

Warum die offizielle Theorie über COVID-19 nicht haltbar ist

Fabio Franchi, MD

Unabhängiger Forscher und ehemaliger „Dirigente Medico“ (Ärztlicher Direktor) in der Abteilung für Infektionskrankheiten, Triest, Italien; Spezialist für Infektionskrankheiten, Hygiene und Präventivmedizin; E-Mail: ffranchi60@gmail.com (<https://orcid.org/0009-0002-2107-9312>)

Zusammenfassung

Ungeachtet der immensen Anzahl wissenschaftlicher Publikationen zu COVID-19 gibt es immer noch kritisch wichtige Aspekte der Sachlage, die nicht ausreichend untersucht wurden. Die Probleme betreffen die Definition, die Diagnose und die verwendeten Tests. Sie sind alle fragwürdig. Selbst wenn sie alle stillschweigend als korrekt akzeptiert würden, bleibt die aktuelle Mainstream-Theorie unhaltbar: Sie kann nicht erklären, was geschehen ist, d.h. die Pandemie in der Version, die mehr oder weniger als wissenschaftlicher Konsens präsentiert wird. Der einfache Grund ist, dass das Virus namens „SARS-CoV-2“ – laut Umfragen, die mit dem weit verbreiteten Test zu seiner Identifizierung durchgeführt wurden – bereits in den Vor-Pandemie-Jahren weltweit verbreitet war, bevor es offiziell „entstand“, und niemand es bemerkte. Es gibt reichliche Beweise für diese Tat-

Schlüsselwörter : zelluläre Immunität, COVID-19-Pandemie-Theorie, Epidemiologie, Falsifizierbarkeitstheorie, IgG versus IgM, RT-PCR-Test, SARS-CoV-2-spezifische Antikörper

Einleitung

Die Anzahl der über COVID-19 veröffentlichten wissenschaftlichen Arbeiten ist beeindruckend: Bis Juni 2025 waren über 480.000 Artikel auf Pubmed in den fünfeinhalb Jahren seit der ersten Ankündigung des Beginns der COVID-19-Pandemie registriert worden. Es könnte daher angenommen werden, dass das Thema in all seinen Aspekten ausreichend erforscht wurde. Das Phänomen COVID-19 ist zweifellos die am intensivsten erforschte Infektionskrankheit in der Geschichte der Medizin. Im Vergleich dazu gab es weitaus weniger Veröffentlichungen zu HIV-AIDS – lediglich etwas über 186.000 auf PubMed über einen Zeitraum von nicht weniger als 44 Jahren – eine Periode, die mit den ersten Berichten über eine neue Art von Pathologie unter US-amerikanischen Homosexuellen (Zentren für Krankheitskontrolle und Prävention, 1981) begann. Diese Veröffentlichungen legen einen Zeitrahmen fest, der achtmal länger ist als die Zeit für die Publikation von Arbeiten zu COVID-19. Doch diejenigen, die meinen,

dass in dieser Angelegenheit alles geklärt sei, irren sich: Ernsthafte Zweifel bestehen weiterhin bei den zentralsten und drängendsten Fragen.

Die schiere Quantität wissenschaftlicher Forschung und Produktion geht nicht notwendigerweise mit Qualität einher. Es ist zum Beispiel unbestreitbar, dass mehr als die Hälfte der peer-reviewten und publizierten Arbeiten keinerlei Wert besitzen (Ioannidis 2005, Lundberg 2018), und der Rest ist ebenfalls nicht frei von persistierenden Problemen. Die übertriebene Produktion wissenschaftlicher Arbeiten ohne jede ernsthafte Prüfung bleibt ein Problem, das bereits in der Vergangenheit bekannt war, und seit dem Aufkommen der COVID-19-Erzählung haben die Dimensionen dieses Phänomens nur exponentiell zugenommen. Es ist zudem menschlich unmöglich, auch nur einen flüchtigen Blick auf all diese publizierten Arbeiten zu werfen: Ein Leben würde nicht ausreichen, um alle zu lesen. John Maddox, der renommierte Herausgeber von *Nature* (für 22 Jahre), war sich dieses Problems sehr bewusst und zutiefst darüber besorgt.

Er verfasste 1988 ein Editorial mit dem bezeichnenden Titel „Den Wald vor lauter Bäumen finden“:

Besteht in der Molekularbiologie die Gefahr, dass die Akkumulation von Daten der Assimilation in ein konzeptionelles Gerüst so weit vorausgeht, dass die Daten schließlich zu einer Belastung werden? Ein Teil des Problems ist, dass die Aufregung der Jagd wenig Zeit für Reflexion lässt. Und es gibt Stipendien für die Produktion von Daten, aber kaum welche für das Innehalten zur Kontemplation.

Auf der Suche nach solcher Kontemplation stelle ich die folgende Frage: Gibt es Schlüssel zu einem tieferen Verständnis der COVID-19-Problematik, die in all der hektischen wissenschaftlichen Produktion, die der Ankündigung der „Pandemie“ folgte, verborgen sind? Sicher ist, dass ein Großteil davon nicht einmal einem Peer-Review unterzogen wurde, sondern aufgrund des angekündigten und wahrgenommenen „Notstands“ aus Preprints bestand.

Methoden und Ergebnisse

Es wurde eine Recherche in der wissenschaftlichen Literatur mittels der bereits erwähnten Schlüsselwörter durchgeführt. Dies ist keine vollständige Rezension, sondern eine Recherche, in der nur jene Arbeiten kurz beschrieben werden, die für die aktuelle Debatte als bedeutsam erachtet werden. Ziel ist es, einige der signifikanten Daten mithilfe eines fundierten methodologischen Ansatzes zu sichten.

Ich begann mit der Beobachtung, dass es konsistente Kritik an zahlreichen Aspekten der Darstellung gibt, welche folgende Punkte betreffen: a) die Tests zur Bestimmung der Präsenz von SARS-CoV-2 (Gallagher 2020; Reuters 2020; Watson et al. 2020¹; Borger et al. 2020; Kämmerer et al. 2023; Serpieri & Franchi 2024); b) die Anzeichen/Symptome von Krankheitszuständen, die COVID-19 zugeschrieben werden (z.B. Franchi und Tomsic, 2023); c) die wahre Natur der Impfstoffe (z.B. Latypova, 2020; Segalla, 2024). Die Epidemiologie wurde insbesondere durch einen eigentümlichen Ansatz zur Falldefinition geleitet (WHO 2020; CDC 2023), der äußerst breit gefasst war und die Diagnose von bestätigtem COVID bei jeder klinischen Bedingung, einschließlich des Wohlbefindens (siehe Tabelle 1), ermöglichte. Wie die Tabelle zeigt, würde bei einem positiven Ergebnis eines umstrittenen Nukleinsäure-Amplifikationstests (NAAT) der Zustand in der ersten Spalte von Tabelle 1 die Person in die Klasse der Patienten mit einer voll ausgeprägten COVID-19-Krankheit einordnen. Diese Tabelle mag wie ein Scherz wirken, doch sie repräsentiert genau das, was tatsächlich geschehen ist. Ein extremes Beispiel, das in den Abruzzen, Italien, für Aufsehen sorgte, war der Fall eines 41-jährigen Mannes, der durch Ertrinken starb, aber ein NAAT-Abstrich zeigte ihn positiv für COVID-19, sodass er am 29. September 2020 „zu den Opfern der Epidemie gezählt“ wurde (siehe den Bericht von Donat-Cattin, 2020). Trotz der Absurditäten und der

¹ Watson et al. schrieben: „Das Fehlen eines eindeutigen ‚Goldstandards‘ stellt eine Herausforderung für die Evaluierung von COVID-19-Tests dar; pragmatisch betrachtet könnte die klinische Beurteilung der bestverfügbare ‚Goldstandard‘ sein, basierend auf wiederholten Abstrichen, der Anamnese, dem Kontakt mit bekanntermaßen an COVID-19 erkrankten Patienten, Thoraxröntgenaufnahmen und Computertomographien. Dies führt unweigerlich zu einem gewissen ‚incorporation bias‘, bei dem der zu evaluierende Test Teil des Referenzstandards wird [...]“

Von den darauf folgenden Kritiken schien keine zu der notwendigen eindeutigen Schlussfolgerung zu führen, zu der sie meiner Meinung nach hätte führen sollen. Vielmehr führten alle widersprüchlichen Komponenten des COVID-19-Phänomens lediglich zu einem Komplex scheinbar endloser Debatten.

Tabelle 1

Gemäß der WHO-Falldefinition wurde jede Pathologie, jeder Zustand, jede Verletzung oder jeder Todesfall als „bestätigter COVID-19-Fall“ eingestuft, wann immer der angewandte Nukleinsäure-Amplifikationstest (NAAT) ein positives Ergebnis erbrachte.

Zustand	NAAT-Ergebnis	Diagnose
Akutes Herzversagen	POSITIV	COVID-19
Akutes Herzversagen	NEGATIV	Akutes Herzversagen
Interstitielle Pneumonie	POSITIV	COVID-19
Interstitielle Pneumonie	NEGATIV	Interstitielle Pneumonie
Ein Pickel	POSITIV	COVID-19 (potenziell tödlich)
Ein Pickel	NEGATIV	Nur ein Pickel
Tod durch Ertrinken	POSITIV	COVID-19 (tödlich)
Tod durch Ertrinken	NEGATIV	Todesfall durch Ertrinken

Ich schlage daher hier einen anderen Ansatz vor, der den Trugschlüssen des Zirkelschlusses entgeht. Karl Popper (1934/1959) vertrat die Ansicht, dass eine Theorie nur dann wissenschaftlich ist, wenn sie der Möglichkeit experimenteller Tests oder Beobachtungen ausgesetzt ist, die sie widerlegen könnten. Eine wissenschaftliche Theorie muss korrekte Vorhersagen ermöglichen. Wenn ihre Vorhersagen mit experimentellen Beobachtungen übereinstimmen, ist die Theorie bestätigt; andernfalls muss sie verworfen oder modifiziert werden. Tatsächlich wird eine gute Theorie an der Vergangenheit gemessen. Was sind ihre überprüfbaren Konsequenzen? Ich werde die folgende Antwort auf diese Fragen detailliert darlegen:

Wenn das SARS-CoV-2-Virus eine neuartige Entität war, die bis Dezember 2019 nicht existierte, hätte es vor diesem Zeitpunkt nicht gefunden werden können; es wurde jedoch gefunden. Die Ergebnisse der vorliegenden Forschung reichen aus, um zu dem Schluss zu kommen, dass die derzeit akzeptierte Theorie, dank der hier von mir berichteten Ergebnisse, eindeutig falsifiziert ist.

Der wissenschaftliche Konsens über die Entstehung der COVID-19-Pandemie

Zusammenfassend wurden für die Pandemie, deren gemeldetes Epizentrum im Dezember 2019 in Wuhan lag, nur drei Möglichkeiten in Betracht gezogen: Sie musste das Ergebnis einer „natürlichen, zufälligen oder vorsätzlichen“ Verbreitung von SARS-CoV-2 sein (z.B. Gostin et al. 2023). SARS-CoV-2 wurde – ohne materiellen Beweis ² – zur alleinigen Ursache der Pathologien erklärt, die als COVID-19 ³ identifiziert und/oder damit assoziiert wurden. Forschung

² Die tatsächliche Isolation des SARS-CoV-2 wurde von einigen Forschern von Anfang an infrage gestellt. FOIA-Anfragen wurden an verschiedene öffentliche Institutionen gerichtet, um Dokumente zu erhalten, die dies belegen könnten. Es wurde kein einziges gefunden, und die gesamte Sammlung von Fragen und Antworten wurde von Massey (2021) öffentlich gemacht.

³ Tatsächlich bleibt die Frage „Welches sind die ersten drei Arbeiten, die die kausale Korrelation zwischen SARS-CoV-2 und der Krankheit COVID-19 zeigen?“ bis heute ohne eine angemessene Antwort, genau wie im Jahr 2020. Die Positivität des Referenztests (RT-PCR) war weder notwendig noch ausreichend für die charakteristischen Symptome und nachfolgenden Krankheitszustände von COVID-19, außer per Definition (WHO 2020a ; CDC 2023 ; Franchi & Tomsic 2023), was den logischen Fehlschluss eines Zirkelschlusses beinhaltet.

Rezenz- und Primäreffekte könnten helfen, diese kognitive Verzerrung zugunsten dieser weithin akzeptierten Erklärung zu erklären (Rubínová & Price, 2024).

Die weitgehend ignorierte vierte Möglichkeit („die weiße Krähe“)

Tatsächlich existiert eine vierte Möglichkeit, wohlwissend, dass wir uns entschieden haben, im viralen Paradigma zu verbleiben, ohne diese zu thematisieren: Das Virus (identifiziert durch das positive Ergebnis der PCR, angeblich der Goldstandard für die COVID-19-Diagnose) war in Italien bereits vor dem offiziellen Ausbruch der Epidemie vorhanden und weit verbreitet, ohne jegliche Anzeichen seiner Existenz zu zeigen – eine Tatsache, die selbst den Kommentaren der Mainstream-Autoren zufolge absolut nicht erwartet wurde. Wir weisen darauf hin, dass die ersten beiden Fälle der COVID-19-Krankheit in Italien am 30. Januar 2020 registriert wurden, als zwei Touristen aus China in Rom positiv auf SARS-CoV-2 getestet wurden. Der erste autochthone (einheimische italienische) Fall wurde am 18. Februar 2020 diagnostiziert.

Drei Studien deuten jedoch auf eine andere Erzählung hin, wobei jede die anderen verstärkt:

1. Die erste Studie (La Rosa et al. 2021), die im November/Dezember 2019 veröffentlicht wurde, betraf die Präsenz von SARS-CoV-2-spezifischen viralen Sequenzen in Abwasserproben aus weit voneinander entfernten Städten. Wenn Forscher das Virus im Abwasser nachweisen konnten, trotz der damit verbundenen Verdünnung, so impliziert dies, dass die Viruslast beträchtlich gewesen sein muss und die ursprüngliche Verbreitung wesentlich früher eingesetzt haben muss.
2. In der zweiten Studie (Apolone et al. 2021) wurden Antikörper in kryokonservierten Seren von asymptomatischen Personen nachgewiesen, die bis in den September 2019 zurückdatiert werden konnten.
3. Die dritte Studie umfasste Autopsien, die in der Vor-Pandemie-Zeit in Mailand von Lai et al. (2021) durchgeführt wurden; dabei wurden 169 verstorbene Personen untersucht, von denen 5 positiv auf das Vorhandensein von Antigenen/Antikörpern und/oder viralen Sequenzen befunden wurden (alle Nachweise erfolgten mittels PCR).

Apolone et al. (2021) formulierten:

Wir untersuchten die Präsenz von SARS-CoV-2-Rezeptor-bindende-Domänen (RBD)-spezifischen Antikörpern in Blutproben von 959 asymptomatischen Individuen, die zwischen September 2019 und März 2020 in eine prospektive Lungenkrebs-Screening-Studie aufgenommen wurden, um den Zeitpunkt des Ausbruchs, die Häufigkeit sowie die zeitlichen und geografischen Variationen in den italienischen Regionen zu verfolgen. SARS-CoV-2 RBD-spezifische Antikörper wurden bei 111 von 959 (11,6 %) Personen nachgewiesen, beginnend im September 2019 (14 %), mit einer Häufung positiver Fälle (>30 %) in der zweiten Februarwoche 2020 und der höchsten Anzahl (53,2 %) in der Lombardei. Diese Studie zeigt eine unerwartet sehr frühe Zirkulation von SARS-CoV-2 unter asymptomatischen Personen in Italien, mehrere Monate bevor der erste Patient identifiziert wurde, und klärt den Beginn und die Ausbreitung der Coronavirus-Krankheit 2019 (COVID-19) Pandemie. Das Auffinden von SARS-CoV-2-Antikörpern bei asymptomatischen Personen vor dem COVID-19-Ausbruch in Italien könnte die Geschichte der Pandemie neu gestalten.

LOGISCHE KONSEQUENZEN

Eine der logischen Konsequenzen ist, dass – sofern wir Antikörper- und Gentests Bedeutung und Zuverlässigkeit beimessen – das Virus viel früher, als in der gängigen Erzählung behauptet (mindestens viele Monate), vorhanden gewesen sein muss, um im September 2019 so weit verbreitet zu sein. Im Übrigen würde der Nachweis von IgM auf eine kürzlich erfolgte Infektion hindeuten (innerhalb der letzten 5 Monate, d.h. bis April 2019), während IgG allein eine ältere Infektion anzeigen würde, die mehr als 5 Monate, vielleicht sogar Jahre, zurückliegt.

Das Virus (ob gentechnisch verändert oder nicht) wurde somit weit entfernt von Wuhan und seinen Laboren zu einem Zeitpunkt gefunden, als die Pandemie gemäß der akzeptierten Darstellung noch lange nicht begonnen hatte, doch die Signifikanz solcher

Befunde scheint von der wissenschaftlichen Gemeinschaft unbeachtet geblieben zu sein. Es war bereits im Umlauf, während die „Gain of Function“ (GoF)-Technologie – angewandt auf das Coronavirus, welches SARS-CoV-2 werden sollte – noch in Entwicklung war und es noch keinen Laborleck aus Wuhan gegeben hatte.

Mit anderen Worten: Die einzigartige mutmaßliche Ursache war vorhanden, nicht jedoch die erwartete Wirkung. Das stellt einen unüberbrückbaren Widerspruch dar.

WAR ES EINE ISOLIERTE ANOMALIE?

Nein: Es existieren zahlreiche Belege für eine präpandemische virale Präsenz weltweit. Auf mindestens fünf Kontinenten wurden positive Tests auf SARS-CoV-2 in verschiedenen Populationen festgestellt, die theoretisch infektionsfrei waren. Hier sind 11 bemerkenswerte Beispiele:

1. In Frankreich schrieben Carrat et al. (2021):

Der erste dokumentierte Fall in Europa wurde retrospektiv in Frankreich bei einem Patienten mit der Diagnose einer Pneumonie und einem positiven SARS-CoV-2 RT-PCR-Ergebnis am 27. Dezember 2019 gemeldet. Dieser Bericht legt nahe, dass eine SARS-CoV-2-Infektion in Frankreich bereits im November 2019 aufgetreten sein könnte.

2. In Deutschland berichteten Braun et al. (2020) bezüglich der präpandemischen zellulären Immunität:

Wir identifizierten S-reaktive CD4+-T-Zellen mittels Durchflusszytometrie anhand ihrer Expression von CD40L und 4-1BB nach In-vitro-Stimulation mit S-Peptiden. ... [auch dass] S-reaktive T-Zellen bei RHDs vorhanden sind kreuzreaktiv mit humanen Coronaviren (hCoVs). Unsere Studie zeigt eine vorbestehende zelluläre SARS-CoV-2-Kreuzreaktivität in einem beträchtlichen Anteil SARS-CoV-2-seronegativer gesunder Spender (HDs). Dieser Befund könnte erhebliche epidemiologische Implikationen bezüglich der Schwellenwerte für die Herdenimmunität und Prognosen für die COVID-19-Pandemie haben.

3. In den Niederlanden wurde von Grifoni et al. (2020) eine T-Zell-Reaktivität festgestellt, die aus den Jahren vor der offiziellen Ausrufung der „Pandemie“ stammte:

Das Verständnis der adaptiven Immunität gegenüber SARS-CoV-2 ist entscheidend für die Impfstoffentwicklung, die Interpretation der Pathogenese der Coronavirus-Krankheit 2019 (COVID-19) und die Kalibrierung von Maßnahmen zur Pandemiebekämpfung. Unter Verwendung von HLA-Klasse-I- und -II-vorhergesagten Peptid-„Megapools“ wurden zirkulierende SARS-CoV-2-spezifische CD8+- und CD4+-T-Zellen in 70 % bzw. 100 % der COVID-19-Rekonvaleszenten-Patienten identifiziert. [...] Wichtig ist, dass wir SARS-CoV-2-reaktive CD4+-T-Zellen bei 40 %–60 % der nicht exponierten Individuen nachgewiesen haben, was auf eine kreuzreaktive T-Zell-Erkennung zwischen zirkulierenden „Erkältungs“-Coronaviren und SARS-CoV-2 hindeutet. Alle Spender wurden zwischen 2015 und 2018 rekrutiert, wodurch jegliche Möglichkeit einer Exposition gegenüber SARS-CoV-2 ausgeschlossen wurde. Wichtig ist, dass vorbestehende SARS-CoV-2-kreuzreaktive T-Zell-Antworten bei gesunden Spendern beobachtet wurden, was ein gewisses Potenzial für eine vorbestehende Immunität in der menschlichen Bevölkerung indiziert.

4. In Russland stellten Gumanova et al. (2022) fest:

Wir untersuchten die Seroprävalenz von Antikörpern, die spezifisch für die S1-Rezeptor-bindende Domäne (RBD) von SARS-CoV-2 sind, in Serumproben aus den Jahren 2011–2021 [...]. Die vorliegende Studie detektierte solche SARS-CoV-2-S1-RBD-spezifischen Antikörper (3–6%) im Serum von Teilnehmern, die zwischen 2011 und 2019 rekrutiert wurden; diese Befunde können zu unserem Verständnis der Ursprünge von SARS-CoV-2 beitragen.

Die Seren wurden von asymptomatischen, rekrutierten Teilnehmern ausgewählt.

5. In den USA erzielten Basavaraju et al. (2020) ähnliche Ergebnisse:

Methoden. Um zu bestimmen, ob SARS-CoV-2-reaktive Antikörper in Seren vor dem ersten identifizierten Fall in den Vereinigten Staaten am 19. Januar 2020 vorhanden waren, wurden archivierte Restproben von 7.389 routinemäßigen Blutspenden, die vom Amerikanischen Roten Kreuz vom 13. Dezember 2019 bis zum 17. Januar 2020 von Spendern aus 9 Staaten (Kalifornien, Connecticut, Iowa, Massachusetts, Michigan, Oregon, Rhode Island, Washington und Wisconsin) gesammelt wurden, in den Zentren für Krankheitskontrolle und Prävention auf Anti-SARS-CoV-2-Antikörper getestet.

Ergebnisse. Von den 7.389 Proben waren 106 mittels Pan-Ig reaktiv. Von diesen 106 Proben standen 90 für weitere Tests zur Verfügung. Vierundachtzig der 90 Proben wiesen eine neutralisierende Aktivität auf, 1 Probe zeigte S1-Bindungsaktivität und 1 Probe hatte eine Rezeptor-Bindungsdomänen-/ACE2-Blockierungsaktivität von >50 %, was auf die Präsenz anti-SARS-CoV-2-reaktiver Antikörper hindeutet. . . .

Schlussfolgerungen. Diese Befunde legen nahe, dass SARS-CoV-2 möglicherweise bereits vor dem 19. Januar 2020 in die Vereinigten Staaten eingeführt wurde.

6. In Saudi-Arabien wurden im Oktober 2019 von Mahallawi et al. (2022) unerwartet SARS-CoV-2-Antikörper im Blut von Arabern gefunden:

Zusammenfassend legen wir Evidenz vor, die die unerwartet frühe Zirkulation von SARS-CoV-2 unter Personen untermauert, die China einige Monate vor der Pandemieerklärung besucht hatten. Diese Ergebnisse stützen die Entstehung und Verbreitung von SARS-CoV-2 vor der offiziellen Deklaration der COVID-19-Pandemie. Der Nachweis von SARS-CoV-2-Antikörpern bei Individuen vor dem offiziell gemeldeten Pandemieausbruch in China könnte die gegenwärtig akzeptierte Zeitlinie der Pandemie neu definieren.

7. In Afrika lieferten Ioannidis und Contopoulos-Ioannidis (2023) eine Übersicht über veröffentlichte Studien, die eine weit verbreitete präpandemische Positivität aufzeigten. Sie schrieben:

Die Positivität war ähnlich für Anti-Nukleokapsid- (14 %) und Anti-Spike-Antikörper (11 %), höher für Anti-Spike1 (23 %) und niedriger für Anti-Rezeptor-Bindungsdomänen-Antikörper (7 %). Die Positivität war im Durchschnitt ähnlich für Immunglobulin M und Immunglobulin G.

Fazit: Präpandemische Proben aus Afrika weisen hohe Raten an Anti-SARS-CoV-2-Seropositivität auf. Auf Länderebene korreliert die Kreuzreaktivität insbesondere mit der Malaria-Prävalenz. Unsere Metaanalyse liefert starke Evidenz für eine präpandemische kreuzreaktive humorale Immunität gegenüber SARS-CoV-2 in Afrika, die eng mit der Malaria korreliert. Weitere Studien zu den involvierten breiteren immunologischen Profilen und den Implikationen für die öffentliche Gesundheit sind erforderlich.

Ioannidis und Ioannidis-Contopoulos (2023) behaupteten, dass „ Kreuzreaktivität insbesondere mit der Malariaprävalenz korreliert “, was zum einen impliziert, dass sie auch ohne „ Malariaprävalenz “ vorhanden sein könnte, und zum anderen, dass alle Ergebnisse als „Kreuzreaktivität“ und somit als falsch-positive Ergebnisse betrachtet werden. Warum? Der einzige Grund ist, „das Virus konnte vor 2020 nicht existieren“, gemäß der vorgefassten Mainstream-Erzählung. Dieselben Ergebnisse in Zeiträumen nach 2020 würden als Beleg für das Vorhandensein einer COVID-19-Infektion angesehen werden. Es manifestiert sich ein spektakuläres Beispiel dafür, wie die Realität willkürlich an eine bevorzugte Hypothese angepasst werden kann, anstatt die theoretische Hypothese an die Fakten anzupassen, wie es eigentlich geschehen sollte.

8. In Kambodscha gab es ähnliche Befunde von Manning et al. (2022):

Schlussfolgerungen: Wir fanden in einem weit verbreiteten, hochspezifischen und validierten ELISA, dass ungefähr 4% bis 14% der präpandemischen Serumproben von Malaria-infizierten Personen in Kambodscha unter Verwendung verschiedener standardisierter optischer Dichte-Schwellenwerte positiv auf nicht-neutralisierende Antikörper gegen SARS-CoV-2-Spike- und RBD [Rezeptorbindungsdomänen]-Antigene waren.

9. In Singapur fanden Le Bert et al. (2020) Anzeichen einer „SARS-CoV-2-Infektion“ in Seren nicht exponierter Spender (gesammelt vor Juli 2019):

Bemerkenswerterweise detektierten wir SARS-CoV-2-spezifische IFN γ -Reaktionen bei 19 von 37 nicht exponierten Spendern.

GRAFISCHE ZUSAMMENFASSUNG

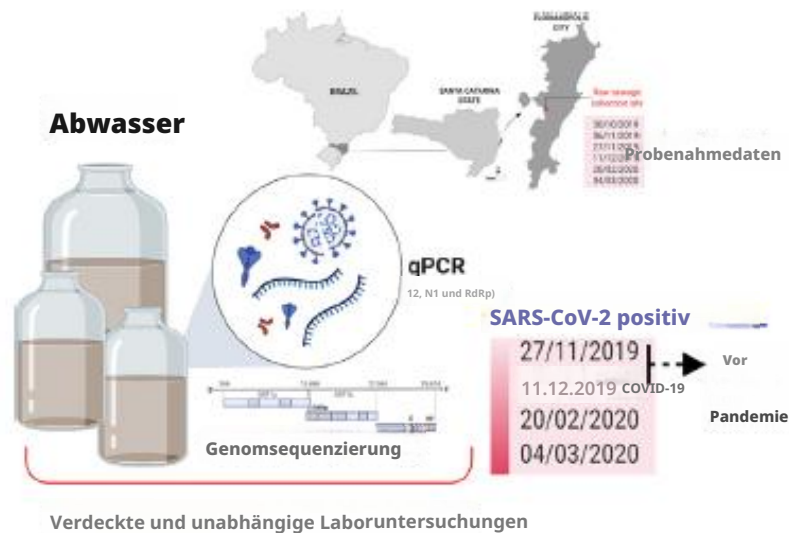


Abbildung 1. Dies ist die grafische Zusammenfassung aus Fongaro et al. (2021), betitelt „The presence of SARS-CoV-2 RNA in human sewage in Santa Catarina, Brazil, November 2019“, veröffentlicht in *The Science of the Total Environment*, 778, 146198 unter der URL <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2021.146198>

10. In Brasilien untersuchten Fongaro et al. (2021) Abwassermaterial auf SARS-CoV-2-Gensequenzen (Abbildung 1). Sie fanden solche im November und Dezember 2019:

Menschliches Abwasser aus Florianópolis (Santa Catarina, Brasilien) wurde von Oktober 2019 bis März 2020 auf das Schwere Akutes Respiratorisches Syndrom Coronavirus-2 (SARS-CoV-2) analysiert. Fünfundzwanzig ml Abwasserproben wurden geklärt und Viren konzentriert [...]. SARS-CoV-2-RNA wurde mittels RT-qPCR unter Verwendung von Oligonukleotiden nachgewiesen, die auf N1, S und zwei RdRp-Regionen abzielten. Die Ergebnisse aller positiven Proben wurden in einem unabhängigen Labor mittels eines anderen RT-qPCR-Systems weiter bestätigt. S- und RdRp-Amplikone wurden sequenziert, um die Identität mit SARS-CoV-2 zu bestätigen. Die Genomsequenzierung erfolgte mittels zweier Strategien [...] Schlussfolgerungen: Wir haben die Präsenz von SARS-CoV-2-RNA bestätigt, was stark auf eine SARS-CoV-2-Zirkulation in Amerika bereits am 27. November hinweist, 56 Tage vor den Berichten über COVID-19-Fälle auf dem Kontinent und über 90 Tage im Falle von Brasilien. Unsere Ergebnisse deuten daher darauf hin, dass SARS-CoV-2 unbemerkt in der Gemeinschaft zirkulierte, und zwar bereits einige Monate bevor der Pandemie-Status erklärt wurde.

11. Das Virus wurde sogar „schwimmend“ im Atlantischen Ozean von La Rosa et al. (2024) nachgewiesen:

Tatsächlich ist das besonders Neue an dieser Studie die Entdeckung viraler RNA in beträchtlichen Entfernungen von der Küstenlinie.

Dreiundvierzig 500-Liter-Proben wurden zwischen Mai 2022 und Januar 2023 aus dem Atlantischen Ozean, dem Mittelmeer, der Arktisregion, dem Persischen Golf und dem Roten Meer entnommen. Mithilfe molekularer Nachweismethoden, einschließlich Real-Time RT-qPCR und Nested PCR, gefolgt von Sequenzierung, konnten wir SARS-CoV-2-RNA in 7 der 43 Meerwasserproben (16,3 %) nachweisen, insbesondere in Proben aus dem Atlantischen Ozean und dem Mittelmeer.

Die geschätzten Konzentrationen von SARS-CoV-2-Genomkopien in den positiven Proben variierten zwischen 6 und 470 pro 100 Liter.

Welche Virusmenge (Dutzende von Pfund?) musste kontinuierlich in den Ozean eingeleitet werden, um die beobachteten Konzentrationen, so weit von der Küste entfernt und ausreichend, um deren mutmaßliche fortschreitende Degradation durch Meerwasser zu kompensieren, zu erzielen? Woher stammten sie und seit wann? Dies scheint nicht im Verhältnis zur Masse der Viren zu stehen, die angeblich in der infizierten Population vorhanden sind und von Sender et al. (2021) geschätzt wurde.

Diskussion

Die derzeit akzeptierte Theorie – selbst bei Billigung ihrer fehlerhaften Prämissen – wurde durch die oben beschriebenen Erkenntnisse vollständig falsifiziert. Das weltweite Vorkommen von „spezifischen“ viralen Sequenzen (die dem SARS-CoV-2-Virus zugeschrieben werden), spezifischen IgG- und IgM-Antikörpern sowie spezifischer zellulärer Immunität in der vorpandemischen Ära macht die Version des fiktiven Ausbruchs aus Wuhan unplausibel. Manchmal wird eine mysteriöse Ausnahme herangezogen, die die Regel bestätigt; dies ist hier jedoch nicht der Fall, denn wir sprechen nicht von einer einzelnen mysteriösen „weißen Krähe“, sondern von ganzen Schwärmen weißer Krähen, wo immer jemand nach ihnen gesucht hat. Nicht einmal ein früherer Ausbruch aus dem Jahr 2018 oder früheren Jahren kann als Erklärung herangezogen werden. Es trifft zu, dass Laborexperimente zur „Gain of Function“ von Coronaviren bereits vor 2013-2014 begannen (Oller 2021) und Virus-Engineering bis in die 1990er-Jahre zurückverfolgt werden kann (z.B. Leparco-Goffart et al. 1997); die meisten modernen Forschungen wurden jedoch nach 2014 entwickelt.

So erhielt beispielsweise Daszak (2014-2019) in einer Reihe von Förderungen an die Eco-Health Alliance Gelder, um Fledermausviren zu sammeln und zu untersuchen, die als vielversprechende Kandidaten für Pathogene mit Pandemiepotenzial (PPP) galten. Einige von ihnen wurden schließlich als Quelle der Hauptsequenz in SARS-CoV-2 betrachtet. Später stuften Yan et al. (2020) RaTG13 als ein Coronavirus ein, das SARS-CoV-2 außerordentlich ähnlich ist. Es wurde angeblich 2013 bei kranken Bergleuten in Mojiang gefunden, und dieselben Autoren vermuten, dass es – und nicht in Fledermäusen entdeckt – von der Forschungsgruppe von Shi Zheng-Li (Zhou et al. 2020) fabriziert wurde. Fünf Jahre zuvor veröffentlichten Ralph Baric und Shi Zheng-Li einen Brief in *Nature* (siehe Menachery et al., 2015), in dem sie die Synthese eines infektiösen, rekombinanten SHC014-Coronavirus voller Länge beschrieben, das aus digital zusammengesetzten genetischen Fragmenten unter Verwendung „veröffentlichter Sequenzen“ bestand

Alina Chan, eine Molekularbiologin am Broad Institute des MIT und Harvard, fasste ihre Ansicht in einem von der *New York Times* (2024) veröffentlichten Übersichtsartikel zusammen. Unter anderem stellte sie fest, dass:

Im Jahr 2021 veröffentlichte *The Intercept* einen durchgesickerten Förderantrag aus dem Jahr 2018 für ein Forschungsprojekt namens Defuse. Dieser Antrag war in Zusammenarbeit zwischen EcoHealth, dem Wuhan-Institut und Ralph Baric an der University of North Carolina verfasst worden, wobei Baric seit Jahren an der Spitze der Coronavirus-Forschung stand. Der Vorschlag beschrieb Pläne zur Schaffung von Viren, die SARS-CoV-2 auffallend ähnlich waren.

Mit anderen Worten, die „Gain-of-Function“-Forschung an Coronaviren begann Jahre zuvor ⁴; die meisten Autoren akzeptierten jedoch die Vorstellung, dass der neue Mikroorganismus im November oder Dezember 2019 freigesetzt wurde. Diese Annahme wurde zum Kern der vorherrschenden Erzählung über die COVID-19-„Pandemie“. Daher würde die Auseinandersetzung über das Datum, an dem das Virus möglicherweise entstanden ist, die tiefere Frage, wie SARS-CoV-2 die Ursache sein könnte, unbeantwortet lassen. In ihrer richtungsweisenden Arbeit behaupteten Zhou et al. (2020):

Die Epidemie, die am 12. Dezember 2019 begann, hatte bis zum 26. Januar 2020 2.794 labordiagnostisch bestätigte Infektionen, darunter 80 Todesfälle, verursacht.

Andersen (2020 ; zitiert von Oller & Santiago 2021) stellt fest:

Schätzungen des Zeitpunkts des jüngsten gemeinsamen Vorfahren von SARS-CoV-2, die mit aktuellen Sequenzdaten erstellt wurden, deuten auf das Auftreten des Virus Ende November 2019 bis Anfang Dezember 2019 hin, was mit den frühesten retrospektiv bestätigten Fällen vereinbar ist.

Fleming (2021) schreibt:

Im Jahr 2019 wurde einer dieser Krankheitserreger absichtlich auf der Welt auf dem Wuhaner Nassmarkt freigesetzt.

Alina Chan, ebenfalls zitiert von Wenstrup und Runz (2024), den Hauptautoren des Abschlussberichts des US-Untersausschusses zur COVID-Pandemie, erklärte hierzu:

Im Dezember 2019 nahmen chinesische Ermittler an, der Ausbruch habe auf einem zentral gelegenen Markt begonnen, der täglich von Tausenden von Besuchern frequentiert wurde. Diese Voreingenommenheit bei der Suche nach frühen Fällen bedeutete, dass Fälle, die nicht mit dem Markt in Verbindung standen oder weit entfernt waren, sehr wahrscheinlich übersehen worden wären. Erschwerend kam hinzu, dass die chinesischen Behörden die Meldung früher Fälle, die nicht mit dem Markt in Verbindung standen, blockierten und unter dem Vorwand von Biosicherheitsvorkehrungen am 3. Januar 2020 die Zerstörung von Patientenproben anordneten, wodurch es nahezu unmöglich wurde, das vollständige Bild der frühesten COVID-19-Fälle zu erhalten. Informationen über Dutzende früher Fälle aus November und Dezember 2019 bleiben unzugänglich.

Angesichts der hier präsentierten Beweise könnte man vermuten, dass es in den Jahren 2011–2019 einen natürlichen Übertritt oder eine Freisetzung des angeblich „tödlichen Virus“ gab, um dessen offensichtliche Verbreitung im Zeitraum vor der „Pandemie“ zu erklären. Eine solche vermeintliche Erklärung stimmt jedoch nicht mit den Fakten überein. Insbesondere fehlt über den gesamten relevanten Zeitraum hinweg eine „Pandemie“-Krankheit mit den COVID-19 zugeschriebenen Merkmalen gänzlich. Zudem machen die Befunde aus Russland, die bereits aus den Jahren 2011–2013 stammen (Gumanova et al. 2022), die Hypothese eines gentechnisch veränderten Virus eher unwahrscheinlich, da die meisten der bekannten Gain-of-Function-Forschungen am „neuen“ Erreger namens „SARS-CoV-2“ noch nicht stattgefunden hatten.

In jedem Fall sind die beschriebenen Befunde unvereinbar mit einer kausalen Rolle von SARS-CoV-2 in der COVID-19-Pandemie. Zur Bestätigung des oben Gesagten verblieb die Gesamtmortalität bis Februar 2020 im selben Schwankungsband (siehe beispielsweise die italienischen Daten in Abbildung 2).

Daraus ergeben sich zahlreiche Konsequenzen:

⁴ Das Zitiieren der „Gain-of-Function“-Forschung dient lediglich dazu, der gegenwärtigen Erzählung zu folgen. Es impliziert keine Zustimmung dazu, dass die „Gain-of-Function“-Forschung zu realen Errungenschaften (d. h. neuen Lebensformen) geführt hat. Tatsächlich hängt die „Gain-of-Function“-Forschung, die auf die Produktion neuer Entitäten abzielt, von spezieller Assembler-Software für kleine RNA-Fragmente ab, wie beispielsweise in Islam et al. (2021) detailliert beschrieben wird. Diese computergestützten Verfahren haben zur Registrierung von über 21,2 Millionen verschiedenen „Isolaten“ derselben winzigen, angeblich infektiösen COVID-19-Viruseinheit, bekannt als SARS-CoV-2 (GISAID, Juli 2025), geführt.

- 1) Die globale Pandemie muss auf eine Weise erklärt werden, die der gängigen Erzählung widerspricht, ebenso wie die damit verbundenen Statistiken. Zum Beispiel konnte der plötzliche Anstieg der Gesamtmortalität in Bergamo (Italien) im März 2020 unmöglich mit der Ausbreitung einer neuen Virusinfektion zusammenhängen, da die Sterblichkeit in einem zu kurzen Zeitraum sprunghaft anstieg. Verdachtsmomente der Manipulation von Statistiken und andere Faktoren, einschließlich irrationaler klinischer Ansätze und toxischer Wirkungen aufgrund von Antiviralika – insbesondere derer, die älteren Menschen verordnet wurden – müssen berücksichtigt werden (Hockett & Engler 2024).
- 2) Die Rolle und die Signifikanz von PCR-, Antikörper- und Antigentests müssen in diesem Kontext bestimmt werden. Ein realistischer und korrekter Ansatz würde es ermöglichen, die problematische Beobachtung aufzulösen, dass Antikörper weder Schutz vor einer SARS-CoV-2-Infektion noch vor der COVID-19-Krankheit boten. Zudem fände auch das Rätsel der „hohen Viruslasten“ bei asymptomatischen Personen (z. B. Lavezzo et al. 2020) eine zufriedenstellende Erklärung.
- 3) Die Hypothese der Kreuzreaktivität wurde von einigen Autoren der zitierten Studien angeführt, jedoch ist sie ein zweischneidiges Schwert: Es kann argumentiert werden, dass die Kreuzreaktivität der durchgeführten Tests und „Immunreaktionen auf Varianten des Coronavirus“ nicht voneinander zu unterscheiden sind. Aus einer anderen Perspektive betrachtet: Wir haben diese Arbeit mit der Annahme begonnen, die spezifischen Tests als vollständig zuverlässig zu betrachten. Die Hypothese der Kreuzreaktivität impliziert jedoch das Gegenteil. Akzeptiert man diese Prämisse nicht, muss man folgern, dass die Tests nicht die ihnen zugeschriebene Bedeutung besitzen, sodass die Hypothese der Kreuzreaktivität die von mir als falsch nachgewiesene Mainstream-Erzählung nicht stützen kann.
- 4) Eine Implikation meiner Erkenntnisse ist, dass die „Impfstoff“-Produkte, die auf COVID-19 und insbesondere auf das SARS-CoV-2-Virus abzielten, keine Bedeutung oder Nützlichkeit haben konnten, nicht einmal theoretisch, da diese Produkte gegen einen Erreger gerichtet waren, der unmöglich die Ursache der Krankheit sein konnte, die sie eigentlich verhindern sollten.
- 5) Die Herkunft und Qualität der Tests müssen erneut überprüft werden. Es muss daran erinnert werden, dass der Referenz- *Goldstandard*- Test, insbesondere PCR, innerhalb weniger Tage in einem Labor entwickelt wurde, in dem keine Verfügbarkeit des angeblichen Erregers gegeben war. Nach der Aussage der Autoren selbst, Corman et al. (2020), hatten sie keine Möglichkeit, Behauptungen über das Virus selbst zu validieren. Sie schrieben:

Wir berichten hier über die Etablierung und Validierung eines diagnostischen Workflows für das 2019-nCoV-Screening und die spezifische Bestätigung, der in Abwesenheit verfügbarer Virusisolate oder originaler Patientenproben entwickelt wurde.

Tägliche Todesfälle und Trend in der Provinz Bergamo, 1. Jan. 2011 - 31. Mai 2022

ISTAT

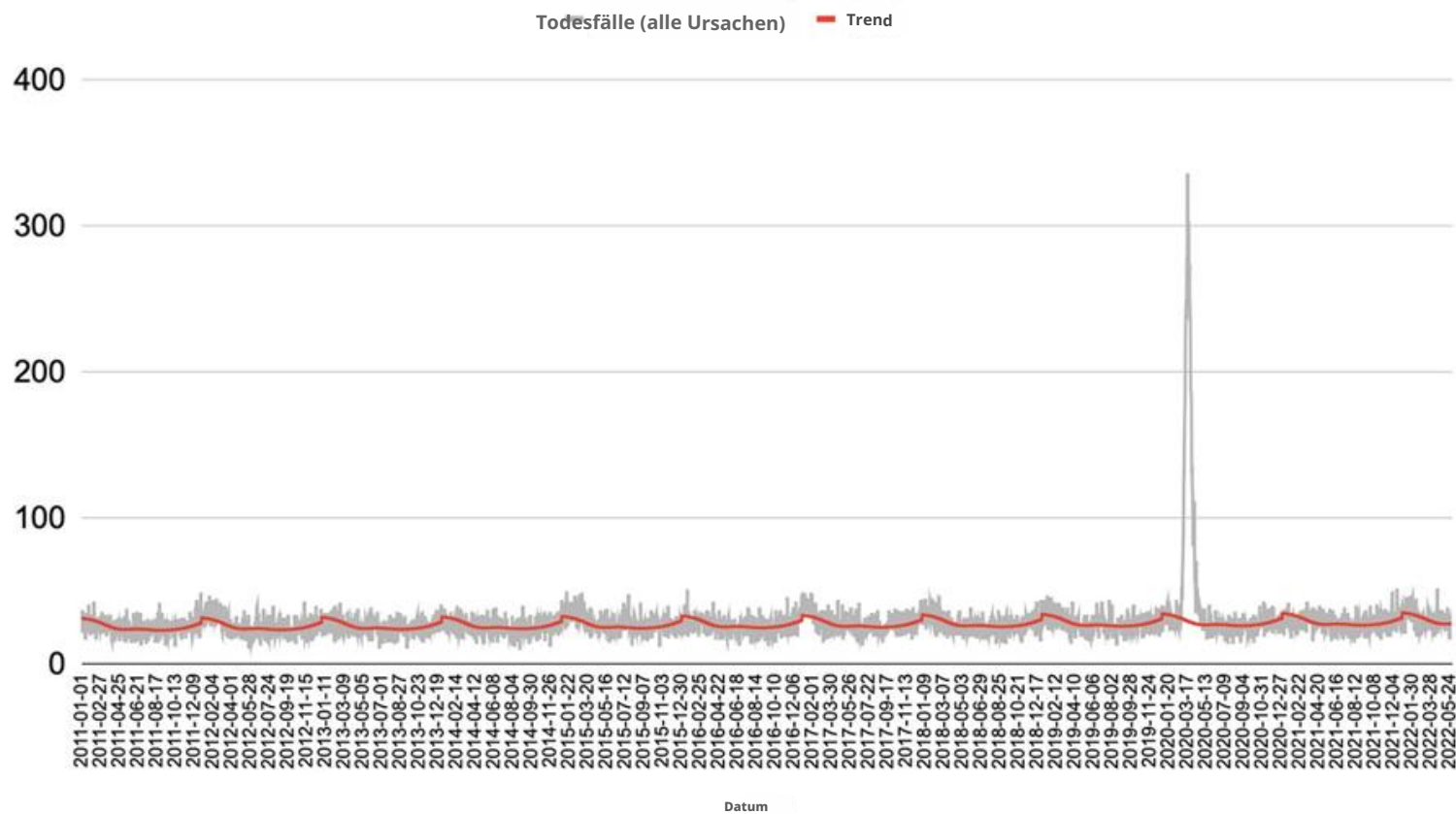


Abbildung 2. Tägliche Todesfälle in der Provinz Bergamo, laut ISTAT. Bergamo war die Provinz mit der höchsten Sterblichkeitsrate für „COVID-19“ in Italien. Aus Hockett, J., & Engler, J. (2024 , 22. September). *Ja, wir glauben, die Gesamttodesfallkurve von Bergamo (Italien) ist betrügerisch* . <https://www.woodhouse76.com/p/yes-we-believe-the-bergamo-italy> .

- 6) Eine solche Behauptung ist selbstwidersprüchlich. Eine Validierung kann in einem solchen Kontext nicht stattfinden. Die Virussequenz wurde ursprünglich am Computer mithilfe spezieller Sequenz-Assemblierungssoftware (Wu et al. 2020) modelliert und weltweit übereilt ohne kritische Diskussion akzeptiert. Die wissenschaftliche Arbeit, die den Test – basierend auf einem bloßen Segment der gesamten Virussequenz (Corman et al. 2020) – einführte, wurde einer der schnellsten Peer-Reviews in der Geschichte der Medizin unterzogen. Sie erforderte nur wenige Stunden („Artikel eingereicht am 21. Jan. 2020 / angenommen am 22. Jan. 2020 / veröffentlicht am 23. Jan. 2020“). Es ist legitim zu bezweifeln, dass die Peer-Review ausreichend rigoros gewesen sein könnte. Die Zeitschrift weigerte sich anschließend, eine vernichtende Kritik von Borger et al. (2020) zu veröffentlichen oder zu kommentieren. Um zu demonstrieren, dass die Ungereimtheiten legitim waren – und bleiben –, sollte daran erinnert werden, dass es anfangs für diesen Test Beschreibungen der positiven oder *negativen Übereinstimmung* der Ergebnisse gab (Abbott 2020 ; Abbott 2025 ; Anonym 2020) anstelle von *Sensitivität* und *Spezifität*. Tatsächlich müssen Spezifität und Sensitivität in Bezug auf die gesicherte An- oder Abwesenheit des Virus selbst berechnet werden (diese Begriffsverschiebung gleicht einem Eingeständnis, dass die Autoren auf eine Scheinvalidierung zurückgreifen mussten, da der reale Goldstandard den Forschenden nicht zur Verfügung stand). Anschließend erfolgte ein stillschweigender Übergang zur Verwendung der Begriffe Spezifität und Sensitivität, ohne jegliche wissenschaftliche oder rationale Rechtfertigung.
- 7) Der unmittelbar zuvor genannte Punkt, Nummer 5, resultiert auch aus der Notwendigkeit, grundlegende Konzepte für die Bewertung von PCR-Tests zu überarbeiten, d.h. die Berechnung von falsch-positiven und falsch-negativen Ergebnissen (Woloshin et al. 2020) gemäß der Prävalenz der Infektion in der Bevölkerung (Wilson 2020). In diesem speziellen Fall ist es schwierig, eine solche Berechnung durchzuführen, da die zur Erkennung des Virus oder der COVID-19-Krankheit verwendeten Tests absurderweise durch nicht validierte Referenztests validiert werden. Sie gleichen einem Hund, der seinem eigenen Schwanz nachjagt, in einem kontinuierlichen Kreis (Anonym 2020, Kämmerer et al. 2023). Zudem stellten die Autoren in der ursprünglichen Arbeit von Zhou et al. (2020) ausdrücklich fest, dass sie 40 PCR-Zyklen zur RNA-Amplifikation verwendeten und positive Ergebnisse mit bis zu 40 Amplifikationszyklen erhielten, was später von der WHO (2020b) als nicht von Hintergrundrauschen zu unterscheiden eingestuft wurde. Es ist bemerkenswert, dass Kary Mullis, der Erfinder des PCR-Tests, maximal 20 Zyklen verwendete. ifizierung in seinem Patent (Mullis et al. 1987).

Schlussfolgerung

Die weite Verbreitung von SARS-CoV-2, gemäß den für seine Identifizierung entwickelten Tests, in Zeiträumen vor 2020, die bis 2011 zurückreichen und geografisch weit entfernt von Wuhan liegen, ist unvereinbar mit der von Gesundheitsbehörden und den etablierten wissenschaftlichen Gemeinschaften weltweit offiziell akzeptierten Theorie. Daher muss diese Theorie als falsifiziert gelten. Diese Falsifizierung hat direkte Konsequenzen, beispielsweise indem sie die Nutzlosigkeit und Irrationalität des sogenannten Impfstoffs klar aufzeigt, der niemals, nicht einmal theoretisch, die Möglichkeit hatte, wirksam zu sein. Diese Falsifizierung impliziert die Notwendigkeit, jeden Aspekt der akzeptierten „Pandemie“-Erzählung, das heißt alle Prämissen, auf denen die umstrittenen Behauptungen basieren, infrage zu stellen.

Angesichts all der Argumente, die gegen die virale Theorie der COVID-19-Pandemie sprechen und die die Möglichkeit ausschließen, dass SARS-CoV-2 ihre Ursache ist, müssen andere Ursachen für ihr Auftreten in Betracht gezogen werden. Angesichts der ungewöhnlichen Breite der diagnostischen Kriterien und der Willkür der Testergebnisse, die praktisch jede gesundheitliche Bedingung oder Todesursache der COVID-19-Krankheit zuschrieben, müssen zahlreiche kausale Faktoren jenseits des computergenerierten SARS-CoV-2 in Betracht gezogen werden. Diese Faktoren lassen sich identifizieren in: a) jeder bereits bekannten Pathologie,

welche die neue Bezeichnung „COVID-19“ erhielt, einschließlich bakterieller interstitieller Pneumonien, die oft un-
behandelt blieben, da man von einer viralen Infektion ausging; b) toxischen Faktoren; c) iatrogenen Erkrank-
ungen, die auf die irrationalen klinischen Ansätze von Hausärzten gemäß den neuen COVID-19-Protokollen
zurückzuführen sind; oder d) den ebenso irrationalen Behandlungsansätzen für hospitalisierte Patienten, welche
die Anwendung gefährlicher „antiviraler“ Medikamente (z. B. Remdesivir) umfassten, sowie e) dem anfänglichen
Schrecken, der durch eine unheilvolle Prognose ausgelöst wurde, und f) weiteren stressinduzierenden Fakto-
ren. Die Epidemiologie von COVID-19 wurde auf diese voreingenommene Weise konstruiert, und die COVID-19
-Statistiken wurden durch die beiden genannten Komponenten aufgebläht: normale Pathologien in der Be-
völkerung, die den neuen Namen COVID-19 erhielten, und tatsächliche Pathologien, die unzureichend behandelt
wurden oder durch medizinische Behandlungen induziert wurden, die auf eine fiktive Ursache abzielten.

Nicht zuletzt sollte meiner Ansicht nach die Methode der Virusisolation vollständig überarbeitet und die
„Gain-of-Function“-Forschung bezüglich des vermeintlichen Infektionserregers von COVID-19, nament-
lich SARS-CoV-2, kritisch auf das hin überprüft werden, was ich für sie halte: eine digitale Konstruktion,
ein Artefakt, das kaum Bezug zur realen Welt hat. Keine Wissenschaft, sondern Science-Fiction.

Interessenkonflikte

Der Autor erklärt, dass er keine Interessenkonflikte hat. Für diese Arbeit wurden keine externen Mittel bezo-
gen und keine externen Interessen haben die getroffenen Schlussfolgerungen beeinflusst.

Danksagungen

Der Autor dankt den Gutachtern dieses Beitrags, die zur Korrektur kleinerer Fehler und zur Verbesserung
der Ausdrucksklarheit beigetragen haben. Der Chefredakteur hat ihn darüber informiert, dass die folgenden
Redakteure dieses Papier zur Veröffentlichung freigegeben haben: John W. Oller, Jr., Christopher A. Shaw,
Stephanie Seneff, Daniel Santiago, Daniel S. Broudy und Christopher Plothe. Verbleibende Mängel gehen
auf ihn selbst zurück. Dieses Papier wurde durch die herausragenden wissenschaftlichen Beiträge von
Eleni Papadopoulos-Eleopoulos, Valendar Turner und Peter Duesberg ermöglicht und inspiriert.

Referenzen

- Abbott. (2020). *Abbott Real Time SARS-CoV-2. Nur zur Verwendung im Rahmen einer Notfallzulassung (EUA)*. Gebrauchsanwei-
sung. REF 09N77-095. April 2020.
[https://www.molecular.abbott/content/dam/add/molecular/products/infectious-disease/realtime-sars-cov-2-
assay/Fact%20Sheet%20for%20Healthcare%20Providers%20Abbott%20RealTime%20SARS-CoV-2.pdf](https://www.molecular.abbott/content/dam/add/molecular/products/infectious-disease/realtime-sars-cov-2-assay/Fact%20Sheet%20for%20Healthcare%20Providers%20Abbott%20RealTime%20SARS-CoV-2.pdf)
- Abbott. (2025) *SARS-CoV-2-Immunoassays: Fortschritte in der Diagnostik von COVID-19*
<https://www.corelaboratory.abbott/us/en/offerings/segments/infectious-disease/sars-cov-2> (Heruntergeladen am 27. Mai 202
5)
- Andersen KG, Rambaut A, Lipkin WL, Holmes EC, Garry RF. (2020). Der proximale Ursprung von SARS-CoV-2. *Nat Med* 26(4)
:450-452. <https://doi.org/10.1038/s41591-020-0820-9>
- Anonym. (2020). Die FDA geht hart gegen COVID-19-Antikörpertests vor. *Awesomcapital*
[https://web.archive.org/web/20221207011821/https://awesomcapital.wordpress.com/2020/05/07/fda-clamps-
down-on-covid-19-antibody-tests/](https://web.archive.org/web/20221207011821/https://awesomcapital.wordpress.com/2020/05/07/fda-clamps-down-on-covid-19-antibody-tests/)
- Apolone G, Montomoli E, Manenti A, Boeri M, Federica F, Hyseni I, Livia Mazzini L, Martinuzzi D, Cantone L, Milanese
G, Sestini S, Suatoni P, Marchianò A, Bollati V, Sozzi G & Pastorino U (2021) Unerwarteter Nachweis von SARS-CoV-2
-Antikörpern in der vorpandemischen Periode in Italien. *Tumors*. Okt; 107(5):446-451.
<https://doi.org/10.1177/0300891620974755>
- Bandirali M, Sconfienza LM, Serra R, Brembilla R, Albano D, Pregliasco F E, Messina C. Thoraxröntgenbefunde bei asymptomatischen
und minimal symptomatischen unter Quarantäne gestellten Patienten in Codogno, Italien, während der COVID-19-Pandemie.
Radiologie. 2020; 295(3):E7. <https://pubs.rsna.org/doi/epdf/10.1148/radiol.2020201102>

- Basavaraju SV, et al. (2021) Serologische Tests von US-Blutspenden zur Identifizierung von Antikörpern gegen das Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 (SARS-CoV-2): Dezember 2019 – Januar 2020. *Klinische Infektionskrankheiten* . 72(12):E1004-E1009. <https://doi.org/10.1093/cid/cia1785>
- Borger P, et al. (2020). *Corman-Drosten Review Report*, kuratiert von einem Internationalen Konsortium von Wissenschaftlern in den Biowissenschaften (ICSLS). https://www.academia.edu/68591924/Corman_Drosten_Review_Report_Curated_by_an_International_Consortium_of_Scientists_in_Life_Sciences_Icsls ; auch <https://doi.org/10.31219/osf.io/9mij7>
- Braun, J., Loyal, L., Frentsch, M. et al. (2020). SARS-CoV-2-reaktive T-Zellen bei gesunden Spendern und Patienten mit COVID-19. *Nature* 587, 270-274. <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2598-9>
- Carrat F, Figoni J, Henny J, Desenclos JC, Kab S, de Lamballerie X, Zins M.(2021) Hinweise auf eine frühe Zirkulation von SARS-CoV-2 in Frankreich: Ergebnisse der bevölkerungsbasierten „CONSTANCES“-Kohorte . *Europäische Zeitschrift für Epidemiologie* . 36(2):219-222. <https://doi.org/10.1007/s10654-020-00716-2>
- Zentren für Krankheitskontrolle und Prävention. (1981). Kaposi-Sarkom und Pneumocystis-Pneumonie bei homosexuellen Männern – New York City und Kalifornien. *Morbidity and Mortality Weekly Report* , 1981;30:305-8. <https://www.cdc.gov/mmwr/preview/mmwrhtml/00001114.htm>
- Zentren für Krankheitskontrolle und Prävention. (2023) Nationales Meldesystem für übertragbare Krankheiten (NNDSS). *Coronavirus Disease 2019 (COVID-19) 2023 Falldefinition*. <https://ndc.services.cdc.gov/case-definitions/coronavirus-disease-2019-2023/>
- Chan A (2024) Warum die Pandemie wahrscheinlich in einem Labor begann, in 5 Kernpunkten, *The New York Times*. <https://www.nytimes.com/interactive/2024/06/03/opinion/covid-lab-leak.html>
- Corman VM, Landt O, Kaiser M, Molenkamp R, Meijer A, Chu DKW et al. (2020). Nachweis des neuartigen Coronavirus 2019 (2019-nCoV) mittels Real-Time RT-PCR. *Euro Surveillance* 25 (3):2000045. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.3.2000045>
- Daszak, P. (2014-2019). *Das Risiko des Auftretens von Fledermaus-Coronaviren verstehen* . <https://grantome.com/grant/NIH/R01-AI110964-06>
- Donat-Cattin R. (2020). Er starb durch Ertrinken, wurde aber zu den COVID-Toten gezählt. [*Muore annegato ma rientra nei morti per COVID*] . <https://comedonchisciotte.org/muore-annegato-ma-rientra-nei-morti-per-covid/> Fleming RM (2021). *Ist COVID-19 eine Biowaffe? Eine wissenschaftliche und forensische Untersuchung* (1. Auflage). Skyhorse. <https://www.barnesandnoble.com/w/is-covid-19-a-bioweapon-richard-m-fleming/1139680021>
- Fongaro G, Stoco PH, Souza DSM, Grisard EC, Magri ME, Rogovski P, Schörner MA, et al. (2021). Die Präsenz von SARS-CoV-2-RNA im menschlichen Abwasser in Santa Catarina, Brasilien, November 2019. *Science of the Total Environment* . 778 146198. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2021.146198>
- Franchi F, Tomsic J. (2023) Comments on Kämmerer, et al. regarding RT-PCR Testing. *International Journal of Impfstofftheorie, Practice, and Forschung* 3 (1), 10. Juni 2023. <https://doi.org/10.56098/ijvtr.v3i1.81>
- Gallagher J (2020). *Sind Coronavirus-Tests fehlerhaft?* BBC. 13. Februar 2020. <https://www.bbc.com/news/health-51491763>
- GISAID (2025). hCoV-19 Data Sharing. <https://gisaid.org/>
- Gostin LO, Gronvall GK (2023). Die Ursprünge von COVID-19 – Warum es wichtig ist (und warum nicht). *New England Journal of Medicine*. 22. Juni; 388(25):2305-2308 <https://doi.org/10.1056/NEJMp2305081>
- Grifoni A, Weiskopf D, Ramirez SI, Mateus J, Dan JM, Moderbacher CR, et al. (2020). Ziele von T-Zell-Antworten auf das SARS-CoV-2 Coronavirus bei Menschen mit COVID-19-Krankheit und nicht exponierten Individuen. *Cell* 181 , 1489-1501.e15. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2020.05.015>
- Gumanova NG, Gorshkov AU, Bogdanova NL, Korolev AI, Drapkina OM (2022). Nachweis von Anti-SARS-CoV-2-S1 RBD-spezifischen Antikörpern vor und während der Pandemie in den Jahren 2011-2021 sowie eine COVID-19-Beobachtungsstudie in den Jahren 2019-2021. *Vaccines (Basel)* 10 (4):581. PMID: 35455330; PMCID: PMC9032149. <https://doi.org/10.3390/vaccines10040581>
- Hockett J , Engler J. (2024). *Ja, wir glauben, dass die Kurve der Gesamttodesfälle in Bergamo (Italien) betrügerisch ist*. 24. Nov. 2024. <https://www.woodhouse76.com/p/yes-we-believe-the-bergamo-italy>
- Ioannidis JPA (2005). Warum die meisten veröffentlichten Forschungsergebnisse falsch sind. *PLoS Med*, 2(8), e124. <https://doi.org/10.1371/journal.pmed.0020124>
- Ioannidis JPA (2020). Coronavirus-Krankheit 2019: Die Schäden übertriebener Informationen und nicht evidenzbasierter Maßnahmen. *European Journal of Clinical Investigation* 50 : E13222.1-5. <https://doi.org/10.1111/eci.13222>
- Ioannidis JPA, Contopoulos-Ioannidis DG. (2023). Präpandemische kreuzreaktive humorale Immunität gegen SARS-CoV-2 in Afrika: Systematische Überprüfung und Metaanalyse. *International Journal of Infectious Diseases* 134 :160-167. Epub 2023 Jun 15. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2023.06.009>

- Islam R, Raju RS, Tasnim N, Shihab IH, Bhuiyan MA, Araf Y, Islam T. (2021). Die Wahl der Assembler hat einen kritischen Einfluss auf die De-novo-Assemblierung des SARS-CoV-2-Genoms und die Charakterisierung von Varianten. *Briefings in Bioinformatics* 22 (5):bbab102. <https://doi.org/10.1093/bib/bbab102>
- Kämmerer U, Pekova S, Klement KJ, Louwen R., Borger P, Steger K.. (2023). Der RT-PCR-Test, der auf die konservierte 5'-UTR von SARS-CoV-2 abzielt, überwindet die Mängel des ersten von der WHO empfohlenen RT-PCR-Tests. *International Journal of Vaccine Theory, Practice, and Research* 3 (1) 818. <https://doi.org/10.56098/ijvtp.v3i1.71>
- Lai A, Tambuzzi S, Bergna A, Battistini A, Della Ventura C, Galli M, Zoja R, Zehender G, Cattaneo C. (2022). Nachweis von SARS-CoV-2-Antikörpern und RNA in Autopsiefällen aus der Vor-Pandemie-Zeit in Mailand (Italien). *Frontiers in Microbiology* 2022 Jun 15 ;13:886317. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.886317>
- La Rosa G, Mancini P, Bonanno Ferraro G, Veneri C, Iaconelli M, Bonadonna L, Lucentini L, Suffredini E. (2021). SARS-CoV-2 zirkulierte seit Dezember 2019 in Norditalien: Nachweis durch Umweltmonitoring. *The Science of Total Environment* 750 :141711. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2020.141711> La Rosa G, Mancini P, Iaconelli M, Veneri C, Bonanno Ferraro G, Del Giudice C, Suffredini E; Sea Care team; Muratore A, Ferrara F, Lucentini L, Martuzzi M, Piccioli A. (2024) Nachweis von SARS-CoV-2-Spuren in Ozeangewässern. *The Science of Total Environment*. 906 :167343. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2023.167343>
- Latypova, A. Sasha. (2022). Die Rolle des US-Verteidigungsministeriums (und ihrer Mitinvestoren) im „COVID-Gegenmaßnahmen“-Unternehmen [Substack-Newsletter]. *Due Diligence and Art*. <https://sashalatyova.substack.com/p/the-role-of-the-us-dod-and-their>
- Lavezzo E, et al.. (2020). Unterdrückung eines SARS-CoV-2-Ausbruchs in der italienischen Gemeinde Vo'. *Nature* 584 (7821):425-429. Epub 30. Juni 2020. Erratum in: *Nature*. Februar 2021 ; 590(7844):E11. <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2956-7>
- Le Bert N, Tan AT, Kunasegaran K, Tham CYL, Hafezi M, Chia A, Chng MHY, Lin M, Tan N, Linster M, Chia WN, Chen MI, Wang LF, Ooi EE, Kalimuddin S, Tambyah PA, Low JG, Tan YJ, Bertoletti A. (2020). SARS-CoV-2-spezifische T-Zell-Immunität bei COVID-19- und SARS-Fällen sowie bei nicht infizierten Kontrollpersonen. *Nature* Aug 584 (7821):457-462. <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2550-z>
- Leparc-Goffart I, Hingley ST, Chua MM, Jiang X, Lavi E, Weiss SR. (1997). Eine veränderte Pathogenese einer Mutante des murinen Coronavirus MHV-A59 ist mit einer Q159L-Aminosäuresubstitution im Spike-Protein assoziiert. *Virology*. 239(1):1-10. doi: 10.1006/viro.1997.8877. <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0042682297988772>
- Lundberg GD. (2018). Irreproduzierbare „wissenschaftliche“ Ergebnisse, *Medscape* Mar 06, 2018 . <https://www.medscape.com/viewarticle/893097>
- Maddox J. (1988). Den Wald vor lauter Bäumen nicht sehen. *Nature* 335:11. <https://doi.org/10.1038/333011a0>
- Mahallawi W, Ibrahim N. (2022). Unerwarteter Nachweis von Anti-SARS-CoV-2-Antikörpern vor der Erklärung der COVID-19-Pandemie. *Frontiers in Medicine (Lausanne)*. 9 :923715. PMID: 35899210; PMCID: PMC9309723. <https://doi.org/10.3389/fmed.2022.923715>
- Manning J, Zaidi I, Lon C, Rosas LA, Park JK, Ponce A, Bohl J, et al. (2022). SARS-CoV-2 Kreuzreaktivität in Prä-Pandemie-Serum von Personen aus ländlichen Gebieten Kambodschas, die mit Malaria infiziert waren. *Emerging Infectious Diseases* 28 (2):440-444. <https://doi.org/10.3201/eid2802.211725>
- Massey C. (2021). 225 Gesundheits- und Wissenschaftsinstitutionen weltweit haben es versäumt, auch nur einen einzigen Nachweis der „SARS-COV-2“-Reinigung durch irgendjemanden, irgendwo und jemals zu zitieren . 6. Juni 2021 (letzte Aktualisierung 28. September 2024). <https://www.fluoridefreepeel.ca/68-health-science-institutions-globally-all-failed-to-cite-even-1-record-of-sars-cov-2-purification-by-anyone-anywhere-ever/>
- Menachery VD, Yount BL Jr, Debbink K, Agnihothram S, Gralinski LE, Plante JA, Graham RL, et al. (2015) Ein SARS-ähnlicher Cluster zirkulierender Fledermaus-Coronaviren zeigt Potenzial für menschliches Auftreten. *Nature Medicine* 21 , 1508-1513. <https://doi.org/10.1038/nm.3985>
- Mullis et al. (1987). Verfahren zum Amplifizieren, Nachweisen und/oder Klonen von Nukleinsäuresequenzen. *Patent der Vereinigten Staaten*. Patentnummer 4,683,195. <https://patentimages.storage.googleapis.com/ec/14/bf/0a/414f77b2d203/US4683195.pdf>
- Oller JW (2021). Bewaffnete Pathogene und die SARS-CoV-2-Pandemie. *International Journal of Impfstofftheorie, Praxis und Forschung*, 1 (2), 172-208. <https://doi.org/10.56098/ijvtp.v1i2.16> Popper K (1934/1959). Die Logik der wissenschaftlichen Entdeckung. Julian Springer/Routledge. <https://openlibrary.org/books/OL7489739M/>
- Reuters Health News. (2020). Tausende Schweden erhielten ein falsch positives COVID-19-Ergebnis aufgrund eines Fehlers im Testkit (25. August 2020). <https://www.reuters.com/article/us-health-coronavirus-sweden-testing-idUSKBN25L1XF>
- Rubínová E & Price HL. (2024). Primär-(und Rezenz-)Effekte bei der verzögerten Erkennung von Elementen aus Instanzen wiederholter Ereignisse. *Memory* , 32 (5), 627–645. <https://doi.org/10.1080/09658211.2024.2354764>
- Segalla G (2024). Adjuvanswirkung und toxikologische Risiken von Lipidnanopartikeln, die in den COVID-19-„mRNA-Impfstoffen“ enthalten sind. *Internationales Journal der Impfstofftheorie, Praxis und Forschung* 3 (2):1085-1102. <https://doi.org/10.56098/z1ydm29>

- Serpieri R & Franchi F (2024). Resilienz von DNA-Ketten gegenüber molekularem Bruch nach PCR-Heizzyklen und Implikationen für die PCR-Zuverlässigkeit, *Quarterly Reviews of Biophysics*, 57, S. e8. <https://doi.org/10.1017/S0033583524000064>
- Sender R, Bar-On YM, Gleizer S, Bernshtein B, Flamholz A, Phillips R, Milo R. (2021). Die Gesamtzahl und Masse der SARS-CoV-2-Virionen. *Proceedings of the National Academy of Sciences. U S A.* 2021 Juni 22;118 (25):e2024815118. <https://doi.org/10.1073/pnas.2024815118>
- Watson J, Whiting PF, Brush JE (2020). Interpretation eines COVID-19-Testergebnisses. *British Medical Journal* 369:M1808. <https://doi.org/10.1136/bmj.m1808>
- Wenstrup BR, Runz R (2024). Schlussbericht. US-Repräsentantenhaus. *Die gewonnenen Erkenntnisse und ein Weg nach vorn. Sonderunterausschuss für die Coronavirus-Pandemie*. <https://oversight.house.gov/release/final-report-covid-select-concludes-2-year-investigation-issues-500-page-final-report-on-lessons-learned-and-the-path-forward/>
- WHO (2020 a). *COVID-19 Falldefinition. aktualisiert in Public health surveillance for COVID-19.* https://www.who.int/publications/i/item/WHO-2019-nCoV-Surveillance_Case_Definition-2020.1 (Mittlerweile ist es nicht mehr möglich, diese von der Webseite abzurufen, da der Link zur aktualisierten Definition vom 22. Juli 2022 führt, welche von der Version aus dem Jahr 2020 abweicht. Die Version von 2020 ist hier zu finden: <https://web.archive.org/web/20201010191309/https://apps.who.int/iris/rest/bitstreams/1296485/retrieve>
- WHO (2020b) Medizinprodukt-Warnung. Hinweis für IVD-Benutzer. *Nukleinsäure-Test (NAT)-Technologien, die Real-Time Polymerase-Kettenreaktion (RT-PCR) zum Nachweis von SARS-CoV-2 verwenden.* (14. Dezember 2020). <https://web.archive.org/web/20201214195523/https://www.who.int/news/item/14-12-2020-who-information-notice-for-ivd-users>
- Wilson FP (2020). *COVID-Immunitätsausweis' nicht zuverlässiger als ein Münzwurf.* <https://www.medscape.com/viewarticle/931097>
- Woloshin S, Patel N, & Kesselheim AS (2020). Falsch negative Tests für SARS-CoV-2-Infektion – Herausforderungen und Implikationen. *The New England Journal of Medicine*, 383 e38. <https://doi.org/10.1056/NEJMp2015897>
- Wu F, Zhao S, Yu B, Chen YM, Wang W, Song ZG, Hu Y, Tao ZW, Tian JH, Pei YY, Yuan ML, Zhang YL, Dai FH, Liu Y, Wang QM, Zheng JJ, Xu L, Holmes EC, Zhang YZ. (2020). Ein neues Coronavirus, das mit Atemwegserkrankungen beim Menschen in China assoziiert ist. *Nature* 579, 265-269. <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2008-3>
- Yan L-M, Kang S, Guan J, Hu, S (2020). *SARS-CoV-2 ist eine uneingeschränkte Biowaffe: Eine Wahrheit, die durch die Aufdeckung eines großangelegten, organisierten wissenschaftlichen Betrugs ans Licht kam.* <https://www.winterwatch.net/2020/10/sars-cov-2-is-an-unrestricted-bioweapon-a-truth-revealed-through-uncovering-a-large-scale-organized-scientific-fraud/>
- Zhou P, et al. (2020). Ein Pneumonie-Ausbruch, assoziiert mit einem neuen Coronavirus von wahrscheinlichem Fledermausursprung. *Nature* 579, 270- 273 (2020). <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2012-7>

Rechtlicher Hinweis

Die Informationen auf der Website und im **IJVT**PR sind nicht als Diagnose, empfohlene Behandlung, Prävention oder Heilung für irgendeinen menschlichen Zustand oder ein medizinisches Verfahren gedacht, auf das in irgendeiner Weise Bezug genommen werden könnte. Nutzer und Leser, die Eltern, Erziehungsberechtigte, Pflegepersonen, Kliniker oder Verwandte von Personen sein könnten, die von einem der morbidischen Zustände, Verfahren oder Protokolle betroffen sind, auf die Bezug genommen werden könnte, müssen ihr eigenes Urteilsvermögen bezüglich spezifischer Anwendungen einsetzen. Die beitragenden Autoren, Redakteure und in jeglicher Funktion mit der Website und/oder der Zeitschrift verbundenen Personen lehnen jegliche Haftung oder Verantwortung gegenüber Personen oder Entitäten für Schäden, finanzielle Verluste, körperliche Verletzungen oder andere Strafen ab, die sich aus der Nutzung oder Anwendung von Informationen, Schlussfolgerungen, Forschungsergebnissen, Meinungen, Fehlern oder Aussagen, die auf der Website oder im **IJVT**PR gefunden werden, in irgendeinem Kontext ergeben könnten. Das präsentierte Material wird allen Nutzern, die an seiner Prüfung interessiert sein könnten, kostenlos angeboten; die Art und Weise, wie sie Teile davon anwenden, liegt jedoch in der alleinigen Verantwortung des Betrachters/Nutzers. Wird Material zitiert oder nachgedruckt, werden die Nutzer gebeten, die Quelle/den Autor anzugeben und die nicht-kommerziellen, keine Ableitungen enthaltenden Anforderungen der [Creative Commons Lizenz 4.0 NC ND](#) oder einer anderen, vorrangigen Lizenz zu erfüllen.

Dokument ins Deutsche übersetzt durch das Team von M-Power Translations.

Telegram-Kanal:

<https://t.me/mpowertranslations>