

## L'interprétation erronée du virus – 2e partie



Par Stefan Lanka

Traduction : Jean Bitterlin

### Début et fin de la crise corona, par le Dr Stefan Lanka

[Voir la première partie :  
La fausse idée appelée virus – La rougeole à titre d'exemple]

La définition du SARS et Corona ou Covid-19 indique qu'une pneumonie atypique est considérée comme le tableau clinique qui caractérise la maladie. Si des germes pathogènes de la pneumonie connus peuvent être détectés, la pneumonie est considérée comme une pneumonie typique, si ce n'est pas le cas, elle est atypique. Un des deux faits décisifs pour le SARS et la crise corona c'est qu'au moins 20 à 30 % de toutes les pneumonies sont atypiques. Les causes de la pneumonie atypique sont clairement connues et par conséquent on ne doit PAS affirmer qu'elles sont dues à un nouveau virus.

Cette information est censurée par les infectiologues et virologues et est le fondement des peur et panique actuelles, parce que l'on crée l'impression chez ceux qui sont affectés, dans le public et chez les responsables politiques que la pneumonie atypique serait particulièrement dangereuse et souvent fatale parce qu'il n'y a pas de médicaments ou de vaccins pour cette supposée nouvelle maladie.

À partir du moment où une procédure de test pour le supposé nouveau virus est offerte, ce qui est caché par ceux qui sont impliqués, des personnes en bonne santé testent également « positif », le nombre de cas augmente automatiquement. Au début les personnes avec une pneumonie typique sont

également incluses, puis de plus en plus de personnes avec d'autres maladies. Ceci est considéré comme une preuve pratique de la propagation du virus. Automatiquement de plus en plus d'autres maladies sont ajoutées à la maladie initiale « pneumonie atypique » et ce « syndrome » est affiché comme étant « la maladie du nouveau virus ».

L'autre fait décisif, et pas seulement pour le SARS et la crise corona, est que, pour des raisons compréhensibles, les virologues, qui affirment que les virus causent la maladie, étouffent une situation ouvertement étalée. La procédure de test proposée est une méthode de détection génique. Les séquences géniques qu'ils utilisent pour le test de détection n'ont pas été isolées d'un virus. Ils isolent des séquences de gènes typiques qui sont libérées en quantités accrues lorsque le tissu et les cellules meurent. Ces séquences géniques généralement courtes sont des composants du métabolisme humain et sont la base sur laquelle s'appuie le travail ultérieur du laboratoire. Avec l'aide de programmes informatiques, les virologues ne sont que capables de construire mentalement de longs brins de matériaux génétiques à partir de courtes séquences de gènes. On fait ensuite passer ceux-ci comme étant de vrais génomes viraux. Ceci est la raison pour laquelle les résultats positifs de tests sont obtenus de manière répétée même chez les personnes en bonne santé.

Afin d'éviter d'avoir à se réfuter eux-mêmes, ces virologues, systématiquement, ne tiennent pas compte de deux lois prescrites par la science. L'une est de vérifier systématiquement toutes leurs propres affirmations. L'autre est de tester toutes leurs hypothèses et méthodes utilisées au moyen d'expériences de contrôle (appelées aussi contre-expériences ou encore expériences témoin). S'ils effectuaient les expériences de contrôle, ils trouveraient que TOUTES les séquences géniques courtes, qu'ils ne font que lier mentalement à un brin de génome de virus, proviennent du métabolisme humain et non de l'extérieur, d'un virus allégué.

La dynamique propre de la crise corona a été déclenchée le 30 décembre 2019 par le communiqué sur Internet d'un jeune ophtalmologiste, communiqué qui s'est immédiatement et très rapidement répandu. Il a informé des amis que dans son hôpital plusieurs personnes étaient placées en quarantaine, que sept cas de SARS (en français SRAS pour Syndrome Respiratoire Aigu Sévère – NdT) étaient confirmés, qu'ils (les amis – NdT) devaient être prudents et devaient se protéger. Le Professeur Christian Drosten de (l'hôpital universitaire – NdT) de la Charité à Berlin en a entendu parler, a commencé immédiatement le développement d'un procédé de test pour virus SARS, avant même qu'il ne soit absolument clair ou puisse être clair, si le rapport provenant de Chine était vrai et prouvé, et par-dessus tout avant que les virologues chinois ne publient leurs résultats.

Les virologues concernés de la Commission Chinoise de Contrôle des Maladies (en anglais CCDC pour Chinese Disease Control Commission, l'équivalent du CDC américain – NdT) ont publié leurs résultats les 24 janvier 2020 et 3 février 2020. Ils font état dans leur rapport de l'isolation de nombreuses séquences de gènes qui, intellectuellement assemblées les unes aux autres, pourraient

représenter un brin génétique d'un nouveau type de virus. Les auteurs indiquent de manière explicite – comme tous les autres virologues impliqués à ce jour – que les expériences impérativement nécessaires qui permettraient d'affirmer qu'il s'agit vraiment d'un brin génétique d'un virus pathogène n'ont pas encore été menées. Au contraire : les virologues chinois ont indiqué de manière explicite que le brin génétique construit avait 90 % de similitudes avec un allégué virus corona de chauve-souris, inoffensif et connu depuis des décennies.

Le 21 janvier 2020 (3 jours avant la première publication du CCDC !) l'OMS a recommandé à toutes les nations d'utiliser la procédure de test mise au point par le Professeur Drosten. En affirmant qu'il avait mis au point une procédure de test fiable pour le virus qui se propageait rapidement en Chine, le Professeur Drosten, au mépris de toutes les règles clairement définies du travail scientifique, règles qui font partie de son contrat de travail, et en violant les lois de la pensée et de la logique de la virologie, a déclenché et entraîné l'accroissement et la mondialisation de la panique chinoise de l'épidémie.

## 1. Début de la crise Corona

Lorsque le 30 décembre 2019 le jeune ophtalmologue Li Wenliang a informé sept de ses amis médecins de Wuhan via WhatsApp que dans son hôpital plusieurs personnes étaient mises en quarantaine, que sept cas de SARS avaient été confirmés, qu'ils devaient être prudents et se protéger, il n'avait pas l'intention de semer la panique. Si cela avait été le cas, il aurait mis cette communication sur Internet et averti le public. Un des sept destinataires de cette communication WhatsApp privée a publié sur Internet, sans se rendre compte des conséquences possibles, une « copie d'écran », donc une photo de cette communication. Naturellement, cette information s'est répandue très rapidement en Chine et ensuite dans le Monde entier.

Cette communication, à cause de la panique causée par la crise SARS, que l'Organisation Mondiale de la Santé avait classifiée le 12 mars 2003 comme « menace mondiale », a déclenché une vague de peur, de panique et d'enquêtes auprès des autorités de santé et du gouvernement chinois. Suite à cela, le 31 décembre 2019 le gouvernement de Pékin a envoyé à Wuhan une « équipe d'intervention » constituée d'épidémiologistes et de virologues de la Commission Chinoise de Contrôle des Maladies (CCDC) afin de soutenir les autorités de santé de la ville et celles de la province environnante de Hubei. Il s'agissait d'examiner et de vérifier les allégations au sujet du déclenchement d'une épidémie. Au cas où une épidémie s'était vraiment déclenchée, alors la situation devait être contrôlée de façon appropriée.

Dans les premières publications pertinentes des auteurs du CCDC sur les résultats de leur recherche, « Un nouveau coronavirus chez des patients avec une pneumonie en Chine, 2019 »<sup>1</sup> il n'est pas fait mention d'une accumulation de cas de pneumonies atypiques (« patients with pneumonia of unknown cause »). Ils écrivent dans le rapport que les patients constatés pouvaient être regroupés dans un « cluster », dans un groupe à caractéristiques

communes. La caractéristique commune était la visite plus ou moins fréquente à un marché de gros de poissons (seafood wholesale market) de Wuhan. On peut juger à quel point le groupe de patients avec une pneumonie atypique était vraiment faible par le fait que le CCDC n'a prélevé des écouvillons et des fluides des voies respiratoires inférieures que sur quatre patients afin de rechercher des agents pathogènes connus et inconnus.

Entre-temps la panique à Wuhan et dans les environs progressait de manière extrême. Même les mesures prises par la police, mettant en demeure le 3 janvier 2020 l'ophtalmologue Li Wenliang, de s'engager par écrit en signant une déclaration avec une clause d'infraction à la loi, déclaration par laquelle il s'engageait à ne plus rien diffuser au sujet d'une possible épidémie de SARS, ne put plus ralentir la dynamique d'une panique qui s'aggravait dangereusement. Le 10 janvier 2020 Wenliang, et ses parents peu de temps, développèrent les symptômes d'une pneumonie. Li Wenliang s'isola de lui-même parce qu'il était persuadé qu'il avait été infecté la veille avec le virus SARS par une de ses patientes. Et cela aussi augmenta la panique.

Les médecins traitants ont effectué un grand nombre de tests différents, qui se sont tous révélés négatifs. Comme son état de santé se détériorait et que de plus en plus de personnes faisaient ouvertement état de leur sympathie envers son sort, il a continué à être testé jusqu'à ce qu'un premier test SARS soit, le 30 janvier 2020, évalué comme étant « positif ». Le désastre de la panique SARS croissante, qui mutait en une crise corona mondiale, a suivi son cours.

Li Wenliang a diffusé ce résultat sur Internet avec les mots suivants : « Today nucleic acid testing came back with a positive result, the dust has settled, finally diagnosed ». « Aujourd'hui le résultat du test génétique est revenu avec un résultat positif, la poussière est retombée, finalement diagnostiqué. »

Cette annonce a augmenté la panique déjà existante. Tout devint hors de contrôle lorsqu'il a publié sur Internet sa déclaration du 3 janvier 2020 qui lui avait été imposée par laquelle il s'engageait à ne plus rien diffuser. Cette diffusion, qui était dangereuse pour lui, était et est encore considérée comme étant une preuve pour toutes les personnes paniquées qu'il y avait une nouvelle épidémie de SARS, parce que le médecin, qui était lui-même touché, malgré la menace de sanctions, continuait à informer et à avertir l'opinion publique. La panique continuait à grandir parce que l'état de santé de Li Wenliang se détériorait malgré le recours intensif à de nombreuses substances antibiotiques, et que l'opinion publique y prenait régulièrement part. La situation était sur le point de dégénérer parce que l'information de sa mort avait été plus que chaotique et contradictoire. Ceci était et est encore la raison principale pour laquelle l'opinion publique chinoise et mondiale a accepté qu'à Wuhan une épidémie d'un nouveau SARS était apparue, qui cependant fut redéfinie en une nouvelle épidémie, une pandémie avec un nouveau nom, Covid-19.

## 2. Une des deux causes possibles de la peur de Li Wenliang

La peur de l'ophtalmologue Li Wenliang reposait sur des événements de 2003 en Chine, lorsque des scientifiques occidentaux affirmèrent qu'en Chine du Sud était apparu un grand nombre de pneumonies atypiques. Deux jours après l'élaboration intellectuelle du brin génomique du soi-disant nouveau virus (SARS-CoV-1) dans laquelle le Professeur Drosten était considérablement impliqué<sup>2</sup>, ce dernier a proposé un procédé de test pour ce prétendu nouveau virus<sup>3</sup>. Environ 800 personnes avec une pneumonie atypique, c'est-à-dire une pneumonie où l'on n'a pas pu démontrer la présence d'un agent pathogène connu, mais qui avec le test du Professeur Drosten avaient été testés positifs, sont décédées par conséquent – peut-être par sous ou surtraitement – avec le diagnostic SARS au lieu de « pneumonie atypique ».

Le fondement, que la peur du SARS s'était maintenue et avait augmenté jusqu'en 2019, ce sont deux publications de 2013 et 2017, les spéculations sur la possibilité de l'apparition d'un nouveau virus corona SARS. Les auteurs des deux publications ont indiqué qu'il y avait des indices de l'existence de séquences géniques courtes chez les chauves-souris saines qui pouvaient être interprétées comme étant des constituants d'un virus. Ces courtes séquences génomiques avaient des similitudes avec celles des courtes séquences génomiques qui en 2003 avaient été déclarées comme étant des composants du soi-disant Coronavirus SARS 1 (SARS-CoV-1). SARS (SRAS en français – NdT) signifie Syndrome Respiratoire Aigu Sévère ce qui est une autre description pour les symptômes d'une pneumonie atypique.

Au sujet de ces élaborations intellectuelles (fictives reformulées en réalité) de brins génétiques, il est affirmé qu'il est possible qu'ils se forment aussi en réalité et pourraient former un virus réel. Un tel prétendu virus, mais encore inoffensif chez les chauves-souris et chez d'autres animaux sauvages, pourrait par morsure, contact ou par consommation passer sur l'Homme (le fameux franchissement de la barrière d'espèce – NdT) pour devenir un virus tueur. Chez les Humains, ce virus inoffensif, par des changements (des mutations), pourrait effectivement se transformer en un nouveau coronavirus SARS qui cause une maladie. Il faut s'attendre à tout moment à un tel événement et à la vague de maladies en résultant, comme par exemple la pneumonie atypique.

À ce jour les virologues n'ont pas été capables d'isoler un virus SARS à partir d'un patient, d'une chauve-souris, d'un autre animal ou dans un laboratoire et ainsi prouver l'existence d'un brin de virus SARS intact et complet. La supposition des virologues qu'il existe également dans la réalité des brins génomiques viraux, qui sont construits de la même manière que les brins qui ont été assemblés intellectuellement à partir de courtes séquences génomiques n'a pas pu, à ce jour, être confirmée. Bien qu'il existe des techniques standards simples pour la détermination de la longueur des séquences géniques, on n'a pas réussi à prouver, d'une manière ou d'une autre, l'existence et la présence d'un brin génomique de virus SARS. Les peurs massivement alimentées par de telles fausses affirmations étaient

Le fondement des craintes de l'ophtalmologue Li Wenliang tout comme chez les autres médecins et infectiologues et pas seulement à Wuhan. Ces affirmations sont la raison pour laquelle, à partir du 31 décembre 2019, les épidémiologistes et virologues du CCDC se sont focalisés sur la découverte de séquences génomiques similaires qui en 2003 avaient été définies comme composantes des coronavirus SARS (davantage sur ce propos plus bas).

### 3. La 2e des causes possibles de la peur de Li Wenliang

La crise SARS et Corona a débuté avec l'affirmation dans les médias qu'il y avait une prolifération de patients avec une pneumonie atypique. Cette affirmation n'a jamais été étayée. La seule chose qui ait été affirmée c'est que les pneumonies atypiques qui étaient survenues pouvaient être expliquées par l'acceptation de l'émergence d'un nouveau virus, parce que quelques-unes de ces personnes avec une pneumonie atypique avaient eu un contact avec des marchés d'animaux. Afin de pouvoir confirmer cette supposition qu'un virus inconnu puisse être à l'origine d'une pneumonie atypique, des faits connus et décrits dans la littérature scientifique médicale ont été supprimés. Il y a en effet un large spectre de causes non infectieuses pour les pneumonies atypiques. Ces pneumonies atypiques, pour différentes raisons, sont plus souvent mortelles que ce n'est le cas pour les pneumonies typiques.

Parmi les causes, il y a l'inhalation de gaz d'échappements, de solvants et de produits chimiques. L'introduction d'aliments, de boissons ou de contenu de l'estomac, lors de troubles de la déglutition ou de perte de connaissance, qui pénètrent dans les poumons peuvent également causer les pneumonies les plus graves (pneumonie d'aspiration). Rien que l'eau est suffisante et peut provoquer une grave pneumonie atypique lorsqu'elle parvient dans les poumons des noyés. Comme autre cause, il y a le spectre des dysfonctionnements immunologiques, tels que les allergies et les réactions auto-immunes. Il est également connu que les radiations dans le traitement du cancer peuvent également déclencher une pneumonie qui ne peut pas être distinguée d'une pneumonie typique. Les pneumonies hypostatiques (pneumonies qui évoluent sans symptômes permettant d'alerter – NdT) sont connues chez les personnes âgées. Celles-ci apparaissent suite à des rétentions d'eau (œdème) lors d'alitement prolongé, suite à des faiblesses cardiaques et rénales, ce qui peut entraîner une ventilation et une circulation sanguine insuffisantes dans le poumon, qui résulte directement en une inflammation du poumon et peut donc conduire à une pneumonie atypique.

De manière logique, une combinaison de causes qui par ailleurs sont à seuil bas agit également dans la pneumonie atypique. Une pneumonie atypique peut très rapidement se transformer en pneumonie typique, au cas où se produit une colonisation secondaire du poumon enflammé. C'est la raison pour laquelle la proportion de pneumonies atypiques est probablement plus élevée que les 20 à 30 % estimés.

Dans les études des cinq personnes qui sont documentées dans les deux

publications pertinentes concernant la crise corona<sup>6</sup>, il n'y a pas eu de recherches sur la présence ou les antécédents possibles de signes, de mécanismes et d'effets de ces causes connues de la pneumonie atypique. De toute façon la plupart du temps les virologues ne font pas cela et, vu les circonstances entourant la panique, cela n'était pas non plus possible pour les membres du CCDC. L'exclusion de la mention de pneumonie atypique est la preuve d'une faute professionnelle médicale et empêche le bon traitement des patients. Les personnes affectées courent alors le danger d'être soumises à un mauvais traitement à base de cocktails d'antibiotiques avec de nombreux effets secondaires, surtout dans le cas de surdosage, qui est en lui-même en mesure d'aboutir aux décès des patients<sup>7</sup>. Il doit être bien clair que la panique extrême, surtout dans les problèmes respiratoires, peut, indépendamment de tout le reste, provoquer le décès. La panique peut tuer en très peu de temps, et pas seulement dans les problèmes cardiovasculaires.

La réponse à la question essentielle, si effectivement un nouveau virus a été détecté ou si de petites parties de matériel génétique provenant du corps ont été considérées ou mal interprétées comme étant des composants d'un virus, cette réponse est essentielle pour que la crise Corona puisse se terminer rapidement ou non. Comme pour le H1N1 les auteurs de la crise Corona disent que celle-ci ne peut se terminer que grâce à la vaccination. Mais l'idée de la vaccination peut également être réfutée, comme celle des virus.

Le souvenir de la pandémie de grippe porcine de 2009, qui entre temps a été oubliée, peut être très utile pour l'analyse et la qualification des événements entourant le déclenchement et le maintien de la crise Corona. La volonté majoritaire dans la population était alors de se laisser vacciner contre les virus allégués de la grippe porcine. Puis il y eut un retard dans les livraisons annoncées de vaccins. Les vaccins ne pouvaient pas être conditionnés dans des seringues prêtes à l'emploi, car les nouveaux stimulants qui étaient utilisés pour la première fois endommageaient le mélange du vaccin et le rendaient inutilisable. En conséquence, le vaccin a été conditionné dans des ampoules pour 10 personnes et le stimulant ne pouvait être rajouté que juste avant l'acte vaccinal.

À cette époque, on a appris que les stimulants, appelés adjuvants, sans lesquels le vaccin ne pourrait pas déployer son effet, sont nouveaux et non testés. On a appris que ces nouveaux adjuvants comportaient des nanoparticules. On sait que les nanoparticules, en raison de leur taille minuscule, sont très réactives, et utilisées à cause de cela comme catalyseurs dans de nombreuses réactions chimiques, par exemple elles agissent lors de processus techniques de telle manière que les surfaces se comportent de façon complètement différente par rapport à ce que l'on peut atteindre par des méthodes habituelles. Puis on apprit que la Chancelière Fédérale Angela Merkel et l'Armée Allemande devaient recevoir ce vaccin, mais sans le nouvel adjuvant à nanoparticules, contrairement à la Police et à la population qui elles recevraient le vaccin avec les nanoparticules non testées.

Le résultat fut que 93 % de la population a refusé le vaccin qui avait été

produit pour elle. Seuls 7 % des Allemands se sont laissés administrer le vaccin. Le métabolisme humain ne peut pas métaboliser et extraire les nanoparticules. À cause de ce refus de la part de la presque totalité de la population, la grippe porcine disparut effectivement du jour au lendemain, comme par enchantement, hors des médias dans un naufrage et les vaccins dans un haut-fourneau. (On s'autorise une petite polémique : de manière étonnante le virus de la grippe porcine H1N1 a pris au grand galop la poudre d'escampette, n'a plus infecté d'autres personnes, n'a pas rendu malades les infectés, et a arrêté immédiatement sa présence dans les médias. Peut-être le virus de la grippe porcine s'est-il transformé en virus de la grippe halieutique, pour remonter les cours d'eau dans le corps des saumons et pour frapper à nouveau avec une force groupée sur le marché de Wuhan.)

Les épidémiologistes, infectiologues et virologues ont appris de l'échec de la planification de la pandémie qui n'a pas atteint l'apogée de la vaccination. Ils ont analysé les causes et publié leurs connaissances et recommandations pour le futur dans le n°12 de décembre 2010 du Bulletin de Santé Fédéral (en allemand : Bundesgesundheitsblatt – NdT). Le titre révélateur de ce numéro « Pandemien, Lessons learned » (Pandémies, leçons retenues – NdT) ce qui revient à dire : Les enseignements que nous avons tirés de la débâcle de la grippe porcine H1N1.

Quelques-unes des contributions de ce n° sont visibles sur Internet<sup>8</sup>, toutefois pas les plus importantes. Les recommandations clés pour la gestion de la pandémie sont :

- S'assurer que les experts ne se contredisent pas lors de discussions publiques.
- Implication précoce dans les médias dominants et les médias sociaux.
- Contrôle d'Internet. Ceci pour éviter que des affirmations et des critiques du consensus et de ne pas mettre en danger l'acceptation des mesures politiques et sociales.

Ces recommandations ont maintenant été mises en œuvre avec succès ! Internet est censuré, les opposants critiques sont exclus avec, entre autres, des insultes. Les arguments irréfutables de l'acceptation de la pandémie qui ont réussi à pénétrer dans le débat public ne sont tout simplement pas abordés. Dans les médias et le personnel politique, on n'écoute qu'un seul expert, le professeur Drosten. La seule « critique » qui lui a été adressée, prononcée par un virologue VIH, avait pour but de renforcer l'affirmation centrale de l'existence d'une nouvelle sorte de virus, le SARS-CoV-2.

## 4. La mondialisation de la panique chinoise du virus SARS et la réorientation en crise corona par le Professeur Drosten

Le Professeur Christian Drosten de la Charité à Berlin (rappel la Charité est l'hôpital universitaire de Berlin – NdT) affirme qu'il a à partir du 1er

janvier 2020 mis au point une méthode de détection génique avec laquelle il peut démontrer la présence du nouveau coronavirus chez les humains<sup>8</sup>. Le 21 janvier 2020, l'OMS a recommandé à la Chine et à toutes les autres nations le test fiable qu'il avait mis au point afin de pouvoir déterminer la propagation du prétendu nouveau coronavirus<sup>10</sup>.

Afin a) de pouvoir comprendre quelles hypothèses et quels faits sont à la base des affirmations du Professeur Drosten et b) pour vérifier si ses conclusions sur sa mise au point du test pour le nouveau coronavirus sont de manière logique et scientifiquement prouvées ou non, ou même réfutées, il est nécessaire d'expliquer les termes, techniques et représentations utilisés dans son argumentation et d'analyser les deux publications cruciales auxquelles se réfère le Professeur Drosten.

- Comment sont définis un virus et un coronavirus ?
- Comment dans ce contexte sont définies les séquences ?
- Comment fonctionnent les détections de séquences désignées comme PCR, comme RT-PCR et comme « temps réel » PCR ?
- À quel moment la détection de la présence de séquences chez les humains peut-elle être annoncée comme preuve de la présence d'un virus ?
- Comment l'existence d'un virus est-elle démontrée scientifiquement ?

## Terminologie

- En science un virus est défini par son matériel génétique propre, qui n'appartient qu'à ce seul virus.
- Le matériel génétique d'un virus est également désigné brin de matériel génétique, molécule génétique virale ou génome.
- Le matériel génétique viral d'un virus contient successivement les différentes séquences génétiques pour la formation des différentes protéines virales, qui sont désignées comme étant des gènes viraux.
- Le matériel génétique d'un virus peut être composé de l'une ou de l'autre des espèces moléculaires génétiques ADN ou ARN.
- Les coronavirus sont ainsi définis qu'ils sont composés d'une molécule ARN spécifique qui est entourée d'une enveloppe.
- Le matériel génétique d'un virus particulier est défini par sa longueur particulière précise et par la disposition exacte de la structure du brin génomique viral.
- La composition du matériel génétique d'un virus résulte de la détermination exacte du nombre et de la succession spécifique des quatre éléments constitutifs (les 4 bases azotées appelées adénine, thymine, cytosine et guanine – NdT) dont se compose le matériel génétique. Les quatre éléments constitutifs sont appelés nucléotides.
- Le processus de détermination de la succession (séquence– NdT) des éléments constitutifs d'un matériel génétique est appelé séquençage.
- Le résultat de la détermination de la succession des éléments constitutifs d'un matériel génétique est appelé séquence ou séquence génétique.
- Les virus pathogènes sont caractérisés par le fait que leur séquence est unique et n'apparaît pas dans des corps en bonne santé.

- Afin de pouvoir démontrer et de déterminer la présence de matériel génétique d'un virus, selon les règles de la pensée et de la logique qui précèdent chaque science en tant que règle fondamentale, ce virus doit être isolé et être présenté sous forme pure, afin que les séquences géniques qui ne sont pas spécifiques ne soient pas mal interprétées comme étant des éléments du virus.
- La disposition de la séquence d'un matériel génétique n'est possible que si elle se présente sous forme d'ADN.
- Afin de pouvoir déterminer la séquence d'un matériel génétique, qui se présente sous forme d'ARN, il faut qu'elle soit auparavant transformée par voie biochimique en ADN.
- Le processus de transformation d'un matériel génétique d'ARN en ADN est désigné par « Transcription Inverse » (en anglais « Reverse Transcription » ou RT – NdT) et abrégé en RT.

## Les techniques utilisées par le Professeur Drosten et premières conclusions.

- La présence et la longueur d'un matériel génétique sont déterminées par le fait qu'il est séparé selon sa longueur grâce à un champ électrique. Les petits morceaux migrent plus vite, les plus longs migrent plus lentement. En même temps sont ajoutées, afin de pouvoir déterminer la longueur du matériel génétique étudié, différentes longueurs de matériel génétique de longueurs connues. Cette technique standard fiable pour la détection et la détermination de la longueur d'un matériel génétique est appelée « électrophorèse sur gel ».
- Si la concentration d'un matériel génétique donné est trop faible pour qu'elle soit détectable par « l'électrophorèse sur gel », alors elle peut être augmentée à volonté grâce à une technique de duplication illimitée d'ADN appelée Réaction de Polymérisation en Chaîne (en anglais Polymerase Chain Reaction d'où son nom de PCR – NdT). C'est ainsi que de l'ADN non détectable par électrophorèse peut être rendu visible. Ceci est un prérequis pour que du matériel génétique puisse subir des examens plus approfondis, surtout pour la cruciale détermination subséquente de sa longueur et séquence.

L'inventeur de cette technique PCR, Kary Mullis, qui en 1993 s'est vu décerner le Prix Nobel de Chimie (pour cette invention – NdT), a signalé très tôt que sa méthode qu'il avait développée pour l'analyse de la pureté de l'air dans les usines de fabrication de puces électroniques pour ordinateur était très sujette aux erreurs. Dans son discours à Stockholm, qui est sur la page du Comité du Prix Nobel, il a également souligné, qu'il n'y avait pas de preuve vérifiable, vraiment scientifique, que la substance génétique, qui est appelée génome du VIH, déclenche vraiment une faiblesse immunitaire ou une des différentes maladies qui, de manière inadmissible, sont résumées sous le terme « SIDA » et qui sont traitées avec une chimiothérapie hautement toxique. Il a souligné que le consensus « que le VIH déclenchait une déficience immunitaire » n'existait que chez les scientifiques impliqués (ayant des intérêts – NdT)

Afin de pouvoir multiplier un ADN avec la technique PCR, il est nécessaire d'en connaître la composition, la séquence de l'ADN. Parce qu'un ADN ne peut être multiplié avec la PCR que si au début et à la fin de l'ADN, se lient de petits fragments de gènes produits artificiellement qui correspondent aux séquences du début et de la fin de l'ADN à multiplier. Ces petits morceaux d'ADN artificiellement produits sont appelés pour cela « molécules amorces » de la PCR, ou Primer. Ils ont en général de 24 à 30 nucléotides (éléments constitutifs de la substance génétique).

Avec la PCR ne peuvent donc pas être détectés des séquences inconnues ou des virus inconnus. Ce n'est que la détermination de la séquence d'un virus qui rend possible la mise au point d'un test PCR pour la détection d'une séquence génique qui provient d'un virus.

- Au tout début de la PCR, il n'était que possible de déterminer, au moyen de l'électrophorèse sur gel, la quantité d'ADN amplifié après l'arrêt de la réaction d'amplification PCR. Entre-temps ont été ajoutés certains colorants aux enzymes et substances nécessaires à la PCR. La détection de ces colorants lors du déroulement de la PCR indique à peu près quelles concentrations artificiellement amplifiées d'ADN sont apparues et environ quelle quantité d'ADN était réellement présente au début de la PCR. Puisque la détermination de la quantité d'ADN générée artificiellement peut être déterminée à peu près pendant le déroulement de la technique PCR, cette extension de la technique PCR est appelée « PCR temps réel » (RT-PCR en anglais – NdT). Comme un autre pas avait précédé la « PCR temps réel », la conversion d'ARN en ADN au moyen de la « Transcription Inverse » (en anglais Reverse Transcription ou RT – NdT), la « PCR temps réel » est appelée « RT-PCR temps réel » (en anglais « real time RT-PCR » – NdT).
- Le Professeur Drosten utilise dans le test qu'il a mis au point pour la détection du nouveau coronavirus la technique « RT-PCR temps réel ». À cet effet, au premier janvier 2020 il a choisi dans une base de données de courtes séquences géniques proposées qui sont attribuées au virus SARS. Sur la base de ces séquences de petits fragments géniques qui ont été interprétés comme possibles composants des coronavirus, il a conçu les séquences PCR amorces (rappel : en anglais Primer – NdT) cruciales pour la PCR, afin de détecter avec sa « RT-PCR temps réel » le virus « encore » inconnu en Chine.

Lorsque les 10 et 12 janvier 2020 sont apparues sur Internet les compositions préliminaires de séquences qui ultérieurement ont été modifiées et qui ont été publiées<sup>11</sup> les 24 janvier et 3 février 2020, cela représentait le résultat des deux premiers essais pour identifier le virus qui était encore inconnu. Les virologues du CCDC ont à cet effet réuni théoriquement, au moyen de programmes informatiques, les séquences des petits fragments géniques en un possible génome. Les virologues du CCDC déclarent dans les deux publications qu'il n'existe encore aucune preuve au sujet de ces propositions de séquence, qu'elles puissent effectivement déclencher des maladies. Les 10 et 12 janvier, les propositions chinoises de séquences étaient encore

provisoires et n'avaient pas encore été soumises au processus strict, scientifiquement requis, de la vérification.

Par le fait que le 21 janvier 2020, l'Organisation Mondiale de la Santé (OMS) ait recommandé le test de détection PCR mis au point par le Professeur Drosten pour la détection du nouveau virus avant même la publication des deux premières propositions chinoises de séquences est un premier fait prouvé : le Professeur Drosten a utilisé des données non vérifiées pour son test PCR du 2019-nCoV rapidement mondialisé, qui le 7 février 2020<sup>12</sup> avec le concours du Professeur Drosten a été rebaptisé en SARS-CoV-2.

Avec le changement de dénomination de « nCoV » en « SARS-CoV-2' au 7 février 2020 une simple hypothèse d'un virus défectueux ou inoffensif en un agent pathogène dangereux a donné l'impression à l'opinion publique qu'un virus SARS avait été découvert en Chine, qui déclenche une maladie dangereuse, à savoir le SARS et qui avait tué la nouvelle idole de Chine, Li Wenliang qui avait éclipsé la direction du parti (communiste chinois – NdT). En faisant cela, le Professeur Drosten et ses collègues du Groupe de Nomenclature des Virus ont répondu à l'attente d'une population effrayée jusqu'à la moelle : « Finally diagnosed », « Finalement diagnostiqué ». Cette attente a été réveillée par une dynamique propre de panique de masse déclenchée par le docteur en médecine Li Wenliang et apparemment remplie par le Professeur Drosten. Ce qui est important dans l'évaluation de ce fait est la réalité qu'à cette date tous les virologues directement impliqués ont témoigné – et jusqu'à ce jour témoignent –, qu'il n'y a pas de preuve que ce nouveau virus déclenche effectivement des maladies. Ou bien n'apparaît-il qu'en parallèle dans les maladies, lors des traitements des maladies, après les traitements, chez quelques personnes en bonne santé, chez de nombreuses personnes en bonne santé ou chez tout le monde ?

Rien que cela prouve que le Professeur Drosten a dépassé les frontières claires et visibles des pratiques scientifiques déloyales pour aller vers d'importantes et reconnaissables fraudes. Il ne pourra pas non plus avancer l'excuse d'avoir utilisé la publication au 23 janvier 2020<sup>13</sup> de sa procédure de test dans un journal, dans lequel les affirmations avancées n'ont pas été vérifiées avant la mise sous presse.

## 5. Les questions cruciales pour une fin rapide de la crise corona

La question centrale et décisive si le Professeur Drosten a respecté son devoir scientifique, qui fait partie de son contrat de travail<sup>14</sup>, de vérifier lui-même et de manière approfondie toutes les affirmations qui sont dans sa publication sur le procédé de détection qu'il a mis au point et sur ses déclarations publiques basées à ce sujet.

En raison de ce devoir scientifique central, il y a trois questions cruciales qui en découlent :

1. Le Professeur Drosten a-t-il vérifié si les séquences géniques, qui sont la base de son procédé de test et qui ont été mises à sa disposition par les virologues chinois sont effectivement des séquences qui proviennent d'un virus ?
2. Le Professeur Drosten a-t-il réalisé les expériences de contrôle qui en science sont impératives et qui prouvent si les séquences qu'il a utilisées proviennent effectivement d'un virus ? A-t-il réalisé ces expériences de contrôle, si les séquences qu'il a utilisées, qu'il attribue au nouveau virus, en réalité qui ne sont pas des séquences, qui apparaissent dans n'importe quel métabolisme, peut-être même dans des plantes, comme par exemple dans la papaye de Tanzanie<sup>15</sup> ou dans les métabolismes lors de maladies ?
3. Sur la base de quels hypothèses, expériences et contrôles le Professeur Drosten peut-il affirmer qu'avec son procédé de test, pour lequel il ne prouve que des zones partielles de 2 gènes du génome sur un total de 10 gènes du coronavirus, qu'il prouve la présence d'un virus entier, actif et causant des maladies ? Et pas seulement des fragments d'un virus après un supposé combat victorieux du système immunitaire, ou bien la présence de virus « défectueux » ou « incomplets » ou « inoffensifs » qui sont typiques dans notre matériel génétique et qui constituent 50 % de la masse des gènes de nos chromosomes ?

Les réponses proviennent, à ce jour, des faits documentés du Professeur Drosten lors de la mise au point du procédé de test et de non-faits documentés du Professeur Drosten. Le virologue Professeur Drosten, qui a mis au point la détection du nouveau coronavirus (appelé d'abord 2019-nCoV puis à partir du 7 février 2020 SARS-CoV-2), décrit la mise au point du procédé de test dans une publication publiée le 23 janvier 2020<sup>16</sup>. Dans la page 3 de cet article, dans la colonne de gauche, 8 lignes du bas, il nous décrit le premier et décisif pas de sa démarche :

“Avant l'annonce publique de séquences de virus provenant de cas avec 2019-nCoV, nous nous sommes reposés sur les médias sociaux qui annonçaient la détection d'un virus similaire au SARS. C'est pour cela que nous avons supposé qu'un CoV relié au SARS est impliqué dans le déclenchement (de l'épidémie – NdT).”

Ce qui signifie que le Professeur Drosten et ses collaborateurs, sur la base d'annonces dans les médias sociaux, ont accepté que dans l'épidémie alléguée d'une pneumonie atypique un coronavirus en rapport avec le SARS pourrait être impliqué. À ce moment-là aucune donnée clinique n'était disponible qui aurait pu servir de base à une telle hypothèse. Quel était le pas suivant ?

“Nous avons téléchargé toutes les séquences de virus complètes et partielles (longueur moyenne > à 400 nucléotides) reliées au SARS qui, au 1<sup>er</sup> janvier 2020, étaient disponibles dans la GenBank (banque de gènes– NdT).” Ça continue dans la colonne de droite de la page 3, 3<sup>e</sup> ligne à partir du haut :

“Ces séquences nous les avons (Remarque de moi-même, Stefan Lanka : à partir d'une séquence standard de virus SARS prédéfinie) alignées et l'alignement a

été utilisé pour la conception de l'essai (Figure supplémentaire S<sub>1</sub> dans le supplément de cette publication)."

"Après la publication de la première séquence 2019-nCoV sur virological.org, nous avons choisi 3 tests avec comme base dans quelle mesure elles correspondaient au génome du 2019-nCoV (Figure 1)."

À partir de ces propos découlent des réponses, des conclusions et des conséquences claires :

1. Le Professeur Drosten a-t-il vérifié si les séquences géniques qui sont la base de son procédé de test et qui ont été mises à sa disposition par les virologues chinois sont véritablement des séquences qui proviennent d'un virus ? La réponse est non ! Il ne pouvait pas vérifier si les séquences proposées provenaient d'un virus, parce que dans les deux publications décisives décrivant l'obtention des séquences géniques qu'il avait utilisées ces séquences n'étaient pas disponibles avant la mise sur le marché de son test.

2. Le Professeur Drosten a-t-il réalisé les expériences de contrôle qui en science sont impératives et qui prouvent si les séquences qu'il a utilisées proviennent effectivement d'un virus. A-t-il réalisé les expériences de contrôle pour savoir si les séquences qu'il a utilisées, qu'il attribue au nouveau virus, ne sont pas en réalité des séquences qui apparaissent dans n'importe quel métabolisme, peut-être même dans des plantes, comme par exemple dans la papaye de Tanzanie<sup>15</sup> ou dans les métabolismes lors de maladies ?

La réponse est : Non ! Ni lui, ni les virologues du CCDC ou d'autres n'ont à ce jour de manière prouvée réalisé ces contrôles impératifs et dans le cas où ils les auraient réalisés alors ils ne les ont pas publiés. Pour ces expériences de contrôle cruciales, il faut utiliser de courtes séquences génétiques provenant du métabolisme de personnes en bonne santé afin de les séquencer. Ces courtes séquences géniques doivent, comme celles provenant de personnes malades, être assemblées en un long génome d'un virus, à l'aide des mêmes programmes informatiques. Cet essai n'a soit jamais été effectué ou n'a jamais été publié. Il n'est même pas fait mention de ce contrôle obligatoire et résultant des règles de la logique de la virologie – de contrôler ses propres résultats de manière approfondie. Au moment où cet essai est effectué et publié, la crise corona est instantanément terminée.

L'autre test de contrôle, basé sur la logique scientifique, est le dépistage intensif, au moyen du procédé PCR (RT-PCR temps réel), d'échantillons cliniques de personnes avec d'autres maladies que celles qui sont décrites comme attribuées au virus et à partir d'échantillons provenant de personnes en bonne santé, d'animaux et de plantes, pour voir si ces échantillons ne sont pas également testés « positif ». Ces expériences de contrôle supplémentaires, qui logiquement sont obligatoirement nécessaires afin de valider un procédé de test, à savoir vérifier s'il est valable et a une signification, n'ont à ce jour jamais été effectuées et on n'a même pas affirmé qu'elles ont été effectuées. C'est la raison pour laquelle l'inventeur et les producteurs de ce procédé

de test se sont couverts, par les renseignements correspondant sur la notice d'information, par exemple que le test n'est à utiliser qu'à fins d'études et n'est pas adapté à des fins de diagnostic.

Je peux prédire avec certitude que des personnes qui libèrent des séquences géniques d'un type de tissu de l'épithélium squameux, par exemple les patients insuffisants rénaux, seront testées positives à 100 % avec le test PCR développé par le Professeur Drosten, si la quantité de frottis prélevée sur elles est un peu multipliée et concentrée. Très vraisemblablement tous les organismes peuvent être testés positifs.

J'en appelle aux biochimistes, bio informaticiens, virologues et spécialistes de cultures cellulaires de réaliser ces essais de contrôle, de les diffuser et de m'en informer. J'ai conçu une expérience de contrôle où l'excuse que le matériau échantillon ait été contaminé avec le virus SARS-CoV-2 avant ou pendant l'essai de contrôle est exclue à l'avance.

Les coûts pour la réalisation des expériences de contrôle seront couverts si moi-même et d'autres observateurs neutres avons le droit d'être présents lors des expériences de contrôle et que chaque pas (de l'expérience – NdT) est décrit. Veuillez, pour la prise de contact, vous adresser à l'éditeur. Cela ne sert à rien s'il n'y a que moi à présenter les résultats des essais de contrôle.

1. Sur la base de quels hypothèses, expériences et contrôles le Professeur Drosten peut-il affirmer qu'avec son procédé de test, pour lequel il ne prouve que des zones partielles de 2 gènes du génome sur un total de 10 gènes du coronavirus, qu'il prouve la présence d'un virus entier, actif et causant des maladies ? Et pas seulement des fragments d'un virus après un supposé combat victorieux du système immunitaire, ou bien la présence de virus « défectueux » ou « incomplets » ou « inoffensifs » qui sont typiques dans notre matériel génétique ?

Le Professeur Drosten n'a pas pris en considération ces questions logiques, car elles n'apparaissent nulle part dans ses publications et affirmations. La détection de seules quelques petites séquences de gènes d'un génome ne pourra jamais prouver la présence d'un virus intact et donc capable de se reproduire. Pour pouvoir qualifier de valide un tel test PCR, il faudrait d'abord entreprendre des études, dont les résultats montrent que la détection de petites séquences de gènes prouve automatiquement la présence d'un génome entier et intact d'un virus. De telles études logiques et impératives n'ont pas été menées ou signalées à ce jour.

La Professeure Karin Mölling, virologue de pointe dans le domaine des virus associés aux cellules, des virus décrits comme endogènes, incomplets ou défectueux, a qualifié les mesures adoptées comme étant injustifiées, et ce dès le début de la crise corona. Elle a démontré dans des publications et

dans son livre<sup>17</sup> que la moitié des génomes de l'être humain, par conséquent la moitié des séquences dont sont constitués nos chromosomes, proviennent de séquences géniques inactives et défectueuses. Ce qu'elle ne sait pas, ou cache, est la réalité que le métabolisme génère constamment une grande quantité de séquences géniques ARN de composition quelconque, qui n'apparaissent pas sous forme d'ADN dans les chromosomes. Cette réalité remet en question l'existence affirmée de tous les virus ARN, comme par exemple les coronavirus, les virus Ebola, le VIH, le virus de la Rougeole, et les virus SRAS. Ce fait est également le fondement de la raison pour laquelle, avec les expériences de contrôle, non seulement la crise Corona touchera à sa fin, mais également la peur et les traitements inadaptés dus à toute la virologie des présumés virus responsables de maladies. Je peux assurer que les vraies causes et phénomènes de l'infection, qui sont attribuées aux virus, sont prouvées au sens « positif » du mot « Science ». Je fais référence à cette fin aux contributions passées « Mauvaise interprétation du virus » du magazine WissenschaftPlus n°1/2020 qui peut aussi être obtenu en fichier PDF. Et naturellement les nombreuses contributions antérieures autour de cette problématique.

La suite « Mauvaise interprétation du virus III » suivra.

## Sources :

1. A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019. *N Engl J Med* 2020; 382: 727-33. DOI : 10.1056/NEJ- Moa2001017. Veröffentlicht am 24.1.2020.
2. Von der Verantwortung eines Virologen. Ist Christian Drosten Opfer oder Täter? Veröffentlicht im Blog des Friedensaktivisten Peter Frey, [peds-ansichten.de](https://peds-ansichten.de) am 26.5.2020.
3. SARS, Wikipedia.  
[https://de.wikipedia.org/wiki/Schweres\\_akutes\\_Atemwegssyndrom](https://de.wikipedia.org/wiki/Schweres_akutes_Atemwegssyndrom) (Eintrag vom 29.5.2020);
4. Xing-Yi Ge et al., Isolation and characterization of a bat SARS-like coronavirus that uses the ACE2 receptor. *Nature*. Band 503, 2013, S. 535–538, doi:10.1038/nature12711;
5. Discovery of a rich gene pool of bat SARS-related coronaviruses provides new insights into the origin of SARS coronavirus. Ben Hu, Lei-Ping Zeng, Xing-Lou Yang et al., *PLoS Pathogens*. 13(11): e1006698, doi:10.1371/journal.ppat.1006698;
6. Siehe Quelle 1 und : A new coronavirus associated with human respiratory disease in China. *Nature* | Vol 579 | 12 March 2020 | 265-269.  
<https://doi.org/10.1038/s41586-020-2008-3>. Veröffentlicht am 3.2.2020.;
7. Pathological findings of COVID-19 associated with acute respiratory distress syndrome. *Lancet Respir Med* 2020; 8: 420–22.  
Published Online February 17, 2020.  
[https://doi.org/10.1016/S2213-2600\(20\)30076-X](https://doi.org/10.1016/S2213-2600(20)30076-X);
8. Bundesgesundheitsblatt, Ausgabe Nr. 12, Dezember 2010. Pandemien. Lessons learned <https://link.springer.com/journal/103/53/12>;
9. Detection of 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) by real-time RT-PCR. Prof. Christian Drosten und Mitarbeiter. *Euro Surveill*. 2020;25(3):pii=2000045.

<https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.3.2000045>. Veröffentlicht am 23.1.2020.

10. Diagnostika: Erster Test für neuartiges Coronavirus entwickelt. Medica Magazin vom 21.1.2020. <https://www.medica.de/de/News/Archiv/Diagnostika>;
11. Siehe 6;
12. Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus: The species and its viruses – a statement of the Coronavirus Study Group. bioRxiv preprint doi: <https://doi.org/10.1101/2020.02.07.937862>;
13. Siehe 9;
14. §2 Grundsätze Guter Wissenschaftlicher Praxis: (1) u.a. „alle Ergebnisse konsequent selbst anzuzweifeln“ und „die anerkannten Grundsätze wissenschaftlicher Arbeit in den einzelnen Disziplinen einzuhalten.“ In: Neufassung der Satzung der Charité – Universitätsmedizin Berlin zur Sicherung Guter Wissenschaftlicher Praxis vom 20.06.2012 (AMB Charité Nr. 092, S. 658) Zu finden unter: [https://www.charite.de/fileadmin/user\\_upload/portal/charite/presse/publikationen/amtl-mitteilungen/2016/AMB\\_208.pdf](https://www.charite.de/fileadmin/user_upload/portal/charite/presse/publikationen/amtl-mitteilungen/2016/AMB_208.pdf);
15. Wie mit den Befunden in der Öffentlichkeit umgegangen wird, dass auch Früchte „positiv“ auf „SARS-Cov-2“ getestet werden ist, finden Sie beispielhaft hier: <https://www.zdf.de/nachrichten/panorama/coronavirus-papaya-ziege-tansania-test-100.html>
16. Siehe 9;
17. Siehe das Buch von Karin Mölling mit dem interessanten Titel „Viruses: More Friends Than Foes“, 420 Seiten, das 2016 auch auf Deutsch erschienen ist.

Traduction Jean Bitterlin 30 octobre 2020