

Drosten betreibt Bioinformatik statt Laborarbeit!

by articular/FreePik®

Corona-Virus-Konsensfindung ein paar Mausclicks

Die Wurzel: Der Konsensfindungsprozess, was zum Masern-Virus gehört und was nicht, dauerte Jahrzehnte. Wie kann es sein, dass beim angeblich neuen Corona-Virus Sars-CoV-2 dieser Konsensfindungsprozess nur noch ein paar Mausclicks lang dauerte? Und auf welcher wissenschaftlichen Grundlage?

Stefan Lanka: Es ist Prof. Christian Drosten von der Charité, der die Bioinformatik in der Virologie revolutionierte und vollkommen von der Laborarbeit ablöste.

So war es ihm 2003 in der von ihm wesentlich mitbegründeten SARS-Panik möglich, schon zwei Tage nach der Behauptung, dass der Erbgutstrang des angeblich neuen SARS-Virus rekonstruiert sei, einen Test für diese Fiktion anzubieten. Er war wesentlich am Schweinegrippe- und ZIKA¹-Terror beteiligt und wurde immer schneller, schneller als sein Schatten...

...Drosten schneller als Chinesische Seuchenbehörde

Noch bevor die Virologen der Chinesischen Seuchenbehörde sich auf die Zusammensetzung des Erbgutstranges des bis heute nur „vermuteten“ Virus einigten, hatte Christian D. schon seinen Test entwickelt und der WHO am 17.01.2020 zur Verfügung gestellt. Mit seinem Tun, ein paar Mausclicks, hat er die durch einen Augenarzt in Wuhan ausgelöste gefährliche aber lokale Massenpanik globalisiert. Siehe meinen Beitrag „Fehldeutung Virus Teil II. Vom Anfang und Ende der Corona-Krise“ im Magazin WissenschaftPlus 2/2020, der auch frei zum Verteilen auf unserer Seite wissenschaftplus.de zu finden ist.

Bioinformatikern ist die Gensequenz-Quelle egal

Bei der Konstruktion der Idee der Erbgutstränge der Grippe-Viren hat man noch Hühnerembryonen mechanisch verletzt und vergiftet und aus den kurzen Nukleinsäure-Sequenzen des absterbenden Gewebes noch mühsam händisch ein Modell erstellt. Heute tun das entsprechende Computerprogramme, in die man die Sequenzen hineingibt, die die Virologen als viral ausgeben. Woher diese Sequenzen stammen, ist den Bioinformatikern egal, die die Genome der fiktiven Viren durch „Alignment“ (Ausrichtung) erstellen. Vor dieser Entwicklung hat übrigens Erwin Chargaff schon 1976 in einem Buch „Das Feuer des Heraklit“ gewarnt.

Die Wurzel: Nun kommt noch bei der Corona-Virus-„Entwicklung“ die gedankliche Konstruktion des „viralen Erbgutstrangs“ ins Spiel.

Stefan Lanka: Bei der Konstruktion des aktuellen Corona-Virus (SARS-CoV-2) wurden zuerst nur sog. Gensequenzen aus einer Lungenspülung verwendet. Nachdem die Sequenz-Daten sehr kurzer Stückchen mühsam durch mehrere Programme gequält wurden, wurde aufgrund dieser „Sequenz-Daten“ ein vollständiger Erbgutstrang eines neuen Virus vorgeschlagen. Dieser Vorschlag wurde dadurch bestätigt und zum generellen Modell erhoben, nachdem diese mühsame Konstruktion mit den „Gensequenzen“ aus den Lungen von drei anderen Menschen wiederholt wurde.

Haltloses Virusmodell mit künstlichen Gensequenzen

Als eigentlichen Beweis für die Existenz eines neuen Virus defi-

nieren die Beteiligten, wenn das „Virus“ „kultiviert“ werden kann. Hierfür werden Gewebe im Labor durch (unbeabsichtigtes) Verhungern und Vergiften getötet. Und weil in diesen Prozess noch ein wenig „infiziertes“ Material hinzugegeben wird, glauben die Beteiligten, dass sich das Gewebe in Viren verwandelt.

Klar, sie fragen sich nicht, warum im Gegensatz zu den Phagen nicht ebenso Milliarden an Viren gesehen, isoliert und deren Erbgutstrang intakt isoliert werden kann. Also fangen sie an, aus den kurzen vorhandenen Gensequenz-Stückchen das angenommene große Ganze „Genom“ des angenommenen Virus zu rekonstruieren. Mit dem Unterschied, dass bei diesem Akt des Kultivierens große Lücken bei der Rekonstruktion des ganzen Erbgutstranges übrig bleiben. Diese werden mühsam gefüllt, indem künstliche Gensequenzen hergestellt werden, um die Lücken des Modells zu füllen. Das ist Selbsttäuschung innerhalb der „virologischen“ Selbsttäuschung.

Die Wurzel: Wieso behaupten chinesische Wissenschaftler, dass das China-Corona-Virus-2019 aus giftigen Schlangen stammt?

Corona-Gensequenzen in jedem Lebewesen

Stefan Lanka: Sie behaupten das, weil sie in Schlangen Sequenzen finden, die auch im Corona-Modell auftauchen. Was sie aber verschweigen ist, dass in jedem Lebewesen die gleichen Sequenzen auftauchen, aus denen man Corona und alle die anderen Viren-Erbgutstränge nur rein gedanklich konstruiert hat. Das erklärt, warum auch Papayas „positiv“ getestet werden. Das ist eine wichtige Botschaft von Corona: Alles und jedes ist positiv!

Die Wurzel: Und wie verhält es sich genau mit den Viren-Tests?

S. Lanka: Wenn aus kurzen Nukleinsäure-Sequenzen, die in jedem Organismus vorkommen, etwas Längeres konstruiert wird, das es nicht gibt, ist doch klar, dass die sog. genetischen Nachweisverfahren für Viren (PCR-Tests), die nur die Anwesenheit sehr kurzer Sequenzen nachweisen, alles und jeder, auch der Baum, „positiv“ getestet werden kann. Das ist nichts anderes als gefährliche Science-Fiktion in Aktion.

Kurze DNA-Sequenzen kommen in jedem Organismus vor, auch in einem Baum oder einer Papaya. In der Tat kommen diese kurzen Sequenzen² überall vor. Doch ein virales Genom (sprich Virus) ist als etwas längeres definiert, das aus mehreren „Genen“ besteht. Bei der ersten Konstruktion eines menschlichen viralen Genoms haben sich die „Wirrologen“ am Genom der Phagen orientiert. Ein „Virus“ braucht ja mehrere Gene, um seine angeblichen Hüllproteine und Enzyme zu bilden. Mit der PCR-Methode können nur kleine Stückchen nachgewiesen werden und die sagen nicht aus (wenn man von der Existenz von Viren ausgeht), ob nur Viren-Bruchstücke (nach einer „Immun-Attacke“), nur defekte Viren oder harmlose Viren vorliegen oder ob die Viren-Menge zu gering ist, um ein Massaker zu bewirken. Aber da es gar keine Viren gibt, nur als Modell, fällt das Ganze sowieso flach.

Menschliches Fötenserum für Impfstoffentwicklung?

Die Wurzel: Ich habe gelesen, dass in Impfstoffen Seren von abgetriebenen, menschlichen Föten enthalten sein können.

Stefan Lanka: Was tatsächlich gemacht wurde ist, dass für Infekti-

²Sequenzen unterhalb einer Länge von 22 Nukleotiden (Bausteine der DNA/RNA) kommen in jedem Säugetier vor, sind nicht Virus-spezifisch und werden dennoch in der Konstruktion der „viralen Genome“ verwendet.

¹Die Behauptung der Existenz von ZIKA-Viren geht auf das Jahr 1947 zurück, als Viren anders definiert wurden als nach 1952. Es ist nach einem Wald in Entebbe, Uganda, benannt, wo Affen für „Infektionsversuche“ gequält wurden.