulturen durchgeführt wurde.
- Das IVI behauptet einfach, ohne auch nur ein sinnvolles Argument dafür vorzubringen, dass es nonsens sei, zu behaupten, es existiere kein Virus, nur weil man es nicht gereinigt habe
- Keine unserer fünf Fragen wurde beantwortet. Als Beispiel:
Ihre Antwort auf Frage 2 weist auf ein Arbeitsblatt hin, welches Verfahren für Laien erklärt. Wir baten an dieser Stelle um wissenschaftliche Publikationen, auf welche Sie sich beziehen.

Von: Schweizer Matthias <matthias.schweizer@vetsuisse.unibe.ch>

Gesendet: Mittwoch, 16. September 2020 13:51

An: [REDACTED].ch

Cc: volker.thiel@vetsuisse.unibe.ch; marcel.tanner@swisstph.ch

Betreff: Re: AW: Anfrage CV Publikation

Guten Tag Herr [REDACTED]

Da das E-Mail-Konto von Prof. Thiel nach seiner Rückkehr wohl mehr als voll sein wird, erlaube ich mir, Ihnen an seiner Stelle eine kurze Antwort zukommen zu lassen.

Die Frage betreffend "Isolat" oder "Isolierung" wird regelmässig aus Corona-kritischen Kreisen aufgebracht. **Der virologische Fachausdruck "Virus Isolation" muss deutlich vom "normalen" Sprachgebrauch des Wortes Isolation unterschieden werden.** Ich füge Ihnen hier einige Links an, in denen der Ausdruck, wie er in der Virologie verwendet wird, mehr oder weniger detailliert erläutert wird

1) <https://de.wikipedia.org/wiki/Virusisolierung>

2) https://www.labor-spiez.ch/pdf/de/dok/pos/88_021_Plakate_Virusisolation_d.pdf

3) Punkt 2 in https://www.virology.uzh.ch/de/services/virnachw.html#2_Virus-Isolierung_auf_Zellkulturen_mit_anschliessender_Identifikation

Eine vollständige Aufreinigung der Viren, also die Trennung von allen anderen Substanzen, wird nicht routinemässig durchgeführt, da Viren dabei beschädigt werden können, und die aufwendige Methode meistens keinen neuen Erkenntnisgewinn bringt. Das Virus wurde jedoch mit verschiedensten Methoden (vergleiche u.a. Infos in Link 2 und 3) in **Patienten-Material und eben in Zellkultur nach Virus-Isolation eindeutig nachgewiesen.** Die Argument, dass ein Virus, **das nicht "rein gereinigt" wurde, nicht existiere, ist einfach Nonsense.** Zudem konnte man auch schon genomische RNA von SARS-CoV-2 gentechnologisch rein herstellen. Wenn diese RNA in Zellen gebracht wird, beginnt das Virus zu replizieren und es entstehen SARS-CoV-2 Viruspartikel, die in nichts zu unterscheiden sind im Vergleich zu den Viren aus den Patienten. Viel reiner geht es nicht.

Zum letzten Punkt: Bereits seit vielen Jahren haben sich die Techniken zur Sequenzierung von RNA und DNA massiv verbessert (Stichwort *Next Generation Sequencing*). Seit im Jahre 2003 das erste menschliche Genom im Rahmen des *Human Genome Project* vollständig sequenziert wurde, sind in der Zwischenzeit Dutzende / Hunderte ... weitere vollständige Genome von Mensch und Tier sequenziert worden, und zwar auf Ebene der DNA (das eigentliche Genom) wie auch RNA (Transkriptom; <https://flexikon.doccheck.com/de/Transkriptom>). Dabei wurden noch nie Sequenzen gefunden, die mit Coronaviren verwandt sein könnten. Das wurde somit schon zig-fach gemacht, auch wenn natürlich nur beschrieben wurde, was man gefunden hat (es listet ja niemand auf, was man alles nicht gefunden hat).

Freundliche Grüsse

M. Schweizer

Für den Nachweis eines SARS-CoV-2 baten wir um eine Publikation des eigenen Hauses, da Prof. Tanner aussagte, dass das IVI ein eigenes hätte, leider verwies das IVI uns auf eine Publikation aus München. Arbeit von Roman Wölfel et. al. vom 1.4.2020 (<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32235945/>)

Von: Schweizer Matthias <matthias.schweizer@vetsuisse.unibe.ch>

Gesendet: Donnerstag, 17. September 2020 15:22

An: [REDACTED].ch

Cc: volker.thiel@vetsuisse.unibe.ch; marcel.tanner@swisstph.ch

Betreff: Re: AW: AW: Anfrage CV Publikation

Guten Tag Herr [REDACTED]

Sie machen es sich nun sehr einfach, kurz zu behaupten, die Fragen seien nicht beantwortet worden, ohne jedwelche Argumente darzulegen.

Meine Ausführungen betreffend "Isolat" sollten v.a. aufzeigen, dass dies oft mit dem Ausdruck aus dem **normalen Sprachgebrauch verwechselt wird**. Betreffend Ihrer ersten drei Fragen kann ich als Beispiel eine Arbeit aus Deutschland angeben

(<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32235945/>), in der das Virus aus Patientenmaterial *isoliert* und genetisch analysiert wurde. Eine andere Arbeit aus China zeigt zudem, dass Seren von konvaleszenten, aber nicht von Kontrollpersonen, Antikörper gegen das Virus aufweisen (<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32413330/>). Es gibt noch eine Vielzahl ähnlicher Studien **aber mir fehlt die Zeit** diese herauszusuchen. Aber da sie anscheinend die Prozesse kennen, dürfte es ihnen somit auch möglich sein, die entsprechende Literatur zu suchen (z. Bsp. via <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/>).

Frage 4/5 habe ich ebenfalls beantwortet, dass schon Hunderte Male das gesamte Genom und Transkriptom von Menschen, Tieren und deren Zellkulturen sequenziert wurde, und dabei noch nie Coronavirus-ähnliche Sequenzen gefunden wurden. **Auch hier fehlt mir die Zeit, nach entsprechender Literatur zu suchen**, auch da das Stichwort "Coronavirus" in diesen Arbeiten natürlich nicht vorkommt, da es ja nie gefunden wurde. Ich kann an dieser Stelle aber einen Übersichtsartikel von Broecker und Moelling angeben (<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31032941/>), in dem beschrieben wird, welche Teile von endogenen Viren im Genom von Säugetieren gefunden wurden, und da sind Coronaviren definitiv nicht dabei.

Das Thema ist somit für uns erledigt, und ich verbleibe mit freundlichen Grüßen

M. Schweizer

Wir hatten ursprünglich Prof. Thiel und nicht Herrn Schweizer angeschrieben und da Herr Schweizer scheinbar nicht in der Lage oder gewillt war, uns unsere Fragen zu beantworten, wurden wir konkreter und haben explizit auf eine Antwort seitens Herrn Prof. Thiel gepocht.

Folgend unsere Mail im Wortlaut:

"Sehr geehrter Herr Prof. Thiel,

ich bitte Sie persönlich auf unsere Fragen einzugehen, da ihr Mitarbeiter Marin Schweizer hierfür nicht willens oder in der Lage zu sein scheint (bitte beachten Sie seine vorangegangene Email).

Wir haben Sie und nicht Herrn Schweizer im Auftrag von Herrn Prof. Tanner kontaktiert, mit der klaren Zielvorgabe, fünf konkrete Fragen, die aus einem stattgefundenen Gespräch mit Prof. Tanner resultieren, zu beantworten.

1. Was verstehen Sie bei SARS-CoV-2 unter einem Isolat?

2. Haben Sie hierzu publiziert und falls nein, auf welche Publikationen beziehen Sie sich?

3. Wo in der oder den entscheidenden Publikationen ist beschrieben, dass eine virale Struktur oder Moleküle, die dem Virus zugeschrieben werden im Sinne des Wortes "Isolation" isoliert wurden?

4. Wo sind die Kontrollexperimente dokumentiert, die beweisen, dass die Nukleinsäuren, die für die Ausrichtung/Alignment des Genoms des Virus verwendet wurden, tatsächlich viraler Natur sind und nicht gewebeeigen?

5. Für den Fall, dass die in Frage 4 genannten Kontrollexperimente noch nicht durchgeführt wurden, erlauben Sie uns bitte folgende weitere Frage: Würden Sie, wenn ein solches Kontrollexperiment auf unsere Kosten durchgeführt werden würde (Isolation von RNA aus uninfizierten Zellkulturen, Sequenzierung und Alignment zum SARS-CoV-2-Genom), diese Daten mit uns zusammen publizieren?

Ihr Mitarbeiter Herr Schweizer behauptet in seinem zweiten Mail vom 17.9.2020, 15.22 Uhr, siehe unten, dass er die Fragen 1 bis 3 durch das Zitieren der Arbeit von Roman Wölfel et. al. vom 1.4.2020 (<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32235945/>) beantwortet hätte.

Dabei lautet die erste Frage, was Sie Herr Prof. Thiel und nicht ihr Mitarbeiter - der nicht mit SARS-CoV-2 arbeitet - bei SARS-CoV-2 unter einem Isolat verstehen.

Die zweite Frage lautet, ob Sie, Herr Prof. Thiel hierzu publiziert haben und falls ja oder nein, auf welche Publikationen Sie sich beziehen, in der der wissenschaftliche Beweis für die Existenz des SARS-CoV-2 enthalten ist.

Die dritte Frage ist ebenso konkret zu beantworten, denn zu der von Herrn Schweizer zitierten Arbeit von Roman Wölfel et. al. vom 1.4.2020 (<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32235945/>), mit der er meint die Fragen 1-3 beantwortet zu haben, hat Herr Schweizer vergessen, die Stellen zu benennen, in der das komplette Genom des Virus isoliert, dargestellt und sequenziert wurde.

Wir haben diese Publikation durchgearbeitet und kommen zu folgendem Schluss:

Obwohl im Abstract dieser Arbeit steht "Infectious virus was readily isolated from samples derived from the throat or lung", taucht im gesamten Text kein Beweis der Isolation eines Virus und die Darstellung seines Genoms auf.

Wenn 7.11×10^8 hoch 8 Kopien des Virus in einem "throat swab" und 2.35×10^9 hoch 9 Kopien pro ml Flüssigkeit vorhanden sein sollen, ist die direkte Darstellung des gesamten viralen Genoms in der Gelelektrophorese oder in der Nanopore-Sequenzierung oder mittels der Negative-Staining-Technik im Elektronenmikroskop, bei Verwendung von Längenmarkern, ein Leichtes wurde aber nicht getan.

Entscheidend ist in dieser Publikation, dass die Autoren dieser Publikation auf Seite 466, rechte Spalte, 5. Zeile von unten, zwar die Sequenzierung von ganzen Virus-Genomen von allen Patienten behaupten, diese Behauptung aber nicht belegen: Weder im Text, noch im Methoden-Teil noch im Supplement.

[Anmerkung: Sie finden eine etwas detailliertere Analyse zu der Studie unter der Quelle [11]]

Ich bitte Sie, mir eine Publikation von Ihnen zu mailen oder die einer anderen Arbeitsgruppe zu benennen, in der die Isolation und Sequenzierung eines Genoms des SARS-CoV-2 beschrieben ist und nicht nur behauptet wird.

Zur Frage 4.:

In keiner der uns vorliegenden Publikationen, in denen das Alignment des SARS-CoV-2 beschrieben wird, tauchen die in der Wissenschaft zwingend vorgeschriebenen Kontrollexperimente auf, die beweisen, dass tatsächlich virale und nicht zelleigene, kurze Nukleotid-Sequenzen im Alignment gedanklich zu einem kompletten und langen viralen Genom aufaddiert werden.

Bitte nennen Sie eine Publikation von Ihnen oder anderen, in der diese ausschlaggebenden Kontrollexperimente dokumentiert sind.

Die Relevanz dieser Frage ergibt sich aus folgender Tatsache:

In der Publikation von Fan Wu et al, in Nature, Vol 579 vom 3.2.2020 (<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32015508/>), in der das Genom des SARS-CoV-2 zum ersten Mal vorgestellt und zum Vorlage aller weiteren Alignments wurde, wurde eindeutig die gesamte RNA aus einer Bronchiallavage (BALF) eines Patienten benutzt, ohne dass zuvor eine Isolation oder Anreicherung von viralen Strukturen oder Nukleinsäuren stattgefunden hat.

Diese RNA wurde in cDNA umgewandelt und Stückchen der Länge von 150 Nukleotiden sequenziert, um daraus das Genom von ca. 30.000 Nukleotid-Länge zu errechnen. Es wurden keine Kontrollexperimente durchgeführt, die beweisen müssen, dass aus RNA der BALF gesunder Menschen, aus Menschen die an anderen Krankheiten leiden, aus RNA aus Rückstellproben aus der Zeit als es noch kein SARS-CoV-2 gab und aus RNA von Zell-Kultur-Kontrollexperimenten, im Alignment eben nicht das gleiche "virale" Genom errechnet werden kann.

Der Verweis Ihres Mitarbeiters Herr Schweizer, dass die Frage 4. indirekt dadurch beantwortet wäre, dass das im Alignment errechnete Genom im menschlichen Genom nicht gefunden wird, ist zweifach nicht haltbar:

a. Wenn sehr kurze Nukleotidsequenzen bis zur Länge von 10 Nukleotiden benützt werden, um ein Genom von 29.803 Nukleotiden zu errechnen ist es selbstredend, dass die ca. 30.000 Nukleotide des viralen Genoms am Stück oder auch nur eines seiner jeweils 10 Gene mit der durchschnittlichen Länge von 3.000 Nukleotiden in der Wirklichkeit niemals gefunden werden können.

b. Der RNA-Stoffwechsel erzeugt aufgrund mehrerer bekannter Mechanismen sehr viel mehr Sequenzen, als in der chromosomalen DNA eines Menschen vorhanden sind. Diese bekannten Tatsachen unterdrückt Ihr Herr Schweizer. Diese Tatsachen erklären aber, dass aus kurzen RNA-Stückchen ein angeblich virales Genom errechnet werden kann, das es in Wirklichkeit nicht gibt.

Da diese Möglichkeit im Raum steht, wir bei SARS-Cov-2 bisher keinerlei Kontrollexperimente finden konnten, deswegen davon ausgehen, dass diese bisher nicht durchgeführt wurden und der Zweifel die erste und wichtigste Pflicht eines jeden Wissenschaftlers ist, ergibt sich die Relevanz der Frage 5. an Sie:

Würden Sie, wenn ein solches Kontrollexperiment auf unsere Kosten durchgeführt werden würde (Isolation von RNA aus uninfizierten Zellkulturen, Sequenzierung und Alignment zum SARS-CoV-2-Genom), diese Daten mit uns zusammen publizieren?

Vielen Dank für Ihre persönliche Antwort.

Mit freundlichen Grüßen,

With best regards, "

an volker.thiel; marcel.tanner; Schweizer;

Sehr geehrter Herr Prof. Thiel,

ich bitte Sie persönlich auf unsere Fragen einzugehen, da ihr Mitarbeiter Marin Schweizer hierfür nicht willens oder in der Lage zu sein scheint (bitte beachten Sie seine vorangegangene Email).

Wir haben Sie und nicht Herrn Schweizer im Auftrag von Herrn Prof. **Tanner** kontaktiert, mit der klaren Zielvorgabe, fünf konkrete Fragen, die aus einem stattgefundenen Gespräch mit Prof. **Tanner** resultieren, zu beantworten.

1. Was verstehen Sie bei SARS-CoV-2 unter einem Isolat?
2. Haben Sie hierzu publiziert und falls nein, auf welche Publikationen beziehen Sie sich?
3. Wo in der oder den entscheidenden Publikationen ist beschrieben, dass eine virale Struktur oder Moleküle, die dem Virus zugeschrieben werden im Sinne des Wortes "Isolation" isoliert wurden?
4. Wo sind die Kontrollexperimente dokumentiert, die beweisen, dass die Nukleinsäuren, die für die Ausrichtung/Alignment des Genoms des Virus verwendet wurden, tatsächlich viraler Natur sind und nicht gewebeeigen?
5. Für den Fall, dass die in Frage 4 genannten Kontrollexperimente noch nicht durchgeführt wurden, erlauben Sie uns bitte folgende weitere Frage: Würden Sie, wenn ein solches Kontrollexperiment auf unsere Kosten durchgeführt werden würde (Isolation von RNA aus uninfizierten Zellkulturen, Sequenzierung und Alignment zum SARS-CoV-2-Genom), diese Daten mit uns zusammen publizieren?

Ihr Mitarbeiter Herr Schweizer behauptet in seinem zweiten Mail vom 17.9.2020, 15.22 Uhr, siehe unten, dass er die Fragen 1 bis 3 durch das Zitieren der Arbeit von Roman Wölfel et. al. vom 1.4.2020 (<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32235945/>) beantwortet hätte.

Dabei lautet die erste Frage, was Sie Herr Prof. Thiel und nicht ihr Mitarbeiter - der nicht mit SARS-CoV-2 arbeitet - bei SARS-CoV-2 unter einem Isolat verstehen.

Die zweite Frage lautet, ob Sie, Herr Prof. Thiel hierzu publiziert haben und falls ja oder nein, auf welche Publikationen Sie sich beziehen, in der der wissenschaftliche Beweis für die Existenz des SARS-CoV-2 enthalten ist.

Die dritte Frage ist ebenso konkret zu beantworten, denn zu der von Herrn Schweizer zitierten Arbeit von Roman Wölfel et. al. vom 1.4.2020 (<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32235945/>), mit der er meint die Fragen 1-3 beantwortet zu haben, hat Herr Schweizer vergessen, die Stellen zu benennen, in der das komplette Genom des Virus isoliert, dargestellt und sequenziert wurde.

Wir haben diese Publikation durchgearbeitet und kommen zu folgendem Schluss:

Obwohl im Abstract dieser Arbeit steht "Infectious virus was redily isolated from samples derived from the throat or lung", taucht im gesamten Text kein Beweis der Isolation eines Virus und die Darstellung seines Genoms auf.

Wenn 7.11×10^8 hoch 8 Kopien des Virus in einem "throat swab" und 2.35×10^9 hoch 9 Kopien pro ml Flüssigkeit vorhanden sein sollen, ist die direkte Darstellung des gesamten viralen Genoms in der Gelelektrophorese oder in der Nanopore-Sequenzierung oder mittels der Negative-Staining-Technik im Elektronenmikroskop, bei Verwendung von Längenmarkern, ein Leichtes wurde aber nicht getan.

Entscheidend ist in dieser Publikation, dass die Autoren dieser Publikation auf Seite 466, rechte Spalte, 5. Zeile von unten, zwar die Sequenzierung von ganzen Virus-Genomen von allen Patienten behaupten, diese Behauptung aber nicht belegen: Weder im Text, noch im Methoden-Teil noch im Supplement.

Zur Frage 4.:

In keiner der uns vorliegenden Publikationen, in denen das Alignment des SARS-CoV-2 beschrieben wird, tauchen die in der Wissenschaft zwingend vorgeschriebenen Kontrollexperimente auf, die beweisen, dass tatsächlich virale und nicht zelleigene, kurze Nukleotid-Sequenzen im Alignment gedanklich zu einem kompletten und langen viralen Genom aufaddiert werden.

Bitte nennen Sie eine Publikation von Ihnen oder anderen, in der diese ausschlaggebenden Kontrollexperimente dokumentiert sind.

Die Relevanz dieser Frage ergibt sich aus folgender Tatsache:

In der Publikation von Fan Wu et al, in Nature, Vol 579 vom 3.2.2020 (<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32015508/>), in der das Genom des SARS-CoV-2 zum ersten Mal vorgestellt und zum Vorlage aller weiteren Alignments wurde, wurde eindeutig die gesamte RNA aus einer Bronchiallavage (BALF) eines Patienten benutzt, ohne dass zuvor eine Isolation oder Anreicherung von viralen Strukturen oder Nukleinsäuren stattgefunden hat.

Diese RNA wurde in cDNA umgewandelt und Stückchen der Länge von 150 Nukleotiden sequenziert, um daraus das Genom von ca. 30.000 Nukleotid-Länge zu errechnen. Es wurden keine Kontrollexperimente durchgeführt, die beweisen müssen, dass aus RNA der BALF gesunder Menschen, aus Menschen die an anderen Krankheiten leiden, aus RNA aus Rückstellproben aus der Zeit als es noch kein SARS-CoV-2 gab und aus RNA von Zell-Kultur-Kontrollexperimenten, im Alignment eben nicht das gleiche "virale" Genom errechnet werden kann.

Der Verweis Ihres Mitarbeiters Herr Schweizer, dass die Frage 4. indirekt dadurch beantwortet wäre, dass das im Alignment errechnete Genom im menschlichen Genom nicht gefunden wird, ist zweifach nicht haltbar:

- Wenn sehr kurze Nukleotidsequenzen bis zur Länge von 10 Nukleotiden benutzt werden, um ein Genom von 29.803 Nukleotiden zu errechnen ist es selbstredend, dass die ca. 30.000 Nukleotide des viralen Genoms am Stück oder auch nur eines seiner jeweils 10 Gene mit der durchschnittlichen Länge von 3.000 Nukleotiden in der Wirklichkeit niemals gefunden werden können.
- Der RNA-Stoffwechsel erzeugt aufgrund mehrerer bekannter Mechanismen sehr viel mehr Sequenzen, als in der chromosomalen DNA eines Menschen vorhanden sind. Diese bekannten Tatsachen unterdrückt Ihr Herr Schweizer. Diese Tatsachen erklären aber, dass aus kurzen RNA-Stückchen ein angeblich virales Genom errechnet werden kann, das es in Wirklichkeit nicht gibt.

Da diese Möglichkeit im Raum steht, wir bei SARS-Cov-2 bisher keinerlei Kontrollexperimente finden konnten, deswegen davon ausgehen, dass diese bisher nicht durchgeführt wurden und der Zweifel die erste und wichtigste Pflicht eines jeden Wissenschaftlers ist, ergibt sich die Relevanz der Frage 5. an Sie:

Würden Sie, wenn ein solches Kontrollexperiment auf unsere Kosten durchgeführt werden würde (Isolation von RNA aus uninfizierten Zellkulturen, Sequenzierung und Alignment zum SARS-CoV-2-Genom), diese Daten mit uns zusammen publizieren?

Vielen Dank für Ihre persönliche Antwort.

Mit freundlichen Grüßen,
With best regards,

- Nachdem man bemerkte, dass diese Studie eben genau die gleichen Schwächen aufwies, wie alle weiteren, fragte man uns, **ob wir einen Klon**, der aus dem Genom, welches die Chinesen als Vorschlag vorgelegt hatten, als Nachweis für SARS-CoV-2 anerkennen würden. **Lassen Sie sich das kurz auf der Zunge zergehen:** Die chinesischen Virologen haben das Genom des später in SARS-CoV-2 umbenannten Virus lediglich rein **rechnerisch**, **durch Aufaddieren** von sehr kurzen Sequenzstücken erstellt. **Weder das vollständige Genom, geschweige denn größere Teile davon, wurde von ihnen aufgefunden!**
[12]

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

Würden Sie also einen Klon aus einem Computermodell als Nachweis für ein Virus akzeptieren, welches angeblich bereits viele Monate zuvor schon existiert haben soll?

Sehr geehrter Herr [REDACTED]

ich bin offen gesagt etwas erstaunt über Ihre Anfrage und kann nur bestätigen was mein hoch geschätzter Kollege Herr Professor Schweizer geantwortet hat. Aus Ihren Fragen schliesse ich dass Sie die Existenz des SARS-CoV-2 in Frage stellen?

Die von Ihnen geforderten „Kontrollexperimente“ sind in vielen Publikationen beschrieben, sei es in Transkriptomstudien bei denen nicht-infizierte Kontrollproben mitanalysiert werden oder beim traditionellen PCR Nachweis bei dem es zahlreiche Negativkontrollen gibt.

Eine gute Zusammenfassung zum Thema hat der Kollege Marco Binder auf twitter gegeben (Sie finden dort auch Quellen die die Existenz des Virus belegen): <https://twitter.com/TheBinderLab/status/1306212942124380161>

Falls Sie der Meinung sind die SARS-CoV-2 Genomsequenz ist ein Artefakt und kodiert nicht für ein Virus, würden Sie dann ein Experiment bei dem das Genom (als RNA mit 30.000 Nukleotiden) künstlich hergestellt wird und daraus das SARS-CoV-2 entsteht als Beweis für die Existenz des Virus sehen?

Freundliche Grüsse,

- Sie lieferten keine Kontrollversuche, sondern behaupteten, dass diese indirekt dadurch durchgeführt wurden, dass das im Alignment **errechnete** Genom **im menschlichen Genom nicht gefunden wird**.

Dieses ist zweifach nicht haltbar:

a.) Wenn sehr kurze Nukleotidsequenzen bis zur Länge von 10 Nukleotiden benutzt werden, um ein Genom von 29.903 Nukleotiden Länge zu errechnen, **ist es selbstredend**, dass die ca. 30.000 Nukleotide des viralen Genoms **am Stück** oder auch nur eines seiner jeweils 10 Gene mit der durchschnittlichen Länge von 3.000 Nukleotiden **in der Wirklichkeit niemals gefunden werden können**.

b.) Der RNA-Stoffwechsel erzeugt aufgrund mehrerer bekannter Mechanismen sehr viel mehr Sequenzen, als in der chromosomalen DNA eines Menschen vorhanden sind. Diese bekannten Tatsachen unterdrücken die Verantwortlichen Virologen des Schweizer Instituts für Virologie und Immunologie (IVI). Diese Tatsachen erklären aber, dass aus kurzen RNA-Stückchen ein angeblich virales Genom errechnet werden kann, **das es in Wirklichkeit nicht gibt**.

Folgend unsere Mail im Wortlaut:

"Sehr geehrter Herr Prof. Thiel,

ich kann Ihr Erstaunen nachvollziehen, vor allem wenn eine solche Situation plötzlich aus dem Nichts auftaucht und das eigene Tun in Frage stellt.

Es ehrt Sie und beweist Ihre wissenschaftliche Ernsthaftigkeit, dass Sie dennoch antworten und mir die Beweisführung für die Existenz des SARS-CoV-2-Virus in Aussicht stellen.

Bitte respektieren Sie auch mein Erstaunen, als ich mit eigenen Augen gelesen habe, dass Prof. Christian Drosten von der Charité in Berlin in der Firma Tib Molbiol die Reagentien (Primer) für den SARS-CoV-2-Virus-PCR-Test synthetisieren lies,

bevor noch die chinesischen Wissenschaftler um Fan Wu am 10.1.2020 ihre vorläufigen Sequenzvorschläge für das Virus online veröffentlichten.

Daraufhin habe ich mir [deren Publikation](#) angesehen und mit Entsetzen festgestellt, dass die chinesischen Virologen das Genom des später in SARS-CoV-2 umbenannten Virus nur rechnerisch, durch Aufaddieren von sehr kurzen Sequenzstücken erstellt haben. Das ganze Genom oder auch nur größere Stücke davon, haben sie nicht gefunden.

Mehr noch: Sie haben keinen Virus oder virale Strukturen und daraus die viralen Nukleinsäuren isoliert, sondern nur die gesamte RNA aus einer Lungenspülung.

Entscheidend: 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 es noch kein SARS-CoV-2-Virus gab, die gleiche Aufaddierung eines Virus-Genoms aus kurzen Stückchen an RNA möglich ist.

Ihr Hinweis, dass es viele Transkriptionsstudien gibt, in denen keine SARS-CoV-2-Gene gefunden werden, kann die logisch zwingenden Kontrollversuche nicht ersetzen, denn wenn künstlich etwas aufaddiert wird, was in Wirklichkeit nicht gefunden werden kann, kann das natürlich auch nirgendwo sonst und in keiner Transkriptionsstudie gefunden werden.

Aus diesem Grund geht auch ihr Hinweis auf die Arbeiten, die Ihr Kollege Marco Binder auf Twitter gegeben hat, in die wissenschaftliche Leere.

Da es natürlich sein könnte, dass ich mich irre und ich mich bei Widerlegung meiner Position in der Öffentlichkeit hierfür entschuldigen möchte, bitte ich Sie – auch im Sinne der wissenschaftlichen Kriterien des DFG, hier endgültig Klarheit zu schaffen. Bis heute liegen uns keine Publikationen dieser Art vor.

Hier stellt sich die wichtigste aller Fragen:

Auf welche der ersten Publikationen der Existenz-Behauptungen zum SARS-CoV-2-Virus beziehen Sie sich persönlich, wenn Sie von der wissenschaftlich bewiesenen Existenz des SARS-CoV-2-Virus ausgehen?

Wenn das publizierte SARS-CoV-2-Genom oder die kurzen Gensequenzen, die zu seinem Genom aufaddiert werden, tatsächlich aus einem Virus stammen, dann sehe ich und alle anderen natürlich auch Ihren angebotenen Beweis, "ein Experiment bei dem das Genom (als RNA mit 30.000 Nukleotiden) künstlich hergestellt wird und daraus das SARS-CoV-2 entsteht" als Beweis für die Existenz des Virus an.

Wenn Ihre angebotene Beweisführung nicht eindeutig ist oder nicht gelingt, bin ich sicher, Sie stimmen überein, die Kontrollversuche durchzuführen, um zu versuchen das Genom des SARS-CoV-2-Virus aus der RNA gesunder Menschen, aus SARS-CoV-2-negativen Menschen und aus der RNA nicht infizierter Zellkulturen auf die exakt gleiche Weise zu gewinnen, wie Sie und Ihre Kollegen es tun?

Damit ist der Meilenstein gesetzt und die Vorgaben wissenschaftlichen Arbeitens erfüllt, denn ich kann diese vorgeschriebenen Kontrollversuche in der gesamten wissenschaftlichen Literatur zum SARS-CoV-2-Virus nicht finden. Auch hier wäre ich für einen Link Ihrer Referenz-Publikation dankbar.

Ich wünsche Ihnen einen erfolgreichen Tag und bedanke mich recht herzlich für Ihre Zeit.

Mit freundlichen Grüßen,

an volker.thiel; marcel.tanner; matthias.schweizer;

Sehr geehrter Herr Prof. Thiel,

ich kann Ihr Erstaunen nachvollziehen, vor allem wenn eine solche Situation plötzlich aus dem Nichts auftaucht und das eigene Tun in Frage stellt.

Es ehrt Sie und beweist Ihre wissenschaftliche Ernsthaftigkeit, dass Sie dennoch antworten und mir die Beweisführung für die Existenz des SARS-CoV-2-Virus in Aussicht stellen.

Bitte respektieren Sie auch mein Erstaunen, als ich mit eigenen Augen gelesen habe, dass Prof. Christian Drosten von der Charité in Berlin in der Firma Tib Molbiol die Reagentien (Primer) für den SARS-CoV-2-Virus-PCR-Test synthetisieren lies, bevor noch die chinesischen Wissenschaftler um Fan Wu am 10.1.2020 ihre vorläufigen Sequenzvorschläge für das Virus online veröffentlichten.

Daraufhin habe ich mir [deren Publikation](#) angesehen und mit Entsetzen festgestellt, dass die chinesischen Virologen das Genom des später in SARS-CoV-2 umbenannten Virus nur rechnerisch, durch Aufaddieren von sehr kurzen Sequenzstücken erstellt haben. Das ganze Genom oder auch nur größere Stücke davon, haben sie nicht gefunden.

Mehr noch: Sie haben keinen Virus oder virale Strukturen und daraus die viralen Nukleinsäuren isoliert, sondern nur die gesamte RNA aus einer Lungenspülung.

Entscheidend: 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 es noch kein SARS-CoV-2-Virus gab, die gleiche Aufaddierung eines Virus-Genoms aus kurzen Stückchen an RNA möglich ist.

Ihr Hinweis, dass es viele Transkriptionsstudien gibt, in denen keine SARS-CoV-2-Gene gefunden werden, kann die logisch zwingenden Kontrollversuche nicht ersetzen, denn wenn künstlich etwas aufaddiert wird, was in Wirklichkeit nicht gefunden werden kann, kann das natürlich auch nirgendwo sonst und in keiner Transkriptionsstudie gefunden werden.

Aus diesem Grund geht auch ihr Hinweis auf die Arbeiten, die Ihr Kollege Marco Binder auf Twitter gegeben hat, in die wissenschaftliche Leere.

Da es natürlich sein könnte, dass ich mich irre und ich mich bei Widerlegung meiner Position in der Öffentlichkeit hierfür entschuldigen möchte, bitte ich Sie – auch im Sinne der wissenschaftlichen Kriterien des DFG, hier endgültig Klarheit zu schaffen. Bis heute liegen uns keine Publikationen dieser Art vor.

Hier stellt sich die wichtigste aller Fragen:

Auf welche der ersten Publikationen der Existenz-Behauptungen zum SARS-CoV-2-Virus beziehen Sie sich persönlich, wenn Sie von der wissenschaftlich bewiesenen Existenz des SARS-CoV-2-Virus ausgehen?

Wenn das publizierte SARS-CoV-2-Genom oder die kurzen Gensequenzen, die zu seinem Genom aufaddiert werden, tatsächlich aus einem Virus stammen, dann sehe ich und alle anderen natürlich auch Ihren angebotenen Beweis, "ein Experiment bei dem das Genom (als RNA mit 30.000 Nukleotiden) künstlich hergestellt wird und daraus das SARS-CoV-2 entsteht" als Beweis für die Existenz des Virus an.

Wenn Ihre angebotene Beweisführung nicht eindeutig ist oder nicht gelingt, bin ich sicher, Sie stimmen überein, die Kontrollversuche durchzuführen, um zu versuchen das Genom des SARS-CoV-2-Virus aus der RNA gesunder Menschen, aus SARS-CoV-2-negativen Menschen und aus der RNA nicht infizierter Zellkulturen auf die exakt gleiche Weise zu gewinnen, wie Sie und Ihre Kollegen es tun?

Damit ist der Meilenstein gesetzt und die Vorgaben wissenschaftlichen Arbeitens erfüllt, denn ich kann diese vorgeschriebenen Kontrollversuche in der gesamten wissenschaftlichen Literatur zum SARS-CoV-2-Virus nicht finden. Auch hier wäre ich für einen Link Ihrer Referenz-Publikation dankbar.

Ich wünsche Ihnen einen erfolgreichen Tag und bedanke mich recht herzlich für Ihre Zeit.

Mit freundlichen Grüßen,

With best regards,

Wir haben erst nach knapp zwei Wochen und zweimaliger Nachfrage auf eine Beantwortung unserer Mail eine Reaktion erhalten, obwohl Prof. Tanner diese Diskussion in Auftrag gegeben hatte und im CC alles mitgelesen hat. Nach zwei Wochen erhielten wir dann eine erste Reaktion:

"Sehr geehrter Herr XXX,

ich werde mich melden sobald ich Zeit habe.

freundliche Grüße,

Volker Thiel"

volker.thiel@vetsuisse.unibe.ch

marcel.tanner;

Sehr geehrter Herr

ich werde mich melden sobald ich Zeit habe.

freundliche Grüsse,

Volker Thiel

Eidgenössisches Departement des Innern EDI

Institut für Virologie und Immunologie IVI

Prof. Dr Volker Thiel

Länggassstrasse 122, 3012 Bern

Tel. +41 31 631 2413,

Volker.Thiel@vetsuisse.unibe.ch

In Kooperation mit der Vetsuisse Fakultät

der Universität Bern

Nach weiteren mehr als zwei Wochen kam dann endlich die Antwort, mit der Prof. Thiel genau das bestätigte, was wir von Anfang an im Verdacht hatten.

Das IVI hat kein eigenes Isolat und beruft sich auf eine Quelle, bei der nie ein Virus nachgewiesen wurde. Aber lesen sie selbst:

Antwort seitens Prof. Thiel vom IVI:

marcel.tanner;

Sehr geehrter Herr

ich komme zurück auf Ihre erste Frage „was ist ein Virusisolat“

Ein Virusisolat erhält man aus Proben die zB von einem Patienten genommen wurden. Je nach Virus kann man Virusisolate aus verschiedenen Proben bekommen, zB Nasen/Rachen Abstrich, Stuhlprobe, oder Gewebe von Organen wo das Virus sich vermehrt. Die Proben werden dann im Labor auf Ziellinien gegeben und man kann bei positiver Virusanzucht meist einen sogenannten zytopathischen Effekt beobachten. Dieser zeigt sich idR nach ein paar Tagen und man beobachtet dass die Zellen aufgrund des Viruswachstums absterben. Viele Viren werden von den infizierten Zellen in das Kulturmedium abgegeben und sammeln sich dort an. Dieses Medium (mit den vermuteten Viren) gibt man dann wiederum auf frische Zellen und wenn sich erneut ein zytopathischer Effekt zeigt kann man davon ausgehen dass man ein Virusisolat erhalten hat. Um das Isolat aufzueinigen macht man idR eine Plaquereinigung. Weitere Charakterisierung kann zum Beispiel eine vollständige Sequenzierung sein, elektronenmikroskopische Aufnahmen, Nachweis von Virusproteinen in infizierten Zellen mittels Antikörper (falls welche vorhanden sind). Dies alles ist für SARS-CoV-2 gemacht worden (und in zahlreichen Publikationen belegt) und entspricht dem heutigen Standard. Die eigentliche Virusisolation ist heutzutage trivial und wird oft nur im Methodenteil kurz angegeben (zB Virusisolat wurde von einem ... Patienten erhalten...; normalerweise gibt es auch noch Details zum Patienten und einen Isolatnamen), die oben genannten Virusnachweismethoden (Sequenzierung, Elektronenmikroskopie ect) sind jedoch als Beweis für die Identität eines Virus ausreichend, weltweit anerkannt und entsprechen dem wissenschaftliche Standard. Ich verweise hier nochmals auf den Tweet von Marco Binder mit den genannten Publikationen.

Am IVI arbeiten wir mit einem Isolat das von einem COVID19 Patienten aus München stammt, wir haben das von der Charité in Berlin bekommen (die Angaben zu dem Isolat sind in der unten genannten Publikation).

Zudem haben wir am IVI ein sogenanntes revers-genetisches System etabliert. Hier beziehe ich mich auf ihre erste Antwort.

"Wenn das publizierte SARS-CoV-2-Genom oder die kurzen Gensequenzen, die zu seinem Genom aufaddiert werden, tatsächlich aus einem Virus stammen, dann sehe ich und alle anderen natürlich auch Ihren angebotenen Beweis, "ein Experiment bei dem das Genom (als RNA mit 30.000 Nukleotiden) künstlich hergestellt wird und daraus das SARS-CoV-2 entsteht" als Beweis für die Existenz des Virus an."

Genau diesen Beweis haben wir am IVI und mittlerweile auch andere Gruppen in den USA erbracht. Wir haben auf Basis der ersten veröffentlichten Genomsequenz von SARS-CoV-2 aus Wuhan DNA synthetisieren lassen die dieser Sequenz entspricht. Diese DNA wurde verwendet um davon das Virus zu erzeugen. natürlich haben wir das „synthetische“ Virus wiederum ausreichen charakterisiert und konnten zB zeigen dass das synthetische SARS-CoV-2 exakt die erwartete Genomsequenz hat. Die Publikation können sie hier nachlesen: <https://www.nature.com/articles/s41586-020-2294-9>

Ich denke damit sind die Unklarheiten ausgeräumt und Sie können jetzt die Existenz des Virus glauben.

Freundliche Grüsse,

Volker Thiel

Unsere Antwort im Wortlaut zeigt die eklatanten Annahmefehler seitens des IVI auf und aller Wahrscheinlichkeit nach, auch die Annahmefehler der meisten anderen Virologen:

"Sehr geehrter Herr Prof. Thiel,

vielen herzlichen Dank für die klärende Antwort.

Ich bin mir nun sicher, wo Ihr zentraler Annahmefehler liegt und kann dies stringent begründen.

Sie schreiben in ihrer Publikation (<https://www.nature.com/articles/s41586-020-2294-9>):

"The detection of a new coronavirus in China at the end of 2019 prompted us to test the applicability of our synthetic genomics platform to reconstruct the virus based on the genome sequences released on 10–11 January 2020 (Fig. 2)"

Damit geben Sie eindeutig die Quelle an, nach der wir gefragt haben, auf die Sie sich stützen und auf die sich die ganze Welt im Glauben darauf verlässt, dass hier der wissenschaftliche Beweis für die Existenz des neuen SARS-CoV-2-Virus enthalten ist.

Es handelt sich um die Publikation von Prof. Yong-Zhen Zhang (*Fan Wu et al.*), auf die sich auch Prof. Drosten bezieht:

- Prof. Zhang beschreibt im Detail, dass und wie er durch Aneinanderreihung von sehr kurzen Gensequenzen das Genom des Virus errechnet hat, das heute als "SARS-CoV-2"-Virus bezeichnet wird.
- Er beschreibt eindeutig, dass er hierfür die kurzen Gensequenzen nicht aus einem Virus, sondern direkt aus der Lungenflüssigkeit einer Lungenspülung (= BALF) eines Menschen mit Lungenentzündung entnommen hat.
- Er beschreibt keine Kontrollexperimente, die in der Wissenschaft Voraussetzung sind, um eine Aussage als wissenschaftlich bezeichnen zu dürfen. Diese auch aus den für die Wissenschaft konstitutiven Denkgesetzen und der Logik resultierenden Kontrollversuche – zum Ausschluss des Offensichtlichen, dass nämlich aus körpereigenen kurzen Gensequenzen und aus denen der zahlreichen bekannten und vor allem unbekanntem Mikroben, die den Mensch besiedeln – sind bis heute nicht durchgeführt.
- **Eine Methode wie hier das Alignment, um aus sehr kurzen Gensequenzen eine theoretisch lange zu errechnen, die nicht durch Kontrollversuche abgesichert sind, darf nicht als wissenschaftlich bezeichnet werden. Hier wird Wissenschaftlichkeit vorgegeben, die offensichtlich, nachvollziehbar und für jeden überprüfbar nicht gegeben ist.**
- *Dass Sie sich in Bezug auf diese Kontrollversuche immer noch auf Twitter-Einträge eines Marco Binder berufen, ist unwissenschaftlich und abstoßend, denn wenn etwas im mehrstufigen Prozess des "Alignment" konstruiert wird, was es in Wirklichkeit nicht gibt, kann man das natürlich auch in keiner Datenbank finden, in der menschliche Gensequenzen veröffentlicht werden.
- Bei diesem Ihrem Argument, dass sich die Kontrollversuche dadurch ergeben, dass sich die virale Sequenz nicht in den humanen Gen-Datenbanken finden lässt, berufen Sie sich auf drittklassige Literatur in den sozialen Medien und haben dabei viererlei vergessen:
- a. Im Alignment-Prozess hat bis heute niemand überprüft, ob die Gensequenzen, aus denen das SARS-CoV-2-Virus-Genom errechnet wurde, nicht aus Gensequenzen stammen, die dem Stoffwechsel von Mikroben entstammen, die den Menschen und Zellkulturen besiedeln.
- b. Nur ca. 5 % der existierenden Mikroben sind genetisch erfasst, woraus sich die Pflicht zur sofortigen Durchführung von Kontrollexperimenten ergibt, denn es ist offensichtlich, dass aus deren unbekanntem Sequenzen das Genom des Virus ganz oder teilweise im mehrstufigen "Alignment" errechnet wurde.

- *c. Es ist schon lange bekannt, dass die Enzyme, die Gensequenzen herstellen, nicht nur durch den bekannten Mechanismus des "Template-Switching" ständig neue Gensequenzen erzeugen, die in keiner Datenbank erfasst werden können und dass die Enzyme, die RNA-Gensequenzen herstellen, dies auch ohne Gen-Vorlagen tun. Das bedeutet, dass ständig neue Gensequenzen entstehen, die mit den bisherigen Methoden nicht erfasst wurden. Allein daraus ergibt sich die Pflicht zur sofortigen Durchführung von Kontrollexperimenten, denn es ist offensichtlich, dass das Genom des SARS-CoV-2 ganz oder teilweise aus solchen unspezifischen Sequenzen rechnerisch konstruiert wurde.*
- *d. Sie können sich bei dieser gegebenen Sachlage nicht darauf beziehen, dass der Existenz-Beweis für das Virus dadurch gegeben ist, indem sie aus der vorgegebenen Sequenz von Prof. Zhang das Genom des Virus synthetisch hergestellt haben und damit experimentieren. Das ist ein wissenschaftlich unzulässiger Zirkelschluss.*
- *Prof. Zhang erwähnt in dieser Publikation ausdrücklich, dass er die Regeln für die Beweisführung der Existenz eines Virus, die Koch'schen Postulate, nicht eingehalten hat. Auch nicht das erste Postulat, die Isolation des Virus.*
- *Prof. Zang erwähnt ausdrücklich, dass es nur eine Korrelation zwischen dem rechnerischen "Nachweis" dieses Virus und einer tatsächlichen Lungenentzündung gibt, aber keinen Beweis, dass seine "Entdeckung" ursächlich für diese Krankheit ist.*

Zu Ihrer Information, falls Ihnen das entgangen sein sollte:

- *Prof. Drosten hat nachweislich – noch bevor die Sequenz von Prof. Zhang vorlag – die Primer-Sequenzen für das "SARS-CoV-2"-Virus synthetisieren lassen und am gleichen Tag der Veröffentlichung der Daten, in der Nacht vom "10–11 January 2020" an diejenigen Stellen versenden lassen, wo Reise-Rückkehrer aus Wuhan mit seinem Test auf das "SARS-CoV-2"-Virus getestet wurden. Damit wurde scheinbar bewiesen, dass das vermutete Virus nun doch von Mensch zu Mensch übertragbar sei.*
- *Bis zum 20.1.2020 haben die Chinesischen Gesundheitsbehörden und die Regierung aufgezeigt, dass es offensichtlich keine Mensch-zu-Mensch-Übertragung gibt. Alle Angehörigen und das gesamte Krankenhauspersonal, welches mit denjenigen Menschen in Kontakt waren und sind, die an atypischer Lungenentzündung litten – was man aufgrund der Definition "atypisch" auf ein unbekanntes Virus zurückführte – blieben gesund. Deswegen konnte die Regierung ehrlicherweise von Lock-Down-Maßnahmen absehen.*
- *Am 20.1.2020 kam der berühmte, 84-jährige "SARS"-Arzt Dr. Zhong Nanshan in Wuhan an, wohin er aus Südchina, auf eigene Kosten und Veranlassung per Zug reiste. Er verbreitete in Wuhan die Nachricht des "positiven" Resultats der PCR-Testverfahren des Drosten-Tests, aufgrund der er glaubte behaupten zu dürfen und zu müssen, dass nun eine Mensch-zu-Mensch-Übertragung des vermuteten neuen Virus bewiesen sei.*

- Zuerst geriet dabei die Öffentlichkeit in Wuhan in Panik, abends das gesamte China, als er in den Abend-Nachrichten aussagte, dass nun die Mensch-zu-Mensch-Übertragung bewiesen sei. Wie bekannt, geriet darüber wenig später die Weltöffentlichkeit in Panik.

Sie haben in dieser Angelegenheit als Mensch, besonders als Wissenschaftler und in Ihrer zentralen Funktion als Direktor des IVI die Verantwortung für das Schweizer Volk und für die Weltbevölkerung, die Pflicht und die Verantwortung, diese offen daliegenden Widersprüche und Widerlegungen SOFORT der Öffentlichkeit zu kommunizieren.

Damit hauptsächlich Kinder, alte Menschen, Kranke und die Wirtschaft durch die wissenschaftlich nicht begründbaren, sondern widerlegten Schlussfolgerungen und resultierenden Maßnahmen nicht im wahrsten Sinne des Wortes ersticken und zu Grunde gehen, bitte ich Sie, umgehend zu handeln.

Prof. Tanner hat Sie über mich beauftragt zu klären, ob ein Virus tatsächlich im Sinne des Wortes „Isolation“ isoliert worden ist.

Sie gestehen nun mit Ihrem zentralen und exklusiven Bezug auf die Publikation von Prof. Zhang ein, dass kein Virus isoliert worden ist, sondern offensichtlich und zweifelsfrei sehr kurze Gensequenzen aus Menschen, aus bekannten und unbekanntem Mikroben und wahrscheinlich auch aus biochemisch entstandenen Gensequenzen nur rechnerisch, also rein gedanklich zu einem Virus-Genom zusammengesetzt wurde, das es in Wirklichkeit nicht gibt.

Sie können sich dabei auch nicht in Zukunft darauf berufen – um sich weiterhin Ihrer zentralen und globalen Verantwortung zu entziehen –, dass die gedankliche Ausrichtung (= Alignment) der kurzen Gensequenzen zu einem "ganzen" Virus-Genom anhand einer Vorlage eines anderen Corona-Virus-Genoms geschah. Auch diese angebliche Virus-Sequenz-Vorlage wurde ebenso nur rechnerisch aus sehr kurzen Sequenzen erstellt, von denen sicher ist, dass sie nicht aus einem Virus isoliert worden sind, sondern aus kurzen Gensequenzen des Menschen, von Tieren, Mikroben und ggf. biochemisch synthetisierten Gensequenzen stammen.

Prof. Tanner hat Sie über mich beauftragt und wacht darüber, die Kontrollversuche durchzuführen, die Voraussetzung sind, eine Virus-Behauptung als wissenschaftlich behaupten zu dürfen.

Ihr Argument, dass diese Kontrollversuche sich indirekt daraus ergeben, dass Dritte und nicht Sie auf Twitter behaupten, dass sich das errechnete Virus-Genom nicht in menschlichen Gen-Datenbanken finden lässt, ist dadurch widerlegt, dass sich etwas (mühsam) Errechnetes logischer Weise weder in einer Datenbank, noch in der Natur, noch in einem Labor nachweisen lässt.

Ich bitte Sie daher nochmals, mit mir zusammen diejenigen Kontrollversuche durchzuführen und zu dokumentieren, die beweisen oder widerlegen, ob die sehr kurzen Gensequenzen, die im "Alignment" rechnerisch, also gedanklich, via verschiedener Auswerteprogramme zu einem langen Genom angeordnet wurden, nicht aus dem Menschen selbst kommen,

aus den zahlreichen Mikroben und Phagen, die den Menschen, vor allem bei Krankheit und Lungenentzündung besiedeln. Oder ob diese zum Teil aus rein biochemisch entstanden Gensequenzen stammen oder zum Teil durch diejenigen Programme des Alignments erfunden wurden, mit denen diese Programme die Lücken (gaps) des Genoms füllen, die sich mit den vorhandenen kurzen Gensequenzen nicht haben schließen lassen. Im Methoden-Teil von Prof. Zhang sind diese Programme erwähnt, aber eben nicht, welche und wie viele Anteile des ganzen "Virus-Genoms" durch diese Gap-filling-Programme "aufgefüllt" wurden.

Wir bieten nochmals an, diese Kontrollversuche finanzieren und es gibt nur wissenschaftliche und menschliche Gründe, dass Sie der Aufforderung von Prof. Tanner, diese Kontrollversuche vorzulegen und zu dokumentieren, nachkommen und keinen Grund, diese nicht zu tun oder weiterhin zu verzögern.

Die durch die Corona-Krise entstandenen Not ist groß und kennt kein Gebot, z. B. Ihren Berufsstand und dessen Ansehen zu schützen. Diese Not wird täglich größer und die Möglichkeit steht im Raum, dass unsere Gesellschaft in der kollektiven Hysterie, die keine wissenschaftliche Berechtigung hat, sich immer schwerwiegender selbst schädigt. Ich habe auch andere Virologen angefragt, mit mir die Kontrollversuche durchzuführen. Alle sind bisher eine Antwort schuldig geblieben.

Sie haben die besondere Möglichkeit, hier für Klärung zu sorgen, da Prof. Tanner zur Klärung dieser zentralen Frage auf Sie verwiesen hat.

Bitte entscheiden Sie sich und handeln Sie sofort, und lassen Sie mit Ihrer Antwort nicht wieder über zwei Wochen verstreichen.

Mit freundlichen Grüßen,

Sehr geehrter Herr Prof. Thiel,

vielen herzlichen Dank für die klärende Antwort.

Ich bin mir nun sicher, wo Ihr zentraler Annahmefehler liegt und kann dies stringent begründen.

Sie schreiben in ihrer Publikation (<https://www.nature.com/articles/s41586-020-2294-9>):

"The detection of a new coronavirus in China at the end of 2019 prompted us to test the applicability of our synthetic genomics platform to reconstruct the virus based on the genome sequences released on 10–11 January 2020 (Fig. 2)"

Damit geben Sie eindeutig die Quelle an, nach der wir gefragt haben, auf die Sie sich stützen und auf die sich die ganze Welt im Glauben darauf verlässt, dass hier der wissenschaftliche Beweis für die Existenz des neuen SARS-CoV-2-Virus enthalten ist.

Es handelt sich um die Publikation von Prof. Yong-Zhen Zhang (Fan Wu et al.), auf die sich auch Prof. Drosten bezieht:

- Prof. Zhang beschreibt im Detail, dass und wie er durch Aneinanderreihung von sehr kurzen Gensequenzen das Genom des Virus errechnet hat, das heute als "SARS-CoV-2"-Virus bezeichnet wird.
- Er beschreibt eindeutig, dass er hierfür die kurzen Gensequenzen nicht aus einem Virus, sondern direkt aus der Lungenflüssigkeit einer Lungenspülung (= BALF) eines Menschen mit Lungenentzündung entnommen hat.
- Er beschreibt keine Kontrollversuche, die in der Wissenschaft Voraussetzung sind, um eine Aussage als wissenschaftlich bezeichnen zu dürfen. Diese auch aus den für die Wissenschaft konstitutiven Denkgesetzen und der Logik resultierenden Kontrollversuche – zum Ausschluss des Offensichtlichen, dass nämlich aus körpereigenen kurzen Gensequenzen und aus denen der zahlreichen bekannten und vor allem unbekanntem Mikroben, die den Mensch besiedeln – sind bis heute nicht durchgeführt.
- Eine Methode wie hier das Alignment, um aus sehr kurzen Gensequenzen eine theoretisch lange zu errechnen, die nicht durch Kontrollversuche abgesichert sind, darf nicht als wissenschaftlich bezeichnet werden. Hier wird Wissenschaftlichkeit vorgegeben, die offensichtlich, nachvollziehbar und für jeden überprüfbar nicht gegeben ist.
- *Dass Sie sich in Bezug auf diese Kontrollversuche immer noch auf Twitter-Einträge eines Marco Binder berufen, ist unwissenschaftlich und abstoßend, denn wenn etwas im mehrstufigen Prozess des "Alignment" konstruiert wird, was es in Wirklichkeit nicht gibt, kann man das natürlich auch in keiner Datenbank finden, in der menschliche Gensequenzen veröffentlicht werden.
- Bei diesem Ihrem Argument, dass sich die Kontrollversuche dadurch ergeben, dass sich die virale Sequenz nicht in den humanen Gen-Datenbanken finden lässt, berufen Sie sich auf drittklassige Literatur in den sozialen Medien und haben dabei viererlei vergessen:
 - a. Im Alignment-Prozess hat bis heute niemand überprüft, ob die Gensequenzen, aus denen das SARS-CoV-2-Virus-Genom errechnet wurde, nicht aus Gensequenzen stammen, die dem Stoffwechsel von Mikroben entstammen, die den Menschen und Zellkulturen besiedeln.
 - b. Nur ca. 5 % der existierenden Mikroben sind genetisch erfasst, woraus sich die Pflicht zur sofortigen Durchführung von Kontrollversuchen ergibt, denn es ist offensichtlich, dass aus deren unbekanntem Sequenzen das Genom des Virus ganz oder teilweise im mehrstufigen "Alignment" errechnet wurde.
 - c. Es ist schon lange bekannt, dass die Enzyme, die Gensequenzen herstellen, nicht nur durch den bekannten Mechanismus des "Template-Switching" ständig neue Gensequenzen erzeugen, die in keiner Datenbank erfasst werden können und dass die Enzyme, die RNA-Gensequenzen herstellen, dies auch ohne Gen-Vorlagen tun. Das bedeutet, dass ständig neue Gensequenzen entstehen, die mit den bisherigen Methoden nicht erfasst wurden. Allein daraus ergibt sich die Pflicht zur sofortigen Durchführung von Kontrollversuchen, denn es ist offensichtlich, dass das Genom des SARS-CoV-2 ganz oder teilweise aus solchen unspezifischen Sequenzen rechnerisch konstruiert wurde.
 - d. Sie können sich bei dieser gegebenen Sachlage nicht darauf beziehen, dass der Existenz-Beweis für das Virus dadurch gegeben ist, indem sie aus der vorgegebenen Sequenz von Prof. Zhang das Genom des Virus synthetisch hergestellt haben und damit experimentieren. Das ist ein wissenschaftlich unzulässiger Zirkelschluss.
- Prof. Zhang erwähnt in dieser Publikation ausdrücklich, dass er die Regeln für die Beweisführung der Existenz eines Virus, die Koch'schen Postulate, nicht eingehalten hat. Auch nicht das erste Postulat, die Isolation des Virus.
- Prof. Zang erwähnt ausdrücklich, dass es nur eine Korrelation zwischen dem rechnerischen "Nachweis" dieses Virus und einer tatsächlichen Lungenentzündung gibt, aber keinen Beweis, dass seine "Entdeckung" ursächlich für diese Krankheit ist.

Zu Ihrer Information, falls Ihnen das entgangen sein sollte:

- Prof. Drosten hat nachweislich – noch bevor die Sequenz von Prof. Zhang vorlag – die Primer-Sequenzen für das "SARS-CoV-2"-Virus synthetisieren lassen und am gleichen Tag der Veröffentlichung der Daten, in der Nacht vom "10–11 January 2020" an diejenigen Stellen versenden lassen, wo Reise-Rückkehrer aus Wuhan mit seinem Test auf das "SARS-CoV-2"-Virus getestet wurden. Damit wurde scheinbar bewiesen, dass das vermutete Virus nun doch von Mensch zu Mensch übertragbar sei.
- Bis zum 20.1.2020 haben die Chinesischen Gesundheitsbehörden und die Regierung aufgezeigt, dass es offensichtlich keine Mensch-zu-Mensch-Übertragung gibt. Alle Angehörigen und das gesamte Krankenhauspersonal, welches mit denjenigen Menschen in Kontakt waren und sind, die an atypischer Lungenentzündung litten – was man aufgrund der Definition "atypisch" auf ein unbekanntes Virus zurückführte – blieben gesund. Deswegen konnte die Regierung ehrlicherweise von Lock-Down-Maßnahmen absehen.
- Am 20.1.2020 kam der berühmte, 84-jährige "SARS"-Arzt Dr. Zhong Nanshan in Wuhan an, wohin er aus Süchina, auf eigene Kosten und Veranlassung per Zug reiste. Er verbreitete in Wuhan die Nachricht des "positiven" Resultats der PCR-Testverfahren des Drosten-Tests, aufgrund der er glaubte behaupten zu dürfen und zu müssen, dass nun eine Mensch-zu-Mensch-Übertragung des vermuteten neuen Virus bewiesen sei.
- Zuerst geriet dabei die Öffentlichkeit in Wuhan in Panik, abends das gesamte China, als er in den Abend-Nachrichten aussagte, dass nun die Mensch-zu-Mensch-Übertragung bewiesen sei. Wie bekannt, geriet darüber wenig später die Weltöffentlichkeit in Panik.

Sie haben in dieser Angelegenheit als Mensch, besonders als Wissenschaftler und in Ihrer zentralen Funktion als Direktor des IVI die Verantwortung für das Schweizer Volk und für die Weltbevölkerung, die Pflicht und die Verantwortung, diese offen daliegenden Widersprüche und Widerlegungen SOFORT der Öffentlichkeit zu kommunizieren.

Damit hauptsächlich Kinder, alte Menschen, Kranke und die Wirtschaft durch die wissenschaftlich nicht begründbaren, sondern widerlegten Schlussfolgerungen und resultierenden Maßnahmen nicht im wahrsten Sinne des Wortes ersticken und zu Grunde gehen, bitte ich Sie, umgehend zu handeln.

Prof. **Tanner** hat Sie über mich beauftragt zu klären, ob ein Virus tatsächlich im Sinne des Wortes „Isolation“ isoliert worden ist.

Sie gestehen nun mit Ihrem zentralen und exklusiven Bezug auf die Publikation von Prof. Zhang ein, dass kein Virus isoliert worden ist, sondern offensichtlich und zweifelsfrei sehr kurze Gensequenzen aus Menschen, aus bekannten und unbekanntem Mikroben und wahrscheinlich auch aus biochemisch entstandenen Gensequenzen nur rechnerisch, also rein gedanklich zu einem Virus-Genom zusammengesetzt wurde, das es in Wirklichkeit nicht gibt.

Sie können sich dabei auch nicht in Zukunft darauf berufen – um sich weiterhin Ihrer zentralen und globalen Verantwortung zu entziehen –, dass die gedankliche Ausrichtung (= Alignment) der kurzen Gensequenzen zu einem "ganzen" Virus-Genom anhand einer Vorlage eines anderen Corona-Virus-Genoms geschah. Auch diese angebliche Virus-Sequenz-Vorlage wurde ebenso nur rechnerisch aus sehr kurzen Sequenzen erstellt, von denen sicher ist, dass sie nicht aus einem Virus isoliert worden sind, sondern aus kurzen Gensequenzen des Menschen, von Tieren, Mikroben und ggf. biochemisch synthetisierten Gensequenzen stammen.

Prof. **Tanner** hat Sie über mich beauftragt und wacht darüber, die Kontrollversuche durchzuführen, die Voraussetzung sind, eine Virus-Behauptung als wissenschaftlich behaupten zu dürfen.

Ihr Argument, dass diese Kontrollversuche sich indirekt daraus ergeben, dass Dritte und nicht Sie auf Twitter behaupten, dass sich das errechnete Virus-Genom nicht in menschlichen Gen-Datenbanken finden lässt, ist dadurch widerlegt, dass sich etwas (mühsam) Errechnetes logischer Weise weder in einer Datenbank, noch in der Natur, noch in einem Labor nachweisen lässt.

Ich bitte Sie daher nochmals, mit mir zusammen diejenigen Kontrollversuche durchzuführen und zu dokumentieren, die beweisen oder widerlegen, ob die sehr kurzen Gensequenzen, die im "Alignment" rechnerisch, also gedanklich, via verschiedener Auswerteprogramme zu einem langen Genom angeordnet wurden, nicht aus dem Menschen selbst kommen, aus den zahlreichen Mikroben und Phagen, die den Menschen, vor allem bei Krankheit und Lungenentzündung besiedeln. Oder ob diese zum Teil aus rein biochemisch entstanden Gensequenzen stammen oder zum Teil durch diejenigen Programme des Alignments erfunden wurden, mit denen diese Programme die Lücken (gaps) des Genoms füllen, die sich mit den vorhandenen kurzen Gensequenzen nicht haben schließen lassen. Im Methoden-Teil von Prof. Zhang sind diese Programme erwähnt, aber eben nicht, welche und wie viele Anteile des ganzen "Virus-Genoms" durch diese Gap-filling-Programme "aufgefüllt" wurden.

Wir bieten nochmals an, diese Kontrollversuche finanzieren und es gibt nur wissenschaftliche und menschliche Gründe, dass Sie der Aufforderung von Prof. **Tanner**, diese Kontrollversuche vorzulegen und zu dokumentieren, nachkommen und keinen Grund, diese nicht zu tun oder weiterhin zu verzögern.

Die durch die Corona-Krise entstandenen Not ist groß und kennt kein Gebot, z. B. Ihren Berufsstand und dessen Ansehen zu schützen. Diese Not wird täglich größer und die Möglichkeit steht im Raum, dass unsere Gesellschaft in der kollektiven Hysterie, die keine wissenschaftliche Berechtigung hat, sich immer schwerwiegender selbst schädigt. Ich habe auch andere Virologen angefragt, mit mir die Kontrollversuche durchzuführen. Alle sind bisher eine Antwort schuldig geblieben.

Sie haben die besondere Möglichkeit, hier für Klärung zu sorgen, da Prof. **Tanner** zur Klärung dieser zentralen Frage auf Sie verwiesen hat. Bitte entscheiden Sie sich und handeln Sie sofort, und lassen Sie mit Ihrer Antwort nicht wieder über zwei Wochen verstreichen.

Mit freundlichen Grüßen,
With best regards,

-> **TEIL 2**

--> **Alle Quellen** <--

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

Quelle: <https://telegra.ph/Schriftlich-Bestätigt-Niemand-kennt-eine-Publikation-in-der-SARS-CoV-2-bewiesen-wurde-01-17>
20220131 DT (<https://stopreset.ch>)