

# Corona: Die nachvollziehbare und überprüfbare Widerlegung der Virus-Behauptungen !

T [telegra.ph/Corona-Die-nachvollziehbare-und-überprüfbare-Widerlegung-der-Virus-Behauptungen-10-15](https://telegra.ph/Corona-Die-nachvollziehbare-und-überprüfbare-Widerlegung-der-Virus-Behauptungen-10-15)

October 15, 2020

Corona Fakten October 15, 2020

Corona Fakten

Nachdem wiederholt die Bitte an uns herangetragen wurde, die Videos von Dr. John Tal (*Pseudonym*) unter die Lupe zu nehmen, soll dies nun in Form des heutigen Artikels geschehen. Vorweg möchten wir betonen, dass wir uns sicher sind, dass Dr. John Tal reinsten Gewissens und in absoluter Überzeugung agiert. Unserem eigentlichen Wunsch entspräche es, wenn Dr. John Tal diesen Artikel, welcher sich auf sein Video "*Falschinformation bezüglich der Verfügbarkeit von SARS CoV2 Isolaten aufgeklärt*" bezieht, lesen und eventuell seinen Denkfehler erkennen und gemeinsam mit uns an der Aufklärung arbeiten würde. Jemanden wie ihn hätten wir gern mit im Team! Dies soll definitiv als Entgegenkommen und keineswegs als Angriff verstanden werden!

Dr. John Tal geht davon aus, dass durchaus Virusisolate existieren und diese ordnungsgemäß und nach den wissenschaftlichen Regeln der Kunst dokumentiert wurden. Dass dieser Umstand jedoch **keinesfalls** vorausgesetzt werden darf, belegen wir in diesem Artikel. Wir werden gleichzeitig **eine nachvollziehbare und überprüfbare Widerlegung der Virus-Behauptungen vorlegen**. Wir hoffen sehr, dass er den Kontakt zu uns sucht oder mit einem weiteren Video auf seinem YouTube-Kanal Stellung bezieht.

**Wichtige Zusatzinfo:** Wir suchen Virologen und Bio-Informatiker, die sich mit dem Alignment auskennen, die uns dabei unterstützen die notwendigen Kontrollexperimente selbst durchzuführen, da sich die eingesessenen Verantwortlichen **bis heute weigern!**



*Um verstehen zu können, warum die „Wissenschaft“ der Virologie aufrechterhalten wurde, trotzdem sich diese bereits 1951 selbst widerlegt hatte, möchten wir Sie nun auf eine kurze Reise in die historischen Abläufe entführen.*

## **Wie kam es überhaupt zur Existenzbehauptung von Viren und zu welchem Zweck geschah das?**

Für die Beantwortung dieser Frage begeben wir uns in der Geschichte weit zurück, mehr als 100 Jahre, im Prinzip in die Zeit des Wirkens von Edward Jenner und Louis Pasteur, wobei wir uns hier auf letzteren konzentrieren werden.

Als Louis Pasteur die Existenz von Viren postulierte, gab es weder eine Grundlage dafür, noch verfügte man über geeignetes Werkzeug (EM) zur Darstellung von Strukturen solcher Winzigkeit, wie man sie für Viren vermutet.

Da Louis Pasteur keine Erklärung für die Ursache des Erkrankens seiner „Patienten“ liefern konnte und Bakterien nicht in Frage kamen, **postulierte** er Strukturen, denen er die Bezeichnung "Virus" verlieh.

Alles basierend auf aus heutiger Sicht sehr fragwürdigen Experimenten, die mit Wissenschaftlichkeit nichts zu tun haben.

Die Princeton University veröffentlichte die Untersuchung seiner Laboraufzeichnungen, bei deren Lektüre man zu dem Ergebnis kommen muss, dass Louis Pasteur seinerzeit massiv gelogen, betrogen und manipuliert hatte.

Mit anderen Worten: All seine Behauptungen, auf die sich unter anderem die Impfindustrie stützt, sind als vollkommen wertlos zu betrachten, da er im höchsten Grade unwissenschaftlich vorging.

**Bis 1951/52** glaubten die Virologen, dass es sich bei einem Virus um ein toxisches Eiweiß oder Enzym handele, das sowohl direkt seine giftige Wirkung entfaltet als auch sich im Körper vermehrt, ausbreitet und obendrein zwischen Menschen und Tieren übertragen werden kann.

Von dieser Idee verabschiedeten sich Medizin und Wissenschaft im **Jahr 1951**, weil weder die Darstellung der vermuteten Viren mittels Elektronenmikroskop noch die Durchführung der notwendigen Kontrollexperimente jemals gelingen wollte.

Man musste sich eingestehen, dass auch aus dem **Zerfall von kerngesunden Tieren, Organen und Geweben** identische Überbleibsel hervorgehen, denen man ursprünglich den Namen „Virus“ verliehen hatte.

Im Grunde hatte sich die Virologie somit selbst widerlegt und ihre Basis pulverisiert.

Bitte prägen Sie sich dieses wichtige geschichtliche Ereignis sehr gut ein, denn es illustriert beispielhaft, wie man doch eigentlich mittels Durchführung von Kontrollexperimenten einer falschen Fährte auf die Spur kommen könnte, um zukünftig die Forschung in vielversprechendere Richtungen lenken zu können.

Es handelt sich hier um genau dieselbe Art von Kontrollexperimenten, welche aktuell erneut Missachtung erfahren, obwohl die verantwortlichen Personen in Regierung und Bundesgesundheitsministerium sowie Dutzende Virologen in verantwortlicher Position explizit darauf hingewiesen worden sind.

Die Entscheidung liegt nun bei Ihnen, welchen Grad der Wichtigkeit Sie der Durchführung von Kontrollexperimenten beimessen.

Wir empfehlen die folgende Lektüre, um diesen historischen Aspekt zu studieren:

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

**Hier wird aufgezeigt, dass bis 1953 jedem Virologen und der Wissenschaftsgemeinschaft bewusst und bekannt war, dass alle Bestandteile, die bis dato als Viruspartikel gedeutet wurden, sich durch Kontrollversuche als Rückstände abgestorbener Gewebe und Zellen entpuppten.**

---

**1953 trat** ein neues Dogma auf den Plan, entscheidend gepusht durch die Ehefrau des späteren Nobelpreisträgers Crick, welche eine Doppelhelix bildlich darzustellen wusste. Diese ihre Zeichnung wurde im berühmten Wissenschaftsmagazin „Nature“ als ein angeblich wissenschaftlich erarbeitetes Modell der vermuteten Erbsubstanz ausgegeben

und diese angebliche Alpha-Helix gleichfalls zur Ikone der amerikanisch-globalen Pseudo-Wissenschaft.

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

Sämtliche Gen-Ideen wurden im Jahr 2000, dem Zeitpunkt der Veröffentlichung der widersprüchlichen Daten des sogenannten Human-Genom-Projektes – der peinlichen Behauptung, **dass das ganze menschliche Erbgut entschlüsselt worden sei** (obwohl mehr als die Hälfte frei **erfunden** werden musste) – gänzlich und umfassend widerlegt!

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

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

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

Diese neue Virus-Idee (*die wie eben beschrieben im Jahre 2000 durch die Grundlagenforschung widerlegt wurde*), wonach der wirksame, der virulente Faktor eines Virus kein Krankheitsgift sei, wie früher angenommen (*bis 1951*), sondern eine gefährliche Erbsubstanz, die Zellen, Menschen, Tiere und Pflanzen tötet, wurde zusammen mit der neuen Genhypothese popularisiert.

Statt Viren als giftige Eiweiße wurden ab 1954 Viren als ein **Erbgutstrang** krankhafter Gene ausgegeben, welche das Potential haben, den Körper krankzumachen, aber vor allem **ständig mutieren**. Einerseits um auf diese Weise (*Mutation*) aus einer harmlosen Form plötzlich zu entstehen, aber andererseits auch, um jeden Impfstoff mehr oder weniger schnell wirkungslos zu machen. Manchmal aber auch – wie z. B. 2009, als 93 % der impfbaren Bevölkerung die hochtoxische Schweinegrippe- Impfung mit Nanopartikeln als sogenannte „Wirkverstärker“, ablehnten – tatsächlich, faktisch und praktisch über Nacht, wie von unsichtbarer Zauberhand diktiert, auch effektiv aus den Medien verschwanden.

Und sich aber seither auch nicht mehr in ihre gefährliche Form zurück mutierten. Wir wurden Zeugen eines bis dato **einmaligen biologischen Wunders**: In nur einer Nacht mutierten alle Schweinegrippe-Viren gleichzeitig in eine harmlose und unsichtbare Version, denn sie wurden nie wieder gesichtet – trotz Milliarden-Investitionen in ihre Testverfahren und natürlich in den Impfstoff ... von dem als Arbeitsbeschaffungsmaßnahme für den Osten der blühenden Republik 31,62 der 34 Millionen Impfstoffdosen in einem Müllheizkraftwerk in Magdeburg vernichtet wurden

...

---

So leitet sich aus der Zwangslogik der 1858 (von Rudolf Virchow) zum Dogma erhobenen Krankheitsgift(lat. Virus)-Zelltheorie:

- zuerst die Idee der nicht definierten Viren ab,
- dann die Idee der krankheitserregenden Bakterien,
- dann der bakteriellen Toxine,
- dann der Toxin-Viren

bis zur Aufgabe dieser Idee im Jahre 1952.

Ab 1953 wurde aus der Virchow'schen Krankheitsgift-Idee die Idee der Gen-Viren (*welche bereits widerlegt wurde*).

---

*Um zu verstehen, warum auch die von Dr. John Tal herangezogene Studie mit der Behauptung eines Virusisolats genau jenes nachzuweisen nicht in der Lage ist, müssen wir uns dem Ursprung der Corona-Panik zuwenden.*

Folgende Studie verwendet Dr. John Tal in seinem Video als Nachweis:

"Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 from Patient with Coronavirus Disease, United States"

Wir werden später detaillierter auf diese eingehen.

---

Man muss sich darüber im Klaren sein, dass diejenige exklusive Grundlage, auf **der** diese US-Studie aufbaut, bereits **keinerlei Nachweis** für ein neuartiges und krankmachendes Virus beinhaltet – ganz im Gegenteil. Liest man die Studie dann genauer, findet man hier eindeutig die Beweise, dass kein **Virus** gesucht und auch nicht gefunden wurde. Es wurden typische, sehr kurze Schnipsel sogenannter Erbsubstanz nur gedanklich zu einem kompletten, sehr langen Genstrang aufaddiert, den es aber in der Realität nicht gibt.

Allein durch diesen Fakt stellen auch alle anderen Publikationen, egal ob aus den USA, England, Deutschland, Frankreich, Korea, Kanada und Co. keinen Beweis für ein krankmachendes Virus dar. Denn auch all diese **basieren auf der Annahme der ersten Sequenzvorschläge** eines Genoms, welches die Chinesen vorgegeben haben.

Der Publikation von Fan Wu et al, in Nature, Vol 579 vom 3.2.2020, in der das Genom (*kompletter Erbgutstrang*) des SARS-CoV-2 zum ersten Mal vorgestellt und **zur Vorlage aller weiteren Alignments (Ausrichtungen)** avancierte, war zu entnehmen, dass man eindeutig die **gesamte** aus einer Bronchiallavage (BALF) eines

Patienten gewonnene **RNA** genutzt hatte, **ohne dass zuvor eine Isolation oder Anreicherung von viralen Strukturen bzw. Nukleinsäuren stattgefunden hätte.**

**Prof. Zhang** beschreibt in dieser Publikation, wie er anhand von kurzen Genabschnitten mit einer Länge von nur **21 und 25** Nukleotiden (*das sind die Default-Parameter in den verwendeten Alignment-Programmen Megahit und Trinity*) anhand einer vorgegebenen Sequenz eines Genoms (***harmloser Fledermaus-Corona-Virus***) in sieben unterschiedlichen, sehr aufwändigen Methoden, u. a. statistischen Methoden, ein Genom von 29.803 Nukleotiden errechnet.

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

Er geht davon aus – ohne dies explizit zu benennen – dass die kurzen Sequenzen, aus denen er den Sequenz-Vorschlag des Genoms des SARS-CoV-2-Virus aufaddiert, deswegen viraler Natur sind, weil er **längere Sequenzen**, die sich aus dem Überlappen (= Contigs) der kurzen 21er und 25er Stückchen ergeben und die Ähnlichkeit mit menschlichen Sequenzen haben, von der späteren Aufaddierung zum viralen Genom ausschließt.

Einfach ausgedrückt bedeutet das:

Da man die uns "*bekannt*" menschlichen Sequenzen in dem Gemisch von genetischem Material herausgerechnet/entfernt hat, wird der übrig gebliebene Rest an Sequenzen, geboren aus wirrologischem Zwangsdanken (welches 1954 durch die Nobelpreisvergabe an John Franklin Enders für eine **Spekulation** gekrönt wurde) davon ausgegangen, **dass dieser eben viraler Natur sein muss.**

### **Jetzt kommt der wesentliche und elementare Hinweis!**

---

Prof. Zhang und alle anderen haben dabei die Tatsache übersehen, dass sich in der gewonnenen **Bronchiallavage ebenfalls bekannte und unbekannte Mikroben aller Art und deren RNA-Überbleibsel auffinden lassen.**

**95 % der beobachteten Mikroben** sind sichtbar, aber nicht kultivierbar, weswegen deren RNA- und DNA-Sequenzen **nicht bekannt sind**. Weil auch Zellkulturen (z. B. *Vero E6 Zellen*) nie frei von Mikroben und unzähligen Verunreinigungen jeglicher Art sind, ergibt sich die unbedingte Pflicht, das vermutete Virus zu isolieren und daraus seine eigene Nukleinsäure (in diesem Fall RNA) in reiner Form zu gewinnen!

Sehr wahrscheinlich wurde das Genom des SARS-CoV-2-Virus zum Teil aus solchen (*wie eben beschrieben*) kurzen Gen-Sequenzen aufaddiert, weswegen es gelingt, Menschen hin und wieder "positiv" zu testen (*wenn genügend organisches Material*

vorhanden ist und die Probe nicht an der -gesunden- Ohrspeicheldrüse entnommen wurde) und warum PCR-Fachleute sagen, dass **jeder** Mensch "positiv" getestet wird, wenn man nur die Zyklen-Zahl der PCR auf über 40 erhöht.

Ebenso werden Menschen durch den Test automatisch als positiv getestet, wenn beim Testen durch den Abstrich,

a.) zu viele Schleimhäute beschädigt werden,

b.) es dadurch zu Einblutungen kommt,

c.) in der Nasenhöhle der sehr sensible Riechkolben, ein Teil des Gehirns, mechanisch verletzt wird oder

d.) einfach nur ein sehr großes Probenvolumen entnommen wird,

denn im Körper, selbst in jedem natürlichen Gewässer und in allen Meeren, geschieht ständig ein erstaunlich intensiver Auf- und Abbau von Nukleinsäuren aller Art. Darunter finden sich immer solche, aus denen der nur scheinbare Erbgutstrang des Virus gedanklich konstruiert wurde. Im PCR-Virus-Test werden nur sehr kurze Nukleinsäuren nachgewiesen, von denen behauptet wird, dass sie Bestandteil eines Virus seien.

Wir erklären diese frappierende und den Test komplett widerlegende Tatsache dadurch, dass Prof. Zhang das gesamte Genom deswegen aus rein menschlichem Material errechnen konnte (was bisher niemanden gelungen ist, der/die die hierfür benötigten RNA-Sequenzen **direkt** aus Zellkulturen gewonnen hat) weil man im Menschen und dessen Mikrogen – besonders bei Krankheit – eine viel höhere Sequenzvielfalt auffindet, als in den relativ sterilen Zellkulturen.

Es illustriert gleichzeitig, dass bisher niemand in der Lage war, das Ergebnis des **maßgeblichen "Alignments"** von Prof. Zhang zu wiederholen, außer auf rein **synthetischem Wege und im Zirkelschluss** dem Schweizer Institut für Virologie und Immunologie (IVI) unter Prof. Thiel, der den Sequenz-Vorschlag von Prof. Zhang synthetisch in DNA umsetzte und deswegen – **bis kürzlich nur fahrlässig** – glaubt, mit dem Genom eines Virus zu arbeiten. Wie gesagt ein Zirkelschluss! (*Unsere Leser wissen, warum wir: "bis kürzlich nur fahrlässig schreiben"*).

Prof. Zhang beschreibt keine Kontrollexperimente, die in der Wissenschaft Voraussetzung sind, um eine Aussage als „wissenschaftlich“ bezeichnen zu dürfen. Diese auch aus den für die Wissenschaft konstitutiven Denkgesetzen und der Logik resultierenden Kontrollversuche – zum Ausschluss des Offensichtlichen, dass nämlich aus körpereigenen kurzen Gensequenzen und aus denen der zahlreichen bekannten und vor allem unbekanntem Mikrogen, die den Menschen besiedeln – **sind bis heute nicht durchgeführt worden.**

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

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

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

Eine Methode **wie hier das Alignment**, um aus sehr kurzen Gensequenzen eine theoretisch lange zu errechnen, die nicht durch Kontrollversuche abgesichert ist, darf nicht als wissenschaftlich bezeichnet werden. Hier wird Wissenschaftlichkeit vorgegeben, die jedoch offensichtlich, nachvollziehbar und für jeden überprüfbar keinesfalls vorliegt.

**a.)** Im Alignment-Prozess hat bis heute niemand überprüft, ob die Gensequenzen, aus denen das SARS-CoV-2-Virus-Genom errechnet wurde, nicht aus Gensequenzen stammen, die dem Stoffwechsel von Mikroben entstammen, die den Menschen und Zellkulturen besiedeln.

**b.) Nur ca. 5 %** der existierenden Mikroben sind genetisch erfasst, woraus sich die Pflicht zur sofortigen Durchführung von Kontrollexperimenten ergibt, denn es ist offensichtlich, dass aus deren unbekanntem Sequenzen das Genom des Virus ganz oder teilweise im mehrstufigen "Alignment" errechnet wurde.

**c.)** Es ist schon lange bekannt, dass die Enzyme, die Gensequenzen herstellen, nicht nur durch den bekannten Mechanismus des "Template-Switching" ständig neue Gensequenzen erzeugen, die in keiner Datenbank erfasst werden können und dass die Enzyme, die RNA-Gensequenzen herstellen, dies auch ohne Gen-Vorlagen tun. Das bedeutet, dass ständig neue Gensequenzen entstehen, die mit den bisherigen Methoden nicht erfasst wurden. Allein daraus ergibt sich die Pflicht zur sofortigen Durchführung von Kontrollexperimenten, denn es ist offensichtlich, dass das Genom des SARS-CoV-2 ganz oder teilweise aus solchen unspezifischen Sequenzen rechnerisch konstruiert wurde.

Prof. Zhang erwähnt in [dieser Publikation](#) ausdrücklich, dass er die Regeln für die Beweisführung der Existenz eines Virus, die Koch'schen Postulate, nicht eingehalten hat. Auch nicht das erste Postulat, die Isolation des Virus.

Prof. Zhang **erwähnt ausdrücklich**, dass es nur eine Korrelation zwischen dem rechnerischen "Nachweis" dieses Virus und einer tatsächlichen Lungenentzündung gibt, aber keinen Beweis, dass seine "Entdeckung" ursächlich für diese Krankheit ist.



Ein simples, aber ansehnliches Beispiel hat vor kurzem Naomi Seibt in ihrem Vortrag im Bundestag verwendet, welches Laien hilft zu verstehen, wie man sich das bildlich vorstellen kann.

Betrachten Sie bitte das folgende Bild:



Es wurde die **gesamte** aus einer Bronchiallavage (BALF) eines Patienten gewonnene **RNA** genutzt, um dann aus dieser Suppe an genetischem Material viele kurze Sequenz-Abschnitte (*kleine Legosteine linkes Bild*) eine ganze Ente (*rechtes Bild*) zu konstruieren. *All diese kleinen Sequenzabschnitte (Legosteinchen linkes Bild) haben nichts miteinander zu tun. Ohne einen Bauplan, eine Ausrichtung, genannt Alignment, könnte niemand etwas mit diesen ganzen kleinen kurzen Sequenzabschnitten anfangen (außer eben kreative Kinder, Junggebliebene und besonders Kreative auf der Suche nach der Beweisführung einer Idee).*

Deswegen verwendeten die Virologen der CCDC ein Alignment, welches an "Corona-Viren" aus Fledermäusen angelehnt wurde. Der Algorithmus versucht jetzt anhand der Vorlage (*sinngemäß anhand einer anderen Bade-Ente*), aus diesen vielen nicht zusammenhängenden kurzen Sequenzen (*Legosteinchen*) eine neue Ente zu konstruieren, sprich, ein Modell zu erschaffen. Dies ist ein rein gedankliches Konstrukt, es ist kein reales Gebilde und wurde auch noch nie und zu keinem Zeitpunkt als intaktes und vollständiges Genom (*ganzer Erbgutstrang bei SARS-CoV-2 knapp 30.000 Nukleotide lang*) isoliert!

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

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

Weitere Informationen dazu finden Sie in unserem Artikel:

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

---

*Ergänzende Analyse der Studie aus den USA, welche Dr. John Tal als Nachweis zum Virusisolat angibt*

Es handelt sich um die Studie:

"Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 from Patient with Coronavirus Disease, United States"

Gleich zu Anfang heißt es in der Studie, auf die sich Dr. John Tal bezieht:

*"A novel coronavirus, severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2), has been identified as the source of a pneumonia outbreak in Wuhan, China, in late 2019 (1,2)."*

**Hier wird auf die folgende Quelle referenziert:**

"A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019"

In der ersten maßgeblichen Publikation der Autoren der CCDC (*A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019*) zu den Ergebnissen ihrer Recherche, *"Ein neues Coronavirus von Patienten mit Lungenentzündung in China, 2019"* wird über keine Häufung von Fällen mit atypischer Lungenentzündung (*"patient with pneumonia of unknown cause"*) berichtet. Sie berichten darüber, dass die vorgefundenen Patienten zu einem *"Cluster"*, zu einer Gruppe mit gemeinsamen Merkmalen zusammengefasst werden können. Das gemeinsame Merkmal war der mehr oder weniger häufige Besuch eines Meeresfrüchte-Marktes (seafood wholesale market) in Wuhan. Wie winzig die Gruppe der Patienten mit atypischer Lungenentzündung tatsächlich war, erkennt man daran, dass die CCDC von nur vier Patienten Abstriche und Flüssigkeiten des unteren Atemtraktes entnahm, um darin nach bekannten und unbekanntem Erregern zu suchen.

In dieser Studie, die als maßgeblich gilt, heißt es unter **Discussion:**

*"our study does not fulfill Koch's postulates"*

Übersetzt: *"Unsere Studie erfüllt nicht die Koch'schen Postulate"*

**Damit ist eindeutig belegt, dass diese Studie zu keinem Zeitpunkt ein Nachweis für ein neuartiges Virus sein kann. Die Autoren sagen damit explizit aus, dass sie kein Virus isoliert und bestimmt haben, ansonsten hätten sie das erste der vier Koch'schen Postulat erfüllt!**

---

Was bedeutet dies zu diesem Zeitpunkt?

Die ursprüngliche Quelle, welche die von Dr. John Tal verwendete Studie als Referenz angibt, **kann keinen Nachweis** für ein krankmachendes Virus darlegen.

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

---

**Die Proben, die verwendet wurden, um das vermeintliche Virus zu isolieren, sind reine Annahmen basierend auf einem Modell, bei dem die Chinesen einen Genomvorschlag verbreitet haben, welcher durch ein Alignment zustande gekommen ist.**

Im "Method" Bereich "Cell Culture, Limiting Dilution, and Virus Isolation" wird dieses wie folgt dokumentiert:

*"Wir verwendeten Vero CCL-81-Zellen zur Isolierung und initialen Passage. Wir kultivierten Vero E6, Vero CCL-81, HUH 7.0, 293T, A549 und EFKB3-Zellen in Dulbecco Minimal Essential Medium (DMEM), ergänzt mit hitzeinaktiviertem fötalem Rinderserum (5% oder 10%) und Antibiotika/Antimykotika (GIBCO, <https://www.thermofisher.com> External Link). Wir verwendeten sowohl NP- als auch OP-Abstrichproben zur Virusisolierung. Zur Isolierung, Begrenzung der Verdünnung und Passage 1 des Virus pipettierten wir 50 µL serumfreies DMEM in die Spalten 2-12 einer 96-Well-Gewebekulturplatte, dann pipettierten wir 100 µL klinische Proben in Spalte 1 und verdünnten sie seriell 2-fach über die Platte. Dann trypsinisierten und resuspendierten wir Vero-Zellen in DMEM, das 10% fötales Rinderserum, 2× Penicillin/Streptomycin, 2× Antibiotika/Antimykotika und 2× Amphotericin B in einer Konzentration von  $2,5 \times 10^5$  Zellen/ml enthielt. Wir fügten 100 µL Zellsuspension direkt zu den Verdünnungen der klinischen Proben hinzu und mischten sie vorsichtig durch Pipettieren. Anschließend züchteten wir die beimpften Kulturen in einem befeuchteten 37°C-Brutschrank in einer Atmosphäre von 5% CO<sub>2</sub> und beobachteten täglich zytopathische Effekte (CPEs). Wir verwendeten Standard-Plaque-Tests für SARS-CoV-2, die auf den Protokollen von SARS-CoV und dem Nahost-Coronavirus des respiratorischen Syndroms (MERS-CoV) basierten (9,10).*

Wenn CPE's beobachtet wurden, schabten wir Zellmonolayer mit der Rückseite einer Pipettenspitze ab. Wir verwendeten 50 µL Viruslysate für die Gesamtnukleinsäureextraktion für Bestätigungstests und Sequenzierung. Wir verwendeten auch 50 µL Viruslysate, um eine Vertiefung einer zu 90% konfluenten 24-Well-Platte zu inokulieren."

- 1. Keine der Studien führt eine wirklich solide negative Kontrolle durch,** in der sichergestellt ist, dass nicht schon im Ausgangsmaterial, den Affennierenzellen und den verwendeten Chemikalien und Nährlösungen, das "potenziell infektiöse Agens" oder diejenigen kurzen Gensequenzen vorhanden sind, aus denen später der Erbgutstrang der behaupteten Viren konstruiert wird. Sowohl die eingebrachten Agenzien selbst, oder diese in Interaktion mit dem Zellmaterial, oder dieses allein, oder alles zusammen mit dem Isolat aus dem erkrankten Gewebe könnten für die beobachteten Veränderungen, die als viral gedeutet werden und für die Freisetzung kurzer Gensequenzen verantwortlich sein, aus denen später das Virus-Genom rechnerisch konstruiert wird.
- 2. Virologen töten im Labor unbemerkt Gewebe**  
Die Virologen benutzen das Wort „Isolation“ nicht im eigentlichen Sinne des Wortes Isolation und werden verdächtig nervös, wenn sie darauf angesprochen werden. Sie verstehen unter „Isolation“ die Erzeugung eines Effektes im Labor, den sie gleichzeitig als
  - a) Infektion
  - b) Beweis für die Anwesenheit eines Virus
  - c) Beweis für dessen Vermehrung
  - d) Beweis für die Zerstörungskraft des angenommenen Virus deuten.In Wirklichkeit töten sie unbemerkt und unbewusst Gewebe und Zellen im Labor - durch Verhungern und Vergiften.  
**Dieser Effekt ist als zytopathischer Effekt bekannt.**
- 3. Die angebliche Kultivierung des Virus**  
Dieses Zusammenfließen wird als Riesen-Zellbildung und als „zytopathischer Effekt“ bezeichnet. Dieses Resultat vieler gewaltsamer und irrsinniger Schritte wird als zentraler Beweis für die „Anwesenheit, Isolation, Vermehrung etc.“ des vermuteten Virus gedeutet. Die Beteiligten behaupten dann, dass ihnen die Kultivierung des Virus gelungen sei.
4. Die Virologen verwendeten in der Publikation 10 % fötales Rinderserum, 2× Penicillin/Streptomycin, 2× Antibiotika/Antimykotika und 2× Amphotericin B. Damit wird der Effekt unter Punkt 2 und 3 beschrieben hervorgerufen. Dies ist unter anderem auch in dem Gutachten innerhalb des Masernvirusprozesses bekannt (siehe Gutachten 3 - zytopathischer Effekt in Affennierenzellen ist nicht maserviruspezifisch). (Siehe Bild 1 Kontrollexperiment)

5. Auch in der Publikation von Bech, V. & von Magnus, P. (1958) Studies on measles virus in monkey kidney tissue cultures. Acta Pathologica Microbiologica Scandinavica 42(1):75-85 wird beschrieben, dass der zytopathische Effekt nicht masernspezifisch ist, sondern durch andere Faktoren hervorgerufen wird. So heißt es in der Publikation auf S.80:

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

**Übersetzt:**

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

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

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

Diese Lektüre ist dadurch so wichtig, weil diese aufzeigt, wie wichtig Kontrollexperimente sind, um zu erkennen, dass man falsch lag. Darin wird aufgezeigt, dass bis 1953 jedem Virologen und der Wissenschaftsgemeinschaft klar und bekannt war, dass alle Bestandteile, die bis dato als Bestandteile von Viren gedeutet wurden, sich **durch Kontrollversuche** als Bestandteile von abgestorbenen Geweben und Zellen entpuppten. Darum ist es so wichtig, immer wieder auf die fehlenden Kontrollexperimente der vorgelegten Publikationen zu pochen. Genau diese Kontrollexperimente fehlen in der von Dr. John Tal angeführten Publikation aus den USA!

Aus diesem Grund alleine dürfen diese und alle anderen Publikationen nicht als wissenschaftlich ausgegeben werden. Da es beim sog. Corona-Virus keine einzige Publikation gibt, die das Kriterium „wissenschaftlich“ erfüllt, sondern eindeutig unwissenschaftlich gearbeitet wurde, brechen alle Corona-Maßnahmen rechtlich – wie ein Kartenhaus – in sich zusammen. Das Infektionsschutzgesetz (IfSG), mit dem alle Corona-Maßnahmen legitimiert werden, fordert in § 1 ganz eindeutig die Wissenschaftlichkeit aller Maßnahmen und aller Beteiligten. Da die vom Gesetz geforderte Wissenschaftlichkeit bei Corona eindeutig nicht gegeben, sondern eindeutig verletzt worden ist, sind alle Corona-Maßnahmen illegal und die entstandenen Schäden mit exakt dieser Begründung einklagbar.

7. Bereits allein aus dem Grund, dass diese verpflichtenden Kontrollexperimente nicht durchgeführt wurden, muss diese Studie als unwissenschaftlich eingeordnet werden und ist das Papier nicht wert, auf dem sie geschrieben wurde. Siehe dazu die Regeln, die seit 1998 für wissenschaftliches Arbeiten (lege artis) durch die DFG verbindlich kodifiziert und von allen Universitäts-Rektoren unterschrieben wurden.

### | Fassen wir zusammen

1. Der Erbgutstrang des SARS-CoV-2 ist nur ein Modell, welches anhand eines Alignments kreiert wurde. In der Publikation von Fan Wu et al, in Nature, Vol 579 vom 3.2.2020, in der das Genom (*kompletter Erbgutstrang*) des SARS-CoV-2 zum ersten Mal vorgestellt wurde, wurde **zur Vorlage aller weiteren Alignments aller anderen Virologen und Biochemikern**.
2. Das Genom (Erbgutstrang) des SARS-CoV-2 wurde nie isoliert, es wurde lediglich die **gesamte** aus einer Bronchiallavage (BALF) eines Patienten gewonnene **RNA** genutzt.
3. Es wurden keine Kontrollexperimente durchgeführt, die ausschließen, dass es sich bei den Gensequenzen um gewebeeigene Strukturen handelt. Beispiele dafür finden Sie in den folgenden Artikeln:  
Wie eine einzige Fehlinterpretation am 10.01.2020 die ganze Welt in die Irre führte  
---  
RKI bestätigt: Weder Viren-Existenzforschung, noch Kontrollexperimente durchgeführt  
----  
Durch diese Fragen liegen bei jedem Virologen die Nerven blank  
---  
Gerichtsprotokolle bestätigen: Kein wissenschaftlicher Nachweis für die Existenz des Masernvirus  
---  
Corona Fakten & Samuel Eckert widerlegen Correctiv zum Masernprozess
4. Die Virologie hatte sich bereits im Jahre 1951 aufgegeben, nachdem die Verantwortlichen die notwendigen Kontrollexperimente durchgeführt hatten.
5. Sämtliche Gen-Ideen wurden im Jahr 2000, im Jahr der Veröffentlichung der widersprüchlichen Daten des sog. Human-Genom-Projektes, der peinlichen Behauptung, **dass das ganze menschliche Erbgut gelesen worden sei**, obwohl mehr als die Hälfte **erfunden** werden musste, gänzlich und umfassend widerlegt.
6. Der zytopathische Effekt ist **NICHT!** Virenspezifisch! (*siehe Gutachten 3-zytopathischer Effekt in Affennierenzellen ist nicht maservirusspezifisch*)
7. die Regeln, die seit 1998 für wissenschaftliches Arbeiten (lege artis) durch die DFG verbindlich kodifiziert und von allen Universitäts-Rektoren unterschrieben wurden, wurden und werden bis heute nicht eingehalten.

8. Dr. John Tal unterlag dem gleichen Irrtum, wie alle anderen. Er hatte nicht bemerkt, dass die Grundlage seiner Publikationen bereits keinen Nachweis lieferten und das die notwendigen Kontrollexperimente fehlten.
9. Louis Pasteur, jener, der die Virustheorie massiv propagierte wurde des Wissenschaftsbetrugs überführt.

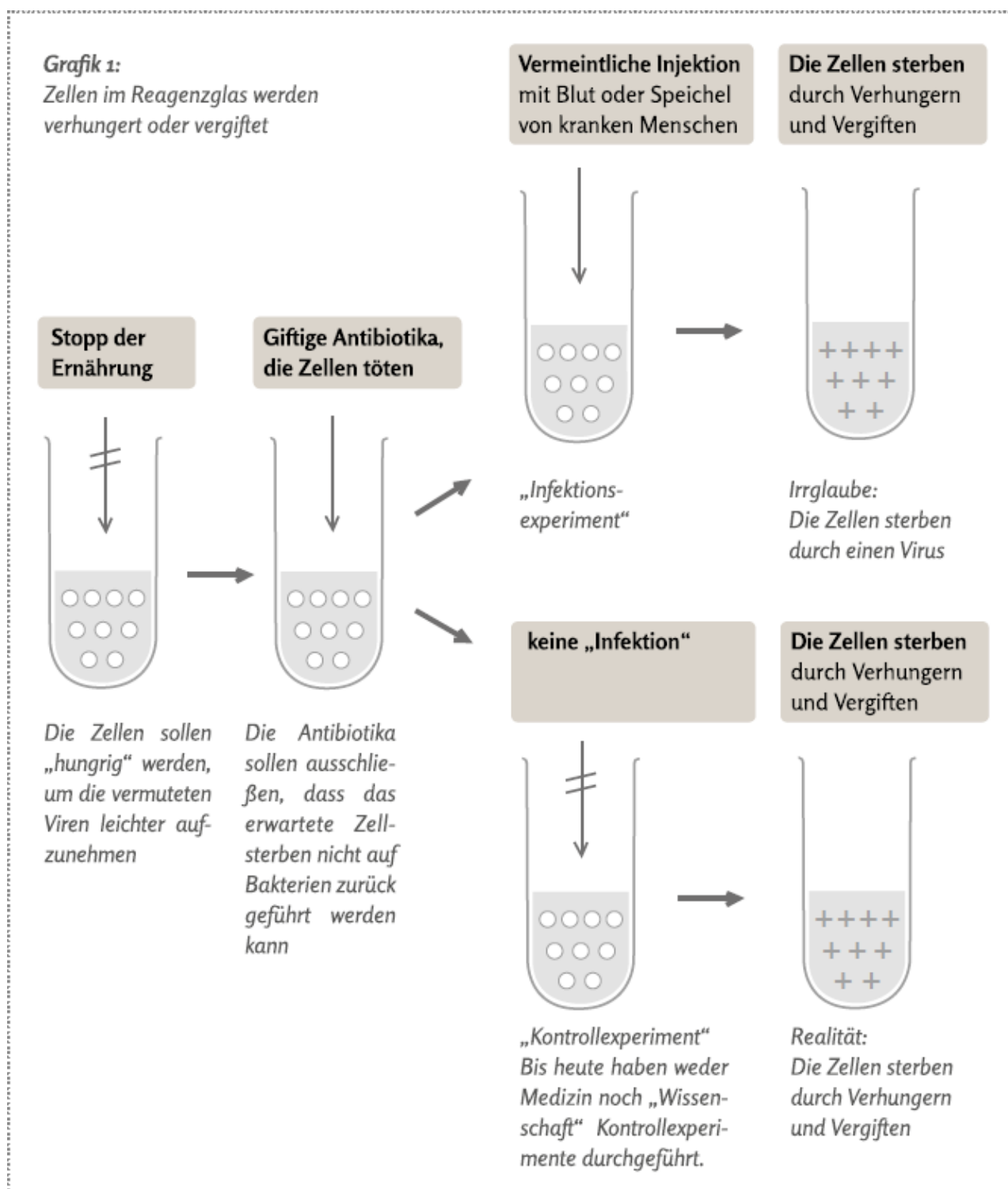


Bild 1 Kontrollexperiment

**Viele weitere Posts finden Sie auf unseren Kanälen:**

**Telegram-Hauptkanal: [https://t.me/Corona\\_Fakten](https://t.me/Corona_Fakten)**

---

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

---

**Fragen können Sie per E-Mail senden: [coronafaktenfragen@gmail.com](mailto:coronafaktenfragen@gmail.com)**

---

**Folgend eine Liste unserer wichtigsten Artikel:**

   [Corona\\_Fakten: Liste der wichtigsten Artikel !](#)