



wolfgang wodarg



ÄRZTLICHES UND WISSENSCHAFTLICHES · 04. Mai 2020

Krieg gegen einen Joker

Der Krieg gegen einen Joker

Die Pharma-Industrie und ihre Virologen versuchen derzeit, aus durchsichtigen Gründen, den Erreger SARS-CoV2 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 des impf-besessenen Bill Gates und seiner politischen Freunde. Auch in Hinblick auf eine mögliche Impfung versucht man, uns die Illusion eines klar definierbaren Gegners in der Welt der Viren einzureden. Denn das ist die Voraussetzung für das Geschäft mit der Testerei und die staatliche Durchsetzung einer weltweiten und für die Impfstoffhersteller risikolosen Impfgie. Heute, am 4.5.2020 findet eine Online-Geberkonferenz zur "Schaffung einer coronafreien Welt" (ARD-Tagesschau) statt und Kanzlerin Merkel verspricht Milliarden unserer Steuergelder dafür hinzugeben.

Aus wissenschaftlicher Sicht handelt es sich bei allen diesen Bemühungen -schonend ausgedrückt- um gefährliche Irrwege. Ich spreche hier noch nicht von den Profiteuren dieses Irrsinns.

Leben ist nicht trivial und kalkulierbar

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 eine riskanter Nonsens und ggf. 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 freuen** und ausbreiten, wo einer Virusart durch Impfung das Leben schwerer gemacht wurde.

Die Wuhan -Viren sind längst Schnee von gestern.

Es geht um die extrem hohe Mutationsrate von RNA Viren, zu denen auch SARS-CoV2 gehört.

Die Rate wird eindrucksvoll von der Webseite CoV-Glue, „ **Amino acid analysis for the SARS-CoV-2 pandemic**“ demonstriert, die für SARS-CoV2 in einen sehr kurzen Zeitraum von ca. 4 Monaten

- 7237 nicht-synonyme, d.h. Aminosäure verändernde Mutationen (replacements),
- 6 Insertions (Einfügen von zusätzlichen Basen) und
- 87 Deletions (Wegfall von Basen in der Gensequenz) in gefundenen Gen-Sequenzen beschreibt. .

Das ist für ein Genom, das selbst nur aus ca. 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-CoV2 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 innerhalb von Wochen(!), wie die Daten zeigen.

Insertions und Deletions sind von besonderer Bedeutung, da sie u.a. zu einem Frameshift führen können, bei dem die gesamte nachfolgende Kette anders gelesen wird. Es kommen synonyme Mutationen hinzu, die zwar die Primärstruktur der SARS-CoV2 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.

Zweifeln am PCR Test, bestanden von Anfang an: Li et al., "Stability Issues of RT-PCR Testing of SARS-CoV-2 for Hospitalized Patients Clinically Diagnosed with COVID-19.", J Med Virol. 2020 Mar 26. doi: [10.1002/jmv.25786](https://doi.org/10.1002/jmv.25786),

Momentaufnahmen einer unendlichen Geschichte

Ein wesentliche Punkt ist auch, dass die bislang sequenzierten SARS-CoV2 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, es gibt nicht nur SARS-CoV2, sondern weiterhin auch andere humane Coronaviren - und die mutieren auch. Sonst wäre man ja nicht irgendwann beim SARS-CoV2 Virus gelandet.

Computer-Analysen, z.B. zu Stammbaum von SARS-CoV2 (phylogenetische Analyse), 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 Mensch 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, vgl. Mavian et al, "[Regaining perspective on SARS-CoV-2 molecular tracing and its implications](#)", medrxiv, 20.3.2020, : *"However, in a new tree inferred just one week later, when more than 135 new full genome sequences were made available on GISAID (Figure S2), the direct link between Germany and Italy has disappeared due to the additional clustering of previously unsampled sequences from Portugal, Brazil, Wales and Netherland (Figure 2b)."*

Zoonose? Ein überflüssiger Kampfbegriff, denn der Mensch ist auch ein Zoon.

Einige Veröffentlichungen sprechen davon, dass Haplotypen (also genetische Muster) von SARS-CoV2 schon wieder verschwunden sind, d.h. 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? 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. Ohne die geht es nicht!**

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

Dieses Vorgehen funktioniert auch deshalb so gut, weil man immer von schwerstkranken Patienten ausgeht, die dann auch zumeist an mehreren Krankheiten leiden (multimorbid), und Menschen ohne oder mit schwachen Symptomen nicht testet. Und sofort hat man den scheinbaren 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 großen Anzahl an SARS-CoV2 positiven Menschen zeigen 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. Das legt eine kontinuierliche Entwicklung bis zu SARS-CoV2 (und seiner vielen Varianten) nahe.

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

Es gibt zunehmend auch phylogenetischen Analysen, die versuchen, aus den zahlreichen unterschiedlichen Gensequenzen einen anderen Stammbaum aufzubauen, gegen die Hypothese SARS-CoV2 sei Ende 2019 neu durch Zoonose entstanden.

Analysen dieser Art sind aufgrund des sehr kurzen Sample-Zeitraums problematisch. Jedoch mehr hat man derzeit 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 Johns Hopkins und anderswo trotzdem weiterhin.**

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

Die Diversität von SARS-CoV2 ist so groß, dass sich schon in kleinen Samples Cluster bilden. Eine eindeutige Zuordnung, wie der Virus nach New York gekommen ist, ist nicht mehr möglich. Vgl.

Gonzalez-Reiche et al., "[Introductions and early spread of SARS-CoV-2 in the New York City area](#)", April 16, 2020., medrxiv: *"Phylogenetic analysis of 84 distinct SARS-CoV2 genomes indicates multiple, independent but isolated introductions mainly from Europe and other parts of the United States. Moreover, we find evidence for community transmission of SARS-CoV2 as suggested by clusters of related viruses found in patients living in different neighborhoods of the city."*

Diese Cluster müssen sich in den USA in den letzten 3 Monaten gebildet haben. Es sei denn, SARS-CoV2 und alles was zu SARS-CoV2 führte, ist wesentlich älter.

Alternative Interpretationen derselben Daten(!) aus den Gen-Datenbanken legen nahe, dass SARS-CoV2 sich schon seit 40+ Jahren beim Menschen verbreitet. Vgl. Chaw et al., "[The origin and underlying driving forces of the SARS-CoV-2 outbreak](#)", April 14, 2020, bioRxiv:

"We have to point out that the TMRCA estimation is strongly influenced by the genome sampling scheme. Since the earliest available genome was sampled on 12/24/2019 almost one month after the outbreak, the real origin of the current outbreak may actually be earlier than our estimation."

*"Assuming a synonymous substitution rate of 2.9×10^{-3} /site/year, the recombination was estimated to have occurred approximately 40 years ago (95% HPD : 31-69 years; divergence time $(t) = \text{divergence } (dS) / (\text{substitution rate} \times 2 \times 3)$, considering dS in RBD is 3-fold of genome average). The amino acids in the RBD region of the two genomes have been maintained by natural selection ever since, while synonymous substitutions have been accumulated. **If this is true, SARS-CoV-2 may have circulated cryptically among humans for years before being recently noticed.**"*

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 dessen vorläufigen 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 80+ 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 weiterhin den Intensivpatienten u.a. mit Fentanyl das Atmen abgewöhnt, sonst funktioniert künstliche Beatmung nicht. Diese Patienten wachen, wenn überhaupt, als Junkies auf. Katherine Ellen Foley, „[Some drugs used to keep coronavirus patients on ventilators are in short supply](#)“, Quartz, March 31, 2020,

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.

Josh Farkas. „[PulmCrit – Eleven reasons the NEJM paper on remdesivir reveals nothing](#)“, April 11, 2020,

Alle Zweifel haben nicht daran gehindert, Remdesivir in den USA im Blitzverfahren für den Gebrauch freizugeben.

Oder 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 in Afrika von bis zu 20 - 30%. Besonders betroffen sind auch Länder mit einem hohen Anteil afrikanisch stämmiger Menschen.

Falsche Prioritäten und täuschende Zahlen

Alles wurde initiiert durch einen maroden Test, überhastete Maßnahmen und ein durch nichts zu rechtfertigendes Vertrauen in den 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 angekommen war 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. Vgl. Matthias Thöns, „**Sehr falsche Prioritäten gesetzt und alle ethischen Prinzipien verletzt**“, Deutschlandfunk, 11.4.2020,

„Und wir müssen ja bedenken, dass es sich bei den schwer erkrankten COVID-19-Betroffenen, so nennt man ja die Erkrankung meistens, 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.“

Fehlalarme - 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 und in den letzten 20 Jahren werden durch Virologen alle 3-5 Jahre neue "Todesviren" herausgesucht, welche die Menschheit angeblich schwer bedrohen sollen? MERS,

SARS(1), SARS(2), Schweinegrippe, Vogelgrippe? Sind wir wir wirklich so blind? Oder sehen wir, dass der Kaiser nackt ist?

[Impressum](#) | [Datenschutz](#) | [Cookie-Richtlinie](#) | [Sitemap](#)

[Anmelden](#)