



Krieg gegen einen Joker

Die Pharmaindustrie und ihre Virologen versuchen derzeit, den Erreger SARS-CoV-2 als stabilen Feind zu definieren. Für den "Krieg gegen das Virus" braucht man die Gefahr in Form einer Stachelkugel. Eine "coronafreie Welt" ist das erklärte Ziel von Bill Gates und seinen politischen Freunden. Auch im Hinblick auf eine mögliche Impfung wird versucht, der Öffentlichkeit die Illusion eines klar definierbaren Gegners in der Welt der Viren einzureden. Aus wissenschaftlicher Sicht handelt es sich bei all diesen Bemühungen – schonend ausgedrückt – um gefährliche Irrwege.

WOLFGANG WODARG, 10. Mai 2020, 5 Kommentare, PDF

Hinweis: Dieser Beitrag ist auch [als Podcast verfügbar](#).

Es ist völlig sicher, dass sich auch das SARS-Virus laufend und in großer Geschwindigkeit ändert. Und was nützt eine Impfung gegen etwas, das sich längst unkalkulierbar geändert hat? Auch unser Immunsystem reagiert unvorhersehbar. Kreuzimmunitäten? Immungedächtnis? Die Spezifität und Aussagekraft von Tests ist schnell vergänglich, ebenso die Wirkung eines Impfstoffes. Deshalb sind Immunitätsnachweise eine Farce und wenn sie Gesetz werden sollten, eine gesundheitlich nicht begründbare Schikane.

Aus dem gleichen Grund sind Massenimpfungen gegen respiratorische Viren ein riskanter Nonsens und gegebenenfalls Körperverletzung. Bei sich rasch wandelnden Erregern ist – wie bei der Influenza-Impfung – der Impferfolg Glückssache. Erst hinterher kann festgestellt werden, ob die Geimpften besser dran waren als die Nichtgeimpften. Das bleibt ein gutes Geschäft, da eine evidenzbasierte vorherige Nutzenprüfung natürlich

nie möglich sein wird. Bisher war es außerdem so, dass sich andere Viren ausbreiten, wenn einer Virusart durch Impfung das Leben schwerer gemacht wurde.

Die Wuhan-Viren sind längst Schnee von gestern

Entscheidend ist die extrem hohe Mutationsrate von RNA-Viren, zu denen auch SARS-CoV-2 gehört. Die Rate wird eindrucksvoll von Forschern der Universität Glasgow demonstriert, die für das Virus schon in einem sehr kurzen Zeitraum von circa 4 Monaten folgende Mutationen beschreiben:

- 7237 nicht-synonyme, das heißt, Aminosäure verändernde Mutationen (replacements)
- 6 Einfügungen von zusätzlichen Basen (insertions)
- 87 Wegfälle von Basen in der Gensequenz (deletions)

Das ist für ein Genom, das selbst nur aus etwa 30.000 Basen besteht, eine enorme Anzahl von Mutationen, Insertionen und Deletionen in kürzester Zeit. Und das sind nur die Daten von ein paar Tausend SARS-CoV-2 Viren, die man sequenziert hat. Die Natur kennt viele, viele weitere.

Nicht-synonyme Mutationen führen dazu, dass andere Aminosäuren in die Proteine des Virus eingebaut werden. Diese verändern so die chemischen Eigenschaften dieser Proteine. Diese Mutationen akkumulieren bereits innerhalb von Wochen (!), wie die Daten zeigen.

Insertions und Deletions sind von besonderer Bedeutung, da sie unter anderem zu einem "Frameshift" führen können, bei dem die gesamte nachfolgende Kette anders gelesen wird. Hinzu kommen synonyme Mutationen, die zwar die Primärstruktur der SARS-CoV-2-Proteine nicht ändern, aber dennoch eine Rolle in der Diagnostik spielen können. Es gibt außerdem noch viele offene Fragen zu weiteren Effekten von synonymen Mutationen. Zweifel am PCR-Test bestanden von Anfang an.

Momentaufnahmen einer unendlichen Geschichte

Ein weiterer wesentlicher Punkt ist, dass die bislang sequenzierten SARS-CoV-2-Viren einen extrem kleinen Ausschnitt der Natur zeigen. Im Verhältnis zum Gesamtgenom aller Coronaviren in allen Menschen fällt dieser Ausschnitt kaum ins Gewicht. Man darf auch nicht vergessen, dass neben SARS-CoV-2 weiterhin auch andere humane Coronaviren existieren – und diese mutieren auch. Sonst wäre man ja nicht irgendwann beim SARS-CoV-2-Virus gelandet.

Computer-Analysen, zum Beispiel zum Stammbaum von SARS-CoV-2 (phylogenetische Analysen) sind auf Basis dieses extrem kleinen Ausschnitts der Natur, wie sie heute existiert, sehr problematisch. Die letzten 15 Jahre hat man Coronaviren kaum betrachtet, weder beim Menschen noch beim Tier. **Der weitaus überwiegende Teil der Coronavirus-Gensequenzen in den Datenbanken stammt aus den letzten 4 Monaten oder ist 15 Jahre alt.**

Die Kritik daran ist nicht neu, insbesondere an der sehr inhomogenen geographischen Verteilung der gefundenen Gensequenzen, worauf etwa Forscher der Universität Florida hinweisen:

"In einem neuen Baum, der nur eine Woche später abgeleitet wurde, als mehr als 135 neue vollständige Genomsequenzen auf [der Virusdatenbank] GISAID zur Verfügung gestellt wurden, ist die direkte Verbindung

zwischen Deutschland und Italien jedoch aufgrund der zusätzlichen Clusterung bisher nicht beprobter Sequenzen aus Portugal, Brasilien, Wales und den Niederlanden verschwunden."

Einige Veröffentlichungen sprechen davon, dass Haplotypen (also genetische Muster) von SARS-CoV-2 schon wieder verschwunden sind, also nicht mehr bei neu sequenzierten Basenfolgen gefunden werden. Auch SARS 1 ist seit langem wieder verschwunden. Welchen Sinn macht dann ein genetischer Abstand zwischen zwei Gensequenzen?

Zoonose? Ein überflüssiger Kampfbegriff, denn der Mensch ist auch ein Zoon (Lebewesen)

Doch die Virologie tut das, was sie die letzten 30 Jahre gemacht hat. Sie findet eine virale Gensequenz, die sie noch nicht kannte und erklärt das neu entdeckte Virus zum Todesvirus. Damit das funktioniert, braucht sie die Zoonose-Hypothese. [*Zoonose: Übertragung von Infektionskrankheiten zwischen Mensch und Tier*] Ohne die geht es nicht!

Denn nur dank der Hypothese, dass ein Erreger Ende 2019 auf dem Fischmarkt in Wuhan neu von einem tierischen Wirt auf den Menschen übergegangen sei, lässt sich pauschal eine erhöhte Pathogenität (= ein erhöhtes Potential krank zu machen) unterstellen. Der Erreger sei für den Menschen neu, deshalb, so heißt es, hätten die Menschen, im Gegensatz zu den ursprünglichen Wirttieren, keine Gelegenheit gehabt, sich an den neuen Erreger anzupassen.

Diese Argumentation funktioniert auch deshalb so gut, weil immer von schwerstkranken Patienten ausgegangen wird, die dann auch zumeist an mehreren Krankheiten leiden, und man Menschen ohne oder mit schwachen Symptomen kaum testet. Somit entsteht der scheinbare Beweis, dass positiver Test und Tod Hand in Hand gehen.

Als Beweis dafür halten Drosten, Wieler & Co. zwei Gensequenzen hoch, eine von einem tierischen Coronavirus und eine von einem humanen Coronavirus und verweisen auf den großen genetischen Abstand. Diese Behauptung kann man deshalb so einfach aufstellen, da es für alles, was dazwischen liegt, keine Daten gibt. Niemand hat in der notwendigen Dichte tierische und humane Coronaviren in den letzten 15 Jahren vermessen.

Eine sehr große Anzahl an SARS-CoV-2-positiven Menschen zeigt keine oder nur milde Symptome. Als Anteil asymptomatischer Menschen, die keine Symptome zeigen, werden 50 – 70 % genannt. Das geht nicht, ohne dass das Immunsystem auf das Virus vorbereitet gewesen ist. Dieser Zusammenhang legt eine kontinuierliche Entwicklung bis zu SARS-CoV-2 (und seiner vielen Varianten) nahe.

Wer von Ursprung redet, zeigt damit nur, wo er angefangen hat zu denken

Es gibt zunehmend auch phylogenetische Analysen, die versuchen, aus den zahlreichen unterschiedlichen Gensequenzen einen anderen Stammbaum aufzubauen – gegen die Hypothese, SARS-CoV-2 sei Ende 2019 neu durch Zoonose entstanden.

Analysen dieser Art sind aufgrund des sehr kurzen Sample-Zeitraums problematisch. Mehr hat man derzeit jedoch nicht. Dazu kommt, dass der Nullpunkt, also die Referenzsequenz, gegen die man Mutationen bewertet, beliebig gewählt ist. Man hat lediglich in China mit dem neuen PCR-Test angefangen zu messen und dort auch

die ersten Gensequenzen generiert. Erst danach hat man das in anderen Teilen der Welt getan. Was eine Vorwärts- und was eine Rückmutation ist, ist eine relative Aussage im Verhältnis zur Referenzsequenz. **Die vermeintliche Ausbreitung spiegelt nur die geographische Abfolge der Tests wieder.** Das nutzen die Panikmacher bei der Johns Hopkins University und anderswo trotzdem weiterhin.

Man sollte das Bild eines "Stammbaumes" endlich aufgeben – das Bild rekursiver Netze erscheint passender

Die Diversität von SARS-CoV-2 ist so groß, dass sich schon in kleinen Samples Cluster bilden. Eine eindeutige Zuordnung, wie das Virus nach New York gekommen ist, ist nicht mehr möglich. Forscher aus New York erläutern in einer aktuellen Studie:

"Die phylogenetische Analyse von 84 verschiedenen SARS-CoV-2-Genomen deutet auf multiple, unabhängige, aber isolierte Einführungen hauptsächlich aus Europa und anderen Teilen der Vereinigten Staaten hin. Darüber hinaus finden wir Hinweise auf eine Übertragung innerhalb der Community, worauf Cluster verwandter Viren hindeuten, die bei Patienten aus verschiedenen Stadtvierteln gefunden wurden."

Diese Cluster müssen sich in den USA in den letzten drei Monaten gebildet haben. Es sei denn, SARS-CoV-2 und alles was dazu führte, ist wesentlich älter. Alternative Interpretationen derselben Daten (!) aus den Gen-Datenbanken legen nahe, dass SARS-CoV-2 sich schon seit mehr als 40 Jahren beim Menschen verbreitet. So schreiben Forscher aus Taiwan:

*"Da das früheste verfügbare Genom fast einen Monat nach dem Ausbruch am 24.12.2019 erfasst wurde, könnte der tatsächliche Ursprung des aktuellen Ausbruchs tatsächlich früher liegen als unsere Schätzung. Unter der Annahme einer synonymen Substitutionsrate (...) wurde geschätzt, dass die Rekombination vor etwa 40 Jahren stattgefunden hat (...). **Wenn dies wahr ist, könnte SARS-CoV-2 jahrelang verborgen unter den Menschen zirkuliert haben, bevor es vor kurzem bemerkt wurde.**"*

Das sind sehr aktuelle Auswertungen und es bleibt abzuwarten, ob dieses Preprint es durch den vielgerühmten Peer-Review-Prozess schafft, mit dem die Wissenschaft sich selbst und den Stand der Kenntnis „reguliert“.

Was Glyphosat für die Felder, sind Virostatika für den Menschen

Viren sind vermutlich genauso alt wie Bakterien. Das Immunsystem der Wirbeltiere ist als Einziges in der Lage, den Körper mit den immer neuen Virenvarianten zu harmonisieren. Genau dazu ist es im Rahmen der Evolution entstanden. Die Gruppe der Wirbeltiere entstand vor etwa 500 Millionen Jahren und das Konzept des Immunsystems ist möglicherweise noch älter. 500 Millionen Jahre entwickelte sich das Immunsystem der Wirbeltiere, an deren vorläufigem Endpunkt der Mensch steht, in engstem Kontakt mit den Viren. Doch die moderne Medizin regelt die Immunantwort mit Hilfe von Corticosteroiden herunter, wie viele COVID-19-Behandlungsprotokolle, vor allem aus den USA, zeigen.

Inzwischen bewirbt die Industrie immer neue Medikamente. Wo werden diese angewendet? 98% der Test-Positiven zeigen keine oder nur milde Symptome. Aber die Medien mischen unkritisch Test und Infektion, Infektion und symptomatische Erkrankung, symptomatische Erkrankung und Tod. Die Schwerbetroffenen sind im Schnitt älter als 80 Jahre und leiden in der weit überwiegenden Mehrzahl der Fälle unter schweren

Vorerkrankungen. Wie viele davon an den Folgen der voreiligen Beatmung gestorben sind, kann niemand sagen. Inzwischen wird den Intensivpatienten unter anderem mit Fentanyl das Atmen abgewöhnt, sonst funktioniert künstliche Beatmung nicht. Diese Patienten wachen, wenn überhaupt, als Junkies auf.

Die Angst kommt aus den Intensivstationen, doch was ist da los?

Die Intensivmedizin zeigt, was sie kann. Dazu kommen Medikamente wie Remdesivir, das für die Ebola-Therapie zu giftig gewesen ist und in weiteren Tests durchfällt. Alle Zweifel haben jedoch nicht verhindert, Remdesivir in den USA im Blitzverfahren für den Gebrauch freizugeben.

Ein anderes Beispiel sind Chloroquin und Azithromycin-Kombinationstherapien, die bei Menschen mit kardiovaskulären Vorerkrankungen zum Herzstillstand führen können. Oder eine Chloroquin-Monotherapie, die bei Menschen mit Glucose-6-Phosphat-Dehydrogenase Mangel zur Schädigung der roten Blutkörperchen führt. Glucose-6-Phosphat-Dehydrogenase-Mangel ist der weltweit häufigste erbliche Gendefekt mit einer Häufigkeit von bis zu 20 - 30 % in Afrika. Besonders betroffen sind auch Länder mit einem hohen Anteil afrikanischstämmiger Menschen.

Falsche Prioritäten und täuschende Zahlen

Das alles wurde ausgelöst durch einen maroden Test, überhastete Maßnahmen und ein durch nichts zu rechtfertigendes Vertrauen in einen minimalen Ausschnitt aus der Evolutionsmaschine Natur, der in den Gendatenbanken abgelegt ist.

Die Wissenschaft und die von ihr beratene Politik werden weiterhin ihrer selbstgemachten Krise nachlaufen müssen. Obwohl es sehr zweifelhaft ist, dass ein Virus, das bei 50 – 70 % der Infizierten keine (!) Symptome hervorruft, genau dann in Europa ankam, als man die Tests gestartet hat – wie einige jetzt mit Hilfe der Kurven zur Übersterblichkeit glauben machen wollen. Und das bei einer Krankenpopulation, bei der 40 % der Intensivpatienten schwerstpflegebedürftig direkt aus dem Pflegeheim auf die Intensivstation kamen. So schildert Matthias Thöns, Facharzt für Notfall- und Palliativmedizin:

„Wir müssen ja bedenken, dass es sich bei den schwer erkrankten COVID-19-Betroffenen um hochaltrige, vielfach erkrankte Menschen handelt. 40 Prozent von denen kommen schwerstpflegebedürftig aus Pflegeheimen, und in Italien sind von 2.003 Todesfällen nur drei Patienten ohne schwere Vorerkrankungen gewesen. Also es ist eine Gruppe, die üblicherweise und bislang immer mehr Palliativmedizin bekommen hat als Intensivmedizin, und jetzt wird so eine neue Erkrankung diagnostiziert und da macht man aus diesen ganzen Patienten Intensivpatienten.“

Fehllarme – eine soziale Autoimmunkrankheit

In dem derzeitigen medialen Klima und unter dem immensen politischen Druck, auch nachträglich die drakonischen Maßnahmen und deren Folgen zu rechtfertigen, ist es sehr zweifelhaft, dass es zur Zoonose-Hypothese und zu einer umsichtigen Risikoabschätzung noch eine unabhängige wissenschaftliche Diskussion geben wird. Für welche Forschungsanträge wird wohl Geld bewilligt werden?

Die Evolution läuft schon Millionen Jahre, doch in den letzten 20 Jahren werden durch Virologen alle 3-5 Jahre neue "Todesviren" entdeckt, welche angeblich die Menschheit schwer bedrohen: MERS, SARS 1, SARS 2, Schweinegrippe, Vogelgrippe und so weiter. Sind wir wirklich so blind? Oder sehen wir, dass der Kaiser nackt ist?

Über den Autor: Dr. med. Wolfgang Wodarg, Jahrgang 1947, ist Internist und Lungenarzt, Facharzt für Hygiene und Umweltmedizin sowie für öffentliches Gesundheitswesen und Sozialmedizin. Nach seiner klinischen Tätigkeit als Internist war er unter anderem 13 Jahre Amtsarzt in Schleswig-Holstein, gleichzeitig Lehrbeauftragter an Universitäten und Fachhochschulen und Vorsitzender des Fachausschusses für gesundheitlichen Umweltschutz bei der Ärztekammer Schleswig-Holstein; 1991 erhielt er ein Stipendium an der Johns Hopkins University, Baltimore, USA (Epidemiologie).

Als Mitglied des Deutschen Bundestages von 1994 bis 2009 war er Initiator und Sprecher in der Enquête-Kommission "Ethik und Recht der modernen Medizin", Mitglied der Parlamentarischen Versammlung des Europarates, dort Vorsitzender des Unterausschusses Gesundheit und stellvertretender Vorsitzender des Ausschusses für Kultur, Bildung und Wissenschaft. 2009 initiierte er in Straßburg den Untersuchungsausschuss zur Rolle der WHO bei der H1N1 (Schweinegrippe) und war dort nach seinem Ausscheiden aus dem Parlament als wissenschaftlicher Experte weiter beteiligt. Seit 2011 ist er als freier Hochschullehrer, Arzt und Gesundheitswissenschaftler tätig und war bis 2020 ehrenamtlich als Vorstandsmitglied und Arbeitsgruppenleiter Gesundheit bei Transparency International Deutschland engagiert.

Hinweis: Dieser Artikel erschien zuerst [auf wodarg.com](http://auf.wodarg.com). Er wurde leicht bearbeitet.