

w+ARTIKEL

WISSENSCHAFTPLUS

LK-Verlags UG



AIDS
SARS BSE
CORONA
MERS

L'erreur d'interprétation

VIRUS II

Début et Fin de la Crise Corona

Dr. Stefan Lanka



L'erreur d'interprétation Virus

Début et Fin de la Crise Corona

Dr. Stefan Lanka

La définition de SARS et de Corona ou Covid-19 énonce que ces maladies sont considérées avoir le profil clinique caractéristique d'une pneumonie atypique. Si l'on peut trouver des germes connus, alors la pneumonie est dite typique, sinon, atypique. L'un des deux faits déterminants pour la crise SARS et Corona est qu'au moins 20-30% de la totalité des pneumonies sont atypiques. Les causes des pneumonies atypiques sont clairement connues et ne doivent donc PAS être attribuées à un virus inconnu.

Ce fait est tu (passé sous silence) - supprimé par les infectiologues et les virologues et il constitue la base de la propension à la peur et à la panique, parce que pour les concernés, le public et les politiques, l'impression est donnée que la pneumonie atypique serait particulièrement dangereuse et souvent mortelle, justement parce qu'il n'y aurait pas de médicament et de vaccin pour cette soi-disant nouvelle maladie.

À partir du moment où un procédé de test pour le soi-disant nouveau virus est proposé, un test qui – certains participants vous le cache -, teste aussi „positif“ des gens sains, le nombre de cas augmente automatiquement. Tout d'abord, des gens avec une pneumonie typique eux aussi, puis de plus en plus de personnes avec d'autres maladies sont enregistrées positives. Cela est censé faire la preuve concrète de la propagation du virus. Automatiquement, on ajoute de plus en plus d'autres maladies à la maladie de départ „pneumonie atypique“ et on déclare ce syndrome être „la maladie du nouveau virus“.

L'autre fait déterminant et pas seulement pour SARS et la crise Corona, est que les virologues qui prétendent que les virus sont pathogènes, pour des raisons bien compréhensibles, répriment un état de fait pourtant bien évident. Le processus de test du virus est un traçage génétique. Ils n'isolent pas les séquences de gènes qu'ils utilisent pour le test à partir d'un virus. Ils isolent des séquences de gènes typiques qui sont produites abondamment lorsque des tissus et des cellules meurent. Ces séquences génétiques courtes, des constituants du métabolisme humain, constituent la base du travail de laboratoire qui sensuit. Mais à l'aide de logiciels sur ordinateur, les virologues ne peuvent, à partir de nombreuses séquences de gènes courtes, construire des chaînes de patrimoine génétique longues que mentalement, par la pensée, et c'est ce qu'ils font. Celles-ci sont ensuite présentées comme étant des patrimoines génétiques viraux réels. C'est la raison pour laquelle des gens sains sont aussi testés positifs à répétition.

Pour éviter de se contredire, les virologues contreviennent systématiquement à deux règles obligatoires en sciences. La première est de vérifier soi-même toutes les affirmations de manière systématique. La seconde est de vérifier toutes les hypothèses et les méthodes par des expériences ou essais de contrôle. S'ils effectuaient ces essais de contrôle, ils constateraient que TOUTES les séquences génétiques courtes dont ils construisent un patrimoine génétique de virus en pensée uniquement sont issues du métabolisme humain et ne proviennent donc pas de l'extérieur, d'un présupposé virus.

La dynamique propre de la crise Corona fut déclenchée par la communication d'un jeune médecin ophtalmologiste le 30.12.2019 sur internet, communication qui se répandit immédiatement et très rapidement. Il raconte à ses amis que plusieurs personnes sont en quarantaine dans son hôpital, sept cas de SARS seraient confirmés et qu'ils devraient rester prudents et se protéger. Le professeur Christian Drosten de la Charité à Berlin en eut vent et démarra sur le champ le développement de procédés de test pour virus SARS, avant même qu'il soit possible de savoir si cela était vrai ou pouvait l'être, si le rapport en provenance de Chine sur SARS était avéré et prouvé, et surtout avant que les virologues chinois n'aient publié leurs résultats.

Les virologues compétents du département de la santé chinois (CCDC) publièrent leurs résultats le 24.1.2020 et le 3.2.2020. Ils rapportent qu'ils ont isolés de nombreuses séquences génétiques courtes qui pourraient, mentalement alignées, représenter la chaîne génétique d'un nouveau virus. Comme tous les autres virologues concernés jusqu'à présent, les virologues attirent l'attention sur le fait que les expériences obligatoirement nécessaires n'ont pas été faites, qui permettraient d'affirmer qu'il s'agit vraiment là de la chaîne génétique d'un nouveau virus pathogène. Au contraire: les virologues chinois indiquent de manière explicite que la chaîne génétique construite présente 90% de similitude avec celles de virus Corona inoffensifs et connus depuis des décennies chez la chauve souris.

Le 21.1.2020 (3 jours avant la première publication du CCDC!) l'OMS recommandait à toutes les nations l'utilisation du procédé de test développé par le professeur Drosten. En affirmant qu'il avait développé un procédé de test fiable pour le virus qui se propageait en Chine, en négligeant les règles clairement énoncées du travail scientifique, lesquelles font partie de son contrat de travail, et en transgressant les règles et la logique de la virologie, le Prof. Drosten a provoqué l'augmentation et la mondialisation de la panique de l'épidémie chinoise.

1. Début de la crise Corona.

Le 30.12.2019, lorsque le jeune ophtalmologiste Li Wenliang racontait à ses amis à Wuhan via WhatsApp que plusieurs personnes étaient en quarantaine dans son hôpital, sept cas de SARS seraient confirmés et qu'ils devraient rester prudents et se protéger, il n'avait pas l'intention de déclencher une panique. Sinon il aurait mis sa communication sur internet et averti publiquement. Un des sept destinataires de cette communication WhatsApp privée publia sans se rendre compte des conséquences possibles un „Screenshot“, donc une photo de cette communication, sur internet. Naturellement, cette information se propagea très vite en Chine, puis ensuite, dans le monde entier.

À cause du précédent de la crise de panique du SARS en 2003 qui fut qualifiée par l'Organisation mondiale de la santé (OMS) de „menace mondiale“, cette communication déclencha une vague de peur, de panique et de questions adressées aux institutions de la santé et au gouvernement chinois. En retour, le gouvernement à Pékin envoya le 31.12.2019 à Wuhan une „troupe d'action rapide“ composée d'épidémiologistes et de virologues du centre de contrôle de la maladie chinois (CCDC), en renfort pour les institutions de santé locales et dans la province du Hubei. Il s'agissait de contrôler et vérifier la véracité des affirmations d'un démarrage d'épidémie. Si une épidémie s'était réellement déclenchée, il fallait contrôler la situation de manière appropriée.

Dans la première publication des auteurs du CCDC au sujet des résultats de leur recherche „un nouveau virus Corona chez des malades avec pneumonie“¹ il n'est mentionné d'aucune augmentation de cas de pneumonie atypique (malades avec une pneumonie dont la cause est inconnue). Ils rapportent que les malades proviennent d'un „cluster“, un groupe avec des caractères communs. Le caractère commun était la visite plus ou moins fréquente d'un marché aux fruits de mer (seafood wholesale market) à Wuhan. La petite taille du groupe avec pneumonies atypiques est reconnaissable au fait que le CCDC ne préleva d'échantillons et fluides du tract respiratoire inférieur que sur quatre personnes afin d'y rechercher la présence de germes connus ou inconnus.

Entre temps, la panique se répandit à Wuhan et alentour considérablement. La mesure prise par la police, contraignant l'ophtalmologiste Li Wenliang le 3.1.2020 à signer un engagement de ne plus rien dire d'aucune épidémie de SARS sous peine de condamnation, resta sans effet pour ralentir la dynamique de la panique progressant jusqu'au paroxysme. Le 10.1.2020 Wenliang et peu après ses parents développèrent la symptomatologie d'une pneumonie. Li Wenliang s'isola car il était persuadé de s'être infecté par contagion d'une de ses malades des yeux le jour précédent. Cela aussi contribua à attiser la panique.

Les médecins soignants firent un grand nombre de tests différents qui tous furent négatifs. Comme son état de santé se détériorait et de plus en plus de gens prenaient part publiquement pour son sort, on continua les tests jusqu'à ce

qu'un test SARS fût déclaré positif le 30.1.2020. La malédiction d'une panique SARS dégénérant qui muta en une crise Corona globale prenait son essor.

Li Wenliang diffusa ce résultat sur internet en ces termes: „Today nucleic acid testing came back with a positive result, the dust has settled, finally diagnosed.“ „Aujourd'hui le test génétique revint avec un résultat positif, la poussière est retombée, enfin diagnostiqué.“

Cette communication augmenta la panique qui régnait déjà. Tout contrôle fut perdu lorsqu'il publia l'ordonnance de son engagement du 3.1.2020 de ne plus rien publier sur internet. Cette publication de l'ordonnance d'interdiction de publier qu'il avait signée, dangereuse pour lui, fut et continue d'être interprétée par tous les gens paniqués comme la preuve qu'il y avait bien une nouvelle épidémie SARS, parce qu'un médecin lui-même touché par cette maladie, et malgré la menace de condamnation, continuait d'informer et d'alerter publiquement. La panique continua d'augmenter, parce qu'en dépit de la prise de nombreux antibiotiques, l'état de santé de Li Wenliang se détériorait et régulièrement, le public compatissait avec lui. La situation menaçait d'escalader parce l'information sur sa mort fut on ne peut plus chaotique et contradictoire. Cela fut et reste la base principale de la situation qui conduisit le public chinois et mondial à penser qu'un nouveau départ d'épidémie SARS avait lieu. Celle-ci fut néanmoins redéfinie comme une nouvelle peste, une pandémie rebaptisée sous un nom nouveau, le Covid-19.

2. La première des raisons possibles de la peur de Li Wenliang

D'une part la peur de l'ophtalmologiste Li Wenliang trouve sa source dans les événements de 2003 en Chine, lorsque des scientifiques de l'ouest prétendirent qu'une augmentation des pneumonies atypiques avait lieu en Chine du sud. Deux jours après la création mentale d'une séquence génétique du nouveau virus supposé (SARS-Cov-1) à laquelle il avait grandement participé,² le Prof. Drosten proposait un procédé de test pour ce soi-disant virus.³ À cause de cela, environ 800 personnes présentant une pneumonie atypique, c. à d. une pneumonie où l'on ne trouve aucun germe connu, mais qui furent testés positifs au test du Prof. Drosten, sont mortes – éventuellement mal traitées ou sur-traitées –, étant diagnostiquées SARS au lieu de „pneumonie atypique“. “

La continuation et l'augmentation de la peur du SARS jusqu'en 2019 reposent sur deux articles publiés en 2013⁴ et 2017⁵, qui émirent des spéculations sur la possibilité d'apparition de nouveaux virus SARS-Corona. Les auteurs des deux articles disent qu'il y a des indications pour qu'il existe des séquences génétiques courtes chez la chauve souris saine qui puissent être interprétées comme les constituants d'un virus. Ces séquences génétiques courtes présenteraient des analogies avec les séquences courtes qui furent déclarées en 2003 comme étant des constituants du présumé virus SARS-Corona-1 (SARS-CoV-1). SARS veut dire en anglais : ►

Severe Acute Respiratory Syndrom, en français : Syndrome Aigu Respiratoire Sévère, ce qui est une autre manière de dénommer les symptômes de la pneumonie atypique.

De ces séquences génétiques conceptuelles (fictivement reformulées en une réalité), il est dit qu'elles peuvent se former aussi en réalité et qu'elles pourraient construire un vrai virus. Un tel virus, prétendument porté par les chauves souris et d'autres animaux sauvages, mais jusque là non pathogène, pourrait, par morsure, contact ou ingestion passer à l'homme et devenir un agent mortel. Chez l'homme, ce virus inoffensif pourrait se transformer par des mutations en un virus SARS-Corona réellement nouveau déclenchant une maladie. Un tel évènement et la vague de maladies en résultant, comme par exemple des pneumonies atypiques pourraient arriver n'importe quand.

Jusqu'à aujourd'hui les virologues n'ont jamais réussi à isoler un virus SARS ni chez un malade, ni dans une chauve souris, ni dans un autre animal, ni même au laboratoire ; ni non plus prouvé en avoir extrait la séquence génétique complète intacte d'un virus SARS. La supposition des virologues que des séquences génétiques virales existent aussi dans la réalité, qui seraient construites pareilles aux séquences assemblées mentalement à partir des séquences génétiques courtes, n'a pu être confirmée jusqu'à présent. Alors que les techniques standard très simples de mesure de la longueur des séquences génétiques sont connues depuis longtemps, jusqu'à maintenant, on n'a pas non plus été capable de prouver l'existence ou la présence d'un virus SARS par d'autres moyens.

De telles fausses déclarations ont massivement attisé les peurs qui furent à la base des craintes de l'ophtalmologiste Li Wenliang, comme aussi celles d'autres médecins et infectiologues pas seulement à Wuhan. Ces déclarations sont la raison pour laquelle les épidémiologistes et virologues du CCDC se sont focalisés à partir du 30.12.2019 sur la recherche de séquences génétiques similaires à celles qui furent définies en 2003 comme appartenant à des virus SARS-Corona. (Voyez à ce propos les développements ci-dessous).

3. La deuxième des raisons possibles de la peur de Li Wenliang

La crise SARS et Corona commença par la déclaration dans les médias qu'il y avait une accumulation de cas de pneumonie atypique. Cette affirmation ne fut jamais confirmée. Il était seulement affirmé que les pneumonies atypiques apparues pourraient s'expliquer par le postulat de l'apparition d'un nouveau virus, parce que certains des malades avec pneumonie atypique avaient été en contact avec des marchés aux animaux. Pour pouvoir confirmer la supposition qu'un virus inconnu puisse être la cause de pneumonies atypiques, il fallait taire, donc supprimer de l'information, des faits connus décrits dans la littérature scientifique-médicale. Il existe plusieurs grandes variétés de causes non infectieuses répertoriées pour la pneumonie atypique. Pour plusieurs raisons, les pneumonies atypiques sont plus souvent mortelles que dans le cas des pneumonies typiques.

Parmi les causes on trouve la respiration des gaz d'échappe-

ment, des solvants et des matières toxiques. De même l'aspiration d'aliments, de boissons ou du contenu de l'estomac qui pénètrent dans le poumon lors de problèmes de déglutition ou en état d'inconscience peuvent déclencher des pneumonies aiguës (pneumonies par aspiration). L'eau qui pénètre dans les poumons lorsqu'on se noie, suffit à provoquer de sévères pneumonies atypiques. Comme autres causes viennent s'y ajouter le spectre connu des réactions immunologiques inappropriées, comme les allergies et les réactions auto-immunes. Il est aussi connu que les irradiations contre le cancer déclenchent une inflammation des poumons qu'il n'est pas possible de distinguer des pneumonies typiques. On connaît bien, particulièrement chez les personnes âgées, les pneumonies congestives. Celles-ci sont causées par l'accumulation d'eau (des œdèmes), les aliments trop prolongés, la faiblesse du cœur et/ou l'insuffisance des reins, ce qui peut conduire au manque d'aération et d'irrigation du poumon, d'où s'ensuit directement l'inflammation du poumon, donc une pneumonie atypique.

Les examens des cinq personnes qui sont documentés dans les deux publications significatives de la crise Corona⁶ ne font état d'aucune recherche concernant la présence d'antécédents, de signes, de mécanismes ou d'effets de ces causes connues des pneumonies atypiques. Les virologues ne le font pratiquement jamais et vu les circonstances de panique données, les membres du CCDC n'avaient pas la possibilité le faire. Le fait d'exclure de mentionner les pneumonies atypiques constitue une faute professionnelle médicale grave et empêche le traitement correct des malades. Pour cette raison, les malades concernés encourent le danger de se voir donner un traitement inapproprié, un cocktail d'antibiotiques riche d'effets secondaires, qui, surtout s'il est surdosé, peut à lui seul entraîner la mort des patients.⁷ Il faut que cela soit clair pour tout le monde : la panique extrême, spécialement en cas de problèmes respiratoires, est susceptible d'entraîner la mort par elle-même. La panique peut même provoquer la mort en un temps très court, pas seulement en cas de troubles cardiaques ou circulatoires.

La réponse à la question essentielle de savoir si, dans les faits, on a démontré l'existence d'un nouveau virus, ou bien si on a seulement trouvé de courtes séquences de substance génétique propre au corps humain qu'on fait passer pour les constituants d'un virus, ou qu'on a mal interprétés en tant que tels, cette réponse est décisive pour mettre fin à la crise Corona rapidement. Comme pour le H1N1, les initiateurs de la crise Corona disent qu'une vaccination est nécessaire pour y mettre fin. Mais l'idée de la vaccination est tout aussi invalidée que celle des virus. (5) Pour bien évaluer et classer les événements concernant le déclenchement et l'entretien de la crise Corona, il est utile de se souvenir d'une autre crise entre-temps oubliée : la pandémie de la grippe porcine de 2009. La majorité de la population était alors disposée à se faire vacciner contre le supposé virus de la grippe porcine. C'est alors que la livraison annoncée des vaccins fut retardée. Les vaccins ne pouvaient pas être remplis dans des seringues prêtes à l'emploi parce que les nouveaux adjuvants utilisés pour la première fois réagissaient avec le mélange vaccinal, l'abîmaient et le rendaient inutilisable. Pour cette raison, le vaccin fut rempli dans des ampoules de 10 doses (pour 10 personnes) auxquelles les adjuvants devaient être ajoutés juste avant l'acte de vaccination. ►

Dans l'intervalle, on sut que les adjuvants sans lesquels le vaccin ne peut produire son effet étaient d'un genre nouveau, et qu'ils n'étaient pas testés. On sut qu'il s'agissait de nanoparticules. Les nanoparticules sont connues pour leur grande réactivité à cause de leur taille minuscule, ce pour quoi elles sont utilisées comme catalyseur dans nombre de réactions chimiques et par exemple dans certains procédés techniques, on obtient des surfaces qui se comportent de façon tout à fait différente de ce qu'on peut obtenir avec les procédés courants. Par la suite, il fut révélé que la chancelière Angela Merkel et l'armée allemande (Bundeswehr) devaient recevoir ce vaccin sans les nouveaux adjuvants aux nanoparticules, mais par contre la police et la population le recevrait avec les nanoparticules non testées incluses.

Il s'ensuivit que 93% de la population refusa le vaccin qui lui était destiné. Seuls 7 % des allemands se firent vacciner. Le corps humain ne peut pas métaboliser les nanoparticules ni non plus les éliminer. À cause de ce refus de presque toute la population, la grippe porcine disparut littéralement d'un jour à l'autre comme par magie, naufragée des médias, et les vaccins finirent dans un haut fourneau. (Qu'on m'autorise une petite polémique: il est étonnant que le virus de la grippe porcine H1N1 ait pris la fuite au galop „porcin“, qu'il cessât d'infecter d'aucuns, que les infectés ne tombassent point malades et sa présence médiatique stoppât immédiatement. Il se pourrait que le virus de la grippe porcine se soit transformé en virus de la grippe du poisson, pour infecter les saumons qui remontent les cours d'eau et finir par atterrir revigoré au marché des poissons à Wuhan.)

Les épidémiologistes, infectiologues et virologues impliqués ont tiré les enseignements du ratage du plan de pandémie, laquelle ne parvint pas à culminer dans une vaccination. Ils en analysèrent les causes et publièrent leurs conclusions dans le n° 12 du Bundestagsblatt de décembre 2010 (journal officiel de la santé fédéral allemand). Le Titre en dit long: „Pandémies, lessons learned“. Ce qui veut à peu-près dire: les leçons que nous avons tirées de l'échec de la grippe porcine H1N1 !

Certains des articles contenus dans ce numéro sont disponibles sur internet,⁸ mais pas les plus importants. Les recommandations décisives pour la gestion de la pandémie sont:

- Faire en sorte que dans les discussions officielles, les experts ne se contredisent pas.
- Impliquer dès le début les médias dominants et les médias sociaux.
- Contrôler internet. Ceci afin d'empêcher qu'affirmations et critique ne compromettent l'acceptation des mesures politiques et sociales.

Ces recommandations ont été concrétisées avec succès maintenant! Internet est censuré, les critiques sont, entre autres, soumis à des injures et marginalisés. Ceux des arguments impératifs parvenus jusqu'au public qui invalident l'hypothèse de la pandémie ne sont pas considérés. Dans les médias ou en politique, on écoute qu'un seul expert: le Prof. Drosten. La seule critique émise à son égard par un virologue du SIDA eut pour fonction de renforcer l'affirmation de l'existence d'un virus nouveau, le SARS-CoV-2.

4. La mondialisation de la panique du virus SARS chinois et l'orientation du Prof. Drosten sur la crise Corona.

Le Prof. Christian Drosten de la Charité à Berlin prétend avoir développé à partir du 1.1.2020 un procédé de détection sûr pour la détection du nouveau virus Corona chez l'homme.⁹ L'OMS a recommandé le procédé développé par le Prof. Drosten aux chinois et à toutes les nations comme étant fiable pour pouvoir tester la propagation du soi-disant nouveau virus Corona.¹⁰

Pour pouvoir a) retracer et comprendre quelles sont les hypothèses et les actions qui étayent les assertions du Prof. Drosten, et (b) vérifier si ses conclusions d'avoir développé un procédé de test pour le nouveau virus Corona sont logiquement et scientifiquement justes ou non, voire même invalidées, il est nécessaire d'expliquer les concepts et les termes utilisés, les techniques, de présenter son argumentation et d'analyser les deux publications majeures auxquelles le Prof. Drosten se réfère.

- Comment définit-on un virus, comment un virus Corona?
- Dans ce contexte, comment définit-on les séquences?
- Comment fonctionnent la détection des séquences désignées par PCR, RT-PCR, et real time RT-PCR (RT-PCR en temps réel)?
- Sous quelles conditions la détection de la présence de séquences chez l'homme (dans le corps humain) peut-elle avoir valeur de preuve de l'existence d'un virus?
- Comment l'existence d'un virus est-elle prouvée scientifiquement?

Terminologie

- En science, un virus est défini par une substance génétique spécifique qui n'appartient qu'à lui.
- La substance génétique d'un virus est aussi désignée comme un brin de substance génétique, une molécule génétique virale, ou-bien son génome, ou encore son patrimoine génétique.
- La substance génétique virale d'un virus contient dans l'ordre les diverses séquences génétiques nécessaires à la construction des diverses protéines virales qu'on nomme les gènes viraux.
- La substance génétique d'un virus est constituée d'un seul des deux types de molécules: soit d'ADN, soit d'ARN.
- Les virus Corona sont définis comme étant constitués d'une molécule précise de RNA entourée par une enveloppe.
- La substance génétique d'un virus particulier est définie par la mesure précise de sa longueur et l'exacte détermination de la constitution du brin de substance génétique viral.
- La composition de la substance génétique d'un virus est obtenue en déterminant le nombre et l'ordre particulier des quatre éléments qui composent la substance génétique. Les quatre éléments de la substance génétique sont appelés des nucléotides.
- Le processus de détermination du nombre et de l'ordre séquentiel des quatre éléments d'une substance génétique s'appelle le séquençage.
- Le résultat de la détermination de l'ordre séquentiel des éléments d'une substance génétique est dénommé séquence ou séquence génétique.
- Les virus pathogènes sont définis par le fait que leur séquence génétique est unique et absente des organismes sains. ►

- Pour pouvoir prouver et déterminer la présence de la substance génétique d'un virus, il faut, conformément aux règles de la science et de la logique fondamentalement préexistante à toute science, isoler ce virus et le présenter sous sa forme pure, afin que des séquences de gènes cellulaires ne soient pas confondues avec les constituants d'un virus.
- La détermination de la séquence d'une substance génétique n'est possible que si celle-ci se trouve sous la forme d'un ADN.
- Pour déterminer la séquence d'une substance génétique qui se trouve sous forme ARN, il faut commencer par la transformer biochimiquement en ADN.
- L'opération de transformation d'une substance génétique ARN en ADN est dénommée „Reverse Transcription“, en abrégé „RT“.

Techniques utilisées par le Prof. Drosten et conclusions préliminaires

- On détermine la présence et la longueur d'une substance génétique en la déposant dans un champ électrique où elle est séparée dans le sens de la longueur. Les morceaux courts se déplacent plus rapidement, les morceaux longs moins rapidement. Simultanément, pour pouvoir déterminer la longueur de la substance génétique examinée, on y ajoute divers morceaux de substance génétique dont la longueur est connue. Cette technique standard fiable pour détecter et déterminer la longueur des substances génétiques est nommée électrophorèse sur gel.
- Si la concentration d'une substance génétique donnée est trop faible pour être détectée par électrophorèse sur gel, alors on peut l'augmenter à volonté par la technique de multiplication illimitée d'ADN dite réaction en chaîne de la polymérase. Ainsi on peut rendre visible un ADN tout d'abord indétectable à l'électrophorèse sur gel. Cela remplit une condition préalable pour faire d'autres examens de la substance génétique, en particulier pour permettre l'examen décisif de la détermination de sa longueur et de sa séquence. Cette méthode est appelée en abrégé PCR.

L'inventeur de la technique PCR, Kary Mullis, qui lui valut le prix Nobel de chimie 1993, avait tôt signalé que cette méthode, la sienne, qu'il avait développée pour faire de l'analyse en espace pur dans le cadre de la fabrication des puces informatiques, était grandement sujette à l'erreur. Dans son discours du prix Nobel documenté sur la page du comité des prix Nobel, il a aussi signalé qu'il n'y avait pas de preuve scientifique réelle vérifiable que la substance génétique dénommée génome du HIV déclenche réellement une immunodéficience ou l'une des diverses maladies regroupées improprement sous le terme de „SIDA“ et qui sont traitées par des chimiothérapies hautement toxiques. Il attirera l'attention sur le fait qu'il y a seulement un consensus des chercheurs concernés pour que « HIV » déclenche une immunodépression.

Pour multiplier un ADN par la technique PCR, il faut connaître la composition de la séquence d'ADN. Un ADN ne peut être multiplié par PCR que si sont liés à son début et sa fin deux courts morceaux de gène artificiellement créés exactement pareils aux séquences de début et fin de l'ADN à multiplier. Ces courts morceaux créés artificiellement sont appelés pour cette raison les molécules de démarrage de la PCR, les amorces (primer). En

moyenne elles comprennent entre 24 et 30 nucléotides (les éléments de base de la substance génétique).

Donc avec une PCR, il n'est pas possible de détecter des séquences inconnues ni non plus des virus inconnus. C'est la détermination préalable de la séquence d'un virus qui ouvre a posteriori la possibilité du développement d'un test PCR pour la détection d'une séquence de gène qui provient de ce virus. Aux débuts de la PCR, il fallait attendre la fin de la réaction d'amplification PCR pour déterminer la quantité d'ADN amplifiée par électrophorèse sur gel. Entre-temps et depuis, on ajoute des colorants aux enzymes et substances nécessaires à la PCR. La détection de ces colorants pendant la progression de la PCR indique approximativement la concentration d'ADN artificiels multipliés et la quantité approximative d'ADN réellement présente au départ de la PCR. Attendu que la la quantité d'ADN artificiel produite peut être approximativement déterminée pendant le déroulement de la technique PCR, on dénomme cette extension de la technique PCR „real-time PCR“ (PCR en temps réel). Une „real-time PCR“ qui est précédée par une étape de transformation d'ARN en ADN soit „Reverse Transkription“ (RT) est alors dénommée „real-time RT-PCR“.

- Le Prof. Drosten, dans le test qu'il a développé pour détecter le nouveau virus Corona, utilise la technique „real-time RT-PCR“. À ces fins, il a sélectionné dans une banque de données sur internet des segments courts de gènes qui, offerts au 1.1.2020, sont attribués à des virus SARS. Sur la base des séquences de ces segments courts de gènes, qui sont interprétés comme des constituants de virus SARS, il a conçu les séquences d'amorces (PCR-Primer) essentielles à la PCR utilisée pour détecter le virus „encore inconnu“ en Chine par sa „real-time RT-PCR“.

Lorsque, le 10.1 et le 12.1.2020, paraissaient sur internet des compilations provisoires de séquences, lesquelles furent modifiées après coup et publiées le 24.1.2020 et le 3.2.2020,¹¹ voilà qui posait le résultat des deux premiers essais d'identification du virus encore inconnu. Les virologues du CCDC assemblèrent à cette fin les séquences de segments d'ADN courts à l'aide de logiciels sur ordinateur en un patrimoine génétique théoriquement possible. Les virologues du CCDC déclarent dans les deux publications qu'il n'existe pas encore de preuve que ces deux séquences proposées puissent réellement provoquer des maladies. Au 10.1 et au 12.1.2020, les propositions de séquences chinoises étaient encore provisoires et n'avaient pas été soumises à une vérification selon les canons scientifiques rigoureux.

Le fait que l'organisation mondiale de la santé (OMS) recommande le test de détection PCR développé par le Prof. Drosten pour le dépistage du nouveau virus le 21.1.2020, avant même que les deux premières séquences chinoises proposées soient publiées, prouve un premier fait: Le Prof. Drosten utilisa pour son test PCR du 2019-nCoV, rapidement mondialisé, et rebaptisé SARS-CoV-2 avec sa participation le 7.2.2020¹², des données scientifiquement non vérifiées.

Le changement de nom du 7.2.2020 de la dénomination „nCoV“ en „SARS-CoV-2“, le passage d'une simple supposition de virus d'un virus défectueux ou inoffensif en un dangereux agent pathogène, donna l'impression qu'un virus SARS avait réellement été découvert en Chine, un virus qui ►

déclenche une maladie dangereuse, le SARS justement, qui tua la nouvelle idole de la Chine Li Wenliang, lequel éclipsa la présidence du parti. Par cela, le Prof. Drosten et ses collègues du groupe de nomenclature du virus satisfaisaient l'attente de la population terrifiée jusqu'à la moelle: „finally diagnosed“ „enfin diagnostiqué“. Cette attente fut suscitée par la dynamique propre de panique des foules déclenchée par le Dr. med. Li Wengliang, et apparemment satisfaite par le Prof. Drosten. La question décisive pour évaluer ce fait est qu'à cette date, tous les virologues impliqués déclaraient – et continuent de déclarer jusqu'à maintenant - qu'il n'y avait pas de preuves que ce nouveau virus provoquât réellement une maladie. Ou bien seulement qu'il émergeât en parallèle lors de maladies, lors de processus de guérison, après les processus de guérison, chez certains bien portants, chez beaucoup de bien portants ou chez tout le monde?

Rien que cela constitue la preuve que le Prof. Drosten transgressa la limite clairement reconnaissable des règles justifiées scientifiquement, et commit une imposture flagrante et lourde de conséquences. Il ne pourra pas se tirer d'affaire en expliquant que la revue qu'il utilisa pour publier son procédé de test le 23.1.2020¹³ ne vérifiait pas les contenus avant la mise sous presse.

5. Les questions décisives pour terminer la crise Corona rapidement.

La question centrale et cruciale doit être posée de savoir si le Prof. Drosten a bien rempli les obligations scientifiques qui font partie de son contrat de travail¹⁴, à savoir de vérifier par soi-même et conséquemment toutes les assertions dans sa publication concernant le procédé de test qu'il a développé et les affirmations publiques qu'il a faites basées sur celui-ci.

De cette obligation scientifique cruciale découlent trois autres questions cruciales:

I. Le Prof. Drosten a-t-il vérifié si les séquences de gènes mises à sa disposition par des virologues chinois et qui servent de base à son procédé de test proviennent réellement d'un virus?

II. Le Prof. Drosten a-t-il effectué les essais de contrôle obligatoires en sciences qui prouvent que les séquences qu'il a utilisées proviennent réellement d'un virus? A-t-il effectué les essais de contrôle qui prouvent que les séquences qu'il attribue au nouveau virus ne sont pas en réalité des séquences qui apparaissent dans n'importe quel métabolisme, peut-être même dans les plantes, comme par ex. dans les papayas en Tanzanie¹⁵ ou qui sont produites en quantités par le métabolisme en cas de maladie?

III. Quels sont les postulats, expériences et essais de contrôle qui permettent au Prof. Drosten d'affirmer qu'avec son procédé de test qui ne détecte que 2 (deux) gènes sur 10 (dix) du génome du virus Corona, un virus complet, actif et pathogène soit détecté? Et pas seulement des fragments de virus après un combat supposé vainqueur du système immunitaire, ou bien la présence de virus „défectueux“, „incomplets“ ou „inoffensifs“ dans notre substance génétique, lesquels sont typiques et constituent 50% de la masse des gènes de nos chromosomes?

Les réponses résultent des actions documentées du Prof. Drosten lors du développement de son procédé de test, et de la documentation des non-agissements du Prof. Drosten jusqu'à présent. Le virologue Prof. Drosten, qui a développé le procédé de test pour le nouveau virus Corona (d'abord sous la dénomination 2019-nCoV, puis dénommé à partir du 7.2.2020 SARS-CoV-2), décrit le développement de son test dans une publication publiée le 23.1.2020.¹⁶ À la page 3 de cet article, en colonne de gauche à 8 lignes de la fin, il décrit le premier pas décisif de sa démarche:

„Avant la publication de séquences de virus provenant de cas de 2019-nCoV, nous nous sommes fiés aux rapports des médias sociaux annonçant la détection d'un virus ressemblant au SARS. Nous avons donc présupposé qu'un CoV relié au SARS était impliqué dans l'épidémie.“

(„Before public release of virus sequences from cases of 2019-nCoV, we relied on social media reports announcing detection of a SARS-like virus. We thus assumed that a SARS-related CoV is involved in the outbreak.“)

„Nous avons téléchargé toutes les séquences complètes et partielles de virus reliées à SARS (longueur moyenne >400 nucléotides) qui étaient disponibles sur la banque de donnée le 1.1.2020.“ La suite en colonne de droite de la page 3, 3ème ligne d'en haut:

„Nous avons aligné ces séquences [note de Stefan Lanka (SL): à partir d'une séquence standard de virus SARS prédéfinie] et utilisé ces séquences ajustées pour développer nos tests. (Figure S1 dans le supplément à cette publication)“.

„Après la publication de la première séquence 2019-nCoV sur virological.org, nous avons sélectionné trois tests (Fig.1) sur la base de leur concordance avec le génome 2019-nCoV.“

(„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).“)

De ses explications découlent les réponses, conclusions et conséquences claires suivantes:

I. Le Prof. Drosten a-t-il vérifié si les séquences de gènes mises à sa disposition par des virologues chinois et qui servent de base à son procédé de test proviennent réellement d'un virus?

- La réponse est non! Il ne pouvait pas vérifier si les séquences proposées provenaient d'un virus parce qu'au moment de la mise sur le marché de son test, les deux publications cruciales dans lesquelles est décrite l'acquisition des séquences de gènes qu'il a utilisées n'étaient pas encore disponibles.

II. Le Prof. Drosten a-t-il effectué les essais de contrôle obligatoires en sciences qui prouvent que les séquences qu'il a utilisées proviennent réellement d'un virus? A-t-il effectué les essais de contrôle qui prouvent que les séquences qu'il attribue au nouveau virus ne sont pas en réalité des séquences qui apparaissent dans n'importe quel métabolisme, ►

peut-être même dans les plantes, comme par ex. dans les papayas en Tanzanie (15) ou qui sont produites en quantités par le métabolisme en cas de maladie?

- La réponse est: non! Ni lui, ni les virologues du CCDC, ni personne d'autre n'a jusqu'à présent effectué et documenté ces indispensables essais de contrôle, et s'il s'avérait que si, ils n'ont pas été publiés. Pour faire ces essais de contrôle cruciaux, on doit utiliser des séquences de gènes courtes du métabolisme de personnes saines pour les séquencer. Ces séquences de gènes courtes doivent être assemblées comme pour les séquences de gènes des gens malades à l'aide des mêmes logiciels sur ordinateur pour en faire le patrimoine génétique long d'un virus. Cet essai n'a été soit jamais entrepris, soit jamais publié. Cet essai de contrôle résultant des règles et de la logique en virologie, impératif – pour contrôler ses propres résultats –, n'est même pas évoqué. Il suffirait que cet essai de contrôle soit exécuté et publié pour que dans l'instant, la crise Corona s'arrête.

L'autre essai de contrôle résultant de la logique scientifique est de tester avec le test développé (real-time RT-PCR) de manière intensive les échantillons cliniques de personnes ayant d'autres maladies que celles attribuées au virus et aussi des échantillons de personnes saines, d'animaux et de plantes et de vérifier si ces échantillons sont eux aussi testés positifs. Ces autres essais de contrôle qui sont logiquement et impérativement nécessaires pour valider un test, c'est à dire pour vérifier s'il est valable et s'il est concluant, n'ont pas non plus été effectués jusqu'à présent : on n'a même pas prétendu qu'on les aurait faits. C'est pour cela que les inventeurs et producteurs de ces procédés de test se sont dégagés de leur responsabilité sur les notices d'emploi jointes, à savoir que le test n'est à employer que pour l'étude et n'est pas approprié pour le diagnostique.

Je peux prévoir avec certitude que que les personnes qui libèrent abondamment des séquences de gènes de tissus du type épithéliums pavimenteux comme par ex. les patients rénaux seront testées 100% positives au test du Prof. Drosten dès lors que leurs quantité de prélèvement sera un peu multipliée et concentrée. Il est très probable que tous les organismes puissent être testés positifs.

J'appelle les biochimistes, bio-informaticiens, virologues et spécialistes de la culture cellulaire à effectuer ces essais de contrôle et de m'en informer. J'ai conçu un essai de contrôle qui exclut dès le départ l'excuse de la contamination par le virus SARS-CoV-2 avant ou pendant le déroulement de l'expérience.

Les coûts de réalisation des essais de contrôle seront pris en charge si ma présence et celle d'observateurs neutres sont autorisées et si chaque étape est documentée. Veuillez prendre contact avec l'éditeur pour cela. Les résultats termineront la crise Corona instantanément. Que moi seul présente les résultats des essais de contrôle ne servirait à rien.

III. Quels sont les postulats, expériences et essais de contrôle qui permettent au Prof. Drosten d'affirmer qu'avec son procédé de test qui ne détecte que 2 (deux) gènes sur 10 (dix) du génome du virus Corona, un virus complet, actif et pathogène soit détecté? Et pas seulement des fragments de virus après un

combat supposé vainqueur du système immunitaire, ou bien la présence de virus „défectueux“, „incomplets“ ou „inoffensifs“ dans notre substance génétique, lesquels sont typiques et constituent 50% de la masse des gènes de nos chromosomes?

- Ces questions logiques n'ont pas du tout été prises en compte dans les calculs du Prof. Drosten, car on n'en trouve la trace nulle part ni dans ses publications ni dans ses déclarations. La détection de séquences de gènes courtes issues du patrimoine génétique long d'un virus ne peut en aucun cas prouver la présence d'un virus intact ayant le pouvoir de se multiplier. Pour pouvoir qualifier de valide un test PCR de cette sorte, il faudrait d'abord que des études soient entreprises dont les résultats montrent que la détection de séquences génétiques courtes prouve automatiquement aussi la présence d'un patrimoine génétique de virus intact et complet. De telles études logiquement obligatoires n'ont été jusqu'à présent ni réalisées, ni mentionnées.

Mme le Prof. Karin Mölling, leader dans le domaine des virus inoffensifs, incomplets ou défectueux dits virus endogènes, a qualifié les mesures prises au début de la crise Corona d'injustifiées. Elle a montré dans ses publications et son livre¹⁷ que la moitié de la substance génétique de l'homme, donc la moitié des séquences qui constituent nos chromosomes, est constituée de séquences de gènes de virus inactives et défectueuses.

Ce qu'elle ne sait ou ne dit pas, c'est que le métabolisme produit constamment une grande quantité de séquences de gènes ARN de constitutions arbitraires qui ne sont pas présents sous forme de séquences d'ADN dans les chromosomes. Ce fait remet en question l'affirmation de l'existence de tous les virus ARN comme les virus Corona, Ebola, HIV (SIDA), le virus de la rougeole et SARS. Ce fait est aussi la raison fondamentale pour laquelle les essais de contrôle mettront fin non seulement à la crise Corona, mais aussi à la peur et aux traitements erronés par l'ensemble de la virologie des soi-disant virus pathogènes.

Je peux certifier que les causes réelles et les phénomènes d'infection imputés aux virus sont prouvés au sens „positif“ du mot „science“. J'en réfère à mon article précédent „L'erreur d'interprétation Virus“ dans le n° 1/2020 du magazine Wissenschaft-Plus, disponible aussi en fichier pdf. Et bien évidemment aussi aux nombreux articles précédents sur cette question.

À suivre : „L'Erreur d'interprétation Virus III“

Sources

¹ A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019. *N Engl J Med* 2020; 382: 727-33. DOI: 10.1056/NEJMo2001017. Veröffentlicht am 24.1.2020. Paru le 24.1.2020 .

² De la responsabilité d'un virologue. Christian Drosten est-il victime ou auteur criminel? Publié sur le blog de Peter Frey, peds-ansichten.de le 26.5.2020.

³ SARS, Wikipedia. https://de.wikipedia.org/wiki/Schweres_akutes_Atemwegssyndrom (Eintrag vom 29.5.2020); wiki allemande

⁴ Xing-Yi Ge et al., Isolation and characterization of a bat SARS-like coronavirus that uses the ACE2 receptor. *Nature*. Band 503, 2013, S. 535–538, doi:10.1038/nature12711;

⁵ 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 Voir source 1 et: 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>. Veröffentlicht am 3.2.2020.;

⁷ Pathological findings of COVID-19 associated with acute respiratory distress syndrome. *Lancet Respir Med* 2020; 8: 420–22. Published Online February 17, 2020. [https://doi.org/10.1016/S2213-2600\(20\)30076-X](https://doi.org/10.1016/S2213-2600(20)30076-X); [https://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS2213-2600\(20\)30076-X/fulltext](https://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS2213-2600(20)30076-X/fulltext)

⁸ Bundesgesundheitsblatt, Ausgabe Nr. 12, Dezember 2010. Pandemien. Lessons learned <https://link.springer.com/journal/103/53/12>;

⁹ Détection du nouveau corona virus de 2019 (2019-nCoV) par une RT-PCR en temps réel. Prof. Christian Drosten et collègues. *Euro Surveill*. 2020;25(3):pii=2000045. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.3.2000045>. Paru le 23.1.2020.

¹⁰ Diagnostika: premier test du nouveau virus corona développé. *Medica Magazin* vom 21.1.2020. https://www.medica.de/de/News/Archiv/Diagnostika_erster_Test_f%C3%BCr_neuartiges_Coronavirus_entwickelt

¹¹ Siehe 6; Voyez 6;

¹² 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 Siehe 9; Voyez 9;

¹⁴ §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) zu finden unter: https://www.charite.de/fileadmin/user_upload/portal/charite/presse/publikationen/amtl-mitteilungsblatt/2016/AMB_208.pdf;

§2 Les bases d'une bonne pratique de la science: (1) entre autres „douter de tout résultat obtenu“ et „se plier aux règles fondamentales du travail scientifique dans les disciplines respectives“. Extrait des nouvelles règles de la clinique Charité - département de médecine de l'université de Berlin, „Pour sécuriser les bases d'une bonne pratique de la science“ du 20.06.2012 (AMB Charité Nr. 092, S. 658) à trouver là: https://www.charite.de/fileadmin/user_upload/portal/charite/presse/publikationen/amtl-mitteilungsblatt/2016/AMB_208.pdf;

¹⁵ Sur la manière exemplaire de réagir publiquement aux résultats que des fruits furent testés „positiv“ auf „SARS-Cov-2“ voyez ici: <https://www.zdf.de/nachrichten/panorama/coronavirus-papaya-ziege-tansania-test-100.html>

¹⁶ Siehe 9; Voyez 9;

¹⁷ Voir le livre de Karin Mölling avec le titre intéressant „Viruses: More Friends Than Foes“ [Les virus: plus amis qu'ennemis], 420 Seiten, paru aussi en allemand en 2016.



MAUNAWAI® Kini

➤ Tischwasserfiltersystem

Table Water Filter System



● ● ● made
in Germany

100%
frei von
Weichmachern
*free of
plasticizers*

Die MAUNAWAI® Kanne macht aus jedem Leitungswasser ein Wasser wie aus unberührten Bergquellen. Sie erhalten bestes schadstofffreies und lebendiges Wasser, welches unserem Zellwasser sehr ähnlich ist und deshalb vom Körper optimal aufgenommen und verwendet werden kann.

Die MAUNAWAI® Kanne Kini wird aus hochwertigem, lebensmittelechtem Kunststoff in Deutschland produziert und geprüft.

The MAUNAWAI® jug turns every tap water into a water fresh out of virgin mountain springs. What you get is the best pollutant-free and vital water, which is very similar to your cell water and thus can be absorbed and used by your body in an optimal way.

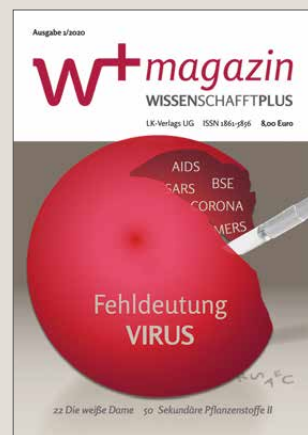
The jug is easy to use. Fill the upper tank with tap water, the water runs in a few minutes through the PI filter cartridge and is immediately ready to drink.

Information MAUNAWAI GmbH

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

