

Machtwerk - Einstieg in die Widerlegung der Virusbehauptung

[Corona_Fakten](#) February 08, 2021

In unserem neuen Format "Analyse der SARS-CoV-2 Publikationen" analysieren und erklären wir im Detail die Publikationen, in denen die Behauptung aufgestellt wurde, dass der Nachweis eines krankmachenden Virus gelungen sei.

Da uns von Corona_Fakten immer wieder Anfragen zu bestimmten Publikationen erreichten, „weil *diese oder jene* jetzt den Nachweis erbracht zu haben vorgaben“, entschieden wir uns, genau dieses neue Format auf den Weg zu bringen. Wir werden alle entsprechenden Publikationen für Euch auseinandernehmen und beweisen, warum **kein** neues Virus nachgewiesen wurde. So bekommt Ihr die Möglichkeit an die Hand, noch besser argumentieren zu können und lernt dabei gleichzeitig, Publikationen zu entlarven, die zu diesem Nachweis nicht taugen.

Damit Euch beim Lesen unserer Erklärungen zu der jeweiligen Publikation der Zugang zum Erklärten besser gelingt, haben wir diesen Einstiegsartikel erstellt, der Euch die wichtigsten Grundlagen vermittelt. Wir haben versucht, diesen Artikel so kurz wie möglich zu gestalten, aber dennoch die Kernelemente zu erläutern.

Durch die 7 Kernpunkte, welche Virologen für den Nachweis eines Virus verwenden, haben sie genau genommen das Gegenteil dessen erreicht, was in ihrer Absicht lag – auf wissenschaftlicher Basis widerlegten sie geradezu die Virusexistenzbehauptungen.

In diesem Artikel werden die folgenden Kernelemente im Detail beschrieben:

1. **Wie sind ein Virus und ein Corona-Virus definiert?**
2. **Was bedeutet wissenschaftliches Arbeiten und was sind die wissenschaftlich festgeschriebenen Regeln?**
3. **Was sind wissenschaftliche Kontrollexperimente und wie müssten diese aussehen?**
4. **Der sogenannte cytopathische Effekt (CPE), welcher im Labor hervorgerufen werden soll, dient als erster indirekter Nachweis.**
5. **Das Sequenz-Alignment dient als zweiter indirekter Nachweis.**

6. **Information zu den Fotos der als isoliert behaupteten Viren.**
7. **Der PCR Test – was weist er nach und welche Aussagekraft besitzt er? [38]**



Wie sind ein Virus und ein Corona-Virus definiert?

- *Wie sind ein Virus und ein Corona-Virus definiert?*
- *Wie sind in diesem Zusammenhang Sequenzen definiert?*
- *Wie funktionieren die Nachweisverfahren von Sequenzen, die als PCR, als RT-PCR und als real-time RT-PCR bezeichnet werden?*
- *Wann darf der Nachweis der Anwesenheit von Sequenzen in Menschen als Beweis für die Anwesenheit eines Virus ausgegeben werden?*
- *Wie wird die Existenz eines Virus wissenschaftlich nachgewiesen?*

Begriffe:

- Ein Virus ist in der Wissenschaft definiert über seine spezifische, nur diesem Virus zugehörige Erbsubstanz.
- Die Erbsubstanz eines Virus wird auch als viraler Erbgutstrang, als virales genetisches Molekül oder als sein Genom bezeichnet.
- Die virale Erbsubstanz eines Virus beinhaltet nacheinander die verschiedenen genetischen Sequenzen für die Bildung der verschiedenen viralen Eiweiße, die als virale Gene bezeichnet werden.
- Die Erbsubstanz eines Virus kann aus einer der beiden genetischen Molekülarten – DNA oder RNA – bestehen.
- Corona-Viren sind dadurch definiert, dass sie aus einem bestimmten Molekül RNA bestehen, welches von einer Hülle umgeben ist.
- Die Erbsubstanz eines bestimmten Virus ist definiert durch seine genau bestimmte Länge und die exakte Bestimmung des Aufbaus des viralen Erbgutstranges.
- Die Zusammensetzung des Erbguts eines Virus ergibt sich durch die genaue Bestimmung der Anzahl und der spezifischen Abfolge der vier Bausteine, aus der eine Erbsubstanz besteht. Die vier Bausteine einer Erbsubstanz werden als Nukleotide bezeichnet.
- Der Vorgang der Bestimmung der spezifischen Abfolge der vier Bausteine einer Erbsubstanz wird als Sequenzierung bezeichnet.
- Das Resultat der Bestimmung der Abfolge der Bausteine einer Erbsubstanz wird als Sequenz oder als genetische Sequenz bezeichnet.
- Krankmachende Viren sind dadurch definiert, dass ihre Sequenz einmalig ist und in gesunden Organismen nicht vorkommt.
- Um die Anwesenheit der Erbsubstanz eines Virus nachweisen und bestimmen zu können, muss entsprechend den Denkgesetzen und der Logik, die jeder Wissenschaft als Fundamental-Regel vorausgeht, dieses Virus isoliert werden und in Reinform vorliegen, damit nicht zelleigene

Gensequenzen als Bestandteile eines Virus fehlgedeutet werden.

- Die Bestimmung der Sequenz einer genetischen Substanz ist nur möglich, wenn diese in Form einer DNA vorliegt.
- Um die Sequenz einer genetischen Substanz bestimmen zu können, die in Form einer RNA vorliegt, muss diese zuvor biochemisch in DNA umgewandelt werden.
- Den Vorgang der Umwandlung einer genetischen Substanz aus RNA in DNA wird als „Reverse Transkription“ bezeichnet und mit „RT“ abgekürzt.
- Die Anwesenheit und Länge einer Erbsubstanz wird dadurch bestimmt, indem diese in einem elektrischen Feld der Länge nach aufgetrennt wird. Kurze Stückchen wandern schneller, längere langsamer. Gleichzeitig werden, um die Länge der zu untersuchenden Erbsubstanz bestimmen zu können, verschieden lange Stückchen an Erbsubstanz mit bekannter Länge hinzugegeben. Diese zuverlässige Standardtechnik zum Nachweis und der Bestimmung der Länge an Erbsubstanz wird als „Gelelektrophorese“ bezeichnet.
- Ist die Konzentration einer bestimmten Erbsubstanz zu gering, so dass sie mit der Technik der „Gelelektrophorese“ nicht nachweisbar ist, kann diese durch die Technik der unbegrenzten Vermehrung von DNA, genannt Polymerase-Ketten-Reaktion (engl. polymerase chain reaction PCR), beliebig vermehrt werden. So kann nicht nachweisbare DNA in der Gelelektrophorese sichtbar gemacht werden. Das ist eine Voraussetzung, um genetische Substanz für weitere Untersuchungen, vor allem für die nachfolgende, entscheidende Bestimmung ihrer Länge und ihrer Sequenz zugänglich zu machen. Diese Methode wird abgekürzt auch als PCR bezeichnet.

Der Erfinder der PCR-Technik, Kary Mullis, der 1993 hierfür den Nobelpreis für Chemie erhalten hat, hat früh darauf hingewiesen, dass diese, für Reinraumanalytik in Computerchipfabriken entwickelte Methode sehr fehleranfällig ist. [1] Er hat in seiner Nobelpreisrede, die auf der Seite des Nobelpreiskomitees dokumentiert ist, ebenso darauf hingewiesen, dass es keinen überprüfaren, tatsächlich wissenschaftlichen Beweis dafür gibt, [2] dass die genetische Substanz, die als Genom des HIV bezeichnet wird, tatsächlich eine Immunschwäche oder eine der verschiedenen Krankheiten auslöst, die unzulässig unter dem Begriff „AIDS“ zusammen gefasst und mit

hochtoxischer Chemotherapie behandelt werden. Er wies darauf hin, dass es nur einen Konsens beteiligter Wissenschaftler gibt, dass „HIV“ eine Immunschwäche auslösen würde. [3]

- Um eine DNA mit der PCR-Technik vermehren zu können, bedarf es der Kenntnis der Zusammensetzung, der Sequenz der DNA. Eine DNA kann nämlich nur dann mit der PCR vermehrt werden, wenn sich an den Anfang und das Ende der DNA kurze, künstlich hergestellte Genstücke binden, die exakt der Sequenz des Beginns und des Endes der zu vermehrenden DNA entsprechen. Diese kurzen Stückchen künstlich hergestellter DNA werden deswegen als Startermoleküle der PCR, als Primer bezeichnet. Sie sind im Schnitt zwischen 24 bis 30 Nukleotiden (*den Bausteinen der genetischen Substanz*) lang.
- Mit der PCR können also keine unbekannt Sequenzen und keine unbekannt Viren nachgewiesen werden. Erst die Bestimmung der Sequenz eines Virus ermöglicht es, einen PCR-Test für den Nachweis einer Gensequenz zu entwickeln, die aus einem Virus stammt.

Was bedeutet wissenschaftliches Arbeiten und was sind die wissenschaftlich festgeschriebenen Regeln?

Im Jahre 1998 [4] 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.

Wissenschaftliche Regeln und Vorgaben

Übereinstimmend wird im Regelwerk festgestellt, dass wissenschaftliche Arbeit auf Grundprinzipien beruht, die in allen Ländern und in allen wissenschaftlichen Disziplinen gleich sind. Gute wissenschaftliche Praxis setzt voraus (dabei ist die Aufzählung nicht vollständig):

A.) „lege artis“ zu arbeiten. Die Untersuchungen sind auf dem neuesten Stand der Forschung durchzuführen, was Kenntnis und Verwertung des aktuellen Schrifttums, die Anwendung angemessener Methoden und neuester Erkenntnisse erfordert.

B.) Redlichkeit. Aufgabe des Wissenschaftlers ist es, Ergebnisse konsequent zu kontrollieren und anzuzweifeln, wobei auch Befunde anderer darzustellen sind, die Ergebnisse und Hypothesen in Frage stellen. **Kontrollversuche mit ebenso vollständiger Offenlegung des Versuchsaufbaus sind zentraler Bestandteil, um angewandte Methoden zu verifizieren und Störfaktoren auszuschließen.**

C.) Qualitätssicherung als wichtiges Merkmal wissenschaftlicher Redlichkeit. Bei der Veröffentlichung von Ergebnissen sind Methoden, Arbeitsschritte und Ergebnisse exakt zu beschreiben, wobei Wiedergabe der Erkenntnisse und Interpretation klar zu unterscheiden sind. Dabei müssen Befunde, die die eigenen Hypothesen verwerfen und Befunde und Ideen anderer Wissenschaftler mitgeteilt werden, sowie relevante Publikationen anderer Autoren und Konkurrenten angemessen zitiert werden.

Wissenschaftliches Fehlverhalten ergibt sich aus Verletzung **dieser drei und weiteren Kriterien**, sowie Falschangaben durch Unterdrückung relevanter Belege, Quellen und Texte über unerwünschte Ergebnisse, ohne dass dies offengelegt wird. Mitverantwortung für wissenschaftliches Fehlverhalten ergibt sich **aus Mitwissen um Fälschungen anderer, Beteiligung am Fehlverhalten anderer, Mitautorschaft an fälschungsbehafteten Veröffentlichungen, grober Vernachlässigung der Aufsichtspflichten und anderem, wobei rechtliche Konsequenzen, besonders bei Straftaten gegen das Leben und Körperverletzungen, zu ziehen sind.** Die DFG führt erklärend und warnend in „Vorschläge zur Sicherung guter wissenschaftlicher Praxis“ weiter aus

... unter 2.1 Normen der Wissenschaft:

„Forschung als Tätigkeit ist Suche nach neuen Erkenntnissen. Diese entstehen aus einer stets durch Irrtum und Selbsttäuschung gefährdeten Verbindung von Systematik und Eingebung.“

„Ehrlichkeit gegenüber sich selbst und gegenüber anderen ist eine Grundbedingung dafür, dass neue Erkenntnisse – als vorläufig gesicherte Ausgangsbasis für weitere Fragen (46) – überhaupt zustande kommen können. „Ein Naturwissenschaftler wird durch

*seine Arbeit dazu erzogen, an allem, was er tut und herausbringt, zu zweifeln, ... besonders an dem, was seinem Herzen nahe liegt‘ (47).“
„Unredlichkeit – anders als gutgläubiger Irrtum, der nach manchen wissenschaftstheoretischen Positionen essenziell für den Fortschritt der Erkenntnis ist, jedenfalls aber zu den ‚Grundrechten‘ des Wissenschaftlers gehört (48) – stellt also die Forschung nicht nur in Frage, sondern zerstört sie.“ „Wissenschaftlich ... überholt zu werden, ist ... nicht nur unser aller Schicksal, sondern unser aller Zweck. Wir können nicht arbeiten, ohne zu hoffen, dass andere weiter kommen werden als wir.“ Max Webers Ausspruch (49) gilt für Zeitgenossen nicht weniger als für Vor- und Nachfahren. So ist Ehrlichkeit nicht nur selbstverständliche Grundregel professioneller wissenschaftlicher Arbeit, ... ; sie ist das Fundament der Wissenschaft als eines sozialen Systems.“*

Wurden diese verbindlichen wissenschaftlichen und festgeschriebenen Regeln der Deutschen Forschungsgemeinschaft eingehalten?

Nein, das wurden sie nicht.

Missachtet wurde:

- **die Redlichkeit,**
- **Qualitätssicherung als wichtiges Merkmal wissenschaftlicher Redlichkeit.**

Kontrollexperimente/Qualitätskontrolle

- **Erstes Kontrollexperiment**
Hat irgendjemand der Wissenschaftler die in der Wissenschaft zwingend vorgeschriebenen Kontrollexperimente durchgeführt, die beweisen, ob die von ihm verwendeten Sequenzen tatsächlich aus einem Virus stammen? Hat irgendjemand der Wissenschaftler die Kontrollexperimente durchgeführt, ob die von ihm verwendeten Sequenzen, die er dem neuen Virus zuschreibt, in Wirklichkeit nicht Sequenzen sind, die in jedem Stoffwechsel entstehen, vielleicht sogar in Pflanzen[35], oder die im Stoffwechsel bei Erkrankungen vermehrt entstehen?
Konkret ausgedrückt:
hat auch nur einer der Autoren der Studien **Kontrollexperimente** durchgeführt, um auszuschließen,

- dass auch mit menschlicher/mikrobieller RNA aus einer

*Lungenspülung eines **gesunden** Menschen,*

*- eines Menschen mit einer **anderen**
Lungenerkrankung,*

*- eines Menschen, der SARS-CoV-2-**negativ getestet**
wurde,*

*- oder aus solcher RNA aus **Rückstellproben** aus der Zeit,
als das SARS-CoV-2-Virus noch unbekannt war,*

genau die gleiche Aufaddierung eines Virus-Genoms aus kurzen RNA-Bruchstücken möglich ist! (wir kommen später auf die Methode "Alignment" der Aufaddierung von Gensequenzen)

Die Antwort ist: NEIN!

Nachweislich haben bis zum heutigen Tage weder die Virologen des Chinese Center of Disease Control (CCDC), noch andere diese notwendigen Kontrollversuche unternommen, und falls doch, deren Veröffentlichung unterlassen. Für diese entscheidenden Kontrollexperimente unterzieht man kurze Gensequenzen des Stoffwechsels gesunder Personen der identischen Prozedur, wie das bei „viralem Material“ geschieht, um computergestützt einen langen Erbgutstrang zu konstruieren.

Es wird dieser aus den Denkgesetzen und der Logik der Virologie resultierende, zwingende Kontrollversuch – um die eigenen Ergebnisse konsequent zu kontrollieren – **nicht einmal erwähnt**. In dem Augenblick, in dem dieser Versuch durchgeführt und publiziert wird, **darf man die Corona-Krise augenblicklich als beendet betrachten**.

- **Zweites Kontrollexperiment**

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

Diese weiteren Kontrollexperimente, die logisch zwingend notwendig sind, um ein Testverfahren zu validieren, d. h. zu kontrollieren, ob es gültig ist und über eine Aussagekraft verfügt, wurden bis heute nicht realisiert, ja es wurde nicht einmal behauptet, dass sie durchgeführt wurden.

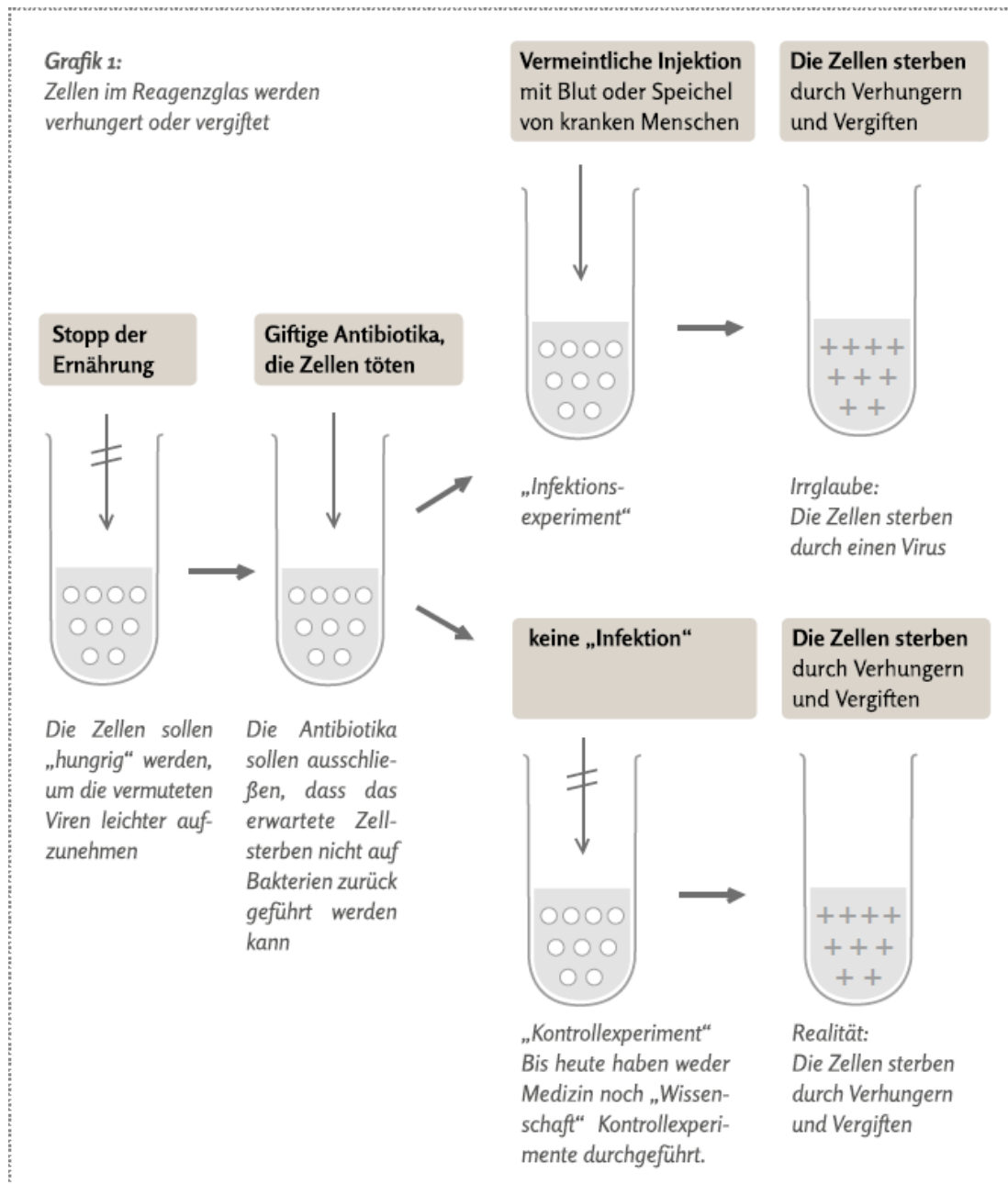
Deswegen haben sich die Erfinder und Produzenten dieser Testverfahren durch entsprechende Hinweise auf den Beipackzetteln abgesichert [5] [6], z. B. dass der Test nur für Studienzwecke zu verwenden und für diagnostische Zwecke nicht geeignet ist.

- **Drittes Kontrollexperiment**

Ein weiterer Kontrollversuch, welcher – absichtlich? – nie sorgfältig durchgeführt wurde, ist derjenige, welcher *in vitro* (*im Labor*) bei Zellkulturen stattfände.

Keine der Studien führt eine wirklich solide Negativ-Kontrolle durch, mit der sichergestellt ist, dass nicht schon im Ausgangsmaterial, den Affennierenzellen und den verwendeten Chemikalien und Nährlösungen, das "potenziell infektiöse Agens" oder diejenigen kurzen Gensequenzen enthalten sind, aus denen später der Erbgutstrang der behaupteten Viren konstruiert, bzw. deren Kultivierung behauptet wird. Sowohl die eingebrachten Agenzien selbst, oder diese in Interaktion mit dem Zellmaterial, oder dieses allein, oder alles zusammen mit dem Isolat aus dem erkrankten Gewebe, könnten für die beobachteten Veränderungen, die als viral gedeutet werden – und für die Freisetzung kurzer Gensequenzen – verantwortlich sein, aus denen später das Virus-Genom rechnerisch entsteht.

Zur Verdeutlichung ein Bild, welches das Kontrollexperiment erklärt:



Probenmaterial wird nun auf eine Zellkultur (z. B. Vero E6 Zellen / Affennierenzellen) gegeben. Allerdings wird die Zellkultur, die ja mit dem angeblich infizierten Material aus der Probe kontaminiert werden soll, vorher auf spezielle Weise vorbereitet. Diese Zellkultur (z. B. Vero E6) wird durch bestimmte Chemikalien und Antibiotika quasi vergiftet, gleichzeitig entzieht man ihr die Nährlösung, sie "verhungert" förmlich. Das "Vergiften" wird aus dem Glauben heraus durchgeführt, dass man sichergehen möchte, dass keine anderweitigen Ursachen für einen erwünschten Effekt als verantwortlich zu zeichnen sind. Die Nährlösung wird den Zellen deswegen entzogen, weil man damit diese hungrig machen möchte, so dass sie die angeblichen "Viren" besser aufnehmen. Leider sind genau diese beiden Vorkehrungen – Vergiften und Verhungern – ursächlich dafür anzusehen, dass ein Effekt eintritt, der auch mit einem indirekten

Nachweis für das Isolieren, Kultivieren und die Zerstörungskraft eines krankmachenden Virus gleichgesetzt wird. Ein fataler IRRTUM!

Kontrollexperimente mit allen Kombinationen des Versuchsaufbaus und Protokollierung, ob dieser Effekt auch dann eintritt, wenn man ein nicht infiziertes Material auf die zu infizierende Zellkultur (z. B. Vero E6) draufgibt, oder die Zellkultur genauso vorbehandelt, als würde man sie "infizieren", werden nicht durchgeführt. Einige Ausnahmen, die genau diese Kontrollen durchführten und damit wissenschaftlich arbeiteten und für alle offenlegten, dass genau dieser Effekt nicht virenspezifisch ist, werden ignoriert (*weiter unten im Artikel*)

Hinweis:

In einigen Studien werden Kontrollgruppen vorgegaukelt, diese werden oft als "**mock-infected cells**" (*lässt sich in etwa mit: "scheininfizierte Zellen" übersetzen*) dargestellt.

Diese "**mock-infected cells**" sollen auf eine anscheinend durchgeführte Negativkontrolle hinweisen.

Das, was in einigen Arbeiten als "**control samples**" und "**negative controls**" beschreiben, ist völlig nutzlos und dient nicht der Überprüfung der angewandten Methoden. "**Mock-infected**" kann zweierlei Dinge bedeuten, und sofern nicht genau dokumentiert wurde, was die Wissenschaftler damit meinen, sind auch die erwähnten "**mock-infected cells**" bedeutungslos. Für gewöhnlich bedeutet "**mock-infected**" lediglich, dass man mit der entsprechenden Zellkultur gar nichts gemacht hat. Und das stellt keine Kontrolle dar.

In deutschen Lehrbüchern für Mikrobiologie werden solche "**mock-infected cells**" sogar oftmals als "nicht infizierte Zellen" bezeichnet.

Erinnern Sie sich bitte an die Regeln der DFG, welche wir Ihnen weiter oben zitiert haben.

Dort heißt es unter Punkt B:

"Kontrollversuche mit ebenso vollständiger Offenlegung des Versuchsaufbaus sind zentraler Bestandteil, um angewandte Methoden zu verifizieren und Störfaktoren auszuschließen."

Finden Sie in der Publikation im Method-, oder Supplements-Bereich keine klar definierten Vorgaben, welche nachvollziehbar sind, ist dieses Vorgehen höchst unwissenschaftlich.

In der Tat hat die Virologie nicht mehr zu bieten als indirekte Beweise, die sie nur deswegen als viral, also „krankmachend“ interpretieren, **weil die Beteiligten unter einem Zwangsdanken leiden, dass es Viren geben muss, weil die "herrschende Meinung in der Biologie/Medizin" keine realen Erklärungen für die Phänomene anbieten kann, die den Viren zugesprochen werden. Sie bemerken ihr extrem unwissenschaftliches Handeln und die damit einhergehende Selbst- und Fremdtäuschung nicht.**

Liegen die notwendigen Kontrollexperimente nicht vor, kann und darf die Publikation nicht als wissenschaftlich bezeichnet werden. Genau dieses Fehlverhalten führte zu bzw. verstärkte die Fehlentwicklung innerhalb der Virologie. Man fehldeutete unter anderem Prozesse beim Absterben von Gewebe und Zellen im Reagenz als Anwesenheit von Viren und bemerkte diesen Irrtum nicht. Hätten die Verantwortlichen die notwendigen Kontrollexperimente durchgeführt, wäre ihnen dieses sofort aufgefallen. Eine gute Analyse dieser Problematik finden Sie hier:

Prof. Harald Walach - Was ist eine „wissenschaftliche Tatsache“? Ein kleines Fallbeispiel: Der „Masernprozess“ [7]

Der sogenannte cytopathische Effekt (CPE), welcher im Labor hervorgerufen werden soll, dient als erster indirekter Nachweis. Was ist dieser Effekt, der von Virologen mit einem Nachweis eines krankmachenden Virus gleichgesetzt wird?

Was ist ein cytopathischer Effekt und wie erkennt man diesen?

Virologen töten im Labor unbemerkt Gewebe

Die Virologen benutzen das Wort „Isolation“ nicht im eigentlichen Sinne des Wortes Isolation und werden verdächtig nervös, wenn sie darauf angesprochen werden. Sie verstehen unter „Isolation“ die Erzeugung eines Effektes im Labor, den sogenannten cytopathischen Effekt, den sie gleichzeitig als

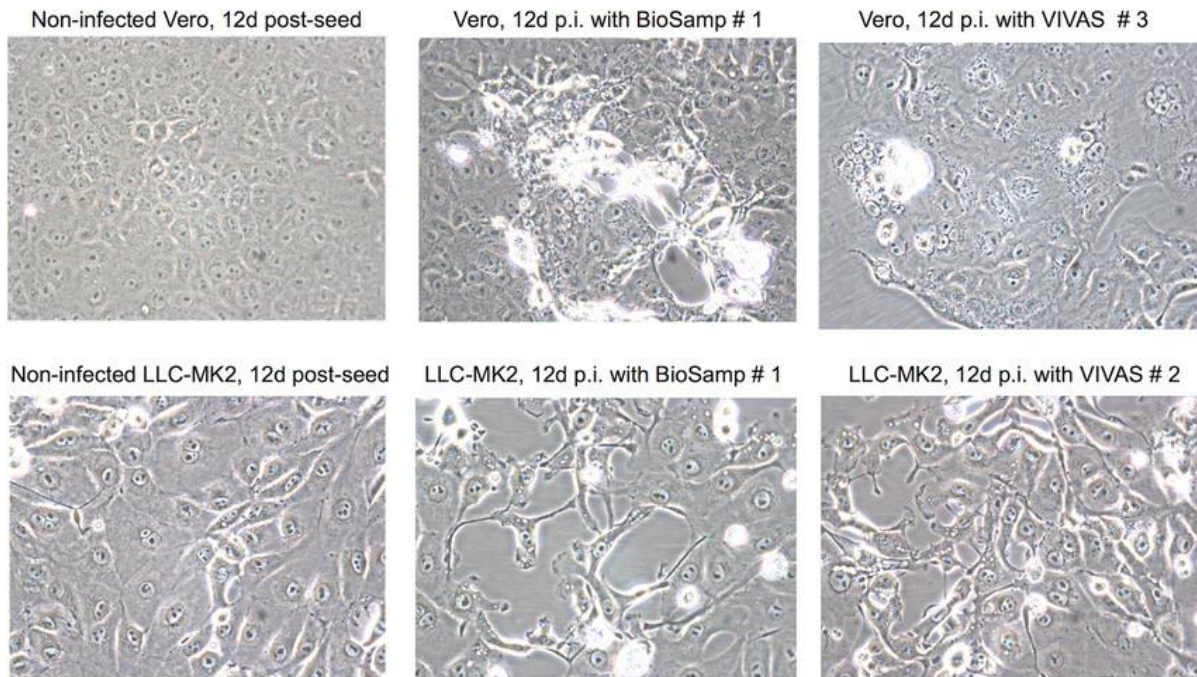
a) Infektion

b) Beweis für die Anwesenheit eines Virus

c) Beweis für dessen Vermehrung

d) Beweis für die Zerstörungskraft des angenommenen Virus deuten.

In Wirklichkeit töten sie unbemerkt und unbewusst Gewebe und Zellen im Labor - durch Verhungern und Vergiften. Durch diesen Umstand entsteht dabei eine **morphologische Veränderungen** der vermeintlich "infizierten" Zellen.



Gemischte zytopathische Effekte in Vero E6- und LLC-MK2-Zellen [8]

Die angebliche Kultivierung des Virus

Dieses Zusammenfließen (*siehe Bild oben*) wird als Riesen-Zellbildung und als „cytopathischer Effekt“ bezeichnet. Dieses Resultat vieler gewaltsamer und irrsinniger Schritte (*in vitro*) wird als zentraler Beweis für die „Anwesenheit, Isolation, Vermehrung etc.“ des vermuteten Virus gedeutet. Die Beteiligten behaupten dann, dass ihnen die Kultivierung des Virus gelungen sei.

Wie kam es zu der Methode (CPE), die jeder Virologe im Labor anwendet, um zu behaupten, er habe ein Virus gefunden

Die Fehldeutung, mit welcher man glaubte, ein Virus nachgewiesen zu haben (*den sogenannten cytopathischen Effekt*), manifestierte sich am

10.12.1954, als John Franklin Enders den Nobelpreis für eine lange zurückliegende Fehldeutung rund um das vermutete Polio-Virus verliehen bekam. Mit dem Nobelpreis vom **10.12.1954** wurde aber aus **seiner als solche bezeichnete Spekulation** (*der cytopathische Effekt sei virenspezifisch*) rund um das vermutete **Masern-Virus**, publiziert am **1.6.1954**, über Nacht eine wissenschaftliche Tatsache, die bis heute **nicht angezweifelt** wurde. Dabei ist **der Zweifel** das wichtigste wissenschaftliche Gebot und Regel, um Fehldeutungen zu vermeiden und bestehende Fehldeutungen zu erkennen und zu beheben.

Am **1.6.1954** veröffentlichten Enders und seine Kollegen Beobachtungen, wonach das Sterben von Geweben im Reagenzglas als Folge dem Wirken von vermuteten Viren angesehen werden könnte, **widerlegt diese Vermutung aber gleichzeitig**, da er berichtet, **dass das gleiche Sterben von Geweben im Reagenzglas auch ohne Zugabe von vermeintlich infiziertem Material geschieht**. Er warnt ausdrücklich, dass die Vermutung, dass durch diesen Effekt die Anwesenheit eines Virus bewiesen werden könnte, in Zukunft erforscht und untersucht werden müsse. Durch den Nobelpreis vom **10.12.1954** an ihn, für eine andere Sache, wurde die Mahnung und Aufforderung, diese Technik zu überprüfen und eben nicht mit der Anwesenheit eines Virus gleichzusetzen, **bis heute nicht getätigt, bzw. die Kontrollen, die es bis heute gegeben hat, nicht einbezogen**.

Wichtige Anmerkungen zu der wissenschaftlichen Publikation von John Franklin Enders und sein Mitarbeiter Thomas Chalmers Peebles

Der Nobelpreisträger John Franklin Enders und sein Mitarbeiter Thomas Chalmers Peebles veröffentlichten im Juni 1954 in der Zeitschrift „Proceedings of the Society of Experimental Biology and Medicine“ Nr. 86(2), Seite 277–286, einen Bericht über ihre Arbeit mit dem vermeintlichen Masern-Virus mit dem Titel „Vermehrung eines zytopathischen Agens aus Masern-Patienten in Gewebeskulturen“ („Propagation in tissue cultures of cytopathogenic agents from patients with measles“). [9] Wie auf **Seite 278** dieser Publikation unten links beschrieben ist, benutzen die Autoren unter anderem das **Antibiotikum Streptomycin, um die Rachenabstriche von Masern-Patienten zu „sterilisieren“**, bevor die Zellen im Reagenzglas mit den darin vermuteten, vermeintlichen Masern-Viren „infiziert“ werden.

moistened in milk. After swabbing the throat the swab was immersed in 2 ml of milk. Penicillin, 100 u/ml, and streptomycin, 50 mg/ml, were added to all throat specimens which were then centrifuged at 5450 rpm for about one hour. Supernatant fluid and sediment resuspended in a small volume of milk were used as separate inocula in different experiments in amounts varying from 0.5 ml to 3.0 ml. About 10 ml of blood immediately after withdrawal were placed in tubes containing 2 ml of 0.05% solution of heparin. As inocula for tissue cultures amounts varying from 0.5 ml to 2.0 ml

Seite 278

Obwohl die Autoren dieser Studie mehrfach darauf hinwiesen (***auf Seite 283, linke Spalte in der Mitte und auf Seite 285, rechte Spalte gleich dreimal***),

may, therefore, be applied to the study of these agents in the same manner as cultures of human kidney. In so doing, however, it must be borne in mind that cytopathic effects which superficially resemble those resulting from infection by the measles agents may possibly be induced by other viral agents present in the monkey kidney tissue (*cf. last paragraph under G*) or by unknown factors. In a few cultures of human prepuccial tissue inoculated with one of the measles agents

Seite 283

A second agent was obtained from an uninoculated culture of monkey kidney cells. The cytopathic changes it induced in the unstained preparations could not be distinguished with confidence from the viruses isolated from measles. But, when the cells from infected cultures were fixed and stained, their effect could be easily distinguished since the internuclear changes typical of the measles agents were not observed. Moreover, as we have already indicated, fluids from cultures infected with the agent failed to fix complement in the presence of convalescent measles serum. Obviously the possibility of encountering such agents in studies with measles should be constantly kept in mind.

Discussion. Of the numerous experiments that have been reported in the past describing the successful isolation of the etiologic agent of measles only those in which monkeys were employed as the experimental animal have been consistently confirmed by other workers. Great caution should therefore be exercised in the interpretation of any new claims that the virus has been propagated in other hosts or systems. Accordingly, the results that are summarized here must be subjected to the most critical analysis.

Seite 285

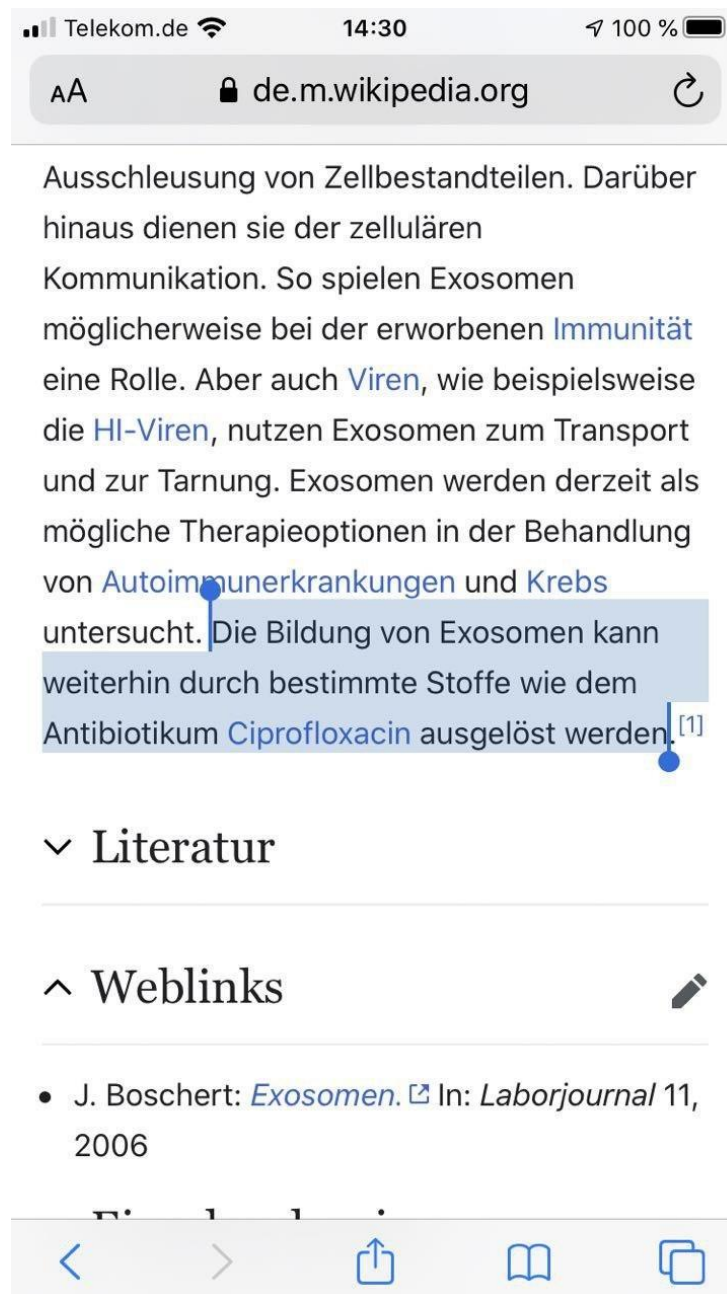
dass das Sterben der Zellen auch durch unbekannte Faktoren und unbekannte Viren verursacht wird, behaupteten die Autoren zwei Jahre später, dass ihre Arbeit aus dem Jahr 1954 grundlegend für die Herstellung aller zukünftiger Masern-Impfstoffe sei. Trotz dieser Schwächen und Widerlegungen wird diese Studie von allen Masern-Virus-Anhängern als **die** fundamentale Studie bezeichnet, mit der die Isolation und Vermehrung des Masern-Virus gelungen sei. Die Lektüre dieser Publikation lohnt sich auch noch aus einem anderen Grund: Die Autoren geben auf **Seite 286 zu, dass es keinen Grund zur Annahme gibt, dass ihre Beobachtungen im Reagenzglas irgendetwas mit den Veränderungen im Menschen zu tun haben, die als Masern definiert sind.** Dabei ist es bis heute geblieben.

measles. While there is no ground for concluding that the factors *in vivo* are the same as those which underlie the formation of giant cells and the nuclear disturbances *in vitro*, the appearance of these phenomena in cultured cells is consistent with the properties that *a priori* might be associated with the virus of measles.

286

Heute ist bekannt, dass Streptomycin Zellen schädigt und tötet [10] [11] [12], indem es die lebensnotwendigen Bakterien innerhalb der Zellen abtötet – die Mitochondrien, die u. a. den Sauerstoff verstoffwechseln.

Ein weiterer Aspekt, den wir benennen möchten, ist, dass in der Wissenschaft die Erkenntnis existiert, dass die Zugabe von Antibiotika Exosome (*RNA-Sequenzen*) entstehen lässt, welche vorher nicht vorhanden waren. (Wikipedia 26.10.2020) [13].



Sie finden die Studie dazu im Nature [14].

Übrigens:

Exosomen können laut Aussagen von Wissenschaftlern **nicht** von behaupteten **Viren unterschieden werden**. [15]

Was wir also wissen ist, dass genau dieser Effekt – der sogenannte cytopathische Effekt – durch diverse andere Ursachen hervorgerufen werden kann, die in keinem Zusammenhang mit einem vermuteten Virus stehen.

In dem einmaligen und einzigartigen Gerichtsprozess, bekannt als "Masern-Prozess" [16] [17][18], wurde eine der wichtigsten Tatsachen durch den Gutachter und das Gericht unterdrückt: Es ist die in dieser Publikation dokumentierte Tatsache, **dass regelmäßig Zellen im Reagenzglas auf exakt die gleiche Art und Weise sterben, auch wenn gar nichts mit ihnen getan wird.** Dies widerlegt die Behauptung, dass die Art und Weise des Sterbens der Zellen im Reagenzglas, was als spezifischer „cytopathischer Effekt“ (zellzerstörender Effekt) des angeblichen Masern-Virus ausgegeben wird, in Wirklichkeit **ein ganz normales Sterben von Zellen im Reagenzglas unter diesen Bedingungen ist.**

Diese Fehldeutung wurde also von Prof. John Franklin Enders in seiner eigenen Arbeit erkannt und es wurde aktiv darauf aufmerksam gemacht. Dennoch wurde genau diese Methode eines Nachweises zur Grundlage aller bis heute.

Vier Jahre später wurden die Spekulationen von Prof. John Franklin Enders bestätigt

In der Publikation von Bech, V. & von Magnus, P. (1958) Studies on measles virus in monkey kidney tissue cultures. [19] Acta Pathologica Microbiologica Scandinavica 42(1):75-85 wird beschrieben, **dass der cytopatische Effekt nicht masernspezifisch ist**, sondern durch andere Faktoren hervorgerufen wird.

So heißt es in der Publikation auf S.80:

„cytopathic changes similar to those caused by measles virus may be observed also in uninoculated cultures of monkey kidney tissue (Fig. 4-5). These changes are probably caused by virus-like agents, so called ‚foamy agents‘, which seem to be frequently present in kidney cells from apparently healthy monkeys“

As described by Enders & Peebles (6), and later by Rustigian et al. (13) and by Cohen et al. (3) cytopathic changes similar to those caused by measles virus may be observed also in uninoculated cultures of monkey kidney tissue (Figs. 4–5). These changes are probably caused by virus-like agents, so called “foamy agents”, which seem to be frequently present in kidney cells from apparently healthy monkeys. Specific measles antigen is, however, produced only in cultures infected with measles virus. In the present study the ability of tissue culture passage material to fix complement in the presence of convalescent-

Übersetzt:

"Zytopathische Veränderungen ähnlich denen, die durch das Masernvirus verursacht werden, können auch in nicht geimpften Kulturen von Affennierengewebe beobachtet werden (Abb. 4-5). Diese Veränderungen werden wahrscheinlich durch virusähnliche Erreger, so genannte 'schaumige Erreger', verursacht, die offenbar häufig in Nierenzellen von scheinbar gesunden Affen vorhanden sind".

Dieser Satz ist bemerkenswert, weist er doch auf die Unspezifität genau der pathologischen Veränderungen hin, die als Ausgangspunkt für den optischen Beleg einer Infektion in der ersten Publikation von Enders & Peebles gedient hat.

Es wurden weitere dieser Kontrolleexperimente durchgeführt, die aufzeigten, dass der cytopathische Effekt nicht Virenspezifisch ist.

Wir werden Ihnen nun zwei Beispiele nennen (*wichtig, um die Aussagekraft einzelner wissenschaftlicher Publikationen deuten zu können*), **bei denen die notwendigen Kontrollergebnisse ergeben haben, dass genau der Effekt, genannt cytopathischer Effekt (CPE), als Nachweis für das Vorhandensein eines krankmachenden Virus dient, eben nicht virenspezifisch ist, sondern andere Ursachen zugrunde liegen. Genau dieser Effekt wird aber irrtümlicherweise** von den Virologen als direkter Nachweis verwendet.

1. Eines der Gutachten, welches innerhalb des Masernvirusprozesses durchgeführt wurde und dem Gericht vorgelegt worden ist, bewies, dass allein der Versuchsaufbau, sprich das Vorbehandeln der Zellkulturen selbst, zum cytopathischen Effekt führt. (*siehe Gutachten 3 – zytopathischer Effekt in Affennierenzellen ist nicht masernvirusspezifisch*). [16]
2. Prof. Karlheinz Lüdtke, Max-Planck-Institut für Wissenschaftsgeschichte, Frühgeschichte der Virologie, Sonderdruck 125, 89 Seiten, 1999. i. K. (A 2) Preprint 1999. [20]

Diese Lektüre ist dadurch so wichtig, weil diese aufzeigt, wie

wichtig Kontrollexperimente sind, um zu erkennen, dass man falsch lag. Darin wird aufgezeigt, dass bis 1953 jedem Virologen und der Wissenschaftsgemeinschaft klar und bekannt war, dass alle Bestandteile, die bis dato als Bestandteile von Viren gedeutet wurden, sich **durch Kontrollversuche** als Bestandteile von abgestorbenen Geweben und Zellen entpuppten. Darum ist es so wichtig, immer wieder auf die fehlenden Kontrollexperimente der vorgelegten Publikationen zu pochen.

Das Sequenz-Alignment dient als zweiter indirekter Nachweis, ist aber die leicht erkennbare und wesentliche Widerlegung aller Virusannahmen

Was ist das Alignment in der Virologie?

Das Sequenz-Alignment ist ein Werkzeug, bei dem ein Computer anhand von entwickelten Software-Algorithmen aus sehr vielen **nicht miteinander zusammenhängenden** kurzen Gensequenzen eine theoretisch lange errechnet. Dieser errechnete fiktive Wert wird als Erbgutstrang, das sogenannte Genom eines Virus, behauptet.

Warum müssen Virologen diesen Alignment-Prozess anwenden, wenn doch eine ganze Struktur, isoliert, vorhanden sein soll?

Die Tatsache der Ausrichtung = Alignment

Virologen haben nie einen kompletten Erbgutsstrang eines Virus isoliert und direkt in seiner vollständigen Länge dargestellt. Sie benutzen IMMER nur sehr kurze Stückchen von Nukleinsäuren (Gensequenzen). Aus einer Vielzahl von Millionen solcherart bestimmter, sehr kurzer Sequenzen, setzen Virologen gedanklich, mit Hilfe aufwendiger rechnerischer und statistischer Methoden, einen fiktiven langen Erbgutstrang zusammen. Diesen Vorgang nennen sie Alignment, was Ausrichtung bedeutet. Das Resultat des aufwändigen Alignments, der fiktive und sehr lange Erbgutstrang, geben Virologen als das Herzstück eines Virus aus und behaupten, damit die Existenz eines Virus nachgewiesen zu haben. **So ein kompletter Strang taucht aber in der Wirklichkeit und in der wissenschaftlichen Literatur nie als Ganzes auf**, obwohl die einfachsten Standardtechniken schon lange vorhanden sind, um die Länge und Zusammensetzung von Nukleinsäuren einfach und direkt

zu bestimmen. Durch die Tatsache der Ausrichtung/Alignment, anstatt eine entsprechend lange Nukleinsäure direkt zu präsentieren, haben sich die Virologen selbst widerlegt.

Wie muss man sich das Alignment vorstellen

Stellen Sie sich ein Meer aus genetischem Material vor, in dem sich aus allen möglichen Quellen Reste von Nukleinsäuren (*genetische Information*) befinden, wobei die Herkunft dieses genetischen Materials menschlicher, pflanzlicher, **mikrobieller** (Mikroorganismen) u. v. a. Herkunft sein kann.

Zusammengefasst lässt sich sagen, dass die Vielfältigkeit an unterschiedlichsten Gensequenzen in einer Probe, die einem Patienten entnommen wurde, so unfassbar groß sein kann, dass Millionen derer in keiner Datenbank abgespeichert worden sind. Es kann sich auch um ganz gewöhnliche Gensequenzen handeln, die mit sogenannter "Krankheit" überhaupt nichts zu tun haben.

Dem Computer, der dieses Alignment errechnet, reicht allerdings die einfache Dreingabe der sehr vielen kurzen Gensequenzen allein nicht aus, um auf dieser Basis irgendetwas errechnen zu können, da auch für ihn dieses vielfältige Material zusammenhangslos erscheint.

Deswegen muss der Anwender, hier der Virologe oder Bio-Informatiker, dem Computer eine Vorlage, eine Art Schablone, liefern. Mit anderen Worten: Der Computer benötigt irgendeine Gensequenz, einen Erbgutstrang eines anderen "Virus", welchen man in der globalen Datenbank auffinden kann. Im Fall von Corona (SARS-CoV-2) entschieden sich die chinesischen Wissenschaftler für einen Erbgutstrang eines harmlosen Corona- Fledermausvirus.[36]

Nur anhand dieser Vorlage gelingt es dem Computer, die Partikel auszurichten und aus den vielen kurzen Genabschnitten (*aus der Patientenprobe*) einen neuen Erbgutstrang zu generieren – durch Aufaddieren und erzwungenen Abgleich mit der Vorlage (*Corona Fledermausvirus*).

Bei diesem Prozess entstehen Lücken, da die verwendeten Gensequenzen (*aus der Probe des Patienten*) nicht ausreichen, anhand der Vorlage ein kompletten neuen Erbgutstrang zu konstruieren. Dafür programmierte man weitere Computer-Algorithmen – sogenannte Gap-Filling-Programme,[37] mit denen ad hoc, aus dem Nichts, Gensequenzen frei erfunden werden können.

Die Vorlage, für die sich der Virologe bzw. Bio-Informatiker nun entschieden hat, ist fundamental dafür, welcher Art der vom Computer konstruierte Erbgutstrang am Ende sein wird.

Das bedeutet nichts anderes als: Obwohl man die gleichen Gensequenzen verwendet, würde bei einer Vorlage, wie z. B. einem Erbgutstrang des Masernvirus, ein völlig anderer konstruierter Erbgutstrang errechnet werden. Was ich Ihnen damit sagen möchte: Hätten sich die chinesischen Virologen für eine gänzlich andere Vorlage entschieden, sähen wir uns heute mit einem vollkommen anderen angeblich mutierten Virus konfrontiert.

Folgender ergänzender Hinweis ist elementar:

Auch die Vorlagen, für die sich der Virologe/Bio-Informatiker entscheidet, sind nur ein theoretisches und fiktives Konstrukt, deren **kompletter Strang (Erbgutstrang) nie in der Wirklichkeit und in der wissenschaftlichen Literatur als Ganzes auftaucht.**

Dieser Prozess, welcher heute durch moderne Werkzeuge, wie schnelle Computer und deren entwickelte Algorithmen, innerhalb kurzer Zeit vonstattengeht, wurde früher, zu Anfangszeiten der behaupteten Gen-Virologie, noch viel umständlicher vorgenommen, händisch.

Beim Masernvirus bedurfte der „Findungsprozess“ noch Jahrzehnte.

Wer des Englischen mächtig ist, kann die **Tatsache der nur gedanklichen Konstruktion des „Virus-Erbgutstrangs“ (Complete genome)** in dieser Publikation, an der das RKI maßgeblich beteiligt war, direkt erkennen: „Complete Genome Sequence of a Wild-Type Measles Virus Isolated during the Spring 2013 Epidemic in Germany“, zu finden unter: RKI [21]

Zur Verdeutlichung: Niemals taucht in den Publikationen der Wissenschaftler oder anderer Literatur die Behauptung auf, dass aus einer (*viralen*) Struktur oder selbst aus einer „infizierten“ Flüssigkeit eine auch nur annähernd komplette Nukleinsäure (*im Fall SARS-CoV-2: 29903 Nukleotide lang*) [22] gefunden wurde, deren Bestimmung ihrer Molekülabfolge der ganzen, nur gedanklich konstruierten Nukleinsäure entsprechen würde. [23] Es ist sogar so, dass Lücken (fehlende Gensequenzen) frei erfunden werden müssen, da die vielen sehr kurzen Gensequenzen nicht ausreichen, um ein neues Genom zu konstruieren.

Warum kann ein solches Alignment, wie eben beschrieben, nie als wissenschaftlicher Nachweis dargestellt werden?

Eine Methode **wie das Alignment**, um aus sehr kurzen Gensequenzen (*Pool aus der Probe des Patienten*) eine theoretisch lange zu errechnen, die nicht durch Kontrollversuche abgesichert ist,

darf nicht als wissenschaftlich bezeichnet werden. Hier wird Wissenschaftlichkeit vorgegeben, die jedoch offensichtlich, nachvollziehbar und für jeden überprüfbar keinesfalls vorliegt.

Der Grund dafür liegt selbstverständlich auf der Hand, allein durch die Kenntnis, dass **95 % der beobachteten Mikroben** sichtbar sind, aber nicht kultivierbar, weswegen deren RNA- und DNA-Sequenzen **nicht bekannt sind**. [24] [25] [26] [27] [28] Weil auch Zellkulturen (z. B. *Vero E6 Zellen*) nie frei von Mikroben und unzähligen Verunreinigungen jeglicher Art sind, ergibt sich die unbedingte Pflicht, das vermutete "Virus" zu isolieren und daraus seine eigene Nukleinsäure (*in diesem Fall RNA*) in reiner Form zu gewinnen, da sonst keine Möglichkeit besteht auszuschließen, dass nicht eine andere Nukleinsäure innerhalb der Probe, die dem Patienten entnommen wurde, mit bei der Konstruktion innerhalb des Alignment-Prozesses am Computer Verwendung findet und somit das Endergebnis verfälscht.

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.

Eine simples Beispiel erklärt es ganz plastisch

An dem Wort Alignment erkennt jeder Laie direkt, dass – **wie bei allen sog. krankmachenden Viren** – kein ganzer und intakter Erbgutstrang, sprich das komplette Genom, welches man SARS-CoV-2 zuordnet, gefunden und isoliert wurde, **sondern nur sehr kurze Schnipsel von Nukleinsäure anhand einer Ausrichtung zu etwas Neuem konstruiert wurden**.

Der komplette Erbgutstrang des behaupteten SARS-CoV-2 besteht nach der gedanklich-rechnerischen Ausrichtung aus 29903 Nukleotiden (*Fan Wu et. al.*) [22]

Stellen Sie sich vor, man legt Ihnen einen Haufen tausender einzelner zusammenhangloser Buchstaben auf den Tisch.

Behauptet wird aber, dass diese einem ganz bestimmten Buch entstammen müssen.

Da Sie dieses Buch nicht kennen, können Sie mit den Buchstaben nichts anfangen, kein Kapitel schreiben.

Also gibt der Auftraggeber ein ganz bestimmtes und bekanntes Buch vor – so wissen Sie nun Bescheid, um welches Buch es sich handelt und kennen auch dessen erstes Kapitel.

Sie legen nun diese Buchstaben in der entsprechenden Reihenfolge auf, mit dem Ansinnen, das komplette erste Kapitel nachzubilden.

Jetzt entstehen zwei Problematiken:

- Ihre Buchstaben sind an einigen Stellen anders,
- es entstehen einige Lücken.

Sie mussten also einige Wörter abändern, versuchten dabei aber, den Sinn des Kapitels beizubehalten, welches Ihnen als Vorlage dient.

Beim Konstruieren des Kapitels fehlten Ihnen einige Buchstaben und dadurch entstanden Lücken in den Wörtern.

Durch die Nutzung diverser Wörter Ihres eigenen Wortschatzes erschaffen Sie die fehlenden, nicht vorhandenen Buchstaben ad hoc aus dem Nichts, so dass Wörter und Sätze einen Sinn ergeben.

Ihnen fällt also selbst auf, dass die Buchstaben, welche zur Verfügung standen,

- nicht ausreichen, um ein ganzes Kapitel anhand der Vorlage zu schreiben
- eventuell gar nicht zu dem Kapitel, welches Ihnen als Vorlage zur Verfügung gestellt worden ist, dazugehörten.

Es ist also ein rein theoretisches und fiktives Endergebnis. Die Buchstaben, welche zusammengewürfelt auf dem Tisch lagen, könnten aus den unterschiedlichsten Quellen stammen. Ein Drittel kann aus einem Kochbuch sein, das zweite Drittel aus einem Kinderbuch und das dritte aus einer Zeitung. In jedem Buch werden die gleichen Buchstaben verwendet, unterschiedlich ist nur die Aneinanderreihung dieser einzelnen Buchstaben. Wir selbst sind die Architekten, die aus einzelnen Bausteinen ein Konstrukt erschaffen.

Die technischen Schritte des Alignment leicht verkürzt dargestellt

Ich möchte Ihnen die Schritte leicht verkürzt beschreiben, anhand des Falles des Coronavirus (SARS-CoV-2):

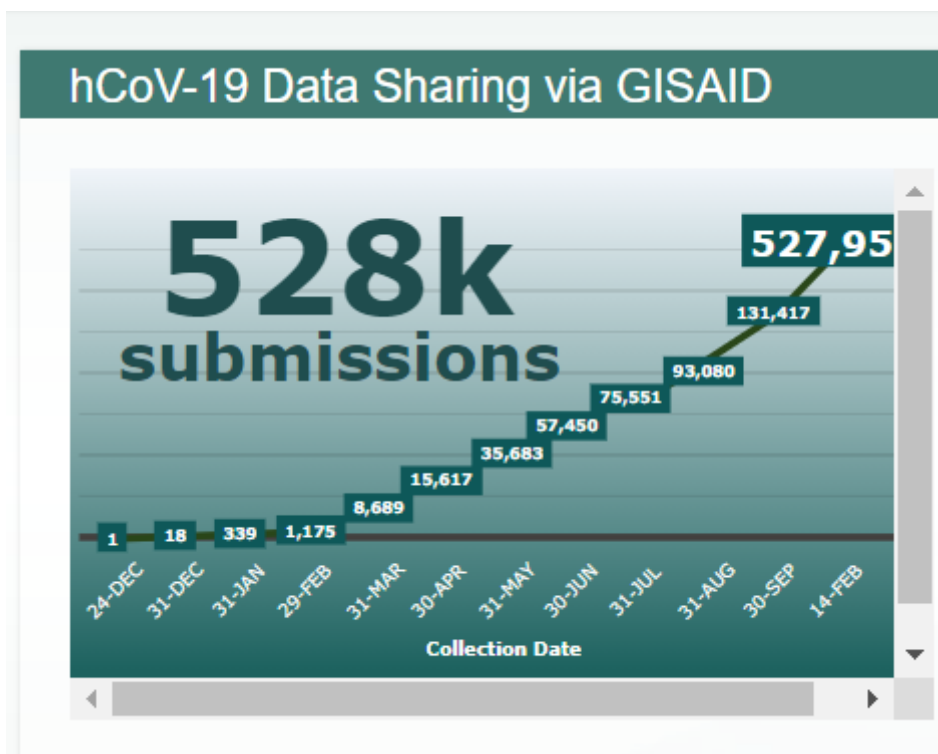
Das Genom von Fan Wu et. al. = 29903 Basenpaare lang [22], ist nur gedanklich anhand eines Alignments konstruiert worden. [23] Dieses wird anhand vieler Rechenschritte getan, in dem man aus einer BALF (genetisches Material) eines Patienten sehr viele kurze RNA-Sequenzen aufaddiert.

- Dabei wurde alles aus der BALF sequenziert.
- die uns "*bekannt*" menschlichen Sequenzen (*Abgleich einer Datenbank*) in dem Gemisch von genetischem Material werden herausgerechnet.
- Dann werden die überlappenden Sequenzen aus dem noch vorhandenen Set herausgefiltert.
- Bevor die überlappenden Sequenzen zur weiteren Verwertung aus dem ganzen Set der BALF herausgezogen werden, werden die sequenzierten 150er-Nukleotid-Stücke rechnerisch in **21er** Stückchen unterteilt: 1-21, 2-22, 3-24 ... 129-150.
- Mit diesen 21-kMers (*im Alignment-Programm Megahit; 25er-kMers im Alignment-Programm Trinity*), wird nach Überlappungen gesucht, die natürlich vielfach gefunden werden.
- Alles, was überlappt, wird als Contigs bezeichnet. Alles, was nicht überlappt, wird aus dem Alignment herausgefiltert.
- Dann werden diejenigen Sequenzen, die auf das vorgegebene Genom (*Fledermaus Corona Virus*) passen (mittels BLAST-Programm), für das Alignment verwendet.
- Wie viel Prozent des gesamten Genoms Lücken (= Gaps) aufweist (1 % bis fast alles???), wird nicht angegeben.
- Ein Gap-filling Programm[37] schließt diese offenen Lücken, indem errechnet wird, welche Art Gen (*für ein Eiweiß des Virus*) an dieser Stelle passen würde.
- Dann wird noch weiter geglättet, um die Regeln der ORFs (Open reading frames = Leseraster) zu erfüllen.

Logische Konsequenz: Das, was hier in allerhand Schritten künstlich erstellt wurde, alles unter lediglich geglaubten, niemals verifizierten „Annahmen“, hat mit der Realität rein gar NICHTS zu tun!

Die Mutationsbehauptungen sind nichts anderes als ein erneutes Alignment

Jedes erneute Sequenzieren erschafft eine weitere Genomsequenz (*Genschnipsel, die dem Genom zugeschrieben werden*). In der GISAID-Datenbank werden derzeit (14.02.2021) bereits knapp 530.000 [33] unterschiedliche solcher Genomsequenzen zu ein und demselben behaupteten Virus (SARS-CoV-2) gelistet.



Diese Abweichungen werden fälschlicherweise Mutationen genannt.

Ganz nach dem Motto, 1000-mal sequenziert, 1000-mal mutiert :).

Da diese – der Natur der DNA entsprechend (*ständige Veränderung des Aufbaus unabhängig voneinander*) – **bei jedem Sequenziervorgang andere Ergebnisse liefern**, wurden diese natürlich ständig vorkommenden Veränderungen als Mutationen eines Virus ausgegeben.

Der Erbgutstrang (*Fan Wu et. al 29903bp*) [22], welchen die Virologen der CCDC anhand eines Alignments konstruierten und vorschlugen [23], wurde zur Vorlage aller weiteren weltweit.

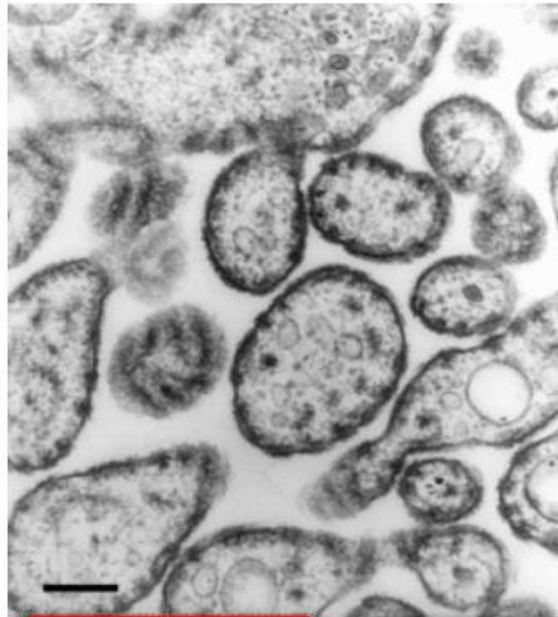
Bis heute ist es keinem Team gelungen, die identische Zusammensetzung des Erbguts, welche durch das Team von Fan Wu et. al. vorgegeben wurde, erneut zu konstruieren.

Die Ursachen liegen klar auf der Hand:

- Der Körper erzeugt ständig neue Gensequenzen.
- Die Gene des Menschen sind im ständigen Wandel und nicht, wie einst gedacht, ein fester und gleichbleibender Bauplan (**Siehe Beitrag in der Zeit von 12.6.2008: Erbgut in Auflösung**). [34]
- **95 % der beobachteten Mikroben** sind sichtbar, aber nicht kultivierbar, weswegen deren RNA- und DNA-Sequenzen **nicht bekannt sind**. [24] [25] [26] [27] [28]

***Information zu den Fotos der als isoliert behaupteten Viren:
Wann sagt ein Bild nichts über die Existenz des Abgebildeten
aus und kann nur als unwissenschaftlich oder sogar
Betrugsversuch gedeutet werden?***

- *wenn keine wissenschaftliche Publikation vorliegt, in der mindestens ausgesagt und beschrieben wird, dass aus einer Struktur, die in einer Aufnahme als Beweis gezeigt wird, die Nukleinsäure bestimmt wurde,*
- *keine Kontrollversuche durchgeführt wurden, um zu bestätigen, dass es sich bei der Struktur nicht um eine andere handelt als diejenige, die man angenommen hat,*
- *wenn diese Struktur nicht von allen anderen Bestandteilen isoliert wurde,*
- *z. B. die sogenannten HIV-, Masern- und Pocken-Viren-Bilder klar zeigen, wie die Bildunterschriften schon selbst aussagen, dass es sich um Zellen handelt, in denen sich Viren befinden sollen – es wurde also nichts isoliert!*



Masernvirus in Vero-Zellen.

Quelle: Hans R. Gelderblom/RKI

Quelle [29]

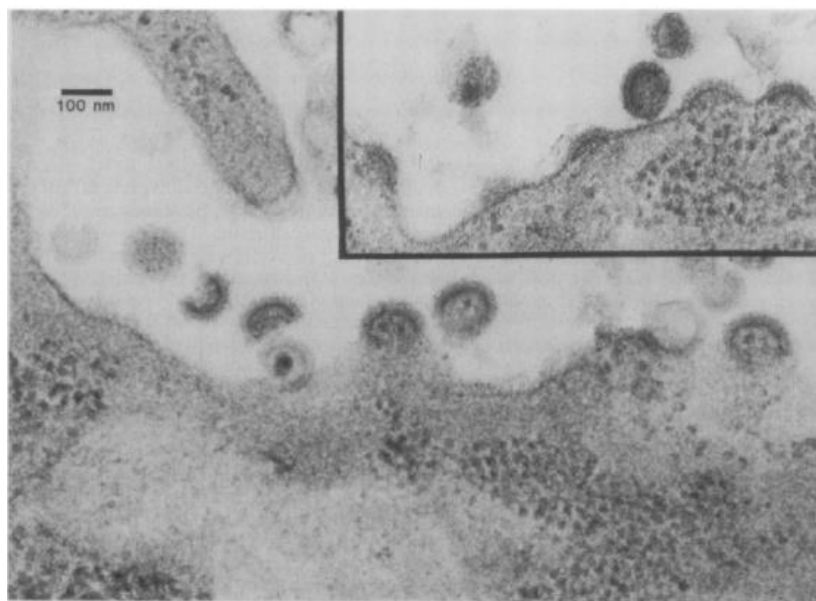


Fig. 2. Electron microscopy of thin sections of virus-producing cord lymphocytes. The inset shows various stages of particle budding at the cell surface.

869

Publikation Luc Montagnier - Quelle [30]

Entscheidendes muss generell zu den EM-Aufnahmen gesagt werden

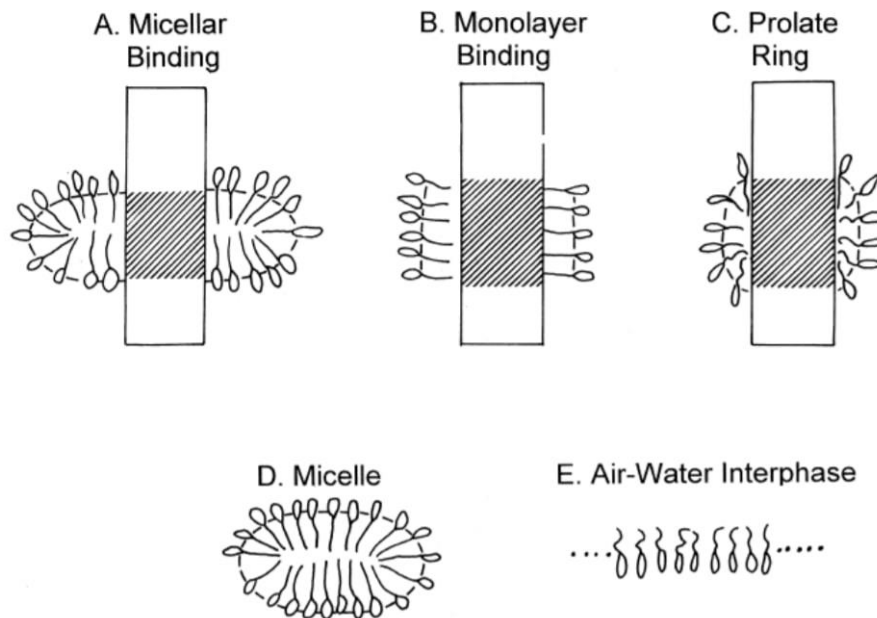
Strukturen, welche in EM-Aufnahmen gezeigt und als Abbildung von Viren publiziert werden, **wurden niemals biochemisch charakterisiert**. Es wurde niemals aus solchen Partikeln eine Nukleinsäure entnommen und bestimmt. Diese Partikel werden nur als Viren ausgegeben und dabei die Information unterschlagen, dass die gleichen Partikel dieser Art jedes Mal auch dann entstehen, wenn

„uninfizierte“ Zellkulturen auf die gleiche Art und Weise behandelt werden wie als „infiziert“ definierte Zellkulturen. **Nicht-Virologen bezeichnen diese Partikel z. B. als Phagosomen, Endosomen, Exosomen, Transportvesikel und im Querschnitt als Villi etc. pp.**

Sie werden zu vielen unterschiedlichen behaupteten Strukturen die gleiche Darstellung sehen.

EM-Aufnahmen zeigen **immer nur Totes**, chemisch Fixiertes. [31] Das Bild stellt Seifenmizellen aus Detergenzien, Fetten und Eiweißen dar, die durch Einfrieren konserviert und vielleicht erst durch diesen Einfriervorgang entstanden sind.

Detergenz-Protein Interaktion



Beis <https://docplayer.org/4939490-Arbeiten-mit-membranproteinen-rupert-abele.html> [32]

Die einzige wichtige Botschaft nach außen: abgebildet werden lediglich "Artefakte" – **entscheidend dabei ist:**

1. dass diese Bilder nur aus **Zellkulturen**, also absterbendem Gewebe im Reagenzglas herrühren und definitiv nichts zeigen, was aus einem Menschen kommt,
2. dass diese Strukturen nie biochemisch charakterisiert wurden (sic!),
3. niemals aus diesen Strukturen Nukleinsäuren gewonnen wurden, die das Herzstück des Virus sein sollen (*also niemals aus einer spezifischen Struktur, die als Virus*

ausgegeben wird, jemals die Nukleinsäure gewonnen wurde)

Eine bewegungslose Aufnahme aus der Elektronenmikroskopie zeigt nie den lebendigen biologischen Ablauf. Was man unter den EMs begutachtet, hat rein gar nichts damit zu tun, was im biologischen Organismus des Menschen abläuft. Jedes Ergebnis aus dem Labor kann absolut keine Rückschlüsse auf die Abläufe innerhalb eines lebenden Organismus geben.

Quellenhinweise:

[1] [Erfinder des PCR Tests und Nobelpreisträger: Kary Mullis - YouTube](#) | [\[Backup\]](#)

[2] Raum&Zeit: [Kary Mullis: Die HIV-AIDS-These ist falsch](#)

[3] [Kary Mullis: Why I Began Questioning HIV \(From the House of Numbers\)](#) | [\[Backup\]](#)

[4] DFG: [Sicherung guter wissenschaftlicher Praxis Safeguarding Good Scientific Practice](#) | [\[Archiviert\]](#)

[5] Creative-Diagnostics Product Information zum Test Kit “SARS-CoV-2 Coronavirus Multiplex RT-qPCR Kit (CD019RT)” *“This product is for research use only and is not intended for diagnostic use.”* (“Dieses Produkt ist nur für Forschungszwecke und nicht für den diagnostischen Gebrauch bestimmt.”).

Als *“bestimmungsgemäßer Gebrauch”* ist angegeben: *“Dieses Produkt ist für die Erkennung des 2019-Novel Coronavirus (2019-nCoV) vorgesehen. Das Ergebnis des Nachweises dieses Produkts dient nur zur klinischen Referenz und sollte nicht als alleiniger Nachweis in der klinischen Diagnose und Behandlung verwendet werden.”* **Quelle** des [Test-Kits](#) und folgend die [allgemeine Quelle](#) dazu.

[6] Alle Komponentenlieferanten für PCR-Verfahren kennzeichnen mehr als deutlich, dass diese sich nicht für ein diagnostisches Verfahren eignen, sie lediglich zu Forschungszwecken dienen!

- [Der Weltgrößte Komponentenlieferant ThermoFisher](#)

For Research Use Only. Not for use in diagnostic procedures.

Nur für Forschungszwecke. Nicht zur Verwendung in diagnostischen Verfahren.

thermoscientific

appliedbiosystems

invitrogen

fisher scientific

unity lab services

- [QIAGEN - Sitz in Düsseldorf](#)
Dieses Produkt ist nicht vorgesehen für die Diagnose, Vorbeugung oder Behandlung einer Erkrankung.

Cat No./ID: 52906

QIAamp Viral RNA Mini Kit (250)

\$1,170.00

IMPORTANT: Packaging of this kit is optimized for the global fight against COVID19 caused by the coronavirus (SARS-CoV-2). Only kit format available is 250 prep version. See [Important Note](#) for details.

Order Product

For 250 RNA preps: 250 QIAamp Mini Spin Columns, Carrier RNA, Collection Tubes (2 ml), RNase-free buffers

The QIAamp Viral RNA Mini Kit is intended for molecular biology applications. **This product** is not intended for the diagnosis, prevention, or treatment of a disease.

- [AGILENT - US amerikanisches Unternehmen](#)
Dort finden Sie ebenfalls unter jedem Produkt den Hinweis: "For Research Use Only. Not for use in diagnostic procedures."
(*"Nur für Forschungszwecke. Nicht zur Verwendung in diagnostischen Verfahren"*)

qPCR NGS Library Quantification Kit

qPCR NGS Library Quantification Kit **RUO**

The Agilent qPCR NGS Library quantification kit provides researchers an accurate and sensitive method for quantifying NGS libraries. The NGS Library Quantification kit was validated in the SureSelect Target Enrichment Protocol for barcoding and indexing applications. Illumina and AB SOLID library quantification kits available.

Accurate library quantification leads to optimal cluster densities for improved sequence efficiency and data quality. Consistent quantification across a broad range of samples, varying library insert sizes, and GC content. Quantify 84 libraries with each kit.

For Research Use Only. Not for use in diagnostic procedures.

PRODUCT DETAILS

RELATED PRODUCTS

- [TAKARA - Sitz in der USA](#)
Dieses Produkt ist ein **Allzweckreagenz für**

Laborzwecke. Außerhalb der Vereinigten Staaten ist dieses Produkt, sofern nicht anders angegeben, nur für Forschungszwecke bestimmt. Dieses Produkt ist nicht für eine bestimmte Anwendung bestimmt oder für einen bestimmten klinischen Gebrauch hergestellt. Die Leistungsmerkmale dieses Produkts wurden nicht vollständig festgelegt. Es liegt in der Verantwortung des Benutzers, die Leistung des Produkts und jeder Komponente davon für eine bestimmte Anwendung zu validieren. Der Weiterverkauf oder die Weitergabe dieses Produkts, eines Bestandteils davon oder einer Substanz, die durch die Verwendung dieses Produkts oder eines Bestandteils davon hergestellt wurde, an Dritte ist ausdrücklich verboten. Um zusätzliche Rechte zu erhalten, wenden Sie sich bitte an Ihr lokales Büro oder besuchen Sie unsere Website für weitere Informationen.

Cat. #	Product	Size	Price	License	Quantity	Details
639292	Titanium® Taq SP DNA Polymerase	100 Rxns	EUR €198.00		<input type="text"/>	↑

Titanium *Taq* SP DNA Polymerase contains the same hot-start, high-yield Titanium *Taq* DNA polymerase and TaqStart Antibody as the standard Titanium *Taq* (Cat. # 639208). Cat. # 639292 is a registered general purpose reagent (GPR) appropriate for use in general laboratory applications, including molecular diagnostic development and testing.

Notice to purchaser [↑](#)

This product is a general purpose reagent intended **For Laboratory Use**. Outside of the United States, this product is intended for research use only unless otherwise stated. This product is not intended for a specific application or made for any particular clinical use. The performance characteristics of this product have not been fully established. It is the user's responsibility to validate the performance of the product, and any component thereof, for any particular use. Resale or transfer of this product, any component thereof, or any substance produced through use of this product, or any component thereof, to any third party is expressly forbidden. To obtain additional rights, please contact your local office or go to our website for additional information.

- Schauen wir uns an, welche Kits Prof. Drosten in [seiner Publikation](#) angegeben hat

Real-time reverse-transcription PCR

A 25 µL reaction contained 5 µL of RNA, 12.5 µL of 2 × reaction buffer provided with the **Superscript III one step RT-PCR system with Platinum Taq Polymerase** (Invitrogen, Darmstadt, Germany; containing 0.4 mM of each deoxyribontriphosphates (dNTP) and 3.2 mM magnesium sulphate), 1 µL of reverse transcriptase/Taq mixture from the kit, 0.4 µL of a 50 mM magnesium sulphate solution (Invitrogen), and 1 µg of non-acetylated bovine serum albumin (Roche). Primer and

RT is not significantly inhibited by ribosomal and transfer RNA, it can be used to synthesize cDNA from total RNA.

Platinum® Taq DNA polymerase

Platinum® Taq DNA polymerase is recombinant Taq DNA polymerase complexed with a proprietary antibody that blocks polymerase activity at ambient temperatures. Activity is restored after the denaturation step in PCR cycling at 94°C, providing an automatic 'hot start' in PCR for increased sensitivity, specificity, and yield.

For Research Use Only. Not for use in diagnostic procedures.

Figures

Protocol options and application notes

Laboratories participating in the evaluation used the **TaqMan Fast Virus 1-Step Master Mix (Thermo Fisher)** with the same oligonucleotide concentrations and cycling conditions. The QIAGEN One-Step RT-PCR Kit was also tested and found to be compatible.

Quantity:	100 reactions
Reverse Transcriptase:	SuperScript™ III
Sample Type:	RNA
Shipping Condition:	Dry Ice
Size (Final Product):	4.5 kb or less

Contents & storage

Components:

- 200 µL SuperScript® III RT/Platinum® Taq Mix

Wir sehen also, dass Prof. Drosten ein vorgefertigtes kommerzielles herkömmliches Kit verwendete (*links im Bild*) und sehen rechts im Bild das Kit "*TaqMan Fast Virus 1-Step Master Mix (Thermo Fisher)*". Dieses verwendeten die Labore, die den Test von Prof. Drosten überprüft haben.

*Schauen wir uns das von Prof. Drosten verwendete Kit an "*SuperScript™ III One-Step RT-PCR System mit Platinum™ Taq DNA Polymerase*"*

Platinum® Taq DNA-Polymerase

Platinum® Taq DNA-Polymerase ist eine rekombinante Taq DNA-Polymerase mit proprietärer Antikörper, der die Polymerase-Aktivität bei Raumtemperatur blockiert. Die Aktivität wird wiederhergestellt, nachdem bei der Denaturierung während der PCR eine Temperatur von 94° erreicht wird. Dies bietet einen automatischen „Hot Start“ in der PCR im Interesse einer höheren Sensitivität, Spezifität und Ausbeute.

For Research Use Only. Not for use in diagnostic procedures.

Sehen wir uns nun den "*TaqMan Fast Virus 1-Step Master Mix*" an.

each other on the same plate using the same handling steps (Figure 3). Additionally, virus research often includes multiplexed primers and probes and internal reaction controls. We have optimized the master mix to work with multiple target amplicons (Figure 4).

Fast results
The TaqMan Fast Virus 1-Step Master Mix speeds your time to results and maximizes the use of your real-time PCR instruments with a fast protocol. The high-concentration formulation allows for more target nucleic acid sample to be added in the smaller reaction volumes required to run fast protocols. This enables you to maintain sensitivity with low-titer research samples while improving speed and throughput (Figure 5).

TaqMan Fast Virus 1-Step Master Mix provides a reliable and efficient reagent for real-time RT-PCR of virus samples that does not sacrifice accuracy. Its robust performance in the presence of common RT-PCR inhibitors and its convenient and flexible reaction setup allows you to have more confidence in your results.

Contents & storage
Contains one 1-ml tube of 4X RT-PCR master mix sufficient for 200 reactions. Components:

- AmpliTaq® Fast DNA Polymerase, UP
- ThermoStable MMLV Reverse Transcriptase
- dNTPs
- RNase Inhibitor

For Research Use Only. Not for use in diagnostic procedures.

Das gleiche Spiel. So zieht es sich durch alle Hersteller hindurch.

[7] *Prof. Harald Walach - Was ist eine „wissenschaftliche Tatsache“? Ein kleines Fallbeispiel: Der „Masernprozess“ (In diesem Fachartikel werden die 6 Publikationen, welche vom Kläger Dr. Bardens im Masernprozess vorgelegt wurden, analysiert und zeigen auf, dass diese keinen wissenschaftlichen Nachweis für das Masernvirus erbringen konnten)*

[8] Bild cytopathischer Effekt:

https://www.researchgate.net/publication/320348665_Collection_of_Viable_Aerosolized_Influenza_Virus_and_Other_Respiratory_Viruses_in_a_Student_Health_Care_Center_through_Water-Based_Condensation_Growth

[9] Prof. John Franklin Enders Masernpublikation: („[Propagation in tissue cultures of cytopathogenic agents from patients with measles](#)“)

[10] <https://www.pharmazeutische-zeitung.de/ausgabe-282013/antibiotika-schaden-mitochondrien/>

[11] <https://www.aerzteblatt.de/nachrichten/55068/Antibiotika-Langzeitschaeden-durch-oxidative-Schaedigung-von-Mitochondrien>

[12] Bactericidal Antibiotics Induce Mitochondrial Dysfunction and Oxidative Damage in Mammalian Cells
<https://stm.sciencemag.org/content/5/192/192ra85.short>

[13] Exosom (Vesikel)
[https://de.m.wikipedia.org/wiki/Exosom_\(Vesikel\)](https://de.m.wikipedia.org/wiki/Exosom_(Vesikel))

[14] NATURE: "[Antibiotic-induced release of small extracellular vesicles \(exosomes\) with surface-associated DNA](#)"
(*Antibiotikainduzierte Freisetzung kleiner extrazellulärer Vesikel (Exosomen) mit oberflächenassoziiertes DNA*)

[15] NCBI: Rockefeller Education: [When is a virus an exosome?](#)

[16] [Gerichtsdokumente bestätigen: Kein wissenschaftlicher Nachweis für die Existenz des Masernvirus](#) (*Aufarbeitung der Gerichtsdokumente im Masernprozess, sowie die eingebrachten Gutachten*)

[17] [Corona Fakten & Samuel Eckert widerlegen Correctiv zum Masernprozess](#) (*Aufarbeitung der Gerichtsdokumente im Masernprozess, sowie die eingebrachten Gutachten, anhand der Aussagen Correctiv*)

[18] [RKI bestätigt: Weder Viren-Existenzforschung, noch Kontrollexperimente durchgeführt](#) (*E-Mail Verkehr mit den leitenden Funktionen des RKI*)

[19] STUDIES ON MEASLES VIRUS IN MONKEY KIDNEY TISSUE CULTURES [bech-von-magnus-1959-1.pdf \(wordpress.com\)](#) | *[PDF kann ergänzend bei uns angefragt werden]*

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

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

www.mpiwg-berlin.mpg.de › files › Preprints › P125 ▾ PDF

Preprint 125 - MPIWG - Max-Planck-Gesellschaft

von K Lüdtkke · Zitiert von: 4 · Ähnliche Artikel

MAX-PLANCK-INSTITUT FÜR WISSENSCHAFTSGESCHICHTE. Max Planck Institute for the History of Science. **PREPRINT 125** (1999). Karlheinz Lüdtkke.

Diese Experimente erbrachten aber kein Wachstum des filtrierbaren Virus. In der Hoffnung, die Virulenz filterpassierenden Virus auszulösen, wurden auch verschiedene Tierexperimente durchgeführt. Doch die Ergebnisse waren immer negativ. Es gelang niemals, aus den Filtraten durch neuerliche Überimpfung auf die diversen Kultursubstrate eine filtrierbare Mikrobe („a true filter-passing virus“) zu züchten. Es traten aber Resultate ein, die ursprünglich gar nicht

PDF-Seite 19

[21] Wer des Englischen mächtig ist, kann die **Tatsache der nur gedanklichen Konstruktion des „Virus-Erbgutstrangs“ (Complete genome)** in dieser Publikation, an der das RKI maßgeblich beteiligt war, direkt erkennen: „Complete Genome Sequence of a Wild-Type Measles Virus Isolated during the Spring 2013 Epidemic in Germany“, zu finden unter: [RKI](#)

[22] Fan Wu. et al. Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 isolate Wuhan-Hu-1, complete genome
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/1798174254>

[23] [NCBI - A new coronavirus associated with human respiratory disease in China](#) (Fan Wu et. al. eine der beiden maßgeblichen Studien der CCDC zum SARS-CoV-2)

Direktlink: [A new coronavirus associated with human respiratory disease in China \(nih.gov\)](#)

Virus genome characterization and phylogenetic analysis

For the newly identified virus genome, the potential ORFs were predicted and annotated using the conserved signatures of the cleavage sites recognized by coronavirus proteinases, and were processed in the Lasergene software package (v.7.1, DNASTar). The viral genes were aligned using the L-INS-i algorithm implemented in MAFFT (v.7.407)³⁷.

Phylogenetic analyses were then performed using the nucleotide sequences of various CoV gene datasets: (1) whole genome, (2) ORF1a, (3) ORF1b, (4) nsp5 (3CLpro), (5) RdRp (nsp12), (6) nsp13 (Hel), (7) nsp14 (ExoN), (8) nsp15 (NendoU), (9) nsp16 (O-MT), (10) spike (S) and (11) nucleocapsid (N). Phylogenetic trees were inferred using the maximum likelihood method implemented in the PhyML program (v.3.0)³⁸, using the generalized time reversible substitution model and subtree pruning and regrafting branch swapping. Bootstrap support values were calculated from 1,000 pseudo-replicate trees. The best-fitting model of nucleotide substitution was determined using MEGA (v.5)³⁹. Amino acid identities among sequences were calculated using the MegAlign program implemented in the Lasergene software package (v.7.1, DNASTar).

Sequenz-Alignment ein rechnerisches und theoretisches Konstrukt, kein Reales.

[24] [Spiegel Wissenschaft](#) - Bakterien-Genkatalog - Leben im Gekröse

[25] [Wikipedia](#) - Bakterien

Über dreihundert Jahre nach der ersten Beschreibung von Bakterien und trotz unzähliger schon beschriebener und katalogisierter Arten ist nach heutigem Kenntnisstand anzunehmen, dass die große Mehrheit (ca. 95 bis 99 %) aller auf unserem Planeten existierenden Bakterienarten bisher weder näher bekannt ist, noch beschrieben wurde (Stand: 2006).

Wikipedia

[26] [NDR](#) - Was sind Bakterien und wie wirken Antibiotika?

[27] [zukunftsinstitut](#) - Bio-Tech: Das lebende Haus

[28] [phagoflow](#) - Bakterien als Krankheitserreger

[29] RKI: Masernvirus (Paramyxoviren)

https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/NRZ/EM/Aufnahmen/EM_Tab_Masern.html

[30] Publikation Luc Montagnier -

https://www.researchgate.net/publication/8335711_Isolation_of_a_T-lymphotropic_retrovirus_from_a_patient_at_risk_for_acquired_immune_deficiency_syndrome_AIDS

[31] Universität Heidelberg:

<http://archiv.ub.uni-heidelberg.de/volltextserver/1389/1/ksdisso0.pdf>

1.2. Präparieren und Schneiden

Da durch das Hochvakuum und die hohe Strahlendosis im EM an eine *In-Vivo*-Mikroskopie nicht im entferntesten zu denken ist, muß es

sich beim untersuchten Gewebe um totes Zellmaterial handeln. Da außerdem die Objektdicke das mögliche Auflösungsvermögen bestimmt, muß das Zellgewebe in ausreichend dünne Scheiben geschnitten werden. Um wiederum durch den Schneidevorgang nicht zu starke mechanische Deformationen einzuführen, muß das Gewebe in ein geeignetes Material eingebettet werden. Außerdem muß es gelingen, elektronendichtes Material an den Zellmembranen anzulagern, damit man unter dem EM

[32] Arbeiten mit Membranproteinen. Rupert Abele (Seite 20)

<https://docplayer.org/4939490-Arbeiten-mit-membranproteinen-rupert-abele.html>

[33] <https://www.gisaid.org/>

[34] **Zeit von 12.6.2008: Erbgut in Auflösung**

Hier wird zusammengefasst, dass das „Erbgut“ ständigen Veränderungen unterworfen ist, deswegen im eigentlichen Sinne kein „Erbgut“ sein kann und die Modifikationen im Sinne von krankheitsverursachenden Genen eine Fehldeutung darstellen.

Im Stillen und ganz leise wurde diese von der Grundlagenforschung komplett **widerlegt, hierdurch DIE GESAMTE VIROLOGIE INDIREKT GLEICH MIT**, ohne dass die Öffentlichkeit bis heute je davon Kenntnis erlangt hätte.

Sämtliche Gen-Ideen wurden im Jahr 2000, dem Zeitpunkt der Veröffentlichung der widersprüchlichen Daten des sogenannten Human-Genom-Projektes – der peinlichen Behauptung, **dass das ganze menschliche Erbgut entschlüsselt worden sei** (obwohl

mehr als die Hälfte frei **erfunden** werden musste) – gänzlich und umfassend widerlegt!

(Siehe Beitrag in der Zeit von 12.6.2008: Erbgut in Auflösung).

Hier wird zusammengefasst, dass das „Erbgut“ ständigen Veränderungen unterworfen ist, deswegen im eigentlichen Sinne kein „Erbgut“ sein kann und die Modifikationen im Sinne von krankheitsverursachenden Genen eine Fehldeutung darstellen.

Mit anderen Worten: Das, was man als „krankhafte Gene“ pflegte hinzustellen, war weder krank noch gesund, sondern aus verschiedensten Faktoren, sei es durch Bewusstsein, (Umwelt-)Faktoren, oder anderen sich ergebenden Veränderungen, ohne pathologische Wertigkeit per se, verursacht.

[35] Der Präsident von Tansania hat den Test getestet - unsere Kanzlerin ist noch nicht so weit, dabei kam raus, dass der Test auch Ziegen, Kaninchen, Hauskatzen, **(Papaya) eine Frucht!** positiv getestet wurde.

Dazu gleich mehrere Quellen: [Video des Präsidenten](#) | [Video Backup](#) | [Auch Reuters berichtete](#) | [Auch RT-Deutsch](#) | [Ebenfalls n-tv](#) und auch [Sputniknews](#)

[36] Fan Wu: [A new coronavirus associated with human respiratory disease in China](#)

The viral genome organization of WHCV was determined by **sequence alignment** to **two representative** members of the genus **Betacoronavirus**: a coronavirus associated with humans (SARS-CoV Tor2, GenBank accession number **AY274119**) and a **coronavirus associated with bats** (bat SL-CoVZC45, GenBank accession number **MG772933**). The un-translational regions and open-reading frame (ORF) of WHCV

Die virale Genomorganisation von WHCV wurde **durch Sequenzalignment** mit **zwei** repräsentativen Mitgliedern der **Gattung Betacoronavirus bestimmt**: einem mit Menschen assoziierten Coronavirus (SARS-CoV Tor2, GenBank-Hinterlegungsnummer AY274119) und einem **mit Fledermäusen assoziierten Coronavirus** (Fledermaus SL-CoVZC45, GenBank-Hinterlegungsnummer MG772933).

[37] [Sealer: a scalable gap-closing application for finishing draft genomes](#)

[38]

Abschnitt zur PCR-Technik:

Wir haben bereits alles, was man über den PCR-Test wissen kann und muss in unseren folgenden Artikeln und Posts zusammengetragen. Es sind hunderte Quellen angegeben, die all die Informationen belegen.

1. [Der PCR-Test ist nicht validiert](#)
2. [Ein DNA-Test wird zum Manipulationsinstrument](#)
3. [Der Wissenschaftsbetrug durch Prof. Christian Drosten](#)
4. [Ergänzende Analyse zur 4. Sitzung des Corona-Ausschusses](#)
5. [PCR: schlecht, schlechter, Tagesschau](#)
6. [CoronaFakten widerlegt die deutsche Presse Agentur in Bezug auf Corona - Teil 2/3](#)
7. [Viaveto - PCR- Eine kritische Betrachtung \(Video\)](#)
8. [Was bedeutet der CT-Wert \(Video\)](#)
9. [Reicht eine Attacke auf den PCR-Test aus? Nicht ganz](#)

Die PCR ist eine Herstellungstechnik!

Die Polymerase-Kettenreaktion (polymerase chain reaction/PCR) vervielfältigt einen in einer Probe enthaltenen DNA-Ausschnitt, also einen Teil der DNA-Sequenz. Da das behauptete SARS-CoV-2-Virus keine DNA besitzt – es ist ein sogenanntes RNA-Virus –, wird über einen vorgeschalteten Schritt (reverse Transkription/RT) die RNA in eine DNA überführt. Der SARS-CoV-2-Test ist also ein RT-PCR-Test.

Man beginnt mit einem Molekül. Man fängt mit einer kleinen Menge DNA an, und bei jedem Zyklus verdoppelt sich die Menge, was nicht nach viel klingt, aber wenn man bereits 30 Mal verdoppelt, erhält man ungefähr eine Milliarde Mal mehr Material als am Anfang. Als Herstellungstechnik ist es also großartig. Was sie tun, ist, dass sie ein fluoreszierendes Molekül an die RNA anhängen, während sie diese herstellen. Sie strahlen ein Licht mit einer Wellenlänge ab, und man erhält eine Antwort, man bekommt Licht mit einer anderen Wellenlänge zurückgeschickt. Sie messen also die Lichtmenge, die zurückkommt, und das ist ihr Surrogat (Ersatzmaker) dafür, wie viel DNA vorhanden ist.

Es gibt jedoch viele Möglichkeiten für Fehler in der RT-PCR. Es gibt Ineffizienzen bei der Extraktion der RNA, noch größere Ineffizienzen bei der Umwandlung der RNA in komplementäre DNA (Professor Stephen Bustin bemerkte, dass die Effizienz selten über 50 % liegt und leicht um den Faktor 10 schwanken kann) und Ineffizienzen im PCR-Prozess selbst. Einige Beispiele [Video \(Minute 19:00\)](#)

Professor Stephen Bustin ist einer der weltweit anerkanntesten Experten für quantitative PCR. Er erklärte ebenfalls, dass es unklug sei, **mehr als 35 Zyklen zu verwenden**, aber es scheint, dass niemand die Zyklen auf 35 oder weniger beschränkt (die MIQE-Richtlinien empfehlen weniger als 40). [[Vgl. off-Guardian mit Podcast](#)]

Die Labore handeln völlig willkürlich, es gibt keinen Standard und keine Kontrollen. Die Gesundheitsämter bekommen in der Regel keine Auskunft darüber, wie viele Zyklen durchgeführt wurden.

Die Tagesschau: *"Dittmers Labor macht die PCR-Tests nicht nur für die Kliniken in Essen, sondern auch für die gesamte Stadt. Den Ct-Wert teilt er den Gesundheitsämtern in der Regel nicht mit. "Das ist nicht vorgesehen. Wir teilen in der Regel nur mit, ob jemand positiv oder negativ ist."*

Ist die Menge aussagekräftig?

Wenn das Verfahren effizient ist, könnten bei einer großen Anzahl von Zyklen drei Moleküle RNA nachgewiesen werden. Wenn es Menschen gibt, die eine so geringe behauptete "Virus"menge in ihrem Körper haben, die keine gesundheitlichen Probleme verursacht, würden sie trotzdem positiv getestet werden.

Ist das behauptete Virus funktionsfähig?

Wenn nur Teile von behaupteten Viren oder defekte Viruspartikel vorhanden sind, die nicht infektiös sind, würden sie immer noch positive Tests ergeben. Die Tests beweisen nicht, dass ein pathogenes, vermehrungsfähiges Virus vorhanden ist.

Der konstruierte Erbgutstrang (SARS-CoV-2) besteht aus 29903 bp und insgesamt 10 Genen.

Von 2 "Genen", was ungefähr einer Länge von 6.000 Nukleotiden entsprechen würde, werden mittels PCR nur Bruchteile mit einer Länge von ca. 250-280 Nukleotiden "nachgewiesen", einige Primer der PCR-Test weisen lediglich 37bp nach, woraufhin unzulässiger Weise behauptet wird, dass man das Vorliegen dieser 2 Gene bewiesen hätte. In Wirklichkeit weist man nicht einmal das nach, sondern RNA-Moleküle, die zufällig in ungefähr dieser Länge vorliegen.

Kann RT-PCR zwischen infizierten und nicht infizierten Viren unterscheiden?

Selbstverständlich kann er das nicht.

Ein PCR-Test dient lediglich zur Überprüfung eines sehr kurzen Sequenzabschnitts <1%, basierend auf einem theoretischen, konstruierten Erbgutstrang. Der Test selbst kennt die Herkunft des genetischen Materials nicht und kann keine Aussage über deren Eigenschaften geben.

Jeder Testkithersteller vermerkt in seiner Betriebsanleitung, dass dieser Test lediglich für Forschungszwecke geeignet ist und nicht für diagnostische Zwecke eingesetzt werden kann.

Wie RT-PCR im Detail funktioniert

Die folgenden Schritte werden verwendet, um auf bestimmte RNA zu testen:

Die RNA muss aus einer Probe extrahiert werden. Dies muss sorgfältig durchgeführt werden, um sicherzustellen, dass die DNA eliminiert wird und dass keine Chemikalien enthalten sind, die weitere Schritte hemmen könnten. Es ist unmöglich, die absolute Reinheit der RNA zu gewährleisten.

Die RNA muss in komplementäre DNA (cDNA) umgewandelt werden. Dies geschieht mit Hilfe des Enzyms Reverse Transkriptase und ist nie sonderlich effizient (50%). Die Menge der produzierten DNA kann erheblich variieren, abhängig von zahlreichen Faktoren, vielleicht um den Faktor 10 (früher war es der Faktor 100).

Im PCR-Teil des Verfahrens liegt cDNA mit Primern und einer Sonde (und möglicherweise etwas Streu-DNA aus der Probe) vor. Die Primer grenzen den Anfang und das Ende der cDNA ab, die vervielfältigt werden soll. Bei jedem Zyklus dieses Prozesses (eigentliche PCR) wird die Menge der DNA ungefähr verdoppelt. An der Sonde sind fluoreszierende Marker angebracht, so dass bei jedem Schritt mit Hilfe der Lichtmenge abgeschätzt werden kann, wie viel DNA erzeugt wurde.

Optional kann die resultierende DNA sequenziert werden, um genau zu bestimmen, was die Basen ("Kette von vier verschiedenen DNA-Perlen") sind.

Bei jedem Schritt können Fehler und Ineffizienzen auftreten. Es ist nicht möglich, die Mengen tatsächlich abzuschätzen, es sei denn, die Reaktion wird mit einer bekannten Menge einer anderen RNA

"gespickt", die ebenfalls dupliziert wird. Dann kann die Anzahl der PCR-Zyklen grob mit der ursprünglichen Materialmenge korreliert werden.

Gibt es Beweise, dass es Probleme gibt, oder ist dies nur eine Hypothese?

Es gibt inzwischen mehrere Arbeiten, die im Wesentlichen unmögliche Testergebnisse veranschaulichen. Eine Arbeit aus China berichtete über aufeinanderfolgende Testergebnisse, die entweder als negativ (N), positiv (P) oder zweifelhaft (D, vermutlich intermediär) definiert wurden. Ergebnisse für 29 Personen mit unerklärlichen Ergebnissen von etwa 600 Patienten waren: 1 DDPDD 2 NNPN 3 NNNPN 4 DNPN 5 NNNDP 6 NDP 7 DNP 8 NDDPN 9 NNNDPN 10 NNPD 11 DNP 12 NNNP 13 PPNDPN 14 PNPPP 15 DPNPNN 16 PNNP 17 NPNNP 18 PNP 19 NPNP 20 PNP 21 PNP 22 PNP 23 PNP 24 PNDDP 25 PNPNN 26 PNPP 27 PNP 28 PNP 29 PNP. Eine Studie aus Singapur führte fast täglich Tests an 18 Patienten durch, und die Mehrheit ging mindestens einmal von positiv zu negativ zurück zu positiv, bei einem Patienten bis zu viermal. In China haben sie festgestellt, dass 5-14% der Patienten, die nach zwei aufeinanderfolgenden negativen Tests entlassen wurden, später wieder positiv getestet wurden, in der Regel ohne neue Symptome. In Südkorea berichteten sie kürzlich über 91 solcher Patienten. Ein 68-jähriger Chinese ging mit Symptomen ins Krankenhaus und wurde positiv getestet. Nachdem seine Symptome abgeklungen waren und er zweimal negativ getestet worden war, wurde er entlassen. Aber er wurde erneut positiv getestet, wieder aufgenommen, wieder entlassen, erneut positiv getestet, wieder aufgenommen und dann ein drittes Mal entlassen.

PCR - Was bedeutet der CT-Wert

Der CT-Wert beschreibt, wie oft ein Genfragment aus der Patientenprobe vervielfältigt werden muss, bevor ein zugesetzter fluoreszierender Farbstoff in Verbindung mit dem behaupteten "Erreger-Genfragment" signifikant leuchtet. Sitzt dieser beispielsweise bei 30 Vervielfältigungszyklen, erhält man bei einer Ausgangsmenge von 1, ungefähr eine Milliarde Mal mehr Material als am Anfang.

Schlussfolgerungen

Der RT-PCR-Test für das Coronavirus scheint darauf ausgelegt zu sein, möglichst viele positive Tests zu erzeugen. Die Angst, ein "echtes" Positiv zu verpassen, ist so groß, dass diejenigen, die die spezifische

Testmethodik auf der Grundlage von RT-PCR entwickeln, das Risiko falsch positiver Ergebnisse völlig ignorieren. Falsch-positive Ergebnisse lassen die behauptete Epidemie größer erscheinen und rechtfertigen die völlige Abschaltung der Wirtschaft, das Einschließen der Menschen in ihren eigenen vier Wänden und die Zerstörung von so ziemlich allem im Leben der Menschen, was ihnen Freude bereitet.

Da der Nachweis für ein krankmachendes Virus nicht vorliegt, zeigt der Test lediglich körpereigene Sequenzen an.