

Confirmation écrite : les scientifiques ne peuvent apporter aucune preuve de l'existence d'un virus pathogène



Par Samuel Eckert

Traduction : P. et E. Merkel

[Texte source en allemand :]

Schriftlich-bestaätigt-Forscher-koennen-keinen-Nachweis-fuer-ein-krankmachendes-Virus-erbringen-Samuel-EckertTélécharger

20 janvier 2022 16:53

Ce que vous allez lire dans la série d'articles « *La confirmation par écrit – Les scientifiques ne peuvent apporter aucune preuve de l'existence d'un virus pathogène* » semble presque inconcevable. Cette série se composera de plusieurs articles, qui seront publiés au fur et à mesure, exclusivement sur Corona_Fakten [1]

La vision du monde de tous ceux qui défendaient avec véhémence que l'existence du coronavirus avait été démontrée scientifiquement doit et va s'effondrer.

Cet article devrait faire taire tous ceux qui nous reprochaient de créer un nuage de fumée pour ridiculiser les critiques. Car ce n'est pas nous qui soutenons encore et toujours ce narratif, ce sont ceux qui se refusent encore aujourd'hui à remettre l'existence des virus en question.

Mais il semble plutôt que la triste réalité soit que la plupart des critiques, qui considèrent que la question de l'existence des virus est ridicule ou qui l'ignorent intentionnellement, sont tout simplement poussés par la peur d'être mis à l'écart ou d'être catalogués comme des hurluberlus, et peut-être de perdre des « suiveurs ».

Petit conseil pour ces personnes : vous pouvez oublier vos craintes. Nous avons et nous avons les connaissances requises pour traiter ce sujet, pour le proclamer à la face du monde et même pour offrir 1,5 million d'euros [2] à qui pourra citer une publication conforme aux règles scientifiques.

Il ne peut y avoir qu'une seule raison pour laquelle cet argent n'a pas encore été réclamé – ce montant est d'ailleurs supérieur à celui du prix Nobel : personne ne connaît de publication conforme aux règles prescrites par la science !

Des compagnons de lutte et nous, de Corona_Fakten, avons écrit à différents chercheurs, virologues, biologistes moléculaires, avocats, médias et à d'autres personnes en les priant de nous citer la ou les publications apportant les preuves scientifiques de l'existence d'un coronavirus, y compris les essais de contrôle documentés de toutes les étapes réalisées pour cette démonstration.

Mais jusqu'ici personne n'a manifestement été en mesure de nous répondre, ce qui en dit très long. Et, a contrario, cela signifie que les responsables se reposent aveuglément sur les déclarations de tiers, sans vérifier eux-mêmes ces affirmations et en les acceptant sans la moindre critique comme des faits parfaitement établis.

Ceci est malheureusement notre triste réalité quotidienne !

Pour moi, les raisons de ce dilettantisme sont claires :

Ou bien :

- ceux qui étaient censés rédiger les publications nécessaires sont simplement trop paresseux ;
- ceux qui étaient censés lire ces publications étaient trop « occupés » ;
- ils ont été si pressés par le temps du fait de la panique provoquée par les médias qu'ils n'ont pas pris le temps d'éliminer l'énorme quantité d'erreurs de leurs publications ;
- ils n'étaient pas en mesure de comprendre la teneur des publications les plus importantes ;

Ou bien :

- ils ont agi de manière délibérée, intentionnellement – ce qui serait la pire de toutes les variantes !

Pourquoi doutons-nous de l'existence du SARS-CoV-2

et de tous les autres prétendus virus pathogènes ?

Nous allons essayer de vous expliquer brièvement, chers lecteurs, pourquoi l'existence même des prétendus virus pathogènes est mise en doute, et pourquoi ce fait est le point le plus important de tous ceux qui circulent actuellement parmi les personnes qui doutent des virus.

La raison certainement la plus déterminante est qu'avec la réfutation de l'affirmation de la découverte d'un nouveau virus pathogène, toutes – et réellement toutes – les mesures et restrictions, ainsi que toutes les vaccinations seraient immédiatement balayées d'un revers de la main et ne constitueraient rien d'autre qu'un danger pour la santé et la vie des personnes !

Une autre approche pourrait être que la reconnaissance du fait que cette idée de virus dangereux flottant dans l'air n'est qu'un fantasme permettrait d'ouvrir une nouvelle voie pour une médecine raisonnable pensée pour l'homme, dans laquelle les causes de la « maladie » et les « symptômes » seraient clairs et compréhensibles – ce qui retirerait leurs moyens d'existence à de nombreux secteurs de l'industrie pharmaceutique.

Les discussions sur les tests, les statistiques (nombre de morts, de personnes réellement « malades »), les mesures et autres permettent toujours de dévier sur des argumentations qui à leur tour débouchent sur de nouvelles discussions sans fin...

En d'autres mots : tous ceux qui ne posent pas la question de l'existence des virus soutiennent automatiquement le narratif des virus pathogènes, qui n'a JAMAIS été prouvé de manière scientifique. Ces personnes critiques contribuent ainsi, peut-être inconsciemment, à alimenter en permanence la pandémie.

Pourquoi sommes-nous si sûrs qu'il n'existe aucune preuve scientifique d'un virus pathogène ?

La réponse à cette question est presque trop simple, même si cela semble inconcevable.

En 1998 [3], du fait de falsifications nombreuses, systématiques et importantes dans la recherche sur les infections et le cancer, des « propositions pour la garantie de bonnes pratiques scientifiques » ont été rassemblées et publiées dans un système réglementaire. Elles ont été rédigées en 1997 par une commission internationale à la demande de la Deutsche Forschungsgesellschaft (DFG) et précisées par les universités et la Conférence des Recteurs allemands, publiées en version papier et sur l'Internet, et rendues obligatoires en Allemagne pour toutes les institutions scientifiques d'État et tous les scientifiques. Ces règles et prescriptions font partie du contrat de travail de chaque chercheur.

La science doit être compréhensible par chacun et réfutable.

Malheureusement, ces règles sont ignorées en permanence dans la virologie, ce qui conduit à des comportements anti-scientifiques.

L'autre point est la découverte même d'un virus pathogène.

Différentes étapes sont nécessaires pour permettre une telle affirmation. Si ces étapes ne sont pas réalisées, il n'est pas possible de parler d'une preuve scientifique irréfutable, mais tout au plus d'une spéculation – et il y a un gouffre d'une spéculation à une preuve !

Pour affirmer qu'une structure bien spécifique est responsable de l'apparition de symptômes bien spécifiques, il faut qu'au moins trois étapes aient été réalisées et documentées en intégralité :

Isolation de la prétendue structure

La structure doit être isolée à partir des prélèvements d'un patient malade. Elle doit être isolée au sens propre de ce terme, c'est-à-dire séparée de tous les autres constituants du prélèvement. Déjà Luc Montagnier savait cela et l'a confirmé pour le HIV [4]. Cette étape est obligatoire car, dans le cas contraire, il n'est pas possible d'affirmer que les fragments de gènes séquencés qui ont été obtenus font partie d'une seule structure.

Si l'échantillon « isolé » comporte encore un autre matériel génétique, il n'est pas possible d'attribuer les séquences génétiques obtenues. L'affirmation qu'il s'agit ici d'une procédure standard dans la virologie n'améliore en rien cette situation. Au contraire, elle démontre l'aveuglement de la virologie.

Ce genre de séquençage produit de nombreuses séquences génétiques courtes à partir d'un mélange de toutes les possibilités. Il est donc impossible de déterminer le vrai responsable.

Le brin de génome du prétendu virus obtenu doit être unique.

Les séquences génétiques séquencées, ou l'assemblage de celles-ci (*alignement de séquences*) en une longue séquence génétique présentée ensuite comme le génome viral ne doivent pas :

- être trouvées dans l'ARN humain/microbien obtenu par lavage pulmonaire d'une *personne en bonne santé*,
- être trouvées chez une *personne souffrant d'une autre affection pulmonaire*,
- être trouvées chez une *personne ayant été testée négative au SARS-CoV-2*,
- être trouvées dans de l'ARN issu d'échantillons de *contrôle datant de l'époque où le virus du SARS-CoV-2 n'était pas encore connu*.

Toutes les étapes des expériences de contrôle doivent être réalisées et documentées.

La première expérience de contrôle serait, comme décrit ci-dessus, la construction du génome sur la base d'échantillons d'origines diverses.

La deuxième expérience de contrôle résultant de la logique scientifique est de contrôler de manière approfondie, au moyen de la technique PCR (real-time RT-PCR) développée, si des échantillons cliniques de personnes souffrant d'autres maladies que celles attribuées au virus et des échantillons de personnes, d'animaux et de plantes en bonne santé ne s'avèrent pas eux aussi « positifs » à ce test.

La troisième expérience de contrôle concerne l'effet cytopathique provoqué en laboratoire, dont il est affirmé qu'il est dû à un virus. Ici non plus, aucun groupe de contrôle n'est disponible.

[Voir aussi :

- Démontage de la théorie virale

- VIRUS TUEUR ??

- Quelle est la cause réelle du Covid ? Qu'y a-t-il dans ces injections ?

- et les autres articles du dossier Vaccins et virus

Sur les effets de la 5G et autres ondes pulsées :

- 5G Apocalypse, film documentaire de Sacha Stone

- Ondes électromagnétiques : le grand complot contre les peuples

- Le Dr Klinghardt dénonce différentes attaques environnementales volontaires sur la santé et en particulier sur la glande pinéale

- 5G : les vérités qui dérangent sur la technologie sans fil

- Étude sur les liens entre le Covid-19 et les rayonnements électromagnétiques, y compris la 5G

- Questions relatives à la 5G

- Existe-t-il un lien entre la 5G et CoVid-19 ?

- Graphène et 5G

- et les autres articles du dossier 5G et ondes pulsées.]

Nous avons questionné aussi bien des virologues et des épidémiologistes critiques que des défenseurs des mesures contre le coronavirus, aucun n'a été en mesure de citer une seule publication qui aurait respecté les règles du travail scientifique.

Prof. Sucharit Bhakdi & Prof. Karina Reiss

Commençons par deux scientifiques respectés opposés aux mesures, dont l'un n'a ensuite plus été sûr si le « premier » SARS-CoV-2 en Chine n'a jamais été isolé... [5]

Après que le Prof. Bhakdi et son épouse, le Prof. Karina Reiss ont clairement répondu oui à la question du public [6]

« si le SARS-CoV-2 avait vraiment été isolé » et prétendaient même s'appuyer sur des expérimentations animales réussies, nous leur avons demandé de manière ciblée s'ils pouvaient nous citer la ou les publications scientifiques, documentant la preuve, c'est-à-dire l'isolation, d'un nouveau coronavirus, avec les expérimentations animales correspondantes.

La première réponse du Prof. Bhakdi a été :

« Merci de télécharger notre article sur l'immunité et la vaccination du site Internet du Goldegg-Verlag (éditions Goldegg). L'information se trouve dans la citation 5. Les souches du SARS-CoV-2 peuvent être obtenues auprès de l'European Virus Archive Global. »

Von: Sucharit Bhakdi
Gesendet: 10. September 2020 um 13:16 Uhr
An: XY
Betreff: AW: Ihr Vortrag am 6.9.2020 in Kiel mit Prof. Reiss

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

Grüße,
Sucharit Bhakdi

Malheureusement, son message renvoyait simplement à une étude de synthèse et pas à des publications directes, ce qui n'avait que peu d'utilité et renforçait le soupçon qu'aucun des deux ne pouvait citer de publication.

Nous avons alors posé des questions plus concrètes, de manière à éviter toute possibilité d'échappatoire :

Question :

« Pouvez-vous me citer une publication concrète affirmant l'existence d'un SARS-CoV-2 avec des preuves scientifiques et pouvez-vous nous indiquer les passages dans cette publication qui documentent la démonstration ET les expériences de contrôle prouvant que ce sont bien des séquences nucléotidiques virales et non cellulaires qui ont été alignées en un long génome viral. »

Et c'est ici que les choses deviennent intéressantes.

Le Prof. Bhakdi & le Prof. Reiss nous ont cité la publication suivante comme preuve de la démonstration de l'isolation d'un SARS-CoV-2, avec ses expériences de contrôle :

Publication : « Virus Isolation from the First Patient with SARS-CoV-2 in Korea » [7]

Von: Karina Reiss
Gesendet: 11. September 2020 um 16:35 Uhr
An: XY
Cc: Sucharit Bhakdi
Betreff: Re: Aw: AW: Ihr Vortrag am 6.9.2020 in Kiel mit Prof. Reiss

Sehr geehrter Herr XY,

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

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

Viele diese Isolate sind anschließend konserviert worden und wurden in Tierversuchen erfolgreich eingesetzt. Da gibt es aus wissenschaftlicher Sicht keine Zweifel.

Beste Grüße,

Karina Reiß

Nous avons demandé à l'auteur de la publication lui-même si les prises de vue au microscope électronique réalisées dans ses expériences in vitro représentaient des virus purifiés, ce que celui-ci a confirmé par écrit [8]

Auteur ayant répondu : Wan Beom Park
Date : 19 mars 2020

Réponse : « We did not obtain an electron micrograph showing the degree of purification. »

Traduction :

« Nous n'avons pas obtenu de prise de vue au microscope électronique montrant le degré de purification. »

Von "박완범" <wbpark1@snu.ac.kr> ☆

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

An Torsten ☆

Kopie (CC) "오명돈" <mdohmd@snu.ac.kr> ☆

Dear Torsten Engelbrecht

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

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

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

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

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

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

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

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

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

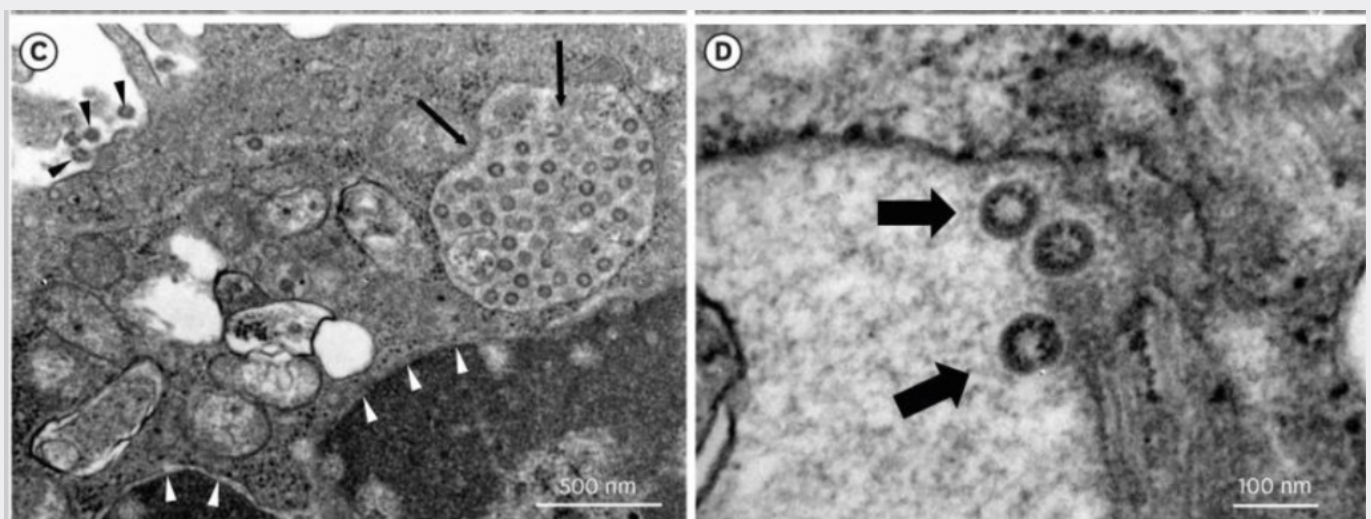
Thank you for your interest in our article.

Best,

Wan Beom Park

[8]

Toute personne examinant les images constate immédiatement qu'il n'y a pas de structures sous forme isolée.



[7]

Il est affirmé ici qu'une structure virale a été photographiée à l'intérieur de cellules (et non isolée, comme l'auteur de l'étude l'a confirmé en personne). L'affirmation que cette étude démontre un virus sous forme isolée n'est à aucun moment corroborée.

L'attribution d'une pathogénicité à une structure sans avoir isolé celle-ci au préalable, ni réalisé les expérimentations de contrôle nécessaires, ne doit et ne peut pas être qualifiée de scientifique !

Par ailleurs, aucune expérimentation de contrôle n'a été réalisée dans le cadre de cette étude, ce que nous avons cependant mentionné et demandé explicitement, et ce qui constitue une obligation pour tout scientifique.

La question se pose ici de savoir pourquoi le Prof. Bhakdi et le Prof. Karina Reiss ne sont pas, ou ne veulent pas être au courant de ce fait, et pourquoi ils ont malgré tout voulu nous faire accepter cette étude comme preuve.

Ce fait doit être clair pour tout le monde maintenant : aucun des deux n'a fait de vérifications, ou ils ignorent ce fait pour d'autres motifs. Tous deux bafouent ainsi les règles et les obligations de tout scientifique.

Ce qui nous offusque personnellement, c'est que tous deux continuent d'affirmer publiquement que le virus existe, que cela a été prouvé depuis longtemps, qu'ils évitent toute discussion avec nous à ce sujet, mais qu'eux-mêmes ne sont pas en mesure de citer une seule publication.

Après avoir fait remarquer cela au Prof. Reiss et au Prof. Bhakdi, ils nous ont à nouveau renvoyés à leur article sur l'immunité et la vaccination du site Internet du Goldegg-Verlag « citation 5 », avec l'ajout :

« Voici ce que nous pouvons vous proposer. »

En d'autres mots, ils ne peuvent rien proposer, ils n'ont aucune preuve, mais ils persistent à affirmer, comme de rien, que le virus existe.

Et c'est exactement là que se situe le problème de la grande majorité d'entre eux. Ils n'ont rien vérifié, mais ils refusent toujours toute discussion.

Si nous nous résumons concrètement :

La répétition de quelque chose de faux et de mensonger ne rend pas soudain cette chose juste et vraie !

Monsieur Bhakdi, ce que vous proposez est tout à fait non scientifique !

Il est évident et vérifiable par tout un chacun que les auteurs n'ont fait qu'additionner de courtes séquences cellulaires pour obtenir quelque chose de plus long, qu'ils ont alors fait passer pour le génome du virus.

Les expériences de contrôle obligatoires imposées par la science pour exclure tout artefact issu de la cellule n'ont pas été réalisées !

Ce seul fait devrait déjà vous faire comprendre que « votre proposition » est

sans valeur.

Cher lecteur, lisez vous-même l'intégralité de la correspondance par courriel [9]

Prof. Marcel Tanner

Épidémiologiste, chercheur dans le domaine de la malaria et spécialiste de santé publique suisse. Il est Président de la Fondation R. Geigy, Président des Académies des Sciences suisses et Directeur émérite de l'Institut Tropical et de Santé Publique Suisse (Swiss TPH) et ancien chef de la task-force Corona.

Après une interview réalisée en commun (*Samuel Eckert et l'équipe de Corona_Fakten*) du Prof. Tanner (*Président des Sciences Académiques*), celui-ci a confirmé plusieurs points élémentaires : [10]

- que le test du Prof. Drosten n'est pas conforme aux normes scientifiques requises et qu'il génère de nombreux résultats faussement positifs, qui ont mené à cette panique du corona. Le Prof. Tanner a apaisé les choses en déclarant qu'il fallait laisser le passé – c'est-à-dire le déclencheur – en paix, car il n'est pas possible de revenir en arrière. (min. 21:05 à min. 23:00).
- le Prof. Tanner a également confirmé (à la min. 53:15) qu'il ne suffit pas de réaliser un alignement pour prouver l'existence d'un virus pathogène. (*Exactement ce qui a été fait en Chine*)
- La conversation a entre autres porté sur l'existence actuelle d'une publication présentant une isolation du virus du SARS-CoV-2. Le Prof. Tanner nous a renvoyés au Prof. Volker Thiel de l'Institut de Virologie et d'Immunologie de l'Université de Berne. Notre communication par courriel a montré (*voir plus bas*) qu'ici non plus aucune preuve de cette isolation n'a pu être présentée. Nous pouvons prouver cette déclaration finale par notre correspondance par courriel. Nous sommes ainsi exactement dans la situation que le die Prof. Tanner a décrite de manière étonnamment honnête lors de notre entretien :

« Et si l'on arrive alors à la conclusion qu'il n'existe vraiment aucun isolat... Dans ce cas, nous avons un problème ! »

(min. 56:14 à min. 56:27)

Ce que nous apprécions grandement chez le Prof. Tanner, c'est qu'il n'a jamais hésité à entamer une discussion avec nous.

IVI Suisse – Prof. Thiel, Prof. Schweizer

Je résume les points principaux de la correspondance :

Notre demande initiale au Prof. Thiel comprenait cinq questions simples :

1. Qu'entendez-vous par un isolat pour le SARS-CoV-2 ?
2. Avez-vous publié un article à ce sujet et sinon à quelles publications vous référez-vous ?
3. Où dans la ou les publications déterminantes est-il décrit qu'une structure ou des molécules attribuées au virus ont été isolées au sens du terme « isolation » ?
4. Où les expériences de contrôle prouvant que les acides nucléiques utilisés pour l'alignement du génome du virus sont effectivement de nature virale et non propres aux tissus sont-elles documentées ?
Dans le cas où les expériences de contrôle mentionnées à la question 4 n'ont pas encore été réalisées, permettez-nous la question suivante :
5. Si une telle expérience de contrôle était réalisée à nos frais (isolation d'ARN de cultures cellulaires non infectées, séquençage et alignement pour le génome du SARS-CoV-2), accepteriez-vous de publier ces données conjointement avec nous ?

Von: <mailto:volker.thiel@yvsuisse.unibe.ch>
Gesendet: Donnerstag, 10. September 2020 18:26
An: 'volker.thiel@yvsuisse.unibe.ch' <volker.thiel@yvsuisse.unibe.ch>
Betreff: Anfrage CV Publikation

Guten Tag Herr Prof. Thiel,

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

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

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

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

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

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

- Ni Volker Thiel ni personne d'autre de son institut n'a pu présenter de publication propre dans laquelle l'existence d'un nouveau virus pathogène a pu être prouvée conformément aux règles scientifiques.
- Ils ont confirmé que les virologues n'isolent pas réellement, et ils admettent ainsi que l'origine des séquences génétiques séquencées ne peut pas être attribuée !
- Nous avons reçu dans un premier temps seulement des liens Wikipédia et des fiches internes sur les bases de l'isolation des virus.
- L'IVI a confirmé en complément qu'une simple « isolation » a été réalisée dans un mélange de prélèvements de patients et de cultures cellulaires.
- L'IVI affirme simplement, sans apporter un seul argument approprié dans ce sens, que ce serait une absurdité de prétendre qu'il n'existe pas de virus du simple fait que l'on ne l'aurait pas purifié...
- Nous n'avons reçu de réponse à aucune de nos cinq questions. Par exemple :

Votre réponse à la question 2 nous renvoie à une fiche de travail qui décrit la procédure pour les profanes. Nous demandions des publications scientifiques auxquelles vous vous référez.

Von: Schweizer Matthias <matthias.schweizer@yvsuisse.unibe.ch>
Gesendet: Mittwoch, 16. September 2020 13:51
An: <[REDACTED]>
Cc: volker.thiel@yvsuisse.unibe.ch; marcel.tanner@swisstph.ch
Betreff: Re: AW: Anfrage CV Publikation

Guten Tag Herr [REDACTED]

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

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

1) <https://de.wikipedia.org/wiki/Virusisolierung>
2) https://www.labor.schweiz.ch/pdf/de/doi/100186_021_Pkafate_Virusisolation_d.pdf
3) Punkt 2 in https://www.virology.uach.ch/de/services/virmachw.html#2_Virus-Isolierung_auf_Zellkulturen_mit_anschliessender_Identifikation

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

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

Freundliche Grüsse
M. Schweizer

Pour la preuve de l'existence d'un SARS-CoV-2, nous avons demandé une publication de l'Institut même, le Prof. Tanner ayant déclaré que l'IVI avait une publication propre, malheureusement l'IVI nous a renvoyé vers une publication de Munich. Travail de Roman Wölfel et. al. du 1.4.2020 (<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32235945/>)

Von: Schweizer Matthias <matthias.schweizer@yvsuisse.unibe.ch>
Gesendet: Donnerstag, 17. September 2020 15:22
An: <[REDACTED]>
Cc: volker.thiel@yvsuisse.unibe.ch; marcel.tanner@swisstph.ch
Betreff: Re: AW: Anfrage CV Publikation

Guten Tag Herr [REDACTED]

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

Meine Ausführungen betreffend "Isolat" sollten v.a. aufzeigen, dass dies oft mit dem Ausdruck aus dem deutschen Sprachgebrauch verwechselt wird. Betreffend Ihrer ersten drei Fragen kann ich als Beispiel eine Arbeit aus Deutschland angeben (<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32235945/>) in der das Virus aus Patientenmaterial isoliert und genetisch analysiert wurde. Eine andere Arbeit aus China zeigt zudem, dass Seren von konvaleszenten, aber nicht von Kontrollpersonen, Antikörper gegen das Virus aufweisen (<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32413330/>). Es gibt noch eine Vielzahl ähnlicher Studien, aber mir fehlt die Zeit, diese herauszusuchen. Aber da sie anscheinend die Prozesse kennen, dürfte es ihnen somit auch möglich sein, die entsprechende Literatur zu suchen (z. Bsp. via <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/>).

Frage 4/5 habe ich ebenfalls beantwortet, dass schon Hunderte Male das gesamte Genom und Transkriptom von Menschen, Tieren und deren Zellkulturen sequenziert wurde, und dabei noch nie Coronavirus-ähnliche Sequenzen gefunden wurden. Auch hier fehlt mir die Zeit, nach unterschiedlichen Literaturen zu suchen, auch da das Stichwort "Coronavirus" in diesen Arbeiten natürlich nicht vorkommt, da es ja nie gefunden wurde. Ich kann an dieser Stelle aber einen Übersichtsartikel von Broecker und Moelling angeben (<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31932941/>), in dem beschrieben wird, welche Teile von endogenen Viren im Genom von Säugetieren gefunden wurden, und da sind Coronaviren definitiv nicht dabei.

Das Thema ist somit für uns erledigt, und ich verbleibe mit freundlichen Grüssen
M. Schweizer

Nous avons à l'origine écrit au Prof. Thiel et pas à M. Schweizer et, comme M. Schweizer ne semblait apparemment pas en mesure ou pas disposé à répondre à nos questions, nous avons posé des questions plus concrètes et nous avons insisté de manière explicite pour obtenir une réponse du Prof. Thiel.

Ci-dessous le libellé de notre courriel :

« Monsieur le Professeur Thiel,

Je vous prie de répondre personnellement à nos questions, votre collaborateur Marin Schweizer semblant ne pas être disposé ou en mesure d'y répondre (cf. son courriel précédent).

Nous vous avons contacté vous, et non Mr. Schweizer, au nom du Prof. Tanner, en vous demandant clairement de répondre à cinq questions concrètes issues d'un entretien que nous avons eu avec le Prof. Tanner.

1. *Qu'entendez-vous par un isolat pour le SARS-CoV-2 ?*
2. *Avez-vous publié un article à ce sujet et, sinon, à quelles publications vous référez-vous ?*
3. *Où dans la ou les publications déterminantes est-il décrit qu'une structure ou des molécules attribuées au virus ont été isolées au sens du terme "isolation" ?*
4. *Où les expériences de contrôle prouvant que les acides nucléiques utilisés pour l'alignement du génome du virus sont effectivement de nature virale et non propres aux tissus sont-elles documentées ?*
5. *Dans le cas où les expériences de contrôle mentionnées à la question 4 n'ont pas encore été réalisées, permettez-nous la question suivante : Si une telle expérience de contrôle était réalisée à nos frais (isolation d'ARN de cultures cellulaires non infectées, séquençage et alignement pour le génome du SARS-CoV-2), accepteriez-vous de publier ces données conjointement avec nous ?*

Votre collaborateur Mr. Schweizer prétend dans son deuxième courriel du 17.9.2020, 15h .22, voir ci-dessous, qu'il aurait répondu aux questions 1 à 3 en citant les travaux de Roman Wölfel et. al. du 1.4.2020 (<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32235945/>).

La première question vous est adressée à vous, Prof. Thiel, et non à votre collaborateur – qui ne travaille pas sur le SARS-CoV-2 – en vous demandant ce que vous entendez par un isolat pour le SARS-CoV-2.

La seconde question vous demande si vous, Prof. Thiel, avez publié à ce sujet et, que vous ayez publié oui ou non, à quelles publications contenant la preuve scientifique de l'existence du SARS-CoV-2 vous vous référez.

La troisième question demande également une réponse concrète, car Mr. Schweizer a oublié d'indiquer le passage dans lequel l'intégralité du génome du virus a été isolé, représenté et séquencé dans le travail cité par lui de Roman Wölfel et. al. du 1.4.2020 (<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32235945/>), avec lequel il pense avoir répondu aux questions 1 à 3.

Nous avons étudié cette publication et nous arrivons à la conclusion suivante :

Bien que l'abrégé de ce travail soit le suivant : "Infectious virus was readily isolated from samples derived from the throat or lung» (Un

virus infectieux aisément été isolé à partir d'échantillons obtenus dans la gorge ou les poumons), il n'y a dans tout le texte aucune preuve de l'isolation d'un virus et de la représentation de son génome.

Si $7,11 \times 10^8$ copies du virus sont effectivement présentes dans un "throat swab" (écouvillon de gorge) et $2,35 \times 10^9$ copies sont présentes par ml de liquide, la représentation directe de l'intégralité du génome viral par électrophorèse sur gel ou par séquençage Nanopore ou au moyen de la technique de la coloration négative en microscopie électronique à l'aide de marqueurs de longueur ne doit pas poser de problèmes, mais cela n'a pas été réalisé.

Le point déterminant de cette publication est que les auteurs, à la page 466, colonne de droite, 5^e ligne à partir du bas, affirment avoir séquencé les génomes viraux entiers de tous les patients, mais ne prouvent pas cette affirmation : ni dans le texte, ni dans la section méthodologie, ni dans le supplément.

[Remarque : une analyse un peu plus détaillée de cette étude se trouve dans la source [11]]

Nous vous prions de nous faire parvenir par courriel une publication rédigée par vous ou de m'indiquer celle d'un autre groupe de travail, dans laquelle l'isolation et le séquençage d'un génome du SARS-CoV-2 sont décrits, et qui ne se contente pas d'affirmations.

Au sujet de la question 4 :

Aucune des publications décrivant l'alignement du SARS-CoV-2 dont nous disposons ne mentionne d'expériences de contrôle, qui sont obligatoires dans la recherche scientifique, prouvant que ce sont effectivement de courtes séquences de nucléotides viraux, et non cellulaires, qui ont été additionnées de manière théorique lors de l'alignement pour obtenir un génome viral complet et long.

Nous vous prions de nous citer une publication, de vous ou de quelqu'un d'autre, qui documenterait ces expériences de contrôle essentielles.

L'importance de cette question est corroborée par le fait suivant :

Dans la publication de Fan Wu et al, dans Nature, vol 579 du 3.2.2020 (<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32015508/>), dans laquelle le génome du SARS-CoV-2 est présenté pour la première fois et qui est devenue le modèle de tous les alignements ultérieurs, il a clairement été fait appel à l'intégralité de l'ARN d'un lavage broncho-alvéolaire (BALF) d'un patient, sans qu'il y ait eu au préalable une isolation ou un enrichissement des structures virales ou des acides nucléiques.

Cet ARN a été converti en cDNA et des morceaux d'une longueur de 150 nucléotides ont été séquencés, pour calculer sur cette base le

génomique d'une longueur d'environ 30 000 nucléotides. Aucune expérience de contrôle n'a été réalisée pour prouver que l'ARN d'un BALF de personnes saines, de personnes souffrant d'autres maladies, d'ARN d'échantillons de réserve datant d'une époque où le SARS-CoV-2 n'existait pas encore ou d'ADN de cultures cellulaires destinées à des expériences de contrôle ne permet pas de calculer le même génome « viral » lors de l'alignement.

L'affirmation de votre collaborateur Monsieur Schweizer, que la question 4 a reçu une réponse indirecte par le fait que le génome calculé dans l'alignement ne se trouvait pas dans le génome humain, n'est pas défendable pour deux raisons :

1. *Si des séquences de nucléotides très courtes, d'une longueur de jusqu'à 10 nucléotides, sont utilisées pour calculer un génome de 29 803 nucléotides, il est évident que les presque 30 000 nucléotides du génome viral ne pourront jamais être trouvés, que ce soit en intégralité ou l'un de ses 10 gènes d'une longueur moyenne de 3 000 nucléotides.*
2. *Le métabolisme de l'ARN génère, du fait de plusieurs mécanismes connus, beaucoup plus de séquences qu'il en existe dans l'ADN chromosomique d'une personne. Votre Monsieur Schweizer ne mentionne pas ces faits. Mais ce sont ces faits qui expliquent qu'il est possible, à partir de courts fragments d'ARN, de calculer un soi-disant génome viral, qui en réalité n'existe pas.*

Comme cette possibilité existe, que nous n'avons pu trouver jusqu'ici aucune expérience de contrôle pour le SARS-Cov-2, que nous supposons de ce fait que ces expériences n'ont pas été réalisées jusqu'ici et que le doute est le devoir le plus important de tout scientifique, la question 5 que nous vous avons posée prend toute son importance :

Si une telle expérience de contrôle était réalisée à nos frais (isolation d'ARN de cultures cellulaires non infectées, séquençage et alignement pour le génome du SARS-CoV-2), accepteriez-vous de publier ces données conjointement avec nous ?

Nous vous remercions d'avance pour votre réponse personnelle.

Recevez nos meilleures salutations,

With best regards, »

an volker.thiel, marcel.tanner; Schweizer; 18.09.2020, 14:27 ☆ ↩ ⋮

Sehr geehrter Herr Prof. Thiel,

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

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

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

Ihr Mitarbeiter Herr Schweizer behauptet in seinem zweiten Mail vom 17.9.2020, 15:22 Uhr, siehe unten, dass er die Fragen 1 bis 3 durch das Zitieren der Arbeit von Roman Wölfel et al. vom 1.4.2020 (<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32235945/>) beantwortet hätte.

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

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

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

Wir haben diese Publikation durchgearbeitet und kommen zu folgendem Schluss:

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

Wenn 7.11x10 hoch 8 Kopien des Virus in einem "throat swab" und 2.35x10 hoch 9 Kopien pro ml Flüssigkeit vorhanden sein sollen, ist die direkte Darstellung des gesamten viralen Genoms in der Gelelektrophorese oder in der Nanopore-Sequenzierung oder mittels der Negative-Staining-Technik im Elektronenmikroskop, bei Verwendung von Längenmarkern, ein Leichtes wurde aber nicht getan.

Entscheidend ist in dieser Publikation, dass die Autoren dieser Publikation auf Seite 496, rechte Spalte, 5. Zeile von unten, zwar die Sequenzierung von ganzen Virus-Genomen von allen Patienten behaupten, diese Behauptung aber nicht belegen. Weder im Text, noch im Methoden-Teil noch im Supplement.

Zur Frage 4.:

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

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

Die Relevanz dieser Frage ergibt sich aus folgender Tatsache:

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

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

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

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

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

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

Vielen Dank für Ihre persönliche Antwort.

Mit freundlichen Grüßen,
With best regards,
Marcel Tanner

Après avoir remarqué que cette étude présente exactement les mêmes faiblesses que toutes les autres, on nous a demandé si nous accepterions comme preuve pour le SARS-CoV-2 un clone d'un génome présenté comme suggestion par les Chinois. Savourez cette demande :

Les virologues chinois ont établi le génome du virus rebaptisé ensuite SARS-CoV-2 simplement par un pur calcul, en additionnant des fragments très courts de séquences.

Ils n'ont trouvé ni le génome entier, ni même de grandes parties de celui-ci ! [12]

Encore mieux : ils ne disposent d'aucun virus ou structure virale, dont ils auraient isolé les acides nucléiques viraux, ils ont simplement tout l'ARN obtenu par un lavage broncho-alvéolaire. Donc, accepteriez-vous un clone d'un modèle informatique comme preuve pour un virus qui aurait prétendument déjà existé de nombreux mois auparavant ?

volker.thiel@vetsuisse.unibe.ch 21.09.2020, 19:28 ☆ ↩ ⋮

marcel.tanner; matthias.schweizer

Sehr geehrter Herr [REDACTED]

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

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

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

Falls Sie der Meinung sind die SARS-CoV-2 Genomsequenz sei ein Artefakt und kodiert nicht für ein Virus, würden Sie dann ein Experiment bei dem das Genom (als RNA mit 30 000 Nukleotiden) künstlich hergestellt wird und daraus das SARS-CoV-2 entsteht als Beweis für die Existenz des Virus sehen?

Freundliche Grüsse,

Ils n'ont fourni aucune expérience de contrôle, mais ils ont affirmé que celles-ci auraient été réalisées indirectement du fait que le génome calculé par l'alignement ne se trouve pas dans le génome humain.

Ceci n'est pas défendable pour deux raisons :

a.) Si des séquences de nucléotides très courtes, d'une longueur de jusqu'à 10 nucléotides, sont utilisées pour calculer un génome de 29 803 nucléotides, il est évident que les presque 30 000 nucléotides du génome viral ne pourront jamais être trouvés dans la réalité, que ce soit en intégralité ou l'un de ses 10 gènes d'une longueur moyenne de 3 000 nucléotides.

b.) Le métabolisme de l'ARN génère, du fait de plusieurs mécanismes connus, beaucoup plus de séquences qu'il en existe dans l'ADN chromosomique d'une personne. Les virologues responsables de l'Institut Suisse de Virologie et d'Immunologie ne mentionnent pas ces faits. Mais ce sont ces faits qui expliquent qu'il est possible, à partir de courts fragments d'ARN, de calculer un soi-disant génome viral, qui en réalité n'existe pas.

Ci-dessous le libellé de notre courriel :

« Monsieur le Professeur Thiel,

Je comprends votre étonnement devant une telle situation qui émerge soudain du néant et remet en cause votre propre travail.

Le fait que vous répondiez néanmoins en me laissant entrevoir la preuve de l'existence du virus du SARS-CoV-2 vous honore et prouve votre sérieux scientifique.

Je vous prie de respecter aussi mon étonnement, lorsque j'ai lu de mes yeux que le Prof. Christian Drosten de la Charité à Berlin a fait synthétiser les réactifs (Primer) pour le test PCR du virus du SARS-CoV-2 par la société Tib Molbiol avant même que les scientifiques chinois, autour de Fan Wu ont publié en ligne le 10.1.2020 leurs suggestions provisoires de séquences pour le virus.

J'ai alors examiné leur publication et j'ai constaté avec horreur que les virologues chinois n'ont établi le génome du virus rebaptisé ensuite

SARS-CoV-2 que par calcul, en additionnant des fragments de séquences très courts. Ils n'ont pas trouvé l'intégralité du génome, ni même des parties plus grandes de celui-ci.

Encore mieux : ils ne disposent d'aucun virus ou structure virale, dont ils auraient isolé les acides nucléiques viraux, ils ont simplement tout l'ARN obtenu par un lavage broncho-alvéolaire.

Point déterminant : les virologues chinois n'ont réalisé aucune expérience de contrôle pour exclure la même addition d'un génome viral à partir de courts fragments d'ARN humain/microbien obtenu par lavage broncho-alvéolaire d'une personne saine, d'une personne souffrant d'une autre maladie pulmonaire, d'une personne testée négative au SARS-CoV-2 ou d'ARN d'échantillons de réserve datant d'une époque où le SARS-CoV-2 n'existait pas encore.

Votre indication qu'il existe de nombreuses études de transcription dans lesquelles aucun gène du SARS-CoV-2 n'est trouvé ne peut pas remplacer les expériences de contrôle logiquement impératives, car l'addition artificielle de quelque chose qui en réalité ne peut pas être trouvé ne peut naturellement pas se trouver ailleurs ni dans aucune étude de transcription.

Pour cette raison, votre référence aux travaux publiés par votre collègue Marco Binder sur Twitter est sans fondement scientifique.

Comme il serait naturellement possible que je me trompe, et que je m'excuserais publiquement en cas de réfutation de ma position, je vous prie – également au sens des critères scientifiques du DFG – de clarifier cette situation de manière univoque. À ce jour, nous ne disposons pas de publications de ce genre.

Et c'est ici que se pose la question la plus importante :

À laquelle des premières publications des affirmations de l'existence du virus du SARS-CoV-2 vous référez-vous personnellement pour admettre l'existence scientifiquement prouvée du virus du SARS-CoV-2 ?

Si le génome publié du SARS-CoV-2 ou les courtes séquences génétiques qui ont été additionnées pour former le génome sont effectivement issus d'un virus, moi et tous les autres reconnâtrons naturellement la preuve que vous nous offrez d'une "expérience au cours de laquelle le génome (sous la forme d'ARN avec 30 000 nucléotides) aura été fabriqué artificiellement, et d'où résulte le SARS-Cov-2" comme une preuve de l'existence du virus.

Si la démonstration que vous nous proposez n'est pas univoque ou échoue, je suis sûr que vous serez d'accord pour réaliser les expériences de contrôle afin d'essayer d'obtenir le génome du virus du SARS-CoV-2 à partir de l'ARN de personnes saines, de personnes testées négatives au

SARS-CoV-2 et de l'ARN de cultures cellulaires non infectées exactement de la même manière que le font vos collègues ?

Ceci serait un tournant majeur, qui respecterait les prescriptions d'un travail scientifique, car je n'arrive pas à trouver ces expériences de contrôle, qui sont pourtant prescrites, dans l'ensemble de la littérature scientifique relative au virus du SARS-CoV-2. Ici aussi, je vous serais reconnaissant de m'indiquer un lien vers votre publication de référence.

Je vous souhaite une bonne journée et vous remercie beaucoup pour le temps que vous m'avez consacré

Recevez mes meilleures salutations



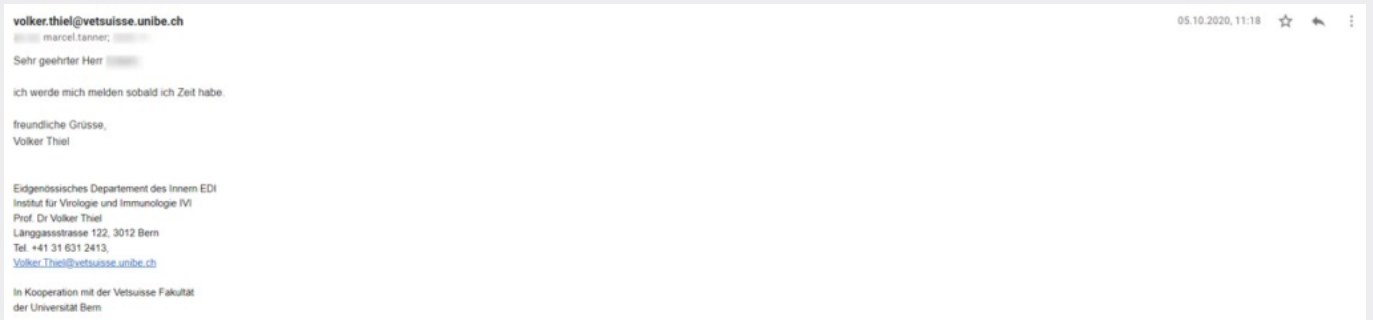
Nous n'avons obtenu une réaction à notre courriel que deux semaines plus tard, après deux rappels, bien que le Prof. Tanner eut demandé cette discussion et avait été mis en copie de l'ensemble de la correspondance. La première réaction est venue après deux semaines :

« Cher Monsieur XXX,

Je vous répondrai dès que j'en aurai le temps.

Cordialement,

Volker Thiel »



Après encore plus que deux semaines, nous avons finalement reçu la réponse, par laquelle le Prof. Thiel confirmait exactement ce que nous soupçonnions depuis le début.

L'IVI n'a pas d'isolat propre et s'appuie sur une source qui n'a jamais démontré l'existence d'un virus. Mais lisez vous-même :

Réponse du Prof. Thiel de l'IVI :

volker.thiel@vetsuisse.unibe.ch 09.10.2020, 11:27 ☆ ↩ ⋮

marcel.tanner; [redacted]
Sehr geehrter Herr [redacted]

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

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

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

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

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

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

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

Freundliche Grüsse,
Volker Thiel

Notre réponse ci-dessous montre les erreurs flagrantes présentes dans les hypothèses de l'IVI et, selon toute probabilité, les erreurs des hypothèses de la plupart des autres virologues :

“Cher Prof. Thiel,

Nous vous remercions de votre réponse, qui clarifie les choses.

Je suis maintenant sûr de savoir où se trouve l'erreur centrale de votre hypothèse, et je peux le justifier avec toute la rigueur requise.

*Vous écrivez dans votre publication
(<https://www.nature.com/articles/s41586-020-2294-9>) :*

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

(La détection d'un nouveau coronavirus fin 2019 nous a incités à tester l'applicabilité de notre plateforme génomique synthétique pour reconstruire le virus sur la base des séquences génétiques publiées le 10-11 janvier 2020)

Vous indiquez ainsi clairement la source que nous vous demandions, sur laquelle vous vous basez et à laquelle le monde entier fait confiance en croyant qu'elle donne la preuve scientifique de l'existence du nouveau virus du SARS-CoV-2.

Il s'agit de la publication du Prof. Yong-Zhen Zhang (Fan Wu et al.), à laquelle le Prof. Drosten se réfère également :

Le Prof. Zhang décrit en détail comment il a calculé par juxtaposition de très courtes séquences génétiques le génome du virus désigné aujourd'hui sous le terme « SARS-CoV-2 ».

Il décrit clairement qu'il a prélevé pour cela ces courtes séquences génétiques non sur un virus, mais directement sur le liquide pulmonaire issu d'un lavage broncho-alvéolaire (= BALF) d'une personne souffrant de pneumonie.

Il ne décrit pas d'expériences de contrôle, qui sont exigées par la science pour qu'une affirmation puisse être qualifiée de scientifique. Ces expériences de contrôle, qui résultent également des règles de la logique scientifique – afin d'exclure l'évidence, c'est-à-dire qu'il pourrait être obtenu à partir de courtes séquences génétiques propres à l'organisme humain et aux nombreux microbes connus et surtout inconnus qui colonisent l'homme – n'ont à ce jour pas été réalisées.

Une méthode, comme dans notre cas l'alignement, pour calculer une longue séquence génétique théorique à partir de séquences très courtes, qui n'est pas corroborée par des expériences de contrôle, ne peut pas être qualifiée de scientifique. Le caractère scientifique revendiqué ici n'est ni évident, ni reproductible, ni vérifiable par chacun.

*Le fait que vous vous référeriez toujours, pour ces expériences de contrôle, sur des entrées Twitter de Marco Binder, n'est pas scientifique, mais révoltant, car, si quelque chose, qui en réalité n'existe pas, est construit par une procédure d'« alignement » à plusieurs étapes, cette chose ne peut naturellement être trouvée dans aucune base de données publiant des séquences génétiques humaines.

En utilisant cet argument que les expériences de contrôle sont réalisées par le fait que cette séquence virale n'est pas trouvée dans les bases de données génétiques humaines, vous vous référez à une littérature de troisième classe trouvée dans les médias sociaux, en oubliant de nombreux points :

1. *Personne n'a jusqu'ici vérifié, pour cette procédure d'alignement, si les séquences génétiques utilisées pour calculer le génome du virus du SARS-CoV-2 ne viennent pas de séquences génétiques générées par le métabolisme de microbes qui colonisent l'homme et les cultures*

cellulaires.

2. Le génome de seulement environ 5 % des microbes existants a été séquencé. Ce fait impose la réalisation immédiate d'expériences de contrôle, car il est manifeste que le génome du virus a été calculé intégralement ou en partie par plusieurs étapes d'« alignement » à partir des séquences inconnues de ces microbes.
3. Il est connu depuis longtemps que les enzymes qui fabriquent les séquences génétiques génèrent en permanence de nouvelles séquences génétiques entre autres par le mécanisme du « Template-Switching », qui ne peuvent être enregistrées dans aucune base de données, et que les enzymes qui fabriquent les séquences génétiques de l'ARN le font aussi sans modèle génétique. Ceci signifie que de nouvelles séquences génétiques, qui n'ont pas été enregistrées par les méthodes utilisées jusqu'ici, apparaissent constamment. Ce seul fait impose l'obligation de réaliser immédiatement des expériences de contrôle, car il est évident que le génome du SARS-CoV-2 a été construit par calcul, intégralement ou en partie, au moyen de telles séquences non spécifiques.
4. Vous ne pouvez pas, dans cette situation spécifique, apporter la preuve de l'existence du virus par le fait que vous avez fabriqué de manière synthétique le génome du virus à partir de la séquence présentée par le Prof. Zhang et que vous l'utilisiez pour vos expériences. Il s'agit ici d'un raisonnement circulaire scientifiquement inadmissible.

Le Prof. Zhang mentionne expressément dans cette publication qu'il n'a pas respecté les postulats de Koch, les règles pour la preuve de l'existence d'un virus. Pas même le premier postulat, l'isolation du virus.

Le Prof. Zhang indique expressément qu'il n'existe qu'une corrélation entre la « preuve » par calcul de ce virus et une pneumonie réelle, mais pas de preuve que sa « découverte » soit à l'origine de cette maladie.

Pour votre information, si cela devait vous avoir échappé :

Il est prouvé que le Prof. Drosten a – déjà avant de disposer de la séquence du Prof. Zhang – fait synthétiser les séquences amorces pour le virus du « SARS-CoV-2 » et les a fait envoyer, le jour même de la publication des données, dans la nuit du « 10-11 January 2020 », aux endroits où des voyageurs de retour de Wuhan ont été testés pour le virus du « SARS-CoV-2 » au moyen de son test. Il a ainsi apparemment été prouvé que le supposé virus était à présent quand même transmissible d'homme à homme.

Jusqu'au 20.1.2020, les autorités de santé et le gouvernement chinois avaient démontré qu'il n'y avait manifestement pas transmission d'homme à homme. Tous les parents et l'ensemble du personnel hospitalier qui

était et est en contact avec les personnes souffrant de pneumonie atypique – que, du fait de la définition « atypique », l'on attribuait à un virus inconnu – sont restés en bonne santé. De ce fait, le gouvernement pouvait, en toute honnêteté, renoncer aux mesures de confinement.

Le 20.1.2020, le célèbre médecin du « SRAS », le Dr Zhong Nanshan, âgé de 84 ans, est arrivé à Wuhan. Il avait voyagé depuis la Chine du Sud de sa propre initiative et à ses propres frais. Il a répandu à Wuhan la nouvelle du résultat « positif » de la procédure de test PCR Drosten, qui selon lui permettait et imposait d'affirmer que la transmission d'homme à homme du supposé nouveau virus était prouvée.

Cette information a d'abord semé la panique à Wuhan, et le soir même dans toute la Chine, lorsqu'il annonça aux informations du soir que la transmission d'homme à homme avait été confirmée. Comme nous le savons, la panique a rapidement gagné population mondiale.

Dans cette affaire, en tant qu'homme, et notamment en tant que scientifique, avec votre fonction centrale de Directeur de l'IVI, vous avez le devoir et la responsabilité, vis-à-vis du peuple suisse et de la population mondiale, de communiquer IMMÉDIATEMENT ces contradictions et ces réfutations au public.

Afin d'éviter que principalement des enfants, des personnes âgées, des malades et l'économie n'étouffent au sens propre du terme et ne meurent du fait de conclusions non justifiables scientifiquement et qui ont été réfutées, et des mesures qui en résultent, je vous prie d'agir immédiatement.

Le Prof. Tanner vous a chargé par mon intermédiaire de clarifier si un virus a effectivement été *isolé au sens du terme « Isolation »*.

Vous avouez maintenant par votre référence centrale et exclusive à la publication du Prof. Zhang qu'aucun virus n'a été isolé, mais que, manifestement et sans aucun doute, des séquences génétiques très courtes de l'homme, de microbes connus et inconnus et probablement de séquences génétiques créées par la biochimie ont été réunies uniquement par calcul, c'est-à-dire purement théoriquement, pour créer un génome viral qui en réalité n'existe pas.

Vous ne pourrez pas non plus à l'avenir faire valoir – pour continuer à vous dérober à votre responsabilité centrale et globale – que l'alignement théorique des courtes séquences génétique en un génome viral « complet » a été réalisé sur la base d'un autre coronavirus. Ce prétendu modèle de séquence virale a lui aussi été obtenu par calcul à partir de très courtes séquences virales, dont il est certain qu'elles n'ont pas été isolées à partir d'un virus, mais qu'elles sont issues de courtes séquences génétiques de l'homme, d'animaux, de microbes et possiblement synthétisées par la biochimie.

Le Prof. Tanner vous a chargé par mon intermédiaire (et il y veille) à la réalisation des expériences de contrôle, qui sont la condition pour considérer l'affirmation de l'existence d'un virus comme scientifique.

Votre argument que ces expériences de contrôle sont réalisées indirectement par le fait que des tiers, et pas vous, prétendent sur Twitter qu'ils ne trouvent pas le génome calculé du virus dans les bases de données génétiques humaines, est réfuté par le fait que quelque chose de calculé (laborieusement) ne pourra logiquement ni être trouvé dans une base de données ni démontré en laboratoire.

C'est pourquoi je vous prie à nouveau de réaliser et de documenter conjointement avec moi les expériences de contrôle qui confirmeront ou infirmeront le fait que les très courtes séquences génétiques disposées en un long génome par calcul, c'est-à-dire théoriquement, lors de l'« alignement », au moyen de différents programmes de retraitement, ne viennent pas de l'homme lui-même ou des nombreux microbes et phages qui colonisent l'homme, tout particulièrement en cas de maladie ou de pneumonie. Ou si celles-ci sont issues en partie de séquences génétiques purement créées par la biochimie, ou si elles ont été en partie inventées par les programmes utilisés pour l'alignement pour combler les lacunes (gaps) du génome qui ne pouvaient pas se combler au moyen des courtes séquences génétiques disponibles. Ces programmes sont mentionnés dans la section méthodologique du Prof. Zhang, mais celle-ci n'indique pas quelle est la proportion du « génome viral » complet qui a été « comblée » par ces programmes de « Gap filling ».

Nous vous offrons à nouveau de financer ces essais de contrôle. Le Prof. Tanner ne vous a demandé de présenter et de documenter ces essais de contrôle que pour des raisons scientifiques et humaines. Il n'y a aucune raison de ne pas réaliser ces essais ou de continuer à les repousser.

La détresse due à la crise du corona est immense et n'admet aucune raison de protéger par exemple votre profession ou sa réputation. Cette détresse augmente de jour en jour, et il existe le risque que notre société, dans une hystérie collective sans aucune justification scientifique, s'inflige des dommages toujours plus graves. J'ai également demandé à d'autres virologues de réaliser avec moi les expérimentations de contrôle. Aucun n'a répondu à ce jour.

Vous avez la possibilité de clarifier ce problème, le Prof. Tanner m'ayant renvoyé à vous pour la clarification de cette question essentielle.

Je vous prie de vous décider et d'agir sur le champ, et de ne pas laisser passer à nouveau plus de deux semaines avant de me répondre.

Recevez mes meilleures salutations,

ch

an volker thiel; marcel tanner;

10.10.2020, 08:56 ☆ ↶ ⋮

Sehr geehrter Herr Prof. Thiel,

vielen herzlichen Dank für die klärende Antwort.

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

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

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

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

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

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

Zu Ihrer Information, falls Ihnen das entgangen sein sollte:

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Mit freundlichen Grüßen,

With best regards,