

ERDOGAN ERCIVAN

A background of red, spiky coronavirus particles of various sizes, some appearing to be in motion or overlapping.

CORONA

KOMPLOTT

Eine kontrollierte Neuordnung
der Welt mit synthetischen Viren?



Erdogan Ercivan
Corona-Komplott

«Bookwire»

Ercivan E.

Corona-Komplott / E. Ercivan — «Bookwire»,

Verschweigt uns die Politik die Wahrheit über SARS-CoV-2 absichtlich?
Während einige Bürger die Existenz des SARS-CoV-2 noch immer anzweifeln und gegen die Lebenseinschränkenden Maßnahmen durch die Bundesregierung demonstrieren, wissen viele der gutgläubigen Mit-Demonstranten überhaupt nicht, welcher Gefahr sich jeder einzelne tatsächlich durch das Coronavirus aussetzt! Tatsächlich existieren aktuell zwei Subtypen des SARS-CoV-2: Während 30 % vom harmlosen S-Typ im schlimmsten Fall leichte Grippe-Symptome verursachen, greifen 70 % vom gefährlichen L-Typ direkt die Atemwegszellen und das Immunsystem des Menschen an. Die Krankheitsverläufe enden dann zum Teil mit tödlichem Verlauf!
CORONA-KOMPLOTT ist nicht nur eine akribische Detektivarbeit, in der die Hintergründe der Corona-Pandemie umfangreich aufgedeckt werden. In dem Buch wird auch detailliert aufgezeigt, wer tatsächlich an dem perfiden Plan beteiligt ist! Warum haben Politiker bei diesen kriminellen Machenschaften stets weggesehen? Die aktuelle Pandemie dient nicht nur kurzfristigen Einnahmen, sondern einer langangelegten globalen neuen Weltordnung, die bis zum Jahr 2030 abgeschlossen sein wird. Und die Politik ist an dieser Umgestaltung beteiligt!
Der Wissenschaftsjournalist Erdogan Ercivan deckt ungeheuerliche Wahrheiten auf, von denen in öffentlichen Meinungen bislang immer geschickt abgelenkt worden ist!

© Ercivan E.

© Bookwire

Содержание

CORONA	6
Inhaltsverzeichnis	7
VORWORT	8
Kapitel 1	10
Verschleierte Pandemie?	11
Eiserne Hand?	14
Verlorene Tote?	16
Weltverschwörung?	18
Teuflische Absichten?	20
Verdächtige Patente?	22
Herkunft 2019-nCoV?	23
Planvolle Manipulation?	25
2019-nCoV synthetisch?	26
Bittels Bestätigung?	28
HeLa Bestandteile?	30
Vorsätzlich infiziert?	33
Ungehörte Warnungen?	35
Kuriose Informationen?	36
Gefangene Fledermäuse?	38
Unfall oder Vorsatz?	40
Kapitel 2	41
Herkunft bestimmt?	43
Böse Chinesen?	44
Unvollständige Daten?	46
Gefährlichere Viren?	48
Sinnlose Forschung?	50
Falsche Batwomen?	51
Gefährliche Tests?	53
GOF-Stopp?	55
Genehmigte GOF?	57
Neuer Widerspruch?	58
Labor-Aussaat 2019-nCoV?	60
Aussaat Bestätigung?	61
Nobelpreisträger bejaht?	63
Carica Papaya?	65
HIV und 2019-nCoV?	67
BLAST bestätigt HIV?	69
HIV synthetisch?	70
Erklärungsnot "Nature"?	71
Abwehr geschwächt?	73
Falsche Blutsorte?	74
Kuriose Verbindungen?	76
Ausbruchszeit unbekannt?	77
Конец ознакомительного фрагмента.	78

ERDOGAN ERCIVAN

CORONA KOMPLOTT

Eine kontrollierte Neuordnung der Welt mit synthetischen Viren?

//////////////////// SILBERSCHNUR  VERLAG

Alle Rechte vorbehalten.

Außer zum Zwecke kurzer Zitate für Buchrezensionen darf kein Teil dieses Buches ohne schriftliche Genehmigung durch den Verlag nachproduziert, als Daten gespeichert oder in irgendeiner Form oder durch irgendein anderes Medium verwendet bzw. in einer anderen Form der Bindung oder mit einem anderen Titelblatt als dem der Erstveröffentlichung in Umlauf gebracht werden. Auch Wiederverkäufern darf es nicht zu anderen Bedingungen als diesen weitergegeben werden.

Copyright © 2020 Verlag "Die Silberschnur" GmbH

ISBN: 978-3-89845-670-8

eISBN: 978-3-89845-683-8

1. Auflage 2020

Gestaltung & Satz: XPresentation, Göllesheim

Umschlaggestaltung: XPresentation, Göllesheim; unter Verwendung

verschiedener Motive: Virus: © geralt, pixabay.com; Doppelportrait: 127055837

© picture-alliance / Reuters / K. Lamarque / Hintergrund bearbeitet; Flaggen:

© Motortion Films, shutterstock.com

Verlag "Die Silberschnur" GmbH · Steinstraße 1 · D-56593 Göllesheim www.silberschnur.de

· E-Mail: info@silberschnur.de

Inhaltsverzeichnis

[Vorwort](#)

[Kapitel 1 – Die Labore Xi Jinpings](#)

[Kapitel 2 – Virenkomplott](#)

[Kapitel 3 – Made in USA?](#)

[Kapitel 4 – Ugly Sam](#)

[Kapitel 5 – Impfen tödlich](#)

[Kapitel 6 – Chaos Pandemie](#)

[Kapitel 7 – Schleichend enteignet](#)

[Kapitel 8 – Unsichtbare Ordnung](#)

[Kapitel 9 – Veränderte Welt](#)

[Nachwort](#)

[Anhang – Blind vertraut](#)

[Literaturverzeichnis](#)

[Bildnachweise](#)

[Danksagung](#)

[Über den Autor](#)

VORWORT

Ganz offensichtlich wird es die Welt, wie wir sie noch bis zum 10. März 2020 kannten, in dieser Form nicht mehr geben. Das liegt vor allem an einem Eindringling aus der Mikrowelt, der das gesellschaftliche Miteinander von einem Tag auf den anderen – überall auf der Welt – auf den Kopf gestellt hat: das Coronavirus. Wie alle Viren hat auch dieses nur eine Aufgabe: sich zu vermehren und auszubreiten! Dieses Ziel ist von der Natur so einprogrammiert, ganz egal welchen Schwierigkeiten das Virus auf seinem Weg begegnet.

Als Kanzlerin Angela Merkel wegen der drohenden Pandemie gegen 21.00 Uhr den Notstand für Deutschland ausrief, machte sie schon vor ihrer Rede ein sehr besorgtes Gesicht, gerade so, als ob sie noch viel mehr von ihrem geheimen Wissen mitteilen wollte. Offenbar wusste sie schon, dass das 2019-nCoV-Virus auch neue “synthetische” Hilfskomponenten besitzt, die, neben der Fähigkeit zur eigenständigen Replikation, insbesondere menschliche Wirtszellen für ihren Stoffwechsel angreifen. Gerade die Altersgenossen der Kanzlerin können durch den Virusangriff schwer erkranken und schnell ihr Leben verlieren. Chronisch kranke und Menschen ab 55 Jahren zählen zur Risikogruppe! Doch wie konnte Angela Merkel schon im September 2019 allen Bürgern im Fernsehen eine 10-tägige Vorratshaltung empfehlen, obwohl eine Pandemie erst sechs Monate später ausgerufen wurde? Wusste die Kanzlerin längst über das Coronavirus Bescheid?

Während US-Präsident Donald Trump sagt, dass es sich bei 2019-nCoV um ein “ausländisches”, ein “China-Virus” handelt, das “aus einem Labor stammt” (!), lässt Chinas Xi Jinping die Vorwürfe von Außenamtssprecher Geng Shuang in Peking als “unverschämte Lügen” abweisen. Die Institutsprofessorin Zheng-Li Shi in Wuhan entgegnet sogar: “Ich schwöre bei meinem Leben, 2019-nCoV hat nichts mit unseren Laboren in Wuhan zu tun.” – Alles nur Ablenkung? Wer ist tatsächlich für 2019-nCoV verantwortlich?

Die Virologie entwickelt auf der ganzen Welt immerzu irgendwelche gewinnbringenden “Mittel” gegen Viren, die wir ohne sie offenbar aber gar nicht erst hätten! Deshalb ist es mehr als merkwürdig, dass uns Politiker und Virologen noch immer verschweigen, das 2019-nCoV ganz offensichtlich aus Bestandteilen von Gebärmutterhalskrebszellen (HeLa), HIVDNS, Ebola-RNS und SARS-CoV zusammengesetzt worden ist und in der Natur in dieser Form überhaupt nicht vorkommt. “Das lässt sich nur mit molekularen Instrumenten herstellen, die sich einzig und allein in einem Labor befinden”, sagt Nobelpreisträger Professor Luc Montagnier. Dann kann 2019-nCoV nur als Auftragsarbeit in Form einer “synthetischen Aussaat” erstellt worden sein, die offenbar einen ganz bestimmten Zweck erfüllen soll. Doch welchen? Die Neuordnung der Welt?

Das Leben der 7,7 Milliarden Einwohner der Erde wird im Neokapitalismus lediglich von 200 Akteuren des Weltfinanzwesens beherrscht, wo Vermögensverwalter, Fondsmanager, Scheichs, Oligarchen und Familiendynastien spekulieren, investieren und ein Vermögen von ungefähr 51.000.000.000.000 US-Dollar hin- und herschieben. Dem gegenüber bestehen ungedeckelte Realschulden von insgesamt 188.000.000.000.000 US-Dollar, die mit Investitionsverschuldungen aus Giralgeldern (GeistGeld/GhostMoney) etwa viermal so hoch liegen. Weil aus dieser undurchsichtigen Situation heraus Bargeld inzwischen zu einer “Waffe” mutiert ist, wollen 200 “schwerbewaffnete” Akteure den Bürger in Zukunft mit einem Bargeldverbot entwaffnen, um ihre eigenen Interessen zu schützen – und die Politik hilft dabei! In einer bargeldlosen Welt gäbe es nämlich keine Untergrenze mehr für den Zins, und die Elite könnte jederzeit Konjunkturschwächen und falsche Entscheidungen in der Politik auf Kosten der Solidargemeinschaft durch Minuszinsen ausgleichen – und all das mit nur einem Verlierer: dem Volk.

Der Mensch der Zukunft bekommt schon als Baby ein Chipimplantat eingesetzt, das 2002 als Diebstahlüberwachung in der Lübecker Uni-Klinik begann und als Lebensüberwachung mit einem Bürgerpunktesystem enden wird. “Über die ungewöhnliche Überwachung hat sich in Lübeck

noch keine Mutter beschwert“, sagt Dr. Eduard Malik voller Zuversicht. Verwaltet wird die neue Weltordnung mit “Quantencomputern”, an denen gleich mehrere Nationen arbeiten, doch nur die US-Amerikaner können hier mit einer erfolgreichen Entwicklung aufwarten. Nach der Fertigung des supraleitenden Prozessors “Sycamore” mit 54 Quantenbits von Google gaben die Spezialisten um John Martinis und Sergio Boixo von der Quantenforschungsabteilung im September 2019 bekannt, dass die Leistungsfähigkeit von “Sycamore” die ihr gestellten Aufgaben in nur 200 Sekunden lösen könne – zum Vergleich: Die schnellsten Supercomputer der Welt benötigten dafür rund 10.000 Jahre. Mit dem “Quantencomputer” besitzen die zum Teil “unsichtbar” bleibenden Akteure hinter der US-Regierung einen großen Vorteil gegenüber anderen Nationen und können, ohne Kriege zu führen, die “Weltmacht” an sich reißen. Kollateralschäden sind auf diesem Weg selbstverständlich eingeplant, solange die Elite nicht selbst davon betroffen ist!

Einen dieser Kollateralschäden konnte 2020 jeder miterleben: Ältere und Kranke bilden nicht nur einen unliebsamen Kostenapparat für jeden Staat, sondern verbrauchen auch die Ressourcen eines jeden Landes, ohne im Alter einen nachvollziehbaren Nutzen für die Gesellschaft zu erbringen – so zumindest die Meinung der Elite. Es existiert aber auch eine rassenspezifische virale “Aussaat”, die zum Beispiel nur gegen Araber, Chinesen, Kaukasen oder Schwarze eingesetzt werden kann und nur diese Ethnien trifft! Während es deutschen Politikern, wie dem Tübinger Oberbürgermeister Boris Palmer, offenbar ganz egal ist, wen das Virus tötet, weil Ältere oder Kranke angeblich “in einem halben Jahr sowieso gestorben wären”, sagt der Bundestagspräsident Wolfgang Schäuble: “Aber wenn ich höre, alles andere habe vor dem Schutz von Leben zurückzutreten, dann muss ich sagen: Das ist in dieser Absolutheit nicht richtig. Grundrechte beschränken sich gegenseitig. Wenn es überhaupt einen absoluten Wert in unserem Grundgesetz gibt, dann ist das die Würde des Menschen. Die ist unantastbar. Aber sie schließt nicht aus, dass wir sterben müssen.”

Auch wenn viele Politiker scheinheilig wie “Helfer in der Not” auftreten, wissen sie längst, dass für die Neuordnung der Welt in Wahrheit von 200 Akteuren und ihren Helfern ein perfider Plan in Form der “Corona-Pandemie” ausgeheckt worden ist. Was bleibt, ist die Angst, die auf Jahre hinaus nicht nur der Impfindustrie Billionen an garantierten Einnahmen sichern wird ...

Kapitel 1

DIE LABORE XI JINPINGS

Als am Mittwoch, den 27. November 2019 die Sonne von der Frühe bis in die späten Abendstunden zwischen den Zangen des Sternbildes Skorpion hin- und herwanderte, kennzeichnete dieses Ereignis ein bis in uralte Zeiten zurückreichendes Himmelsphänomen und ein besonderes Datum. Die “Zangen des Skorpions” nahmen dabei die “Sonnenkinder” symbolisch in ihren “Würgegriff” und sagten ein “großes Unheil” voraus. Diese von der übrigen Welt kaum bemerkte, aber sehr merkwürdige Sternen-Sonnen-Konstellation fand nicht nur am 5.000. Todestag des altägyptischen Skorpionkönigs “Wh⁵ Srq” und dem der Skorpiongötter DIN.GIR der Sumerer statt, sondern entspricht auch dem Tag, an dem ein “großes Unheil die Menschheit bedrohen” wird, was eine späte, nachträgliche Bestrafung der Götter darstellen soll.

Welche Götter sollen das denn sein? In unserer Gegenwart existieren neben dem Monotheismus doch gar keine Götter. Oder sind damit geheime Kontakte bestimmter Regierungen zu “außerirdischen Zivilisationen” gemeint, von denen die Normalbevölkerung in aller Regel immer nur Bruchstücke erfährt? Und mit welchem “großen Unheil” auf der Erde lassen sich gleich “alle Menschen” auf einmal bestrafen? Eine kosmische Katastrophe vielleicht?

Tatsächlich erreichte am 29. April 2020 der eiförmige, etwa vier Kilometer große Asteroid “1998 OR2” die Erde, der seit Beginn seiner Aufzeichnungen von Astronomen als “potenziell gefährlich” eingestuft wurde. Es gab jedoch keinen Grund, in Panik zu verfallen, weil “1998 OR2” ungefähr 6,3 Millionen Kilometer entfernt an der Erde vorbeizog und dadurch keine Gefahr mehr für die Menschen darstellte. Doch antike Keilschrifttexte aus dem Schöpfungsmythos der Sumerer berichten, dass, bevor die Menschen “durch Feuer” und eine “große Sintflut” bestraft wurden, die allererste Götterstrafe aus seltsamen, wachsenden und sich häufenden Krankheiten bestand, die bei den Leuten am Schluss “hohes Fieber” und “Schüttelfrost” verursachten, woraufhin der Mensch kurz danach verstarb. Ein synthetisches Virus von den Göttern des ersten Zeitalters, das gegen die Menschen eingesetzt wurde?

Verschleierte Pandemie?

Der chinesische Augenarzt Li Wenliang (1986-2020) hat am 30. Dezember 2019 in einer Online-Diskussionsgruppe von Medizinern und Studenten – genau wie in den antiken Schriften – auf eine auf mysteriöse Weise wachsende Anzahl von neuen Virusfällen in der 11-Millionen-Metropole Wuhan hingewiesen. Dabei wurden bei den Menschen durch das Virus vornehmlich die Atemwege angegriffen, und nach “hohem Fieber” und “Schüttelfrost” sind die meisten der Erkrankten verstorben. Eine Strafe der Götter?

Der Augenarzt verneinte und warnte in der Diskussionsgruppe stattdessen vor einer Wiederkehr des “Severe Acute Respiratory Syndrome-Coronavirus 2” (“Schweres Akutes Respiratorisches Syndrom”), das als SARS-CoV bereits vor zwei Jahrzehnten China heimsuchte. 2002 war in der chinesischen Provinz Guandong eine Virusepidemie ausgebrochen, die sich bis zum Juli 2003 in 37 Ländern ausbreitete und insgesamt 8094 Menschen mit dem SARS-CoV infizierte, wovon 774 verstarben. Li Wenliang erkannte als Arzt schnell dieselben Symptome wie bei SARS-CoV, an denen jetzt die Bevölkerung in Wuhan litt.



Abb. 1

Augenarzt Dr. Li Wenliang

Doch schon kurz nach der Warnung des Augenarztes waren acht Teilnehmer an seiner Diskussionsgruppe von der Polizei wegen “Verbreitung von Gerüchten” vorgeladen und verwarnt worden. Die Teilnehmer mussten eine Erklärung unterschreiben, dass sie nichts mehr über den Ausbruch einer ominösen Viruskrankheit enthüllen und im Internet verbreiten würden. Die Zentralregierung in Peking befürchtete durch solche Veröffentlichungen weitere negative Auswirkungen auf die chinesische Wirtschaft, nachdem in jüngster Zeit die Beziehungen zu den

USA unter Präsident Donald Trump recht angespannt waren. Während sich das “neue” Coronavirus als Krankheit 2019-nCoV allmählich zur globalen Pandemie ausbreitete, ist ihm somit ein weiteres gefährliches Virus ganz dicht auf dem Fuße gefolgt: die Geißel von chinesischen Politikern und Behörden, die wichtige Daten verschleierten, Informationen unterdrückten und nicht nur ihre Bürger über die Virusseuche falsch informierten. Die große Desinformation für den Rest der Welt brach am Anfang der 2019-nCoV-Pandemie also ebenfalls zuerst im chinesischen Wuhan aus – und das nur, um wirtschaftliche Interessen zu schützen!

Li Wenliang wurde ebenfalls beschuldigt, unlautere Nachrichten verbreitet zu haben, und wurde mitten in der Nacht von den Gesundheitsbehörden vorgeladen. Er musste sogar schriftlich eingestehen, in seinem Chat “falsche Kommentare” abgegeben zu haben. Seine Warnungen blieben damit bis auf Weiteres unbeachtet, und nachdem er sich nur einige Zeit später bei einer Patientin selbst mit 2019-nCoV infizierte, ist der Augenarzt am 7. Februar 2020 mit nicht einmal 34 Jahren an dem mysteriösen “Coronavirus” verstorben.

Eiserne Hand?

Als die Pandemie in der chinesischen Region Einzug hielt, wurde Wuhan von Anfang an zum Spielplatz zweier unterschiedlicher Plots: einer sanitären, von der Regierung genehmigten Version von Ereignissen – und einer ganz anderen Realität vor Ort. Privatpersonen posteten Handyvideos, als in der Stadt die Quarantäne mit brutaler Gewalt verhängt wurde. Nachbarn und Passanten wurden durch Korridore getrieben und wie im Holocaust des Zweiten Weltkriegs in Lieferwagen getreten. Einfache Arbeiter schrien Menschen an, hämmerten dabei mit Brettern Türen von Wohngebäuden zu und schränkten sie so massiv in ihrer Bewegungsfreiheit ein. Die Videos von den schrecklichen Bildern wurden alle in YouTube eingestellt. Doch parallel zu diesen schockierenden Bildern veröffentlichten in der Zwischenzeit staatlich kontrollierte Medien einen steten Strom fröhlicher Videoschnipsel, die angebliche Viruspatienten zeigten, die neben ihren Krankenhausbetten tanzten, sowie glückliche Mitarbeiter des Gesundheitswesens, die sich die Haare rasierten, um damit die Hygiene zu fördern.

Von da an wurde es immer schlimmer. Mindestens drei chinesische Bürgerjournalisten (Fang Bin, Chen Qiushi, Xu Zhiyong), die über das Virus berichtet haben, sind ebenfalls in Haft verschwunden, so dass ihr Aufenthaltsort lange Zeit unbekannt blieb. Ein ehemaliger Fernsehjournalist der chinesischen Regierung filmte dabei sogar seine eigene Verhaftung; das Video kann noch immer auf YouTube angeschaut werden (obwohl es in China wahrscheinlich zensiert wird). Nachdem der Essayist und Aktivist Xu Zhiyong die Reaktionen des chinesischen Präsidenten Xi Jinping auf das Virus kritisiert hat, befindet er sich ebenso in “geheimer Haft”, wobei dem Juristen eine 15-jährige Haftstrafe wegen “Subversion” droht.

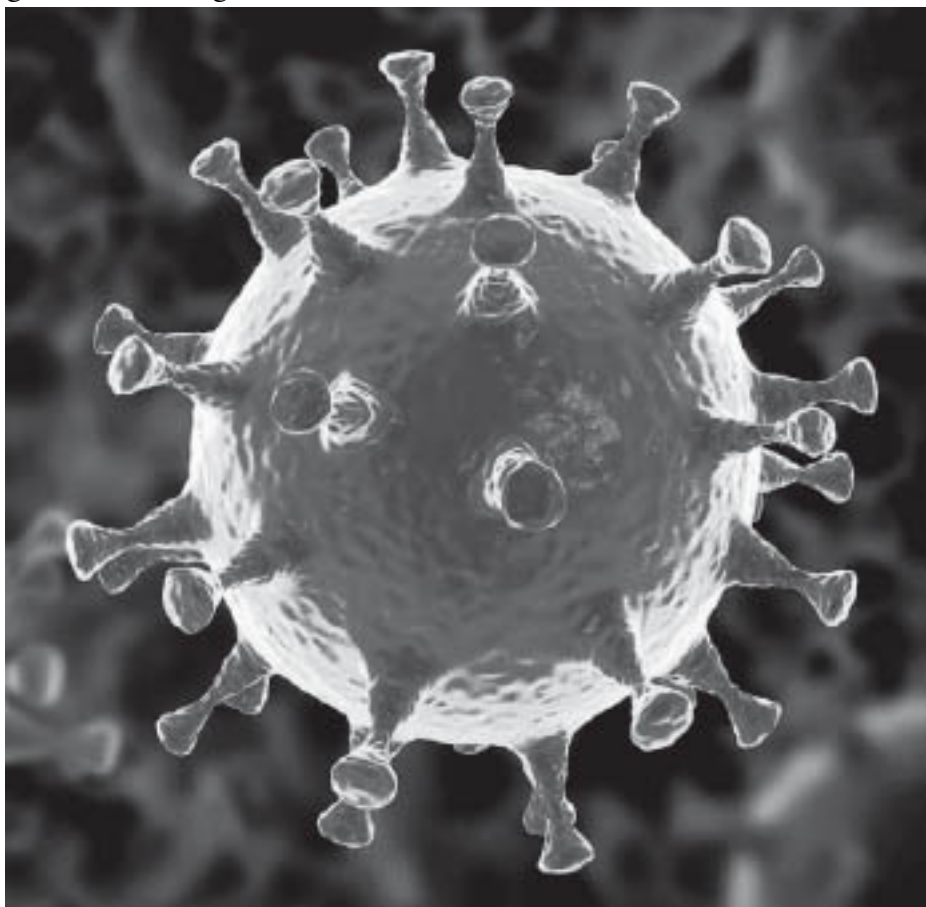


Abb. 2

Das Coronavirus

Nach mehreren panischen Wochen hat der chinesische Präsident Xi Jinping dann eine Propagandaoffensive gestartet, um sein Handeln sowohl einer zunehmend wütenden Bevölkerung als auch einer skeptischen Welt im Ausland zu erklären. Denn wegen seiner Verzögerungstaktik und seiner zurückhaltenden Informationspolitik wurde der Präsident zunehmend nicht nur im Ausland, sondern auch von Chinesen immer öfter kritisiert. Daraufhin drängte Xi Jinping sein Politkomitee aggressiv auf eine Gegendarstellung, die den vorbildlichen chinesischen Umgang mit dem Virus sowie Beweise für die Tugenden des autoritären Systems zeigen sollte. Die Zentralregierung in Peking versprach, für die Zuschauer überall dort vorbildlicher aufzutreten, wo Wuhan-Beamte bislang versagt hatten.

Beamte der Zentralregierung haben dann sowohl der Öffentlichkeit als auch externen Gruppen wie der Weltgesundheitsorganisation (WHO) mehr Transparenz zugesagt und sogar eine "Whistleblower-Hotline" in die äußerst beliebte "WeChat-Messaging-App" eingeführt. Doch sind solche Maßnahmen ungefähr so überzeugend wie ein Chef des organisierten Verbrechens, der eine "Start Snitching"-Kampagne startet. Mangelnde Transparenz und die Angst, sich in das teils undurchsichtige Gewebe von Xi Jinpings China einzumischen, können für eine Krise nicht einfach weggeworfen werden. Transparenz ist kein Fenster, das nach dem Willen des Staates geöffnet und geschlossen werden kann, wenn er dies für nützlich hält. Selbst wenn die Behörden der Zentralregierung möglicherweise wirklich Transparenz wollten – schon allein, damit sie selbst wissen, was los ist. Aber sie wollten offensichtlich trotzdem keine auf ganzer Linie, sondern nur zu diesem einen spezifischen Thema.

Verlorene Tote?

In Wahrheit schien die Epidemie in China weit über das bis dahin öffentlich bekannt gemachte Maß fortgeschritten zu sein. Tatsächlich wurden am 1. Februar 2020 akribische Zahlen mit Datenserien veröffentlicht, was ganz offensichtlich einer “Panne” in der Amtsstelle der Wuhan-Beamten zuzuschreiben war. Sie veröffentlichten vollkommen andere Zahlen von erkrankten und verstorbenen Chinesen, als die chinesische Zentralregierung in Peking bis heute zugeben will. Danach gab es bis zu diesem Tag 154023 Erkrankte, 79808 Verdachtsfälle, 24589 Tote und 269 wieder genesene Personen. Doch nachdem das “Versehen” festgestellt und aus Peking gerügt wurde, stellten die Verantwortlichen am 2. Februar 2020 völlig andere offizielle Zahlen und Datenreihen vor. Jetzt waren es nur noch 14446 Erkrankte, 19544 Verdachtsfälle, 304 Tote und 351 wieder genesene Personen. Xi Jinping ließ die Erkrankten um 140.000 Personen, die Verdachtsfälle um 60.000 Personen und die Todesfälle um 24.000 Personen einfach nach unten korrigieren. Nachdem auch die aktuellen chinesischen Zahlen im Laufe der Zeit wegen ihrer Unverhältnismäßigkeiten im Ausland immer wieder angezweifelt wurden, hat die Zentralregierung am 17. April 2020 die Todesfälle um 1290 Personen nach oben korrigiert und dabei immer noch 22710 Tote einfach unter dem Teppich gekehrt. China gibt also immer nur das zu, was nicht mehr zu verbergen ist!



Abb. 3

Xi Jinping während der Coronakrise

In Wuhan wurden allerdings zudem viele Leichen eingeäschert, ohne die Todesursache – womöglich durch ein Coronavirus – festzustellen, so dass viele Fälle überhaupt nicht registriert sind. Dadurch ist die Situation äußerst schwierig geworden, weil man nicht mehr sagen kann, wie tödlich das Virus am Anfang tatsächlich gewesen ist. Es gibt definitiv keine wirklich neue Transparenz in

China. Viele im Westen sind jedenfalls auf die Erzählungen Xi Jinpings hereingefallen, in denen er schließlich auch verkündete, in seinem Land seien seit dem 18. März 2020 keine Infektionen mehr vorgekommen und die, die es gebe, würden lediglich von Reisenden aus dem Ausland eingeschleppt. Trotz all dieser Umstände und noch immer nicht wirklich transparenter Zahlen von Fällen, plant die Regierung um Xi Jinping sogar die Veröffentlichung eines Buches, das aus dem Mandarin in fünf Sprachen übersetzt wird und den chinesischen Sieg über das Coronavirus verkündet. Nicht verkündet wird dabei allerdings, dass es sich bei all den positiven Berichten nur um “einseitige” handelt, da ausländische und insbesondere amerikanische Journalisten von der Zentralregierung in Peking zuvor außer Landes verwiesen worden sind.

Nachdem die WHO am 11. März 2020 für die restliche Welt eine Pandemie ausrief, hatte das neue Coronavirus aus dem chinesischen Wuhan inzwischen die entlegensten Gebiete der Erde erreicht und die Welt in seinen “Zangengriff” genommen. In Europa waren insbesondere Spanien und Italien mit der Situation mehr als überfordert und hatten bis dahin die meisten Todesfälle zu beklagen. Die Präsidentin der Europäischen Kommission, Ursula von der Leyen, musste im März 2020 eingestehen: “Die Politik hat die Lage mit dem Coronavirus vollkommen unterschätzt.”

Weltverschwörung?

War das Coronavirus ein Anschlag auf die Menschheit? Lag der Pandemie eine vorsätzliche Absicht zugrunde, die Welt bewusst ins Chaos zu stürzen, um sie dann wieder neu zu ordnen? Haben wir es bei dem Einsatz von 2019-nCoV in Wahrheit mit einer großangelegten Verschwörung zu tun?

Auch wenn Psychologen den Anhängern von Verschwörungstheorien keine Geisteskrankheit unterstellen, so deutet die Mehrzahl der “Seelenklemmer” solche Vorstellungen doch zumeist als eine krankhafte “Paranoia” des Menschen, der diesen “irrsinnigen” Theorien nachgeht. Als Verschwörungstheorie wird im weitesten Sinne der Versuch bezeichnet, ein Ereignis oder eine besondere Entwicklung einer “unlogisch” erscheinenden Sachlage durch eine Verschwörung zu erklären. Diese soll, durch das zielgerichtete, konspirative Wirken einer meist kleinen, eingeweihten Gruppe von mächtigen Akteuren, zu einem meist illegalen oder illegitimen Zweck genutzt werden. Verbirgt sich hinter dem 2019-nCoV also die Absicht einer geheimen Gruppe von mächtigen Akteuren oder haben wir es nur mit einem zufällig “mutierten” Virus aus der Tierwelt zu tun, das nun die Menschheit bedroht?

Eigentlich galt die von SARS-CoV ausgehende Gefahr einer Infizierung von Menschen längst als behoben, weil 2002 die schnelle Reaktion der WHO das Problem der entstandenen Pandemie zeitnah gelöst hatte. Doch woher das Virus tatsächlich kam, war lange Zeit unklar. Erst im März 2003, als kanadische Wissenschaftler 29.700 Basenpaare aus der Gensequenz dieser Viren ermitteln konnten, wurde SARS-CoV einer Fledermausart zugewiesen und man sah klarer. Die Sequenzierung eines gesamten Virus war bis dahin zuvor nur dreimal gelungen: zuerst bei der “Phage Phi X 174”, einer Bakteriophage, dann beim “Polio-Virus” und nur etwas später auch beim Influenzavirus der “Spanischen Grippe” (A/H1N1).

Eine Besonderheit der “Spanischen Grippe” war es, dass ihr vor allem 20- bis 40-jährige Menschen erlagen und auch schwangere Frauen im letzten Drittel ihrer Schwangerschaft extremst gefährdet waren. Ungeachtet des irreführenden Namens, der auf falsche zeitgenössische Zeitungsmeldungen zurückgeht, sind die meisten Wissenschaftler heute davon überzeugt, dass die Pandemie durch A/H1N1 ihren Ursprung nicht in Spanien, sondern in den USA hatte und weltweit über 50 Millionen Todesopfer forderte.

Auch wenn die Umstände des Ausbruchs noch immer nicht restlos geklärt sind, gelten die Nachrichten als sicher, dass die “Spanische Grippe” Soldaten mitbrachten, die im März 1918 in Ausbildungslagern der USA für den Einsatz im Ersten Weltkrieg vorbereitet wurden. Zum Jahresanfang 1918 behandelte dort der Landarzt Loring Miner (1860-1935) zahlreiche Patienten in “Fort Riley” (Haskell County, Kansas), deren Grippesymptome überdurchschnittlich heftig waren. Bei einem Ausbruch am 4. März 1918 gab es innerhalb einer Woche bis zu 500 erkrankte Soldaten, die ins Krankenhaus eingeliefert wurden. Den Krankheitsverlauf schildert Miner als rasend schnell und gelegentlich tödlich. Miner war über diesen Krankheitsausbruch so beunruhigt, dass er sich an den “United States Public Health Service” (PHS) des Militärs wandte, wo man seine Bitte um Unterstützung jedoch seltsamerweise ignorierte. Die von den Influenzaviren ausgelöste Pandemie erreichte im Mai 1918 aus den USA zuerst Japan, dann die Philippinen, Kanada, Mexiko und kam schließlich mit den amerikanischen Soldaten an die Westfront in Frankreich. Von dort aus verbreiteten sich die Krankheitserreger im restlichen Europa, einschließlich Spanien, Südamerika, Afrika und Asien.



Abb. 4
Fort Riley (Haskell County, Kansas) 1918

Teuflische Absichten?

Während Inflenzaviren ansonsten besonders Kleinkinder und alte Menschen gefährden, war es bei A/H1N1 auffällig, dass gerade die als Soldaten oder Freiheitskämpfer infrage kommenden 20- bis 40-Jährigen von dem Virus dahingerafft wurden. Gab es dafür besondere Gründe? Während der Virologe Jeffrey Karl Taubenberger den Erreger der Spanischen Grippe 2005 in der Fachzeitschrift "The Lancet" rekonstruierte, vertrat er die Ansicht, dass "kurz vor 1918 ein komplettes Inflenzavirus von Vögeln auf den Menschen übergegangen" sei. Doch andere Forscher widersprachen ihm und vermuteten bei A/H1N1 eine Rekombination mit Gensegmenten aus Schweine-Inflenzaviren; irgendjemand musste den Vogelvirus mit dem Schweinevirus künstlich zusammengebracht haben. Zudem konnte bei A/H1N1 eine genetische Verbindung zur seit 1872 in den USA grassierenden Pferdeinfluenza ausgemacht werden, und sieben von acht Genen des Virus hatten eine große Ähnlichkeit mit Inflenzagenen, die man nur bei Vögeln in Nordamerika fand.

Im Herbst 1918 kehrte die "Büchse der Pandora" nach Kansas zurück, und Regierungsbeamte ergriffen rasch Maßnahmen gegen die Ausbreitung der Krankheit durch A/H1N1. Samuel J. Crumbine (1862-1954) war der Sekretär des "State Board of Health" und startete eine Kampagne, um die Öffentlichkeit in Kansas über die Grippe und die Vorsorgemöglichkeiten zu informieren. Doch trotz dieser Maßnahmen wurden in Kansas immer noch Hunderte von Todesfällen gemeldet, und schließlich mussten Gesundheitsbeamte einzelne Städte in Quarantäne stellen. Durch die Schließung von Schulen, öffentlichen Versammlungen, Theatern, Gottesdiensten und die Begrenzung der Anzahl an Personen in Geschäften hofften die Regierungsbeamten in Kansas, den Ausbruch zu begrenzen und wollten verhindern, dass noch mehr Menschen erkrankten.

Doch war solch eine "teuflische Absicht" 1918 überhaupt schon möglich?

Der römische Medizinschriftsteller Aulus Cornelius Celsus (25 v. Chr.-50 n. Chr.) bezeichnete bereits vor 2.000 Jahren den Speichel, durch den die Tollwut übertragen wird, als "Virus" und berief sich dabei auf babylonische Texte, die aus seiner Zeit noch einmal bis 2.000 Jahre in die Vergangenheit zurückreichten. Der erste Nachweis eines tierischen Virus im Industriezeitalter gelang indes 1898 Friedrich Loeffler (1852-1915) und Paul Frosch (1860-1928), die das Maul- und Klauenseuche-Virus entdeckten. Man hatte sich also schon seit mindestens 20 Jahren mit Viren auseinandergesetzt, auch bei der Kriegsführung. Denn in den USA war es im Sommer 1765 der britische Feldmarschall Jeffrey Amherst (1717-1797), der den Eingeborenen zwei pockenverseuchte Decken als "Biowaffe" unterjubelte, das Ganze mit den Worten: "Wir müssen jede Methode anwenden, um diese abscheuliche Rasse auszulöschen." Danach starben Tausende von Indianern. Eine Methode, die ganz offensichtlich auch im Ersten Weltkrieg angewendet wurde. Das könnten zumindest jüngste Erfahrungen in den USA noch einmal bestätigen.



Abb. 5

Spanische Grippe in Europa

Im Frühjahr 2009 breitete sich ein neuartiger Subtyp des H1N1-Virus mit der Bezeichnung “A/California/7/2009 (H1N1)” zunächst in Nordamerika aus und verursachte bald darauf eine Pandemie. Offiziell hieß es, die pandemische Variante des Virus (pdmH1N1) sei angeblich in mexikanischen Schweinefarmen entstanden, wofür man sogar eine 2016 publizierte Studie in Auftrag gegeben hatte. Tatsächlich erhielten am 15. September 2009 vier Hersteller von Influenzaimpfstoffen (CSL Limited, Novartis Vaccines and Diagnostics Limited, MedImmune LLC, Sanofi Pasteur) von der amerikanischen “Food and Drug Administration” (FDA) die Zulassung für die Verwendung von monovalenten Influenza-A-Impfstoffen (H1N1). Wie die Entwicklung der zulassungsfähigen Impfstoffe den Pharmaunternehmen in so kurzer Zeit gelingen konnte, bleibt ein Rätsel.

Zwischen 2010 und Januar 2015 wurden, laut der EudraVigilance-Datenbank der Europäischen Arzneimittelagentur, allerdings mehr als 1.300 Fälle bei geimpften Personen bekannt, die nach der Behandlung Narkolepsie bekamen. Das ist eine lebenslang andauernde neurologische Erkrankung, die zu einer Störung des Schlaf-Wach-Rhythmus führt und sich durch eine übermäßige Tagesschläfrigkeit auszeichnet. In Schweden wurde daraufhin 2016 ein Gesetz für die Entschädigung von Betroffenen verabschiedet, während man den 86 aufgetretenen Fällen in Deutschland kaum Beachtung schenkte. Mit 29.700 Basenpaaren ist das Coronavirus allerdings viermal größer als A/H1N1 und andere Viren.

Verdächtige Patente?

Seltsamerweise hat eine Forschergruppe um Ralph S. Baric das SARS-CoV über die Vanderbilt University in Nashville nur einige Jahre nach der Pandemie 2002 zum ersten Mal “synthetisch” hergestellt und im Jahre 2008 darauf sogar ein Patent (PNAS 2008; doi: 10.1073/pnas.0808116105) angemeldet. Weil das Forschungsteam um Baric aus den Ergebnissen der Kanadier wusste, dass das Virus bei verschiedenen Fledermausarten zu finden war, einigten sich die Forscher bei der Herstellung auf einen bestimmten Fledermaustyp, aus dem dann die erforderlichen Genbausteine synthetisch modelliert wurden. Ob auch 2019-nCoV eine synthetische Weiterentwicklung des PNAS 2008 ist, werden wir im weiteren Verlauf dieses Buches noch herausfinden. Befremdlicherweise gibt es unter der Nummer EP31723119B1 auch im “European Patent Office” mindestens eine Anmeldung zur Modifizierung von SARS-CoV. Darüber hinaus haben die Chinesen unter der Patentnummer CN 1276777C selbstverständlich ebenfalls eine genetisch veränderte S-Version des SARS-CoV patentieren lassen. Aus welchem Grund aber waren diese künstlichen Eingriffe und Veränderungen in den Laboren an dem zuvor nur halb so gefährlichen Virus notwendig geworden?

Angeblich sollten gerade kleinere Modifikationen im Gen des Virusrezeptors dazu dienen, rechtzeitig Impfstoffe oder Medikamente gegen diese Bedrohung zu finden, so dass man für den hypothetischen Fall einer neuen SARS-Epidemie gewappnet war. Seltsamerweise wurden bis heute jedoch weder Medikamente noch Impfstoffe hergestellt, obwohl seit dem ersten Auftreten des SARS-CoV-Risikos zwei Jahrzehnte verstrichen sind. Darüber hinaus bilden die synthetisch hergestellten Viren seit den Eingriffen ins Genom eine vollkommen neue Gefahr und könnten außerhalb des Labors jederzeit den Beginn einer weltweiten Pandemie bedeuten, was nun ganz offensichtlich auch eingetreten ist.

Warum gab es noch immer keine Impfstoffe oder Medikamente, wenn die synthetische Herstellung des SARS-CoV nur zum Wohle des Menschen vorgenommen wurde? Wird in Wahrheit an neuen Formen von Biowaffen gearbeitet? “Keines dieser Patente hat irgendetwas mit der neuen Form von 2019-nCoV zu tun”, bekräftigt der Virologe Matthew B. Frieman von der Universität Maryland (Johns Hopkins University). Aber stimmt das wirklich? Was will man verheimlichen?

Herkunft 2019-nCoV?

Für alle Laboratorien, in denen mit gentechnisch veränderten Organismen gearbeitet wird, gilt eine Einstufung in vier biologische Sicherheitsstufen, die als S1-Labor bis S4-Labor (international BSL-1 bis BSL-4) bezeichnet werden, was in etwa der EU-Richtlinie 2.000/54/EG entspricht. In China wurde mit französischer Hilfe bis 2015 das “Wuhan Institute of Virology” (WIV) mit der internationalen bautechnischen Sicherheitsstufe BSL-4 gebaut und 2017 vollständig in Betrieb genommen. Noch vor der staatlichen Gründung der WIV betätigten sich US-amerikanische Nichtregierungsorganisationen (NRO oder English NGO) in den verschiedensten Laboren in China, ohne durch ein öffentliches Mandat dafür legitimiert zu sein, und führten dabei viele unbekannte biologische Experimente durch, die jedoch alle so illegal waren, dass die chinesischen Behörden sehr wütend reagierten.



Abb. 6
Wuhan Institute of Virology

Angeblich dienten die Aktivitäten der privaten Organisationen dazu, Leid zu mindern, die Interessen der Armen in der Öffentlichkeit zu vertreten, die Umwelt zu schützen und grundlegende soziale Dienste zu leisten. Doch insbesondere die bekannt gewordenen Versuche und Experimente, die von der renommierten Harvard Universität heimlich in China durchgeführt wurden, hatten die Behörden schon Jahre zuvor verboten. Dabei wurden seltsamerweise auch viele hunderttausend chinesische DNS-Proben gesammelt, die dann das Land verließen. Die Chinesen waren sehr besorgt, als sie erfuhren, dass die Amerikaner zu einem unbestimmten Zweck chinesische DNS sammelten. Die Zentralregierung in Peking griff ein und verbot den weiteren Export der Daten. Man kam von chinesischer Seite zu dem Schluss, dass die “Forschungen der Harvard Universität vom US-Militär in Auftrag gegeben” worden sind und die DNS-Proben für die rassenspezifische Biowaffenforschung in den USA bestimmt waren. Dass für das Pentagon in den USA ganz offensichtlich für unlautere Zwecke rassenspezifische Daten stets von Interesse sind, beweist eine Ausschreibung vom 18. Juli 2017, die bis zum 19. Juli 2017 unter der Nummer FA3016-17-U-0164 geführt wurde. Darin fragte die US-Air Force Gewebeproben von russischen und kaukasischen Menschentypen an. Die RNS-

Proteine sollen vornehmlich aus den Handgelenken der Probanden entnommen werden, mit dem ausdrücklichen Verweis, dass RNS-Proben von Ukrainern für diese Ausschreibung nicht akzeptiert werden können. Wozu benötigt das Pentagon derartige Proben?

The screenshot shows the FEDBIZOPPS.GOV website interface. At the top, there is a navigation bar with tabs for Home, Getting Started, General Info, Opportunities, Agencies, and Privacy. Below this, there are links for Buyers (Login | Register) and Vendors (Login | Register), along with an Accessibility icon. The main header features the U.S. Air Force logo and the title 'Synovial Tissue / RNA Samples'. Below the title, the solicitation number (FA3016-17-U-0164), agency (Department of the Air Force), office (Air Education and Training Command), and location (802d Contracting Squadron) are listed. The page has three tabs: Notice Details (selected), Packages, and Interested Vendors List. On the left, there is a 'Complete View' section with a tree view showing 'Original Synopsis' (Combined Synopsis/Solicitation, Jul 18, 2017, 11:19 am) and 'Changes' (Jul 19, 2017, 4:26 pm). A 'Return To Opportunities List' button is visible. The main content area contains the following text:

Solicitation Number: FA3016-17-U-0164
Notice Type: Combined Synopsis/Solicitation

Synopsis:
 Added: Jul 18, 2017 11:19 am
 Combo Solicitation is hereby released. Please find details of the Request for Quotation (RFQ) in attached documents.
 Added: Jul 19, 2017 4:26 pm
 Amendment No. 0001 to RFQ FA3016-17-U-0164 is hereby released as follows:

(1) Provide answers to industry generated questions below:

Q1: For the RNA samples: do you require a minimum amount?

On the right side, there is an 'ALL FILES' section with links to 'Combo/Solicitation', 'RFQ FA3016-17-U-0164...', 'Clases and Provisio...', and 'SCHEDULE OF SUPPLIES'. Below this is a 'GENERAL INFORMATION' section with the following details:

Notice Type: Combined Synopsis/Solicitation
Original Posted Date: July 18, 2017
Posted Date: July 19, 2017
Response Date: Jul 27, 2017 3:00 pm Central
Original Response Date: Jul 27, 2017 3:00 pm Central

Abb. 7

Ausschreibung US-Air Force

Tatsächlich ist es merkwürdig, dass gerade die Harvard Universität in 1350 Massachusetts Avenue, Suite 350 Cambridge, MA 02138-3654 schon Anfang Dezember 2019 folgenden Text auf ihre Homepage gestellt hat: “Es muss dringend projiziert werden, wie sich die Übertragung des neuartigen Betacoronavirus SARS-CoV-2 in den kommenden Jahren entwickeln wird. Diese Dynamik hängt von der Saisonalität, der Dauer der Immunität und der Stärke der Kreuzimmunität gegen/von den anderen menschlichen Coronaviren ab. Anhand von Daten aus den USA haben wir gemessen, wie diese Faktoren die Übertragung der menschlichen Betacoronaviren HCoV-OC43 und HCoV-HKU1 beeinflussen. Anschließend haben wir ein mathematisches Modell erstellt, um die Übertragung von SARS-CoV-2 bis zum Jahr 2025 zu simulieren. Wir gehen davon aus, dass wiederkehrende Ausbrüche von SARS-CoV-2 im Winter wahrscheinlich nach einer anfänglichen Pandemiewelle auftreten werden. Wir fassen die gesamte Bandbreite plausibler Übertragungsszenarien zusammen und identifizieren Schlüsseldaten, die noch zur Unterscheidung erforderlich sind, vor allem serologische Längsschnittstudien zur Bestimmung der Dauer der Immunität gegen SARS-CoV-2.”

SARS-CoV-2 meint in dem Text nichts anderes als das aktuelle 2019-nCoV. Doch wie kam es, dass die Harvard Universität schon einen Monat vor der im Januar 2020 folgenden Pandemiewelle über das Virus argumentieren konnte? Ist das ein Beweis, dass 2019-nCoV “made in America” ist?

Planvolle Manipulation?

Das chinesische WIV-Institut wurde ganz offensichtlich aus den begründeten Verdachtsmomenten heraus eingerichtet, um den “Wild-West-Methoden” der Amerikaner in den heimischen Laboren Einhalt zu gebieten, wonach Laborforschungen der Sicherheitsstufe BSL3-4 in China nur noch unter staatlicher Kontrolle betrieben werden dürfen. Ausschließlich diesen Hochsicherheitseinrichtungen wird erlaubt, mit Biostoffen der höchsten Risikogruppe überhaupt zu arbeiten, die laut der Biostoffverordnung insbesondere “eine schwere Krankheit beim Menschen hervorrufen und eine ernste Gefahr [nicht nur] für Beschäftigte darstellen”. Hierzu zählen beispielsweise Erreger von Ebola bis Pocken – und selbstverständlich auch SARS.

Generaldirektorin im WIV-Institut, an dem 37 Forschungsgruppen in fünf Zentren arbeiten, ist Yani Wang. Unter der Aufsicht des Vertreters der Kommunistischen Partei Changcai He wird seit Eröffnung der Einrichtung an verschiedenen Themen gearbeitet: Molekularvirologie, Virus-Pathologie, neuartige Infektionskrankheiten, analytische Mikrobiologie und Nanobiologie sowie mikrobielle Virusstammkulturen und ihre Anwendungen. Obwohl die Fertigstellung des Labors gerade wegen der Sicherheitsanforderungen über ein Jahrzehnt dauerte, äußerten sich westliche Wissenschaftler wie der US-amerikanische Molekularbiologe Richard H. Ebright besorgt über das Tempo und die Geschwindigkeit der Pläne Chinas zum Ausbau der BSL-4-Labore. Allerdings ist das WIV-Labor seit 2015 auch eng mit dem amerikanischen Galveston National Laboratory (GNL) an der University of Texas verbunden, was vermutlich den zwischenzeitlichen Sinneswandel von Ebright in seiner Einschätzung in Zusammenhang mit 2019-nCoV und dem WIV erklären könnte. Im Januar 2020 bezeichnete der Molekularbiologe Ebright das chinesische Institut nämlich auf einmal als eine “vortreffliche Forschungseinrichtung, die erstklassige Wissenschaft in Virologie und Immunologie betreibt”.

Wie die aktualisierte positive Bewertung zustande kam und welche gegenseitigen Interessen damit tatsächlich verbunden sind, darf an dieser Stelle nur vermutet werden. Ob sich aber das WIV-Labor einen wirklichen Gefallen damit getan hat, erneut mit den Amerikanern zusammenzuarbeiten, darf bezweifelt werden. Während Ebright inzwischen auch mehrere Verschwörungstheorien in Bezug auf die WIV ablehnte, erklärte er aber am 5. Februar 2020 gegenüber der BBC China, dass seine Ablehnung nicht immer alle Möglichkeiten oder Szenarien widerspiegeln könne und dass das Virus durchaus erst aufgrund “eines Laborunfalls in die Welt ausgetreten” sein könne, was er nicht “vollständig ausschließen” wolle. Warum der neue Sinneswandel vom Sinneswandel? War es nur ein vorsorglicher Widerspruch?

2019-nCoV synthetisch?

Mitte März 2020 veröffentlichten Forscher um den schwedischen Mikrobiologieprofessor Kristian Andersen ihre neue Analyse über das Coronavirus, worin sie gezielt der Frage nachgingen, ob das Virus tatsächlich synthetisch hergestellt worden sein könnte. Dazu untersuchte das Forschungsteam an 2019-nCoV die aus der Virusoberfläche herausragenden Spike-Proteine. Diese Stacheln nutzt der Erreger, um an eine Wirtszelle in Lunge oder Rachen anzudocken und dann in sie einzudringen. Die Untersuchung zeigte dabei insbesondere zwei wichtige Unterschiede zwischen 2019-nCoV und seinen Verwandten auf: Vereinfacht gesprochen besitzt das Protein einen abweichenden Aufbau und eine andere Zusammensetzung in seinen Aminosäuren als andere Coronaviren.

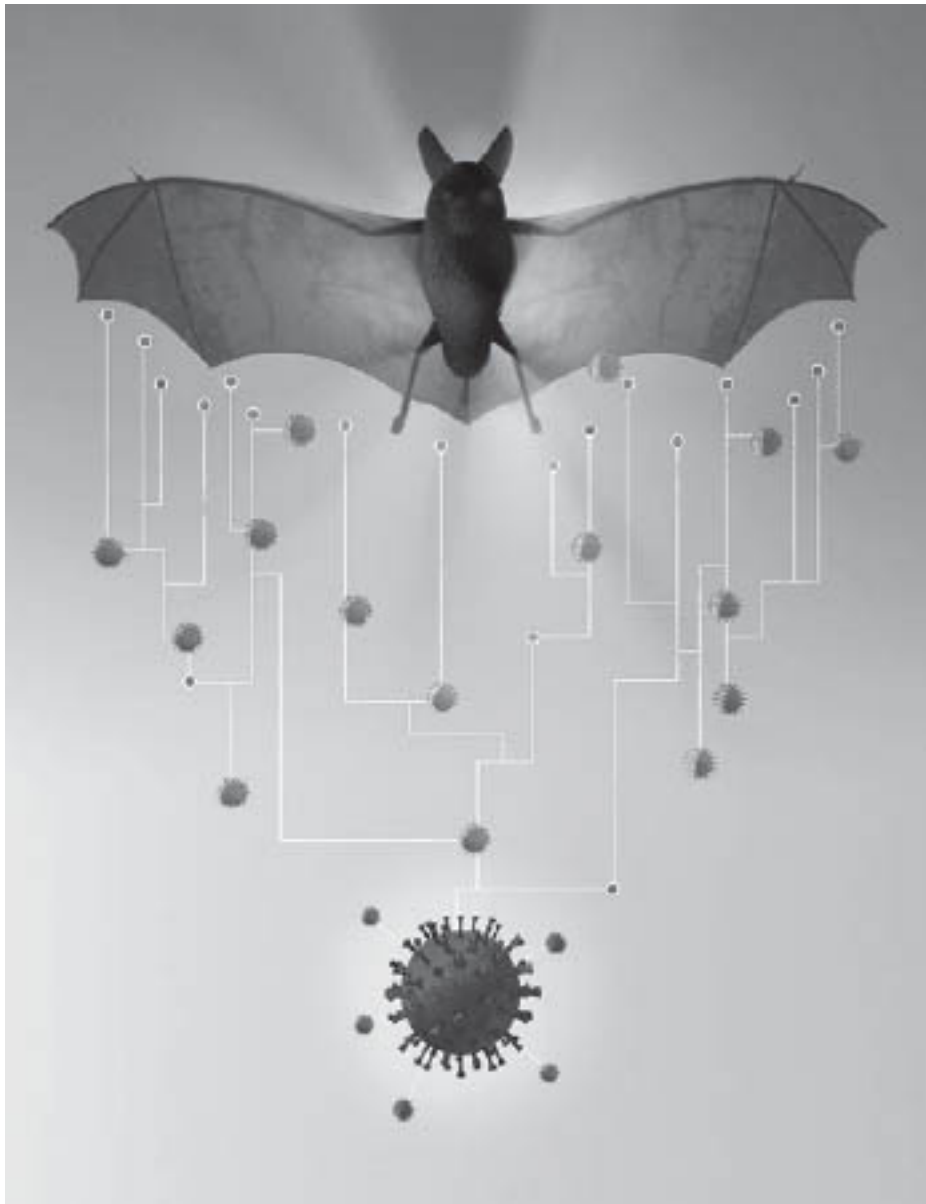


Abb. 8

Coronavirus-Studien des WIV

Die Forscher betonen dabei ausdrücklich, dass anhand der untersuchten Merkmale das neue Virus zwar besonders leicht menschliche Zellen befallen könne, allerdings sei das Ganze nicht so

optimal gestaltet, wie man es von einer synthetisch hergestellten Biowaffe erwarten würde. “Dies ist ein starker Beweis dafür, dass 2019-nCoV nicht das Produkt einer gezielten Manipulation ist”, heißt es in der Analyse der Schweden. Zudem sei es überhaupt nicht nachvollziehbar, warum man 2019-nCoV aus einem bislang für Menschen harmlosen Virus entwickelt haben sollte und nicht aus lange bekannten gefährlichen Corona-Verwandten wie MERS oder SARS.

Auch wenn die schwedischen Wissenschaftler ein Laborszenario daher nicht für plausibel halten, widerspricht der Duisburger Virologe Günther Bittel dieser Ansicht und meint: “Der jetzt einsetzende Propagandakrieg und die Schuldzuweisungen von US- und chinesischen Regierungsvertretern verstärken die Befürchtungen vieler Menschen, dass das 2019-nCoV-Virus ein künstlich hergestellter Erreger ist. Tatsächlich gibt es wissenschaftliche Publikationen in renommierten Fachzeitschriften, aus denen sich deutliche Indizien für diese These ableiten lassen.”

Für die Schweden hingegen kommt nur eine natürliche Übertragung auf den Menschen in Frage: Entweder könnte das Virus direkt von “Fledermäusen übergesprungen sein oder einen tierischen Zwischenwirt genutzt” haben. Noch sei aber auch für die Schweden unklar, ob 2019-nCoV schon davor zu dem aktuellen Virus mutierte, weil es leichter an menschliche Zellen andocken kann, oder erst später, als es womöglich bereits unerkannt unter den Menschen zirkulierte. Dr. Bittel entgegnet: “Der natürliche Übergang von Corona-Viren zum Beispiel von Fledermäusen zu dem hochinfektiösen Corona-Typ CoV2 ist nirgendwo wissenschaftlich belegt. Die Verantwortlichen sind aufgefordert, in dieser Frage Klarheit zu schaffen – und Konsequenzen zu ziehen. Die Frage ist von großer Bedeutung für die Entwicklung von Impfstoffen und Immuntherapien, die bei einem künstlichen Ursprung erheblich erschwert sind.”

Bittels Bestätigung?

Der künstliche Ursprung des neuartigen Coronavirus 2019-nCoV kann nicht ausgeschlossen werden, sagt auch die Leiterin des russischen Bundesamtes für Medizin und Biologie (FMBA), Veronika Skvortsova, am 20. April 2020: “In der Tat können wir sehen, dass eine ziemlich große Anzahl von Fragmenten dieses Virus von seinem sehr nahen Verwandten SARS unterscheidet. Sie sind ungefähr 94 Prozent ähnlich, der Rest ist anders.”

Damit bestätigt sie die Bedenken des Duisburger Virologen Günther Bittel. “Es scheint mir, dass diese Situation keine Vermutungen erfordert, sondern ernsthafte Nachforschungen. Keine der Versionen kann ausgeschlossen werden”, sagte Skvortsova in einem Interview mit der Pozner-TV-Show auf Russlands Channel One. Sie fuhr fort, dass ernsthafte Forschung zu diesem Thema erforderlich sei, da Viren, deren genetisches Material RNS enthält (einschließlich Corona-Viren), sehr leicht mutieren können.

Auch der französische Virologe Professor Luc Montagnier, der 2008 für seine Erforschung des HI-Virus (HIV) mit dem Nobelpreis ausgezeichnet worden ist, geht davon aus, dass das 2019-nCoV nicht von einem Tier übertragen wurde, sondern erst in einem Labor entstanden sein muss. Der Professor und ein Kollege haben bei einer Untersuchung des neuen Coronavirus RNS-Sequenzen von HIV gefunden, die nicht auf natürliche Weise zum Bestandteil von 2019-nCoV geworden sein können. “Um eine HIV-Sequenz in das Genom einzubringen, sind molekulare Werkzeuge nötig, und das kann nur in einem Labor gemacht werden”, so Montagnier. Dennoch lehnen Virologen wie Christian Drosten und mehr als zwei Dutzend weiterer Forscher die Theorie des Laborursprungs von 2019-nCoV voller Überzeugung ab! Der Direktor des “Wuhan Center for Disease Control & Prevention” (WHCDC) Gao Fu mutmaßte auf einer Pressekonferenz am 22. Januar 2020 als Erster, dass 2019-nCoV wohl auf dem Huanan-Markt in Wuhan von einem Tier auf den Menschen übergelungen sein könnte.

Zwar sah es Chinas Gesundheitsbehörde bisher ebenfalls als recht wahrscheinlich an, dass die Verbreitung von 2019-nCoV auf den Verkauf der Wildtiere auf dem Huannan-Markt zurückzuführen sei, aber eine weitere Studie chinesischer Wissenschaftler hält es inzwischen für sehr wahrscheinlich, dass der Markt doch nicht die originäre Quelle des Virus war, sondern der Erreger von anderswo dorthin eingeschleppt wurde. “Obwohl das 2019-nCoV zuerst in China entdeckt wurde, bedeutet dies nicht, dass es aus China stammt”, sagte der Sprecher des chinesischen Außenministeriums Zhao Lijian.



Abb. 9
Ausbruch Pandemie nach 60 Minuten

HeLa Bestandteile?

Nachdem sich die ersten künstlich geschaffenen Coronaviren in der Vergangenheit nicht wie vorgesehen in den Zellkulturen von Affen vermehrten, veröffentlichten GNL und WIV noch 2015 eine gemeinsam durchgeführte erfolgreiche Untersuchung darüber, ob ein Fledermaus-Coronavirus “zur Infektion von HeLa hergestellt werden kann”. Das für dieses Forschungsvorhaben verwendete SARS-Virus wurde in Hufnasenfledermäusen gefunden, die die Wissenschaftler des WIV gemeinsam mit den amerikanischen Forschern des GNL ab dem Jahr 2013 in einer Höhle im chinesischen Yunnan gefunden hatten. Der Gruppe um die stellvertretende Direktorin des WIV, Professorin Zheng-Li Shi, wurde gemeinsam mit den US-Kollegen 2015 dann auferlegt, das neuartige Virus mit HeLa-Zellen zu rekombinieren. Bei dieser Arbeit erforschte das Team insbesondere, wie man ein Fledermaus-Coronavirus gentechnisch so verändern könnte, dass das Virus sich an den menschlichen ACE2-Rezeptor bindet. Tatsächlich haben die Forscher bald herausgefunden, dass man bei SARS und SL-CoV durch eine genetische Veränderung einer bestimmten Aminosäuresequenz (ASS) des Spike-Proteins diese dazu bringen kann, auch den Menschen zu infizieren. Bei den Untersuchungen waren insbesondere die Veränderungen der Aminosäuren (AS) auffällig, weil durch das Zusammentun von Coronaviren und HeLa-Zellen der Erreger anpassungsfähiger wurde gegenüber Menschen. Die Amerikaner arbeiteten mit den Chinesen nicht nur harmonisch zusammen, sondern waren von Zheng-Li Shi so angetan, dass sie ihr nach der Abschlussarbeit den Spitznamen “Batwomen” (“Fledermausfrau”) gaben. Ist das der Nachweis, dass 2019-nCoV in einem chinesischen Labor synthetisch hergestellt worden ist?



Abb. 10
Henrietta Lacks

Dazu muss man wissen, dass HeLa eine geklonte “unsterbliche Zelllinie” ist, die am 8. Februar 1951 von den Gebärmutterhalskrebszellen von **Henrietta Lacks** (1920-1951) entnommen wurde, bevor die Patientin am 4. Oktober 1951 an ihrem Tumor verstarb. Gerade diese Zelllinie aus den Krebszellen erwies sich als bemerkenswert langlebig und produktiv, was zu ihrer umfassenden Verwendung in der wissenschaftlichen Forschung führte. Der Zellbiologe George Otto Gey (1899-1970) fand heraus, dass die ersten aus dem Gebärmutterhalskrebs entnommenen und in einem Labor gezüchteten Zellen trotz unzähliger Teilungen überlebten und von Natur aus unsterblich waren. Zuvor überlebten Zellen, die aus anderen menschlichen Zellen kultiviert wurden, immer nur einige Tage.

Die Nachfrage nach HeLa-Zellen stieg in der aufstrebenden biomedizinischen Industrie schnell an. Auch das Max-Planck-Institut für biophysikalische Untersuchungen betreibt heute unter der Leitung von Dr. Ashwin Chari eine HeLa-Bioreaktoranlage zur Herstellung von HeLa-Zellextrakten, die für die allgemeine Biochemie und Proteomik in Deutschland dienen sollen.

Seit den ersten Massenreplikationen der Zellen wurden sie von Wissenschaftlern in verschiedenen Arten von Untersuchungen verwendet, darunter Krankheitsforschung, Genkartierung sowie bei Auswirkungen toxischer Substanzen auf Organismen und Strahlung auf den Menschen. Zusätzlich wurden HeLa-Zellen verwendet, um die Empfindlichkeit des Menschen gegenüber Klebeband, Klebstoff, Kosmetika und vielen anderen Produkten zu testen.

Wissenschaftler haben bis heute schätzungsweise 50 Millionen Tonnen HeLa-Zellen von besonderer Dichte gezüchtet, und es gibt ungefähr 11.000 Patente, an denen diese Zellen beteiligt sind. Ganz offensichtlich erklären diese und andere kuriose Patente aus den Laborarbeiten der modernen "Frankensteine", warum die Krebsrate in der Bevölkerung die letzten Jahrzehnte drastisch angestiegen ist, obwohl man nach über 200 Jahren Forschung annehmen sollte, dass Krebs aus der Gesellschaft längst verschwunden sein müsste.

Vorsätzlich infiziert?

Auch wenn die Proteine in den HeLa-Bioreaktoranlagen angeblich gereinigt werden, sind gerade die HeLa-Zelllinien dafür berüchtigt, in fremde Zellkulturen einzudringen. Einige Wissenschaftler wie Stanley Gartler und Walter Nelson Rees (1929-2009) schätzen, dass HeLa-Zellen 10 bis 20 Prozent aller derzeit verwendeten Zelllinien längst kontaminiert haben.

Tatsächlich sind die HeLa-Zellen aufgrund ihrer Anpassung an das Wachstum in Gewebekulturplatten zum Teil schwer zu kontrollieren. Es ist inzwischen unter Virologen allgemein bekannt, dass sie durch unsachgemäße Wartung andere Zellkulturen im selben Labor immer wieder kontaminieren und die normale biologische Forschung damit stören. Deshalb zwingt HeLa die Wissenschaftler meistens auch dazu, die Ergebnisse aus ihren langwierigen Arbeiten später für ungültig zu erklären. Hinzu kommt, dass der Grad von HeLa-Zellkontaminationen unter anderen Zelltypen vollkommen unbekannt ist, da nur wenige Forscher die Identität oder Reinheit bereits etablierter Zelllinien testen. Was hat diese Art der Forschung dann überhaupt für einen Sinn?

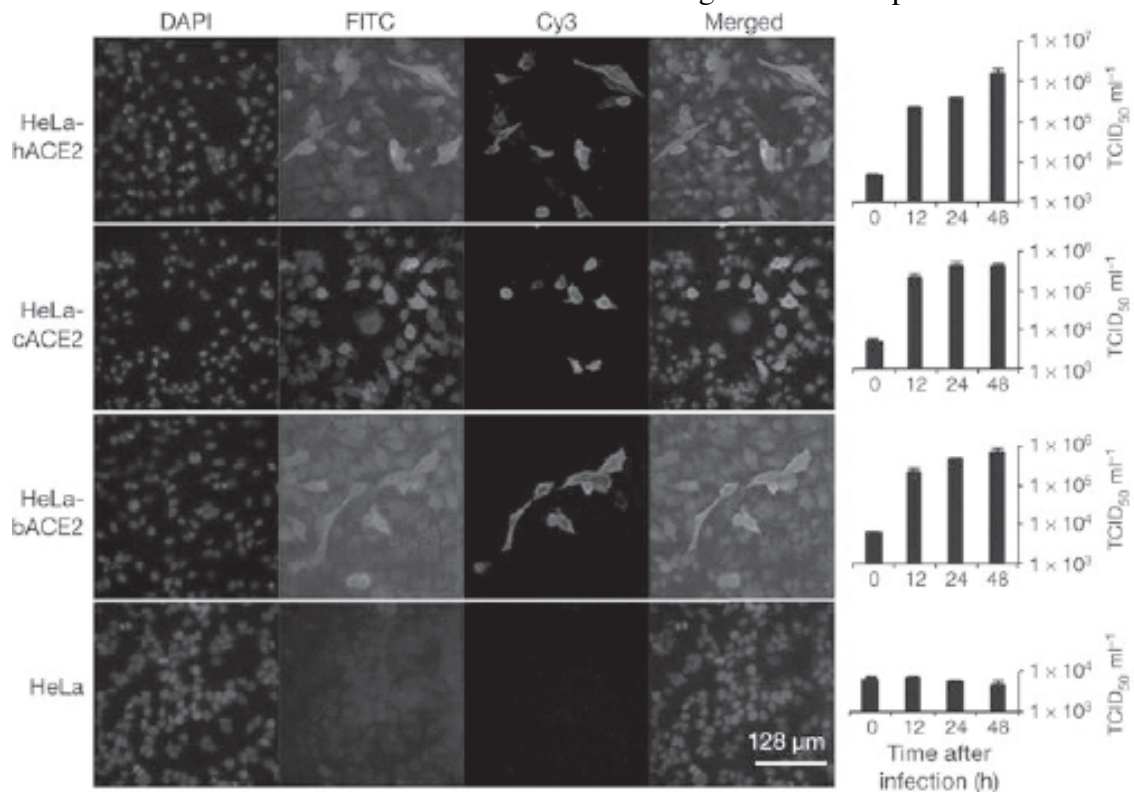


Abb. 11

HeLa, in SARS-CoV beigemischt

Anstatt sich darauf zu konzentrieren, wie das Problem der HeLa-Zellkontamination gelöst werden könnte, dokumentieren viele Wissenschaftler dieses Problem weiterhin einfach nur als ein Kontaminationsproblem, das nicht etwa durch menschliches Versagen oder die Mangelhaftigkeit der Forscher verursacht wird. Sie führen es vielmehr auf die Proliferation und Besonderheit von HeLa zurück. Jüngste Daten des “International Cell Line Authentication Committee” (ICLAC) legen der Forschung allerdings schon seit langem nahe, dass “Kreuzkontaminationen bei modernen Zellkulturen nach wie vor ein großes Problem darstellen”. Dennoch experimentiert die Forschung weiterhin mit HeLa-Zellen und verwendete diese jüngst auch beim Parvo-Virus, um zu testen, wie die Zellen von Menschen, Hunden und Katzen auf eine Infizierung reagieren.

Weil die Parvoviren ein einzelsträngiges DNS-Genom tragen und keine zusätzliche Hülle besitzen, sind sie sehr resistent gegen äußere Einflüsse. Dabei hat die Forschung schon seit langem negative Erfahrungen mit der HeLa-Zelllinie auch bei der Krebsforschung gemacht: Diese Zellen vermehren sich ungewöhnlich schnell im Vergleich zu normalen Krebszellen und besitzen zudem eine eigenständige Telomerase. Das ist ein eigenständiges Enzym des Zellkerns, das aus einem Protein-(TERT) und einem langen RNS-Anteil (TR) besteht und somit ein Ribonucleoprotein ist. Dieses Enzym stellt die Endstücke der Chromosomen (Telomere) immer wieder her. Die Forschung erzeugte auch durch den horizontalen Gentransfer von humanen Papilloma-Virus 18 (HPV18) zu humanen Gebärmutterhalszellen das neue HeLa-Genom, das sich aber in verschiedener Hinsicht vom Genom von Henrietta Lacks unterscheidet, einschließlich der Anzahl der Chromosomen. Die aktuelle Schätzung (mit Ausnahme sehr kleiner Fragmente) ist eine "hypertriploide Chromosomenzahl ($3n +$)", das heißt 76 bis 80 Gesamtchromosomen (anstelle der normalen diploiden Zahl von 46) mit 22 bis 25 klonal abnormalen Chromosomen, die als "HeLa-Signaturchromosomen" bezeichnet werden.

Ungehörte Warnungen?

Die Forschung warnend und zur großen Vorsicht auffordernd, wurde HeLa von dem Biologen Leigh Van Valen (1935-2010) von der University of Chicago als ein Beispiel für die neuzeitliche Schaffung einer neuen “Bedrohungsart” im Genzeitalter beschrieben und “Helacyton gartleri” genannt, da die Zellen sich auf unbestimmte Zeit selbst replizieren können und zudem die nicht-menschliche Chromosomenzahlen aufweisen. Sein Argument für die Spezifikation hängt dabei von folgenden Punkten ab:

- Die chromosomale Inkompatibilität von HeLa-Zellen mit Menschen.
- Die ökologische Nische der HeLa-Zellen.
- Ihre Fähigkeit, weit über die Wünsche menschlicher Kultivierender hinaus zu bestehen und zu expandieren.
- HeLa kann als Spezies definiert werden, da es einen eigenen klonalen Karyotyp hat.

Van Valen schlug die neue Familie der Helacytidae und die Gattung Helacyton vor und unterbreitete in derselben Veröffentlichung eine “eigene neue Laborart für HeLa-Zellen” vorzunehmen, um der unkontrollierten Kontaminierung vorzubeugen. Doch dieser Vorschlag wurde damals weder von Evolutionsbiologen noch von Wissenschaftlern anderer Disziplinen ernst genommen. Van Valens formulierte Argumentenkette zielte dabei nur auf HeLa, weil diese nachweislich eine neue Art sei, doch seine Kontrahenten meinten aufgrund der berüchtigten Instabilität des HeLa-Karyotyps und des Fehlens einer strengen Abstammungslinie zwischen Vorfahren und Nachkommen, die Zellkultur würde angeblich nicht die erforderlichen Kriterien für eine unabhängige einzellige, sich ungeschlechtlich reproduzierende Art erfüllen und lehnten damit die Vorschläge des Biologen ab.

Eine weitere Warnung des HeLa-Kontaminationsproblems ereignete sich bereits Anfang der 1970er Jahre und wurde beinahe zu einem ernststen Vorfall im Kalten Krieg. Die UdSSR (Sowjetunion) und die USA hatten begonnen im von Präsident Richard Nixon (1913-1994) eingeleiteten Krieg gegen den Krebs zusammenzuarbeiten, nur um schnell festzustellen, dass auch die unter den Großnationen ausgetauschten Zellen bereits durch HeLa kontaminiert waren. Noch heute sind Kreuzkontaminationen und Fehlidentifikationen in der Forschungsgemeinschaft recht häufig. Dies bedeutet, dass bei allen Arbeiten mit diesen Zelllinien die sogenannten Schadstoffe immer falsch verwendet werden, die von einer anderen Art oder einem anderen Gewebe stammen. Eine Zelllinie gilt immer dann als falsch identifiziert, wenn sie nicht mehr der Person entspricht, von der sie zuerst etabliert wurde.

Kuriose Informationen?

Auch wenn man in den öffentlichen Berichterstattungen ständig bemüht ist, den Ursprung von 2019-nCoV auf dem Fisch- und Wildgroßtiermarkt in Wuhan zu verlagern und diesen Anfang 2020 sogar geschlossen hat, gibt es für diesen Verdacht nicht einen einzigen wissenschaftlichen Nachweis. Allerdings befindet sich im Tang Jiangnan Residential District mit dem WHCDC ein großer Laborkomplex, der von dem Fisch- und Wildgroßtiermarkt nur 280 Meter entfernt liegt. Ganz offensichtlich erschaffen in den dortigen Laboren moderne “Frankensteine” ganz besondere, synthetisch zusammengesetzte Viren. Gerade zivile westliche Forschungseinrichtungen verhalten sich im Rahmen von Austauschprogrammen mit chinesischen Kollegen oftmals sehr naiv, wie das Beispiel von Dr. Xiangguo Qiu zeigte, die im Juli 2019 mal eben – ohne jegliche Sicherheitsbedenken – Ebola- und Nipah-Viren vom “Canadian National Microbiology Laboratory” (NML) in Winnipeg (Kanada) mit der Post ans WIV sendete. Nur deshalb kam die erste Vermutung in Zusammenhang mit dem WHCDC auf, dass vielleicht durch ein “Sicherheitsleck” infizierte Mitarbeiter das Virus zum Fisch- und Wildgroßtiermarkt gebracht haben, wo es sich dann schnell verbreitete. Das war auch die erste Befürchtung von Zheng-Li Shi vom WIV, die als Erstes unter den 41 Erstinfizierten im angrenzenden “Union Hospital” (Jin Yin-tan) nach Kontaktpersonen, Hilfskräften und Mitarbeitern des WHCDC suchen ließ. Angeblich war die Prüfung negativ, und nur 27 der Erstinfizierten konnte überhaupt der Kontakt zum Markt nachgewiesen werden. In der 57-jährigen Schrimpsverkäuferin Wei Guixian, die sich am 10. Dezember 2019 wegen eines Infektes mit 2019-nCoV arbeitsunfähig gemeldet hatte, wurde zeitweise “Patientin 0” vermutet. Bei den anderen 14 Personen konnte weder eine Verbindung zum Markt noch zur WHCDC hergestellt werden. Ein Problem der Chinesen ist es auch, dass ganz offensichtlich alle Laboreinrichtungen wie bei einer “Fastfood-Kette von McDonalds” miteinander kooperieren und dabei nicht nur Personal, sondern offenbar auch Ausrüstung austauschen, wobei das WHCDC den BSL-4-Standard eben nicht erfüllt. Doch nicht der BSL-4-Standard ist das Problem, sondern dass gefährliche Experimente an Einrichtungen wie dem WHCDC mit BSL-2-Standard gemacht werden!

Zwei chinesische Wissenschaftler halten es durchaus für möglich, dass erst das WHCDC mitten im Zentrum von Wuhan den Ausbruch des Coronavirus 2019-nCoV ausgelöst hat. Tatsächlich ist das schon einmal 2004 in Peking passiert, als sich zwei Mitarbeiter unabhängig voneinander in einem Labor mit dem SARS-Coronavirus infiziert hatten und das Virus nach draußen getragen haben. Die Brüder Botao Xiao und Lei Xiao berichteten am 14. Februar 2020 auf dem Forschungsportal “ResearchGate” von dem Zentrallabor in Wuhan, bevor der Text schnell wieder von der Internetseite verschwunden ist. Interessanterweise wird im WHCDC auch an Viren in Hufeisennasenfledermäusen der Art “Rhinolophus affinis” geforscht, die in der Natur nur 1.400 Kilometer von Wuhan entfernt in der Provinz Yunnan (Südchina) vorkommen.



Abb. 12

Professor Botao Xiao

Vor ihren Forschungsarbeiten in dem Hochhaus des Zentrallabors waren die Forscher jahrelang in fast völliger Dunkelheit in tiefen natürlichen Höhlen unterwegs, um die erwähnten Fledermäuse zu fangen. Unter schwierigen Bedingungen und bekleidet mit Schutzanzügen machten sich die Virenjäger auf, um nach Spuren noch unbekannter Krankheitserreger zu suchen, worüber ein TV-Sender aus Shanghai erst im Dezember 2019 ein Video veröffentlichte. Analysiert werden diese Erreger dann im WHCDC in Wuhan. Zuvor war das in Wuhan nachgewiesene Virus SARS-CoV-2, das die neue Erkrankung 2019-nCoV auslöste, in ähnlicher Form bei in nur 1.400 Kilometer Entfernung lebenden Hufeisennasenfledermäusen festgestellt worden. Auf dem Fisch- und Wildtiergroßmarkt gibt es solche Fledermäuse nach allen bisherigen Erkenntnissen aber nicht!

Professor Xiao, Biologe an der renommierten South University of Technology, hat noch eine weitere Erklärung. Xiao ging mit seinem Co-Autor der Frage nach, ob und wo in Wuhan mit Viren an diesen Fledermäusen geforscht wird. Tatsächlich stieß er auf zwei Labore. Im WHCDC werde nur 280 Meter vom Fisch- und Wildtiergroßmarkt entfernt mit Fledermausproben gearbeitet. Das ist jenes Institut, dessen Direktor noch im Januar 2020 den Ursprung von 2019-nCoV mit dem Markt in Verbindung brachte. Laut Xiao habe es aber in dem Institut auch 600 gefangene Fledermäuse der Art “*Rhinolophus affinis*” gegeben. Den Tieren wurden über lange Zeiträume immer wieder Proben entnommen. “Die Gewebeproben und kontaminierten Abfälle waren eine Quelle von Pathogenen”, so der Professor.

Gefangene Fledermäuse?

Pathogenität ist die grundsätzliche Fähigkeit von infektiösen Agenzien (Bakterien, Parasiten, Prionen, Toxine, Viren), einen bestimmten Organismus krank zu machen. Gerade diese Fledermäuse haben ein einzigartiges Immunsystem, das auf Viren sehr schnell und wirkungsvoll anspricht. In ihnen entstehen so aber auch neue Virenmutationen, die sich sehr schnell reproduzieren und leicht übertragbar sind. Ebola, SARS, Tollwut – all diese Erreger finden sich jeweils in Fledermäusen wieder. Zumindest Simon Anthony von der Universität Columbia in New York hatte das am 26. Januar 2019 auch für Ebola behauptet. Daher sind die Höhlen dieser Fledermäuse für Virologen reiche Fundgruben, um ihre Experimente durchzuführen.



Abb. 13

Träger von Coronaviren

In dem Video vom Dezember 2019 ist unter anderem auch zu sehen, wie der Forscher Tian Junhua aus dem Zentrallabor in Wuhan in der Brutstätte der Viren neue Beute macht. “Wenn wir mit unbedeckter Haut hineingehen würden, können wir leicht mit dem Kot von Fledermäusen in Kontakt kommen, der alles sofort kontaminiert”, sagt Junhua. “Es ist also für uns sehr riskant hier. Man hat Angst vor Ansteckung und geht entsprechend vorsichtig vor. Wenn man auf ein Virus stößt, ist man ihm auch höchstwahrscheinlich direkt ausgesetzt”, so Juhana weiter. Unerwähnt bleibt in diesem Video allerdings, dass die Virensuche von der US-Regierung (“National Institutes of Health”) mit rund 4,6 Millionen US-Dollar unterstützt wurde.

Bereits 2016 meldeten chinesische Medien, dass vor allem dank Junhua innerhalb von fünf Jahren rund 1.500 neue Viren entdeckt wurden. Diese werden im Zentrallabor repliziert, und die Forscher führen unzählige Versuchsreihen an ihnen durch. Dabei hat sich der Forscher

mehrfach nach Hautkontakt mit Fledermausblut, -urin und -kot aus Vorsicht selbst in Quarantäne eingewiesen, berichteten einige chinesische Zeitungen. Wurde nun im Labor in der Millionenstadt Wuhan zu leichtfertig mit dem Risiko umgegangen? Konnten möglicherweise einige hochinfektiöse Fledermäuse aus dem Labor entkommen?

Professor Botao Xiao hält ein unvorhergesehenes Sicherheitsleck für recht plausibel. Mit einer Fledermaus als Wirt oder durch eine andere Kontaminierung sei das Virus ganz offensichtlich aus dem Zentrallabor gelangt, wonach Lebensmittel, Tiere und erste Patienten angesteckt worden seien. Für einen verbindlichen Nachweis für seine Hypothese seien aber weitere Studien notwendig. Der Professor wirft auch die Frage nach neuen Vorschriften auf, solche Laboratorien an Orte zu verlegen, die weit weg vom Stadtzentrum und anderen dicht besiedelten Orten sind.

Unfall oder Vorsatz?

Neben dem Zentrumslabor für Seuchenbekämpfung und -prävention gibt es zwölf Kilometer entfernt ein weiteres Labor, das Viren von Fledermäusen untersucht, und keine 30 Kilometer entfernt liegt das WIV-Labor der höchsten Sicherheitsstufe vier. Auch wenn Professor Xiao nur Indizien und keine belastbaren Beweise für die Schuld des Zentrallabors in der Nachbarschaft des Fisch- und Wildtiergroßmarkts von Wuhan liefern konnte, wurde der von “National Natural Science Foundation of China” geförderte Beitrag nur einen Tag später wieder von der Internetseite genommen. Sogar das komplette Profil des Professors, der auch in Harvard in den USA forschte und dort in der Vergangenheit mehrfach publiziert hat, wurde einfach gelöscht. Allerdings erklärte Chinas Wissenschaftsministerium am selben Tag, dass die Sicherheit bei den mit Viren arbeitenden Laboratorien “ab sofort erhöht” werde. Dazu seien auch neue Richtlinien herausgegeben worden, was aber keine Bestätigung für den Inhalt der Veröffentlichung von Xiao sei und auch nicht bestätige, dass es in einem Labor in Wuhan tatsächlich eine Panne gegeben habe.

Im Wissenschaftsmagazin “Nature” äußerten bereits 2017 Experten Bedenken über mögliche Sicherheitslücken des chinesischen Instituts. Doch als die WIV Ende Dezember 2019 in den Focus der Öffentlichkeit rückte, weil 2019-nCoV möglicherweise im Zuge des chinesischen Biowaffenforschungsprogramms entwickelt worden sei, hat die regierungsnahе “Washington Post” diesen Verdacht als Erste abgewiesen. Angeblich seien diese Unterstellungen “haltlose, unsinnige Verschwörungstheorien” und von der Tageszeitung “entlarvt” worden. Man zog in diesem Frühstadium sogar den führenden Coronavirusforscher Trevor Bradford hinzu, der erklärte: “Wir haben Beweise dafür, dass die Mutationen vollständig mit der natürlichen Evolution übereinstimmen.” Wirklich?

Schließlich widersprach auch die Sprecherin Zheng-Li Shi am WIV den Darstellungen über ein Biowaffenforschungsprogramm und teilte die Meinung der Amerikaner. Woher kam aber das schnelle, mit den Chinesen übereinstimmende Interesse der Amerikaner?

Kapitel 2

VIRENKOMPLOTT

Als die ersten Fälle des Coronavirus in den USA auftauchten und die Amerikaner nach Informationen über den Grund der Pandemie dürsteten, behandelte die Regierung legitime Fragen zur Reaktion des Landes nur als persönliche oder parteiische Angriffe. Mick Mulvaney, der damals noch amtierender Stabschef des Weißen Hauses war, beschuldigte die Medien sogar, nur deswegen über das Virus zu berichten, um Donald Trump anzugreifen. “Der Grund, warum Sie heute so viel Aufmerksamkeit auf [das Coronavirus] richten, ist, dass Sie glauben, dass dies die Sache sein wird, die den Präsidenten stürzt”, sagte Mulvaney einem konservativen Konferenzpublikum. “Nur darum geht es hier”, schloss er sein Statement ab.

Noch erschreckender war die von US-Präsident Donald Trump selbst verwendete Sprache, bei der er von Verschwörungstheorien sprach, um die Kritik an seinem Umgang mit dem Ausbruch und mit den Medien zu parieren. Trump behauptete allen Ernstes, das Coronavirus 2019-nCoV sei ein “neuer Scherz” der Demokraten, mit dem sie nur auf Stimmenfang gehen möchten. Wie dumm darf man eigentlich sein, um Präsident der Vereinigten Staaten von Amerika zu werden?

Wie “wirr” Donald Trump tatsächlich ist, demonstrierte er beim täglichen “Corona-Briefing” am 23. April 2020 im Weißen Haus. Der US-Präsident empfahl nicht nur die Bestrahlung eines infizierten Körpers mit UV-Licht, sondern auch die Injektion von Desinfektionsmitteln in den erkrankten Körper. Kurz vor ihm hatte ein Experte am Rednerpult berichtet, dass das Virus auf metallischen Oberflächen durch Bleich- und Desinfektionsmittel abgetötet werden kann und dass die Lebensdauer des Erregers sich auch durch direkte Sonneneinstrahlung verringern würde. Trump, der bereits das Malaria-Medikament “Hydroxychloroquin” kurz zuvor als Heilmittel gegen 2019-nCoV angepriesen hatte, obwohl die Arzneimittelbehörde FDA davor warnte, war ganz von den klaren Äußerungen des Experten offensichtlich so fasziniert, dass er selbst zum Experten mutierte. Er sei zwar kein Doktor, aber es “wäre interessant, das zu prüfen”, sagte er. Die New Yorker Gesundheitsbehörde erklärte daraufhin am Freitag, den 24. April 2020: “Auf gar keinen Fall sollten Desinfektions- oder Reinigungsmittel in den Körper gespritzt werden, um 2019-nCoV zu behandeln oder davor zu schützen.” Derzeit gebe es weder einen Impfstoff noch ein Heilmittel gegen das Virus.



Abb. 14
Verwirrter US-Präsident Donald Trump

Herkunft bestimmt?

Mittlerweile ist es für viele Menschen kaum nachzuvollziehen, dass sich 2019-nCoV rein zufällig erst über Wildtiere von einem unbedeutenden chinesischen Markt in Wuhan ausgebreitet haben soll. Daher zweifeln viele diese Erklärung berechtigterweise seit langem schon an: Auch Trump machte im April 2020 für die Verbreitung des Virus ausschließlich China verantwortlich, so dass die kurz zuvor noch erzielte chinesische Übereinstimmung mit den Amerikanern schon wieder null und nichtig war. “War es ein Fehler, der außer Kontrolle geriet, oder wurde es absichtlich getan?”, fragte Donald Trump bei seiner täglichen Pressekonferenz am 17. April 2020. In letzterem Fall “sollte es Konsequenzen geben”, sagte der US-Präsident. Damit spielte Trump auf angebliche Erkenntnisse amerikanischer Geheimdienste an, wonach der Erreger aus einem chinesischen Forschungsinstitut stammen soll. Gemeint ist das WIV, von wo es ein Mitarbeiter offenbar versehentlich in die Stadt gebracht haben soll.

Der neue Generalstabschef Mark Milley unterstützte seinen Präsidenten und schloss ebenfalls nicht aus, dass das Virus aus einem chinesischen Labor stamme. Zuvor war Milley bei einer Pressekonferenz von einer Journalistin gefragt worden, ob Hinweise für die Annahme vorlägen, dass das neuartige Coronavirus aus einem chinesischen Labor stamme und versehentlich freigesetzt worden sei. “Einige unserer Geheimdienste haben sich das etwas genauer angesehen”, sagte Milley. “Ich würde an dieser Stelle einfach sagen: Es ist nicht eindeutig.” Das Gewicht der Beweise gehe zwar in Richtung eines natürlichen Ursprungs, “aber wir wissen es nicht genau”, ergänzte der US-Verteidigungsminister Mark Esper. Deshalb hat die US-Regierung nach den Äußerungen von Donald Trump offizielle Ermittlungen in Bezug auf die Frage eingeleitet, ob die durch SARS-CoV-2 ausgelöste Krankheit 2019-nCoV tatsächlich auf Forschungen in einem Labor im chinesischen Wuhan zurückgehen kann.

Böse Chinesen?

Die US-Geheimdienste wollten nun akribisch Informationen über dieses Labor und den angeblichen Ausbruch der Epidemie sammeln. Mit den eingeleiteten Untersuchungen sollen “die einzelnen Puzzleteile richtig zusammengesetzt werden”, um herauszufinden, seit wann Chinas Kommunistische Parteiführung (CCP) etwas Genaueres zu dem Virus SARS-CoV-2 gewusst hatte. Das Ergebnis und die Analyse aus den Ermittlungen soll dann der Trump-Administration übermittelt werden, um zu eruieren, auf welche Weise sich China im Angesicht der globalen Pandemie genau zur Verantwortung ziehen lässt. Auch Australiens und Großbritanniens Regierungen schlossen sich den US-amerikanischen Forderungen an. Der in Vertretung für den an 2019-nCoV erkrankten Premier Boris Johnson handelnde Vize Großbritanniens, Dominic Raab, erklärte: “Es gibt keinen Zweifel mehr daran, dass wir nicht sofort zu ‘business as usual’ mit China zurückkehren werden können. Nach dieser Krise werden die harten Fragen auf den Tisch kommen müssen, woher dieses Virus stammt und warum es sich nicht früher hat eindämmen lassen.”

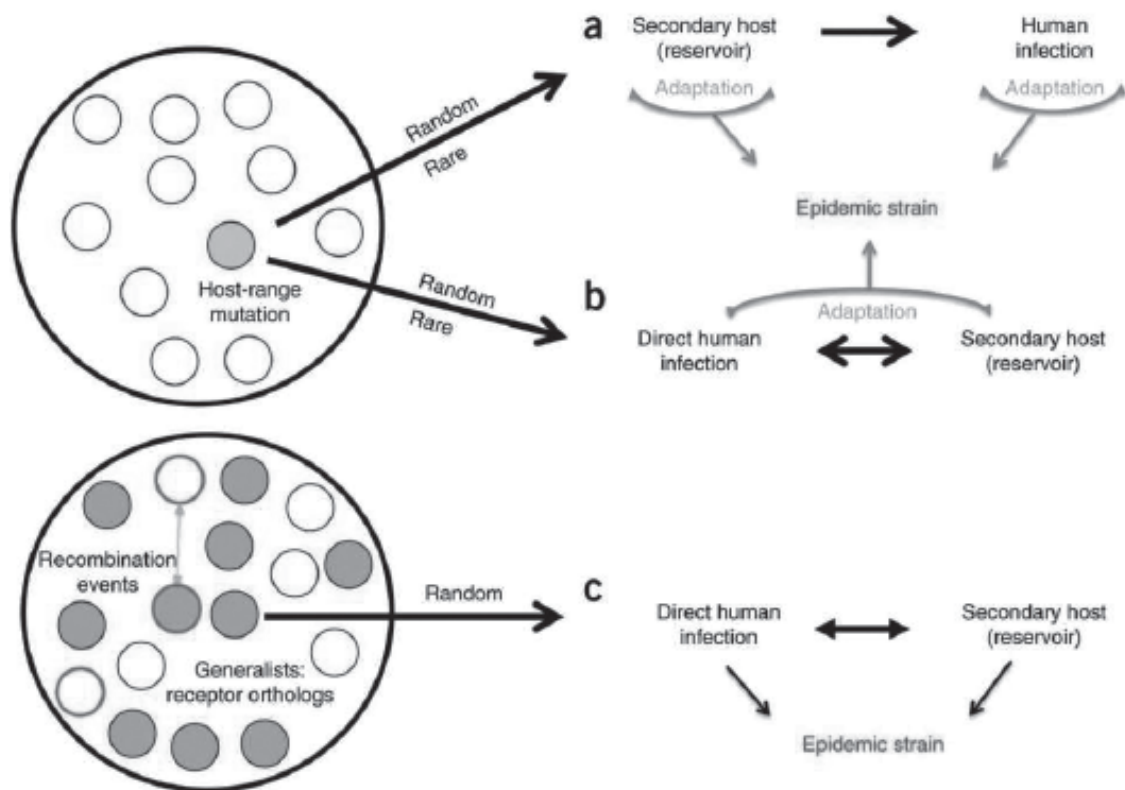


Abb. 15

Rekombinationsparadigmen für Coronaviren

Von was genau haben die Amerikaner mit ihrer Radikaloffensive aber tatsächlich versucht, die Öffentlichkeit abzulenken?

Bereits während der SARS-Pandemie 2002/2003 gab die WHO am 16. April 2003 bekannt, dass als Verursacher ein Virus aus der Familie Coronaviridae von verschiedenen Laboren bestimmt worden war. Mit über 29,7 Kilo-Basenpaaren (kbp oder kb) ist das SARS-CoV-Genom damit eines der umfangreichsten unter den RNS-Viren und infiziert über den ACE2-Rezeptor die Zellen von Menschen. Mitte Mai 2003 erfolgte per Tierexperiment schließlich der endgültige Beweis, dass SARS-CoV die Erkrankung auslöst. Im Februar 2020 berichtete die “New York Times”, dass ein Team unter der Leitung von Professorin Zheng-Li Shi am WIV als Erstes die neuartige genetische Sequenz von 2019-nCoV schon am dritten Tag identifiziert, analysiert und in einer öffentlichen

Datenbanken für alle anderen Wissenschaftler hochgeladen habe. Somit sollten auch diejenigen ohne eine aktuelle Probe an einer Problemlösung arbeiten können, um das Virus besser zu verstehen.

Unvollständige Daten?

Die chinesischen Forscher haben bei ihren Untersuchungen zwei Subtypen des neuartigen Coronavirus mit unterschiedlicher Virulenz entdeckt: Die WIV-Wissenschaftler haben dazu 103 Coronavirus-Proben untersucht und festgestellt, dass 149 Mutationen aufgetreten sind, die sich in einen L-Typ und einen S-Typ entwickelt hätten. Diese zwei Subtypen wurden in 101 Proben entdeckt, von denen 70 Prozent vom L-Typ und 30 Prozent vom S-Typ waren. Der L-Typ ist wesentlich virulenter, heißt es in der Studie. Das Coronavirus vom S-Typ ähnelt eher dem in Fledermäusen gefundenen Virus aus Guandong 2002, weshalb die chinesischen Forscher glauben, dass der S-Typ eine "alte" mutierte Version des SARS-CoV-1 ist. Im Gegensatz dazu war in den ersten Tagen des Ausbruchs in Wuhan der L-Typ weit verbreitet, aber schon nach der ersten Woche verringerte sich seine Inzidenz. Was hat das zu bedeuten? Inzwischen ist es internationaler Standard, das Erbgut von Viren und Bakterien zu manipulieren!

Eiweiße und Proteine werden von hier nach dort verpflanzt oder Teile des einen in ein anderes Virus gesetzt, nur um die Erreger dann aus einem Tier wiederholt in ein anderes zu übertragen. Die "Labor-Frankensteine" bezeichnen diese kontroversen Versuche als "Gain-of-Function"-Experimente (GOF) und wollen damit insbesondere synthetische Mutationen provozieren. Selbstverständlich werden solche GOF-Experimente auch am WIV gemacht. Bei einem dieser Experimentierte an dem Coronavirus SARS-CoV wurde 2016 eine Schweineseuche in Guangdong ausgelöst, nachdem man drei Tage alten Ferkeln immer wieder Viren entnommen und neu injiziert hat. Erst 2019 war der leitende Wissenschaftler Li Ning in diesem Zusammenhang zu 12 Jahren Gefängnis verurteilt worden, weil er lebende kontaminierte Labortiere illegal an Märkte wie den in Wuhan weiterverkaufte – als Tierfutter.

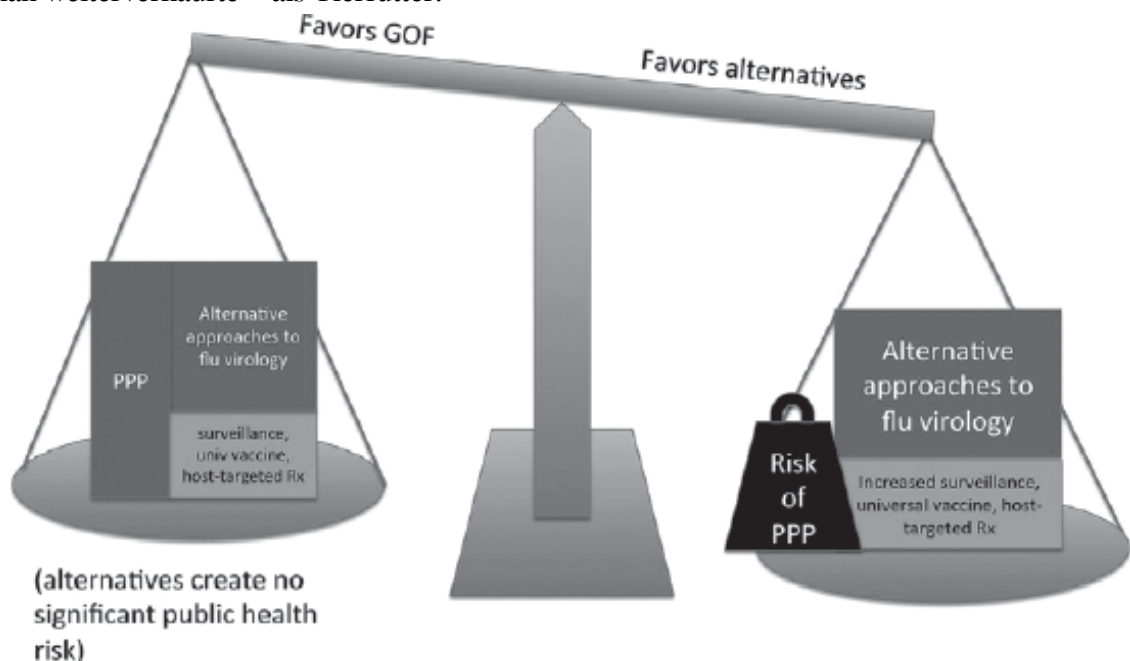


Abb. 16

Risiken von GOF-Experimenten

Ferner wurden 2015 HeLa, MERS und CoV-Virusteile mit dem neuen Fledermausvirus SHC014 kombiniert, aus dem dann das neue Virus SHC014-MA15 entstand. Dieses besaß jetzt auch die Übertragbarkeit auf Menschen, über die das ursprüngliche Fledermausvirus nicht verfügte. Seltsamerweise teilte Zheng-Li Shi bei ihrer Veröffentlichung von 2019-nCoV nur die Sequenz des

Virus mit der Weltöffentlichkeit, nicht aber das Virus selbst. Hatte das mit der Veröffentlichung (GDL und WIV) von 2015 und SHC014-MA15 zu tun?

In dem Fall hätte man 2019-nCoV möglicherweise schnell identifiziert und es mit mehreren im GOF-Experiment gefährlicher gemachten “synthetischen” Viren aus 2015 in Verbindung bringen können. Außerdem befasste man sich am WIV auch mit seltsamen Studien, bei denen einige SARS-verwandte Viren in Kombination mit HI-Viren in menschliche Lymphozyten eindringen können. Mit derartigen GOF-Experimenten untersuchten die “Labor-Frankensteine” Jahre zuvor zum Beispiel, was eine saisonale Grippe von der Vogelgrippe H5N1 unterscheidet, die mehr als die Hälfte aller Infizierten tötet, aber im Gegensatz dazu wenig ansteckend ist. Doch wer außer den “Labor-Frankensteinen” möchte so etwas wirklich wissen?

Gefährlichere Viren?

Im Piemont (Italien) tauchte die Vogelgrippe 1878 erstmals als “Lombardische Hühnerpest” auf, aber erst nachdem 1957 das H5N1-Virus in einem westlichen Labor aus Wildenten gezielt isoliert wurde, entwickelte sich die Krankheit zu einem ernsten tiermedizinischen Problem, so dass die Ausbrüche seit 1959 zahlreicher wurden.

Nachdem 2011 zwei Arbeitsgruppen das H5N1-Virus gezielt “viel ansteckender” für Säugetiere gemacht hatten, häuften sich die Erkrankungen auf Geflügelfarmen überall auf dem Globus. Auch dieser Ausbruch wurde der Natur zugeschoben, obwohl ganz offensichtlich Laborviren dafür verantwortlich waren. Diese Forschungen wurden dann in den Laboren für ein paar Jahre gestoppt, doch das Verbot hob man 2017 unerklärlicherweise wieder auf. Wie einfach die Viren gefährlicher gemacht werden können, sah man, nachdem die neue Technik bei H5N1 vorgestellt wurde: Kaum ein Jahr später hatte eine andere Arbeitsgruppe aus Japan ein ähnliches Experiment an dem H7N1-Vogelgrippevirus wiederholt. Im ersten Schritt fügte die Arbeitsgruppe um Yoshihiro Kawaoka zufällige Mutationen in das Hämagglutinin des Virus ein, bis das Virenprotein die synthetische Mutation an Moleküle in Säugetieratemwegen band statt in Vögeln. Dieses veränderte Protein baute die ganz offensichtlich “durchgeknallte” und “nicht bei Sinnen” gewesene Forschungsgruppe dann in ein menschliches H1N1-Virus ein und infizierte damit Frettchen. Bereits nur einige Tage später hatten sich die Viren ausreichend angepasst, um “durch die Luft” übertragen zu werden. Wem sollen denn bitte solche Experimente helfen, die in der Natur gar nicht möglich sind? Sind alle gefährlichen Viren in Wahrheit somit nur von “Labor-Frankensteinen” synthetisch hergestellt?



Abb. 17

Gefährliche Virenforschung im Wuhan-Labor

Der pensionierte amerikanische Biologe James Lyons-Weiler hat in der Vergangenheit etliche Virenstudien begleitet und vertritt tatsächlich die Ansicht, dass das 2019-nCoV ebenfalls “ausschließlich im Labor hergestellt worden sein muss”, da es, wie das manipulierte H1N1-Virus, ein “einzigartiges Genfragment” aufweist. Der Virologe Alan Cantwell schrieb ebenfalls schon vor einigen Jahren, dass “das mysteriöse SARS-Virus ein neues Virus ist, das noch nie zuvor von Virologen gesehen wurde. Es handelt sich um eine völlig neue Krankheit mit verheerenden Auswirkungen auf das Immunsystem, und “es gibt keine bekannte Behandlung”. Cantwell bemerkte auch, dass die Gentechnik von Coronaviren schon seit Jahrzehnten sowohl in medizinischen als auch in militärischen Laboren stattfindet: “Ich habe schnell bestätigt, dass Wissenschaftler seit über einem Jahrzehnt tierische und menschliche Coronaviren gentechnisch verändert haben, um krankheitserzeugende mutierte und rekombinante Viren herzustellen.”

Sinnlose Forschung?

Bis heute wurde von medizinischen Nachrichtenredakteuren zu keiner Zeit betont, dass Wissenschaftler seit über fünfzig Jahren mit allen möglichen Arten von tierischen und menschlichen Viren "Gattungsroulette" spielen und – für wen auch immer – verschiedene Chimärenviren (Viren, die aus Viren zweier verschiedener Spezies zusammengesetzt sind) herstellen. Hinzu kommt, dass die Labore bei ihren Experimenten nicht wirklich von Fachleuten kontrolliert werden. Es existiert auch kein internationales Abkommen oder eine ernstzunehmende Kontrollbehörde, die solche Experimente genehmigt und beaufsichtigt. "Kein Wunder, dass die Wissenschaftler der WHO das SARS/Coronavirus so schnell identifiziert haben", so Cantwell. Diese bislang unbeaufsichtigte Forschung produziert gefährliche künstlich hergestellte Viren, von denen viele ein Potenzial als Biowaffe haben. Sicherlich hat auch SARS somit die Merkmale einer Biowaffe. Sind neue biologische Kampfstoffe nicht dazu bestimmt, eine neue Krankheit mit einem neuen Infektionserreger zu erzeugen?

Nur kurze Zeit nach Einblick in die Gensequenz von 2019-nCoV deuteten mehrere russische Wissenschaftler eine Verbindung zwischen SARS und biologischer Kriegsführung an. Sergej Kolesnikow, ein Mitglied der Russischen Akademie der Medizinischen Wissenschaften, sagte, die Ausbreitung des SARS-Virus könne jederzeit durch das Austreten eines Kampfvirus verursacht worden sein, das in bakteriologischen Waffenlaboren gezüchtet wurde. Nach einer ganzen Reihe von Nachrichtenberichten behauptete Kolesnikow, dass das Virus der atypischen Lungenentzündung (SARS) eine Synthese "zweier Viren" sei, deren natürliche Verbindung in dieser vorliegenden Form unmöglich sei, weil diese Mischung in der Natur niemals auftreten könne, und er erklärte: "Dies kann so nur in einem Labor geschehen."

Auch Nikolai Filatov (Moskauer Epidemiologische Dienste) glaubt, dass 2019-nCoV vom Menschen verursacht wurde, weil "es keinen Impfstoff gegen dieses Virus gibt und seine genaue Zusammensetzung unklar ist. Dazu war es bislang nicht sehr verbreitet und die Menschen sind nicht immun dagegen."

Haben wir es mit einem Komplott zu tun?

Falsche Batwomen?

Als die Virologin Zheng-Li Shi von ihren US-amerikanischen und australischen Kollegen den Spitznamen “Batwomen” erhielt, waren sie zuvor gemeinsam von April 2011 bis Oktober 2012 in den Höhlen von Kunming in der Provinz Yunnan im Süden Chinas unterwegs gewesen, um Fledermäuse zu jagen. Das Team bestand aus Peter Daszak, Jonathan H. Epstein, Jonna K. Mazet, Gary Crameri, Zheng-Li Shi und 15 weiteren wissenschaftlichen Mitarbeiter des WIV-Instituts. Dabei ging es ihnen allerdings weniger um die Hufeisenfledermäuse als um die Viren, die sie in sich tragen. Ihre Jagd war schließlich von Erfolg gekrönt: In 117 Speichel- und Kotproben entdeckten sie 27 bisher unbekannte Viren, die dem schon bekannten SARS-Virus ähnlich waren. 2013 berichteten sie dann in der renommierten Fachzeitschrift “Nature” (Vol: 503) vom 30. Oktober über ihre Beute und die Entdeckungen: “Obwohl angenommen wurde, dass Fledermäuse die natürlichen Reservoirre beider Viren sind, waren Versuche, das Vorläufervirus von SARS-CoV aus Fledermäusen zu isolieren, erfolglos.”

Es gelang den Forschern bis heute also nicht, einen Nachweis über SARS-CoV-1 in Fledermäusen zu führen, der mit dem Pandemievirus von 2002 aus Guangdong identisch war. Alle entdeckten Viren aus den Fledermäusen (SL-CoV) waren bis ins Jahr 2012 nur um 76 bis 92 Prozent mit SARS-CoV-1 ähnlich. Die Viren waren bis dahin für die Infizierung von Menschen völlig ungeeignet!



Abb. 18
“Batwomen” Professor Zeng-Li Shi

Dann entdeckten die Forscher in SL-CoV zwei besondere Viren, die zwar keine 100-prozentige, aber eine Ähnlichkeit von mindestens 95 Prozent mit SARS-CoV-1 aufwiesen. Das Besondere an WIV-1 (RsSHC014 und Rs3367) waren die Vero E6-Zellen, die eine typische Coronavirus-Morphologie und eine Sequenzidentität von 99,9 Prozent mit Rs3367 zuließen und über ACE2 als Eintrittsrezeptor von Menschen verwendet werden konnten: “Unsere Ergebnisse liefern den bislang stärksten Beweis dafür, dass chinesische Hufeisenfledermäuse natürliche Reservoirs für SARS-CoV sind und dass Zwischenwirte möglicherweise nicht für eine direkte Infektion des Menschen durch einige Fledermaus-SL-CoVs erforderlich sind.”

Nach der Entdeckung der Fähigkeiten von Rs3367 folgten weitere Experimente in der Forschungsgruppe mit folgendem Resultat: “Die Gesamtidentität der Nukleotidsequenzen dieser beiden Genome ist weitaus enger mit SARS-CoV verwandt als alle zuvor identifizierten Fledermaus-Coronaviren. Wir fanden heraus, dass WIV1 ACE2 unterschiedlicher Herkunft verwendet und in den ACE2-exprimierenden Zellen effizient replizieren kann.”

SARS-ähnliche Viren replizieren sich in menschlichen Atemwegszellen

Schon kurze Zeit nach Veröffentlichung dieser Arbeit stellten einige unabhängige Virologen bereits 2015 die Frage, ob “die aus dem Experiment gewonnenen Informationen das potenzielle Risiko überhaupt rechtfertigen” würden. Obwohl das Ausmaß eines Risikos schwer einzuschätzen ist, wies der Virologe Simon Wain-Hobson vom Pasteur-Institut in Paris darauf hin, dass die Forscher ein neuartiges Virus entwickelt hätten, das vornehmlich in den menschlichen Zellen “bemerkenswert gut wächst”. “Wenn das Virus jedoch entkommen sollte, könnte niemand die genaue Flugbahn vorhersagen, die es nehmen wird”, bemerkte er abschließend. Heute wissen wir zumindest, wo das SHC014-CoV gelandet ist – mit verheerenden Folgen für Menschen auf der ganzen Welt!

Wie viele Influenza-Virologen verwendete auch John Steel von der Emory University in Atlanta häufig einen schwachen Influenza-Laborstamm, um zu untersuchen, wie sich die saisonale Grippe ausbreitet. “Es ist ein böses Virus, wenn Sie eine Maus sind”, sagte der Virologe über den 80 Jahre alten Laborstamm, der als PR8 bekannt ist.

GOF-Stopp?

Es gab jedoch in den Laboren vermehrt Sicherheitslücken, wobei dutzende Mitarbeiter ohne ihr Wissen entflohenen Viren und Bakterien ausgesetzt wurden. Man entdeckte in einem seit langem vergessenen Karton sogar gefüllte “Pockenflächen”, die in unmittelbarer Nähe von Washington herumlagen. Deswegen sah sich US-Präsident Barak Obama veranlasst, die GOF-Experimente mit Influenza, MERS und SARS zu stoppen. Im Oktober 2014 forderte Steel auf Anordnung der Dachorganisation “National Institutes of Health” (NIH) seine beiden Mitarbeiter, die mit PR8 arbeiteten, auf, ihre Experimente zu unterbrechen, während das NIH entscheide, ob die Arbeit unter ein vorübergehendes Risikoverbot für Virusexperimente falle.

Die Obama-Regierung hatte ab Oktober 2014 tatsächlich eine “Pause” bei der Bundesfinanzierung für GOF-Projekte und die damit verbundenen Virologiestudien angekündigt, bei denen Influenza-, MERS- und SARS-Viren genetisch so “gefährlich” optimiert werden, dass sie dadurch bei Säugetieren deutlich übertragbarer oder pathogener werden. In den 11 Briefen an Einrichtungen mit Zuschüssen hieß es allerdings, dass die Einstellung der Arbeiten “freiwillig” wäre, da die Studien bereits finanziert seien. Sobald diese Mittel jedoch aufgebraucht sind, müsse die Arbeit eingestellt werden.

Die Kontrollaufsicht darüber übernahm die von Anthony Stephen Fauci geleitete US-Behörde “National Institute of Allergy and Infectious Diseases” (NIAID). Die Ermittler hatten 90 Tage Zeit, um NIAID mitzuteilen, welche Experimente gestoppt werden und in welche Richtungen die Ersatzforschungen gehen könnten. Weil der NIH-Direktor Ausnahmen für Forschungsarbeiten genehmigen kann, die zum Beispiel dringend zum Schutz der öffentlichen Gesundheit erforderlich sind, verhandelten viele Ermittler mit der NIAID, ob denn bestimmte Forschungen wirklich der GOF-Definition der Richtlinie entsprechen oder für die öffentliche Gesundheit doch wichtig genug seien, damit sie weiterarbeiten dürfen. Schließlich wurden die ungeduldigen “Labor-Frankensteine” von US-Präsident Donald Trump belohnt, der den GOF-Forschungsstopp ab 2017 wieder aufheben ließ. “Die potenziellen Vorteile der Vorbereitung auf Krankheiten überwiegen die Risiken”, hieß es in der Begründung. Dabei wurde das Verbot 2014 nach peinlichen Sicherheitslücken und Sicherheitsverletzungen bei Bundesinstitutionen mit Anthrax und Vogelgrippe verhängt. Dennoch sagte der Vorsitzende Samuel Stanley der NIH: “Grundlagenforschung zu diesen Wirkstoffen durch Laboratorien, die gezeigt haben, dass sie diese Arbeit sicher ausführen können, ist der Schlüssel zur globalen Sicherheit.”



Abb. 20

Professor Ralph S. Baric

Der Epidemiologie Marc Lipsitch an der Harvard TH Chan School entgegnete, dass GOF-Experimente “fast nichts dazu beigetragen haben, unsere Bereitschaft zu verbessern, obwohl wir dabei immer das Risiko einer versehentlichen Pandemie eingegangen sind”. Was versteht man an dieser Aussage nicht?

Genehmigte GOF?

Die SHC014-CoV-Studie in Kooperation mit den Chinesen war an der University of North Carolina at Chapel Hill bereits im Gange, bevor das US-Moratorium im Oktober 2014 begann. “Die NIH erlaubte es, während der Überprüfung durch das Institut mit unseren Arbeiten fortzufahren”, sagte Ralph S. Baric als Partner der WIV und Mitautor der Studie in “Nature Medicine”, “da das NIH zu dem Schluss kam, dass die Arbeiten nicht so riskant waren, um unter das Moratorium zu fallen.” Das ist merkwürdig: Kanta Subbarao und Matthew Frieman von der University of Maryland mussten wegen des GOF-Verbotes drei Zuschüsse und zwei Verträge, mit denen versucht wurde, einen Stamm des MERS-Coronavirus zu entwickeln, sofort zurückstellen. Dabei war zu dem Zeitpunkt ein aktueller MERS-Ausbruch im Nahen Osten gemeldet worden, so dass leitende Wissenschaftler mit “für die öffentliche Gesundheit wichtig” argumentieren konnten. Dennoch fanden sie kein Gehör und die Arbeiten an MERS-CoV wurden eingestellt. Ganz offensichtlich hatte R. S. Baric eine vorteilhaftere Beziehung zu Direktor A. S. Fauci, der sich in den 1980er Jahren einen Namen in der damals noch jungen AIDS-Forschung mit dem HI-Virus gemacht hatte.

“Ohne die Experimente”, erklärt Baric weiter, “würde das SHC014-Virus immer noch nicht als Bedrohung angesehen.” Zuvor hätten Wissenschaftler auf der Grundlage molekularer Modelle und anderer Studien geglaubt, dass es nicht in der Lage sei, menschliche Zellen zu infizieren. Die jüngste Arbeit zeige aber, dass das Virus bereits kritische Barrieren überwunden habe, beispielsweise die Fähigkeit, sich an menschliche Rezeptoren zu binden und menschliche Atemwegszellen effizient zu infizieren. “Ich glaube nicht, dass man das ignorieren kann.”

Er plane daher weitere Studien mit dem Virus an nichtmenschlichen Primaten, die möglicherweise für den Menschen relevantere Daten liefern. Simon Wain-Hobson lehnte die Studie jedoch ab, da sie wenig Nutzen bringe und wenig über das Risiko aussage, dass das wilde SHC014-Virus in Fledermäusen für den Menschen darstellt. Andere Experimente in der Studie zeigten zudem, dass sich das SHC014-Virus eigenständig in Wildfledermäusen weiterentwickeln müsste, um eine Bedrohung für den Menschen darzustellen – “eine Veränderung, die möglicherweise nie eintreten wird, obwohl sie nicht ausgeschlossen werden kann”, so Wain-Hobson. Baric und sein Team rekonstruierten das Wildvirus aus seiner Gensequenz und stellten anfangs fest, dass es in menschlichen Zellkulturen schlecht wuchs und bei Mäusen keine signifikanten Krankheiten verursachte.

Neuer Widerspruch?

“Die einzige Auswirkung dieser Arbeit ist die Schaffung eines neuen, nicht natürlichen Risikos in einem Labor”, stimmt Richard Ebright dieser Ausführung zu. Sowohl Ebright als auch Wain-Hobson sind langjährige Kritiker der GOF-Projekte, die inzwischen auch wissen, dass ihre Kollegen erst durch die synthetische Rekombination mit Menschenzellen (HeLa) und die “künstliche” Sensibilisierung zu den ACE2-Rezeptoren aus SHC014 das SHC014-CoV machten und damit die Grundlage für die Pandemie 2020 schufen. Relativ unbeachtet blieben in dem Artikel vom 9. November 2015 in “Nature Medicine” die verwendeten “Zutaten” bei der Herstellung der Chimäre und SHC014-CoV, die unter der Rubrik “Methode” zusammengefasst wurden: “DBT-Zellen (Baric-Labor, Quelle unbekannt), die ACE2-Orthologe exprimieren, wurden zuvor sowohl für Menschen als auch für Zibet beschrieben; die Fledermaus-ACE2-Sequenz basierte auf der von ‘Rhinolophus leschenaulti’ und DBT-Zellen, die Fledermaus-ACE2 exprimierten, wurden wie zuvor beschrieben etabliert. Pseudotypisierungsexperimente waren ähnlich denen, die ein HIV-basiertes Pseudovirus verwendeten, das wie zuvor beschrieben hergestellt und an HeLa-Zellen (Wuhan Institute of Virology) untersucht wurde, die ACE2-Orthologe exprimierten. HeLa-Zellen wurden in minimalem essentiellen Medium (MEM) (Gibco, CA) gezüchtet, das mit 10 Prozent FCS (Gibco, CA) ergänzt war, wie zuvor beschrieben. Wachstumskurven in Vero E6, DBT, Calu-3 2B4 und primären menschlichen Atemwegsepithelzellen wurden wie zuvor beschrieben durchgeführt. Keiner der Vorräte an Arbeitszelllinien wurde kürzlich authentifiziert oder auf Mycoplasma getestet, obwohl die ursprünglichen Samenvorräte, die zur Herstellung der Arbeitsvorräte verwendet wurden, frei von Kontamination sind. Menschliche Lungen für HAE-Kulturen wurden nach den von der University of North Carolina im Chapel Hill Institutional Review Board genehmigten Protokollen beschafft.”



Abb. 21

Auch Dr. Peter Daszak gehörte dem Team an.

Der Auszug ist zwar nicht sehr lang, enthält dafür aber die wesentlichen Bestandteile von SHC014-CoV: Gleich im ersten Satz wird die Verwendung von DBT-Zellen “ohne Herkunftsangabe” genannt, was mehr als merkwürdig ist. DTB ist die Abkürzung für “Delayed Brain Tumor” und bedeutet auf Deutsch “Hirntumorzellen”. Dazu verwendeten die Wissenschaftler HeLa-Krebszellen sowie ein “HIV-basiertes Pseudovirus” und testeten die Wirkung von SHC014-CoV in menschlichen Lungen aus der “Organspende” mit “HAE-Kulturen” (“humane Atemwegsepithel”).

Labor-Aussaat 2019-nCoV?

Tatsächlich konnte eine neue wissenschaftliche Studie an 2019-nCoV nachweisen, dass es ebenfalls HIV-ähnliche Mutationen enthält, was seine Fähigkeit, an menschliche Zellen anzudocken, um bis zu eintausend Mal effizienter macht, als dies seinerzeit bei SARS-CoV der Fall war. Professor Bishwajit Kundu von der “School of Biological Science” in Dehli hat auf der Internetseite des WIV die Erbgutsequenz mit den kodierten Bauplänen der Virusproteine des neuen Coronavirus heruntergeladen und untersucht. Als er die Baupläne und Andockstellen der Spike-Proteine etwas genauer studierte, fielen ihm vier ungewöhnliche Stellen auf, die in der Erbgutsequenz mit dem HI-Virus übereinstimmen. “Das neue Coronavirus ist ein Mix alter Coronaviren mit HIV”, schlussfolgert er darauf. “Es gibt zu wenig Ähnlichkeit mit der Sequenz des HI-Virus, um auf einen signifikanten Austausch von genetischem Material schließen zu können”, wendet jedoch Gaëtan Burgi von der Australian National University ein, ein Genetiker.

Tatsächlich könnten die beiden Viren nicht unterschiedlicher sein: Während HIV ein Retrovirus mit komplizierten Vermehrungszyklen in der DNS und RNS ist, hinterließen Coronaviren im menschlichen Erbgut bislang keine Spuren. Damit sich das Erbgut der beiden Virenarten aber mischen konnte, müssten sich die Gensequenzen beider Viren am selben Ort innerhalb der Zellen kopieren lassen. Das wäre allerdings ein Beweis, dass das nur in einem Labor passiert sein kann. Trotzdem sind solche Rekombinationen von Viruserbgut denkbar, sagt Lars Hangartner. Der Schweizer HIV-Spezialist hat das Phänomen 2009 schon in seinem Zürcher Labor erlebt: Ein RNS-Virus schlüpfte dabei in den Zellkern einer Menschengzelle, weil der Forscher es mit einem “Retrotransposon” zusammengebracht hatte. Retrotransposons stammen aus überstandenen Infektionen und sind mit Retroviren durchaus vergleichbar, weil sie ebenfalls gleichermaßen DNS und RNS besitzen. “Um ein so großes Virus wiederherzustellen, wäre technisches Wissen erforderlich, über das nur wenige Labore auf der Welt verfügen, und es ist unwahrscheinlich, dass Wissenschaftler ein Virus geschaffen haben könnten, das auch mit dem Rezeptor ACE2 interagiert, während dieser Mechanismus noch nie zuvor beobachtet worden ist”, bemerkt der Forscher Etienne Simon-Loriere vom Institut Pasteur in Paris. Eben!

Aussaat Bestätigung?

Es gibt mittlerweile eine Vielzahl an wissenschaftlichen Studien zur Herkunft von 2019-nCoV, die der Laie kaum noch überblicken kann. Als Zwischen- oder Zweitwirt für 2019-nCoV wurde das Schuppentier (Pangolin) angenommen, da Forscher aus seinem Gewebe ein Virus (Manis-CoV, SRR10168377 und SRR10168378) isolieren konnten, das ebenfalls eine hohe genetische Übereinstimmung von 90 Prozent mit dem pandemischen 2019-nCoV besitzt. Die Ähnlichkeit betrifft vor allem die “Spikes”, weshalb die Studien von Professor Roujian Lu anderen Forschern das Schuppentier als Zwischenwirt nahelegten. Eine Studie von dem HIV-Experten Xingguang Li kommt dagegen zu dem Ergebnis, das Schuppentier könne “gar nicht der Zwischenwirt gewesen sein”. Und solange der Zwischenwirt nicht nachweislich gefunden ist, hat die These vom künstlichen Ursprung der Pandemie die gleiche Berechtigung wie die Zoonose-These!

Die indische Studie von Bishwajit Kundu erkannte das HI-Virus zwar nur theoretisch auf dem 2019-nCoV-Virus-Bauplan, dennoch war sie aber begründet. Obwohl das Thema schnell den Stempel einer “Verschwörungstheorie” erhielt, wurde es durch spätere Untersuchungen von Ruan Jishou von der Nankai University in Tianjin und von Li Hua von der University of Science and Technology in Wuhan nochmals bestätigt. Beide Forscher legten ebenfalls nahe, dass Teile des HIV- oder Ebola-Virus mit dem Fledermausvirus in einem GOF-Projekt kombiniert worden sein könnten und damit die hohe Ansteckungsrate in 2019-nCoV provoziert wurde. Neben dem ACE2 zielt 2019-nCoV überraschenderweise auch auf das menschliche Enzym Furin ab, das im menschlichen Körper deutlich häufiger vorkommt als in Tieren. Einige Proteine sind bei der ersten Synthese inaktiv und müssen Abschnitte entfernen, um aktiv zu werden. Furin spaltet diese Abschnitte und aktiviert dadurch die Proteine. Dies passt zu jüngsten Erfahrungen, wonach gegen Ebola und HIV wirksame Medikamente wie Remdesivir auch bei 2019-nCoV gewisse Heilungserfolge bringen.



Abb. 22

Professor Bishwajit Kundu

Da am WIV auch mit HIV- und Ebola-Erregern hantiert wird, wäre dies eine These für den künstlichen Ursprung des Erregers. Sie würde damit deutlich an Wahrscheinlichkeit und Beweiskraft gewinnen! Hellhörig macht zudem eine Nachricht aus Südkorea, wonach das aktuelle Coronavirus in wieder genesenen Patienten nur “schläft” und sich jederzeit reaktivieren kann wie HIV. Zur Eindämmung einiger Verschwörungstheorien hat man allerdings bislang verhindert, dass über die beiden Studien ausführlicher berichtet wird. Zumindest wurde eine deutliche Zurückhaltung an den Tag gelegt bei deren Interpretation durch internationale Wissenschaftler.

Nobelpreisträger bejaht?

Der französische Professor Luc Montagnier, der das HI-Virus 1981 entdeckte, bestätigte am 16. April 2020 die Ergebnisse von Bishwajit Kundu ebenfalls und meint, dass 2019-nCoV erst durch Menschen im Labor synthetisch erzeugt worden sein muss. Zu ähnlichen Erkenntnissen kamen zuvor bereits andere Forscher wie auch Professor Fang Chi-Tai aus Taiwan. “Mit meinem Kollegen, dem Biomathematiker Jean-Claude Perez, habe ich die Genomstruktur dieser Virus-RNS sorgfältig analysiert”, und er sei überzeugt, in 2019-nCoV ein genetisch manipuliertes Virus zu erkennen, das vermutlich unabsichtlich aus dem Wuhan-Institut “geleakt” wurde.



Abb. 23

Nobelpreisträger Professor Luc Montagnier

Chinesische Forscher hätten schon sehr lange Coronaviren in ihren Forschungen genutzt, um einige Impfstoffe zu entwickeln. “Diese Forschungen haben auch dem Ziel gedient, Coronaviren als Mittel der ersten Wahl zur Herstellung eines Impfstoffs gegen HIV/AIDS einzusetzen”, so der Nobelpreisträger weiter. Auf die Frage, ob das nun untersuchte und analysierte Coronavirus von einem Patienten ausgegangen sein könne, der mit dem HI-Virus infiziert war, antwortet Professor Montagnier: “Nein, um eine HIV-Sequenz in dieses Genom zu injizieren, werden molekulare Instrumente benötigt, was sich einzig und allein in einem Labor durchführen lässt.”

Die positiven Aspekte in der These des Professors sind “exakt diese synthetisch veränderten Sequenzen des Virus”, die angesichts der rasanten Ausbreitung von 2019-nCoV bei Behandlungen als Erstes eliminiert werden können. “Die Natur akzeptiert keine molekulare Flickschusterei, weshalb diese unnatürlichen Veränderungen über die Zeit eliminiert werden. Und selbst wenn nichts getan

würde, werden sich die Dinge bessern, doch unglücklicherweise erst dann, wenn viele Menschen gestorben sind“, so der Professor.

Der angeblich unabhängige Journalist William Audureau von der Pariser Tageszeitung “Le Monde” gibt sich in einem Artikel vom 17. April 2020 alle Mühe, Professor Montagnier zu diskreditieren. Dazu zitiert er sogar aus einem Buch aus dem Jahr 2007 des Wissenschaftshistorikers Alexandre Moatti: “Wir können eine lange Liste von Nobelpreisträgern in der Wissenschaft aufstellen, die entweder in der Ideologie (wie die Nobelpreisträger in Physik, die zu Nazis wurden, Lenard, Stark) oder in der falschen Wissenschaft aus der Spur geraten sind.”

Außerdem erklärt Audureau, dass Professor Montagnier kontroverse Thesen von Jacques Benveniste über die “Erinnerung von Wasser” unterstützen würde und vorgeschlagen habe, die Parkinson-Krankheit des Papstes mit Baummelonensaft (Carica Papaya) zu heilen. Der Schweizer Chemiker Louis Rey hatte vor 20 Jahren mit den Untersuchungen des Wassers angefangen, die jetzt in Österreich von Bernd Kröplin fortgesetzt werden. “Was wir machen, ist eine naturwissenschaftliche Versuchsreihe, die jederzeit wiederholbar ist”, sagt Kröplin. Tatsächlich wurden die Versuchsreihen tausendfach mit dem gleichen Ergebnis wiederholt.

Carica Papaya?

Was die Carica Papaya betrifft, existieren davon nicht nur mehrere Arten, sondern auch über 600 wissenschaftliche Studien darüber. Neben einem hohen Vitamin-C-Anteil, besitzt die Frucht überdurchschnittlich viele andere Vitamine wie A, E, B1 bis B6 und sogar Folsäure. Dazu liefert die Frucht an Mineralstoffen insbesondere Kalium, Kalzium, Magnesium, Mangan, Eisen, Kupfer, Zink und ist mit nur 32 kcal auf 100 g sehr diättauglich.



Abb. 24

Carica Papaya

Eine weitere positive Wirkung sind die Enzyme, wie Papain. In Fruchtfleisch und Samen sind zudem Chymopapain A und B, in den Blättern auch Saponine, Alkaloide und Glukosinolate enthalten.

Papain ist dem Pepsin sehr ähnlich, einem der wichtigsten Enzyme im menschlichen Magen. Dieses Enzym ist in der Lage, Eiweiß aufzuspalten, was die Verdauung unterstützt und die Wirkung als Zartmacher von Fleisch erklärt. Auch beim Thema Krebstherapie kann die Baumelone punkten. Ihre Enzyme zeigten in Versuchsreihen eine tumorverkleinernde oder sogar tumorauflösende Wirkung. Sogar bei Denguefieber, einer weitverbreiteten Tropenkrankheit, sorgen die Enzyme der Carica Papaya für Besserung oder sogar Heilung.

Weniger bekannt ist, dass die Carica Papaya seit 2008 zu den ersten Pflanzen zählte, deren Genom komplett entschlüsselt wurde. Grund dafür war das "Papaya Ringspot Virus" (PRV), das in den 1990er Jahren zu beträchtlichen Ernteaussfällen auf Hawaii führte. Da Züchtungen auf Virus-Resistenz zu viel Zeit in Anspruch genommen hätten, wurden die Carica Papayas einfach genetisch verändert (GV) und damit resistent gemacht. Dadurch stellen die GV-Papayas mittlerweile beinahe die gesamte Ernte auf Hawaii. Sie sind in den USA, China, Kanada und Japan als Lebensmittel sowie zum Anbau zugelassen (zum Anbau nicht in Kanada und Japan). Trotz guter Kontrollen im EU-Raum

und Deutschland tauchen leider immer wieder GV-Papayas auf, die durch die Genveränderungen leider niemandem empfohlen werden können. – Es ist also kein “esoterischer Hokuspokus”, worüber der Nobelpreisträger Luc Montagnier berichtet, sondern Wissenschaft!

William Audureau selbst, der Journalist von “Le Monde”, durfte bis Anfang Februar 2020 nur über Spielekonsolen und Ähnliches berichten. Mit der Absage der Spielmesse in Wuhan für 2020 durfte Audureau am 8. Februar 2020 dann einen Artikel über die Absage schreiben und diskreditiert inzwischen als “Möchtegern-Experte” für 2019-nCoV vollkommen unqualifiziert sogar Nobelpreisträger. “Wie auch immer die Dinge ausgehen werden, die Wahrheit kommt stets ans Licht”, beschließt Professor Montagnier und vertritt weiterhin unbeirrt seine Meinung zu 2019-nCoV. Er ist überzeugt, dass das Virus erst synthetisch im Labor erschaffen wurde!

Tatsächlich haben meine bisherigen Recherchen ergeben, dass BSL-Labore der Sicherheitsstufe 3 in Wuhan schon seit 2008 mit den US-Amerikanern gemeinsame Studien mit dem HI-Virus und SARS-CoV durchgeführt haben. Insbesondere arbeiteten die Forscher immer wieder an der Modifikation des Spike-Proteins von Fledermaus-Coronaviren und daran, wie man sie dazu bringt, auch menschliche Zellen über den ACE2-Rezeptor zu infizieren.

HIV und 2019-nCoV?

Dazu vollbrachten die Virologen das Kunststück, aus einem leicht veränderten HIV-Genom ein synthetisches HIV-Pseudovirus zu erzeugen, das als pHIV-Luc gekennzeichnet wird. Dazu werden die RNS bei HIV verändert, indem man das env-Gen entfernt und daraufhin das nef-Gen inaktiviert. Als Ersatz bauten die Forscher an die zu behandelnden Stellen Luciferase ein, wonach dieser Eingriff das synthetische HIV-Pseudovirus (pLai3 Δ envLuc2) mit seinen infizierten Zellen zum Leuchten bringen kann. Das geschieht durch eine chemische Reaktion, wobei das Luciferase-Enzym in Oxyluciferin umgewandelt wird. Insbesondere diente diese Methode zur Überprüfung der infizierten SARS-CoV-Zellen und ihrer Spike-Proteine. Man wollte mit dem Experiment jederzeit überprüfbar erkennen, in welcher Dichte die Spike-Proteine nach Eingriffen neu gebildet werden. Angeblich dienten diese Forschungen ausschließlich zur Vorbeugung für den Fall, das dieses Ereignis auf natürliche Weise eintritt.

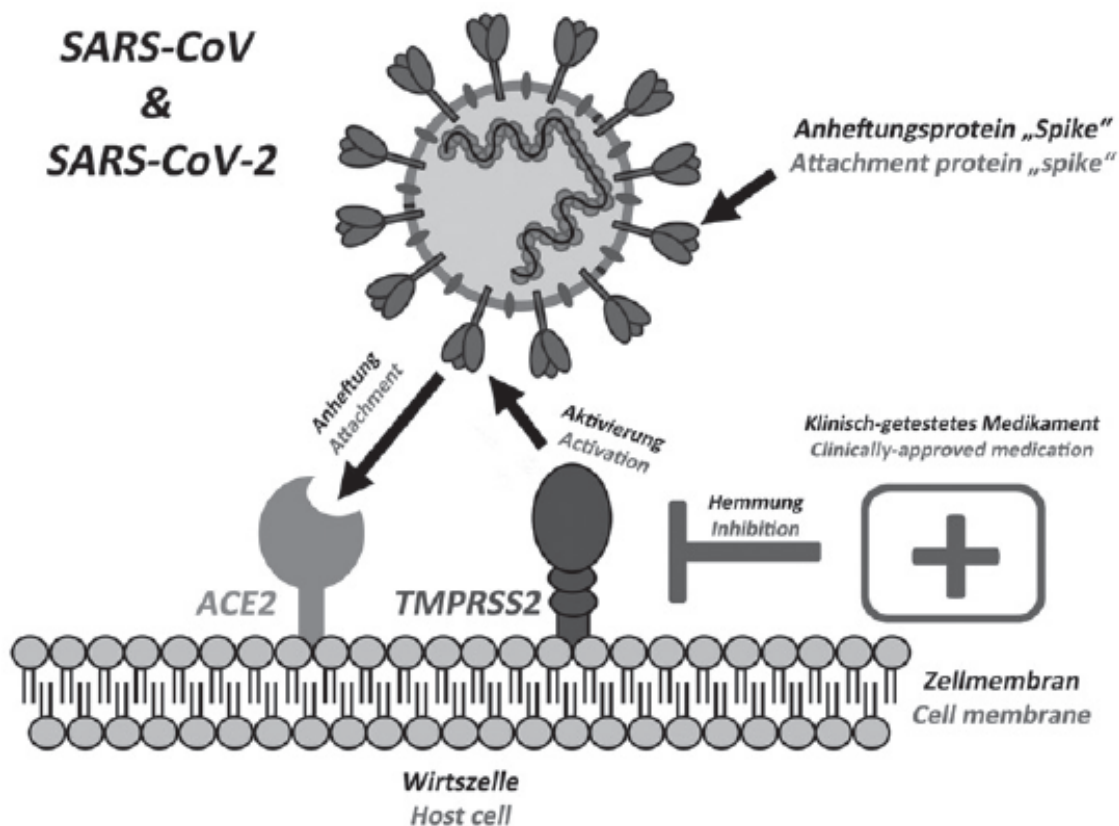


Abb. 25

Andockverhalten der Spike-Proteine SARS-CoV

Im Übrigen kam 2012 erst nach diesen Experimenten zum ersten Mal MERS-CoV in Jordanien und später in Saudi-Arabien mit infizierten Menschen vor, dessen Ursprung ebenfalls mit den Experimenten in Zusammenhang stehen könnte. Wenn wir uns das vollständige Genom von 2019-nCoV (SARS-CoV-2) unter der Referenzsequenz NC_045512.2 des Nationalen Zentrums für Informationen zur Biotechnologie (NCBI) in Wuhan anschauen, beginnt sein genetischer Code:

```
attaaagggtt tataccttc caggaacaa accaaccaac
tttcgatctc gggaaccac...
```

Die Referenzsequenz NC_001802.1 wiederum, enthält das vollständige Genom der RNS des HI-Virus, bei dem der genetische Code wie folgt beginnt:

```
ggctctctctg gtagaccag atctgagcct gggagctctc
```

tggctaacta cccttgggtg...

Als Nicht-Virologe befindet man sich hier in “Böhmischen Dörfern”, und auch die Buchstaben des Genoms zeigen auf den ersten Blick keinerlei Ähnlichkeiten zwischen den Fragmenten in den Sequenzabfolgen. Wenn wir innerhalb der ersteren Sequenz keine Fragmente der letzteren Sequenz finden, könnten wir eigentlich rückschließen, dass in 2019-nCoV kein Teil von HIV vorhanden ist. Daher sollte man das vollständige Genom der RNS-Version von HIV (NCBI) betrachten und dort nach Ähnlichkeiten suchen. Dabei müssen wir uns selbstverständlich auch Sequenzen ansehen, die für Proteine kodieren. Tatsächlich hat HIV 39 offene Leserahmen (ORF), die mit einem “Startcodon” beginnen und an einem “Stoppcodon” enden. Genau diese Betrachtung des NCBI und ORF brauche man wohl nicht mehr zu machen, weil diese Arbeit im Auftrage der NIH mit dem “Basic Local Alignment Search Tool” (BLAST) für uns bereits erledigt wurde. Vertrauen sollten wir auf die Richtigkeit der NIH-Ergebnisse als US-Regierungseinrichtung dann aber schon (?).

BLAST bestätigt HIV?

In der Bioinformatik ist BLAST ein Algorithmus und ein Programm zum Vergleichen von primären biologischen Sequenzinformationen, wie beispielsweise Aminosäuresequenzen von Proteinen oder Nukleotiden von DNS- oder RNS-Sequenzen. Dabei wird sogar für jede Ähnlichkeit dokumentiert, welches Protein sie an dieser Stelle codiert hat. BLAST findet also Regionen mit Ähnlichkeit zwischen biologischen Sequenzen und berechnet die statistische Signifikanz. Was hat die Analyse von 2019-nCoV nun ergeben? Gibt es HIV-Sequenzen in 2019-nCoV, die das Kriterium einer Ähnlichkeit erfüllen?

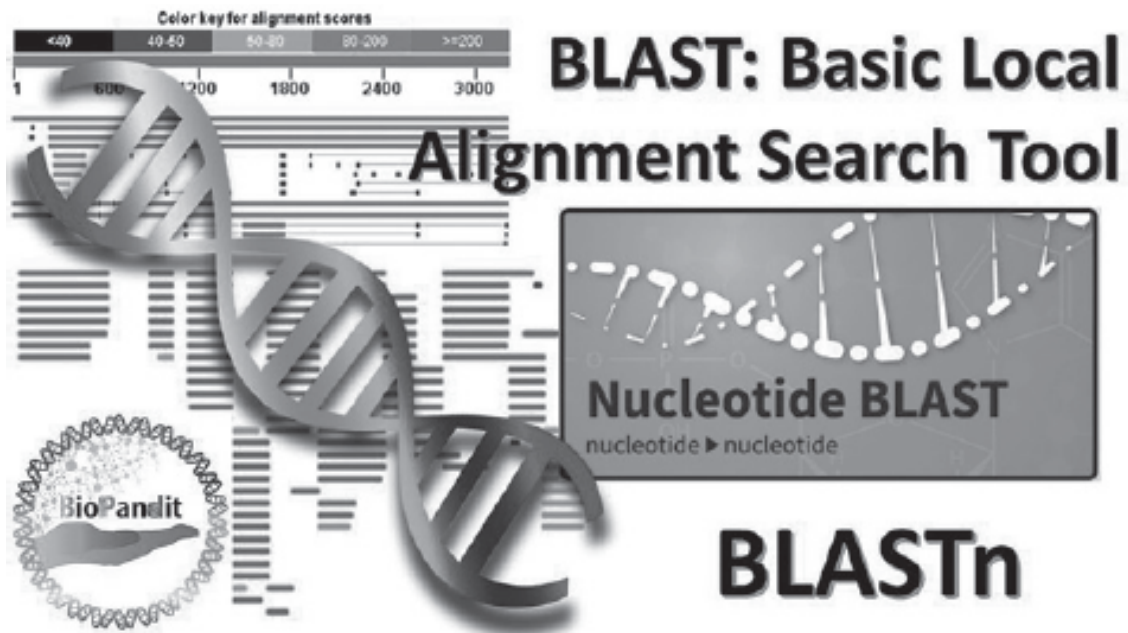


Abb. 26

BLAST-Programm

Die Antwort lautet “ja” (!), da beide Viren eine “Glykoproteinhülle” besitzen, obwohl sie zu zwei völlig unterschiedlichen Virusfamilien gehören. HIV ist ein Lentivirus, während SARS ein Coronavirus ist, und eigentlich dürften beide Viren nichts gemeinsam haben. Dennoch codieren der Teil des HIV-Genoms und der Teil des 2019-nCoV-Genoms, in beiden (unterschiedliche) Glykoproteinhüllen, zu über 90 Prozent ähnlich. (Siehe auch 2019-nCoV und HIV-Isolat-XJ16-6-Glykoproteinhülle). Professor Montagnier hat also Recht: Während in 2019-nCoV keine Proteinsequenz von HIV vorhanden ist, ähnelt ein winziger Teil des 2019-nCoV-Genoms tatsächlich zu 90 Prozent einem Teil des HIV-Genoms. Beweist dies nicht Montagniers Standpunkt?

Die aktuelle “Virologen-Bande” der “Nature”-Theorie sagt immer noch “nein”! Angeblich würde die genetische Sequenz von 2019-nCoV, die für seine Lipidhülle kodiert, zwar “ein bisschen wie die von HIV aussehen”, aber auch Teile vieler anderer Viren würden das angeblich tun. Sie verweisen insbesondere auf das humane Coronavirus 229E, das die Erkältung verursacht, oder auf das humane Coronavirus OC4, das ebenfalls eine Variante der Erkältung auslöst, und erklären in beiden Viren das Vorhandensein einer ähnlichen “natürlichen” HIV-Sequenz. Diese Genotypen vom humanen Coronavirus würden bereits in die 1950er Jahre zurückgehen, und “auf keinen Fall hätte jemand in einem Wuhan-Labor im Jahr 2019 den RNS-Code eines Virus aus Mitte der 1950er Jahre beeinflussen können!”

HIV synthetisch?

Was viele Leute heute kaum zur Kenntnis nehmen, ist die Tatsache, dass HIV in Wahrheit ebenso ein synthetisches Virus ist, der aus modernen Laboren des Westens stammt. Im Auftrag der Rockefeller-Stiftung haben die Virologen John Franklin Enders (1897-1985) und Jonas Edward Salk (1914-1995) 1954 Polioviruskulturen verschiedener Gewebstypen zur Bekämpfung der Kinderlähmung erstmals "synthetisch" wachsen lassen, die sie dann in Belgisch-Kongo einsetzten. Diese Polioviren wurden in Afrika bis 1959 schließlich in Schimpansennieren entwickelt zur Vermehrung des Polio-Impfstoffes und danach hunderttausenden Menschen durch eine Schluckimpfung eingeführt, wodurch aus den Affennieren der "Simiane Immundefizienz Virus" (SIV) erst auf den Menschen übertragen wurde und zu HIV mutiert ist. Warum wurden die Schuldigen aber zu keiner Zeit haftbar gemacht? Das humane Coronavirus 229E stammt auch nicht aus den 1950ern, sondern erst aus den 1980er Jahren!

Als 1979 insbesondere unter Homosexuellen in den USA die neuartige tödliche Immunkrankheit AIDS ausbricht, war das bereits der HIV-1-Typ, eine schon veränderte Form des mutierten HIV-Konogo-Virus. Professor Jakob Segal (1911-1995) lieferte in seinem Buch „AIDS – die Spur führt ins Pentagon“ erdrückende Indizien, dass die Spur des neuartigen Virus HIV-1 in das US-Sicherheitslabor in Fort Detrick/Maryland führt. Der Erreger sei erst durch Manipulation des tödlichen Schafsvirus Visna zustande gekommen und eine missglückte Biowaffe gewesen. Eine Veröffentlichung seines Buches in der Deutschen Demokratischen Republik (DDR) gestaltete sich schwierig, und weil der in Frankfurt am Main arbeitende amerikanisierte ehemalige DDR-Psychiater Volkmar Sigusch die Veröffentlichung Segals auch für die Bundesrepublik Deutschland (BRD) ablehnte, wurde es lange Zeit nicht verlegt. Erst 1990 erschien es dann doch noch in einem kleinen Verlag, ohne jedoch die verdiente Aufmerksamkeit zu bekommen. Schließlich landete es schnell in der Verschwörungsliteraturtonne!

Erklärungsnot "Nature"?

Wegen der zwei zitierten Artikel über die synthetischen Virenmanipulationen und Schöpfungen chimärer Viren sah sich die Fachzeitschrift "Nature" gedrängt, am 30. März 2020 unbedingt eine Online-Anmerkung zu verfassen: "Wir sind uns bewusst, dass dieser Artikel als Grundlage für unbestätigte Theorien verwendet wird, dass das neuartige Coronavirus, das 2019-nCoV verursacht, entwickelt wurde. Es gibt keine Beweise dafür, dass dies wahr ist; Wissenschaftler glauben, dass ein Tier die wahrscheinlichste Quelle des Coronavirus ist."

Die Beweise zur synthetischen Herstellung von SHC014-CoV und seinen vielen Variationen sind eindeutig! Genau daraus resultierte erst das 2019-nCoV-Virus, das eindeutig im Labor hergestellt worden ist. Nur weil die Zahl der "Verschwörungstheorien" nicht gerade abnahm, veröffentlichte die "Nature"-Redaktion zudem zusätzlich Neues über die wichtigen genomischen Merkmale des 2019-nCoV-Genoms und seine Unterschiede zu anderen bekannten Coronaviren. Tatsächlich ist einer der bemerkenswertesten Unterschiede zu anderen Viren die Rezeptorbindungsdomäne (RBD) im Spike-Protein, mit der es sich an den ACE2-Rezeptor menschlicher Zellen bindet. Dieser Teil ist nicht nur das variabelste Genom der Coronaviren, sondern erklärt auch seine Wirksamkeit bei Menschen, Frettchen, Katzen und anderen Arten mit einer hohen ACE2-Homologie.

Wie die Autoren von "Nature" selbst bemerken, "ist es unwahrscheinlich, dass 2019-nCoV durch Labormanipulation eines verwandten SARS-CoV-ähnlichen Coronavirus entstanden ist". Wie erwähnt, ist aber die RBD von 2019-nCoV für die Bindung an menschliches ACE2 mit einer effizienten Lösung optimiert, die sich von den anderen Coronaviren vollkommen unterscheidet. Die Redaktion schreibt: "Wenn eine genetische Manipulation durchgeführt wurde, wäre wahrscheinlich eines der verschiedenen, für Betacoronaviren verfügbaren reversgenetischen Systeme verwendet worden. Die genetischen Daten zeigen jedoch unwiderlegbar, dass 2019-nCoV nicht von einem zuvor verwendeten Virusrückgrat stammt."



Abb. 27

“South China Morning Post”-Bericht über 2019-nCoV

Doch genau das stimmt eben nicht! Die “South China Morning Post” berichtete nach der “Nature”-Anmerkung, dass nach aktuellen Untersuchungen von Fachexperten aus Shanghai und New York die Befürchtung fundamementiert wurde, dass es gewisse Parallelen zwischen 2019-nCoV und HIV bei T-Lymphozyten gebe. “Der Einfluss von Covid-19 auf den menschlichen Körper ist wie eine Kombination aus SARS und AIDS”, sagt Peng Zhiong. Die “Helferzellen” im menschlichen Organismus sind mit der Aufgabe betraut, eindringende Erreger zu erkennen und zu eliminieren. Laboruntersuchungen mit aktiven Coronaviren und Lymphozyten lösten jedoch Verwunderung aus: Die Untersuchungen im Labor zeigten, dass die Lymphozyten nicht wie sonst üblich viröse Partikel angriffen und unschädlich machten, sondern vielmehr selbst zur “Beute” wurden. Eine dem Coronavirus eigene Proteinstruktur hätte diese Reaktion ermöglicht, lautete die Schlussfolgerung des Forscherteams im Fachmagazin “Cellular & Molecular Immunology”.

Abwehr geschwächt?

In der Praxis sei zudem bereits festgestellt worden, dass 2019-nCoV-Patienten dramatisch niedrige Lymphozytenzahlen aufwiesen und somit “ein akut geschwächtes Abwehrsystem” hätten. Und je schwächer das Immunsystem wird, desto mehr steigt das Todesrisiko. Daher werde in Fachkreisen die verheerende Wirkung von 2019-nCoV auf den menschlichen Körper bereits mit den Folgen, die “eine SARS-Infektion in Kombination mit HIV hätte”, beschrieben. In vergleichenden Tests stellte sich heraus, dass das mit dem Coronavirus verwandte SARS-Virus nicht in der Lage war, die menschliche Immunabwehr auszuschalten, wie es bei 2019-nCoV der Fall zu sein scheint.

Der Spanier Santiago Moreno, Leiter der Abteilung für Infektionskrankheiten im Krankenhaus Ramon y Cajal in Madrid, konnte eine mit HIV-Mitteln behandelte Person vor 2019-nCoV retten. Er erklärt: “Die Protease von 2019-nCoV ist der von HIV sehr ähnlich. Dieses Enzym ist für die Replikation des Virus von grundlegender Bedeutung. Die Kombination von Lopinavir und Ritonavir hemmt und blockiert HIV. Die Ergebnisse, die wir bisher mit dem Coronavirus erzielt haben, sind ermutigend.”

Nun läge die Vermutung nahe, dass 2019-nCoV in der Lage sei, sich ähnlich aggressiv wie das HI-Virus zu verhalten, das bekanntlich die Immunschwächekrankheit AIDS auslöst, für die es keine Heilung gibt. In einem Punkt unterscheidet sich das Coronavirus jedoch von HIV: “Während das HI-Virus in der Lage ist, T-Lymphozyten umzuprogrammieren und sich so im ganzen Körper auszubreiten, ist 2019-nCoV dazu nicht fähig.”

Dafür besitzt 2019-nCoV aber noch eine andere Fähigkeit, die bisher wenig beachtet wurde: Die Empfänglichkeit scheint auch von der Blutgruppe des Menschen abzuhängen. Nach einer Studie von Professor Wang Xinghuan (Wuhan University) wurde festgestellt, dass Blutgruppe A- und O-Patienten eine höhere Empfänglichkeit für 2019-nCoV besitzen, bei ihnen besteht zudem eine Todesrate in verschiedenen Alters- und Geschlechtsgruppen. “Es könnte hilfreich sein, die ABO-Blutgruppe sowohl bei Patienten als auch bei medizinischem Personal als Routineteil bei der Behandlung von Patienten mit 2019-nCoV-Krankheit einzuführen”, empfiehlt Xinghuan.

Falsche Blutsorte?

Die Blutgruppe wird von den Eltern an ihre Kinder vererbt. Jedes Kind erhält ein Blutgruppenmerkmal vom Vater und eines von der Mutter. Genau genommen lassen sich die Blutgruppen noch weiter einteilen. In Deutschland besteht die Bevölkerung aus folgenden Blutgruppen: A 43%, B 11%, AB 5%, O 41%, die sich dann noch einmal in positiv und negativ einteilen. Blutgruppen können durch ein spezifisches Antigen identifiziert werden, das sich auf den roten Blutkörperchen befindet und eine spezifische Immunantwort auslöst. “Menschen der Blutgruppe A benötigen möglicherweise einen besonders verstärkten persönlichen Schutz, um das Infektionsrisiko zu verringern”, sagt Xinghuan.



Abb. 28

Blutgruppe und 2019-nCoV

Neben dem Blutgruppensystem “AB0” gibt es noch weitere, darunter das “Rhesussystem”. Die Erythrozyten Rhesus-positiver Menschen tragen auf ihrer Oberfläche ein “D-Antigen” (Rhesusfaktor “D”). Rhesus-negative Menschen haben dieses Antigen nicht. Mediziner kennzeichnen eine Rhesus-positive Blutgruppe mit “+” und eine Rhesus-negative Blutgruppe mit “-”. So bedeutet zum Beispiel die Bezeichnung “Blutgruppe 0+”, dass es sich um die “Blutgruppe 0, Rhesusfaktor positiv” handelt. Das “Cold Spring Harbor Laboratory” (CSH) hat in einer unveröffentlichten Studie unter der Leitung von Jiao Zhao, Yan Yang, Hanping Huang und Dong Li die Untersuchungen von Wang Xinghuan etwas unterteilt und optimiert. Sie erkennen zwar in A und O ebenfalls ein höheres Erwerbsrisiko für 2019-nCoV, sehen danach aber nur einen leichten Verlauf der Infektion. Die schweren Verläufe haben sie für A und O Rhesus-negative sowie AB und B festgestellt. Nur diese Gruppen sind in

allen Alters- und Geschlechtergruppen zu 60 Prozent mit einem schweren Verlauf oder Todesfolge betroffen! Ist das nicht ein weiterer Beweis dafür, dass 2019-nCoV synthetisch ist? Ich meine schon!

Die Chinesen dementieren nach wie vor vehement, dass das Virus aus einem ihrer Labore stammt. “Es ist unmöglich, dass das Virus von uns kam”, erklärte der stellvertretende WIV-Direktor Zhiming Yuan im Staatsfernsehen des Landes. “Wir haben ein strenges Regime an Regeln und einen klaren Verhaltenskodex, deshalb sind wir diesbezüglich sehr zuversichtlich.”

Sie habe unmittelbar, nachdem sie in der Nacht vom 30. Dezember 2019 von dem Ausbruch in Wuhan erfahren habe, mit der Analyse des Erbguts (Genom) von 2019-nCoV begonnen und dieses mit den in ihrem Labor untersuchten Viren verglichen, berichtete Zheng-Li Shi, Laborchefin des WIV, im Scientific American. Weiter prüfte sie auch, ob es bei den Experimenten Fehler gab. Eine Übereinstimmung mit den bei Patienten gefundenen Erregern und den Viren aus ihren Petrischalen fand sie nicht. “Mir fiel eine Last von den Schultern”, gestand sie, “und ich habe nächtelang nicht geschlafen.”

Kuriose Verbindungen?

Wie wir aber gesehen haben, wurden alle Coronavirusableger in Kombination mit SHCO-14, das zuerst 2019-nCoV verursacht, hergestellt. Zudem fand das von Anfang an in Zusammenarbeit mit chinesischen, amerikanischen und australischen Forschern im Labor statt. Daher ist davon auszugehen, dass diese rekombinierten Chimärenviren neben China auch den US-Amerikanern und Australiern ausgehändigt wurden, damit jederzeit daran weitergearbeitet werden konnte. Die US-Regierung war an diesen Arbeiten über ihre Behörde USAID (“US-Agency for International Development”) nachweislich beteiligt, die die Forschungen sogar in großen Teilen mit finanziert hat. Zuvor wurde dafür von der USAID extra das Programm “Emerging Pandemic Threats” (EPT) eingerichtet, das sich wiederum in vier Projekte unterteilt: PREDICT (Vorhersagen), RESPOND (Antworten), IDENTIFY (Identifizieren) und PREVENT (Verhindern). Peter Daszak als Präsident der “EcoHealth Alliance” sowie sein Vize Jonathan Epstein waren für die privaten Finanzierungsgelder verantwortlich, um für PREDICT Viren von Tieren und Menschen in Hotspots auf der ganzen Welt zu sammeln, in denen neue Krankheiten auftreten. Dabei wurden sie vornehmlich von Scott F. Dowell von der “Bill und Melinda Gates Stiftung” unterstützt, der seit 2014 für die Impfstoffentwicklung und Impfüberwachung zuständig ist. Interessanterweise hatte er davor 21 Jahre für die US-amerikanische Behörde CDC (Centers for Disease Control and Prevention) gearbeitet. Auch bezüglich der im “Nature”-Artikel angegebenen Finanzierung durch die US-Regierung veröffentlichte die Fachzeitschrift noch am 20. November 2015 eine Gegendarstellung: “In der ursprünglich online veröffentlichten Version dieses Artikels haben die Autoren die Angabe einer Finanzierungsquelle angegeben, USAID-EPT-PREDICT-Finanzierung durch die EcoHealth Alliance, an Z.-L.S. Der Fehler wurde für die Druck-, PDF- und HTML-Versionen dieses Artikels behoben.”

Daszak hingegen verteidigte die riskante Genmanipulation an den Coronaviren gegenüber der “New York Times”, weil man dadurch nun wisse, dass “dieses Virus” von einer potenziellen zu einer “klaren und aktuellen Gefahr” für den Menschen werden könne. Niemand kann mit Gewissheit sagen, ob die seit Jahrtausenden in abgelegenen chinesischen Höhlen in Fledermäusen lebenden Viren jemals in die weite Welt vorgedrungen wären, wenn man nicht damit herumexperimentiert hätte – sie mit Gebärmutterhalskrebs-Zellen (HeLa), HIV-Genen, Ebola-RNS zusammengebracht hätte, um angeblich nur zu zeigen, dass sie für Menschen ansteckend werden könnten.

Ausbruchszeit unbekannt?

Stefano Menzo, Leiter der Virologie am Universitätsklinikum Ancona, erklärte am 24. März 2020 zu den Ergebnissen in Italien: “Bei anderen Viren hätten wir nach so vielen Patienten-Infektionszyklen Dutzende von neuen Mutationen erwartet. Unsere ersten Daten zeigen aber, dass es sich um ein sehr stabiles Virus mit nur fünf neuartigen Varianten handelt.” Menzo erklärt weiter, dass Viren, die über kurze Zeiträume schnell mutieren, es für die Forschung schwierig machen, Impfstoffe zu entwickeln. Doch: “Die geringe Anzahl von Varianten, die in den Proben zwei Monate nach der ersten Sequenzierung des Virus in China entdeckt wurden, lässt vermuten, dass es sich um einen relativ langsam mutierenden Erreger handelt”, heißt es weiter.



Abb. 29

Italienische Särge stapelten sich.

Darüber hinaus vermeldeten die Italiener, dass “Lungenentzündungen in Norditalien im November und Dezember 2019, für die zuvor keine Ursache gefunden worden war, vermutlich 2019-nCoV-Erkrankungen waren. Darüber hinaus konnten die Italiener 2019-nCoV bereits am 18. Dezember 2019 im städtischen Abwasser nachweisen. Diese Ergebnisse gab in einem Interview der Mediziner Giuseppe Remuzz, der Leiter des “Mario Negri Instituts für Pharmakologie” in Mailand, im US-amerikanischen Radiosender “National Public Radio” (NPR) bekannt. Remuzz habe zuletzt weitere Nachrichten von Allgemeinmedizinern erhalten, die sich daran erinnern hätten, seltsame und schwere Lungenentzündungen, insbesondere bei Senioren, im Dezember und sogar im November vorgefunden zu haben. Daraus geht hervor, dass sich 2019-nCoV in der Lombardei offensichtlich bereits verbreitet hatte, “bevor die Epidemie in China ausbrach”. Dies sei auch eine mögliche Erklärung, warum die Pandemie gerade in Italien so stark wütete. Wann trat 2019-nCoV tatsächlich zum ersten Mal auf? Und vor allem: Woher kommt es tatsächlich?

Конец ознакомительного фрагмента.

Текст предоставлен ООО «ЛитРес».

Прочитайте эту книгу целиком, [купив полную легальную версию](#) на ЛитРес.

Безопасно оплатить книгу можно банковской картой Visa, MasterCard, Maestro, со счета мобильного телефона, с платежного терминала, в салоне МТС или Связной, через PayPal, WebMoney, Яндекс.Деньги, QIWI Кошелек, бонусными картами или другим удобным Вам способом.