



Das Corona-Laborvirus: Die unbequeme Wahrheit kommt ans Licht

Neue Dokumente zeigen erstmals, wie präzise und zielgerichtet amerikanische Wissenschaftler in den Jahren vor 2020 an krankmachenden Coronaviren forschten. Die Papiere machen auch klar, wie die Forscher, die vom US-Chefepidemiologen Anthony Fauci staatliche Gelder erhielten, ihre Arbeit nach China auslagerten um einen Forschungsstopp in den USA zu umgehen. Vieles deutet darauf hin, dass die Geschichte der Coronakrise völlig neu geschrieben werden muss.

HEIMO CLAASEN, 4. Mai 2023, 0 Kommentare

Woher stammt das Coronavirus? In China sind inzwischen über 80.000 Haus-, Nutz- und Wildtiere auf der Suche nach einem Vorläufer von SARS-CoV-2 untersucht worden. Doch keine der Proben hat dazu ein positives Ergebnis gebracht, das die chinesische Regierung zumindest von dem Vorwurf befreit hätte, die Coronakrise sei vom virologischen Institut (WIV) der Universität in der 11-Millionen-Stadt Wuhan verursacht worden – in der die Covid-Krankheitsfälle zuerst öffentlich bekannt gegeben worden waren.

Dies hat gerade aufs neue am 17. April [ein Bericht](#) von Senatoren der USA mit „bedeutsamen Belegen“ begründet. US-Präsident Biden hat zudem im März ein von beiden Parteien im US-Kongress gemeinsam vorgeschlagenes Gesetz [unterzeichnet](#), wonach ausdrücklich „die Einzelheiten zum Coronavirus und zur Forschung an dessen erhöhter Wirkung [Gain-of-Function] am Wuhan Institut für Virologie veröffentlicht werden“ sollen.

Das scheint zu versprechen, dass wesentliche Antworten zu Fragen nach Herkunft und Ursache von SARS-CoV-2 zu erwarten sind. Das Kleingedruckte im Senatoren-Bericht wie im verabschiedeten Gesetz weist jedoch in eine andere, politische Richtung: Es grenzt die Vorgeschichte der Forschung am WIV tunlichst aus, ebenso wie die US-eigene Forschung am „Funktionsgewinn“, an „Gain of Function“ („GoF“) mit dem Coronavirus seit über zwanzig Jahren.

Gefährliche US-Virenforschung ab 2014 nach China ausgelagert

Tatsächlich war die Forschung am WIV nur ein ausgelagerter, „out-sourced“ Teil eines Vorhabens, an dem seit 1995 an Instituten der Universität von North Carolina Chapel Hill (UNC) gearbeitet worden ist, geleitet von Professor Ralph S. Baric und stetig finanziert von der nationalen Gesundheitsbehörde der USA (NIH) und deren Abteilung für allergische und infektiöse Krankheiten (NIAID), unter Dr. Anthony Fauci. (1)

In der Periode der zweiten Obama-Präsidentschaft (2012-2016) war nach heftigen Debatten um „GoF“ die bundesstaatliche Förderung dafür mit Gültigkeit ab 2014 vorerst ausgesetzt worden – ein zeitweiliges „Moratorium“. Ein eigenes Verfahren zum Genehmigen von Vorhaben mit „besonders riskanten“ Mikroben sollte entwickelt werden. (2) Das setzte Grenzen für den Fortgang der Vorhaben an Barics UNC-Instituten für Virologie und Epidemiologie. Zur Hilfe kam eine Absprache zur Zusammenarbeit mit dem WIV, vermittelt durch die New Yorker Organisation „EcoHealth Alliance“ und deren Chef Peter Daszak, die dafür gerade noch rechtzeitig eine Finanzierung seitens NIH/NIAID beantragt hatte, die dann von Faucis NIAID ebenfalls noch 2013 für fünf Jahre ab 2014 genehmigt wurde.

Peter Daszak: Pandemieforscher mit Geld vom Pentagon

Zur Einordnung: Die sogenannte „EcoHealth Alliance“ (EHA) firmiert seit 2010 unter diesem Namen, nachdem laut eigener Aussage die US-Regierung 2009, im Jahr der Schweinegrippe, eine Zusammenarbeit mit der Organisation startete, „um ein neues Programm für global auftretende Pandemiebedrohungen“ einzurichten.

Die EHA definiert sich selbst als Nicht-Regierungs-Organisation (NGO), ist aber tatsächlich eine Firma („Inc“), der die New-Yorker Büroräume und juristisch auch der Name gehören. Sie wird seit 2010 von Daszak und William Karesh geleitet und seither fast ausschließlich von der US-Regierung finanziert, in einer Größenordnung von insgesamt über 100 Millionen Dollar. Ein großer Teil des Geldes stammt vom Pentagon. Karesh ist im US-Kongress als Schlüsselfigur in „bipartisan“ Gruppen und Ausschüssen zugange – de facto als EHA-Lobby.

Was von 2014 bis 2018 am WIV in enger Symbiose mit Baric und Daszak betrieben worden war, hat die (nun wirklich: Nicht-Regierungs-)Organisation „Judicial Watch“ am 19. April ans Licht gebracht, aus den vorgeschriebenen jährlichen Berichten der EHA an NIAID – die nun erstmals öffentlich vorliegen und die vieles von dem belegen, was bislang nur vermutet wurde (Pressemitteilung hier, PDF, 552 Seiten, hier). Judicial Watch hatte die Veröffentlichung der Dokumente, die nun erst erfolgte, bereits im November 2021 beim US-Gesundheitsministerium beantragt.

Neue Viren schaffen, die Menschen anstecken

Vornweg in den im Finanzierungsantrag der EHA genannten „spezifischen Zielen“ wird dort die Absicht beschrieben, Mutationen von Fledermaus-Viren zu schaffen, und „die Fähigkeit unserer Coronaviren zur

Infektion von Menschen vorherzusagen.“ Ausgehend davon, dass die Forscher schon „primäre und umgeformte [transformed] Zell-Linien von 9 Fledermausarten entwickelt“ hätten und „diese zur Isolierung von Viren, zu Versuchen zur Ansteckung und zum genetischen Klonen der Moleküle zur Anbindung [an Zellen]“ benutzt hätten.

Dies lag also schon 2013 vor, ebenso wie „die Unterstützung von Dr. Ralph Baric, dem die Zusammenarbeit mit uns sehr angelegen ist“, wie die EHA berichtet, „beginnend mit der Ansteckung seines Modells der humanisierten Mäuse (3) mit unserem SL-CoV (SARS-ähnlichen Coronavirus), das [die Zell-Anbindung] ACE2 verwendet, und dem folgend der Ansteckung mit anderen CoV, die wir identifizieren.“

Wie im Förder-Antrag wurde auch im Bericht nach dem ersten Jahr der geförderten Forschung an NIAID 2016 nochmals präzisiert, worum es ging:

„Die Ergebnisse werden Auskunft geben, ob Fledermaus-CoV die menschlichen Anbindestellen ACE2, DPP4 [für das SARS- bzw. das MERS-Virus] oder andere bekannte CoV-Ankerstellen nutzen können, [und] besser die Fähigkeit vorauszusagen, Menschen anzustecken.“

Nach dem 2. Förderjahr wurde dann 2017 berichtet, was bis dahin erreicht worden war. Ein vorhandenes CoV, benannt „WIV1“, wurde gentechnisch „scharf“ gemacht und an Barics Mäusen getestet:

„Der ansteckende Klon von WIV1 wurde erfolgreich mit gentechnischen Methoden hergestellt;

Zwei Schimären von SARS-ähnlichen Coronavirus-Linien wurden durch Einfügung des S-[Spike]-Gens in den Stamm des WIV1 konstruiert;

Die Einführung der Mäuse mit menschlichen ACE2 nach China wurde erlangt, damit wir die in unserem Förderantrag vorgesehenen Ansteckungsversuche vornehmen konnten.“

Eine „Schimäre“ bezeichnet in der Biologie ein neues Wesen, aus zwei verschiedenen zusammengesetzt.

„Alle Viren vermehrten sich wirksam in menschlichen Zellen“

Nach dem 3. Projekt-Jahr (2017-2018) wurde dann von EHA an NIAID berichtet, wie ein weiteres Fledermaus-Virus isoliert, zu zwei Schimären mit veränderten WIV1-CoV kombiniert, und an Mäuse- und menschlichen Zellen getestet worden war:

„Im 3. Jahr isolierten wir erfolgreich Rs4874 aus der Fäkalprobe einer Fledermaus. Mit dem von uns schon zuvor entwickelten revers-genetischen System konstruierten wir zwei schimärische Viren aus dem Stamm des WIV1 mit dem S-[Spike]-Gen von [den Viren] Rs7327 und Rs4231.

Vero E6 [Affen-]Zellen wurden jeweils mit Rs4874, WIV1-Rs4231 und WIV1-Rs7327S infiziert und die wirksame Virusvermehrung [...] entdeckt.

Um die Anbindung der drei neuen SARS-ähnlichen CoV an das menschliche ACE2 zu ermitteln, führten wir Studien mit [menschlichen] HeLa-Zellen mit oder ohne menschliches ACE2 aus. Alle Viren vermehrten sich wirksam in den menschlichen Zellen mit ACE2.“

Nach dem 4. Projektjahr (2018-2019) wurde dann nochmals im Einzelnen über Versuche mit den vier „SARS-ähnlichen“ Schimären berichtet – wenn auch verspätet; die Chefs von NIH (Collins) und NIAID (Fauci) machten

später, 2021, geltend, dass sie mehrmals dazu hätten anmahnen müssen. Das freilich war eine faule Ausrede mit der sie davon ablenkten, dass sie die vorigen EHA-Berichte sehr wohl erhalten hatten, und damit auch die Belege aus erster Hand über die vom New Yorker EHA organisierten Versuche mit GoF-Viren.

Wenn es noch einer Bestätigung bedurft hätte – immerhin war das Faktum der NIH/NIAID-Finanzierung an EHA/WIV da schon bekannt –, so belegen die von „Judicial Watch“ nun erlangten Berichte, dass Faucis Aussage im US-Senat im Mai 2021, er hätte nie und keinerlei GoF-Versuche finanzieren lassen, wissentlich falsch war. Damit erweckte Fauci den Eindruck, die Vorgänge am WIV in Wuhan gingen allein auf die Kappe Chinas.

Doch es kommt noch dicker. Der ursprüngliche Finanz-Antrag von EHA hatte vorgesehen:

„Sequenz-Daten, (...) Isolate, Reagenzien und andere Produkte [des geförderten Projekts] werden anderen NIH-geförderten Forschern im Wege der Übereinkunft von WIV und EHA und/oder auf Grund anderer Lizenz-Absprachen weitergegeben.“

Eine Reihe von Artikeln in Fachzeitschriften vor allem von US-Forschern lässt nun darauf schließen, dass dies auch geschehen ist. Ein ebenfalls von „Judicial Watch“ erlangtes Dokument belegt einen von Baric und Daszak gemeinsam gezeichneten Zusatzantrag, der von NIH/NIAID – und zweifelsohne mit Faucis Kenntnis – mitten in der hochkochenden Coronakrise im Juli 2020 genehmigt worden ist:

„Wir schlagen vor, die volle Länge von einem Strang des molekularen Klons von SARSr-CoV WIV genetisch zu manipulieren“,

– und dies in der Tat an Barics Labor an der UNC-Chapel Hill –,

„[als] ein Projekt multi-institutioneller Zusammenarbeit, geleitet von EcoHealth Alliance, New York (Daszak, PI [Verantwortlicher Untersucher], welches Unterverträge mit dem Wuhan Institut für Virologie (Dr. Shi), der Universität von North Carolina in Chapel Hill (Dr. Baric), und dem [chinesischen] Institut für Pathogene Biologie (Dr. Ren) finanziert.“

Dieses ganze ur-„amerikanische“ Projekt soll aber nun ausdrücklich nicht mit dem von Biden bekräftigten Gesetz untersucht werden, das spezifisch nur die Vorgänge in der US-Regierung zu „Wuhan“ und der Chinesischen Regierung offenlegen soll. Zum Ursprung des Covid-Virus wird dies wohl kaum entscheidend beitragen, aber umso mehr die US-amerikanische Verteufelung Chinas anfeuern.

Offene Fragen

Fraglich bleibt dabei, ob und wie weit diese Untersuchung auch zutage fördern würde, welche der am WIV und damit bei EHA und Barics UNC vorhandenen CoV-Varianten denn nun mit „Sars-Cov-2“ ähnlich oder gar gleich sind. In den EHA-Berichten werden einige davon – mitunter widersprüchlich – benannt. Deutlich wird dabei, ebenso wie aus einigen Fachartikeln der direkt Beteiligten, dass es sich um gentechnisch veränderte „Spike“-Gene handelte, die in verschiedene Virenstämme eingefügt waren; aber zu eben diesen Ausgangs-Stämmen ist daraus wenig zu erfahren.

Aus den frühen Fällen der Krankheit Covid-19 wurden vom WIV und von anderen chinesischen Instituten zwei Varianten „L“ und „S“ ermittelt, von denen sich eine dann als „Delta“ am weitesten verbreitete. Von beiden und

allen folgend gefundenen bis „Omikron“ sind die Sequenzen des Spike-Genoms bekannt, nicht aber vollständig für alle diese Viren. Ein Vergleich mit den kryptisch bezeichneten WIV-Varianten wäre also angebracht, die ja erklärtermaßen in den USA bei Barics Instituten vorliegen.

Im Zusatz-Antrag von 2020 bemühte sich Baric darum darzustellen, er betreibe keinesfalls „GoF“ und arbeite auch „nicht mit SARS-CoV (...) sondern mit dem vollständigen Strang des SARSr-CoV WIV1“. Allerdings geht in den Schriftätzen durcheinander, was „WIV1“ denn nun eigentlich ist, es wird mal als zusammengesetzt mit manipulierten Spike-Abschnitten beschrieben, oder ohne solche, was dann „nicht gefährlich infektiös“ wäre (und wofür ein „höchst-sicheres“ Labor des Standards BSL-4 nötig wäre). Jedoch hatte schon früh (2020) eine Arbeit der kritischen DRASTIC-Gruppe ergeben, dass WIV1 sehr wahrscheinlich identisch ist mit einem „SARS-ähnlichen“ Virus mit dem Spike-Genom SHC014, und damit sehr wohl „gefährlich ansteckend“.

Dies an der Quelle selbst in North Carolina aufzuklären, wäre sicher Aufgabe einer US-eigenen Untersuchung, schließlich hatten Baric und Shi gemeinsam 2015 veröffentlicht, sie hätten „das Oberfläche-Protein des SHC005 mit dem Stamm eines SARS-Virus in Mäusen“ getestet, nach Barics und gemeinsamen Vorarbeiten an der UNC, dokumentiert seit mindestens 2001. (4)

Über den Autor: Heimo Claasen, Jahrgang 1938, ist nach Studium (Elektrotechnik/Darmstadt, Soziologie/Frankfurt-M., Marburg, Lund/Schweden) seit 1974 Journalist in Brüssel, war von 1977-82 Korrespondent für die Berliner Tageszeitung „Die Neue“ und von 1986 bis 2018 für die Frankfurter epd-„Entwicklungspolitik“ (heute „Welt-Sichten“), hat von 1974 bis 2008 regelmäßig zum „Kritischen Tagebuch“ im WDR-Radio beigetragen, sowie ARD-Hörfunkfeatures verfasst und Dokumentarfilme zusammen mit Malte Rauch für ARD, ARTE und Channel-4.

Weitere Artikel zum Thema:

- **Woher kam das Coronavirus?** (Günter Theißen, 7.6.2022)
- **Wie der Lockdown nach Deutschland kam** (Paul Schreyer, 15.7.2021)
- **Clade X: Eine Biowaffe zur Bevölkerungsreduktion** (Paul Schreyer, 27.10.2020)
- **Wurde die Corona-Krise geplant?** (Paul Schreyer, 18.9.2020)

Anmerkungen

(1) Ralph S. Baric e.a., (1995): High Recombination and Mutation Rates in Mouse Hepatitis Virus Suggest that Coronaviruses may be Potentially Important Emerging Viruses Part of the Advances in Experimental Medicine and Biology book series (AEMB, volume 380)

(2) Ein Artikel der Rotterdamer Universität (Fouchier e.a.) zur Übertragbarkeit eines durch die Luft und schwer infektiösen Grippevirus löste 2011 eine heftige Debatte zuerst unter Wissenschaftlern aus, ob er veröffentlicht werden sollte, denn er könnte zur Handhabung übler Absichten dienen. Dies sprang in die politische Diskussion um „Bioterrorismus“ über, die ab 2001 besonders in den USA angeheizt worden war (Stichwort „Ameritrax“, die Attacke mit Anthrax-Viren, die dann erst sehr viel später als ein aus dem Militär-Labor Fort-Detrick stammendes Virus aufgeklärt wurde).

(3) Baric hatte seit den 1980er-Jahren eine Sorte Versuchsmäuse gezüchtet, deren Lungengewebe weitgehend den Zellen menschlicher Lungen gleicht; daher der Name „humanisierte“ Mäuse.

(4) zitiert in: Nature Medicine, 9. Nov. 2015. Das Verfahren dazu stammt von Baric, der schon viel früher zu „vollständig synthetischen SARS“-Genomen veröffentlicht hat, zum Beispiel 2001 in:

Adv Exp Med Biol. 2001;494:475-81. A simple strategy to assemble infectious RNA and DNA clones; K M Curtis 1, B Yount, R S Baric, Affiliations: (all UNC), PMID: 11774510 DOI: 10.1007/978-1-4615-1325-4_69

PNAS October 28, 2003 100 (22) 12995-13000; <https://doi.org/10.1073/pnas.1735582100> Reverse genetics with a full-length infectious cDNA of severe acute respiratory syndrome coronavirus; Boyd Yount, Kristopher M. Curtis, Elizabeth A. Fritz, Lisa E. Hensley, Peter B. Jahrling, Erik Prentice, Mark R. Denison, Thomas W. Geisbert, and Ralph S. Baric

-- und dann massiv:

Baric, R.S., (2006). Synthetic Viral Genomics. In: *Working Papers for Synthetic Genomics: Risks and Benefits for Science and Society*, pp. 35-81. Garfinkel MS, Endy D, Epstein GL, Friedman RM, editors. 2007.

Proc Natl Acad Sci U S A. 2006 Aug 15;103(33):12546-51. Rewiring the severe acute respiratory syndrome coronavirus (SARS-CoV) transcription circuit: engineering a recombination-resistant genome; Boyd Yount, Rhonda S Roberts, Lisa Lindesmith, Ralph S Baric [all UNC]; <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/16891412/>

Proc Natl Acad Sci U S A. 2008 Dec 16;105(50):19944-9. Synthetic recombinant bat SARS-like coronavirus is infectious in cultured cells and in mice; Michelle M Becker, Rachel L Graham, Eric F Donaldson, Barry Rockx, Amy C Sims, Timothy Sheahan, Raymond J Pickles, Davide Corti, Robert E Johnston, Ralph S Baric, Mark R Denison; <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/19036930/>