

w+ ARTIKEL

WISSENSCHAFTPLUS

LK-Verlags UG



AIDS
SARS BSE
CORONA
MERS

VIRUS

Interpretazione erronea

Inizio e fine della crisi da Covid-19
PARTE II

Dr. Stefan Lanka

Traduzione dal tedesco: Roberto Nicolini

Virus Interpretazione erronea

Inizio e fine della crisi da Covid-19

A cura del Dr. Stefan Lanka

Traduzione dal tedesco: Roberto Nicolini



La definizione di SARS e Corona o Covid-19 afferma che la polmonite atipica è considerata il quadro clinico che caratterizza la malattia. Se è possibile individuare agenti patogeni noti in un'infiammazione polmonare, la polmonite è considerata tipica, invece che atipica. Uno dei due fatti decisivi per la SARS e la crisi da Covid-19 è che almeno il 20-30% di tutte le infiammazioni polmonari sono atipiche. Le cause della polmonite atipica sono chiaramente note e quindi NON devono essere presentate come causate da un virus sconosciuto.

Questo fatto è soppresso da infettivologi e virologi ed è alla base dell'attuale paura e del panico, perché si crea l'impressione tra gli interessati, l'opinione pubblica e i politici che la polmonite atipica sarebbe particolarmente pericolosa e spesso fatale perché non esistono ancora farmaci o vaccini per la presunta nuova malattia.

Dal momento in cui viene offerta una procedura di test per il presunto nuovo virus, che, nascosto dagli interessati, sottopone a test „positivi“ anche le persone sane, il numero dei casi viene automaticamente aumentato. Inizialmente saranno incluse anche le persone con la tipica polmonite, seguite da un numero sempre maggiore di persone con altre malattie. Questa è considerata una prova pratica della diffusione del virus. Automaticamente, sempre più altre malattie si aggiungono alla malattia originale „polmonite atipica“ e questa „sindrome“ viene visualizzata come „la nuova malattia virale“.

L'altro fatto decisivo, non solo per la SARS e la crisi da Covid-19, è che i virologi che sostengono che i virus causano malattie sopprimono una situazione apertamente mendace per ragioni comprensibili. La procedura di test del virus offerta è un metodo di rilevamento genetico. Le sequenze di geni che utilizzano per il test di rilevamento non sono isolate da un virus. Essi isolano le sequenze geniche tipiche che vengono rilasciate in quantità maggiore quando i tessuti e le cellule muoiono. Queste sequenze geniche generalmente brevi, componenti del metabolismo umano, sono la base per ulteriori lavori di laboratorio. Con l'aiuto di programmi informatici, i virologi sono in grado di costruire solo filamenti di materiale genetico teoricamente lunghi a partire da molte brevi sequenze di geni. Questi vengono poi prodotti come veri e propri filamenti di DNA virale.

Questo è il motivo per cui i risultati positivi dei test vengono ripetutamente ottenuti anche in persone sane che sono state sottoposte a test, e affinché questi virologi non si smentiscano, essi ignorano costantemente due regole prescritte

dalla scienza: si tratta di verificare costantemente tutte le rivendicazioni in prima persona. L'altra è quella di testare tutte le ipotesi e i metodi utilizzati per mezzo di esperimenti di controllo. Se dovessero effettuare gli esperimenti di controllo, scoprirebbero che TUTTE le brevi sequenze di geni, che essi collegano mentalmente tra loro solo per formare un filamento genetico virale, hanno origine dal metabolismo umano e non dall'esterno, da un virus rivendicato.

La dinamica autorinforzante della crisi da Covid-19 è stato innescato da un messaggio di un giovane oculista il 30.12.2019 su internet, che si è diffuso immediatamente e molto rapidamente. Ha comunicato ai colleghi che diverse persone sono state messe in quarantena nel suo ospedale, sette casi di SARS sono stati confermati, devono stare attenti e proteggerli.

Il Prof. Christian Drosten dell'ospedale Charité di Berlino ne ha sentito parlare, ha iniziato immediatamente lo sviluppo di procedure di test per il virus della SARS prima ancora che fosse chiaro e potesse essere chiarito se il rapporto della Cina sulla SARS fosse vero e provato, e soprattutto prima che i virologi cinesi pubblicassero i loro risultati.

Gli autorevoli virologi del China Disease Control Center (CCDC) hanno pubblicato i loro risultati il 24.1.2020 e il 3.2.2020. Essi riferiscono dell'isolamento di molte brevi sequenze genetiche, che, se messe insieme, potrebbero rappresentare un filamento genetico di un nuovo tipo di virus. Gli autori sottolineano espressamente - e tutti gli altri virologi coinvolti fino ad oggi - che non sono ancora stati effettuati gli esperimenti assolutamente necessari che permetterebbero di affermare che si tratta effettivamente di un filamento genetico di un virus che causa la malattia. Al contrario, i virologi cinesi sottolineano addirittura esplicitamente che il filamento del genoma costruito ha fino al 90% di somiglianza con i filamenti del genoma dei sostenuti coronavirus innocui, noti da decenni e rivendicati nei pipistrelli.

Il 21.1.2020 (3 giorni prima della prima pubblicazione del CCDC!) l'OMS ha raccomandato a tutte le nazioni di utilizzare la procedura di prova sviluppata dal Prof. Drosten. Sostenendo di aver sviluppato una procedura di test affidabile per il virus in Cina, il Prof. Drosten, ignorando le regole chiaramente definite del lavoro scientifico che fanno parte del suo contratto di lavoro e violando le leggi del pensiero e la logica della virologia, ha innescato e causato l'aumento e la globalizzazione del panico epidemico cinese.

1. L'inizio della crisi da Covid-19

Quando il giovane oculista Li Wenliang ha informato sette medici a Wuhan tramite WhatsApp il 30.12.2019 che diverse persone erano state messe in quarantena nel suo ospedale, sette casi di SARS erano stati confermati, che dovevano stare attenti e proteggersi, non intendeva causare panico. Se l'avesse fatto, avrebbe pubblicato l'annuncio su Internet e avvertito il pubblico. Uno dei sette destinatari di questo messaggio privato WhatsApp ha pubblicato uno „screenshot“ del messaggio su Internet senza essere a conoscenza delle possibili conseguenze. Naturalmente, queste informazioni si sono diffuse molto rapidamente in Cina e poi in tutto il mondo.

Questa comunicazione ha scatenato un'ondata di paura, panico e richieste di informazioni alle autorità sanitarie cinesi e al governo a causa dell'origine della crisi della SARS del 2003, che l'Organizzazione Mondiale della Sanità (OMS) ha classificato il 12 marzo 2003 come „minaccia mondiale“. Il 31 dicembre 2019 il governo di Pechino ha risposto inviando a Wuhan una „forza di reazione rapida“ composta da epidemiologi e virologi del China Disease Control Center (CCDC) per sostenere le autorità sanitarie locali e la circostante provincia di Hubei. L'obiettivo era quello di verificare e confermare le affermazioni sullo scoppio di un'epidemia. Se si fosse effettivamente verificata un'epidemia, la situazione dovrebbe essere adeguatamente controllata.

Nella prima autorevole pubblicazione degli autori del CCDC sui risultati della loro ricerca, „A New Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019“¹, non vi è alcuna notizia di un accumulo di pazienti con polmonite di causa sconosciuta. Essi riferiscono che i pazienti esistenti possono essere raggruppati in un „cluster“, un gruppo con caratteristiche comuni. La caratteristica comune è stata la visita più o meno frequente ad un mercato di frutti di mare che - il mercato di Lesale a Wuhan. Quanto piccolo fosse in realtà il gruppo di pazienti con polmonite atipica si può vedere dal fatto che il CCDC di soli quattro pazienti ha preso strisci e fluidi delle vie respiratorie inferiori per cercare agenti patogeni noti e sconosciuti.

Nel frattempo, il panico a Wuhan e nell'area circostante è aumentato in modo drammatico. Anche le misure adottate dalla polizia, che il 3 gennaio 2020 ha chiesto all'oculista Li Wenliang di firmare una dichiarazione di cessazione, punibile per legge, e di impegnarsi per iscritto a non diffondere più informazioni su una possibile epidemia di SARS, non potevano più rallentare la dinamica pericolosamente aggravante del panico. Il 10.1.2020 Wenliang, e poco dopo anche i suoi genitori, hanno sviluppato i sintomi della polmonite. Li Wenliang si è isolato, convinto di essere stato infettato, il giorno precedente, da un suo paziente con il virus della SARS. Anche questo ha aumentato il panico.

I medici curanti hanno effettuato una serie di test diversi, tutti negativi. Poiché il suo stato di salute è peggiorato e sempre più persone hanno mostrato simpatia per il suo destino, i test sono stati proseguiti fino a quando un primo test per la SARS del 30.1.2020 è stato valutato „positivo“.

La calamità del panico crescente della SARS, mutato in una crisi globale della corona, ha fatto il suo corso, e Li Wenliang ha pubblicato il risultato su Internet con le seguenti parole: „Today nucleic acid testing came back with a positive result, the dust has settled, finally diagnosed.“ „Oggi il test dell'acido nucleico è tornato con un risultato positivo, la polvere si è depositata, finalmente diagnosticata“.

Questa notizia ha aumentato il panico già esistente. Tutto è andato completamente fuori controllo quando ha pubblicato su internet la sua lettera di cessazione firmata del 3.1.2020. Questa pubblicazione, pericolosa per lui, era ed è considerata da tutte le persone in preda al panico come la prova che esista una nuova epidemia di SARS, perché come medico, lui stesso afflitto, continua ad informare ed avvertire il pubblico nonostante le minacce di condanna. Il panico è aumentato ulteriormente perché la salute di Li Wenliang è peggiorata nonostante l'uso intensivo di diverse sostanze antibiotiche e il pubblico vi ha preso parte regolarmente. La situazione era sull'orlo di un'escalation perché la notizia della sua morte era più che caotica e contraddittoria. Questo è stato ed è tuttora il motivo centrale per cui i cinesi e l'opinione pubblica mondiale hanno ipotizzato un'altra epidemia di SARS a Wuhan, che è stata ridefinita come una nuova epidemia, una pandemia con un nuovo nome: Covid-19.

2. Una delle due possibili cause della paura di Li Wenliang

La paura dell'oculista Li Wenliang si basa sugli eventi del 2003 in Cina, quando gli scienziati occidentali sostenevano che nella Cina meridionale si era verificato un accumulo di polmonite atipica. Due giorni dopo la creazione mentale di un filamento genetico del presunto nuovo virus (SARS-CoV-1), in cui il Prof. Drosten è stato coinvolto in modo significativo,² il Prof. Drosten ha offerto una presunta procedura di test per questo presunto virus.³ Circa 800 persone affette da polmonite atipica, ovvero polmonite in cui non sono stati rilevati agenti patogeni noti, ma che sono risultate „positive“ con il test del Prof. Drosten, sono quindi morte – possibilmente in modo errato ed eccessivamente trattato – con la diagnosi di SARS invece di „polmonite atipica“.

La base per mantenere e aumentare la paura della SARS fino al 2019 è costituita da due pubblicazioni nel 2013⁴ e nel 2017⁵, che hanno scatenato speculazioni sulla possibilità della comparsa di nuovi virus corona della SARS. Gli autori di entrambe le pubblicazioni affermano che sussistono indizi dell'esistenza di brevi sequenze geniche in pipistrelli sani che possono essere interpretate come componenti di un virus. Queste brevi sequenze geniche avrebbero delle somiglianze con quelle brevi sequenze geniche che sono state dichiarate componenti del presunto virus corona-1 della SARS (SARS-CoV-1) nel 2020.

SARS è l'acronimo di Severe Acute Respiratory Syndrome, che è un'altra descrizione dei sintomi della polmonite atipica. Si dice di questi filamenti di patrimonio genetico ideologici (fittizi, convertiti in realtà) che sia probabile possano manifestarsi anche in realtà e formare un virus fisico. ►

Un virus del genere, rivendicato nei pipistrelli e in altri animali selvatici ma ancora innocuo, potrebbe saltare agli esseri umani attraverso il morso, il contatto o il consumo e diventare un killer mortale. Nell'uomo, questo virus innocuo potrebbe, attraverso le mutazioni, trasformarsi in un nuovo virus corona della SARS che potrebbe effettivamente causare una malattia. Un tale evento e l'ondata di malattie che ne deriva, come la polmonite atipica, devono essere tenuti in considerazione in ogni momento. Finora i virologi né sono stati in grado di isolare un virus della SARS da un paziente, un pipistrello, un altro animale o in laboratorio, né di identificare un filamento genetico intatto e completo di un virus della SARS.

L'ipotesi dei virologi che ci siano filamenti genetici virali costruiti nello stesso modo dei filoni genetici composti da brevi sequenze di geni non ha potuto essere confermata fino ad oggi. Sebbene le tecniche standard molto semplici per determinare la lunghezza delle sequenze genetiche siano disponibili da molto tempo, non è stato possibile dimostrare l'esistenza e la presenza di un filamento genetico completo di un virus della SARS in nessun altro modo.

Le paure alimentate estremamente da tali false affermazioni si basano sui timori dell'oculista Li Wenliang, così come di altri medici e infettivologi non solo a Wuhan. Queste affermazioni sono il motivo per cui gli epidemiologi e i virologi del CCDC si sono concentrati sulla ricerca di sequenze geniche simili, che sono state definite come componenti dei virus corona della SARS nel 2003 (vedi le spiegazioni seguenti), dal 31.12.2019.

3. La seconda delle possibili cause di paura di Li Wenliang

Le crisi della SARS e da Corona sono iniziate con l'affermazione dei media che vi è un accumulo di pazienti con polmonite atipica. Quest'affermazione non è mai stata provata. Si è sostenuto che l'insorgenza della polmonite atipica poteva essere spiegata solo con l'ipotesi della comparsa di un nuovo virus, perché alcune delle persone affette da polmonite atipica sono state in contatto con i mercati di animali. Per poter confermare l'ipotesi che un virus sconosciuto possa essere la causa di una polmonite atipica, sono stati soppressi i fatti noti descritti nella letteratura medica scientifica. In effetti, ci sono diversi e ampi spettri di cause non-infettive di polmonite atipica. Questa polmonite atipica ha più probabilità di essere fatale della polmonite tipica per diversi motivi. Le cause includono l'inalazione di fumi, diluenti e sostanze tossiche. L'ingresso di cibo, bevande o contenuto dello stomaco nei polmoni in caso di disturbo di deglutizione o incoscienza può anche causare una polmonite estremamente grave (polmonite ab ingestis). Già soltanto l'acqua, se entra nei polmoni delle vittime che annegano, è sufficiente a causare una grave polmonite atipica. Un'ulteriore causa è lo spettro riconosciuto di disfunzioni immunologiche, come le allergie e le reazioni autoimmuni. Inoltre, è noto che, in caso di cancro, le radiazioni scatenano un'inflammatione dei polmoni non distinguibile dalla tipica polmonite. L'edema polmonare acuto è particolarmente noto nelle persone anziane. Si sviluppano a causa della ritenzione idrica (edema), della prolungata immobilità a letto, della debolezza cardiaca e/o renale, che può portare ad una ventilazione e circolazione sanguigna inadeguata nei polmoni, e come

conseguenza diretta di un'inflammatione dei polmoni, cioè di una polmonite atipica. Ovviamente, anche una combinazione di cause altrimenti soggiacenti causa una polmonite atipica. La polmonite atipica può trasformarsi molto rapidamente in polmonite tipica se si verifica una colonizzazione secondaria del polmone infiammato. Ecco perché la percentuale di polmonite atipica è probabilmente superiore al 20-30% stimato.

Le indagini delle cinque persone documentate nelle due pubblicazioni relative alla crisi da Covid-19,⁶ non hanno indagato la possibile presenza o storia, i segni, i meccanismi e gli effetti di queste cause note di polmonite atipica. I virologi di solito non lo fanno comunque, e i membri del CCDC non sono stati in grado di farlo, specialmente in queste circostanze di panico. Escludendo la menzione della polmonite atipica, si dimostra una grave negligenza medica e impedisce il corretto trattamento dei pazienti. Le persone colpite corrono quindi il rischio di essere trattate in modo scorretto con un cocktail di sostanze antibiotiche ricche di effetti collaterali, in grado di causare autonomamente la morte dei pazienti, soprattutto in caso di sovradosaggio.⁷ Deve essere chiaro a tutti che il panico estremo, soprattutto in caso di problemi respiratori, può causare autonomamente la morte. Il panico può anche essere letale in brevissimo tempo, non solo in caso di problemi cardiovascolari.

La risposta alla domanda cruciale se un nuovo virus è stato effettivamente individuato o se solo i brevi spezzoni di materiale genetico endogeni vengono divulgati come componenti di un virus o interpretati erroneamente come tali, è decisiva per porre rapidamente fine alla crisi da Covid-19. Come per l'H1N1, i responsabili della crisi da Covid-19 dicono che si può porre fine ad essa solo con la vaccinazione. Tuttavia, l'idea della vaccinazione è stata confutata tanto quanto quella dei virus.

Utile per la valutazione e la classificazione degli eventi relativi all'innescio e al mantenimento della crisi di Corona è il ricordo della pandemia di influenza suina del 2009, nel frattempo dimenticata, quando la maggioranza della popolazione era pronta a farsi vaccinare contro i presunti virus dell'influenza suina. Poi c'è stato un ritardo nell'annunciata consegna dei vaccini. I vaccini non potevano essere travasati in siringhe pronte all'uso, in quanto il nuovo principio attivo potenziatore, utilizzato per la prima volta, danneggiava la miscela di vaccini e la rendeva inutilizzabile.

Perciò, il vaccino è stato riempito in fiale per 10 persone ciascuna, in cui gli stimolatori dei principi attivi potevano essere aggiunti solo poco prima dell'atto della vaccinazione. Durante questo periodo si è saputo che gli stimolatori dei principi attivi, chiamati coadiuvanti, senza i quali un vaccino non poteva sviluppare il suo effetto, sono nuovi e non testati. Si è saputo che questi nuovi coadiuvanti sono costituiti da nano-particelle. È noto che le nanoparticelle sono molto reattive a causa delle loro piccole dimensioni e sono quindi utilizzate come catalizzatori in molte reazioni chimiche. Nei processi tecnici, ad esempio, fanno sì che le superfici si comportino in modo completamente diverso rispetto ai metodi convenzionali. Poi si è saputo che il cancelliere Angela Merkel e le forze armate tedesche avrebbero ricevuto questo vaccino senza il nuovo potenziatore di nanoparticelle, ma la polizia e la popolazione avrebbero ricevuto il vaccino con le nanoparticelle non testate. ►

Il 93% della popolazione ha rifiutato il vaccino prodotto esplicitamente per loro. Solo il 7% dei tedeschi si è fatto somministrare questo vaccino. Il metabolismo umano non può metabolizzare ed espellere le nanoparticelle. A causa di questo rifiuto da parte di quasi tutta la popolazione, l'influenza suina in realtà è scomparsa da una sera all'altra, come per magia, dai media nell'oblio e i vaccini in un altoforno (Una piccola polemica è consentita: sorprendentemente, il virus dell'influenza suina H1N1 è decollato al galoppo, non ha più infettato altre persone, non ha lasciato che gli infetti si ammalassero, la sua presenza mediatica è stata fermata immediatamente. Forse il virus dell'influenza suina si è trasformato in virus dell'influenza dei pesci, per risalire i fiumi nei corpi dei salmoni, per poi colpire di nuovo con forza concentrata al mercato del pesce di Wuhan).

Gli epidemiologi, gli infettivologi e i virologi coinvolti hanno imparato dal fallimento della pianificazione pandemica, che non è culminata nella vaccinazione. Hanno analizzato le cause e pubblicato le loro conclusioni e raccomandazioni per il futuro nel numero 12, dicembre 2010, della "Gazzetta dell'Ufficio federale della sanità" [Bundesgesundheitsblatt]. Il titolo significativo di questo numero: "Pandemie. Lesson lernd", il che significa tanto quanto: Le lezioni che abbiamo imparato dal insuccesso dell'influenza suina H1N1 [Pandemien: Was haben wir aus der H1N1-Influenza gelernt?]

Alcuni degli articoli di questo numero sono disponibili su Internet⁸, ma non i più importanti. Le raccomandazioni decisive per la gestione della pandemia sono:

- Assicurare che gli esperti non si contraddicano a vicenda nelle discussioni pubbliche,
- Coinvolgimento tempestivo dei principali media e dei social media.
- Controllo dell'utilizzo di Internet. Questo per evitare che rivendicazioni e critiche compromettano il consenso e l'accettazione delle misure in politica e nella società.

Queste raccomandazioni sono state ora attuate con successo! Internet è censurato, i critici sono esclusi, tra l'altro, con gli insulti.

Gli argomenti compulsivi che confutano l'ipotesi della pandemia e l'hanno resa di pubblico dominio non vengono semplicemente affrontati. Solo un esperto, il Prof. Drosten, è ascoltato dai media e dalla politica. L'unica „critica“ nei suoi confronti, espressa da un virologo dell'HIV, aveva la funzione di rafforzare la rivendicazione centrale dell'esistenza di un nuovo tipo di virus, il SARS-CoV-2.

4. La globalizzazione del panico per il virus della SARS cinese e la preparazione della crisi della corona da parte del Prof. Drosten

Il Prof. Christian Drosten dell'ospedale universitario della Charité sostiene che dal 1.1.2020 ha sviluppato un metodo di rilevamento genetico con il quale può rilevare in modo affidabile la presenza del nuovo virus corona nell'uomo⁹. L'OMS ha raccomandato il metodo di prova da lui sviluppato ai cinesi e a tutte le nazioni il 21.1.2020 come metodo di prova affidabile per determinare la diffusione del presunto nuovo virus corona.¹⁰

Per poter a) comprendere quali presupposti e quali azioni sono alla base delle affermazioni del Prof. Drosten e b) verificare se le sue conclusioni di aver sviluppato una procedura di test sicura per il nuovo virus corona siano logicamente e scientificamente provate, o addirittura confutate, è necessario spiegare i termini e le tecniche utilizzate, presentare la sua argomentazione e analizzare le due pubblicazioni decisive a cui il Prof. Drosten fa riferimento.

- Come vengono definiti un virus e un virus corona?
- Come vengono definite le sequenze in questo contesto?
- Come funzionano i metodi di rilevamento delle sequenze chiamate PCR, RT-PCR e real-time RT-PCR?
- Quando si può utilizzare il rilevamento della presenza di sequenze nell'uomo come prova della presenza di un virus?
- Come è scientificamente provata l'esistenza di un virus?

Termini

- Nella scienza, un virus è definito dal suo specifico materiale genetico, che è unico per quel virus.

- Il materiale genetico di un virus è anche chiamato il filamento genetico virale, la molecola genetica virale o il suo genoma.

- Il materiale genetico virale di un virus contiene le varie sequenze genetiche per la formazione delle varie proteine virali, note come geni virali.

- Il materiale genetico di un virus può essere costituito da due tipi di molecole genetiche, DNA o RNA.

- I coronavirus sono definiti dal fatto che consistono di una specifica molecola di RNA circondata da un involucro.

- Il materiale genetico di un virus specifico è definito dalla sua lunghezza precisamente determinata e dall'esatta determinazione della struttura del filamento del genoma virale.

- La composizione del materiale genetico di un virus risulta dall'esatta determinazione del numero e della sequenza specifica dei quattro elementi costitutivi di cui è composto il materiale genetico. I quattro elementi costitutivi di un materiale genetico sono chiamati nucleotidi.

- Il processo di determinazione della sequenza specifica dei quattro elementi costitutivi di un materiale genetico si chiama sequenziamento.

- Il risultato della determinazione della sequenza degli elementi costitutivi di un materiale genetico si chiama sequenza o sequenza genetica.

- I virus patogeni sono definiti dal fatto che la loro sequenza è unica e non si verifica in organismi sani.

- Per poter individuare e determinare la presenza del materiale genetico di un virus, secondo le leggi del pensiero e la logica che precede ogni scienza come regola fondamentale, questo virus deve essere isolato ed essere presente in forma pura, in modo che le sequenze geniche che non sono cellule specifiche vengano ►

erroneamente interpretate come componenti di un virus – La determinazione della sequenza di una sostanza genetica è possibile solo se è presente sotto forma di DNA.

- Per poter determinare la sequenza di una sostanza genetica presente sotto forma di RNA, deve prima essere convertita biochimicamente in DNA.

- Il processo di conversione di una sostanza genetica di RNA in DNA è chiamato „trascrizione inversa“ ed è abbreviato come „RT“.

Le tecniche utilizzate dal Prof. Drosten e prime conclusioni

· La presenza e la lunghezza di una sostanza genetica è determinata separandola longitudinalmente in un campo elettrico. I pezzi corti migrano più velocemente, i pezzi più lunghi più lentamente. Allo stesso tempo, per determinare la lunghezza del materiale genetico da esaminare, vengono aggiunti pezzi di materiale genetico di lunghezza nota di lunghezze diverse. Questa tecnica standard affidabile per il rilevamento e la determinazione della lunghezza del materiale genetico si chiama “elettroforesi su gel”.

· Se la concentrazione di un certo materiale genetico è troppo bassa per essere rilevata con la tecnica dell'elettroforesi su gel, può essere moltiplicata a piacere con la tecnica della moltiplicazione illimitata del DNA, chiamata reazione a catena della polimerasi. In questo modo, il DNA non rilevabile può essere reso visibile nell'elettroforesi su gel. Questo è un prerequisito per rendere accessibile il materiale genetico per ulteriori indagini, soprattutto per la successiva determinazione decisiva della sua lunghezza e della sua sequenza.

L'inventore della tecnica PCR, Kary Mullis, che nel 1993 ha ricevuto il premio Nobel per la chimica per questo metodo, ha sottolineato fin dall'inizio che questo metodo, da lui sviluppato per l'analisi in camera bianca nelle fabbriche di chip per computer, è molto soggetto ad errori. Nel suo discorso per il Premio Nobel, documentato sul sito web del Comitato del Premio Nobel, ha anche sottolineato che non esiste una prova verificabile, anzi scientifica, che la sostanza genetica nota come genoma dell'HIV inneschi effettivamente un'immunodeficienza o una delle varie malattie che sono illegalmente raggruppate sotto il termine „AIDS“ e trattate con chemioterapia altamente tossica. Egli ha sottolineato che c'è solo un consenso tra gli scienziati partecipanti sul fatto che l'“HIV“ scatenerrebbe un'immunodeficienza.

Per poter riprodurre un DNA con la tecnica PCR, è necessaria la conoscenza della composizione, la sequenza del DNA. Questo perché un DNA può essere propagato mediante PCR solo se brevi frammenti di gene prodotti artificialmente si legano all'inizio e alla fine del DNA, che corrispondono esattamente alla sequenza dell'inizio e della fine del DNA da propagare. Questi brevi pezzi di DNA prodotti artificialmente sono quindi chiamati primer, le molecole starter della PCR. Hanno una lunghezza media di 24-30 nucleotidi (gli elementi costitutivi del materiale genetico), il che significa che la PCR non è in grado di rilevare sequenze sconosciute o virus sconosciuti. Solo determinando la sequenza di un

virus si può sviluppare un test PCR per l'individuazione di una sequenza genica derivata da un virus.

· Nei primi giorni della PCR, era possibile determinare la quantità di DNA amplificata per elettroforesi su gel solo dopo che la reazione di amplificazione della PCR si fosse fermata. Nel frattempo, agli enzimi e alle sostanze necessarie per la PCR vengono aggiunti alcuni coloranti. Il rilevamento di questi coloranti durante il corso della PCR mostra approssimativamente quali concentrazioni di DNA proliferate artificialmente sono state prodotte e quanto DNA era effettivamente presente approssimativamente all'inizio della PCR.

Poiché la quantità di DNA prodotta artificialmente può essere determinata approssimativamente mentre la tecnica PCR è ancora in esecuzione, questa estensione della tecnica PCR è chiamata „real-time PCR“. Una „PCR in tempo reale“ che è preceduta da un altro passo, la conversione dell'RNA in DNA per mezzo della „trascrizione inversa“ (RT), è quindi chiamata „real-time RT-PCR“.

· Il Prof. Drosten utilizza la tecnica della „RT-PCR in tempo reale“ nel test che ha sviluppato per il rilevamento del nuovo virus corona. A tal fine, il 1.1.2020 ha selezionato da un pool di dati in Internet brevi sequenze genetiche che vengono attribuite ai virus della SARS. Sulla base di queste sequenze di brevi frammenti di geni, che vengono interpretati come possibili componenti del virus della SARS, ha progettato le sequenze di primer PCR decisive per la PCR, al fine di rilevare il virus „ancora“ sconosciuto in Cina con la sua „RT-PCR in tempo reale“.

Quando il 10.1. e il 12.1.2020 sono apparse su Internet le compilazioni *preliminari* delle sequenze, che sono state successivamente modificate e pubblicate il 24.1.2020 e il 3.2.2020²¹, ciò ha rappresentato il risultato dei primi due tentativi di identificare il virus ancora sconosciuto. A questo scopo, i virologi del CCDC hanno utilizzato programmi informatici per assemblare le sequenze di brevi frammenti di gene teoricamente in un possibile filamento genetico. In entrambe le pubblicazioni, i virologi del CCDC affermano che non vi è alcuna prova che questi suggerimenti di sequenza possano effettivamente causare malattie. Il fatto che il 21.1.2020, ancor prima della pubblicazione delle prime due proposte di sequenze cinesi, l'Organizzazione Mondiale della Sanità (OMS) abbia raccomandato il test di rilevamento PCR sviluppato dal Prof. Drosten per il rilevamento del nuovo virus, dimostra che il 21.1.2020, ancor prima della pubblicazione delle prime due proposte di sequenze cinesi, l'Organizzazione Mondiale della Sanità (OMS) ha raccomandato il test di rilevamento PCR sviluppato dal Prof. Drosten per il rilevamento del nuovo virus: Il Prof. Drosten ha utilizzato dati scientificamente non verificati per il suo test PCR rapidamente globalizzato del 2019-nCoV, che è stato rinominato SARS-CoV-2 il 7 febbraio 2020²² con la partecipazione del Prof. Drosten.

La ridenominazione in data 7.2.2020 del nome „nCoV“ in „SARS-CoV-2“, una sola ipotesi, di un virus forse difettoso o innocuo, in un pericoloso agente patogeno, ha dato al pubblico l'impressione che in Cina fosse stato scoperto un vero e proprio virus della SARS, che provoca una malattia pericolosa, la SARS, e ha ucciso il nuovo idolo della Cina, Li Wenliang, ►

che ha sminuito la leadership del partito. Così il Prof. Drosten e i suoi colleghi del gruppo della nomenclatura dei virus hanno soddisfatto le aspettative della popolazione, che era terrorizzata fino al midollo: „finalmente diagnosticata“, „finally diagnosed“. Questa aspettativa è stata risvegliata dallo slancio del panico di massa scatenato dal Dott. med. Li Wengling e apparentemente soddisfatta dal Prof. Drosten. Il fattore decisivo per valutare questo atto è il fatto che all'epoca tutti i virologi direttamente coinvolti hanno testimoniato – e testimoniano ancora oggi – che non vi è alcuna prova che questo nuovo virus causi effettivamente la malattia. O si verifica solo in parallelo nelle malattie, nei processi di guarigione, dopo i processi di guarigione, in alcune persone sane, in molte persone sane o in tutte le persone?

Questo da solo dimostra che il Prof. Drosten ha oltrepassato la linea chiaramente riconoscibile dell'azione scientificamente giustificata in una frode riconoscibile ed epocale. Inoltre, non sarà in grado di cavarsela a parole utilizzando una rivista per la pubblicazione della sua procedura di prova il 23.1.2020 [13] che non controlla le dichiarazioni in essa contenute prima di andare in stampa.

5. Le domande cruciali per una rapida fine della crisi Corona

La questione centrale e decisiva è se il Prof. Drosten abbia adempiuto al suo dovere scientifico, che fa parte del suo contratto di lavoro²⁴, e se abbia verificato in modo coerente tutte le affermazioni fatte nella sua pubblicazione sul metodo di rilevazione da lui sviluppato e le dichiarazioni pubbliche basate su di esso.

Questo compito scientifico centrale dà origine a tre questioni centrali:

I. Il Prof. Drosten ha verificato se le sequenze di geni, che sono alla base della sua procedura di test e che ha ricevuto dai virologi cinesi, sono in realtà sequenze che hanno origine da un virus?

II. Il Prof. Drosten ha effettuato gli esperimenti di controllo che sono obbligatori nella scienza e che provano se le sequenze da lui utilizzate provengono effettivamente da un virus? Ha effettuato gli esperimenti di controllo per dimostrare se le sequenze da lui utilizzate, da lui attribuite al nuovo virus, non siano in realtà sequenze che si producono in ogni metabolismo, magari anche in piante, come la papaia tanzaniana²⁵ o che si producono nel metabolismo delle malattie?

III. In base a quali ipotesi, esperimenti ed esperimenti di controllo il Prof. Drosten può affermare che la sua procedura di prova, con la quale rileva solo aree parziali di 2 (due) geni del genoma di un totale di 10 (dieci) geni del virus corona, rileva un virus intero, attivo e patogeno? E non solo frammenti di un virus, dopo una presunta lotta di successo del sistema immunitario o la presenza di virus „difettosi“ o „incompleti“ o „senza danno“ nel nostro materiale genetico, che sono tipici e costituiscono il 50% delle masse genetiche dei nostri cromosomi?

Le risposte sono il risultato del documentato operato del Prof. Drosten durante lo sviluppo della procedura di prova e del documentato operato mancato del Prof. Drosten fino ad oggi.

Il virologo Prof. Drosten, che ha sviluppato il metodo di rilevamento per il nuovo virus corona (prima chiamato 2019-nCoV poi, dal 7.2.2020 in poi chiamato SARS-CoV-2), descrive lo sviluppo del metodo di prova in una pubblicazione pubblicata il 23.1.2020.¹⁶ A pagina 3 di questo articolo, colonna di sinistra, 8 righe dal basso, descrive il primo e decisivo passo del suo approccio:

„Prima dell'annuncio delle sequenze pubbliche di virus del 2019-nCoV, ci siamo basati sui resoconti dei social media che annunciavano l'individuazione di un virus simile alla SARS. Pertanto, abbiamo ipotizzato che una CoV legata alla SARS sia stata risolta durante l'epidemia“. „Prima del rilascio pubblico delle sequenze di virus dai casi del 2019-nCoV, ci siamo basati sui resoconti dei social media che annunciavano l'individuazione di un virus simile alla SARS. Abbiamo quindi ipotizzato che una CoV collegata alla SARS sia coinvolta nell'epidemia).

Ciò significa che il Prof. Drosten e i suoi colleghi hanno *ipotizzato*, in base a quanto riportato dai social media, che un virus corona correlato alla SARS potrebbe essere coinvolto nel presunto focolaio di polmonite atipica. All'epoca non erano disponibili dati clinici a sostegno di tale ipotesi. Qual è stato il suo prossimo passo?

„Abbiamo scaricato tutte le sequenze complete e parziali (lunghezza media >400 nucleotidi) di sequenze di virus legati alla SARS che erano disponibili su GenBank il 1° gennaio 2020“. Continuare nella colonna di destra di pagina 3, terza riga dall'alto:

„Abbiamo allineato queste sequenze [nota da me, SL: in base a una sequenza standard predefinita del virus della SARS] e abbiamo usato le sequenze allineate per sviluppare i nostri test (Figura S1 nel supplemento a questa pubblicazione)“. „Dopo la pubblicazione della prima sequenza nCoV del 2019 su virological.org, abbiamo selezionato tre test in base alla loro corrispondenza con il genoma nCoV del 2019 (Figura 1)“. („We downloaded all complete and partial (if >400 nt) SARS-related virus sequences available in GenBank by 1 January 2020. [...] These sequences were aligned and the alignment was used for assay design (Supplementary Figure S1). Upon release of the first 2019-nCoV sequence at virological.org, three assays were selected based on how well they matched to the 2019-nCoV genome (Figure 1).“).

Dalle sue esposizioni si ottengono risposte chiare, conclusioni e conseguenze:

I. Il Prof. Drosten ha verificato se le sequenze genetiche, che costituiscono la base della sua procedura di test e che ha ricevuto dai laboratori virologici cinesi, sono in realtà sequenze che provengono da un virus? La risposta è: no! Non è stato in grado di verificare se le sequenze offerte provenivano da un virus, perché le due pubblicazioni decisive che descrivono l'estrazione delle sequenze geniche da lui utilizzate non erano a sua disposizione prima dell'introduzione sul mercato del suo test.

II. Il Prof. Drosten ha svolto gli esperimenti di controllo che sono obbligatori nella scienza e che provano se le sequenze da lui utilizzate provenivano effettivamente da un virus? Ha effettuato gli esperimenti di controllo per scoprire se le sequenze da lui utilizzate, che attribuisce al nuovo virus, non siano in realtà ►

sequenze che si verificano in ogni metabolismo, magari anche nelle piante, o che si producono in numero crescente nel metabolismo durante le malattie?

La risposta è: no! Né lui, né i virologi del CCDC, né altri hanno dimostrato di aver effettuato questi esperimenti di controllo necessari fino ad oggi e, se l'hanno fatto, non li hanno pubblicati. Per questi esperimenti di controllo cruciali, è necessario utilizzare brevi sequenze geniche del metabolismo di individui sani. Queste brevi sequenze genetiche, come quelle di persone malate, devono essere assemblate con gli stessi programmi informatici per formare un lungo filamento genetico di un virus. Questo esperimento non è mai stato realizzato o non è mai stato pubblicato. Non c'è nemmeno un accenno a questo esperimento di controllo obbligatorio, che deriva dalle leggi del pensiero e dalla logica della virologia - al fine di controllare costantemente i propri risultati. Nel momento in cui questo esperimento viene realizzato e pubblicato, la crisi da Covid-19 è immediatamente superata.

L'altro esperimento di controllo risultante dalla logica scientifica è quello di testare intensamente, mediante la procedura PCR sviluppata (RT-PCR in tempo reale), con campioni clinici di persone con malattie diverse da quelle attribuite al virus e utilizzando campioni di persone, animali e piante sane per verificare se questi campioni non risultino anche „positivi“. Questi ulteriori esperimenti di controllo, che sono logicamente necessari per convalidare una procedura di prova, cioè per verificare se è valida e ha un qualche significato, non sono ancora stati effettuati e non sono stati nemmeno dichiarati. Pertanto, gli inventori e i produttori di queste procedure di test si sono assicurati con informazioni appropriate sui foglietti illustrativi, ad esempio che il test deve essere utilizzato solo a scopo di studio e non è adatto a scopi diagnostici.

Posso prevedere con certezza che le persone che sviluppano sequenze geniche aumentate dal tipo di tessuto epiteliale, ad esempio i pazienti con problemi renali, saranno testati al 100% „positivi“ con la PCR sviluppata dal Prof. Drosten non appena la loro quantità di striscio sarà moltiplicata e concentrata minimamente. È molto probabile che finanche tutti gli organismi possano risultare positivi al test.

Mi appello a biochimici, bioinformatici, virologi e specialisti in colture cellulari affinché effettuino questi esperimenti di controllo, li pubblicino e mi informino su di essi. Ho progettato un esperimento di controllo che esclude fin dall'inizio la scusa che i prelievi utilizzati possano essere stati contaminati con il virus della SARS Cov-2 prima o durante l'esperimento di controllo.

I costi per condurre gli esperimenti di controllo saranno coperti se io e gli osservatori imparziali sia permesso di essere presenti durante l'esecuzione degli esperimenti di controllo e ogni fase sarà documentata. Si prega di contattare la casa editrice per il contatto. I risultati porranno immediatamente fine alla crisi da Covid-19. Non serve a nulla, se solo io presento i risultati degli esperimenti di controllo.

III. In base a quali ipotesi, esperimenti e controprove il Prof. Drosten può affermare che il suo test (PCR), con il quale rileva

solo un segmento di 2 (due) geni del genoma di un totale di 10 (dieci) geni del virus Corona, rilevi un virus intero, attivo e patogeno e non solo frammenti di un virus, dopo una presunta battaglia vittoriosa del sistema immunitario o a causa della presenza di numerosi virus „difettosi“, „incompleti“ e „innocui“ nel nostro materiale genetico?

Il Prof. Drosten non ha affatto considerato queste domande logiche, perché non compaiono affatto nelle sue pubblicazioni e affermazioni. Il rilevamento di sole brevi sequenze di geni da un lungo filamento genetico di un virus non può mai dimostrare la presenza di un virus intatto e quindi replicabile. Per convalidare un tale test PCR, si dovrebbero prima intraprendere studi i cui risultati dimostrino che il rilevamento di brevi sequenze geniche dimostri automaticamente la presenza di un intero e intatto filamento del patrimonio genetico di un virus. Tali studi, obbligatori per logica, non sono ancora stati effettuati o menzionati fino ad oggi.

All'inizio della crisi da Covid-19, la principale virologa, la professoressa Karin Mölling, esperta nel campo dei virus associati alle cellule, innocui, incompleti o difettosi noti, come endogeni, ha descritto le misure adottate come ingiustificate. Ha dimostrato in pubblicazioni e in un libro¹⁷ che metà del materiale genetico degli esseri umani, cioè la metà delle sequenze di cui sono composti i nostri cromosomi, è costituito da sequenze di virus inattivi e difettosi. Ciò che non sa, o nasconde, è che il metabolismo produce costantemente una grande quantità di sequenze di geni RNA di qualsiasi composizione, che non appaiono sotto forma di sequenze di DNA nei cromosomi. Questo fatto mette in discussione le affermazioni sull'esistenza di tutti i virus RNA, come i virus Corona, il virus Ebola, l'HIV, il virus del morbillo e la SARS. Questo fatto è anche la base per cui con gli esperimenti di controllo si pone immediatamente fine non solo alla crisi da Covid-19, ma anche alla paura e al maltrattamento da parte dell'intera virologia dei presunti virus patogeni. Posso assicurare che le vere cause e i fenomeni di infezione attribuiti ai virus, nel senso "veritiero" della parola "scienza", sono comprovati. Rimando per ciò all'articolo precedente "VIRUS Interpretazione erronea" nella rivista WissenschaftPlus No. 1/2020, che può anche essere acquistata come file pdf. E, ovviamente, ai tanti articoli precedenti legati a questo argomento. ■

Seguirà l'articolo: "VIRUS Interpretazione erronea III".

NOTE:

¹ Un nuovo Coronavirus da pazienti con polmonite in Cina, 2019. [A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019.] Pubblicato il 24.1.2020.

² Sulla responsabilità di un virologo. Christian Drosten, è vittima o protagonista? Pubblicato nel blog dell'attivista per la pace [Von der Verantwortung eines Virologen. Ist Christian Drosten Opfer oder Täter? Veröffentlicht im Blog des Friedensaktivisten] Peter Frey, peds-ansichten.de am 26.5.2020.

³ SARS, Wikipedia. <https://it.wikipedia.org/wiki/SARS> (In data 03.04.2021)

⁴ Xing-Yi Ge et al., Isolamento e caratterizzazione di un Coronavirus simile alla SARS dei pipistrelli che utilizza il recettore ACE2 [Xing-Yi Ge et al., Isolation and characterization of a bat SARS-like coronavirus that uses the ACE2 receptor]. *Natura*. Volume 503, 2013, p. 535-538, doi:10.1038/nature12711

⁵ La scoperta di un vasto pool genico di coronavirus legati alla SARS dei pipistrelli fornisce nuove conoscenze sull'origine del coronavirus della SARS [Discovery of a rich gene pool of bat SARS-related coronaviruses provides new insights into the origin of SARS coronavirus]. Ben Hu, Lei-Ping Zeng, Xing-Lou Yang et al., *PLoS Pathogens*. 13(11): e1006698, doi:10.1371/journal.ppat.1006698

⁶ Siehe Quelle 1 und: Un nuovo coronavirus associato alla malattia respiratoria umana in Cina [A new coronavirus associated with human respiratory disease in China]. *Nature* | Vol 579 | 12 March 2020 | 265-269. <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2008-3>. Pubblicato il 3.2.2020.

⁷ Risultati patologici di COVID-19 associati alla sindrome da distress respiratorio acuto [Pathological findings of COVID-19 associated with acute respiratory distress syndrome]. *Lancet Respir Med* 2020; 8: 420-22. Pubblicato online il 17 febbraio 2020. [https://doi.org/10.1016/S2213-2600\(20\)30076-X](https://doi.org/10.1016/S2213-2600(20)30076-X)

⁸ Gazzetta dell'Ufficio federale della sanità, numero 12, dicembre 2010. Pandemie. Lezioni apprese [Bundesgesundheitsblatt, Ausgabe Nr. 12, Dezember 2010.

Pandemien. Lessons learned]. <https://www.springermedizin.de/pandemien-was-haben-wir-aus-der-h1n1-influenza-gelernt/8011652>

⁹ Rilevamento di 2019 nuovo coronavirus (2019-nCoV) tramite RT-PCR in tempo reale. Prof. Christian Drosten et al. [Detection of 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) by real-time RT-PCR. Prof. Christian Drosten und Mitarbeiter] *Euro Surveill*. 2020;25(3):pii=2000045. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.3.2000045>. Pubblicato il 23.1.2020.

¹⁰ Diagnostika: Erster Test für neuartiges Coronavirus entwickelt. *Medica Magazin* vom 21.1.2020. https://www.medica.de/de/News/Archiv/Diagnostika_erster_Test_f%C3%BCr_neuartiges_Coronavirus_entwickelt

¹¹ Vedi 6;

¹² Sindrome respiratoria acuta grave correlata alla coronavirus: La specie e i suoi virus - una dichiarazione del Coronavirus Study Group [Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus: The species and its viruses – a statement of the Coronavirus Study Group] bioRxiv preprint doi: <https://doi.org/10.1101/2020.02.07.937862>

¹³ Vedi 9;

¹⁴ §2 Principi di buona pratica scientifica: (1) tra cui “dubitare fermamente tutti i risultati” e “adempiere ai principi riconosciuti di lavoro scientifico nelle singole discipline”. In: Nuova versione degli statuti della Charité - Medicina universitaria Berlino per garantire la buona pratica scientifica del 20.06.2012 (AMB Charité No. 092, p. 658). [§2 Grundsätze Guter Wissenschaftlicher Praxis: (1) u.a. „alle Ergebnisse konsequent selbst anzuzweifeln“ und „die anerkannten Grundsätze wissenschaftlicher Arbeit in den einzelnen Disziplinen einzuhalten.“ In: Neufassung der Satzung der Charité – Universitätsmedizin Berlin zur Sicherung Guter Wissenschaftlicher Praxis vom 20.06.2012 (AMB Charité Nr. 092, S. 658)]

Fonte: https://www.charite.de/fileadmin/user_upload/portal/charite/presse/publikationen/amtl-mitteilungsblatt/2012/AMB120620_092.pdf

¹⁵ Il modo in cui vengono trattati in pubblico i risultati del test „positivo“ della frutta anche per la „SARS-Cov-2“ può essere trovato qui in modo esemplare [Wie mit den Befunden in der Öffentlichkeit umgegangen wird, dass auch Früchte „positiv“ auf „SARS-Cov-2“ getestet werden ist, finden Sie beispielhaft hier:] <https://www.zdf.de/nachrichten/panorama/coronavirus-papaya-ziege-tansania-test-100.html>

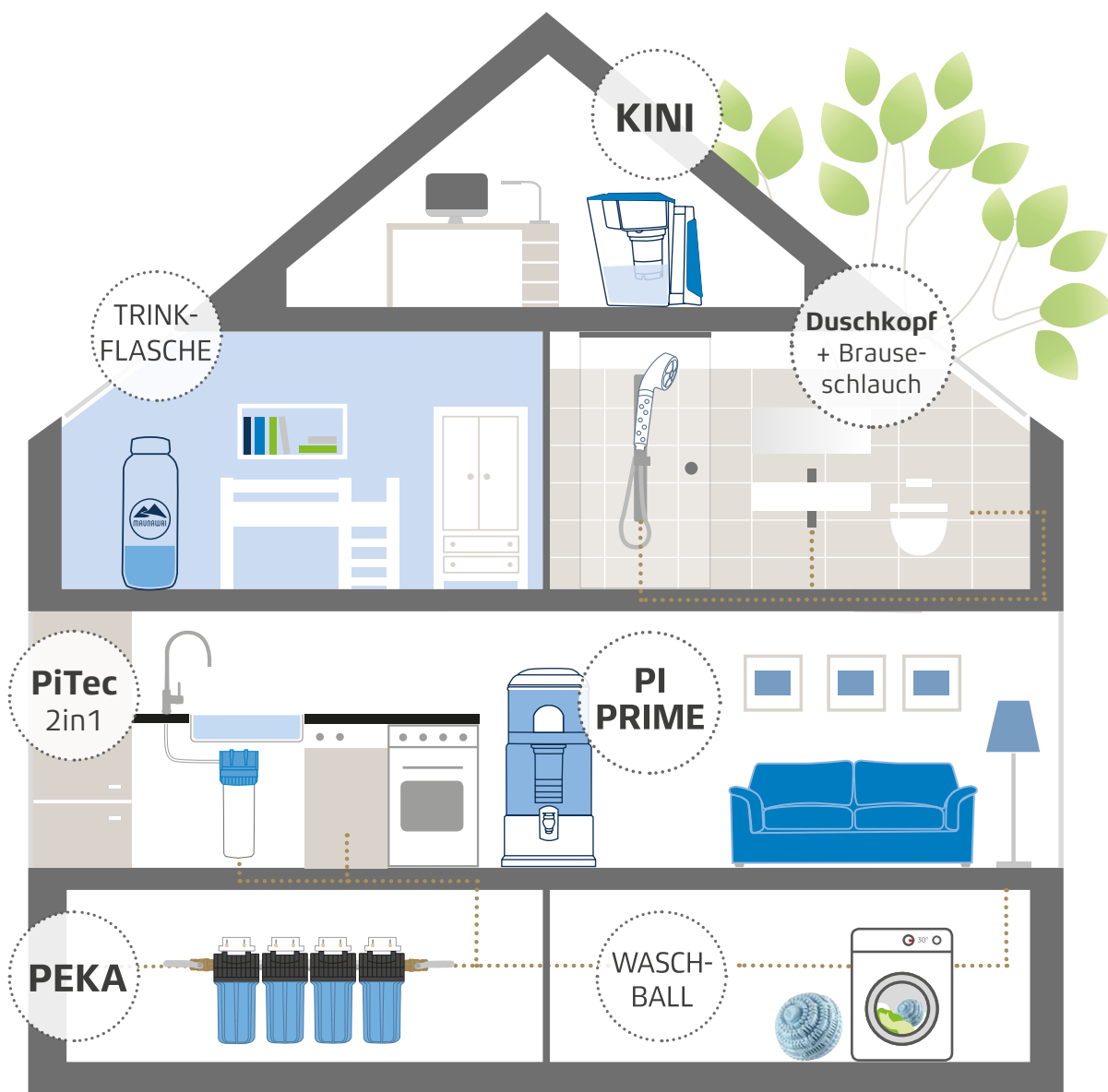
¹⁶ Vedi 9;

¹⁷ Vedi il libro di Karin Moelling con l'interessante titolo „Virus: più amici che nemici“ [Viruses: More Friends Than Foes], 420 pagine, pubblicato anche in tedesco nel 2016



MAUNAWAI® Mein Wasser

➤ Natürlich gefiltertes Wasser für Ihr Zuhause



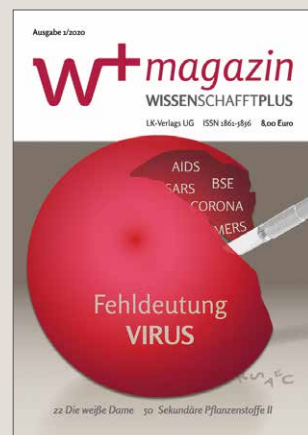
Exklusiver Code für Wplus-Leser **wplus20** Sie erhalten 10% Rabatt auf Ihre nächste Bestellung unter www.maunawai.com!

Informationen und Bestellung

Tel. +49 3327 570880 · info@maunawai.com · www.maunawai.com

w⁺magazin

Abonnement



Abonnieren Sie jährlich 4 Ausgaben des **w⁺magazins**:

als gedrucktes Heft: 29 Euro
 als PDF per E-Mail: 18 Euro
 oder gedruckt+PDF: 38 Euro
 unter www.wissenschaftplus.de

Bestellen Sie eine kostenlose Probeausgabe (als PDF oder Print) von Wissenschaftplus

per E-Mail: info@wplus-verlag.de
 oder telefonisch: 03327 5708830

