



2nd SCIENCE PLUS magazine 02/2020 · Excerpt

# Misinterpretation **virus II**

Beginning and end of the corona crisis

from Dr. Stefan Lanka

## L'errata interpretazione del virus. Parte II

Inizio e fine della crisi corona

**Del Dr. Stefan Lanka**

La definizione di SARS e Corona o COVID-19 afferma che la polmonite atipica viene considerata la malattia che caratterizza la malattia. La polmonite viene definita tipica se patogeni conosciuti possono essere individuati nella polmonite, altrimenti è atipica. Uno dei due fattori che sono decisivi per la crisi SARS e corona è che almeno 20-30% di tutte le polmoniti è atipico. Le cause di polmonite atipica sono molto ben conosciute e per tale motivo NON devono essere fornite come le cause di un virus sconosciuto.

Questo fatto è rimosso dagli infettivologi e virologi ed è la base che genera l'attuale ansia e panico; perché dà alle persone, all'opinione pubblica e ai politici l'impressione che la polmonite atipica sarebbe particolarmente pericolosa e più spesso fatale a causa della mancanza di farmaci o vaccini per la supposta nuova malattia esistente.

Il numero di casi viene automaticamente aumentato dal momento in cui una procedura di test è disponibile per il presunto nuovo virus che testa "positivamente" anche persone sane", cosa che viene nascosta da coloro che sono coinvolti. Innanzitutto, persone con pneumonia tipica vengono registrate, poi un numero sempre crescente di persone con altre malattie. Ciò viene considerato come prova concreta per la diffusione del virus. Un numero sempre maggiore di altre malattie vengono automaticamente aggiunte alla malattia originale "polmonite atipica", e questa "sindrome" viene esportata come "la malattia del nuovo virus".

L'altro fatto, che non è solo determinante per la crisi SARS e corona, è che i virologi che affermano che ci sono virus patogeni nascondono una situazione ovvia, per motivazioni comprensibili. La procedura di test del virus è una procedura di rilevamento genetico. Le sequenze genetiche che essi utilizzano per il test di rilevamento non vengono isolate da un virus. Essi isolano tipiche sequenze genetiche che vengono rilasciate quando i tessuti e le cellule muoiono. Queste solitamente brevi sequenze geniche, componenti del metabolismo umano, costituiscono la base per ulteriore attività di laboratorio. Tuttavia, e con l'aiuto di programmi informatici, i virologi possono solo costruire usando al computer lunghi filamenti di materiale genetico da molte sequenze geniche brevi. Questi vengono poi formulati come reali filamenti del genoma virale.

Affinché questi virologi non smentiscano sé stessi, essi sistematicamente disattendono 2 regole prescritte in ambito scientifico. Una è di revisionare tu stesso sistematicamente tutte le affermazioni. L'altra è di testare le ipotesi e i metodi utilizzati attraverso test di controllo. Se essi eseguissero gli esperimenti di controllo, troverebbero che TUTTE le brevi sequenze genetiche che essi solo mentalmente collegano ad un genoma virale derivano dal metabolismo umano e non invece dall'esterno, da un presunto virus.

La spinta per la crisi corona fu innescata da un messaggio di un giovane oftalmologo il 30 Dicembre 2019 su internet, che si diffuse immediatamente e molto velocemente. Egli raccontò agli amici che diverse persone erano quarantenate nel suo ospedale, sette casi di SARS erano stati confermati, e che essi dovevano stare attenti e proteggere sé stessi. Il Prof. Christian Drosten della Charité a Berlino sentì ciò e immediatamente iniziò a sviluppare una procedura diagnostica per il virus SARS, prima che fosse addirittura chiaro se il report dalla Cina a proposito della SARS fosse vero e dimostrato, e soprattutto prima che i virologi cinesi pubblicassero i loro risultati.

I virologi competenti dell'Agenza Cinese di Controllo della Malattia (CCDC) pubblicarono i loro risultati il 24 gennaio 2020 e il 3 febbraio 2020. Essi riferiscono in merito all'isolamento di molteplici brevi sequenze genetiche, che, messe insieme, potrebbero rappresentare il filamento genetico di un nuovo virus. Gli autori esplicitamente sottolineano – compresi tutti i virologi coinvolti finora – che non sono stati eseguiti gli esperimenti assolutamente necessari, e che renderebbero possibile affermare che il genoma è realmente un virus che provoca la malattia. Al contrario: i virologi cinesi addirittura sottolineano chiaramente il filamento genetico costruito ha similarità fino al 90% con tracce genetiche di conosciuti e innocui corona virus nei pipistrelli conosciuti da decenni.

Il 21 gennaio 2020 (3 giorni prima della pubblicazione del CCDC!), l'OMS raccomandò a tutti gli stati di utilizzare la procedura diagnostica sviluppata dal Prof. Drosten. Con l'affermazione che egli avesse elaborato un metodo diagnostico affidabile per il virus, che si diffondeva rapidamente in Cina, il Prof. Drosten innescò e causò la crescita e la globalizzazione del panico epidemico cinese, in violazione delle chiare regole del lavoro scientifico, che sono parte del suo contratto di lavoro, e violando le leggi del pensiero e la logica della virologia.

## 1. L'inizio della crisi corona

Quando il 30 dicembre 2019 il giovane oftalmologo Li Wenliang a Wulham informò sette amici medici via WhatsApp che diverse persone erano state messe in quarantena nel suo ospedale, che sette casi di SARS erano stati confermati, che avrebbero dovuto prestare attenzione e proteggere sé stessi, egli non intendeva scatenare il panico. Altrimenti avrebbe postato il suo messaggio su internet e allertato l'opinione pubblica. Uno dei sette destinatari del suo messaggio privato su WhatsApp pubblicò su internet uno "screenshot", ovvero una foto di questo messaggio, senza essere consapevole delle possibili conseguenze. Ovviamente, questa informazione si diffuse molto rapidamente all'interno della Cina e successivamente in tutto il mondo.

Questa comunicazione innescò un'ondata di paura, panico, e richieste alle autorità sanitarie cinesi e al governo a causa del panico di una crisi SARS avvenuta nel 2003, che l'OMS classificò come una "minaccia globale" il 12 Marzo 2003.

Il governo di Beijing conseguentemente inviò a Wulham il 31 dicembre 2019 una "unità di intervento rapido" consistente in epidemiologi e virologi dell'Agenzia Cinese per il Controllo della Malattia (CCDC), a sostegno delle locali autorità sanitarie e la circostante provincia di Hubei. L'obiettivo era di revisionare e verificare i sospetti di un'epidemia. Se un focolaio realmente era accaduto, la situazione doveva essere adeguatamente controllata.

Nella prima autorevole pubblicazione degli autori del CCDC sui risultati della loro ricerca, "*Un nuovo coronavirus per pazienti con polmonite in China, 2019*"<sup>1</sup> non viene riportato un accumulo di casi con polmonite atipica ("pazienti con polmonite di causa sconosciuta"). Essi riportano che i pazienti trovati possono essere riuniti in un "cluster", in un gruppo con caratteristiche comuni. L'elemento comune era la più o meno frequente visita a un mercato all'ingrosso di pesce a Wulham. Quanto fosse ridotto il gruppo di pazienti con polmonite atipica può effettivamente esser accertato grazie al fatto che il CCDC prese campioni e fluidi dal tratto respiratorio inferiore di soli 4 pazienti, per ricercare patogeni conosciuti e sconosciuti.

Nel frattempo, il panico a Wulham e nell'area circostante aumentò in modo estremo. Le misure adottate dalla polizia, che chiese all'oftalmologo Li Wenliang il 3 gennaio 2020 di firmare una dichiarazione sanzionatoria di cessare e desistere dal continuare a diffondere qualsiasi cosa riguardante un possibile focolaio di SARS, non furono più in grado di frenare la pericolosamente crescente dinamica del panico. Wenliang, e poco dopo i suoi genitori, svilupparono i sintomi di polmonite il 10 gennaio 2020. Li Wenliang si auto-isolò perché era convinto di essere stato infettato con il virus SARS presente nell'occhio di un paziente il giorno precedente. Anche questo aumentò il panico.

I medici supervisorie effettuarono una varietà di differenti procedure diagnostiche, che risultarono tutte negative. Mentre la sua salute peggiorava e un numero crescente di persone esprimeva preoccupazione pubblica per il suo destino, i test continuarono sino a quando venne eseguito un primo test SARS il 30 gennaio 2020 che venne classificato come "positivo". Iniziò la calamità dell'escalation del panico, che si trasformò nella crisi corona globale.

Li Wenliang diffuse questo risultato su internet con le seguenti parole: "Oggi l'esito del test dell'acido nucleico ha dato risultato positivo, le acque si sono calmate, finalmente diagnosticato".

Questa notizia aumentò il panico già esistente. Tutto andò completamente fuori controllo quando egli pubblicò su internet l'obbligo di cessare e desistere del 3 gennaio 2020. Questa pericolosa pubblicazione della sua dichiarazione di cessare e desistere fu ed è vista come legittima prova di una nuova epidemia di SARS per tutte le persone nel panico, perché un dottore che ne era colpito, nonostante la minaccia di punizione, continuava ad informare l'opinione pubblica. Il panico aumentò ulteriormente perché la salute di Li Wenliang peggiorò, nonostante l'uso intensivo di un largo numero di sostanze antibiotiche, e la popolazione ne fu partecipe. La situazione era sull'orlo di una escalation perché la comunicazione della sua morte fu più che confusa e contraddittoria.

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

Da un lato, la paura dell'oftalmologo Li Wenliang è basata sugli eventi in Cina nel 2003, quando scienziati occidentali affermarono che un accumulo di casi di polmonite atipica era avvenuta nella Cina meridionale. Due giorni dopo la creazione intellettuale di una linea genetica del supposto nuovo virus (SARS-CoV-1), nel quale il Prof. Drosten risultò significativamente coinvolto,<sup>2</sup> il Prof. Drosten offrì una presunta procedura diagnostica per questo presunto virus<sup>3</sup>. Approssimativamente 800 persone con polmonite atipica, ossia una polmonite in cui non sono rilevabili patogeni conosciuti, ma che furono testati "positivi" con il test del Prof. Drosten, morirono perciò – probabilmente erroneamente e causa accanimento terapeutico - con la diagnosi di SARS anziché di "polmonite atipica".

La base per cui la paura della SARS fu mantenuta e aumentò sino al 2019, è fondata su due pubblicazioni nel 2013 (4) e 2017 (5), che avviarono congetture sulla possibilità di nuovi corona virus SARS. Gli autori di entrambe le pubblicazioni affermano che pipistrelli in salute forniscono indizi per l'esistenza di brevi sequenze geniche che possono essere interpretate come componenti di un virus. Questi brevi sequenze geniche sarebbero simili alle brevi sequenze geniche che furono dichiarate come componenti del presunto SARS corona virus-1 (SARS-CoV-1) nel 2003. SARS sta per S grave A cuta R espiratoria Sindrome, che rappresenta un'altra descrizione per i sintomi della polmonite atipica.

Si afferma, in riferimento a tali filamenti genomici intellettuali (fittizi), che sia possibile che essi possano anche emergere nella realtà e formare un virus reale. Un simile virus, che è stato affermato esista nei pipistrelli e altri animali selvaggi ma è tuttora innocuo, potrebbe diffondersi agli umani attraverso il morso, contatto o consumo e potrebbe diventare un killer mortale. Negli umani questo virus innocuo potrebbe, per mezzo di cambiamenti (mutazioni), trasformarsi in un corona virus reale causa della malattia SARS. Un tale evento, e l'onda delle malattie risultanti come ad esempio la polmonite atipica, dovrebbe essere atteso in qualsiasi istante.

Ad oggi, i virologi non sono riusciti né ad isolare un virus SARS da un paziente, un pipistrello, altro animale, o in laboratorio, né hanno identificato un filamento genetico completo e integro di un virus SARS. L'ipotesi dei virologi, che ci siano realmente filamenti del genoma virale che sono strutturati come i filamenti genetici costituiti da brevi sequenze geniche, non è stata ad oggi confermata. In altre modalità, altresì, non è stato possibile sino ad ora dimostrare l'esistenza e la presenza di un genoma completo di un virus SARS, nonostante siano disponibili da lunga data le tecniche standard molto semplici per determinare la lunghezza delle sequenze genetiche.

I timori fortemente aggravati da simili false affermazioni furono alla base delle paure dell'oftalmologo Li Wenliang, così come di altri medici e infettivologi, non solo a Wulham. Queste affermazioni sono il motivo per cui gli epidemiologi e virologi del CCDC si focalizzarono dal 31/12/2019 sulla ricerca di analoghe sequenze geniche che erano state definite come componenti del corona virus SARS nel 2003 (vedi la spiegazione sottostante).

### **3. La seconda delle possibili cause della paura di Li Wenliang**

Le crisi SARS e corona iniziarono con l'affermazione dei media che ci fosse un accumulo di pazienti con polmonite atipica. Questa affermazione non è mai stata comprovata. L'unica dichiarazione era che la polmonite atipica avvenuta potesse essere spiegata con l'ipotesi della comparsa di un nuovo virus, perché alcune delle persone con polmonite atipica avevano avuto un contatto con mercati di animali. Per confermare il sospetto che un virus sconosciuto potesse essere la causa della polmonite atipica, fatti noti nella letteratura medico-scientifica vennero occultati. Ci sono diverse cause non-infettive ad ampio spettro per la polmonite atipica. Questa polmonite atipica ha maggiori probabilità di essere fatale rispetto alla polmonite tipica, per una serie di ragioni.

Le cause includono l'inalazione di fumi tossici, solventi e sostanze; la penetrazione di cibo, bevande o secrezioni gastriche che finiscono nei polmoni durante la deglutizione, o in caso di perdita di coscienza, possono causare una grave polmonite (polmonite da aspirazione). Solamente l'acqua da sola è sufficiente a causare polmonite atipica se raggiunge i polmoni di persone che stanno annegando. Un'altra causa è il riconosciuto spettro di irregolarità immunitarie, come allergie e reazioni autoimmuni. E' anche noto che la radioterapia nel cancro causa infiammazione dei polmoni, che non può essere differenziata dalla polmonite tipica. La polmonite stagnante è riconosciuta soprattutto nelle persone anziane. Queste insorgono a causa della ritenzione idrica (edema), se sei allettato per un lungo periodo.

Logicamente, una combinazione di cause altrimenti subliminali provoca anche polmonite atipica. Una polmonite atipica può rapidamente cambiare in una tipica, se c'è una colonizzazione secondaria dei polmoni infiammati. Questo è il motivo per cui la percentuale di polmonite atipica è verosimilmente più elevata dello stimato 20-30%.

Negli esami delle cinque persone, che sono documentati nelle due pubblicazioni attinenti la crisi Corona (6), non sono state approfondite la possibile presenza o trascorsi, segni, meccanismi ed effetti di queste cause note di polmonite atipica. I virologi solitamente non lo fanno in ogni caso, e i membri del CCDC non furono capaci di fare ciò a causa delle circostanze legate al panico. Escludere la menzione di polmonite atipica dimostra una grave negligenza medica e previene il corretto trattamento dei pazienti. Coloro che sono colpiti corrono perciò il rischio di essere mal trattati con un cocktail di sostanze antibiotiche che è ricco di effetti collaterali e che, specialmente se sovradosato, è capace di causare da solo la morte dei pazienti (7).

Ognuno deve essere consapevole che il panico estremo, specialmente con problemi respiratori, può causare la morte da sé. Il panico può essere fatale in un tempo molto breve, non solamente per problemi cardiovascolari.

La risposta alla domanda cruciale se un nuovo virus sia stato realmente individuato o se brevi frammenti del materiale genetico del corpo stesso siano distribuiti come componenti di un virus, o erroneamente interpretati come tali, è decisivo per l'eventuale rapida fine della crisi corona. Come per l'H1N1, le cause della crisi corona indicano che questa può solo essere terminata dalla vaccinazione. L'idea della vaccinazione è smentita tanto quanto quella del virus.

La memoria della pandemia dell'influenza suina nel 2009, che è stata poi nel frattempo dimenticata, è d'aiuto per valutare e classificare gli eventi circostanti l'inizio e il mantenimento della crisi corona. La maggioranza della popolazione all'epoca era disposta a Poi vaccinarsi contro il presunto virus dell'influenza suina. Poi ci fu un ritardo nell'annunciata consegna dei vaccini. I vaccini non potevano essere raccolti in siringhe pre-riempite, perché i nuovi farmaci stimolanti usati per la prima volta danneggiarono il miscuglio vaccinale rendendolo inutilizzabile. Per tale motivo, il vaccino veniva raccolto in ampole ciascuna destinata a 10 persone, nelle quali era consentito aggiungere gli stimolanti del farmaco solo poco prima dell'atto vaccinale.

Nel corso di questo periodo, divenne noto che gli stimolanti del farmaco, chiamati **adiuvanti** e senza i quali un vaccino non funzionerebbe, erano nuovi e non testati. Divenne altresì noto che questi stimolanti del farmaco consistono in **nanoparticelle**. E' conosciuto, a proposito delle nanoparticelle, che la loro dimensione piccolissima li rende molto reattivi, che è il motivo per cui vengono utilizzati come catalizzatori in molte reazioni chimiche e, per esempio, nei procedimenti tecnici causano comportamenti delle superfici molto differenti da quelli che possono essere ottenuti con metodi convenzionali.

Divenne contestualmente noto che la Cancelliera Angela Merkel e le forze armate tedesche avrebbero ricevuto questo vaccino senza il nuovo farmaco stimolante consistente in nanoparticelle, mentre la polizia e la popolazione avrebbero invece ricevuto il vaccino con le nanoparticelle non testate.

Come conseguenza, il 93% della popolazione rifiutò il vaccino che era stato predisposto per essa. Solo al 7% dei tedeschi fu somministrato questo vaccino.

Il metabolismo umano non può metabolizzare né espellere nanoparticelle.

A causa di questo rifiuto da parte della maggior parte della popolazione, l'influenza suina in realtà scomparve magicamente dai media dalla sera alla mattina finendo nei lavandini, e i vaccini in un altoforno (Una piccola polemica è consentita: Sorprendentemente, il virus dell'influenza suina H1N1 si allontanò al galoppo di un maiale, non infettò più altre persone, non lasciò che gli infettati si ammalassero, la sua presenza sui media terminò immediatamente).

Gli epidemiologi, gli infettivologi e i virologi impararono dal fallimento del piano pandemico, che non giunse al suo apice vaccinale. Essi analizzarono le cause e pubblicarono i risultati della loro ricerca e le raccomandazioni per il futuro nell'edizione no. 12, Dicembre 2020 della "Federal Health Gazette". La denominazione del titolo di questa pubblicazione fu: "*Pandemie. Lezioni apprese*" che significa qualcosa come: *le lezioni che abbiamo imparato dalla disfatta dell'influenza suina H1N1*.

Alcuni degli articoli relativi a questo argomento sono disponibili su Internet (8), ma quelli essenziali non lo sono. Le raccomandazioni chiave per una gestione della pandemia furono:

- Assicurare che gli esperti non si contraddicano uno con l'altro nei dibattiti pubblici.
- Una precoce inclusione dei principali social media.
- Controllo di Internet. Ciò al fine di prevenire affermazioni e critiche che compromettano l'accettazione e il consenso delle misure politiche e sociali.

Queste raccomandazioni sono state ora implementate con successo! Tra le altre cose, Internet viene censurato, i critici vengono esclusi attraverso le offese. Argomentazioni obbligatorie che hanno contraddetto i presupposti pandemici, e che sono arrivate all'opinione pubblica, semplicemente non vengono affrontate. Solo un esperto, il Prof Drosten, viene ascoltato nei media e in politica. La sola "critica" nei suoi confronti, formulata da un virologo dell'HIV, voleva comunque rafforzare l'affermazione centrale sull'esistenza di un nuovo virus, SARS-CoV-2.

#### **4. La globalizzazione del panico per il virus cinese SARS e l'impostazione del percorso per la crisi corona ad opera del Prof. Drosten**

Il Prof. Christian Drosten, dell'ospedale universitario della Charité a Berlino, afferma che dal 1 Gennaio 2020 egli ha sviluppato una procedura di rilevamento genetico, con la quale egli può individuare in modo attendibile la presenza di un nuovo corona virus negli umani (9). Il 21 gennaio 2020, l'OMS raccomandò ai cinesi e a tutte le nazioni il metodo diagnostico che egli aveva elaborato come affidabile test diagnostico per stabilire la diffusione del supposto nuovo corona virus (10).

Al fine di **a)** comprendere quali presupposti e azioni sono alla base delle affermazioni del Prof. Drosten e **b)** verificare se le sue conclusioni hanno sviluppato una procedura diagnostica sicura per il nuovo corona virus, sono logicamente e scientificamente dimostrate o meno, o addirittura confutate, ciò richiede una spiegazione dei termini, delle tecniche adottate, la presentazione del suo ragionamento e l'analisi delle due pubblicazioni cruciali a cui il Prof. Drosten si riferisce.

- Come sono definiti un virus e un corona virus?
- Come vengono definite le sequenze in questo contesto?
- Come funzionano i metodi di rilevamento delle sequenze chiamati PCR, RT-PCR e real-time RT-PCR?
- Quando può l'evidenza della presenza di sequenze negli umani essere fornita come dimostrazione per la presenza di un virus?
- Come viene provata scientificamente l'esistenza di un virus?

## Termini

- In ambito scientifico, un virus è definito dal suo specifico materiale genetico, che è unico per quel virus.
- Il materiale genetico di un virus viene denominato il genoma virale, o ceppo virale, o molecola genetica virale.
- Il materiale genetico del virus contiene, in sequenza, le varie sequenze genetiche per la formazione delle varie proteine virali conosciute come geni virali.
- Il materiale genetico di un virus può consistere in entrambe le tipologie di molecole genetiche, DNA o RNA.
- I coronavirus sono caratterizzati dal fatto che consistono in una specifica molecola di RNA circondata da un involucro.
- Il materiale genetico di un particolare virus è definito dalla sua lunghezza determinata con precisione e dall'esatta determinazione della struttura del genoma tipico del ceppo virale.
  
- La composizione del materiale genetico di un virus risulta dall'esatta determinazione del numero e della sequenza specifica dei quattro componenti costitutivi che compongono il materiale genetico. Le quattro basi costitutive di un materiale genetico sono chiamati nucleotidi.
- Il processo di determinazione della sequenza specifica delle quattro basi costitutive del materiale genetico viene chiamato sequenziamento.
- Il risultato, nel determinare la sequenza dei blocchi costitutivi del materiale genetico, viene chiamato sequenza o sequenza genetica.
- I virus patogeni sono caratterizzati dal fatto che la loro sequenza è unica e non è presente in organismi sani.
- Al fine di poter individuare e determinare la presenza del materiale genetico di un virus, questo virus deve essere isolato ed essere presente nella sua forma pura, in accordo con le leggi del pensiero e della logica che precede ogni scienza come regola fondamentale, in modo che le sequenze geniche che sono specifiche della cellula non vengano interpretate come componenti di un virus.
  
- Si può determinare la sequenza di una sostanza genetica solo se è presente nella forma di DNA.
  
- Al fine di poter determinare la sequenza di una sostanza genetica che è presente nella forma di RNA, deve essere prima convertito bio-chimicamente in DNA.
  
- Il processo di conversione di una sostanza genetica da RNA in DNA viene denominato "trascrittasi inversa" e abbreviata come "RT" ("reverse transcription").

## Le tecniche usate dal Prof. Drosten e prime conclusioni

- La presenza e lunghezza di un materiale genetico è determinata separandolo longitudinalmente in un campo elettrico. I segmenti brevi migrano più velocemente, quelli più lunghi più lentamente. Al contempo, al fine di determinare la lunghezza del materiale genetico da esaminare, vengono aggiunti frammenti di materiale genetico di differenti lunghezze di lunghezza conosciuta. Questa affidabile tecnica standard per il rilevamento e la determinazione della lunghezza del materiale genetico viene chiamata "elettroforesi su gel".
- Se la concentrazione di un certo materiale genetico è troppo bassa, così da non poter essere rilevata utilizzando la tecnica di "elettroforesi su gel", questo può essere aumentato a piacimento dalla tecnica di moltiplicazione illimitata del DNA, chiamata reazione a catena della polimerasi. In tal modo, DNA non rilevabile viene reso visibile dall'elettroforesi su gel. Questo è un prerequisito per rendere materiale genetico accessibile ad ulteriori approfondimenti, specialmente per la conseguente decisiva determinazione della sua lunghezza e sequenza. Tale metodo è noto in breve come PCR.

L'inventore della tecnica PCR, Kary Mullis, premiato per questo con il Nobel per la chimica nel 1993, precisò sin dall'inizio che questa sua tecnica è molto incline all'errore. Nel suo discorso in occasione del premio Nobel, documentato sul sito del Comitato dei Premi Nobel, puntualizzò altresì che non c'è un'effettiva prova scientifica, verificabile, che la sostanza genetica chiamata il genoma dell'HIV causi in realtà un'immunodeficienza o una delle varie malattie, che sono inammissibilmente riassunte sotto il termine "AIDS", e trattate con chemioterapia altamente tossica. Precisò che c'è solamente un consenso tra gli scienziati coinvolti che "HIV" innescherebbe un'immunodeficienza.

Al fine di essere capaci di moltiplicare un DNA con la tecnica PCR, è necessario conoscere la composizione, la sequenza del DNA. Un DNA può essere solamente amplificato da PCR se brevi, artificialmente prodotti frammenti genetici si legano all'inizio e alla fine del DNA, che corrispondono esattamente alla sequenza dell'inizio e fine del DNA da moltiplicare. Questi brevi frammenti di DNA prodotto artificialmente vengono per questo denominati "primers", le molecole d'innescano nella tecnica PCR. In media sono lunghe tra 24 e 30 nucleotidi (i blocchi costitutivi della sostanza genetica). Così PCR non può essere utilizzata per rilevare sequenza sconosciute e virus sconosciuti. Solamente la determinazione della sequenza di un virus, rende possibile sviluppare un test PCR per la rilevazione di una sequenza genetica che origina da un virus.

- Alle origini della tecnica PCR, era solamente possibile determinare la quantità di DNA amplificata da elettroforesi su gel dopo che la reazione di amplificazione PCR era stata fermata. Nel frattempo, certi coloranti sono stati aggiunti agli enzimi e alle sostanze richieste per la PCR. Il rilevamento di questi coloranti durante il corso della PCR, mostra approssimativamente quali concentrazioni di DNA propagato artificialmente siano state prodotte e quanto DNA fosse realmente presente all'inizio della PCR. Dal momento che la quantità di DNA prodotta artificialmente può essere approssimativamente determinata mentre la tecnica PCR è ancora in esecuzione, questa estensione della tecnica PCR viene chiamata "real-time PCR". Una "real-time PCR", che è preceduta da un altro passaggio ossia la conversione di RNA in DNA attraverso la "trascrittasi inversa", è per questo denominata "real-time RT-PCR".
- Il Prof. Drosten usa la tecnica "real-time RT-PCR" nel test che ha sviluppato per il rilevamento del nuovo coronavirus. Per questo scopo, egli ha selezionato brevi sequenze geniche da un pool di dati su internet, il 1.1.2020, che erano attribuiti ai virus SARS. Sulla base di queste sequenze di brevi frammenti genici, che sono interpretate come possibili componenti dei virus SARS, egli ha progettato le sequenze primarie PCR decisive per la PCR, in modo da rilevare l' "ancora" sconosciuto virus in Cina con il suo "real-time RT-PCR".
- Quando il 10.1 e il 12.1.2020, raccolte preliminari di sequenze apparvero su internet che furono successivamente modificate e pubblicate il 24.1.2020 e il 3.2.2020 (11), ciò rappresentava il risultato dei primi due tentativi di identificare il virus ancora sconosciuto. I virologi del CCDC utilizzarono programmi computerizzati per combinare teoricamente le sequenze di frammenti brevi genici in un possibile filamento genetico. I virologi del CCDC affermano, in entrambe le pubblicazioni, che non c'è alcuna evidenza che queste sequenze da loro suggerite possano realmente causare malattie. Il 10.1 e il 21.1.2020 le proposte di sequenze cinesi erano ancora in attesa e non erano già state sottoposte al prescritto e rigoroso processo di verifica scientifica.
- Il fatto che l'Organizzazione Mondiale della Sanità (OMS) raccomandi il 21.1.2020 il test di rilevamento PCR elaborato dal Prof. Drosten per individuare il nuovo virus, addirittura prima della pubblicazione delle prime due proposte di sequenza cinesi, dimostra il primo fatto: il Prof. Drosten ha utilizzato dati non verificati scientificamente per il suo rapidamente globalizzato test PCR del 2019-nCoV, che venne poi rinominato SARS-CoV-2 il 7 Febbraio 2020 (12).

- Il rinominare, il 7.2.2020, il nome “nCOV” in “SARS-CoV-2” una mera presunzione di un possibile virus difettoso o innocuo in un patogeno pericoloso, ha dato all’opinione pubblica l’impressione che un reale virus SARS fosse stato scoperto in Cina, virus che provoca una pericolosa malattia, vale a dire la SARS, e che aveva ucciso il nuovo idolo della Cina, Li Wengling il quale aveva sminuito la leadership del partito.

Con ciò, il Prof. Drosten e i suoi colleghi del gruppo che classificarono il virus soddisfecero le aspettative della popolazione terrorizzata nel profondo: “finalmente diagnosticata”. Questa aspettativa fu sospinta dallo slancio del panico di massa scatenato dal Dr.med. Li Wengling, e venne in apparenza soddisfatta dal Prof. Drosten. Il fattore decisivo nel valutare questo dramma è il fatto che in quel momento tutti i virologi direttamente coinvolti testimoniarono – e testimoniano ancora oggi – che non c’è alcuna evidenza che questo nuovo virus causi realmente malattia. O che sia presente solamente in parallelo con malattie, nei processi di guarigione, o a seguito di processi di guarigione, in alcune persone in salute, in molte persone in salute o in tutte le persone?

Solo questo fatto prova che il Prof. Drosten ha oltrepassato il limite riconoscibile dell’azione scientificamente motivata passando ad una frode chiara ed epocale.

Non sarà poi nemmeno capace di scusarsi utilizzando per la pubblicazione della sua procedura per il test, avvenuta il 23 Gennaio 2020 (13), una rivista che non verificò le affermazioni fatte al suo interno prima di andare in stampa.

## 5. Domande decisive per una rapida conclusione della crisi Corona

La domanda centrale e decisiva è se il Prof. Drosten abbia **adempito al suo dovere scientifico**, che è parte del suo contratto di lavoro (14), nei confronti di sé stesso e abbia coerentemente verificato tutte le affermazioni fatte nella sua pubblicazione riguardante il metodo da lui sviluppato e le dichiarazioni pubbliche basate su di esso.

Tre domande centrali sorgono da questa centrale responsabilità scientifica:

- I. Il Prof. Drosten ha verificato se le sequenze geniche, che sono alla base del suo test e che gli sono state fornite dai virologi cinesi, siano realmente le sequenze che originano da un virus?

- II. Il Prof. Drosten ha eseguito gli esperimenti di controllo obbligatori in ambito scientifico e che dimostrano come le sequenze da lui utilizzate originano realmente da un virus? Ha realizzato gli esperimenti di controllo per verificare se le sequenze, che lui attribuisce al nuovo virus, sono effettivamente sequenze che sono prodotte in ogni metabolismo, forse addirittura nelle piante come la papaya Tanzaniana, o che insorgono in un' aumentata forma metabolica con le malattie?
- III. Sulla base di quali ipotesi, esperimenti ed esperimenti di controllo il Prof. Drosten può sostenere che la sua procedura diagnostica, con la quale egli individua solamente aree parziali di 2 (due) geni di un genoma che presenta un totale di 10 (dieci) geni del corona virus, rilevi un virus attivo nella sua interezza e che causa malattia? E non soltanto invece frammenti di un virus, a seguito di un ipotizzato scontro vittorioso del sistema immunitario, o la presenza nel nostro materiale genetico di virus "difettosi" o "incompleti" o "innocui", che sono caratteristici e che costituiscono il 50% delle masse geniche dei nostri cromosomi.

Le risposte si trovano nelle azioni documentate del Prof. Drosten nel corso dello sviluppo della sua procedura di test e nelle non-azioni documentate del Prof. Drosten sino ad oggi. Il virologo Prof. Drosten, che ha sviluppato il metodo di rilevamento del nuovo corona virus (prima chiamato 2019-nCoV e dal 7.2.2020 in poi SARS-CoV-2), descrive lo sviluppo del metodo diagnostico in una pubblicazione pubblicata il 23.1.2020 (16). A pagina 3 di questo articolo, colonna sinistra, 8 righe dal fondo, egli descrive il primo e decisivo passo del suo approccio:

"Prima della comunicazione pubblica delle sequenze del virus dai casi 2019-nCoV, ci siamo basati sulle segnalazioni dai social media che annunciavano il rilevamento di un virus SARS-like". Pertanto, abbiamo ipotizzato che un CoV in relazione con SARS fosse implicato in questo focolaio".

**Questo significa che il Prof. Drosten e i suoi colleghi hanno ipotizzato, basandosi sulle dichiarazioni sui social media, che un corona virus legato alla SARS potesse essere coinvolto nel sospetto focolaio di polmonite atipica.** In quel momento, nessun dato clinico era disponibile a supporto di tale supposizione. Quale fu il suo passo successivo?

"Abbiamo fatto il download il 1 Gennaio 2020 di tutte le sequenze complete e parziali (lunghezza media > 400 nucleotidi) dei virus connessi alla SARS e disponibili sulla GenBank".

Continua nella Colonna destra a pagina 3, terza riga dall'alto: "Abbiamo allineato queste sequenze [Mia nota, SL: contro uno standard dato Sequenza SARS virus] e usato le sequenze allineate per sviluppare il nostro test (figura S1 nel supplemento di questa pubblicazione)".

“Dopo la pubblicazione della prima sequenza 2019 CoV su virological.org, abbiamo selezionato tre test basati su quanto ben assortiti fossero al genoma del 2019 nCoV (Figura 1). “Abbiamo fatto il download di tutte le sequenze complete e parziali (se>400 nt) disponibili nella GenBank il 1 Gennaio 2020. (...) Queste sequenze sono state allineate e l’allineamento utilizzato per la progettazione del test (figura S1 supplementare). Subito dopo la comunicazione della prima sequenza 2019-nCoV su virological.org, 3 analisi sono state selezionate basate su quanto bene si abbinassero al genoma 2019-nCoV (figura 1).”

Dalle sue spiegazioni, possono essere tratte chiare risposte, conclusioni e conseguenze:

- I. Il Prof. Drosten ha verificato se le sequenze genetiche, che ha ricevuto dai virologi cinesi e che sono alla base della sua procedura diagnostica, siano realmente sequenze che originano da un virus?  
La risposta è no! Egli non è stato capace di verificare se le sequenze offerte originino da un virus, perché le due pubblicazioni decisive che descrivevano l’estrazione delle sequenze genetiche utilizzate non erano per lui disponibili **prima** del lancio sul mercato del suo test.
  
- II. Il Prof. Drosten ha effettuato gli esperimenti di controllo che sono obbligatori in ambito scientifico, e che dimostrano se le sequenze che egli ha utilizzato originino realmente da un virus? Ha effettuato gli esperimenti di controllo per dimostrare se le sequenze da lui attribuite al nuovo virus non siano effettivamente sequenze che si presentano in ogni metabolismo, forse addirittura nelle piante, o se esse si manifestino in maggior numero nel metabolismo che accompagna le malattie?  
La risposta è: No! Né lui, né i virologi del CCDC, né altri hanno dimostrabilmente svolto ad oggi questi necessari esperimenti di controllo, e se lo hanno fatto non li hanno pubblicati. Per questi decisivi esperimenti di controllo, brevi sequenze geniche del metabolismo di persone sane devono essere utilizzate per sequenziarle. Queste sequenze geniche brevi, similmente alle sequenze geniche da persone malate, devono essere assemblate con gli stessi programmi computerizzati per formare un lungo filamento genetico di un virus. Questo esperimento non è mai stato condotto o non è mai stato pubblicato. Non c’è nemmeno menzione di questa vincolante prova di controllo, che risulta dalle leggi del pensiero e dalla logica della virologia – al fine di controllare di conseguenza i propri risultati. L’altro test di controllo, che è fondato sulla logica scientifica, è il testare intensivo di campioni clinici da persone con altre malattie, rispetto a quelle attribuite al virus, usando il metodo PCR sviluppato (real time RT-PCR). Ad oggi non sono stati condotti, né hanno dichiarato di averli effettuati, questi ulteriori esperimenti di controllo, che sono logicamente necessari per stabilire una procedura di test e per validarla, ossia per verificare se essa sia valida e abbia una forza inconfutabile.

Per questa ragione, i costruttori e produttori di queste procedure di test hanno assicurato sé stessi mediante un'apposita informazione sui fogli illustrativi, indicando ad esempio che il test è da usarsi esclusivamente per finalità di studio e non è idoneo per finalità diagnostiche.

Posso predire, con certezza, che le persone che rilasciano aumentate sequenze geniche da tipologie di tessuto dell'epitelio squamoso, per esempio pazienti renali, verranno testati al 100% "positivi" con il test PCR sviluppato dal Prof. Drosten, al più tardi quando la quantità tracciata è moltiplicata e concentrata un poco.

E' altamente probabile che perfino tutti gli organismi possano essere testati positivi.

**Io esorto tutti i biochimici, biologi, virologi e specialisti della coltura cellulare ad effettuare questi esperimenti di controllo, a pubblicarli ed informarmi al riguardo. Io ho progettato un esperimento di controllo che esclude in partenza la scusa che il materiale del campione utilizzato sia stato contaminato con il virus SARS-CoV-2, prima o durante l'esperimento di controllo.**

I costi per l'esecuzione degli esperimenti di controllo sono coperti se io e osservatori neutrali siamo autorizzati ad essere presenti nel corso dello svolgimento degli esperimenti di controllo, e che ogni passo venga documentato. Per favore contattare la casa editrice per i dettagli di contatto.

I risultati termineranno immediatamente la crisi corona. Non sarebbe di alcuna utilità se solamente io presentassi i risultati degli esperimenti di controllo.

- III. Sulla base di quali presupposti, esperimenti ed esperimenti di controllo può il Prof. Drosten sostenere che la sua procedura di test, con la quale egli individua solamente aree parziali di 2 (due) soli geni da un genoma di un totale di 10 (dieci) geni del corona virus, rilevi un virus completo, attivo e causa di malattia e non solamente invece frammenti di un virus, a seguito di una ipotetica fruttuosa battaglia del sistema immunitario o a causa della presenza di numerosi virus "difettosi", "incompleti" e "innocui" nel nostro materiale genetico?

Il Prof. Drosten non ha minimamente considerato queste questioni logiche, perché non appaiono da nessuna parte nelle sue pubblicazioni e affermazioni. Il solo rilevamento delle brevi sequenze geniche da un lungo genoma del ceppo virale non può mai dimostrare la presenza di un virus intatto e conseguentemente moltiplicabile. Al fine di avere il permesso di chiamare valido un simile test PCR, si devono innanzitutto intraprendere studi i cui risultati mostrano che il rilevamento di brevi sequenze geniche dimostrano automaticamente la presenza di un ceppo virale completo e intatto geneticamente. Simili e incontestabili studi non sono stati ad oggi effettuati o menzionati.

All'inizio della crisi corona il Prof. Karin Mölling, la virologa principale nel campo dei virus associati alla cellula e considerati endogeni, innocui, incompleti o difettosi, ha descritto le misure adottate come ingiustificate. **Lei ha dimostrato nelle pubblicazioni e in un libro (17) che la metà del materiale genetico degli umani, ovvero la metà delle sequenze di cui sono composti i nostri cromosomi, consiste in sequenze genomiche inattive e difettose di virus.** Ciò che non si conosce, o che si nasconde, è il fatto che il metabolismo costantemente produce notevoli quantità di sequenze genetiche RNA di qualunque composizione, che non appaiono nella forma di sequenze di DNA nei cromosomi. Questo fatto mette in discussione le affermazioni sull'esistenza di tutti i virus RNA, come i corona virus, Ebola virus, HIV, virus del morbillo e virus SARS. Questo fatto è anche la ragione per cui gli esperimenti di controllo vengono utilizzati per porre immediatamente termine non solamente alla crisi corona ma anche alla paura e al maltrattamento dell'umanità ad opera dell'intera virologia con le presunte malattie virali. Io posso assicurarvi che le cause reali e i fenomeni dell'infezione attribuiti ai virus sono provati nel senso "positivo" della parola "scienza". Per questo io rimando al precedente articolo "Misinterpretation of Virus" ("L'Interpretazione errata del Virus") nella rivista WissenschaftPlus No. 1/2020, che può essere anche acquisito come file pdf. E, naturalmente, ai molti contributi precedenti riguardanti questa questione.

## Bibliografia

<sup>1</sup> A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019. N Engl J Med 2020; 382: 727-33. DOI: 10.1056/NEJMoa2001017. Published on 24.1.2020.

<sup>2</sup> The responsibility of a virologist. Is Christian Do victims or perpetrators rust? Published in the blog of the Friedens activists Peter Frey, peds-ansichten.de on 26.5.2020.

<sup>3</sup> SARS, Wikipedia. [https://de.wikipedia.org/wiki/Schweres\\_akutes\\_Atmwegssyndrom](https://de.wikipedia.org/wiki/Schweres_akutes_Atmwegssyndrom) (entry of 29.5.2020).

(4) Xing-Yi Ge et al., Isolation and characterization of a bat SARS-like coronavirus that uses the ACE2 receptor. Nature. Volume 503, 2013, pp. 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) See source 1 and: 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>. Published on 3.2.2020;

(7) Pathological endings 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);

(8) Bundesgesundheitsblatt, issue no. 12, December 2010. Pandemics. Lessons learned <https://link.springer.com/journal/103/53/12>;

(9) Detection of 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) by real-time RT-PCR. Prof. Christian Drosten and colleagues. Euro Surveill. 2020; 25(3): pii = 2000045. <https://doi.org/10.2807/1560-7917>. ES. 2020.25.3.2000045. Published on 23.1.2020.

(10) Diagnostics: First test for novel coronavirus developed. Medica magazine of 21.1.2020. <https://www.medica.de/ene/News/Archive/Diagnostics>;

(11) See 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) See 9;

(14) §2 Principles of Good Scientific Practice: (1) among others "to consistently doubt all results oneself" and "to observe the recognized principles of scientific work in the individual disciplines. In: New version of the Statutes of Charite - Universitätsmedizin Berlin to ensure Good Scientific Practice of June 20, 2012 (AMB Charité No. 092, p. 658) To be found at: [https://www.charite.de/leadadmin/user\\_upload/portal/charite/press/publications/amtl-mittei-lungsblatt/2016/AMB\\_208.pdf](https://www.charite.de/leadadmin/user_upload/portal/charite/press/publications/amtl-mittei-lungsblatt/2016/AMB_208.pdf);

(15) For examples of how the public is dealing with the findings that fruits are also tested "positive" for SARS-Cov-2, see: <https://www.zdf.de/nachrichten/panorama/coronavirus-papaya-goat-tanzania-test-100.html>

(16) See 9;

(17) See the book by Karin Mölling with the interesting title "Viruses: More Friends Than Foes", 420 pages, which was also published in German in 2016.