



Mittwoch, 10. Februar 2021, 17:00 Uhr
~24 Minuten Lesezeit

Das Phantom-Virus

Immer unübersehbarer zeichnet sich ab, auf welch tönernen Füßen das Narrativ steht, welches sich um SARS-CoV-2 und dessen Mutationen rankt.

von Konstantin Demeter, Torsten Engelbrecht, Stefano Scoglio
Foto: PopTika/Shutterstock.com

Kann es so viel Rauch ohne Feuer geben? Manchmal schon. Vor allem wenn sehr viel medialer Wind hineingeblasen wird. Nicht einmal das Robert Koch-Institut oder die Gesundheitsbehörden vieler anderer Länder können offenbar den entscheidenden Beweis dafür erbringen, dass ein neues Virus namens SARS-CoV-2 tatsächlich „herumspukt“, dass es auf den vielfach genannten Wegen übertragen wird und dass es mit den üblichen Testverfahren zweifelsfrei ermittelt werden kann. Allein dies macht das Gerede von gefährlichen Virus-Mutationen zu einer unverantwortlichen Panikmache – und die

sogenannten SARS-CoV-2-PCR-Tests endgültig zu einem wertlosen Tool.

Auf die Frage nach einer Studie, die eine Isolierung und vollständige Reinigung der Partikel präsentiert, von denen behauptet wird, es handele sich um SARS-Coronaviren Typ 2 (SARS-CoV-2), antwortet Michael Laue vom deutschen Robert Koch-Institut (RKI), einem der weltweit wichtigsten Vertreter der offiziellen Doktrin zu COVID-19: „Mir ist keine Arbeit bekannt, in der isoliertes SARS-CoV-2 gereinigt wurde“ (1). Dies ist ein mehr als bemerkenswertes Statement – zumal Laue hinzufügt, er sei „sicher, dass zellkulturvermehrtes Virus für bestimmte Tests vollständig gereinigt wird“. Denn mit dieser Aussage bekräftigt er explizit, wie zentral wichtig die vollständige Partikelreinigung ist, um Viren nachweisen zu können. Doch eine solche Reinigung ist eben nach wie vor nirgendwo erfolgt.

Das Zugeständnis von Laue, der beim RKI die Abteilung Spezielle Licht- und Elektronenmikroskopie leitet (2), deckt sich auch mit den Aussagen, die wir in unserem Artikel „COVID-19 PCR-Tests Are Scientifically Meaningless“ (3) präsentiert haben, veröffentlicht vom *OffGuardian* am 27. Juni 2020 und auf Deutsch von *Rubikon* am 11. Juli 2020 (4). In diesem Beitrag haben wir als erste weltweit umfassend dargelegt, warum die vermeintlichen SARS-CoV-2 PCR-Tests für die Diagnose einer Virusinfektion wertlos sind.

Einer der entscheidenden Punkte unserer Analyse war, dass die Studienautoren, die vorgeben, bewiesen zu haben, dass SARS-CoV-2 ein neues und potenziell tödliches Virus ist, kein Recht haben, eine „Isolierung“ von sogenanntem SARS-CoV-2 zu behaupten – ganz besonders, weil diese Studien es eben in Wirklichkeit nicht geschafft

haben, die Partikel, bei denen es sich angeblich um Viren handeln soll, zu isolieren und komplett zu reinigen.

Dies bestätigen die entsprechenden Antworten, die wir von den Autoren einschlägiger Studien erhalten und die wir in unserem Beitrag in einer Tabelle aufgelistet haben. Darunter befindet sich auch die Antwort des Teams um den Chinesen Na Zhu, dessen Arbeit als die bedeutendste bezeichnet werden kann im Zusammenhang mit der Behauptung, SARS-CoV-2 sei als Virus nachgewiesen worden und die am 20. Februar 2020 in einem der wichtigsten Fachmagazine, dem *New England Journal of Medicine*, veröffentlicht worden war (5). In der Zwischenzeit hat uns gegenüber auch ein weiteres Forscherteam – eines aus Australien – konzidiert, dass sie keine „purification“ der Partikel vorgenommen haben (6, 7).

Vergeblich gesucht: das SARS-CoV-2-Virus

Darüber hinaus haben die Kanadierin Christine Massey, eine ehemalige Biostatistikerin im Bereich der Krebsforschung, und ihr neuseeländischer Kollege Michael Speth sowie mehrere Einzelpersonen auf der ganzen Welt, von denen die meisten es vorziehen, anonym zu bleiben, Unglaubliches zutage gefördert. So haben sie auf Basis des Freedom of Information Act (FOIA, Informationsfreiheitsgesetz) Dutzende von Gesundheitsämtern und Wissenschaftsinstitutionen sowie eine Handvoll politischer Einrichtungen auf der ganzen Welt darum gebeten, ihnen die Aufzeichnungen zu senden, aus denen die Isolierung eines SARS-CoV-2-Virus aus einer unverfälschten Probe eines Erkrankten hervorgeht.

Insgesamt haben sie 46 Rückmeldungen erhalten – doch niemand

konnte einen Datensatz liefern oder zitieren, der die „SARS-CoV-2“-Isolation beschreibt. Das deutsche Gesundheitsministerium hat ihre FOIA-Anfrage sogar komplett ignoriert (8).

Der deutsche Unternehmer Samuel Eckert bat die Gesundheitsbehörden verschiedener Städte wie München, Düsseldorf und Zürich um eine Studie, in der die vollständige Isolierung und Reinigung von sogenanntem SARS-CoV-2 erfolgt ist. Doch auch er hat bis dato keine solche Studie erhalten (9).

Hohe Preisgelder für den Nachweis von Isolation und Kausalität

Samuel Eckert hatte Christian Drosten sogar die Auszahlung von mehr als 230.000 Euro zugesagt, wenn er Textpassagen aus Publikationen vorlegen kann, die den Vorgang der Isolation von SARS-CoV-2 und dessen Gensubstanz wissenschaftlich beweisen. Doch die Frist, der 31. Dezember 2020, ist verstrichen, ohne dass sich Drosten bei Eckert gemeldet hätte (10).

Und eine weitere Frist, ebenfalls der 31. Dezember, ist verstrichen, ohne dass die erbetenen Unterlagen eingereicht wurden. In diesem Fall hatte der deutsche Journalist Hans Tolzin eine Belohnung von 100.000 Euro ausgelobt für denjenigen, der ihm eine wissenschaftliche Publikation vorlegen kann, in der ein erfolgreicher Ansteckungsversuch mit dem spezifischen SARS-CoV-2 dezidiert beschrieben wurde. Dabei muss der Ansteckungsversuch bei den Versuchspersonen zuverlässig zu Atemwegserkrankungen geführt haben (11).

Variation der Partikelgröße führt die

Virus-Hypothese ebenfalls ad absurdum

In letzter Zeit wird die Weltbevölkerung verstärkt durch Berichte über angebliche Mutationen/Varianten von „SARS-CoV-2“ in Angst und Schrecken versetzt. Aber auch diese Horrorstorys basieren nicht auf solider Wissenschaft. Erstens kann man keine Variante eines Virus bestimmen, wenn man das Original nicht vollständig isoliert hat. Und zweitens ist von orthodoxer Seite längst davon die Rede, es gebe Zehntausende von vermeintlich neuen Virusstämmen, die man seit dem letzten Winter überall auf der Welt gefunden haben will.

In der Tat enthält die sogenannte GISAID-Virendatenbank inzwischen mehr als 450.000 verschiedene genetische Sequenzen, die angeblich eine Variante von SARS-CoV-2 darstellen (12, 13, 14). Jetzt zu behaupten, dass es plötzlich neue Mutationen oder Virusvarianten gibt, ist also selbst aus Sicht der orthodoxen Virusforschung Quatsch, nicht zuletzt auch deswegen, weil sie ja sagt, Viren würden ständig mutieren. Somit können sie ständig behaupten, neue Stämme gefunden zu haben, und dadurch die Angst perpetuieren.

Diese Angstmacherei ist umso absurder, wenn man einen Blick auf die in den einschlägigen Studien abgedruckten elektronenmikroskopischen Aufnahmen wirft.

Diese zeigen Partikel, die SARS-CoV-2 darstellen sollen. Fest steht zunächst aber nur, dass diese Bilder Partikel zeigen, die in ihrer Größe extrem variieren. In besagter Studie von Zhu und Kollegen zum Beispiel reicht die Bandbreite von 60 bis 140 Nanometern (ein Nanometer ist ein Milliardstel Meter; Abkürzung ist „nm“) (15). Doch ein spezifisches Virus, das eine so extreme Größenvariation

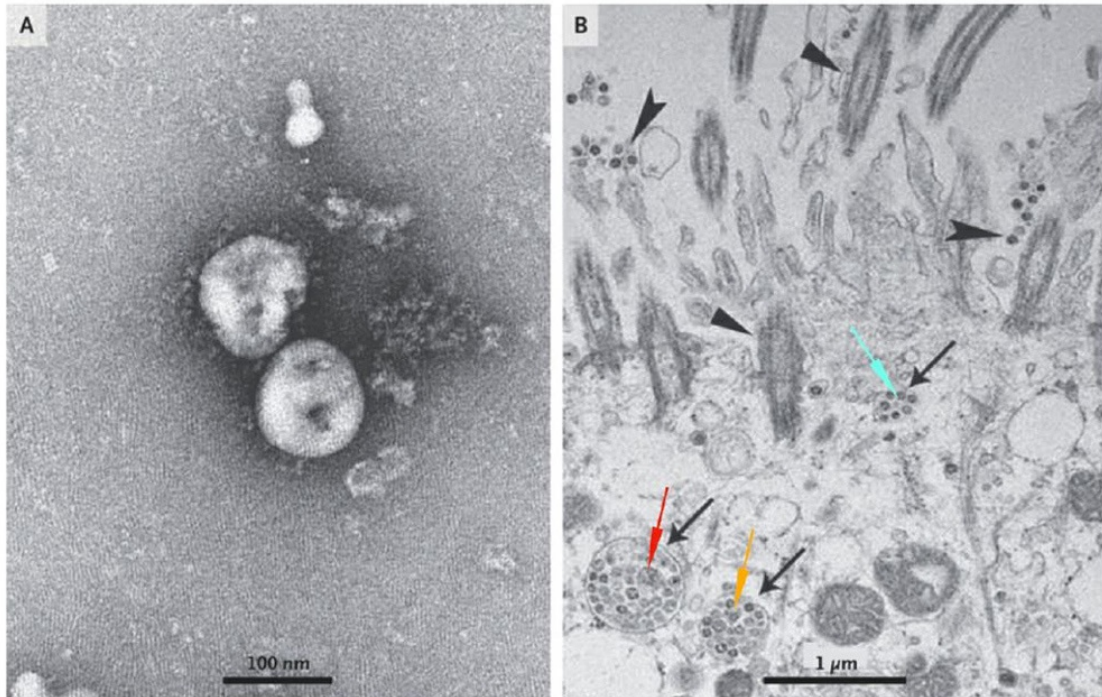
aufweist, kann eigentlich nicht existieren.

Eventuell wäre es noch legitim zu sagen, dass Viren insgesamt eine Größenbandbreite von 60 bis 140 nm aufweisen. So könnte man zum Beispiel auch vom erwachsenen Menschen sagen, dass seine Größe – abgesehen von extremen Ausnahmen – variiert, und zwar ungefähr zwischen 1,50 m und 2,20 m. Aber zu behaupten, dass ein spezifisches Virus, in diesem Fall SARS-CoV-2, von der Größe her eine derartige Spannbreite aufweist, wäre so, als würde man konstatieren, dass Erwachsene eines ganz spezifischen Menschentyps, zum Beispiel von einer kleinwüchsigen Volksgruppe, zwischen 1,50 bis 2,20 m groß sind. Doch eine derartige Spannbreite ist schlicht irrational.

Man könnte entgegnen, dass Viren keine menschlichen Individuen sind. Doch wohlgemerkt, auch gemäß etablierter Virologie hat jedes Virus eine ziemlich stabile Struktur. Für HIV zum Beispiel wird „ein Durchmesser von rund 120 nm“ angegeben, wie es auf Wikipedia heißt (16). Bei SARS-CoV-2 hingegen meint man, sich extrem große Freiheiten herausnehmen zu dürfen, was dessen Größendefinition angeht. Auch das verdeutlicht, dass hier alles noch willkürlicher abläuft, als es in der Virologie ohnehin schon geschieht.

Das Ganze geht sogar so weit, dass Wikipedia seinen Text über dieses angebliche neue Coronavirus entscheidend änderte. So las man vor einigen Monaten noch in der Online-Enzyklopädie, dass der Durchschnittsdurchmesser von SARS-CoV-Partikeln bei rund 125 nm liegen würde. Doch einige Zeit danach hieß es urplötzlich, „jedes SARS-CoV-2-Virus hat einen Durchmesser von etwa 50 bis 200 nm“, sprich das obere und untere Limit stehen in einem Verhältnis von 4 zu 1. Wie abstrus dies ist, zeigt sich, wenn man dieses Verhältnis von 4 zu 1 etwa auf andere Wesen überträgt, beispielsweise auf erwachsene Menschen einer bestimmten Volksgruppe. Bei diesen bestünde dann eine Größenspanne von zum Beispiel 1,30 m bis 5,20 m.

Dass es sich bei dem, was als SARS-CoV-2 ausgegeben wird, nicht um ein Virus, sondern um Partikel aller Art handelt, zeigen im Übrigen auch die in den Studien präsentierten elektronenmikroskopischen Aufnahmen. Hier zwei Aufnahmen aus der erwähnten Studie von Zhu und Kollegen, auf denen SARS-CoV-2 zu sehen sein soll:



Wenn man hier einmal mit einem Bildschirmgrößenmessgerät (FreeRuler) nachmisst, dann ergibt sich daraus Folgendes: Die Partikel, die in der linken Aufnahme zu sehen sind und SARS-CoV-2 zeigen sollen, messen jeweils etwa 100 nm auf einer 100-nm-Skala. Schaut man sich hingegen das Bild auf der rechten Seite an, in dem die Partikel, auf die Pfeile zeigen, ebenfalls Viren vom Typ SARS-CoV-2 sein sollen, so haben diese Partikel – gemessen auf einer Skala von 1 Mikrometer (1.000 nm) – völlig andere Größen.

Die Partikel im rechten Bild, auf die die schwarzen Pfeile zeigen, stellen Vesikel dar – und diese sollen dann die Viren enthalten, auf die die farbigen Pfeile zeigen. Misst man einige dieser Partikel in den Vesikeln so ergibt sich, dass das größte Teilchen des zentralen Vesikels fast 52 nm misst, also unterhalb der von Zhu und Kollegen vorgeschlagenen Bandbreite von 60 bis 140 nm; dasselbe gilt für das

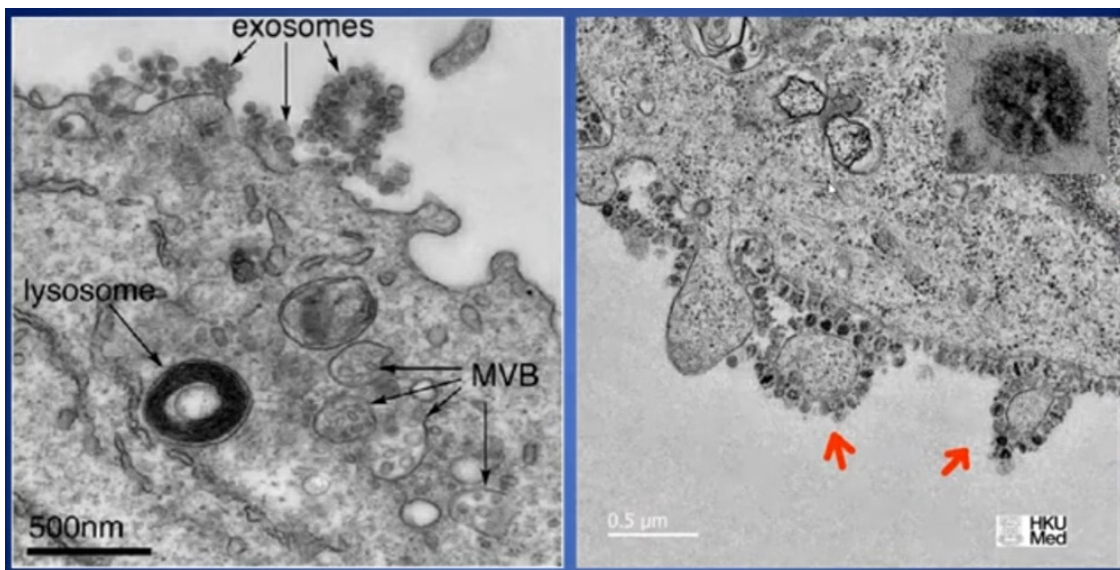
Teilchen, das sich unmittelbar rechts davon befindet, misst es doch etwa 57,5 nm. Demgegenüber misst das größte Teilchen in der Mitte des untersten Vesikels (gelber Pfeil) etwa 73,7 nm, es liegt also innerhalb der breiten Spanne von Zhu und Kollegen Im unteren linken Vesikel wiederum misst das größte Teilchen gut 155,6 nm und damit mehr als die 140 nm, die Zhu und Kollegen als Maximallimit ausweisen.

Derweil gibt es weitere starke Hinweise darauf, dass es sich bei den als SARS-CoV-2 bezeichneten Partikeln in Wirklichkeit um jene harmlosen oder sogar nützlichen Partikel handelt, die als „extrazelluläre Vesikel“ (EVs) bezeichnet werden. Diese variieren von der Größe her extrem, und zwar zwischen 20 und 10.000 nm, messen aber in der Mehrzahl zwischen 20 nm und 200 nm. Eine Unterkategorie dieser EVs sind Exosomen. Diese werden von unseren Zellen produziert, enthalten Nukleinsäuren, Lipide und Proteine und sind an verschiedenen für unseren Körper nützlichen Aktivitäten beteiligt, darunter am Transport von Immunmolekülen und Stammzellen sowie an der Beseitigung von Zelltrümmern.

Exosomen machen vielleicht den größten Teil der EVs aus. Obwohl vermutlich die wenigsten schon einmal etwas über diese nützlichen Partikeln gehört haben, sind diese seit über 50 Jahren Gegenstand der Forschung. Und die wissenschaftliche Literatur ist voll von Berichten über sie. Wer auf PubMed nach dem Begriff „Exosom“ sucht, dem werden mehr 14.000 Studien „ausgespuckt“!

An dieser Stelle kann nicht im Detail auf EVs und Exosomen eingegangen werden, aber es ist wichtig, sich klar zu machen, dass sie von dem, was als Viren behauptet wird, kaum bis gar nicht zu unterscheiden sind. Und einige Wissenschaftler stellen gar die These in den Raum, dass das, was als gefährliches SARS-CoV-2-Virus definiert wird, in Wirklichkeit nichts anderes ist als ein nützliches Exosom. Darauf deuten etwa die elektronenmikroskopischen Aufnahmen hin (17).

Wie auf den beiden unten zu sehenden Aufnahmen zu erkennen ist, hat das größte der Exosomen (linkes Bild) die gleiche Größe und Struktur wie das angebliche SARS-CoV-2 (rechtes Bild). Somit wäre es durchaus plausibel zu schlussfolgern, dass die Partikel, die in dem großen „Meer“ der Probenflüssigkeit eines COVID-19-Patienten enthalten sind (genau: im Überstand, auf Englisch supernatant, der bronchoalveolären Flüssigkeit des Patienten) und die SARS-CoV-2 sein sollen, eigentlich Exosomen sind.



Exosomen (links) Behauptetes SARS-CoV-2 (rechts)

Warum ein Virusnachweis ohne komplette Partikelreinigung (purification) unmöglich ist

In einer Zellkultur mit unzähligen extrem ähnlichen Partikeln muss logischerweise die vollständige Partikelreinigung der allererste Schritt sein, um die vermeintlichen Partikel wirklich als Viren definieren zu können. Neben der Partikelreinigung muss dann natürlich auch einwandfrei der Nachweis erfolgen, dass die Partikel unter realen und nicht nur unter Laborbedingungen bestimmte Krankheiten auslösen können. Doch nirgendwo ist eine solche

Partikel-„purification“ durchgeführt worden. Wie aber will man dann schlussfolgern, dass die gewonnene RNA ein virales Genom ist? Und wie kann dann eine solche RNA allgemein zur Diagnose einer Infektion mit einem neuen Virus verwendet werden, sei es durch PCR-Tests oder mit anderen Methoden?

Wir haben diese beiden Fragen zahlreichen Vertretern des offiziellen Corona-Narrativs auf der ganzen Welt gestellt, aber niemand konnte sie beantworten.

Die Behauptung, dass die RNA-Gensequenzen, die die Wissenschaftler aus den in ihren In-vitro-Studien, Reagenzglas-Studien, präparierten Gewebeproben entnommen haben und auf die die sogenannten SARS-CoV-2 RT-PCR-Tests schließlich „geeicht“ wurden, zu einem neuen pathogenen Virus namens SARS-CoV-2 gehören, beruht also – das sei noch mal betont – allein auf Glauben und nicht auf Fakten.

In diesem Zusammenhang lohnt es, sich auch zu vergegenwärtigen, was all die Forscher, die behaupten, SARS-CoV-2 isoliert und letztlich als „böses“ Virus nachgewiesen zu haben, anstelle einer „sauberen“ vollständigen Partikelreinigung tatsächlich gemacht haben: Die Wissenschaftler nahmen Proben aus dem Rachen oder der Lunge der Patienten, ultrazentrifugierten diese (schleuderten sie mit hoher Geschwindigkeit), um die größeren/schwereren von den kleineren/leichteren Molekülen zu trennen, und „schöpften“ dann den Überstand, also den oberen Teil des zentrifugierten Materials, ab. Und genau das nennen sie „Isolat“, auf das sie dann die PCR anwenden. Aber dieser Überstand enthält alle möglichen Moleküle, Milliarden von verschiedenen Mikro- und Nanopartikeln, darunter auch die erwähnten EVs und Exosomen, die, wie gesagt, von unserem eigenen Körper produziert werden und oft einfach nicht von dem, was als Viren bezeichnet wird, zu unterscheiden sind.

„Heutzutage ist es eine fast unmögliche Mission, EVs und Viren mittels kanonischer Vesikel-Isolationsmethoden wie der differentiellen Ultrazentrifugation zu trennen, da sie aufgrund ihrer ähnlichen Dimensionen häufig gemeinsam pelletiert werden“, heißt es dazu in der Studie „The Role of Extracellular Vesicles as Allies of HIV, HCV and SARS Viruses“, die im Mai 2020 in der Zeitschrift *Viruses* veröffentlicht wurde (18).

Die Wissenschaftler „erschaffen“ das Virus daher einfach mittels PCR. Dafür nehmen sie sogenannte Primer, das heißt bereits existierende Gensequenzen, die in Genbanken verfügbar sind. Dann modifizieren sie diese Primer auf Basis rein hypothetischer Überlegungen und bringen sie schließlich mit der Überstand-Brühe (supernatant) in Kontakt, bis sie sich an eine RNA in der Brühe binden. Anschließend wandeln sie die auf diese Weise „gefischte“ RNA mithilfe des Enzyms Reverse Transkriptase in eine künstliche oder komplementäre DNA (cDNA) um, denn nur so kann sie durch die PCR bearbeitet und durch eine bestimmte Anzahl von PCR-Zyklen vermehrt werden.

Jeder Zyklus verdoppelt dabei die DNA-Menge, und je mehr Zyklen notwendig sind, um genügend angebliches Virus-Material zu produzieren, desto geringer ist die Zuverlässigkeit der PCR – das heißt, um so weniger ist man in der Lage, mittels PCR tatsächlich irgendetwas „Sinnvolles“ aus dem supernatant „herauszuholen“. Letztlich kann man sagen, dass das Ergebnis tendenziell bedeutungslos wird, wenn hierfür mehr als 25 PCR-Zyklen notwendig sind – und das Gros, wenn nicht gar alle derzeit im Umlauf befindlichen PCR-Tests oder -Protokolle verwenden weit mehr als 25 Zyklen, in der Regel sogar 35 bis 45, worauf wir auch in unserem ersten Artikel zum Thema detaillierter eingegangen sind.

Erschwerend kommt hinzu, dass die Primer jeweils aus 18 bis 24 Basen (Nukleotiden) bestehen; das SARS-CoV-2-Virus hingegen soll angeblich aus 30.000 Basen bestehen. Der Primer repräsentiert

damit nicht einmal 0,1 Prozent des Virusgenoms. Das macht es noch unmöglicher, in einem Meer von Milliarden sehr ähnlicher Partikel das gesuchte Virus zu finden. Dadurch wird die Wahrscheinlichkeit ebenfalls erheblich reduziert, dass die mithilfe der Primer „gefischte“ Gensequenz spezifisch ist für das behauptete Virus.

Zumal das Virus, nach dem die Forscher suchen, neu sein soll. Daher gibt es schlicht keine fertigen genetischen Primer, die exakt zu dem behaupteten spezifischen neuen Virus passen. Daher nehmen die Forscher einfach Primer, von denen sie glauben, dass sie mehr oder weniger nah an der Struktur des vermuteten neuen Virus liegen. Aber das ist eben definitiv nur eine Vermutung. Und wenn sie die Primer in die Überstand-Brühe „eintunken“, können sich selbige letztlich an jedes beliebige der Milliarden darin vorhandenen Moleküle binden.

Daher können die Wissenschaftler nicht wissen, ob das, was sie auf diese Weise erzeugt haben, zu dem Virus gehört, nach dem sie suchen. Es ist in der Tat eine Neuschöpfung der Forscher, die sie einfach SARS-CoV-2 nennen (19).

Angebliches Virusgenom ist nur ein künstliches Computerpuzzle

SARS-CoV-2 wurde deshalb letztlich am Computer „zusammengeschustert“. Experten wie der kalifornische Arzt Thomas Cowan nennen dies einen „wissenschaftlichen Betrug“. Cowan schreibt dazu am 15. Oktober 2020: „Diese Woche hat mich meine Kollegin und Freundin Sally Fallon Morell auf einen erstaunlichen Artikel der CDC aufmerksam gemacht, der im Juni 2020 veröffentlicht wurde (20). Der Zweck des Artikels war, dass eine Gruppe von etwa 20 Virologen den Stand der Wissenschaft über die Isolierung, Reinigung und biologischen Eigenschaften des

neuen SARS-CoV-2-Virus beschreiben und diese Informationen mit anderen Wissenschaftlern für ihre eigene Forschung teilen sollten. Eine gründliche und sorgfältige Lektüre dieser wichtigen Studie offenbart einige schockierende Erkenntnisse.“

So gehe aus dem Artikelabschnitt „Whole Genome Sequencing“ hervor, dass die CDC nicht etwa das Virus isoliert und dessen Genom von einem Ende zum anderen komplett sequenziert, sondern das Genom auf der Grundlage der Referenzsequenz des Coronavirus erzeugt hätte (Genbank-Zugangsnummer NC045512). „Für mich stellt dieser Schritt der Computergenerierung einen wissenschaftlichen Betrug dar“, so Cowan.

„Es wäre so, als wenn Forscher ein Stück eines Hufs, ein Haar von einem Schwanz und einen Hornschnipsel finden und dann daraus ableiten würden, sie hätten ein Einhorn entdeckt. Anschließend haben sie diese Informationen in einen Computer eingegeben und programmiert, um das Einhorn nachzubilden. Und dann behaupten sie, diese Nachbildung im Computer sei das wirkliche Einhorn. Natürlich hatten die Wissenschaftler noch nie ein Einhorn gesehen und konnten daher unmöglich seine genetische Beschaffenheit untersuchen, um ihre Proben mit dem Haar, den Hufen und dem Horn des Einhorns zu vergleichen.“

Letztlich haben die Forscher also nicht das gesamte Genom des behaupteten Virus analysiert, sondern lediglich einige in den Kulturen gefundene Sequenzen genommen, von diesen ohne jeglichen Beweis behauptet, dass sie zu einem neuen spezifischen Virus gehörten, und auf Basis dessen eine Art genetisches Computerpuzzle gebastelt, das das gesamte Genom des neuen Virus darstellen soll. „Sie benutzen die Computermodellierung, um im Wesentlichen einfach ein Genom von Grund auf neu zu erstellen“, so der Molekularbiologe Andrew Kaufman (21, 22).

Vor diesem Hintergrund kann es kaum noch verwundern, dass einer

der Primer des vom Pasteur-Institut entwickelten PCR-Tests genau einer Sequenz des Chromosoms 8 des menschlichen Genoms entspricht (23, 24).

Kein Beweis für die Luftübertragung

All dies blenden die Entscheidungsträger leider aus. Und um der Ausbreitung eines angeblich neuen Virus Einhalt zu gebieten, werden die Bevölkerungen gezwungen, verschiedene Formen der sozialen Distanzierung zu praktizieren und an allen möglichen Orten Mund-Nasen-Bedeckungen zu tragen. Dahinter steht die Vorstellung, dass Viren und insbesondere SARS-CoV-2 über die Luft übertragen werden beziehungsweise dadurch, dass Menschen husten, niesen oder auch nur sprechen und dadurch zerstäubte und mit Viren beladenen Tröpfchen in der Luft von einer Person auf andere Personen „überspringen“. Doch die Wahrheit ist, dass all diese Theorien über die Übertragung des Virus nur Hypothesen sind, die – wohlgemerkt – nie bewiesen wurden.

Wie sogar das weltweit bedeutendste Fachmagazin Nature im April 2020 in einem Artikel berichtete, können selbst die etablierten Experten nicht mit Bestimmtheit sagen, dass SARS-CoV-2 über die Luft übertragen wird – und sogar laut WHO „sind hierfür die Beweise nicht überzeugend“ (25).

Selbst aus orthodoxer Sicht wurden die einzigen Studien, in denen die Übertragung eines Coronavirus (nicht SARS-CoV-2) durch die Luft vorläufig „bewiesen“ wurde, in Krankenhäusern und Pflegeheimen durchgeführt, also an Orten, von denen es heißt, dass sie aufgrund besonderer Umstände alle Arten von Infektionen begünstigen können (26). Keine Studie hat jedoch jemals bewiesen, dass es eine Übertragung von Viren im Freien gibt oder in geschlossenen, aber gut belüfteten Räumen. Und selbst wenn man

einmal davon ausgeht, dass es diese Übertragung über die Luft gibt, so heißt es dazu, dass die Personen, zwischen denen die angebliche Übertragung stattfindet, mindestens 45 Minuten lang in engem Kontakt sein müssten, damit eine „Ansteckung“ stattfindet (27).

Allein dadurch haben die einschneidenden Distanzierungsmaßnahmen keine wissenschaftliche Grundlage.

Selbst das *BMJ* stellte fest: „Massentests sind ein kostspieliges Chaos“

Da die Partikelreinigung die unabdingbare Voraussetzung für die weiteren Schritte, also für den Nachweis der Kausalität und die „Kalibrierung“ der Tests ist, haben wir einen diagnostisch unbedeutenden Test – und daher muss das in unserem ersten Artikel zum Thema erwähnte „testen, testen, testen“ Mantra des WHO-Generalsekretärs Tedros Adhanom Ghebreyesus als unwissenschaftlich und irreführend bezeichnet werden. Dies gilt insbesondere für das Testen von asymptomatischen Menschen, also von denjenigen, die keine Krankheitssymptome haben.

In diesem Zusammenhang ist eine chinesische Studie aus Wuhan, die am 20. November 2020 in *Nature* veröffentlicht wurde, äußerst bemerkenswert. Dabei wurden knapp 10 Millionen Menschen getestet und alle asymptomatischen „positiven“ Fälle, „repositive“ Fälle und deren enge Kontakte für mindestens zwei Wochen isoliert, bis der PCR-Test „negativ“ ausfiel. Ergebnis: Alle diejenigen, die engen Kontakte hatten zu denen, die asymptomatisch und „positiv“ getestet worden waren, wurden „negativ“ getestet, was darauf hindeutet, dass die in dieser Studie entdeckten asymptomatischen „positiven“ Fälle „wahrscheinlich nicht infektiös waren“, wie es in *Nature* hieß (28).

Selbst die orthodoxe Fachzeitschrift *The BMJ* schloss sich kürzlich der fundamentalen Kritik am PCR-Testing an. Kurz vor Weihnachten veröffentlichte das Wissenschaftsmagazin den Artikel „COVID-19: Mass testing is inaccurate and gives false sense of security, minister admits“ (29). Darin steht, dass der PCR-Test, wenn er bei asymptomatischen Menschen angewendet wird, überhaupt nicht genau ist und man mit ihm nicht genau bestimmen kann, ob man „positiv“ oder „negativ“ ist (30).

Schon ein paar Wochen zuvor brachte das Journal *The BMJ* kritische Artikel, in denen es hieß, dass „Massentests für COVID-19 ein unausgewertetes, unterentwickeltes und kostspieliges Chaos sind“ (31), dass „das Screening der gesunden Bevölkerung auf COVID-19 von unbekanntem Wert ist“ und dass „die britische Pandemiebekämpfung sich zu sehr auf Wissenschaftler und andere Regierungsbeauftragte mit besorgniserregenden Interessenskonflikten verlässt, einschließlich solchen mit Beteiligungen an Unternehmen, die diagnostische Tests, Behandlungen und Impfstoffe für COVID-19 herstellen“ (32).

Der Rechtsanwalt Reiner Füllmich, Mitglied des deutschen außerparlamentarischen Untersuchungsausschusses „Stiftung Corona-Ausschuss“, wies derweil darauf hin, dass Stefan Hockertz, Professor für Pharmakologie und Toxikologie, ihm versichert hätte, bisher sei kein wissenschaftlicher Beweis für eine asymptomatische SARS-CoV-2 Infektion gefunden worden (33).

Und sogar das RKI war nicht in der Lage, uns eine einzige Studie zu nennen, die belegt, dass (a) „positive“ asymptomatische Personen eine andere Person krank (nicht nur „positiv“) gemacht haben, dass (b) „positive“ Personen mit Krankheitssymptomen eine andere Person krank (nicht nur „positiv“) gemacht haben und dass (c) überhaupt irgendeine Person, die „positiv“ auf SARS-CoV-2 getestet wurde, eine andere Person „positiv“ gemacht hat (34).

„Wenn man gar nicht mehr testen würde, wäre Corona verschwunden“

Bereits im Mai 2020 hatte die bedeutende Fachzeitschrift *Journal of the American Medical Association (JAMA)* erklärt, dass ein „positives“ PCR-Ergebnis nicht unbedingt auf das Vorhandensein eines lebendigen Virus hinweist“ (35), während es in einer aktuellen Studie in *The Lancet* heißt, ein „RNA-Nachweis kann nicht verwendet werden, um auf Infektiosität zu schließen“ (36).

Vor diesem Hintergrund kann man Franz Knieps, Chef des Verbandes der Betriebskrankenkassen in Deutschland, nur in dem beipflichten, was er Mitte Januar 2021 sagte: „Und wenn man gar nicht mehr testen würde, wäre Corona verschwunden“ (37).

Interessanterweise widerspricht sogar der deutsche „Virus-Zar“ Christian Drosten heute dem, was er selbst 2014 in einem Interview zum PCR-Tests gesagt hat – bezüglich des sogenannten Virus MERS-CoV in Saudi-Arabien:

„Die (PCR) Methode ist so empfindlich, dass sie ein einzelnes Erbmolekül dieses Virus nachweisen kann. Wenn ein solcher Erreger zum Beispiel bei einer Krankenschwester mal eben einen Tag lang über die Nasenschleimhaut huscht, ohne dass sie erkrankt oder sonst irgend etwas davon bemerkt, dann ist sie plötzlich ein MERS-Fall. Wo zuvor Todkranke gemeldet wurden, sind nun plötzlich milde Fälle und Menschen, die eigentlich kerngesund sind, in der Meldestatistik enthalten. Auch so ließe sich die Explosion der Fallzahlen in Saudi-Arabien erklären. Dazu kommt, dass die Medien vor Ort die Sache unglaublich hoch gekocht haben“ (38, 39).

Das klingt irgendwie sehr vertraut ...

Sogar Olfert Landt steht PCR-Testergebnissen kritisch gegenüber

und konstatiert, dass nur etwa die Hälfte der „Corona-Infizierten“ ansteckend seien (40). Das ist mehr als bemerkenswert, denn Landt ist nicht nur einer der Co-Autoren von Drostens Studie (Corman, Drosten und Kollegen), die das PCR-Testprotokoll beschreibt, das von der WHO weltweit als erstes akzeptiert (nicht validiert!) und am 23. Januar 2020 in *Eurosurveillance* veröffentlicht wurde (41). Auch ist Landt der CEO von TIB Molbiol, also von der Firma, die die Tests gemäß eben diesem Protokoll herstellt.

Dieser Interessenkonflikt wird aber leider in der Arbeit von Corman/Drosten und Kollegen nicht erwähnt, wie 22 Wissenschaftler – darunter Stefano Scoglio, einer der Autoren dieses Artikels – in einer kürzlich erschienenen, ausführlichen Analyse kritisierten. Insgesamt fanden Scoglio und seine Kollegen „schwere Interessenkonflikte bei mindestens vier Autoren“, darunter Christian Drosten, sowie verschiedene grundlegende wissenschaftliche Mängel. Deshalb kamen sie zu dem Schluss, dass „die Redaktion von *Eurosurveillance* keine andere Wahl hat, als die Veröffentlichung zurückzuziehen“ (42).

Am 11. Januar 2021 antwortete die Redaktion von *Eurosurveillance* auf unsere E-Mail-Anfrage mit der Bitte um einen Kommentar zu dieser Analyse wie folgt: „Wir sind uns einer solchen Aufforderung (zur Rücknahme des Papiers von Corman/Drosten und Kollegen) bewusst, aber wir bitten um Verständnis, dass wir dies derzeit nicht kommentieren. Aber wir arbeiten daran, Ende Januar eine Entscheidung präsentieren zu können.“ Da bis Ende Januar aber nichts kam, haken wir noch mal nach. Daraufhin schrieb man uns am 29. Januar:

„Dies nimmt einige Zeit in Anspruch, da mehrere Parteien beteiligt sind. Wir werden unsere Entscheidung in einer der nächsten regulären Ausgaben unserer Zeitschrift (*Eurosurveillance*) mitteilen.“

Abermilliarden werden verschwendet für Tests, denen jegliche Aussagekraft fehlt

In Anbetracht der fehlenden Fakten für den Nachweis eines angeblich neuen Virus, dem man den Namen SARS-CoV-2 gab, und für die Aussagekraft der sogenannten SARS-CoV-2 PCR-Tests ist es umso skandalöser, dass die Kosten für die Tests nicht öffentlich diskutiert werden, denn sie sind enorm. Oft hören wir von Politikern und Moderatoren, dass die Tests bei Erfüllung bestimmter Kriterien kostenlos sind, aber das ist eine glatte Lüge. Was tatsächlich dahinter steckt, ist, dass man zwar nicht vor Ort bezahlt, aber dafür mit seinen Steuern. Doch egal, wie man es bezahlt, in der Schweiz zum Beispiel kostet ein PCR-Test zwischen 140 und 200 Schweizer Franken, also rund 130 bis 185 Euro (43, 44, 45). Rechnen wir das also mal durch.

Bis heute hat die winzige Schweiz mit ihren 8,5 Millionen Einwohnern etwa 3.880.000 SARS-CoV-2 PCR-Tests durchgeführt, und dazu noch etwa 500.000 Antigentests, die etwas billiger sind (46). Bei durchschnittlich 170 Schweizer Franken pro PCR-Test sind das stolze 660 Millionen Schweizer Franken, also 610 Millionen Euro. Am 27. Januar 2021 rief der Schweizer Bundesrat sogar die Bevölkerung erneut dazu auf, sich testen zu lassen. Dabei kündigte er auch an, dass ab dem darauffolgenden Tag der Bund und damit der Steuerzahler in vielen Fällen auch die Kosten für die Testungen von asymptomatischen Menschen übernehmen würde. Dies ist umso abstruser, wenn man, wie dargelegt, bedenkt, dass jede wissenschaftliche Grundlage fehlt, asymptomatische Menschen zu testen. Der Schweizer Bundesrat schätzt, dass dies etwa 1 Milliarde Schweizer Franken kosten wird (47).

Was die Kosten angeht, so sagte der britische Epidemiologe Tom Jefferson in einem Interview mit der Zeitung *Daily Mail*: „Die

meisten PCR-Kits kosten immer noch mehr als 100 Pfund, um sie privat zu erwerben, und die Regierung sagt, dass sie jetzt 500.000 pro Tag ausliefert. Aber selbst diese Zahlen werden von den 100 Milliarden britischen Pfund in den Schatten gestellt, die die Regierung Großbritanniens für das sogenannte Projekt „Operation Moonshot“ (Operation Mondflug) veranschlagt hat, das eine umfassend Massentestung der Bevölkerung vorsieht. Damit beläuft sich das Budget für dieses Abenteuer ohne wissenschaftliche Basis auf drei Viertel des gesamten Jahresbudgets des staatlichen Gesundheitssystems NHS (*National Health Service*) (48, 49).

In Deutschland variiert der Preis für die Tests stark und hängt auch davon ab, ob der Test privat bezahlt wird oder nicht. Aber im Durchschnitt liegt er ähnlich hoch wie in Großbritannien (50) – und bis heute wurden im Merkel-Land mehr als 40 Millionen PCR-Tests durchgeführt (51). Selbst wenn man also vorsichtig kalkuliert und für einen PCR-Test einen Betrag von 100 Euro ansetzt, macht das mehr als 4 Milliarden Euro.

Das bedeutet, dass Abermilliarden für Tests ausgegeben werden, denen schlicht die wissenschaftliche Aussagekraft fehlt – und die dennoch eine weltweite molekulare und digitale „Hexenjagd“ nach einem Virus anheizen, das nie nachgewiesen wurde.

Redaktionelle Anmerkung: Dieser Artikel erschien zuerst am 31.01.2021 unter dem Titel „**Phantom Virus: In search of Sars-CoV-2**“ (<https://off-guardian.org/2021/01/31/phantom-virus-in-search-of-sars-cov-2/>)“ im **off-Guardian** (<https://off-guardian.org/>).

Quellen und Anmerkungen:

(1) E-Mail vom 4. September 2020

(2)

https://www.rki.de/DE/Content/Institut/OrgEinheiten/ZBS/ZBS4/zbs4_node.html

https://www.rki.de/DE/Content/Institut/OrgEinheiten/ZBS/ZBS4/zbs4_node.html

(3) **<https://off-guardian.org/2020/06/27/covid19-pcr-tests-are-scientifically-meaningless/>** (<https://off-guardian.org/2020/06/27/covid19-pcr-tests-are-scientifically-meaningless/>)

(4) **<https://www.rubikon.news/artikel/die-nonsens-tests>**
(<https://www.rubikon.news/artikel/die-nonsens-tests>)

(5) **<https://www.nejm.org/doi/pdf/10.1056/NEJMoa2001017?articleTools=true>**
(<https://www.nejm.org/doi/pdf/10.1056/NEJMoa2001017?articleTools=true>)

(6) Email vom 5. Oktober 2020

(7) **<https://www.mja.com.au/journal/2020/212/10/isolation-and-rapid-sharing-2019-novel-coronavirus-sars-cov-2-first-patient?fbclid=IwAR0WnExythGHPpqzxiLKXLUUcOwOARrhvpZsOiRxXik5FbwckGszjZdgKtU>**

<https://www.mja.com.au/journal/2020/212/10/isolation-and-rapid-sharing-2019-novel-coronavirus-sars-cov-2-first-patient?fbclid=IwAR0WnExythGHPpqzxiLKXLUUcOwOARrhvpZsOiRxXik5FbwckGszjZdgKtU>

(8) **<https://www.fluoridefreepeel.ca/fois-reveal-that-health-science-institutions-around-the-world-have-no-record-of-sars-cov-2-isolation-purification/>**
(<https://www.fluoridefreepeel.ca/fois-reveal-that-health-science-institutions-around-the-world-have-no-record-of-sars-cov-2-isolation-purification/>)

(9) **<https://www.youtube.com/watch?v=N7VOpY4ZSME>**

<https://www.youtube.com/watch?v=N7VOpY4ZSME>), ab Minute 23:00

(10) <https://samueleckert.net/isolat-truth-fund/>

[\(https://samueleckert.net/isolat-truth-fund/\)](https://samueleckert.net/isolat-truth-fund/)

(11) <https://www.impfkritik.de/pressespiegel/2020032201.html>

[\(https://www.impfkritik.de/pressespiegel/2020032201.html\)](https://www.impfkritik.de/pressespiegel/2020032201.html)

(12)

[https://articles.mercola.com/sites/articles/archive/2021/01/05/5/mutated-covid-virus.aspx?](https://articles.mercola.com/sites/articles/archive/2021/01/05/5/mutated-covid-virus.aspx?ui=f41848815b2bd3d7541dd4e703789768f72fe6ce901e6d99dcaa048da8cdcabf&cid_source=dnl&cid_medium=email&cid_content=art1HL&cid=20210105&mid=DM758565&rid=1051364702)

[ui=f41848815b2bd3d7541dd4e703789768f72fe6ce901e6d99dcaa048da8cdcabf&cid_source=dnl&cid_medium=email&cid_content=art1HL&cid=20210105&mid=DM758565&rid=1051364702](https://articles.mercola.com/sites/articles/archive/2021/01/05/5/mutated-covid-virus.aspx?ui=f41848815b2bd3d7541dd4e703789768f72fe6ce901e6d99dcaa048da8cdcabf&cid_source=dnl&cid_medium=email&cid_content=art1HL&cid=20210105&mid=DM758565&rid=1051364702)

[https://articles.mercola.com/sites/articles/archive/2021/01/05/5/mutated-covid-virus.aspx?](https://articles.mercola.com/sites/articles/archive/2021/01/05/5/mutated-covid-virus.aspx?ui=f41848815b2bd3d7541dd4e703789768f72fe6ce901e6d99dcaa048da8cdcabf&cid_source=dnl&cid_medium=email&cid_content=art1HL&cid=20210105&mid=DM758565&rid=1051364702)

[ui=f41848815b2bd3d7541dd4e703789768f72fe6ce901e6d99dcaa048da8cdcabf&cid_source=dnl&cid_medium=email&cid_content=art1HL&cid=20210105&mid=DM758565&rid=1051364702](https://articles.mercola.com/sites/articles/archive/2021/01/05/5/mutated-covid-virus.aspx?ui=f41848815b2bd3d7541dd4e703789768f72fe6ce901e6d99dcaa048da8cdcabf&cid_source=dnl&cid_medium=email&cid_content=art1HL&cid=20210105&mid=DM758565&rid=1051364702)

(13) <https://www.gisaid.org> (<https://www.gisaid.org>)

(14) <https://www.pnas.org/content/117/49/31519>

[\(https://www.pnas.org/content/117/49/31519\)](https://www.pnas.org/content/117/49/31519)

(15) <https://www.nejm.org/doi/full/10.1056/nejmoa2001017>

[\(https://www.nejm.org/doi/full/10.1056/nejmoa2001017\)](https://www.nejm.org/doi/full/10.1056/nejmoa2001017)

(16)

https://en.wikipedia.org/wiki/HIV#Structure_and_genome

[\(https://en.wikipedia.org/wiki/HIV#Structure_and_genome\)](https://en.wikipedia.org/wiki/HIV#Structure_and_genome)

(17) Die Bilder stammen aus einer Präsentation von Andrew Kaufman aus Ohio, einem der bekanntesten Vertreter der These, dass das, was als SARS-CoV-2 bezeichnet wird eigentlich Exosomen sind.

(18)

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7291340/pdf/viruses-12-00571.pdf>

[\(https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7291340/pdf/viruses-12-00571.pdf\)](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7291340/pdf/viruses-12-00571.pdf)

(19) [https://www.facebook.com/notes/stefano-scoglio/the-](https://www.facebook.com/notes/stefano-scoglio/the-invented-pandemic-the-lack-of-virus-isolation-and-the-invalid-)

[invented-pandemic-the-lack-of-virus-isolation-and-the-invalid-](https://www.facebook.com/notes/stefano-scoglio/the-invented-pandemic-the-lack-of-virus-isolation-and-the-invalid-)

[covid-19-test/10219132803013133/](https://www.facebook.com/notes/stefano-scoglio/the-invented-pandemic-the-lack-of-virus-isolation-and-the-invalid-covid-19-test/10219132803013133/)

[\(https://www.facebook.com/notes/stefano-scoglio/the-invented-pandemic-the-lack-of-virus-isolation-and-the-invalid-covid-19-test/10219132803013133/\)](https://www.facebook.com/notes/stefano-scoglio/the-invented-pandemic-the-lack-of-virus-isolation-and-the-invalid-covid-19-test/10219132803013133/)

(20) **https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/26/6/20-0516_article**
[\(https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/26/6/20-0516_article\)](https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/26/6/20-0516_article)

(21) **<https://www.andrewkaufmanmd.com/bio-credentials/>**
[\(https://www.andrewkaufmanmd.com/bio-credentials/\)](https://www.andrewkaufmanmd.com/bio-credentials/)

(22) **<https://www.youtube.com/watch?v=sSBQUIEUbQ8>**
[\(https://www.youtube.com/watch?v=sSBQUIEUbQ8\)](https://www.youtube.com/watch?v=sSBQUIEUbQ8), ab Minute
4:15

(23) **https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/real-time-rt-pcr-assays-for-the-detection-of-sars-cov-2-institut-pasteur-paris.pdf?sfvrsn=3662fcb6_2**
[\(https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/real-time-rt-pcr-assays-for-the-detection-of-sars-cov-2-institut-pasteur-paris.pdf?sfvrsn=3662fcb6_2\)](https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/real-time-rt-pcr-assays-for-the-detection-of-sars-cov-2-institut-pasteur-paris.pdf?sfvrsn=3662fcb6_2)

(24) **[https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/NC_000008.11?report=genbank&log\\$=nuclalign&from=63648346&to=63648363](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/NC_000008.11?report=genbank&log$=nuclalign&from=63648346&to=63648363)**
[\(https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/NC_000008.11?report=genbank&log\\$=nuclalign&from=63648346&to=63648363\)](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/NC_000008.11?report=genbank&log$=nuclalign&from=63648346&to=63648363)

(25) **<https://www.nature.com/articles/d41586-020-00974-w>**
[\(https://www.nature.com/articles/d41586-020-00974-w\)](https://www.nature.com/articles/d41586-020-00974-w)

(26)

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7151430/pdf/main.pdf>
[\(https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7151430/pdf/main.pdf\)](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7151430/pdf/main.pdf)

(27) **<https://www.nature.com/articles/d41586-020-00974-w>**
[\(https://www.nature.com/articles/d41586-020-00974-w\)](https://www.nature.com/articles/d41586-020-00974-w)

(28) **<https://www.nature.com/articles/s41467-020-19802-w>**
[\(https://www.nature.com/articles/s41467-020-19802-w\)](https://www.nature.com/articles/s41467-020-19802-w)

(29) **<https://www.bmj.com/content/bmj/371/bmj.m4916.full.pdf>**
[\(https://www.bmj.com/content/bmj/371/bmj.m4916.full.pdf\)](https://www.bmj.com/content/bmj/371/bmj.m4916.full.pdf)

(30) **<https://www.collective-evolution.com/2020/12/19/who->**

[calls-into-question-ability-of-rt-pcr-test-to-detect-covid-19-false-positives/](https://www.collective-evolution.com/2020/12/19/who-calls-into-question-ability-of-rt-pcr-test-to-detect-covid-19-false-positives/) (<https://www.collective-evolution.com/2020/12/19/who-calls-into-question-ability-of-rt-pcr-test-to-detect-covid-19-false-positives/>)

(31) **<https://www.bmj.com/content/bmj/371/bmj.m4436.full.pdf>**
(<https://www.bmj.com/content/bmj/371/bmj.m4436.full.pdf>)

(32) **<https://www.bmj.com/content/bmj/371/bmj.m4425.full.pdf>**
(<https://www.bmj.com/content/bmj/371/bmj.m4425.full.pdf>)

(33) **<https://www.youtube.com/watch?v=kANkpqtWLN4>**
(<https://www.youtube.com/watch?v=kANkpqtWLN4>), ab Stunde
1:03:40

(34) Email vom 3. Dezember 2020

(35)

<https://jamanetwork.com/journals/jama/fullarticle/2765837>
(<https://jamanetwork.com/journals/jama/fullarticle/2765837>)

(36) **<https://www.thelancet.com/action/showPdf?pii=S2666-5247%2820%2930172-5>**
(<https://www.thelancet.com/action/showPdf?pii=S2666-5247%2820%2930172-5>)

(37) **<https://www.rnd.de/politik/bkk-chef-knieps-kritisiert-corona-politik-im-kanzleramt-herrscht-bunkermentalitaet-7DRGYUDUJFEIPFUKNT2JN34HOE.html>**
(<https://www.rnd.de/politik/bkk-chef-knieps-kritisiert-corona-politik-im-kanzleramt-herrscht-bunkermentalitaet-7DRGYUDUJFEIPFUKNT2JN34HOE.html>)

(38) **<https://www.wiwo.de/technologie/forschung/virologe-drosten-im-gespraech-2014-die-who-kann-nur-empfehlungen-aussprechen/9903228-2.html>**
(<https://www.wiwo.de/technologie/forschung/virologe-drosten-im-gespraech-2014-die-who-kann-nur-empfehlungen-aussprechen/9903228-2.html>)

(39) **<https://www.wiwo.de/technologie/forschung/virologe-drosten-im-gespraech-2014-die-who-kann-nur-empfehlungen-aussprechen/9903228-2.html>**
(<https://www.wiwo.de/technologie/forschung/virologe-drosten-im-gespraech-2014-die-who-kann-nur-empfehlungen-aussprechen/9903228-2.html>)

[im-gespraech-2014-die-who-kann-nur-empfehlungen-aussprechen/9903228-2.html\)](https://www.fuldaerzeitung.de/fulda/corona-pcr-test-mut-rki-robert-koch-institut-berlin-hersteller-tib-molbiol-olfert-landt-90132220.html)

(40) <https://www.fuldaerzeitung.de/fulda/corona-pcr-test-mut-rki-robert-koch-institut-berlin-hersteller-tib-molbiol-olfert-landt-90132220.html>

(<https://www.fuldaerzeitung.de/fulda/corona-pcr-test-mut-rki-robert-koch-institut-berlin-hersteller-tib-molbiol-olfert-landt-90132220.html>)

(41) <https://www.eurosurveillance.org/content/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.3.2000045>

(<https://www.eurosurveillance.org/content/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.3.2000045>)

(42) <https://cormandrogenreview.com/report/>

(<https://cormandrogenreview.com/report/>)

(43) <https://www.srf.ch/news/schweiz/preise-vergleichen-lohnt-sich-coronatest-grosse-unterschiede-fuer-selbstzahler>

(<https://www.srf.ch/news/schweiz/preise-vergleichen-lohnt-sich-coronatest-grosse-unterschiede-fuer-selbstzahler>)

(44) <https://www.bag.admin.ch/bag/en/home/das-bag/aktuell/medienmitteilungen.msg-id-79584.html>

(<https://www.bag.admin.ch/bag/en/home/das-bag/aktuell/medienmitteilungen.msg-id-79584.html>)

(45) <https://coronatest.uzh.ch/en/>

(<https://coronatest.uzh.ch/en/>)

(46) <https://www.covid19.admin.ch/de/overview?ovTime=total>

(<https://www.covid19.admin.ch/de/overview?ovTime=total>)

(47) <https://www.srf.ch/play/tv/sendung/tagesschau?id=ff969c14-c5a7-44ab-ab72-14d4c9e427a9>

(<https://www.srf.ch/play/tv/sendung/tagesschau?id=ff969c14-c5a7-44ab-ab72-14d4c9e427a9>), ab Minute 1:13

(48) <https://www.dailymail.co.uk/health/article-9046363/DR-TOM-JEFFERSON-fear-mania-mass-Covid-testing-hugely-expensive-blunder.html>

(<https://www.dailymail.co.uk/health/article-9046363/DR-TOM-JEFFERSON-fear-mania-mass-Covid-testing-hugely-expensive-blunder.html>)

[blunder.html](#))

(49) <https://www.bmj.com/content/371/bmj.m4436>

(<https://www.bmj.com/content/371/bmj.m4436>)

(50) <https://www.faz.net/aktuell/wirtschaft/mehr-wirtschaft/schwankende-preise-160-euro-fuer-einen-corona-test-17000225.html>

(<https://www.faz.net/aktuell/wirtschaft/mehr-wirtschaft/schwankende-preise-160-euro-fuer-einen-corona-test-17000225.html>)

(51)

https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Daten/Testzahlen-gesamt.xlsx?__blob=publicationFile

(https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Daten/Testzahlen-gesamt.xlsx?__blob=publicationFile)



Konstantin Demeter ist selbständiger Fotograf und Journalist sowie unabhängiger Forscher. Er beschäftigt sich seit über zehn Jahren mit Virologie und hat zum Thema auch im **OffGuardian** veröffentlicht. Unter anderem engagiert er sich in der Mediengruppe des Vereins **Stop 5G Ticino**.



Torsten Engelbrecht arbeitet als investigativer Journalist in Hamburg. Er ist Autor des Buches „**Virus-Wahn**“

[\(https://www.torstenengelbrecht.com/buecher/virus-wahn/\)](https://www.torstenengelbrecht.com/buecher/virus-wahn/)“, das im April 2021 in stark erweiterter Auflage mit 94 Seiten zu COVID-19 erschienen ist. Co-Autoren von „Virus-Wahn“ sind die Ärzte Claus Köhnlein und Samantha Bailey sowie der Experte für Mikrobiologie Stefano Scoglio. Für seinen Artikel „Die Amalgam-Kontroverse“ erhielt er 2009 den Alternativen Medienpreis. Seine Ausbildung machte er bei der Medienfachzeitschrift **Message**. Fester Redakteur war er unter anderem bei der **Financial Times Deutschland**. Als freier Journalist hat er Artikel verfasst für Publikationen wie **OffGuardian**, **SZ**, **NZZ**, **FAS** und **The Ecologist**. Weitere Informationen unter www.torstenengelbrecht.com ([\(https://www.torstenengelbrecht.com/\)](https://www.torstenengelbrecht.com/)).



Stefano Scoglio ist Experte für Mikrobiologie und Naturheilkunde und koordiniert die wissenschaftliche und klinische Forschung über Klamath-Algenextrakte und Probiotika in Zusammenarbeit mit dem Nationalen Forschungszentrum Italiens und verschiedenen Universitäten. Er hat etliche Artikel in internationalen Fachzeitschriften publiziert und wurde 2018 für den Medizinnobelpreis nominiert.

Dieses Werk ist unter einer **Creative Commons-Lizenz (Namensnennung - Nicht kommerziell - Keine Bearbeitungen 4.0 International** (<https://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/deed.de>)) lizenziert. Unter Einhaltung der Lizenzbedingungen dürfen Sie es verbreiten und vervielfältigen.