

Das Ende einer globalen Lüge?

geschrieben von Malaclypse | 1. Juli 2024

Erinnern Sie sich noch an die ewige – aus wissenschaftlicher Sicht wirklich lächerliche – Diskussion um den Ursprung von SARS-CoV2? Politik, Wissenschaft und Mainstream waren auch hier perfekt gleichgeschaltet und leugneten einen Laborursprung. Aber mal im Ernst, hat denn wirklich irgendjemand diesen Schwachsinn von der Verbreitung auf dem Markt geglaubt? Kürzlich ist das Thema wieder hochgekocht, weil US-Senator und Mediziner Rand Paul das Kriegsbeil gegen Fauci und Kollegen ausgepackt hat. Hinzu kommt die Ausbreitung des H5N1-Virus in den USA, das diesmal bei Rindern wütet. In diesem Fall wird der verdächtige Überträger wohl ein Ozelot gewesen sein, anders können sich die üblichen „Experten“ die neue Vogelgrippewelle kaum erklären und wieder rätselt man über die Herkunft des Virus, also kann es nur dieses fiese Tier gewesen sein. Christian Drosten (ja, der nutzlose Typ schon wieder), der schon bei SARS-CoV2 die Laborthorie „entkräftet“ und dem armen Schuppentier die Schuld in die Schuhe geschoben hat, ist wieder am Start und prophezeit den nächsten Weltuntergang per Pandemie.

Die Frage nach dem Laborursprung von SARS-CoV2 könnte komplexer nicht sein und gleicht dem Versuch, die losen Enden einer Spionagegeschichte zusammenzufügen. Es geht um verschwundene Sequenzen von SARS-CoV2, die zu Beginn der Pandemie von chinesischen Forschern aus einer öffentlichen Datenbank gelöscht wurden. Um Drohungen gegen Wissenschaftler, die versuchten, diese Daten wiederherzustellen. Anträge auf Fördermittel in Millionenhöhe, die eindeutig auf eine Zusammenarbeit zwischen den USA und China bei der Herstellung eines gentechnisch veränderten, für den Menschen hochinfektiösen und massiv krankmachenden SARS-Coronavirusstammes aus einem Fledermausvirus hindeuten. Eine chinesische Virussequenzdatenbank, die offline genommen und nie wieder der Öffentlichkeit zugänglich gemacht wurde. Und last but not least die Beteiligung von Personen an der Aufklärung des Ursprungs von SARS-CoV2, die die genetischen Veränderungen des Fledermausvirus mit den Chinesen maßgeblich geplant und die entsprechende Finanzierung sichergestellt haben.

Was ist der aktuelle Stand zur Herkunft des Virus? Hartnäckig hält sich die Geschichte von der Zoonose, die auf dem Lebensmittelmarkt von Huanan stattgefunden haben soll, als ein mutiger chinesischer Kamerad einer Fledermaus mit akutem Atemstillstand Mund-zu-Mund-Beatmung verabreichte. Oder war es doch artübergreifender Sex mit einem bemitleidenswerten Pangolin? Aber Scherz beiseite, die bizarre Behauptung, das Coronavirus sei durch den Verzehr von Fledermausfleisch übertragen worden, ist virologisch genauso schwachsinnig wie der Rest der offiziellen Theorie.

Zoonosen entstehen durch die Übertragung von Körperflüssigkeiten, z.B. durch Bisswunden über Speichel oder Blut, oder durch Körperrauscheidungen des Vektors (Träger des Erregers), z.B. über die Atemwege oder den Magen-Darm-Trakt. Viel mehr Eintrittspforten in den Wirt gibt es für den Erreger nicht. Die Übertragung von Coronaviren über eine Bisswunde ist unwahrscheinlich, da das Virus an einer Stelle im Körper landet, an der es sich nicht ungehemmt vermehren kann, weil ihm die spezifischen Zielzellen fehlen. Das heißt, Viren befallen immer nur einen bestimmten Zelltyp, der einen Rezeptor für das Virus besitzt. Gelingt es dem Virus dennoch, sich in der Bisswunde festzusetzen, kann es nicht auf dem üblichen Weg – also über die Atemwege – auf einen anderen Wirt übertragen werden. Zynisch formuliert ist der Biss einer SARS-CoV2 positiven Fledermaus, abgesehen von den fiesen Bakterien, die in einer Fledermaus herumlaufen, besser als ein mRNA-Impfstoff. Es wäre also nur ein Übertragungsweg auf dem Huanan-Markt möglich gewesen, und dieser wäre durch Fledermauskot und die Atemwege des Menschen erklärbar. Es ist auch unwahrscheinlich, dass die Infektion von einer einzelnen Fledermaus ausging. Wenn die Tiere dicht

gedrängt in einem Käfig sitzen, sind sie wahrscheinlich alle positiv für das Virus, und bei Fledermäusen aus der freien Wildbahn wäre wahrscheinlich eine ganze Population infiziert gewesen. Bei solchen Virusmengen und der bekannten Virulenz des Wuhan-Stammes hätte der Ausbruch in China viel umfangreicher sein müssen.

Mojiang, Yunnan, China

Doch drehen wir die Uhr ein paar Jahre zurück, ins Jahr 2012, und blicken auf ein Bergwerk in Mojiang, Yunnan, China. Sechs Bergleute waren mit der Säuberung eines stillgelegten Schachtes beauftragt, kurz darauf lagen alle mit einer schweren Lungenentzündung auf der Intensivstation in Kunming, drei der Arbeiter starben kurz darauf, die Arbeiter mit kürzerem Aufenthalt im Schacht und vielleicht auch die etwas jüngeren Arbeiter überlebten. Damals wurde Shi Zhengli, eine Virologin des WIV – liebevoll „Fledermausfrau“ genannt – in die betroffene Provinz geschickt, um den Vorfall zu untersuchen. Diese entnahm nach eigenen Angaben Stuhlproben (Faecal Swab, wahrscheinlicher ist eine Bronchiallavage-Probe der Patienten, da diese das Virus in reiner Form enthält, also wurde wohl auch hier gelogen) aus dem Minenschacht und unterzog diese einem Next Generation Sequencing (NGS), um mögliche Erreger zu identifizieren. Dieses NGS ermöglicht es de facto, jede genetische Information, die in einer Probe vorhanden ist, zu erfassen und damit natürlich auch Erbinformationen verschiedener Lebewesen nachzuweisen. Das geht so weit, dass das gesamte Genom eines Lebewesens entschlüsselt werden kann. Nach der Sequenzierung seien alle Virusproben vernichtet worden, so Shi Zhengli.

Was mich als Wissenschaftler an einer solchen Geschichte stutzig macht, ist die Sache mit der Vernichtung der vermeintlichen Kotproben. Wäre ich Virologe, würde ich einen neu entdeckten Virenstamm sicher sofort vernichten und mich damit zufrieden geben, dass er irgendwo auf der Welt sein Unwesen treibt. Um es mal ganz unwissenschaftlich auszudrücken: Was für ein Blödsinn! Und die Wissenschaftler dieser Welt glauben diesen Schwachsinn auch noch, und das von einem Chinesen, für den so etwas wie wissenschaftliche Ethik nicht existiert. Wir können also mit großer Wahrscheinlichkeit davon ausgehen, dass die Fledermausfrau das Virus über Umwege zum WIV gebracht und dort gelagert hat. Das WIV verfügt über eine relativ umfangreiche virale Biobank, die dann offensichtlich um eine Pest bereichert wurde. Das Virus wurde später als BatCoV-RaTG13 bekannt und weist eine beeindruckende Sequenzidentität von 96% mit SARS-CoV2 auf. BatCoV-RaTG13 soll von 2012 bis 2019 in freier Wildbahn zirkuliert haben, wo es einer nahezu unendlichen Replikationen und einem massiven Selektionsdruck ausgesetzt war und sich dennoch relativ wenig verändert hat. Das erklären Sie mal Charles Darwin.

Wuhan Institute of Virology

Als Ende 2019 die ersten Krankheitsmeldungen durch die Medien gingen, war meine erste Reaktion mit einem Schmunzeln im Gesicht zu meinen Kollegen zu sagen: „Jetzt ist den Chinesen schon wieder ein Virus aus dem WIV entwischt“. Ohne zu ahnen, wie sehr sich dieses Thema in Zukunft öffentlich hochschaukeln würde und dass offensichtlich alles getan werden würde, um eine Laborherkunft des Virus öffentlich als unglaublich darzustellen. Wie kommt der Kerl auf diese Idee, wird sich der Leser fragen? Jeder Wissenschaftler, der mit Viren arbeitet, kennt das Wuhan Institute of Virology (WIV) in der einen oder anderen Form. Nicht nur, dass am WIV tausende von klassifizierten Virusstämmen vital gelagert werden und deren Sequenzen bis in die 2020er Jahre in einer Datenbank öffentlich zugänglich waren, man beschäftigt sich dort auch mit der sogenannten Gain-of-Function-Forschung (GoFF). GoFF zielt darauf ab, Viren genetisch so zu verändern, dass bestimmte Eigenschaften wie Selektivität, Virulenz und Pathogenität nach Bedarf eingestellt werden können. Viele (auch Wissenschaftler) glauben, dass GoFF nur durch direkte genetische Manipulation von Organismen möglich ist. Organismen einem Selektionsdruck auszusetzen ist auch eine Möglichkeit, die Eigenschaften eines Organismus in eine gewünschte Richtung zu verändern.

Entgegen der völlig unsinnigen Behauptung, GoFF sei notwendig, um medizinische Forschung betreiben zu können, hat GoFF meines Erachtens tatsächlich nur militärische Anwendungsgebiete. Nicht umsonst betreiben vor allem die usual suspects wie Russland, China und die USA GoFF, wobei letztere ihre GoFF mittlerweile auslagern, und zwar nach China, eben nach Wuhan, weil – so Antony Fauci im Originalton – diese Form der Forschung auf amerikanischem Boden zu unsicher wäre. Offiziell haben die USA (und wahrscheinlich noch ein paar andere Größenwahnsinnige) Millionen in das WIV für GoFF gesteckt, inoffiziell sind es wohl noch ein paar Zehnerpotenzen mehr. Alles in allem also ein fruchtbarer Boden für die Entstehung einer Epidemie.

Der zeitliche Verlauf einer Katastrophe

Ein kleiner Zeitsprung zurück. Barack Obama hatte 2014 die staatliche Finanzierung für GoFF [[Doing Diligence to Assess the Risks and Benefits of Life Sciences Gain-of-Function Research](#)] gestoppt, und das aus gutem Grund. Schon damals gab es Anträge auf Forschungsförderung, um Viren wie Influenza, MERS und SARS durch GoFF pathogener und infektiöser zu machen. Die Obama-Administration hielt dies offenbar für eine bedenkliche Entwicklung und rief über das National Science Advisory Board for Biosecurity (NSABB) und den National Research Council (NRC) die US-Wissenschaft zur kritischen Auseinandersetzung mit dem Thema auf. Offenbar mit Erfolg.

Diese Blockade dauerte bis 2017, als der Flachwurzler Donald Trump die Bühne betrat, um bekanntlich alles, was Obama politisch auf den Weg gebracht hatte, wieder rückgängig zu machen. Wie Trump skandierte, um Obama aus den Geschichtsbüchern zu tilgen. Bei genauerem Hinsehen hätte Trump unter ungünstigeren Bedingungen fast alles tilgen können. Dazu gehörte auch die Reaktivierung der Fördermittel für GoFF, die auch prompt vom NIH ausgezahlt wurden [[NIH Lifts Funding Pause on Gain-of-Function Research](#)]. Francis S. Collins, der damalige Direktor des NIH, schwärmte in der Pressemitteilung des NIH zur Aufhebung des Förderstopps von der Bedeutung der GoFF für Influenza, SARS und MERS. Heute ist Collins wissenschaftlicher Berater des vollsenilen US-Präsidenten Joe Biden ... man sieht, Dummheit fällt immer nach oben.

Damit ist es offiziell und unwiderlegbar, dass die USA in Kooperation mit China GoFF betreiben. Der Nachweis, dass SARS-CoV2 einen Laborursprung hat, ist damit natürlich nicht erbracht. Das war so, bis man in der Sequenz des Spike-Proteins auf eine Furin Cleavage Site stieß. Die Furin Cleavage Site ist ein Sequenzabschnitt innerhalb des Spikeproteins, an dem spezielle Enzyme einen Schnitt durchführen können, um das Spikeprotein in zwei Teile zu spalten. Erst die Spaltung des Spikeproteins an dieser Stelle macht das Virus effizient humangängig, d.h. es kann gezielt in menschliche Zellen eindringen. Bemerkenswert ist, dass von allen bekannten beta-Coronaviren kein einziger Stamm eine Furin-Spaltstelle besitzt [[The proximal origin of SARS-CoV-2](#)]. Was für ein erstaunlicher Zufall der Evolution, dass SARS-CoV2 plötzlich über eine solche Stelle verfügt.

Peter Daszak, EcoHealth Allianz und das DARPA Projekt DEFUSE

Der von Peter Daszak (EcoHealth Alliance, EHA) durchgesickerte und von der Defense Advanced Research Projects Agency (DARPA) des US-Verteidigungsministeriums abgelehnte DEFUSE-Förderantrag (**als [Download auf der GCNA Seite verfügbar](#)**), dessen Inhalt offenbar auch dem Pentagon nicht glaubwürdig erschien, enthält im Detail die Konstruktion von SARS-CoV2, wie wir es heute kennen. Auch die Furin-Spaltstelle im Spike-Protein, die eine effiziente Zoonose ermöglicht, ist im Antrag als genetische Modifikation vorgesehen. Außerdem sollte die Rezeptorbindungsdomäne (RBD) des Spike-Proteins rigoros angepasst werden, um die Affinität zu ACE2 (dem Eintrittsrezeptor des Virus in menschliche Zellen) zu erhöhen oder die Spezifität des Virus auf Immunzellen wie Makrophagen und dendritische Zellen auszuweiten und damit zusätzlich das Immunsystem zu unterwandern. Um die Virulenz und Pathogenität der Mutanten zu testen, sollten transgene humanisierte Mäuse mit einem humanen ACE2 infiziert werden. Die

Humanisierung ist in diesem Fall notwendig, da sonst das modifizierte, humanspezifische Virus nicht an die Mauszellen andocken kann. Zusätzlich wurden Modifikationen an den O-Glykosylierungsstellen des Spikeproteins vorgenommen, um SARS ein effizienteres Eindringen in die menschlichen Zielzellen zu ermöglichen [[[Site specific N- and O-glycosylation mapping of the spike proteins of SARS-CoV-2 variants of concern](#)]]. Der Gipfel der Präpotenz ist, dass Peter Daszak damals alle, die einen Laborursprung von SARS-CoV2 für möglich hielten, als Spinner und Verschwörungstheoretiker bezeichnete.

Während der DEFUSE-Antrag – zumindest in dieser Form – offenbar nie eine Förderung erhalten hat, immerhin ging es um 14 Mio. Dollar Förderung, von denen ein guter Teil an das WIV gehen sollte, wurde ein Projekt mit dem Titel **“Understanding the Risk of Bat Coronavirus Emergence”** (auf der GCNA Seite als [Download](#) verfügbar) bereits 2014, also knapp 2 Jahre nach dem Ausbruch in Yunnan, für eine Laufzeit von 5 Jahren mit über 3. 7 Millionen Dollar vom NIH gefördert, wovon knapp 1,5 Millionen Dollar direkt nach China flossen [[[UNDERSTANDING THE RISK OF BAT CORONAVIRUS EMERGENCE](#)]]. Der Projektantrag war schematisch wie der des DEFUSE-Projekts aufgebaut, man verzichtete nur auf eine genauere Spezifizierung, wie die „Evolution“ des Spike-Proteins des SARS-Virus genau ablaufen sollte. Außerdem ersetzte man die völlig verrückte Idee, ein gentechnisch verändertes Virus zu entwickeln und dieses freizusetzen, um Fledermäuse gegen SARS zu immunisieren, mit dem Ziel, amerikanische Truppen in Asien vor einer durch Fledermäuse übertragenen SARS Pandemie per Precast App zu warnen. Diesen Schwachsinn hat offensichtlich nicht einmal das Pentagon geglaubt und wahrscheinlich schon deshalb den Antrag abgelehnt. Es dürfte aber klar sein, dass der DARPA-Antrag von Daszak wohl dazu dienen sollte, die Finanzierung des NIH-Projekts zu verlängern bzw. den Finanzierungsstopp zu überspringen, es sich im Hintergrund aber de facto um das gleiche Projekt handelte.

Das Projekt **„Understanding the Risk of Bat Coronavirus Emergence“** wurde und wird von den NIH finanziert. Die letzte Förderung fand 2023 statt, obwohl die Förderung 2020 plötzlich von Donald Trump eingestellt wurde, weil er nicht wollte, dass US-Gelder an China verschwendet werden. Ausnahmsweise eine gute Entscheidung. Alle Förderanträge wurden unter der Schirmherrschaft des National Institute of Allergy and Infectious Diseases (NIAID) gestellt, dessen Direktor Anthony Fauci von 1984 bis 2022 war. Das bedeutet, dass Anthony Fauci sehr genau wusste, welche Art von Forschung von Peter Daszak am WIV durchgeführt wurde. Skandalös ist, dass Fauci bei einer Befragung durch den US-Senat die Finanzierung des GoFF durch das NIH leugnete [[[The Wuhan Lab and the Virus: The Dr. Fauci, Rand Paul Debate Fact-Checked and Explained](#)]] und auch die Durchführung von GoFF durch Ralph Baric leugnete [[[A Mouse-adapted SARS-coronavirus causes disease and mortality in BALB/c mice](#)]]. Das zur moralischen Glaubwürdigkeit von Anthony Fauci. Ich kann mir gut vorstellen, dass den Beteiligten das Herz in die Hose gerutscht ist, als ihnen klar wurde, dass das Virus von 2019 ihr eigenes Baby war. Weitere Beteiligte am Projekt waren bzw. sind Shi Zengli – die Fledermauslady – vom WIV, die wahrscheinlich schon 2012 Bekanntschaft mit dem späteren SARS-CoV2 gemacht hatte, und Ralph S. Baric von der North Carolina University Chapel Hill.

DIE Wissenschaft fordert GoFF

Grotesk wurde es, als Trump die Finanzierung 2020 auf Eis legte. Plötzlich fühlte sich jemand in der amerikanischen Wissenschaftsgemeinde motiviert, gegen die Einstellung der Finanzierung des EHA-Projekts mobil zu machen. Meine Vermutung ist, dass Fauci oder Daszak selbst die Drahtzieher waren. So wurden offene Briefe, die von 77 Nobelpreisträgern und 31 amerikanischen Forschungsgesellschaften unterzeichnet waren, an das Journal Science und an Collins, den damaligen Leiter des NIH selbst, geschickt, in denen die Wiederaufnahme der Förderung des umstrittenen EHA-Projekts gefordert wurde, nicht ohne auf die Bedeutung der GoFF hinzuweisen. Die Interventionsschriften erinnern an die offenen Briefe der deutschen Leopoldina oder der

österreichischen Akademie der Wissenschaften zum Thema „Neue Gentechnik“. Was z.B. der Unterzeichner des offenen Briefes, Saul Perlmutter, als theoretischer Physiker zu einem Gutachten zum Thema SARS und GoFF beitragen kann, ist mir bei allem Respekt vor seinen Leistungen auf dem Gebiet der theoretischen Physik nicht ganz klar. So kann wohl ein Großteil der Befürworter der Subventionen keinen rationalen wissenschaftlichen Grund für eine GoFF artikulieren.

Die Intervention führte zu einer Wiederaufnahme der Förderung im Jahr 2023. Ob daraus Gelder nach China geflossen sind, ist unklar, aber aus meiner Sicht sehr wahrscheinlich. Daszaks Spielwiese, die EHA, gibt sich nach außen gerne als NGO aus, obwohl die Finanzierung der EHA nachweislich aus Töpfen wie dem US-Verteidigungsministerium, der Homeland Security, der US-Agentur für Internationale Entwicklung und uneigennützigen Organisationen wie der B&M Gates Foundation [[[EcoHealth Alliance Inc](#)]] stammt. Es würde mich daher wundern, wenn die Zusammenarbeit mit der EHA, die eindeutig militärischer Natur ist, plötzlich eingestellt wurde.

Wenn der Bock zum Gärtner ernannt wird

Bereits Anfang Februar 2020 hatte eine Gruppe um Jeremy Farrar, Chefmediziner der WHO, Anthony Fauci, Direktor des NIAID, den Evolutionsbiologen Kristian G. Andersen von Scripps Research und Christian Drosten von der Charité die Furin Cleavage Site in SARS-CoV2 thematisiert. Andersen hatte neben der Furin-Stelle auf einige andere Anomalien in der Sequenz des Spike-Proteins hingewiesen, die auf einen Laborursprung schließen lassen. Andersen selbst war einer derjenigen in der Gruppe, die die Labor-Theorie forcierten und am Ende derjenige, der einen Laborursprung vehement verneinte. In der Diskussion aller Teilnehmer verdichteten sich zunächst die Hinweise auf einen Laborursprung. So argumentiert Andrew Rambaut, Evolutionsbiologe an der Universität Edinburgh, sehr nachvollziehbar, dass die vorhandenen Modifikationen des Virus eine extrem hohe Affinität zum Menschen aufweisen und eigentlich eine Verbreitung dieses Virus in einer Fledermaus als unwahrscheinlich zu betrachten ist. Auch Mike Farzan vom Boston Children Hospital, der in seiner Forschung ACE2 als Rezeptor für das SARS-Virus identifizierte, erklärte, dass ein natürlicher Ursprung der Furin-Stelle zwar theoretisch möglich wäre, er dies aber für extrem unwahrscheinlich halte. Seiner Meinung nach wäre diese Form der Mutation in einem sich stark replizierenden Virus in einer Zellkultur im Labor vorstellbar. Folglich hielt er alle vorhandenen Mutationen des Virus auf natürlichem Wege für unwahrscheinlich und hielt es daher für sehr wahrscheinlich, dass das Virus im Labor durch „serielles Passagieren“ in Kulturzellen gegen menschliches Gewebe „scharf gemacht“ wurde.

Der Mikrobiologe und Immunologe Bob Garry von der Tullane University erklärte, dass die Spike-S2-Sequenz von SARS-CoV2 perfekt mit der Sequenz von BatCoV-RaTG13 übereinstimme, mit Ausnahme der Furin-Stelle, von der er sich nicht erklären könne, wie sie auf natürlichem Wege in das Spike-Protein gelangt sein könne, ohne dass der Rest des Proteins ebenfalls Mutationen unterworfen gewesen sei. Der einzige Hinweis auf einen „tierischen“ Ursprung seien die ominösen O-Glykosylierungsstellen, die nur unter dem Selektionsdruck eines Immunsystems in einem Organismus entstehen könnten. Auf die Frage nach einem tierischen Ursprung aus dem Labor – vielleicht finden Sie das genauso amüsant wie ich – brachte Fauci sofort eine ACE2-menschliche Maus als Trägersystem ins Spiel, die sofort als mögliche Quelle bestätigt wurde. Damit hatte Fauci eine Option ins Spiel gebracht, die sowohl im DEFUSE-Antrag als auch in Daszaks NIH-finanziertem Projekt enthalten war. Obwohl es auch Stimmen gab, die sich gegen die Labortheorie aussprachen, wie z.B. der niederländische Virologe Ronaldus Fouchier, der schon Jahre zuvor ins Kreuzfeuer der Debatte geraten war[[[Unsere Viren sind keine Biowaffen](#)]], weil er GoFF mit dem H5N1-Influenzavirus betrieben hatte und natürlich ein großes Interesse daran hatte, die Labortheorie zu falsifizieren, wurde die Idee des Laborursprungs weiter vertieft.

Keines der in der Diskussion vorgebrachten Argumente schloss eine gentechnische Veränderung im

Labor per se aus, aber man kann im Verlauf der Diskussion beobachten, wie einzelne Personen wie Fouchier und Edward Holmes, Virologe an der Universität Sydney, versuchten, die Diskussion vom Laborursprung wegzuführen, während ihre Kollegen diesem Trend nicht widersprachen. Im Gegenteil, plötzlich stand die Suche nach einem verantwortlichen natürlichen Überträger im Vordergrund, der auch prompt im Pangolin (Gürteltier) gefunden wurde. In China war aus einem Schuppentier eine SARS-Variante isoliert worden, die die gleichen Eigenschaften wie SARS-CoV2 aufwies. Damit war die Sache gegessen und die Laborthorie vom Tisch. Erstaunlich war, wie schnell die „Spitzenforscher“, die zum Teil selbst in irgendeiner Weise an der GoFF von SARS beteiligt waren, vom Laborursprung auf den natürlichen Ursprung umschwenkten, und das aufgrund von Informationen, die vom vermeintlichen Verursacher selbst stammten. Was mich persönlich stutzig macht, ist, dass die Option eines Laborursprungs, selbst wenn das Virus nicht direkt mutiert wurde (auch dafür gibt es Techniken, die nicht direkt nachweisbar sind), sondern aus der Zellkultur oder von transgenen Mäusen stammt, spontan verworfen wurde. Man muss rekapitulieren, dass diese Entscheidung der „Experten“ innerhalb weniger Tage getroffen wurde und die einzigen greifbaren Daten eine RNA-Sequenz des Virus waren, der Rest war reine Spekulation bzw. „Expertenmeinung“, die bekanntlich am schwächsten Ende der Evidenzpyramide steht. Es schien, als wolle man den Chinesen auf keinen Fall einen Vorwurf machen, und das Schuppentier-Virus bot sich als schneller Ausweg mit dem geringsten Widerstand aus dem Debakel an.

Wissenschaft unter Druck

Interessant im Zusammenhang mit der Laborthorie ist auch die Tatsache, dass alle chinesischen Sequenzdaten zu SARS-CoV2 und anderen Stämmen, die angeblich in den ersten Tagen der Pandemie von Patienten gewonnen und in der NIH-Datenbank veröffentlicht wurden, der Öffentlichkeit vorenthalten wurden. Als Jesse Bloom, Computer-Virologe am Fred Hutchinson Cancer Center und Begründer der Pangolin-Klassifikation, die die Virulenz oder Escape-Varianten von SARS-CoV2 vorhersagt, 2021 nach dem Ursprung von SARS-CoV2 forschen wollte, stellte er fest, dass die Sequenzen auf Wunsch der Chinesen aus der NIH-Datenbank gelöscht worden waren. Wie die meisten großen Datenbanken finanzieren sie heutzutage nicht mehr ihre eigenen Einrichtungen, sondern kaufen sich in große Unternehmen wie Amazon oder Google ein und nutzen deren Cloud-Systeme zur Datenspeicherung, so auch das NIH. Also machte sich Bloom auf die Suche nach den Spuren der gelöschten Daten in der Google-Cloud und wurde fündig. Als Bloom seine Ergebnisse auf BioRxiv einer Preprint Plattform publizieren wollte, wurde er in einer vom NIH organisierten Videokonferenz (**auf der GCNA Seite als [Download](#) verfügbar**), an der u.a. Fauci, Collins, Garry und Andersen teilnahmen, von Andersen massiv angegriffen, er solle seine Arbeit zurückziehen und stellte das Vorgehen von Bloom, die fragwürdigen Sequenzen wiederherzustellen und zu analysieren, als wissenschaftsethisch inakzeptabel dar. Darüber hinaus drohte Andersen, dass er Zugriff auf die Datenbank von BioRxiv habe und die Arbeit spurlos verschwinden lassen werde, wenn Bloom seine Arbeit nicht freiwillig zurückziehe.

Resümee

Einen direkten Beweis für einen Laborursprung gibt es natürlich immer noch nicht, aber die Indizien dafür sind erdrückend und die „ganze“ Geschichte um den Ursprung ist natürlich noch viel komplexer, als dass hier Platz für eine ausführliche Analyse wäre. Für alle, die meinen, das sei ein alter Hut und es sei egal, ob in Wuhan noch an SARS geforscht wird, weil die Katze ja sowieso schon aus dem Sack sei, sei gesagt, dass die NIH-Förderung weitere Projekte umfasst, die vermutlich auch am WIV und in den USA stattfinden und z.B. GoFF zum Influenzastamm H5N1 beinhalten.

The Research Project Led by Yoshihiro Kawaoka of the University of Wisconsin-Madison:
This project involved generating a chimeric virus. Specifically, the research was focused

on combining a highly pathogenic avian influenza virus H5N1 surface protein with an H1N1 virus capable of efficient transmission among mammals. The goal was to study the potential of H5N1 to mutate into a form that could spread efficiently among humans, thereby understanding better the mechanisms of virus transmission and pathogenicity

taggs.hhs.gov

Wenn also in den nächsten Jahren eine mysteriöse, hochinfektiöse und tödliche Grippewelle den Planeten lahm legt, weiß der geneigte Leser vielleicht, woher sie kommen könnte...*.

(*diesen Satz habe ich vor einigen Wochen vor der Veröffentlichung dieses Beitrags geschrieben, ohne zu wissen, was sich in den USA bereits zusammenbraut...)