

# w+ARTIKEL

## WISSENSCHAFTPLUS

LK-Verlags UG



AIDS  
SARS BSE  
CORONA  
MERS

### Misvatting rond **VIRUSSEN** deel II

Begin en einde van de Corona-crisis

Door Dr. Stefan Lanka

# Misvatting rond virussen

AIDS  
SARS  
BSE  
CORONA  
MERS

deel II

## Begin en einde van de Corona-crisis

Door Dr. Stefan Lanka

*De definitie van SARS en Corona of Covid-19 stelt dat een atypische longontsteking – dat is: een longontsteking met een onbekende oorzaak – wordt beschouwd als het meest kenmerkende, klinische beeld van deze ziekte. Als er wél bekende pathogenen kunnen worden vastgesteld bij een longontsteking, dan wordt deze aangeduid als een typische longontsteking. Kan dat dus niet worden vastgesteld, dan is het een atypische variant. Een van de twee factoren die doorslaggevend zijn voor de SARS en de corona-crisis is dat ten minste 20-30% van alle longontstekingen atypisch is. De oorzaken van deze atypische longontstekingen zijn echter zeer wel bekend en mogen daarom NIET worden aangeduid als gevolg van een onbekend virus.*

*Dit feit wordt door infectiologen en virologen onderdrukt en vormt daarmee de basis voor het huidige angst- en paniekzaaien, omdat het de getroffen, het grote publiek en politici de indruk geeft dat een atypische longontsteking bijzonder gevaarlijk is en ook vaker dodelijk vanwege het gebrek aan medicatie of vaccins voor deze zogenaamd nieuwe ziekte.*

*Vanaf het moment dat een testprocedure voor het vermeende nieuwe virus wordt aangeboden stijgt het aantal gevallen automatisch, omdat – en dit blijft voor de betrokkenen verborgen – ook gezonde mensen „positief“ zullen testen. Vervolgens worden alle mensen met een typische longontsteking ook positief getest en daarna voegt men steeds meer mensen met overige ziekten toe. Dit wordt dan beschouwd als het praktische bewijs dat het virus zich verspreidt. Steeds meer andere ziekten worden automatisch toegevoegd aan de oorspronkelijke ziekte „atypische longontsteking“ en ook dit „syndroom“ zal worden aangeduid als „de nieuwe virusziekte“.*

*Het andere feit, dat niet alleen bepalend is voor SARS en de corona-crisis, is dat virologen die beweren dat pathogene virussen bestaan, om begrijpelijke redenen een voor de hand liggende situatie onderdrukken. De aangeboden virustestprocedure is een genetische detectieprocedure. De gensequenties die ze gebruiken voor deze detectietest wordt niet uit een virus geïsoleerd. Ze isoleren het echter uit afstervende weefsels en cellen. Deze doorgaans kortere gensequenties, die onderdelen van de menselijke stofwisseling zijn, vormen de basis voor het verdere laboratoriumwerk, waar de virologen met behulp van computerprogramma's lange strengen genetisch materiaal construeren, louter uit meerdere van die kortere gensequenties die dus, ter herhaling, niet van virussen komen. Deze worden vervolgens aangeduid als daadwerkelijke, virale genoomstrengen. Dit is de reden waarom er altijd positieve testresultaten zijn, zelfs wanneer gezonde mensen worden getest: deze gensequenties komen sowieso voor in ons lichaam.*

*Omdat deze virologen zichzelf niet proberen te weerleggen negeren ze consequent twee wetenschappelijke criteria. Een daarvan*

*is om alle bevindingen zelf consequent te controleren. De andere is om alle aannames en methoden, die worden gebruikt voor de controletests, te testen. Als ze deze controle-experimenten zouden uitvoeren, zouden ze ontdekken dat ALLE gensequenties die zij louter kunstmatig, in gedachten, samenstellen en koppelen aan een virusgenoom, afkomstig zijn van de menselijke stofwisseling zelf en niet van buitenaf, van een vermeend virus.*

*Het momentum van de corona-crisis werd veroorzaakt door een bericht op 30 december 2019 van een jonge oogarts, dat zich onmiddellijk en zeer snel verspreidde. Hij vertelde aan enkele vrienden dat verschillende mensen in zijn ziekenhuis in quarantaine waren geplaatst, dat zeven gevallen van SARS waren bevestigd, dat ze voorzichtig zouden moeten zijn en dat zichzelf zouden moeten beschermen.*

*Prof. Christian Drosten van de Charité in Berlijn hoorde hierover en begon onmiddellijk met de ontwikkeling van testprocedures voor SARS-virussen, nog voordat duidelijk was en duidelijk had kunnen zijn of het bericht uit China over SARS op waarheid berustte en bewezen was, maar vooral nog vóórdat de Chinese virologen hun resultaten publiceerden.*

*De belangrijkste virologen van het Chinese Disease Control Agency (CCDC) publiceerden hun resultaten op 24 januari 2020 en 3 februari 2020. Ze rapporteerden over de isolatie van meerdere korte gensequenties, die, aan elkaar geregen, een genetische streng van een nieuw virus zouden kunnen vertegenwoordigen. De auteurs - inclusief alle andere tot nu toe betrokken virologen - wezen er bovendien nadrukkelijk op dat de absoluut noodzakelijke experimenten die uitsluitel zouden kunnen geven over de al dan niet ziekteverwekkende status nog niet waren uitgevoerd, waardoor zou kunnen worden beweerd dat het hier zou kunnen gaan om een genoom van een ziekteverwekkend virus. Integendeel: de Chinese virologen wezen er zelfs expliciet op dat de geconstrueerde DNA-streng tot 90% gelijkis vertoont met DNA-strengen van bekende, onschadelijke coronavirussen die bij vleermuizen al tientallen jaren bekend zijn.*

*Op 21 januari 2020 (3 dagen voor de eerste publicatie van de CCDC!) raadde de WHO alle landen aan om de door prof. Drosten ontwikkelde testprocedure te gebruiken. Prof. dr. Drosten beweerde dat hij een betrouwbare testmethode had ontwikkeld, voor een virus dat zich snel verspreidde in China, zonder rekening te houden met de duidelijk gedefinieerde regels over hoe hiermee wetenschappelijk om te gaan, wat deel uitmaakt van zijn arbeids-overeenkomst. Door de denkkaders en de logica van de virologie te schenden heeft hij het ontstaan en de globalisering van de Chinese virus-epidemie veroorzaakt en in gang gezet.*

## 1. Begin van de Corona-crisis

Toen op 30 december 2019 de jonge oogarts Li Wenliang in Wuhan via WhatsApp zeven bevriende artsen informeerde over het feit dat in zijn ziekenhuis meerdere mensen in quarantaine waren geplaatst, het om zeven gevallen van SARS ging en zij dus voorzichtig moesten zijn en zichzelf zouden moeten beschermen, was hij niet van plan om daarmee paniek te veroorzaken. Als hij dat wel had gewild, om het publiek te waarschuwen, had hij het bericht wel op internet geplaatst. Eén van de zeven ontvangers van het privé WhatsApp-bericht publiceerde een „screenshot“, dat wil zeggen een foto van dit bericht, op internet, zonder zich bewust te zijn van de mogelijke gevolgen. Natuurlijk verspreidde deze informatie zich zeer snel binnen China en vervolgens in de rest van de wereld.

De mededeling veroorzaakte een golf van angst, paniek en vragen aan de Chinese gezondheidsautoriteiten en regering, vanwege de paniek van de SARS-crisis in 2003, die de Wereldgezondheidsorganisatie (WHO) op 12 maart 2003 als een „wereldwijde bedreiging“ had bestempeld. De regering in Peking stuurde vervolgens op 31 december 2019 snel een team van specialisten, bestaande uit epidemiologen en virologen van de Chinese Disease Control Agency (CCDC), naar Wuhan om de lokale gezondheidsautoriteiten en de omliggende provincie Hubei te ondersteunen. Het doel was om de claim van een epidemie te beoordelen en te verifiëren. Als er daadwerkelijk een uitbraak is opgetreden, dan moet de situatie adequaat worden aangepakt.

In de eerste gezaghebbende publicatie van de auteurs van de CCDC, over de resultaten van hun onderzoek „Een nieuw coronavirus voor patiënten met longontsteking in China, 2019“<sup>1</sup> wordt geen toename van gevallen met atypische longontsteking („patiënten met longontsteking van onbekende origine“) gerapporteerd. Gemeld werd dat de gevonden patiënten kunnen worden samengevoegd tot een „cluster“, tot een groep met gemeenschappelijke kenmerken. Hun gemeenschappelijke kenmerk was het min of meer frequente bezoek aan een markt met zeevruchten in Wuhan. Hoe klein de groep patiënten met atypische longontsteking was blijkt uit het feit dat de CCDC van slechts vier patiënten uitstrijkjes en vloeistoffen uit de onderste luchtwegen nam, om daarin naar voor hen bekende en onbekende pathogenen te zoeken.

Ondertussen nam de paniek in Wuhan en omgeving enorm toe. De politie dwong Li Wenliang op 3 januari 2020 tot het ondertekenen van een verklaring waarin hij beloofde geen berichten meer over een mogelijke SARS-uitbraak te verspreiden. Maar dit mocht niet baten. Wenliang ontwikkelde op 10 januari 2020 zélf de symptomen van longontsteking en kort daarna ook zijn ouders. Hij isoleerde zichzelf, omdat hij ervan overtuigd was dat hij de vorige dag bij de behandeling van een oogpatiënt besmet was geraakt met het SARS-virus. De initiële paniek verergerde daardoor en een verdere toename kon niet meer voorkomen worden.

Vervolgens voerden zijn toezichthoudende artsen een groot aantal uiteenlopende testprocedures op hem uit die alle-

maal negatief waren. Omdat zijn gezondheid echter verder achteruitging en steeds meer mensen zich publiekelijk zorgen maakten over zijn lotgingen de tests door, tot dat een SARS-test op 30 januari 2020 voor het eerst als „positief“ werd beoordeeld bij Li Wenliang. Li Wenliang publiceerde dit resultaat op het internet met de volgende woorden: „Today nucleic acid testing came back with a positive result, the dust has settled, finally diagnosed.“ (Vandaag kwamen de nucleïnezuurtesten terug met een positief resultaat, het stof is neergedaald, uiteindelijk gediagnosticeerd.“)

Dit nieuws versterkte de reeds bestaande paniek. Alles liep volledig uit de hand toen hij op 3 januari 2020 ook zijn ondertekende document op internet publiceerde. Deze voor hem riskante publicatie van zijn geheimhoudingsverklaring was voor veel panikerende mensen het bewijs dat er een nieuwe SARS-epidemie gaande was, omdat een getroffen arts, ondanks de dreiging van straf, het publiek wilde informeren en waarschuwen. De rampspoed van de escalerende SARS-paniek, die veranderde in de wereldwijde corona-crisis, was nu pas goed begonnen.

De paniek bleef toenemen. De gezondheid van Li Wenliang ging namelijk verder achteruit ondanks intensief gebruik van een groot aantal antibiotica-substanties. Het publiek volgde dit met argusogen. Toen ook plots zijn dood werd aangekondigd – een meer dan rommelig en tegenstrijdig nieuwsbericht – escaleerde de situatie helemaal. Dit was en is de belangrijkste reden waarom het Chinese en wereldwijde publiek aannam dat er in Wuhan een nieuwe SARS-uitbraak had plaatsgevonden. Deze werd hernoemd als een nieuw virus, een pandemie onder een nieuwe naam, „Covid-19“.

## 2. De eerste van de twee mogelijke oorzaken van de angst van Li Wenliang

De angst van de oogarts Li Wenliang was gebaseerd op de gebeurtenissen in China in 2003, toen westerse wetenschappers beweerden dat zich in Zuid-China een accumulatie van atypische longontsteking had voorgedaan. Twee dagen na de kunstmatige creatie van een genetische DNA-streng van het zogenaamd nieuwe virus (SARS-CoV-1), waarbij prof. Drosten substantieel betrokken was<sup>2</sup>, bood diezelfde Drosten een vermeende testprocedure aan voor dit vermeende virus<sup>3</sup>. Ca. 800 mensen met atypische longontsteking, d.w.z. longontsteking waarbij geen bekende pathogenen konden worden gedetecteerd, maar die met de test van prof. Drosten een „positief“ resultaat opleverden, stierven - mogelijk foutief en door overbehandeling - met de diagnose SARS, in plaats van aan een „atypische longontsteking“<sup>4</sup>.

De basis voor het handhaven van de angst voor SARS en het gestaag toenemen daarvan tot in 2019 is gebaseerd op twee publicaties, één uit 2013<sup>4</sup> en één uit 2017<sup>5</sup>, die speculeerden over de mogelijkheid van het ontstaan van nieuwe SARS-coronavirussen. De auteurs van beide publicaties stelden dat bij gezonde vleermuizen aanwijzingen waren voor het bestaan van korte gensequenties, die geïnterpreteerd kunnen worden als componenten van een virus. ►

Deze korte gensequenties zijn vergelijkbaar met die korte gensequenties die in 2003 tot componenten van het vermeende SARS Corona Virus 1 (SARS CoV 1) waren verklaard. SARS staat voor Severe Acute Respiratory Syndrome, wat een andere beschrijving is voor de symptomen van atypische longontsteking.

Over deze kunstmatig samengestelde (fictieve) DNA streng wordt beweerd dat het mogelijk is dat ze ook in werkelijkheid kunnen ontstaan en een daadwerkelijk virus kunnen vormen. Zo'n virus, waarvan wordt gezegd dat het in vleermuizen en andere wilde dieren voorkomt maar onschadelijk is, zou zich via beet, contact of consumptie op mensen kunnen verspreiden en zou op die manier een dodelijke moordenaar worden. Bij mensen zou dit onschadelijke virus zich vervolgens door veranderingen (mutaties) kunnen omvormen tot een daadwerkelijk nieuw en ziekteverwekkend SARS-coronavirus. Met die mogelijkheid en de golf van ziekten die zo'n gebeuren kan veroorzaken, zoals atypische longontsteking, moet op ieder moment rekening worden gehouden, aldus die artikelen.

Tot op heden zijn virologen er echter niet in geslaagd een SARS-virus te isoleren uit een patiënt, een vleermuis, uit een ander dier of in een laboratorium, noch is ooit al het complete en volledige DNA van een SARS-virus aangetoond. De veronderstelling van virologen is dat er daadwerkelijk virale DNA strengen bestaan die op dezelfde wijze zijn opgebouwd als de DNA strengen die zij volledig virtueel hebben samengesteld uit meerdere korte gensequenties. Maar nogmaals: dat kan tot op de dag van vandaag niet bevestigd worden. Ook op andere manieren bleek het nog niet mogelijk om het bestaan en de aanwezigheid van een complete DNA streng van een SARS-virus aan te wijzen – ook al zijn er al lange tijd zeer eenvoudige standaardtechnieken beschikbaar voor het bepalen van de lengte van genetische sequenties.

De enorme angst die ontstond door deze valse beweringen lagen aan de basis van de oorzaak van de angst van de oogarts Li Wenliang, evenals van andere artsen en infectiologen, niet alleen in Wuhan. Deze beweringen zijn de reden waarom de epidemiologen en virologen van de CCDC vanaf 31 december 2019 zo gefixeerd waren op het vinden van vergelijkbare gensequenties, die in 2003 werden gedefinieerd als componenten van SARS-coronavirussen.

### 3. De tweede van de mogelijke oorzaken van de angst van Li Wenliang

De SARS- en Corona-crisis begon bij de media, die beweerde dat er een opeenstapeling bestond van patiënten met atypische longontsteking. Deze claim is nooit onderbouwd. De enige bewering was dat de opgetreden atypische longontsteking kon worden verklaard door de veronderstelling dat er een nieuw virus was, omdat sommige mensen met atypische longontsteking contact met dierenmarkten hadden gehad. Om het vermoeden te kunnen bevestigen dat een onbekend virus de oorzaak zou kunnen zijn van atypische longontsteking, werden feiten uit de medisch-wetenschappelijke literatuur onderdrukt. Er bestaan namelijk meerdere niet-infectieuze oorzaken van atypische longontsteking. Dit soort atypische longontstekingen zijn om meerdere redenen bovendien waarschijnlijk dodelijker dan een typische longontsteking.

Tot deze oorzaken behoren onder meer het inademen van giftige dampen, oplosmiddelen en stoffen. Ook het binnendringen van voedsel, vloeistof of maaginhoud, die in de longen terecht kunnen komen bij slikproblemen of bewustzijnsverlies, kunnen een ernstige longontsteking veroorzaken (aspiratiepneumonie). Water alleen is al voldoende om ernstige atypische longontsteking te veroorzaken, wanneer het in de longen van verdrinkende mensen geraakt. Andere oorzaken die daar nog bijkomen is het erkende spectrum van immunologisch verstoord gedrag, zoals allergieën en auto-immunreacties. Het is ook bekend dat bestraling bij kanker ontsteking van de longen veroorzaakt, die niet te onderscheiden is van een typische longontsteking. Longontsteking bij bedlegerigheid is vooral bekend bij oudere mensen. Deze ontstaan door waterretentie (oedeem), langdurige bedrust, hart- en/of nierzwakte, wat kan leiden tot onvoldoende ventilatie en bloedtoevoer naar de longen, wat direct kan leiden tot longontsteking, d.w.z. tot atypische longontsteking.

Logischerwijs veroorzaakt een combinatie van anderszins onbewuste oorzaken ook atypische longontsteking. Een atypische longontsteking kan snel veranderen in een typische longontsteking als er secundaire kolonisatie van de ontstoken longen is. Dat is de reden waarom het aandeel atypische longontsteking waarschijnlijk hoger ligt dan de geschatte 20-30%.

Belangrijk te vermelden is ook dat bij één van de vijf personen die als onderwerp dienden voor de twee publicaties die relevant zijn voor de corona-crisis<sup>6</sup> er onderzoek is gedaan naar de mogelijke aanwezigheid van atypische longontsteking. Virologen doen dit meestal sowieso niet en de leden van de CCDC hadden dit vanwege de paniekomstandigheden ook niet gedaan. Het op voorhand uitsluiten van de mogelijkheid dat deze mensen ziek waren omwille van een atypische longontsteking wijst op ernstig medische foutief handelen en bemoeilijkt een correcte behandeling van de patiënt. Getroffenen lopen daardoor het risico onjuist behandeld te worden, met een cocktail van antibiotica die rijk is aan bijwerkingen en die, zeker bij overdosering, op zichzelf al de dood van patiënten kan veroorzaken<sup>7</sup>. Het moet voor iedereen duidelijk zijn dat extreme paniek, zeker bij ademhalingsproblemen, op zich al dodelijk kan zijn. Paniek kan zelfs in zeer korte tijd dodelijk zijn, niet alleen bij cardiovasculaire problemen. Het antwoord op de cruciale vraag of er daadwerkelijk een nieuw virus is gedetecteerd, of dat er hooguit lichaamseigen, korte stukjes genetisch materiaal als componenten voor het virus worden aangezien of als zodanig verkeerd worden geïnterpreteerd, is bepalend of de corona-crisis snel kan worden beëindigd. Net als bij H1N1 beweren diegenen die de corona-crisis hebben veroorzaakt, dat deze alleen kan worden beëindigd door vaccinatie. Het idee van vaccinatie kan echter net zo worden weerlegd als dat van het virus.

De herinnering aan de Mexicaanse griep пандemie van 2009, die inmiddels grotendeels is vergeten, kan behulpzaam zijn bij het beoordelen en classificeren van de gebeurtenissen rond het ontstaan en het in stand houden van de corona-crisis. De meerderheid van de bevolking was destijds uit angst bereid zich te laten vaccineren tegen de vermeende varkensgriepvirussen. Vervolgens trad er een vertraging op in de aangekondigde levering van de vaccins. De vaccins konden niet in voorgevulde spuitjes worden geleverd, omdat de medicijnversterkers, die voor het eerst werden gebruikt, het vaccinmengsel beschadigden en onbruikbaar maakten. Om deze reden werd het vaccin voor ►

iedere 10 personen in ampullen gedaan, waaraan de medicijnversterkers pas kort voor de daadwerkelijke vaccinatie konden worden toegevoegd.

Toen werd bekend dat de medicijnversterkers, adjuvantia genoemd, zonder welke een vaccin niet zou werken, nieuw en niet getest waren, en ook dat ze bestonden uit nanodeeltjes. Daarvan weet men dat ze vanwege hun kleine formaat zeer reactief zijn, wat de reden is waarom ze als katalysator worden gebruikt bij veel chemische reacties. Bij technische processen zorgen ze er bijvoorbeeld voor dat oppervlakken zich heel anders gedragen dan zou mogelijk zijn met behulp van conventionele methoden. Toen werd bekend dat het vaccin zou worden toegediend aan bondskanselier Angela Merkel, maar dan zonder de nieuwe medicijnversterker met nanodeeltjes, terwijl de politie en de bevolking het vaccin mét de niet-geteste nanodeeltjes zouden krijgen. Als gevolg hiervan weigerde 93% van de bevolking het aan hun toegewezen vaccin. Slechts 7% van de Duitsers kreeg het vaccin toegediend.

De mensen die het vaccin niet namen hadden gelijk. De menselijke stofwisseling kan nanodeeltjes namelijk niet metaboliseren en uitscheiden. Wat interessant is, echter: door de weigering van bijna de gehele bevolking verdween de Mexicaanse griep van de ene op de andere dag op magische wijze uit de media en de vaccins in een hoogoven. (Verbazingwekkend genoeg verdween het varkensgriepvirus H1N1 zo snel als varkens kunnen galopperen, infecteerde het niemand meer en maakte geïnfecteerde personen ook niet langer ziek, wat er voor zorgde dat de media-aandacht verdween. Als de lezer mij een kleine polemiekt toestaat: mogelijk is het varkensgriepvirus toen veranderd in een visgriepvirus, die samen met de zalmen de rivieren opzwoomden richting China, om daar opnieuw met gebundelde kracht op de vismarkt van Wuhan toe te slaan.)

Maar de epidemiologen, infectiologen en virologen bleven niet bij de pakken zitten. Ze leerden van hun mislukking om een pandemie te plannen. Die was in het geval van de Mexicaanse Griep namelijk niet tot een hoogtepunt met bijbehorende vaccinaties gekomen. Ze analyseerden de oorzaken en publiceerden hun bevindingen en aanbevelingen voor de toekomst in nummer 12 van de Federal Health Gazette, van december 2010. De veelzeggende titel van dit nummer was: "Pandemics. Lessons learned", hetgeen niet ging over hoe de Mexicaanse Varkensgriep (H1N1) zich verspreidde, maar hoe de communicatie was misgelopen.

Sommige artikelen in dit nummer zijn beschikbaar op internet<sup>8</sup>, maar de essentiële niet. De belangrijkste aanbevelingen voor het communicatieve beheer van een pandemie zijn:

- Zorg ervoor dat experts elkaar niet tegenspreken in openbare discussies.
- Tijdige integratie met belangrijke en sociale media.
- Internetcontrole. Dit om te voorkomen dat claims en kritiek de consensus en acceptatie van de maatregelen in politiek en samenleving in gevaar brengen.

De genoemde aanbevelingen zijn inmiddels succesvol geïmplementeerd. Het internet wordt gecensureerd en critici worden, onder andere, door smaad gemarginaliseerd. Er zijn simpelweg geen overtuigende argumenten tegen de veronderstelling van een pandemie

meer die nog publieke belangstelling hebben gekregen. In Duitsland wordt nog slechts één expert gehoord in de media en in de politiek: Prof. Drosten, van het Charité-hospitaal te Berlijn. De „kritiek“ op hem wordt ook georganiseerd. Die werd geuit door een hiv-viroloog, en was hooguit bedoeld om de centrale stelling over het bestaan van een nieuw virus, SARS-CoV-2 te versterken.

#### 4. De Globalisering van de Chinese SARS-Virus-paniek en koersbepaling richting Corona-crisis door Prof. Drosten

- Op 1 januari 2020 beweert Prof. Dr. Drosten dat hij een genetische detectieprocedure heeft ontwikkeld, waarmee hij op betrouwbare wijze de aanwezigheid van het nieuwe coronavirus bij mensen kan detecteren.<sup>9</sup> De WHO lanceerde de door hem ontwikkelde testprocedure op 21 januari 2020 en beval deze aan bij de Chinezen en bij alle landen aan als een betrouwbare testprocedure, om de verspreiding van het zogenaamd nieuwe coronavirus te bepalen.<sup>10</sup>

Om a) te controleren welke aannames en beweegredenen zich achter de beweringen van Prof. Drosten bevinden en b) om te controleren of zijn conclusies een veilige testprocedure voor het nieuwe coronavirus hebben opgeleverd; zijn ze al dan niet logisch en wetenschappelijk bewezen, of zelfs weerlegd, is het nodig om de gebruikte termen, de gebruikte technieken, de achtergrond van zijn redenering en de analyse van de twee cruciale publicaties, waarnaar Prof. Drosten verwijst, uit te leggen.

- Hoe worden een virus en een coronavirus gedefinieerd?
- Hoe worden in deze context sequenties gedefinieerd?
- Hoe werken de detectiemethoden van deze sequenties, waarnaar wordt verwezen als PCR, als RT-PCR en als realtime RT-PCR?
- Op welk moment is het bewijs geleverd van de aanwezigheid van sequenties bij mensen, die als bewijs voor de aanwezigheid van een virus gelden?
- Op welke manier wordt het bestaan van een virus wetenschappelijk aangetoond?

#### Begrippen

- Een virus wordt in de wetenschap gedefinieerd als het specifieke genetische materiaal dat alleen tot dit virus behoort.
- De genetische samenstelling van een virus wordt ook wel een virale streng genoemd, als een viraal genetisch molecuul of als zijn genoom.
- Het virale genetische materiaal van een virus bevat achtereenvolgens de verschillende genetische sequenties voor de vorming van de verschillende virale eiwitten, die virale genen worden genoemd.
- Het genetische materiaal van een virus kan bestaan uit de twee soorten DNA of RNA.
- Corona-virussen worden gekenmerkt door het feit dat ze bestaan uit een specifiek RNA-molecuul dat wordt omgeven door een omhulsel.
- Het genetische materiaal van een virus wordt bepaald door de nauwkeurig vastgestelde lengte en de exacte bepaling van de structuur van het virale genoom.
- De samenstelling van het genoom van een virus komt voort uit de exacte bepaling van het aantal en de specifieke volgorde van de vier bouwstenen waaruit genetisch materiaal bestaat. ►

De vier bouwstenen van een genetisch materiaal worden nucleotiden genoemd.

- Het proces van het bepalen van de specifieke volgorde van de vier bouwstenen van een genetisch materiaal wordt DNA-sequencing genoemd.
- Het resultaat van de bepaling van de volgorde van de bouwstenen van genetisch materiaal wordt een DNA-sequentie of een genetische sequentie genoemd.
- Virussen worden gedefinieerd door het feit dat hun volgorde uniek is en niet voorkomt in gezonde organismen.
- Om de aanwezigheid van het genetische materiaal van een virus te kunnen detecteren en bepalen moet dit virus, in overeenstemming met de wetten van de logica (die als een fundamentele regel aan elke wetenschap voorafgaat) in haar pure vorm worden geïsoleerd, zodat celspecifieke gensequenties niet verkeerd worden geïnterpreteerd als componenten van een virus.
- De bepaling van de sequentie van een genetische stof is alleen mogelijk in de vorm van een DNA.
- Om de sequentie van een genetische stof in de vorm van een RNA te bepalen moet deze eerst biochemisch worden omgezet in DNA.
- Het proces van het omzetten van een genetische stof van RNA in DNA wordt „reverse transcriptase“ genoemd en wordt afgekort met „RT“.

### De technieken gebruikt door Prof. Drosten zijn eerste conclusies

- De aanwezigheid en lengte van genetisch materiaal wordt bepaald door het in een elektrisch veld in de lengte te scheiden. Korte stukjes bewegen sneller, langere stukjes langzamer. Tegelijkertijd worden, om de lengte van het te onderzoeken genetische materiaal te kunnen bepalen, stukjes genetisch materiaal met verschillende lengtes met een bekende lengte toegevoegd. Deze betrouwbare standaardtechniek, voor de detectie en bepaling van de lengte van genetisch materiaal, wordt „gelelektroforese“ genoemd.
- Als de concentratie van een bepaald genetisch materiaal te laag is, waardoor het niet kan worden vastgesteld door „gelelektroforese“, kan dit naar believen worden verhoogd door de techniek van onbepaalde vermenigvuldiging van DNA, de zogenaamde polymerase-kettingreactie. Op deze manier kan ondetecteerbaar DNA zichtbaar worden gemaakt in gelelektroforese. Dit is een eerste vereiste om de genetische substantie toegankelijk te maken voor verder onderzoek, vooral voor de daaropvolgende, beslissende bepaling van diens lengte en volgorde. Deze methode wordt ook kortweg PCR genoemd.

De uitvinder van de PCR-techniek, Kary Mullis, die in 1993 de Nobelprijs voor chemie ontving, wees er al vroeg op dat deze methode, die is ontwikkeld voor cleanroom-analyse in computerchipfabrieken, zeer foutgevoelig is. In zijn toespraak over de Nobelprijs, die is gedocumenteerd op de website van het Nobelprijscomité, wees hij er tevens op dat er geen verifieerbaar, feitelijk wetenschappelijk bewijs bestaat dat de genetische stof die als het genoom van HIV wordt gezien, daadwerkelijk immuundeficiëntie of andere genoemde ziekten zou veroorzaken, die worden samengevat onder de term „AIDS“ en die worden behandeld met zeer giftige chemotherapie. Hij wijst erop dat

er onder de betrokken wetenschappers slechts een consensus bestaat dat „HIV“ immuundeficiëntie zou veroorzaken.

Om een DNA met de PCR-techniek te kunnen vermenigvuldigen, moet men de samenstelling kennen, de volgorde van het DNA. Een DNA kan alleen met de PCR worden vermeerderd als zich korte, kunstmatig geproduceerde genstukken aan het begin en het einde van het DNA binden, die exact overeenkomen met de volgorde van het begin en het einde van het te versterken DNA. Deze korte stukjes kunstmatig geproduceerd DNA worden daarom startermolecuul of primer van de PCR genoemd. Ze zijn gemiddeld tussen de 24 en 30 nucleotiden lang (de bouwstenen van de genetische stof).

Met behulp van de PCR kunnen daarom geen onbekende sequenties of onbekende virussen worden gedetecteerd. Alleen de bepaling van de sequentie van een virus maakt het namelijk mogelijk om een PCR-test te ontwikkelen voor de detectie van een gensequentie die afkomstig is van een virus.

· In de begindagen van PCR was het uitsluitend mogelijk om de hoeveelheid vermeerderd DNA door middel van gelelektroforese te bepalen nadat de PCR-amplificatiereactie was gestopt. Tegenwoordig worden aan de enzymen en stoffen die nodig zijn voor PCR bepaalde kleurstoffen toegevoegd. De detectie van deze kleurstoffen in de loop van de PCR geeft ruwweg aan welke concentraties van kunstmatig verhoogd DNA zijn ontstaan en hoeveel DNA daadwerkelijk aanwezig was aan het begin van de PCR. Omdat de bepaling van de hoeveelheid kunstmatig gegenereerd DNA alleen nog ruwweg kan worden bepaald terwijl de PCR-techniek loopt, wordt deze uitbreiding van de PCR-techniek „real-time PCR“ genoemd. Een „real-time PCR“, die wordt voorafgegaan door een andere stap, de omzetting van RNA in DNA door middel van „reverse transcriptie“ (RT), wordt daarom „real-time RT-PCR“ genoemd.

· In de test die hij ontwikkelde voor de detectie van het nieuwe coronavirus gebruikt prof. Drosten dus de „real-time RT-PCR“-techniek. Hij zocht hiervoor in een databank op internet, waar op 1 januari 2020 korte genetische sequenties waren geselecteerd die worden toegeschreven aan SARS-virussen. Op basis van deze sequenties van korte genfragmenten, die dus worden geïnterpreteerd als mogelijke componenten van SARS-virussen, ontwierp hij de PCR-primersequenties die zouden uitslaan bij zijn PCR methode, in de hoop daarmee via „real time RT-PCR“ het „nog“ onbekende China-virus te identificeren.

De op 10.1. en 12.1.2020 op het internet verschenen voorlopige compilaties van sequenties, die vervolgens werden gewijzigd en opnieuw werden gepubliceerd op 24.1.2020 en 3.2.2020<sup>11</sup>, dienden als resultaat van de eerste twee pogingen om het nog onbekende virus te identificeren. De CCDC-virologen stelden daarbij dat, om dit resultaat te bereiken, middels computerprogramma's kunstmatig stukjes gensequenties samen waren gesteld, om te komen tot deze DNA streng. De CCDC-virologen getuigden daarbij in beide publicaties dat er geen bewijs is dat deze „DNA-suggesties“ daadwerkelijk ziektes zouden kunnen veroorzaken. Op 10.1. en 12.1.2020 waren de Chinese sequentiesuggesties nog voorlopig, en waren dus nog niet onderworpen aan het strikte proces van wetenschappelijk voorgeschreven controlerichtlijnen. ►

Vanwege het feit dat de Wereldgezondheidsorganisatie (WHO) op 21 januari 2020, nog vóór de bekendmaking van de publicaties van de eerste twee Chinese sequentiesuggesties, de door prof. Drosten ontwikkelde PCR-detectietest aanbeveelt voor de detectie van het nieuwe virus, is een eerste feit bewezen: Prof. Drosten gebruikte wetenschappelijk niet-geteste gegevens voor zijn snel globaliserende PCR-test van de 2019-nCoV, die met medewerking van Prof. Drosten op 7.2.2020<sup>12</sup> werd omgedoopt tot SARS-CoV-2.

Met het omnoemen van „nCoV“ op „7.2.2020“ naar „SARS-CoV-2“; van de verdenking van een eventueel defect of ongeveer virus naar een gevaarlijke ziekteverwekker, kreeg het publiek het vermoeden dat in China een daadwerkelijk SARS-virus, dat een gevaarlijke ziekte zou veroorzaken, was ontdekt, die het nieuwe Chinese idool Li Wenliang had gedood en de partijleiding in de schaduw had gesteld.

Hiermee vervulden prof. Drosten en zijn collega's van de virusnomenclatuur-groep de verwachting van de tot het bot geschokte bevolking: „finally diagnosed“, „eindelijk gediagnosticeerd“. De verwachting werd door het momentum van de door de massale paniek van het overlijden van Dr. med. Li Wengling gecreëerd en bewaarheid gemaakt door prof. Drosten. Doorslaggevend bij de beoordeling van het gebeurde is het feit dat tot op dit moment alle betrokken virologen - en nog steeds zeggen - dat er geen bewijs is dat dit nieuwe virus daadwerkelijk ziektes veroorzaakt. Of dat het alleen voorkomt in combinatie met andere ziekten, bij helingsfasen, na helingsfasen, bij gezonde mensen, bij veel gezonde mensen of bij alle mensen optreedt?

Dit alleen bewijst al dat prof. Drosten de grens van wetenschappelijk rechtvaardig handelen met een duidelijk herkenbare en ernstige frauduleuze handeling heeft overschreden. Hij zal zich ook niet kunnen verontschuldigen door het feit dat hij zijn testprocedure op 23 januari 2020<sup>13</sup> in een tijdschrift heeft geplaatst, die de daarin gedane beweringen niet controleert voordat zij ter perse gaat.

## 5. De voor de snelle beëindiging van de corona-crisis beslissende vragen

De centrale en allerbelangrijkste vraag is of Prof. Drosten zijn wetenschappelijke plicht, die deel uitmaakt van zijn arbeidsovereenkomst<sup>14</sup>, heeft vervuld, om alle beweringen in zijn publicatie over de detectiemethode die hij heeft ontwikkeld en zijn daarop gebaseerde openbare beweringen te verifiëren.

Deze centrale wetenschappelijke verplichting roept drie belangrijke vragen op:

I. Heeft Prof. Drosten gecontroleerd of de gensequenties, die de basis vormen van zijn testprocedure en die hij van de Chinese virologen heeft ontvangen, sequenties zijn die daadwerkelijk afkomstig zijn van een virus?

II. Heeft Prof. Drosten de wetenschappelijk verplichte controle-experimenten uitgevoerd, die bewijzen of de gensequenties die hij gebruikt daadwerkelijk van een virus afkomstig zijn? Heeft hij controle-experimenten uitgevoerd om te bepalen of de sequenties die

hij gebruikt, die hij aan het nieuwe virus toeschrijft, in feite geen gensequenties zijn die in elk metabolisme voorkomen, misschien zelfs in planten, b.v. in Tanzaniaanse papaya's<sup>15</sup> of die zich bij ziekten tijdens de stofwisseling vermeerderen?

III. Op basis van welke aannames, experimenten en testexperimenten beweert Prof. Drosten dat hij met zijn testprocedure, waarbij hij slechts gedeeltes van 2 (twee) van de 10 (tien) genen uit het genoom van het coronavirus aantoonde, een actief en ziekteverwekkend virus in zijn geheel heeft aangetoond en niet slechts fragmenten van een virus, na een veronderstelde succesvolle strijd van het immuunsysteem, of de aanwezigheid van „defecte“ of „onvolledige“ of „onschadelijke“ virussen in ons genetisch materiaal, die typisch zijn en voor 50% deel uitmaken van de genetische massa van onze chromosomen?

De antwoorden kunnen worden ontleend uit de gedocumenteerde acties van prof. Drosten tijdens de ontwikkeling van zijn testprocedure en uit de gedocumenteerde passiviteit van prof. Drosten tot nu toe.

De viroloog Prof. Drosten, die de detectiemethode voor het nieuwe coronavirus ontwikkelde (eerst 2019-nCoV genoemd, vanaf 7.2.2020 verder als SARS-CoV-2), beschrijft de ontwikkeling van de testmethode in een publicatie die op 23 januari 2020<sup>16</sup> openbaar werd. Op pagina 3 van dit artikel, linkerkolom, 8 regels van onderen, schrijft hij over de eerste en beslissende stap van zijn procedure:

Voordat we virussequenties in de openbaarheid aankondigden van 2019-nCoV casussen, vertrouwden we op rapporten op sociale media, waarin de detectie van een SARS-achtig virus werd aangekondigd. Daarom gingen we ervan uit dat een met SARS in verbinding staand CoV bij de uitbraak betrokken was. („Before public release of virus sequences from cases of 2019-nCoV, we relied on social media reports announcing detection of a SARS-like virus. We thus assumed that a SARS-related CoV is involved in the outbreak.“)

Dat betekent dat Prof. Drosten en zijn medewerkers op basis van berichten uit sociale media hebben aangenomen dat de vermeende uitbraak van atypische longontsteking een met SARS in verbinding staand coronavirus zou kunnen betreffen. Op dat moment waren er geen klinische gegevens beschikbaar die de basis voor een dergelijk vermoeden hadden kunnen staven. Wat was zijn volgende stap?

„We hebben alle volledige en gedeeltelijke (gemiddelde lengte > 400 nucleotiden) van de SARS-gekoppelde virussequenties gedownload die op 1 januari 2020 beschikbaar waren op GenBank.“ Het gaat verder in de rechterkolom van pagina 3, 3e regel van boven:

„We hebben deze sequenties uitgelijnd [opmerking van mij, SL: gebaseerd op een bepaalde standaardsequentie van het SARS-virus] en de uitgelijnde sequenties gebruikt om onze tests te ontwikkelen (Figuur S1 in het supplement bij deze publicatie).“

„Na de publicatie van de eerste 2019-nCoV-sequentie op virological.org, hebben we, op basis van hoe ze overeenkwamen drie tests geselecteerd, op basis van hoe goed ze overeenkwamen met het 2019-nCoV-genoom (Fig. 1).“ ▶

(„We downloaded all complete and partial (if >400 nt) SARS-related virus sequences available in GenBank by 1 January 2020. [...] These sequences were aligned and the alignment was used for assay design (Supplementary Figure S1). Upon release of the first 2019-nCoV sequence at virological.org, three assays were selected based on how well they matched to the 2019-nCoV genome (Figure 1.)

De duidelijke antwoorden, conclusies en consequenties die voortkomen uit zijn opmerkingen zijn:

I. Heeft Prof. Drosten gecontroleerd of de gensequenties, die de basis vormen van zijn testprocedure en die hij van de Chinese virologen heeft ontvangen, gensequenties zijn die daadwerkelijk afkomstig zijn van een virus? Het antwoord is nee! Hij kon niet controleren of de aangeboden gensequenties afkomstig waren van een daadwerkelijk virus, omdat de twee cruciale publicaties waarin beschreven staat op welke manier de door hem gebruikte gensequenties zijn vastgesteld, niet beschikbaar waren voor de marktlantering van zijn test.

II. Heeft Prof. Drosten de wetenschappelijk verplichte controle-experimenten uitgevoerd, die bewijzen of de gensequenties die hij gebruikt daadwerkelijk van een virus afkomstig zijn? Heeft hij controle-experimenten uitgevoerd om te bepalen of de sequenties die hij gebruikt, die hij aan het nieuwe virus toeschrijft, in feite geen gensequenties zijn die in elk metabolisme voorkomen, misschien zelfs in planten, b.v. in Tanzaniaanse papaya's (15) of die zich bij ziekten tijdens de stofwisseling vermeerderen? Het antwoord is nee! Noch hij, noch de CCDC-virologen, noch anderen hebben tot op de dag van vandaag aangetoond dat ze de noodzakelijke controlepogingen hebben uitgevoerd, en als ze dat wel hebben gedaan, dan hebben ze ze niet gepubliceerd. Voor deze cruciale controle-experimenten moeten korte gensequenties van het metabolisme van gezonde mensen worden gebruikt om ze te sequencen. Deze korte gensequenties moeten, net als de gensequenties van zieke mensen, met dezelfde computerprogramma's worden samengesteld om een lange genetische streng van een virus te vormen. Deze poging is nooit gedaan of nooit gepubliceerd. Deze verplichte poging tot controleren, die logischerwijs noodzakelijk zijn, om een testprocedure te valideren, dat wil zeggen, te testen, of ze geldig is en daarmee zeggingskracht heeft, werden tot vandaag de dag niet doorgevoerd en ook niet genoemd. Op het moment dat dit experiment wordt doorgevoerd en gepubliceerd, is de Corona-crisis ogenblikkelijk voorbij.

Het andere uit wetenschappelijk oogpunt dwingende controle-experiment, dat voortvloeit uit wetenschappelijke logica, is het intensieve testen van de ontwikkelde PCR-methode (real-time RT-PCR), inclusief klinische monsters van mensen met andere ziekten dan die welke aan het virus worden toegeschreven en ook met monsters van gezonde mensen, dieren en planten, om te beoordelen of deze monsters niet ook „positief“ worden getest. Deze verdere controle-experimenten, die logisch en noodzakelijk zijn om een testprocedure te valideren, d.w.z. te controleren of het geldig en zinvol is, is tot op heden niet uitgevoerd en er is zelfs niet beweerd dat het is uitgevoerd. Om zich in te dekken hebben de bedenkers en producenten van deze testmethoden zich verzekerd van passende informatie op de bijsluiters, b.v. dat de test alleen voor onderzoekdoeleinden is bedoeld en niet geschikt is voor diagnostische doeleinden.

Ik kan echter met zekerheid zeggen dat mensen bij wie weefseltype van het plaveiselepitheel genomen wordt, b.v. nierpatiënten, alle 100% „positief“ getest zullen worden met de PCR methode zoals die is ontwikkeld door Prof. Drosten. Naarmate het volume van het uitstrijkje groter wordt en meer geconcentreerd is zal dat des te sneller gaan. Het is zelfs zéér waarschijnlijk dat in feite alle organismen positief kunnen worden getest.

**Ik roep biochemici, bio-informatici, virologen en celcultuurspecialisten op om deze controletests uit te voeren, te publiceren en mij hierover te informeren. Ik heb een controle-experiment samengesteld, waarbij het excuus dat het gebruikte monstermateriaal voor of tijdens het controle-experiment besmet is geraakt met het SARS-Cov-2-virus van meet af aan uitgesloten is.**

De kosten voor het uitvoeren van de controle-experimenten worden gedekt, wanneer ik en neutrale waarnemers aanwezig mogen zijn wanneer de controle-experimenten worden uitgevoerd en elke stap mag worden gedocumenteerd. Neemt alstublieft contact op met onze uitgever om contact met ons op te nemen. De resultaten zullen onmiddellijk een einde maken aan de corona-crisis. Het heeft geen zin als ik de enige ben die de resultaten van de controletests presenteert.

III. Op basis van welke aannames, experimenten en testexperimenten beweert Prof. Drosten dat hij met zijn testprocedure, waarbij hij slechts gedeeltes van 2 (twee) van de 10 (tien) genen uit het genoom van het coronavirus aantoonde, een actief en ziekteverwekkend virus in zijn geheel heeft aangetoond en niet slechts fragmenten van een virus, na een veronderstelde succesvolle strijd van het immuunsysteem, of de aanwezigheid van „defecte“ of „onvolledige“ of „onschadelijke“ virussen in ons genetisch materiaal, die typisch zijn en voor 50% deel uitmaken van de genetische massa van onze chromosomen?

Prof. Drosten heeft helemaal niet nagedacht over deze logische vragen, omdat ze nergens te vinden zijn in zijn publicaties en bewerkingen. De detectie van slechts korte gensequenties van een lange streng genetisch materiaal van een virus kan nooit de aanwezigheid van een intact en dus reproduceerbaar virus bewijzen. Om een dergelijke PCR-test geldig te kunnen verklaren, zouden eerst studies moeten worden uitgevoerd, waarvan de resultaten aantonen dat de detectie van korte gensequenties automatisch ook de aanwezigheid van een hele en intacte genetische streng van een virus detecteert. Tot dusver zijn dergelijke logisch overtuigende onderzoeken niet uitgevoerd of vermeld.

Aan het begin van de corona-crisis beschreef de leidende viroloog op het gebied van de cel-eigen, als endogeen betitelde onschadelijke, onvolledige of defecte virussen, Prof. Karin Mölling de genomen maatregelen als ongerechtvaardigd. Ze heeft in haar publicaties en in een boek<sup>47</sup> aangetoond dat de helft van het menselijk genetisch materiaal, d.w.z. de helft van de sequenties waaruit onze chromosomen bestaan, bestaat uit inactieve en defecte gensequenties van virussen. Wat ze niet weet of niet vermeldt, is dat de stofwisseling voortdurend een grote hoeveelheid RNA-gensequenties van uiteenlopende samenstelling produceert, die niet in de vorm van DNA-sequenties in de chromosomen voorkomen. Dit feit brengt het bestaan van de claims van alle RNA-virussen, zoals Corona-virussen, Ebola-virus, HIV, mazelenvirus en het betreffende SARS-virus in twijfel. Dit feit is ook de reden waarom controle-experimenten ►



niet alleen onmiddellijk een einde maken aan de corona-crisis, maar ook aan de angst en foutieve behandeling door de gehele virologie van alle vermeende ziektevirussen. Ik kan u verzekeren dat de werkelijke oorzaken en verschijnselen van de infecties, die aan virussen worden toegeschreven, in de „positieve“ zin van het woord „wetenschappelijk“ bewezen zijn. Ik verwijs hiervoor naar het vorige artikel „Misverstand rond virussen“ in het tijdschrift *WissenschaftPlus* nr. 1/2020, dat ook als pdf-bestand kan worden aangeschaft. En natuurlijk over de vele eerdere artikelen over deze kwestie.



Het vervolg „Misvatting Virus III“ volgt.

## Bronnen

<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. Veröfentlicht am 24.1.2020.

<sup>2</sup> De verantwoording door een viroloog. Is Christian Drosten dader of slachtoffer? Gepubliceerd in het blog van vredesactivist Peter Frey, *peds-ansichten.de* op 26.5.2020.

<sup>3</sup> SARS, Wikipedia. [https://de.wikipedia.org/wiki/Schweres\\_akutes\\_Atemwegssyndrom](https://de.wikipedia.org/wiki/Schweres_akutes_Atemwegssyndrom) (Eintrag vom 29.5.2020);

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

<sup>5</sup> 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;

<sup>6</sup> Zie bron 1 en: 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>. Veröfentlicht am 3.2.2020.;

<sup>7</sup> Pathological findings of COVID-19 associated with acute respiratory distress syndrome. *Lancet Respir Med* 2020; 8: 420-22. Published Online February 17, 2020. [https://doi.org/10.1016/S2213-2600\(20\)30076-X](https://doi.org/10.1016/S2213-2600(20)30076-X);

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

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

<sup>10</sup> Diagnostika: Erster Test für neuartiges Coronavirus entwickelt. *Medica Magazin* vom 21.1.2020. <https://www.medica.de/de/News/Archiv/Diagnostika>;

<sup>11</sup> Zie 6;

<sup>12</sup> 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>;

<sup>13</sup> Zie 9;

<sup>14</sup> §2 Grundsätze Guter Wissenschaftlicher Praxis: (1) u.a. „alle Ergebnisse konsequent selbst anzuzweifeln“ und „die anerkannten Grundsätze wissenschaftlicher Arbeit in den einzelnen Disziplinen einzuhalten.“ In: Neufassung der Satzung der Charité – Universitätsmedizin Berlin zur Sicherung Guter Wissenschaftlicher Praxis vom 20.06.2012 (AMB Charité Nr. 092, S. 658) Zu finden unter: [https://www.charite.de/fileadmin/user\\_upload/portal/charite/presse/publikationen/amtl-mitteilungsblatt/2016/AMB\\_208.pdf](https://www.charite.de/fileadmin/user_upload/portal/charite/presse/publikationen/amtl-mitteilungsblatt/2016/AMB_208.pdf);

<sup>15</sup> Op welke manier met bewijzen in de publiciteit omgegaan wordt, dat ook vruchten positief op „SARS-Cov-2“ kunnen worden getest, vindt u bijvoorbeeld hier: <https://www.zdf.de/nachrichten/panorama/coronavirus-papaya-ziege-tansania-test-100.html>

<sup>16</sup> Zie 9;

<sup>17</sup> Zie het boek van Karin Mölling met de interessante Titel „Viruses: More Friends Than Foes“, 420 bladzijden, die in 2016 in het Duits verschenen is.