Dienstag, 22. Dezember 2020, 15:00 Uhr
~16 Minuten Lesezeit

Die Vertuschungsaktion

Einige Forscher und das Magazin „Nature“ versuchen, die Herkunft von SARS-CoV-2 aus einem Labor zu verschleiern.

von Manovas Weltredaktion
Foto: Krakenimages.com/Shutterstock.com

Affenkot? Chinesische Fledermaussuppe? Für die meisten Wissenschaftler und Medien ist klar: Das

SARS-CoV-2-Virus ist ein Fall von Zoonose — ein Krankheitserreger, der von Tieren auf den Menschen übertragen wurde. In diesem Fall wäre die Corona-Epidemie höhere Gewalt; viele wären schuld an der Verbreitung, niemand an der Entstehung des Virus. Die Molekularbiologin Alina Chan behauptet jedoch, dass ein zoonotischer Ursprung nicht logisch sei. Das Virus sei schon vollständig für die Mensch-zu-Mensch-Übertragung angepasst gewesen, als es zum ersten Mal auftrat. Zudem scheint es Beweise zu geben, dass die Fachzeitschrift „Nature" in ihren Artikeln die Fakten verdreht hat. Trifft doch die „Laborhypothese" zu, also die Annahme, SARS-CoV-2 sei bewusst gezüchtet oder zumindest fahrlässig in Umlauf gebracht worden? Und was würde das an der Einschätzung der aktuellen politischen Situation ändern? Eines ist sicher: Die Geschichte der Coronakrise müsste dann neu geschrieben werden.

von Joseph Mercola

Zusammenfassung

Laut Alina Chan, Molekularbiologin am Broad Institute of Harvard und am MIT, kann man die Evolution von SARS-CoV-2 nicht mit der These eines zoonotischen Ursprungs in Einklang bringen, denn das Virus war bereits vollständig für die Mensch-zu-Mensch-Übertragung angepasst, als es zum ersten Mal auftrat.

Die renommierte medizinische Fachzeitschrift „Nature“ erlaubte anscheinend einigen Autoren, ihre Daten heimlich zu ändern, ohne auf diese Korrekturen in den Artikeln hinzuweisen.

Chans Untersuchungen zeigen, dass die Autoren ihre Proben umbenannt, falsch zugeordnet und ein Genomprofil generiert haben, das mit keiner ihrer Proben übereinstimmt. In anderen Papers fehlen Daten.

Das Coronavirus RaTG13, zu 96 Prozent mit SARS-CoV-2 identisch und somit der engste Verwandte, ist in Wirklichkeit btCoV-4991. Dieses Genom wurde schon 2013 in Proben nachgewiesen und 2016 veröffentlicht.

Wenn SARS-CoV-2, das für COVID-19 und seine Folgen verantwortliche Virus, aus einem Labor stammt, müssen wir die Zukunft der „Gain-of-Function“-Forschung, die Viren zu Waffen machen kann, neu bewerten.

Ist der Ursprung von Sars-Cov-2 wichtig? Ja, er ist sogar sehr wichtig. Denn wenn es stimmt, dass Covid-19 und seine Folgen einem Erreger aus dem **Labor** (https://www.bostonmagazine.com/news/2020/09/09/alina-chan-broad-institute-coronavirus/) anzulasten sind, müssen wir die sogenannte „Gain-of-Function“-Forschung auf den Prüfstand stellen. Denn durch diese Forschung können Viren zu einer tödlichen Waffe werden.

Wie nicht anders zu erwarten, geht es in diesem Forschungsbereich um sehr viel Geld. Sollte das Virus also tatsächlich aus einem Labor stammen, werden die Profiteure alles versuchen, die Herkunft von SARS-CoV-2 zu vertuschen. Das ist nicht überraschend, denn schließlich wollen sie ihre Finanzierung sichern und ihre Karrieren retten. Überraschend ist jedoch, dass eine der renommiertesten medizinischen Zeitschriften unter dem Verdacht steht, die

Vertuschungsaktion ermöglicht zu haben.

Renommierte medizinische Zeitschrift an Vertuschungsaktion beteiligt

Laut der Molekularbiologin Alina Chan, die am Broad Institute of Harvard und am MIT forscht, kann man die Evolution von SARS-CoV-2 nicht mit der These eines zoonotischen Ursprungs in Einklang bringen, denn das Virus war bereits vollständig für die Mensch-zu-Mensch-Übertragung angepasst, als es zum ersten Mal nachgewiesen wurde. Chan schlussfolgert daraus, dass die evolutionären Zwischenphasen der Adaption für die Mensch-zu-Mensch-Übertragung im Labor stattgefunden haben müssen. Sie veröffentlichte ihre Theorie auf dem Preprint-Server „bioRvix“ am 2. Mai 2020 unter dem Titel „**SARS CoV-2 Is Well Adapted for Humans. What Does This Mean for Re-Emergence?** (https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2020.05.01.073262v1)“ (dt. etwa: „SARS-CoV-2 ist gut an den Menschen angepasst. Was bedeutet das für ein erneutes Auftreten?“).

Doch nun kommt noch mehr ans Licht: Es scheint, als habe die renommierte Fachzeitschrift „Nature“ es Autoren ermöglicht, die Daten in ihren Artikeln heimlich zu ändern, ohne dass dies kenntlich gemacht worden wäre.

Chan hinterfragt die Chronologie wichtiger Veröffentlichungen

In einem umfangreichen **Twitter-Thread** (https://twitter.com/ayjchan/status/1320344055230963712?s=21) vom 25. Oktober 2020 beschreibt Chan die äußerst

bemerkenswerte Chronologie (https://twitter.com/ayjchan/status/1320344055230963712?s=21) der Ereignisse und Details der wichtigsten Veröffentlichungen zu Herkunft und Genomsequenzierung von Sars-CoV-2.

Chan (https://threadreaderapp.com/thread/1320344055230963712.html) schreibt:

„*Immer noch wird behauptet, Sars-CoV-2 sei auf einem Fischmarkt in Wuhan vom Pangolin auf den Menschen übertragen worden. Ich hoffe, diese Analyse bringt etwas Licht ins Dunkel. Sie wird die wichtigsten Ereignisse am Anfang der Pandemie beleuchten und die grundlegenden Publikationen zum Ursprung des Virus.*“

In ihrem Twitter-Thread analysiert Chan die Chronologie der Veröffentlichungen zum Thema SARS-CoV-2 und zeigt, dass ein kleines Netzwerk von Wissenschaftlern die Schlüsselpublikationen mit den Daten der Pangolin- oder Fledermaus-Coronaviren veröffentlicht hat. Diese Viren sind die engsten Verwandten von SARS-CoV-2.

Weiter unten gibt es eine Zusammenfassung der Chronologie und außerdem eines von Chans vielen Diagrammen, die die Details grafisch darstellen. Besonders interessant sind die Querverbindungen bestimmter Autoren und Veröffentlichungen in mehreren Zeitschriften.

Sie finden das verwirrend? Damit sind Sie nicht allein. Es ist komplex und verworren (und man bekommt das Gefühl, es ist Absicht, damit niemand das Ganze durchschaut und die Wahrheit erkennt). Falls Sie sich mit allen Details beschäftigen möchten, kann ich nur empfehlen, den **Twitter-Thread** (https://threadreaderapp.com/thread/1320344055230963712.html) von Chan aufmerksam zu lesen. Dort bekommen Sie beides:

grafische Darstellungen und Erläuterungen, die Sie durch die gesamte Handlung des Krimis führen.

Die Chronologie

Am 24. Oktober 2019 wurde das erste **wichtige Paper** (https://www.mdpi.com/1999-4915/11/11/979) in der Zeitschrift „Viruses“ veröffentlicht. Die Autoren waren Ping Liu, Wu Chen und Jin-Ping Chen. Am 12. Dezember 2019 wurden die ersten Covid-19-Fälle gemeldet und am 12. Januar 2020 wurde die erste Sequenz des Genoms von SARS-CoV-2 veröffentlicht.

Am 20. Januar 2020 bestätigte China die direkte Übertragung des Erregers von Mensch zu Mensch; gleichzeitig reichten Forscher des Wuhan Institute of Virology (nachfolgend WIV) ein Paper (Zhou et. al.) bei „Nature“ ein. Dort veröffentlichten sie die Genomsequenzen sowohl von SARS-CoV-2 als auch vom Fledermausvirus RaTG13, die beide zu 96 Prozent identisch sind.

RaTG13 ist einer der engsten Verwandten von SARS-CoV-2. Es wurde 2013 vom WIV entdeckt, nachdem gemeldet worden war, dass sich 6 Minenarbeiter durch eine mysteriöse Infektionskrankheit eine schwere Lungenentzündung zugezogen hatten. Drei der Minenarbeiter starben.

Am 22. Januar 2020 erklärten Regierungsbeamte aus China, das Virus sei wahrscheinlich von Wildtieren auf einem Fischmarkt in Wuhan übertragen worden. Am selben Tag luden Liu et al. erneut die — ursprünglich in der Zeitschrift „Viruses“ am 24. Oktober 2019 veröffentlichten — Daten des Pangolin-Virus in die Datenbank des National Center for Biotechnology Information (NCBI) hoch. „Warum?“ fragt Chan. „Sind die beiden Datensätze identisch?“

Am 31. Januar 2020 musste China zugeben, dass keines der Tiere auf dem Fischmarkt in Wuhan positiv auf SARS-CoV-2 getestet worden war. Danach wurden in der Woche vom 7. bis 14. Februar 2020 vier separate Paper bei drei Zeitschriften eingereicht.

- Nature, Lam et. al.
- Nature, Xiao et. al.
- Current Biology, Zheng et. al.
- PLOS Pathology, Liu et. al.

In allen vier Artikeln wird ein beim Pangolin vorkommendes Coronavirus beschrieben, dessen Spike-Protein dem von SARS-CoV-2 sehr ähnlich ist. Liu ist Co-Autor von zwei dieser Veröffentlichungen, und zwar ein Artikel in „Nature“ und der Artikel in „PLOS Pathology“.

Dazu komme, dass sich alle vier Arbeiten „sehr stark oder ausschließlich auf die Arbeit von Liu et al. in der Zeitschrift ‚Viruses‘ stützen“, bemerkt Chan. Interessanterweise wurden in der Arbeit von Xiao et al. in „Nature“, so Chan, „Proben umbenannt, falsch zugeordnet“ und „eine Genomsequenz veröffentlicht, die mit keiner einzigen Probe in der Arbeit übereinstimmte“.

In der Arbeit von Liu et al. aus „PLOS Pathogen“ fehlen ebenfalls Daten. Die vier Papers wurden als Preprint zwischen dem 18. und 20. Februar 2020 auf „bioRxiv“ hochgeladen und entfachten, so Chan, „eine hitzige Debatte in der Öffentlichkeit und wilde Spekulationen über das Pangolin als Überträger des Virus auf dem Fischmarkt in Wuhan.“

Am 17. März 2020 veröffentlichte „Current Biology“ ein Preprint mit der Analyse des Fledermausvirus RmYN02, das ebenfalls große Ähnlichkeiten mit SARS-CoV-2 aufweist. „Nature Medicine“ veröffentlichte zudem eine Korrespondenz, die nahelegte, SARS-

CoV-2 habe einen natürlichen Ursprung. Bei beiden Papers war ein Co-Autor des Artikels von Lam et al. beteiligt, der am 7. Februar bei „Nature“ eingereicht wurde.

Vom 29. Januar 2020 bis zum 6. Mai 2020 wurden vier verschiedene Papers von wissenschaftlichen Fachzeitschriften akzeptiert, obwohl diese die Amplifizierungsdaten nicht mitlieferten und manche noch nicht mal die Rohdaten, welche die Wissenschaftler gebraucht hätten, um die veröffentlichten Gensequenzen selbst zu amplifizieren.

Ohne jegliche Erklärung wurden am **29. Mai 2020** von Zhou et al. die Sequenzen des mit Sars-CoV-2 eng verwandten RaTG13 in der NCBI-Datenbank hinterlegt. Der Artikel von Zhou et al. war ursprünglich am 20. Januar 2020 bei „Nature“ eingereicht worden.

Diese neuen Daten zeigten, dass das Genom erstmals 2017 und 2018 sequenziert wurde und nicht erst nachdem Covid-19 auftrat, wie die Arbeit von Zhou et al. in „Nature“ suggerierte. Außerdem stimmten die Daten auch nicht mit der schon veröffentlichten Sequenz von RaTG13 überein. Für diese Diskrepanz wurde keine Erklärung abgegeben. „In welcher privaten Datenbank waren diese Sequenzen also jahrelang gespeichert?“ und, so fragt Chan, gibt es „andere SARS-Viren, die wir nicht kennen?“

Am 25. Mai 2020 gab der Direktor des chinesischen Seuchenkontrollzentrums bekannt, das Virus sei nicht, wie ursprünglich angenommen, auf dem Fischmarkt vom Tier auf den Menschen übertragen worden.

Daten in Studien ohne Hinweis nachträglich geändert

Einen Monat später, am 22. Juni 2020, wurde ein neues Paper über ein Pangolin-Coronavirus von Liu et al. auf den Preprint-Server „bioRvix“ hochgeladen.

Verfasst wurde das Preprint von Autoren des Nature-Medicine-Artikels (der die Idee eines natürlichen Ursprungs nahelegt), des Current-Biology-Artikels (ebenfalls der Theorie eines natürlichen Ursprungs zugeneigt) und der beiden Nature-Artikel (die Parallelen zum Pangolin-Coronavirus ziehen). Da sich beide Veröffentlichungen in „Nature“ stark auf das Paper von Liu et al. in „Viruses“ stützen, basiert auch der neue Preprint darauf.

Am selben Tag wurde dem bereits veröffentlichten „Nature“-Artikel von Xiao et al. eine neue Sequenz eines Pangolin-Coronavirus hinzugefügt, obwohl diese im ursprünglichen Artikel (eingereicht am 16. Februar 2020) nie enthalten war. Sie wies jedoch Ähnlichkeit mit der Sequenz aus dem Preprint von Liu et al. vom 22. Juni 2020 auf.

Am 7. Juli 2020 zeigte Chan in einem Preprint, dass die Genomsequenzen der Schuppentier-Coronaviren, die in den vier Papers (zweimal „Nature“, „Current Biology“ und „PLOS Pathology“) aufgeführt sind, aus den Daten und Proben derselben Schuppentiere stammten, die im März 2019 in Guangdong gesammelt wurden. Wichtige Daten waren hier sowohl von Xiao et al. in „Nature“ als auch von Liu et al. in „PLOS Pathogens“ fehlerhaft wiedergegeben worden. Laut Chan „wurde die Zeitschrift ‚Nature‘ über die möglicherweise duplizierte und falsch zugeordnete Probe des Schuppentiers informiert.“

Am 24. Juli 2020 bestätigte das WIV, dass RaTG13 kein neuartiges Virus sei. Sein Genom wurde tatsächlich schon 2016 unter dem Namen btCoV-4991 veröffentlicht.

Die ursprüngliche Probe wurde 2018 erneut sequenziert. Danach

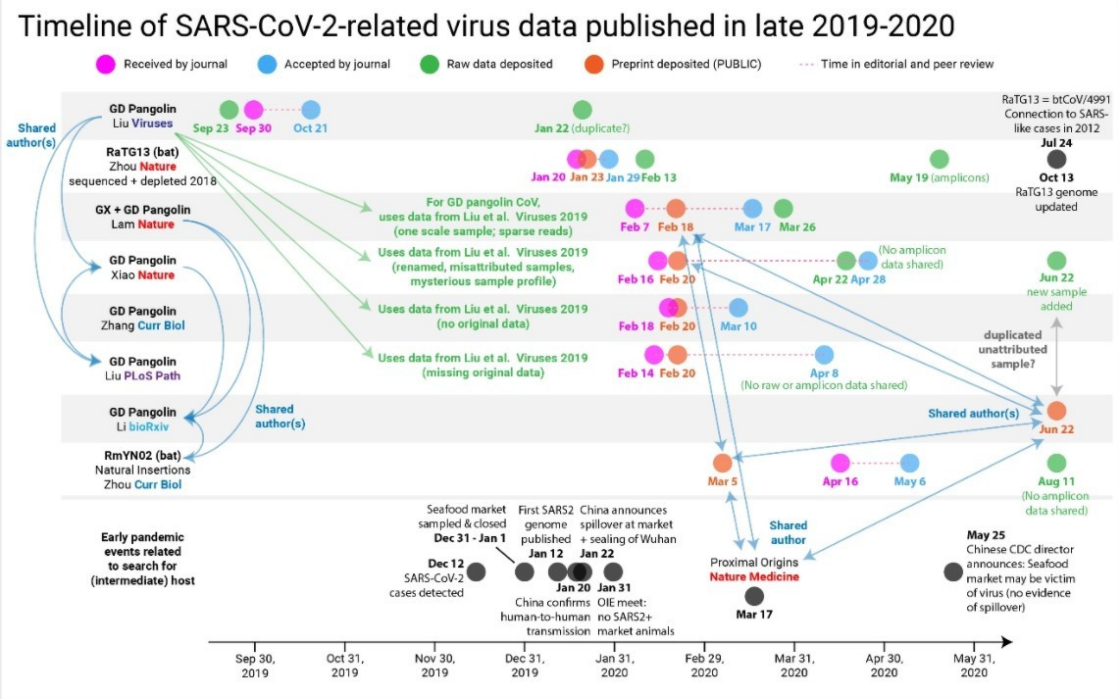
war das Material aufgebraucht und konnte, als SARS-CoV-2 ausbrach, nicht mehr für eine unabhängige Verifizierung genutzt werden. Anders ausgedrückt: RaTG13 und btCoV-4991 sind identisch und seit 2016 bekannt.

Chan schreibt weiter:

„*Dies wirft die Frage auf, warum RaTG13 von Zhou et al. in ‚Nature' irreführend und falsch zugeordnet wurde und warum Shi es in einem kürzlich erschienen Review in ‚Nature Reviews' genauso gemacht hat. Und weiter stellt sich die Frage, wie RaTG13 mit den SARS-ähnlichen Fällen in Yunnan 2012 zusammenhängt, die von chinesischen Top-Labors untersucht worden sind.*"

Im August 2020 wurde „Current Biology" auf die fehlenden Daten, sowohl auf die Rohdaten als auch auf die Amplifizierungsdaten, von RmYN02 hingewiesen. Daraufhin teilten die Autoren zwar die Rohdaten mit, nicht jedoch die Amplifizierungsdaten, sodass das Genom von RmYN02 immer noch nicht unabhängig überprüft werden kann.

Im September 2020 begannen Wissenschaftler, auf die Diskrepanz zwischen dem RaTG13-Genom und den Roh- und Amplifizierungsdaten hinzuweisen. Am 13. Oktober 2020 aktualisierten Zhou et al („Nature") das Genom von RaTG13 in der Datenbank des NCBI ein zweites Mal. Wieder ohne zu erklären, wie die Diskrepanz aufgetreten oder wie die Probe verarbeitet worden war.



To date, the GD pangolin CoV genome by Xiao et al. **Nature** & Liu et al. **PLoS Pathogens**, and the RmYN02 genome by Zhou et al. **Current Biology** cannot be independently assembled. The mismatch between the sequencing data and the original RaTG13 genome sequence, and the initially inaccurately reported history of RaTG13 remain to be explained by Zhou et al. **Nature**.

Wesentliche Daten fehlen noch immer

Am Ende des **Twitter-Threads** (https://threadreaderapp.com/thread/1320344055230963712.html) erklärt Chan:

„Es ist frustrierend, dass wesentliche Daten zum Ursprung von SARS2 mehr oder weniger nur auf Anfrage bereitgestellt werden. Und wir haben keine Ahnung, was hinter den Kulissen zwischen den Zeitschriften, den Autoren und den Peer-Reviewern vorgeht.

Wo stehen wir heute? Das veröffentlichte CoV-Genom vom Pangolin und RmYN02 können immer noch nicht unabhängig und selbständig sequenziert werden, weil die Daten nicht öffentlich gemacht wurden. Ist es nicht wichtig, diese Daten von den Autoren zu erhalten?“

„Wir wissen immer noch nicht, warum es eine Diskrepanz zwischen dem RaTG13-Genom und den Roh- und Amplifizierungsdaten gibt.

Wichtiger ist jedoch die Frage: Warum wurde RaTG13 von Zhou et al falsch zugeordnet und warum wurde das Paper nicht korrigiert, obwohl öffentlich zugegeben wurde, dass RaTG13 und 4991 identisch sind?“

Warum wurde eine Datenbank vom Netz genommen?

In diesen Kontext passt auch ein **Beitrag** (https://changingtimes.media/2020/10/12/sars-cov-2-lab-origin-hypothesis-gains-traction/) von Anette Gartland auf der unabhängigen Website „Changing Times“, der eine weitere Anomalie deutlich macht. Gartland schreibt: „Hinter den Kulissen arbeitet ein Team von Wissenschaftlern, Journalisten und unabhängigen Forschern, das sich selbst DRASTIC (Dezentralisiertes, radikales, autonomes Untersuchungsteam für Covid-19) nennt. Sie untersuchen und sammeln Auffälligkeiten in Hinblick auf die Narrative rund um SARS-CoV-2, legen Beweise vor, formulieren Fragen und stellen Hypothesen auf.

Das DRASTIC-Team weist zum Beispiel darauf hin, dass eine Datenbank mit unveröffentlichten Informationen über die Sequenzierung von Proben, die vom WIV in einer verlassenen Kupfermine in Yunnan gesammelt wurden, vom Netz genommen wurde.

Die Proben, auf die Gartland sich bezieht, stammen aus der Fledermaushöhle in Yunnan, wo sich sechs Minenarbeiter 2013 eine Lungenkrankheit zugezogen haben. Drei von ihnen starben. Alle wiesen Symptome auf, die jetzt mit COVID-19 in Verbindung gebracht werden.

Bei dem in diesen Proben identifizierten Virus handelte es sich um

das Fledermausvirus btCoV-4991. Es wurde ursprünglich 2016 von Forschern des WIV veröffentlicht, später in RaTG13 umbenannt und ist zu 96 Prozent mit SARS-CoV-2 identisch. Bedenkt man, wie elementar die Identifizierung der Herkunft von SARS-CoV-2 ist, wie kann dann eine Datenbank mit unveröffentlichten Daten über btCoV-4991 / RaTG13 vom Netz genommen werden?

Viele Wissenschaftler bezweifeln einen natürlichen Ursprung

Gartland stellt in ihrem Artikel weiterhin einflussreiche Hypothesen von Wissenschaftlern dar, die nicht an einen natürlichen Ursprung glauben. So auch die Theorie von Jonathan Latham und Allison Wilson, der ich in meinem Interview mit Latham auf den Grund gegangen bin und im Artikel „**Cover-Up of SARS-CoV-2 Origin?** (https://articles.mercola.com/sites/articles/archive/2020/07/12/coronavirus-lab-origin.aspx) “ (dt. „Vertuschung der Herkunft von SARS-CoV-2?“) dargestellt habe.

Die Forscher Birger Sorensen, Angus Dalgleish und Andres Susrud weisen in ihren Arbeiten darauf hin, dass 78,4 Prozent des SARS-CoV-2-Spike-Proteins menschenähnlich ist und eine ausgeprägte Übertragungsfähigkeit hat. Mit anderen Worten: das Virus ist bemerkenswert gut an den Menschen angepasst.

Beunruhigend finden Sorensen, Dalgleish und Susrud vor allem, wie sich diese Eigenschaften von SARS-CoV-2 auf die Impfstoffsicherheit auswirken könnten. Die große Ähnlichkeit mit dem Menschen könne „ohne besondere Sicherheitsmaßnahmen bei Impfstoffkandidaten, die auf das Spike-Protein abzielen, **ein hohes Risiko für schwere Nebenwirkungen** (https://changingtimes.media/2020/10/12/sars-cov-2-lab-origin-hypothesis-gains-traction/) und die Bildung

infektionsverstärkender Antikörper bergen.“

Neben Latham/Wilson und Sorensen/Dalgleish/Susrud haben auch viele andere Experten verschiedener Gebiete Argumente für einen menschengemachten Virus oder die Herkunft aus dem Labor vorgebracht. Darunter auch:

Professor Giuseppe Tritto, ein international anerkannter Experte auf dem Gebiet der Bio- und Nanotechnologie. Er ist auch Präsident der Weltakademie für biomedizinische Wissenschaften und Technologie, die von der UNESCO gegründet wurde.

Laut Tritto, dem Autor des neu erschienenen Buches „**China COVID-19": The Chimera That Changed the World** (https://www.edizionicantagalli.com/shop/cina-covid-19/)“ [dt. etwa „China Covid 19: Eine Chimäre verändert die Welt“], wurde SARS-CoV-2 im Rahmen eines vom chinesischen Militär überwachten Programms im WIV gentechnisch verändert. Seiner Ansicht nach begann die Entwicklung von SARS-CoV-2 nach der SARS-Epidemie von 2003, als chinesische Forscher auch mit der Arbeit an einem SARS-Impfstoff begannen. Der Verantwortliche Wissenschaftler für das Programm am WIV war Dr. Shi Zhengli.

Tritto behauptet, das französische Pasteur-Institut habe Shi gezeigt, wie man ein Segment des HI-Virus in ein Hufeisenfledermaus-Coronavirus einführt, so dass er mittels **reverser Genetik** (https://www.lifesitenews.com/blogs/renowned-european-scientist-covid-19-was-engineered-in-china-lab-effective-vaccine-unlikely) ein SARS-ähnliches Virus mit erhöhter Pathogenität erzeugen konnte.

Der australische Forscher Nickolai Petrovsky und sein Team haben versucht **aufzuzeigen** (https://arxiv.org/abs/2005.06199), wie diese tierischen Viren vermischt worden sein könnten, um SARS-CoV-2 zu erzeugen. Ihre Schlussfolgerung war, dass es sich nicht

um ein natürlich entstandenes Virus handeln könne.

Petrovskys Team weist darauf hin, dass Viren im Labor ohne Gentechnik verändert werden können, indem man es in verschiedenen Arten von Tierzellen züchtet. Um es an den Menschen anzupassen, würde man das Virus dann in Zellen züchten, die über den menschlichen ACE2-Rezeptor verfügen. Mit der Zeit kann sich das Virus dadurch anpassen und **eine Bindungsfähigkeit** (https://www.livescience.com/coronavirus-wuhan-lab-complicated-origins.html) für diesen Rezeptor entwickeln.

Dr. Michael Antoniou, ein in London ansässiger Molekulargenetiker, stellte fest, dass Viren mit höherer Infektiosität im Labor hergestellt werden können, ohne ein komplettes Genom zu verwenden. Mit einer Methode, die als **„gerichteter iterativer evolutionärer Selektionsprozess“** (https://www.gmwatch.org/en/news/latest-news/19403-wuhan-and-us-scientists-used-undetectable-methods-of-genetic-engineering-on-bat-coronaviruses) bezeichnet wird, kann man „eine große Anzahl zufällig mutierter Versionen des Spike-Proteins“ erzeugen und die Proteine auswählen, die menschliche Zellen am wirksamsten infizieren können. Würde man diese Technik anwenden, gäbe es keinerlei Hinweis auf Manipulationen oder auf ein gentechnisch verändertes Virus.

Dr. Richard Ebright, ein Experte für Infektionskrankheiten an der Rutgers-Universität, erklärte, dass sowohl US-amerikanische als auch chinesische Forscher bereits Fledermaus-Coronaviren genetisch manipuliert hätten, und zwar mit **Methoden** (https://www.gmwatch.org/en/news/latest-news/19403-wuhan-and-us-scientists-used-undetectable-methods-of-genetic-engineering-on-bat-coronaviruses), die „keine Anzeichen oder Spuren menschlicher Manipulation hinterlassen“.

Dr. Meryl Nass (https://articles.mercola.com/sites/articles/archive/2020/06/14

/how-did-coronavirus-originate.aspx), die 1992 in einem **Paper** (https://www.ippnw.org/pdf/mgs//psr-2-4-nass.pdf) den Milzbrandausbruch in Simbabwe 1978 bis 1980 als einen Fall von biologischer Kriegsführung beschrieb, glaubt auch nicht an einen natürlichen Ursprung. In einem **Blogeintrag** (https://anthraxvaccine.blogspot.com/2020/04/why-are-some-of-us-top-scientists.html) vom 2. April 2020 beschreibt sie unterschiedliche Möglichkeiten, Viren zu manipulieren, um eine neue, virulentere Version zu erzeugen.

Der promovierte Pathologe **Chris Martenson** (https://www.postcarbon.org/our-people/chris-martenson/) untermauert wissenschaftlich und detailliert in einem **Video** (https://www.youtube.com/watch?v=uZUJhKUbd0k) seine These, dass SARS-CoV-2 im Labor manipuliert worden sein muss. Ich habe darüber auch in meinem Artikel **„The smoking Gun proving SARS-CoV-2 is an engineered Virus“** (https://articles.mercola.com/sites/articles/archive/2020/05/19/smoking-gun-proving-sars-cov-2-was-lab-created.aspx) [dt. etwa „Der Beweis: SARS-CoV-2 ist ein manipuliertes Virus“] geschrieben.

Die kanadischen Forscher Shing Hei Zhan, Benjamin E. Deverman und Yuji Alina Chan vom Department of Zoology and Biodiversity Research Center der University of British Columbia veröffentlichten im Mai 2020 eine **Studie** (https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2020.05.01.073262v1.full.pdf), in der sie feststellen:

„Beim direkten Vergleich der evolutionären Dynamik des 2019/2020 SARS-CoV-2 und dem 2003 SARS-CoV überraschte uns die Ähnlichkeit, die SARS-CoV-2 mit dem SARS-CoV der Spätphase der Epidemie von 2003 aufwies, das durch Mutationen leichter von Mensch zu Mensch übertragen werden konnte.“

„Diese Beobachtungen legen nahe, dass SARS-CoV-2 zum Zeitpunkt

der Entdeckung Ende 2019 bereits in ähnlicher Weise an den Menschen angepasst war wie das SARS-CoV der Spätphase. Es wurden jedoch keine Vorläufer oder Evolutionszweige nachgewiesen, die von einem weniger an den Menschen angepassten SARS-CoV-2-ähnlichen Virus stammen.“

„Das plötzliche Auftreten eines hochinfektiösen SARS-CoV-2-Virus sollte Besorgnis und stärkere internationale Bemühungen hervorrufen, die Quelle zu identifizieren und ein erneutes Auftreten in naher Zukunft zu verhindern. Alle Vorgänger des jetzigen SARS-CoV-2 wären besonders gefährlich, wenn sie ähnlich gut an den Menschen angepasst wären.“

„Auch die Möglichkeit, dass sich ein nicht gentechnisch hergestellter Vorläufer während der Untersuchung in einem Labor für die Mensch-zu-Mensch-Übertragung angepasst haben könnte, sollte — unabhängig von der Wahrscheinlichkeit — in Betracht gezogen werden.“

COVID-19-Kommission des Lancet ist kompromittiert

Meiner Meinung nach deuten die überzeugendsten Beweise alle darauf hin, dass SARS-CoV-2 eine Laborschöpfung ist. Wie es jedoch freigesetzt wurde, kann man nur vermuten. Nun hat „The Lancet“ eine COVID-19-Kommission eingesetzt, um die Herkunft von SARS-CoV-2 abschließend zu klären.

Leider kann diese **Kommission** (https://www.telegraph.co.uk/global-health/science-and-disease/scientists-examine-possibility-covid-leaked-lab-part-investigation/) gar nicht neutral sein, denn sie wird von Dr. Peter Daszak geleitet, der ja bereits postulierte, das Virus sei natürlichen

Ursprungs.

Als Präsident der EcoHealth Alliance besteht bei Daszak auch ein Interessenkonflikt, denn die EcoHealth Alliance bekam vom National Institute of Health Zuschüsse für die Coronavirus-Forschung, die dann an das WIV als Subunternehmer weitergegeben wurden. Es liegt also in seinem Interesse, SARS-CoV-2 einen natürlichen Ursprung zu attestieren. Sollte sich nämlich die These des Laborursprungs bewahrheiten, stünde seine Karriere auf dem Spiel.

Wie anfangs schon geschrieben: die Sicherung und Fortsetzung der gefährlichen „Gain-of-Function"-Forschung ist ein starkes Motiv, die Geschichte des zoonotischen Ursprungs aufrechtzuerhalten.

Joseph Mercola ist der Gründer von ***Mercola.com*** *(https://www.mercola.com/)*, hat zahlreiche Auszeichnungen für seine Arbeit in der Naturmedizin erhalten und ist der Autor mehrerer *New York Times*-Bestseller.

Redaktionelle Anmerkung: Dieser Text erschien zuerst unter dem Titel „**Did Top Medical Journal Help Cover Up Origins of SARS-CoV-2?** (https://childrenshealthdefense.org/defender/medical-journal-cover-up-origins-sars-cov-2/?utm_source=salsa&eType=EmailBlastContent&eId=2a798b16-0fa4-459f-be4c-0c8246d786da) " auf **childrenshealthdefense.org** (https://childrenshealthdefense.org). Er wurde von *Maike Fresenborg* übersetzt und vom ehrenamtlichen **Rubikon-Korrektoratsteam** (https://www.rubikon.news/kontakt) lektoriert.

Dieser Artikel erschien bereits auf www.rubikon.news.

Es bringt wenig, nur im eigenen, wenn auch exquisiten Saft zu schmoren. Deshalb sammelt und veröffentlicht **Manovas Weltredaktion** regelmäßig Stimmen aus aller Welt. Wie denken kritische Zeitgenossen in anderen Ländern und Kulturkreisen über geopolitische Ereignisse? Welche Ideen haben sie zur Lösung globaler Probleme? Welche Entwicklungen beobachten sie, die uns in Europa vielleicht auch bald bevorstehen? Der Blick über den Tellerrand ist dabei auch ermutigend, macht er doch deutlich: Wir sind viele, nicht allein!

Dieses Werk ist unter einer **Creative Commons-Lizenz** (**Namensnennung - Nicht kommerziell - Keine Bearbeitungen 4.0 International** (https://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/deed.de)) lizenziert. Unter Einhaltung der Lizenzbedingungen dürfen Sie es verbreiten und vervielfältigen.