



Donnerstag, 24. Juli 2025, 13:00 Uhr
~12 Minuten Lesezeit

Keimlose Krankheiten

Seuchensimulationen werden durch Tests und Monitorings erzeugt, die sich von der Wirklichkeit vollkommen entfernt haben. Teil 1.

von Felix Feistel
Foto: nito/Shutterstock.com

Seit der Simulation einer Coronapandemie, die es in Wirklichkeit nie gegeben hat, kursieren Erzählungen von einer kommenden Großseuche. Diese, so die Erklärung, sei nur eine Frage der Zeit. Dabei wird vor

allem auf den sogenannten Klimawandel verwiesen, der das Auftreten einer neuen Pandemie noch wahrscheinlicher mache. Vor diesem Hintergrund hat die WHO über Jahre ein Pandemieabkommen ausgearbeitet, das ihr im Fall der Fälle quasi unbegrenzte Macht verleiht. Diese Pandemie könne, so die Erzählung, auch aus einer Zoonose entstehen, also einer Übertragung von einem Tier auf den Menschen. Diese schon für Corona bemühte Erklärung hat sich bezogen auf das Jahr 2020 längst als blanke Propaganda entlarvt. Doch immer wieder werden vor allem Tierseuchen wie die Vogelgrippe zu neuen Bedrohungen hochstilisiert. Zeit also, sich genauer mit dem Seuchenkomplex auseinanderzusetzen.

Seit eine Coronapandemie ausgerufen wurde die es tatsächlich gar nicht gab (<https://www.manova.news/artikel/die-falsche-pandemie>), sind die Themen „Pandemie“ und Seuchen sehr präsent. Immer wieder warnen ranghohe Virologen und mit diesen Themen befasste Philanthropen vor der nächsten Pandemie, die just um die nächste Ecke zu lauern scheint. Staaten und internationale Organisationen investieren Zeit und Geld in Pandemievorbereitungen, die Weltgesundheitsorganisation (WHO) hat vor dem Hintergrund der beschworenen Seuchengefahr gar einen Pandemievertrag verabschiedet sowie die internationalen Gesundheitsvorschriften (IGV) reformiert. Beides räumt der Organisation quasi-diktatorische Befugnisse ein und versetzt die Staaten in den Status willfähriger Vollstrecker etwaiger Maßnahmen.

Und an den Krankheiten, die eine neue Pandemie hervorrufen

können, scheint es auch nicht zu mangeln. Immer wieder wird vor Grippeviren ebenso gewarnt wie vor diversen Tierseuchen – etwa der Vogelgrippe. Gerade im Bereich der Tiergesundheit wird viel unternommen, um den Menschen immer neue Seuchen vorzuspiegeln. So machen immer wieder Nachrichten von angeblichen Ausbrüchen – etwa der Vogelgrippe – die Runde, verbunden mit einer eindringlichen Warnung, dass durch eine Zoonose – wie sie für Corona lange Zeit behauptet, letztendlich aber verworfen wurde – diese Krankheiten jederzeit auf den Menschen übergreifen und damit eine tödliche Pandemie erzeugen können.

Zu diesem Pandemiepanoptikum gehört spätestens seit Corona für alle Menschen erkennbar das Testen und Monitoring zum Standardrepertoire.

Schon Corona wurde durch massives Testen mittels PCR-Tests scheinbar nachgewiesen, die vorgebliche Verbreitung des Virus damit nachvollzogen und das Vorhandensein des Erregers immer wieder in das Bewusstsein der Menschen gehämmert.

Der PCR-Test hat sich zu einem Teststandard entwickelt – und das nicht nur bezogen auf Coronaviren. Tatsächlich wird er heutzutage für den Nachweis vieler Erreger eingesetzt. Auch die Diagnose der

Vogelgrippe beim Menschen

<https://www.msmanuals.com/de/profi/infektionskrankheiten/respiratorische->

[viren/vogelgrippe#:~:text=Diagnose%20der%20Vogelgrippe&text=Die%20Tests%20werden%20mit%20RT,oder%20bronchoalveol%C3%A4rer%20Lavagefl%C3%BCssigkeit%20entnommen%20werden.](https://www.msmanuals.com/de/profi/infektionskrankheiten/respiratorische-viren/vogelgrippe#:~:text=Diagnose%20der%20Vogelgrippe&text=Die%20Tests%20werden%20mit%20RT,oder%20bronchoalveol%C3%A4rer%20Lavagefl%C3%BCssigkeit%20entnommen%20werden.)) sowie bei Tieren erfolgt mittels PCR-Methode einer in einem

Nasen- oder Rachenabstrich entnommenen Probe. Das schreibt auch **das RKI**

<https://www.rki.de/SharedDocs/FAQs/DE/Gefluegelpest/Geflu>

[egelpest.html#entry_16870350](https://www.fli.de/de/aktuelles/tierseuchengeschehen/maul-und-klauenseuche/)) auf seiner entsprechenden Seite. Dasselbe gilt für die **Maul- und Klauenseuche** (<https://www.fli.de/de/aktuelles/tierseuchengeschehen/maul-und-klauenseuche/>).

Doch nicht nur Menschen und Tiere werden auf Krankheiten untersucht. Auch Abwasser wird **mittels PCR-Test überwacht** (<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2405844024099043#bib205>), manchmal auch **kombiniert mit anderen Methoden** (<https://www.mdpi.com/2073-4441/10/7/841>). Das bezieht sich jedoch nicht nur auf Covid-19. Tatsächlich wird Abwasser auf verschiedenste Viren, darunter Influenza, **Vogelgrippeviren** (<https://www.cdc.gov/mmwr/volumes/73/wr/mm7337a1.htm>) RSV oder Rhinoviren **mittels PCR-Methode** ([https://www.thelancet.com/journals/lanmic/article/PIIS2666-5247\(22\)00386-X/fulltext](https://www.thelancet.com/journals/lanmic/article/PIIS2666-5247(22)00386-X/fulltext)) untersucht. Dies wird in Deutschland als Abwassermonitoring unter **dem Kürzel AMELAG** (<https://www.rki.de/DE/Themen/Forschung-und-Forschungsdaten/Sentinels-Surveillance-Panel/Abwassersurveillance/Abwassersurveillance.html?nn=16778788#doc16794110bodyText2>) vom RKI durchgeführt. Dabei wurde die als „Goldstandard“ bezeichnete PCR-Methode bereits in den **90er Jahren** (<https://www.thermofisher.com/blog/life-in-the-lab/a-brief-history-of-wastewater-testing-and-pathogen-detection/>) zur Abwasseruntersuchung eingeführt. Zuvor wurde für einzelne Erreger oft auf die viel zeitintensivere Methode der Anzucht zurückgegriffen. Gegenüber anderen Methoden hat die Anwendung der PCR-Methode den Vorteil, dass sie **sehr viel schneller und günstiger ist** (<https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0043135499000718>). Allerdings bringt sie große Probleme mit sich.

Bei der PCR-Methode werden diese Abstriche auf bestimmte Sequenzen hin getestet, indem diese **vervielfältigt werden**

[\(https://sein-ev.de/2021/04/11/rt-pcr-test/\)](https://sein-ev.de/2021/04/11/rt-pcr-test/). Allerdings kann ein PCR-Test auf diese Weise selbst das Vorkommen geringster Mengen von DNA beziehungsweise RNA nachweisen, ohne dabei jedoch zwischen Infektion und reinem Vorhandensein, **also Kontamination, zu unterscheiden** (<https://www.mwgfd.org/wp-content/uploads/2023/01/1.1.2023-Prof.-Kaemmerer-Gutachten-RT-PCR-230101-final.pdf>). Das Testverfahren hat daher keinerlei Aussagekraft über Infektiösität oder Erkrankung und ist schon gar nicht dazu in der Lage, **zwischen lebensfähigen und nicht lebensfähigen Zellen zu unterscheiden** (<https://www.nature.com/articles/s41545-024-00368-9>).

Bei der Testung spielt auch der CT-Wert eine Rolle, also jener Wert, der angibt, wie viele Replikationszyklen durchgeführt wurden. Denn mit jedem Zyklus wird die DNA oder RNA verdoppelt, sodass mit jedem Zyklus eine exponentielle Steigerung des Materials vorliegt. So können auch kleinste Mengen von Virus-DNA – oder das, was dafür ausgegeben wird – vervielfältigt und nachgewiesen werden, wobei die Aussagekraft von Infektion und Erkrankung mit jedem Zyklus schwindet. In Bezug auf Covid-19 wurde die Grenze vielfach bei einem CT-Wert von 26 angesetzt. Alles darüber hatte keinerlei Aussagekraft mehr.

Daher spielt der CT-Wert auch für den Nachweis anderer angeblicher Seuchen eine Rolle. So werden für den Nachweis von Vogelgrippeviren **CT-Werte von bis zu 36**

<https://www.nature.com/articles/s41598-020-64003-6>

angewendet. Für die Maul- und Klauenseuche werden sogar **CT-Werte von bis zu 38 verwendet**

<https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0166093423000782>). Grundsätzlich werden positive Tests mit CT-Werten von unter 40 als positiver Nachweis einer Krankheit angesehen.

Zudem gibt es an diesem Test noch viel mehr Ungenauigkeiten und Unwägbarkeiten. Denn der Test

weist nur jene Sequenzen nach, auf die auch getestet wird – und diese werden vorher vom Ersteller des Tests festgelegt.

Dabei ist es durchaus möglich, dass gewisse RNA- oder DNA-Stränge nicht spezifisch für bestimmte Viren sind. Denn auch die menschliche DNA enthält bis **zu 9 Prozent Erbgut von Viren** (<https://www.pharmazeutische-zeitung.de/ausgabe-072010/parasiten-im-genom/>).

Zudem ist es unmöglich, zu durchschauen, für welche RNA- und DNA-Abschnitte ein PCR-Test ein positives Ergebnis ausspuckt. Hier können beliebige, auch vollkommen harmlose Gensequenzen genutzt werden, um ein positives Testergebnis zu erzeugen – ohne dass eine Krankheit oder auch nur ein Erreger vorliegt. Es gibt Hinweise darauf, dass die vom PCR-Test nachgewiesene Sequenz nicht auf echter Viren-RNA beruht. Denn, wie das US-amerikanische Center for Disease Control mitteilte, wurde nie eine Probe mit gereinigtem Virenmaterial erstellt. Die dem Test zugrundeliegenden Sequenzen waren daher verunreinigt und können daher nicht zur Erstellung des Tests genutzt werden. Wurden sie aber.

Die Anwendung der PCR-Methode beruht letztlich **auf einem Zirkelschluss** (<https://tkp.at/2025/06/03/un-wissenschaft-virologie-rki-bestaetigt-zirkelschluss-in-virussequenzierung/>) und ist daher für einen Virusnachweis vollkommen untauglich. Denn, wie auch das RKI auf Anfrage hin bestätigt hat, werden weder bei SARS-CoV2 noch bei dem Masernvirus – das auch per PCR-Methode „nachgewiesen“ wird – Negativproben erhoben. **Dazu schreibt das RKI** (https://fragdenstaat.de/anfrage/negativkontrollen-mit-gesunden-patientenproben/1004578/anhang/ausgangsbescheid-haberland-antragvomvom30-01-2025-az-2-13-04-00070006_geschwaerzt.pdf):

„Sowohl die Anzucht von Masern- und SARS-CoV-2-Viren als auch die Genomsequenzierung solcher Viren erfolgt im RKI natürlich entsprechend den Standards der guten wissenschaftlichen Praxis. Diese sehen jedoch nicht vor, dass im Rahmen der Virusanzucht bzw. der Genomsequenzierung Negativproben mitgeführt werden. Vielmehr erfolgt der Virusnachweis bereits im Vorfeld mittels eines molekularen Nachweises über PCR und/oder Sequenzierung. Bei der Virusanzucht bzw. der Genomsequenzierung selbst kommen daher nur voranalysierte Proben zum Einsatz, bei denen bereits feststeht, dass sie das Virus enthalten. Dokumentation und Ergebnisse zu Negativkontrollen mit gesunden Patientenproben bei der Anzucht von Masernviren und SARS-CoV-2 bzw. der Genomsequenzierung solcher Viren gibt es daher nicht.“

Der PCR-Test findet also Anwendung auf Proben, von denen man annimmt, sie enthalten bereits Erreger, um den positiven Test dann als Nachweis für eine Krankheit zu benutzen.

Das alles vor dem Hintergrund, dass eine gereinigte Probe der Viren noch nie genommen wurde und die Sequenz, auf der letztlich auch der massenhafte PCR-Nachweis beruht, auch durch reinen Zufall zustande gekommen sein könnte, aber jedenfalls nicht auf einer gereinigten Probe, die reines Virenmaterial enthält, beruht. Trotzdem wird die PCR-Methode nach wie vor als Goldstandard zur Diagnose von Krankheiten herangezogen, und das, obwohl schon der Entdecker der PCR-Methode, Dr. Kary Mullis, sagte, dass diese Methode nicht zur Diagnose geeignet ist.

Die PCR-Methode wurde in den vergangenen Jahren modifiziert. Heute kommt oftmals eine **digitale PCR-Methode (dPCR) zum Einsatz**

(https://en.wikipedia.org/wiki/Digital_polymerase_chain_reaction). Dabei wird eine Probe in tausende kleinere Proben unterteilt, was eine genauere Präzision und Genauigkeit sowie eine absolute

Quantifikation ermöglichen soll. Daher soll diese neuere Methode eine genaue Anzahl der in der Probe enthaltenen Erreger wiedergeben. Sie soll dabei auch noch geringere Konzentrationen der Zielmoleküle **messen können** (<https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC5948698/>). Das bedeutet, dass der Test noch viel sensibler auf auch geringe Vorkommen der Zielmoleküle reagiert. Das erhöht die Rate der falsch-positiven Ergebnisse.

Zudem bleibt eine **Unterscheidung zwischen Kontamination und Infektion durch das Zielmolekül schwierig**

(<https://www.mdpi.com/1424-8220/18/4/1271>). Weiterhin sagt auch diese modifizierte Methode nichts über Infektiösität oder Erkrankung aus. Auch wenn die Methode verbessert wurde, so bleiben die grundlegenden Kritikpunkte bestehen, sodass auch Weiterentwicklungen der PCR-Methode ungeeignet sind, um Seuchen, Pandemien oder überhaupt nur Krankheitsherde nachzuweisen. Im Gegenteil, die noch genauere Analyse auf auch das kleinste Vorkommen unbestimmter Gensequenzen, die als „Erreger“ tituliert werden erzeugt eher noch viel mehr falsch-positive Testergebnisse.

Ähnliche Probleme tun sich bei jedem Nachweis der **Vogelgrippe auf** (<https://fragdenstaat.de/anfrage/aviaere-influenza-nachweismethoden/#nachricht-876054>), wie das für Seuchen zuständige Friedrich-Loeffler-Institut (FLI) zugibt. Eine Verunreinigung der Proben kann dabei nicht ausgeschlossen werden. Zudem ist der Nachweis einer etwaigen Infektiösität der festgestellten Sequenzen überhaupt nicht zu erbringen. **Auch hier fehlt es an Negativkontrollen, und auf die Anzucht der vorgeblich nachgewiesenen Erreger wird verzichtet**

(<https://fragdenstaat.de/anfrage/negativkontrolle-in-zellkulturen-am-nationalen-referenzlabor-fuer-mks-svd-vs/#nachricht-966669>).

Es genügt allein der schlichte Nachweis der Sequenzen an sich. Tote Tiere gelten dann als an Vogelgrippe gestorben, wenn der PCR-Test positiv ausschlägt, weitere Untersuchungen werden **gar nicht vorgenommen**

(<https://fragdenstaat.de/anfrage/vogelgrippeausbruch-helgoland-juli-2022-u-a-basstoelpel/>). Es wird also auch hier nicht unterschieden, ob die Tiere an oder mit dem Erreger gestorben sind, wobei der PCR-Test auch keinen zweifelsfreien Nachweis über das tatsächliche Vorhandensein eines Erregers liefert. Mit anderen Worten: Eine Vogelgrippe-Epidemie gilt schon dann als nachgewiesen, wenn positiv auf Sequenzen getestet wird, von denen überhaupt nicht klar ist, ob sie überhaupt Sequenzen eines Erregers darstellen.

Zudem stellt sich die Frage, wo genau Proben entnommen werden. Gerade für den Nachweis von Tierseuchen wird dazu übergegangen, nicht mehr die Tiere selbst zu testen und zumindest Rachenabstriche zu entnehmen. Stattdessen wird vermehrt auf „Umweltproben“ gesetzt – es werden also Proben von Ställen, Tränken und anderen Oberflächen entnommen und auf **Vogelgrippeviren** (<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34427413/>) oder **Maul- und Klauenseuche** (<https://veterinaryresearch.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13567-025-01502-2>) hin getestet. Das wird insbesondere zur Herdenüberwachung gemacht.

Auf diese Weise soll schnell eine von Krankheit betroffene Herde identifiziert werden können. Der Anstieg der Umweltproben, wie er seit gut einem Jahrzehnt zu **verzeichnen ist** (<https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC9265025/>), geht auch auf Erwägungen des Tierwohls zurück, da die Umweltproben weniger belastend für die Tiere seien. Zudem wird der „One-Health“-Ansatz als Begründung herangezogen.

Das Problem: Ein unzureichender PCR-Nachweis einer

Genomsequenz lediglich in der Umgebung der Tiere lässt keinerlei Rückschlüsse auf Infektion oder gar Krankheit der Tiere selber zu. Es kann sich um eine schlichte Kontamination der Oberfläche handeln, ohne dass die Tiere betroffen sind.

Ein ähnliches Problem tut sich aber auch bei Abstrichen von Mund- und Nasenhöhle sowie Hufen und Klauen der Tiere auf. Tiere scharren und wühlen viel in der Erde und kommen auf diese Weise mit allen möglichen Erregern in Berührung. Dass diese dabei an Schnabel, Schnauze, Klauen und Hufen haften bleiben, ist naheliegend – sagt aber nichts über eine Erkrankung der Tiere und auch nichts über eine etwaige Epidemie aus.

Hinzu kommt, dass als erkrankt geltende Tiere unterschiedlichste Symptome ausprägen können – von gar keinen über Fieber und Unwohlsein, verringerte Eierproduktion bis **hin zu Atemnot und plötzlichem Tod ohne vorherige Symptome bei Vogelgrippe** (<https://www.aphis.usda.gov/livestock-poultry-disease/avian/avian-influenza>) sowie von keinen Symptomen über Hinken aufgrund schmerzhafter Läsionen bis hin zu verstärktem Sabbern, Fieber und verringerter Laktation bei **Maul- und Klauenseuche** (<https://www.aphis.usda.gov/livestock-poultry-disease/cattle/foot-and-mouth>). Herzschäden bis hin zum Tod werden hauptsächlich bei neugeborenen Tieren festgestellt. Das Krankheitsbild beider Krankheiten ist also hochgradig unspezifisch und bedeutet für die betroffenen Tiere nicht notwendigerweise den Tod. Ein positiver Test sagt also noch nichts über ein zu erwartendes Massensterben aus, nicht einmal über das Auftreten von Erkrankungen – und selbst wenn, können die Symptome mild ausfallen und das Leben der Tiere kaum beeinträchtigen.

Und obwohl Tests keinerlei Aussagekraft haben und nichts über Erkrankung und Gefahr aussagen, **fordert das European Center for Disease Prevention and control (ECDC)**

<https://www.ecdc.europa.eu/en/news-events/ecdc-proposes-targeted-human-testing-avian-flu-areas-ongoing-outbreaks>) die gezielte Testung auch von Menschen in Gebieten, in denen mittels positiver Tests ein Ausbruch von Vogelgrippe „nachgewiesen“ wurde. Damit ist es nur naheliegend, dass ein „Überspringen“ der „Vogelgrippe“ auf den Menschen in Zukunft schnell festgestellt, und die Vogelgrippe zu einer Zoonose, und dann zu einer Pandemie erklärt werden kann. Denn wonach man per PCR-Tests sucht, das findet man früher oder später auch – und im Falle des PCR-Test wahrscheinlich sogar recht häufig.

Wo es um Krankheiten geht, darf auch die Gates Foundation nicht fehlen. Diese investiert in Programme zum Monitoring von Abwasser auf Krankheiten in Echtzeit. So gab die Stiftung bereits 2023 **1,5 Millionen US-Dollar** (<https://andersen-lab.com/gates-support-for-wastewater-surveillance/>) an ein Programm, das in Zusammenarbeit mit der University of Birmingham durchgeführt wird und in Echtzeit Abwasser vor allem in ärmeren Ländern auf eine Reihe von Krankheiten untersuchen soll. Auf diese Weise sollen **Krankheitsausbrüche frühzeitig erkannt werden** (<https://www.gatesfoundation.org/podcast/make-me-care-about/episode-11-wastewater>). Das wiederum ist angesichts der Fehlerhaftigkeit der dazu genutzten Instrumente aber überhaupt nicht möglich.

Vor diesem Hintergrund ergeben auch die Investitionen der Gates Foundation in die Entwicklung smarterer Toiletten für ärmere Länder Sinn. Die Gates Foundation hat innerhalb von zehn Jahren **über 200 Millionen US-Dollar** (<https://www.gatesfoundation.org/ideas/articles/sanitation-reinvent-toilet>) in die Erforschung und Entwicklung alternativer Toiletten investiert, die ohne Abwasser auskommen. Allein im Mai 2025 gab die Stiftung **über 2 Millionen US-Dollar** (<https://www.gatesfoundation.org/about/committed-grants/2025/05/inv-085940>) an die **chinesisch-deutsche Jomoo-**

Gruppe

<https://www.northdata.de/Jomoo%20Kitchen%20&%20Bath%20Deutschland%20GmbH,%20M%C3%BCnchen/HRB%20262517#>), um Marktforschung im Bereich abwasserfreier Toilettensysteme zu betreiben. Jomoo selbst ist auf dem Feld der smarten Toiletten aktiv und hat mehrere dieser Modelle im Angebot.

Gerade in der sogenannten Dritten Welt sieht die Gates Foundation dabei einen Absatzmarkt und unterstützt die Entwicklung zahlreicher Modelle. Darunter befinden sich Modelle, welche die Ausscheidungen der Menschen **mit hohen Temperaturen** (<https://sanitation.ansi.org/HTClean>) behandeln und teilweise in Dünger verwandeln. Dieser Dünger wiederum kann dann, zur Überprüfung der Effektivität dieser Geräte, auf **Krankheitserreger überprüft werden** (<https://www.nsf.org/water-systems/onsite-wastewater-water-reuse-systems/wastewater-protocols>). Hier findet also ein Monitoring ganz ohne Abwasser statt.

Zudem beteiligt sich die Stiftung an der **Entwicklung von Modellierungen** (<https://www.gatesfoundation.org/our-work/programs/global-health/institute-for-disease-modeling>) von Krankheitsausbrüchen. Auf diese Weise sollen Ausbrüche nicht nur vorhergesagt, sondern soll auch ihr Verlauf vorausgesagt werden. Diese Modelle wurden schon eingesetzt, um eine Coronapandemie zu simulieren, und waren hochgradig problematisch, da sie übertriebene Verläufe und Todeszahlen voraussagten. Auch am Child Health and Mortality Prevention Surveillance Network (CHAMPS) ist die Gates Foundation beteiligt – indem sie dieses Netzwerk mit **75 Millionen US-Dollar finanzierte** (<https://www.gatesfoundation.org/ideas/media-center/press-releases/2015/05/child-health-and-mortality-prevention-surveillance-network>).

Gates und die Gates Foundation waren schon bei der Simulation einer Coronapandemie an vorderster Front

mit dabei. Die Überwachungstechnologien auf Abwasserproben auszuweiten und Überwachungsnetzwerke aufzubauen, vergrößert nur das Instrumentarium, eine Pandemie auszurufen, obwohl lediglich positiv auf irgendwelche Genomsequenzen getestet wurde.

Ein tatsächliches Auftreten von Krankheiten ist dann nicht mehr notwendig – dazu wurde bereits mittels der Corona-Erzählung das Märchen der „symptomlosen Krankheiten“ ersonnen. Im Hinblick auf den Pandemievertrag der WHO ist es dadurch viel einfacher, aufgrund des simplen Monitorings und anlasslosen Testens, Pandemien auszurufen.

In Bezug auf Tierseuchen kann hier schon aus geringstem Anlass eine Epidemie oder Pandemie ausgerufen werden – mit der Folge, dass selbst mild erkrankte oder symptomlose Tiere in Quarantäne gesteckt oder gar getötet werden müssen. Auf diese Weise werden Tierseuchen instrumentalisiert, um die Tierhaltung der Menschen massiv einzuschränken und damit die Lebensmittelversorgung zu zentralisieren. Auch bieten die Instrumentarien der Seuchenpanik gute Vorwände, um Absatzmärkte für Impfstoffe zu erzeugen.

All das zeigt: Monitoring und höhere Überwachung führen nicht zu mehr Sicherheit, sondern erhöhen nur die Wahrscheinlichkeit, Pandemien zu simulieren und anhand ihrer Bekämpfung die Menschen einzuschränken und durch Impfstoffe Geld in die Tasche der Pharmafirmen umzuleiten.



Felix Feistel, Jahrgang 1992, studierte

Rechtswissenschaften mit dem Schwerpunkt Völker- und Europarecht. Schon während seines Studiums war er als Journalist tätig; seit seinem Staatsexamen arbeitet er hauptberuflich als freier Journalist und Autor. So schreibt er für **manova.news** (<https://www.manova.news/>), **apolut.net** (<https://apolut.net/>), **multipolar-magazin.de** (<https://multipolar-magazin.de/>) sowie auf seinem eigenen **Telegram-Kanal** (https://t.me/Felix_Feistel). Eine Ausbildung zum Traumatherapeuten nach der Identitätsorientierten Psychotherapie und -therapie (IoPT), erweiterte sein Verständnis von den Hintergründen der Geschehnisse auf der Welt.