

15 Millionen Sequenzen

Kein Beweis

Millarden für ein Virus ohne Herkunft - Fortsetzung unseres Artikels zum Labor Spiez

In unserem Artikel [„Labor Spiez: Milliarden für ein Virus ohne Herkunft?“](#) haben wir bereits aufgezeigt, wie viel Geld in der Schweiz in Hochsicherheitslabors und BioHub-Strukturen fliesst, ohne dass grundlegende wissenschaftliche Fragen geklärt sind. Diese kleine Analyse führt diesen Gedanken nun weiter und widmet sich einem häufig gehörten Gegenargument: **dem angeblich millionenfachen Nachweis und der millionenfachen Isolation von SARS-CoV-2.**

Anmerkung: Wir sind keine Epidemiologen und wollen uns auch nicht als solche aufspielen, aber wenn selbst aufmerksame „Laien“ hier keinen klaren Beweis erkennen, müssen wir das benennen. Wir lassen solche Widersprüche nicht einfach stehen und teilen unser bescheidenes Wissen, damit jeder selbst urteilen kann.

Denn immer wieder hören wir das gleiche Argument, wenn wir fundamentale Fragen zu SARS-CoV-2 stellen: Man erklärt uns, das Virus sei *„millionenfach isoliert und sequenziert worden“*, weltweit, in allen erdenklichen Laboren, von zahllosen Wissenschaftlern. Allein in internationalen Datenbanken wie [GISAID](#) finden sich über 15 Millionen SARS-CoV-2-Sequenzen.

Auf den ersten Blick klingt das beeindruckend. Doch wer genauer hinsieht, merkt schnell:

Es wurde nicht millionenfach das Virus isoliert, sondern millionenfach auf Basis von RNA-Fragmenten und bioinformatischen Verfahren ein Genom konstruiert.

Die Praxis:

Gap-Filling und Referenz-Abgleich, statt echte Isolation

Was heisst das konkret? Egal ob Illumina, Oxford Nanopore oder die weltweit etablierten ARTIC-Protokolle von Nick Loman – das Vorgehen ist stets das gleiche ([bitte im Dossier der „Vereinigung Bürger fragen nach“ nachlesen](#)):

- Es wird RNA aus Patientenabstrichen oder aus Zellkultur-Suppen extrahiert. Diese Proben enthalten zahllose Bruchstücke genetischen Materials: von Viren, Bakterien, Pilzen, dem Patienten selbst.
- Mit spezifischen Primern werden kleine Teilstücke vervielfältigt (PCR-Amplifikation).
- Diese Teilstücke werden dann in kurzen Fragmenten sequenziert.
- Anschliessend wird das Puzzle algorithmisch zu einem „Virusgenom“ zusammengesetzt, oft unter Verwendung von GAP-Filling, also dem rechnerischen Ergänzen fehlender Sequenzen auf Basis bereits vorhandener Referenzdaten.

Das Ergebnis ist eine in Silico-Rekonstruktion. **Kein direkter, experimenteller Nachweis eines intakten, vollständigen Virus** in Reinkultur aus einem Patienten. Keine klar dokumentierte physikalische Existenz des Virus, isoliert aus einem Patienten ohne vorherige Zellkultur-Vermehrung.

Die entscheidende Frage

Kann irgendjemand nur eine einzige Studie nennen, in der SARS-CoV-2 vollständig und direkt aus einem Patientenisolat sequenziert wurde, ohne rechnerisches Lückenschliessen, ohne Abgleich mit einem Referenzgenom und ohne vorherige Anzucht in Zellkulturen?

Die *Vereinigung Bürger fragen nach* hat genau danach wieder und wieder gefragt. Sie haben führende Netzwerke kontaktiert, unter anderem auch Nick Loman, den Mitentwickler der ARTIC-Protokolle und Peer-Reviewer der zentralen Zhou et al.-Studie, auf die sich der gesamte frühe Corona-Narrativ stützte. Eine Antwort blieb bis heute aus.

Was wurde also wirklich millionenfach gemacht?

Sequenzieren ohne vorherige vollständige Isolation ist, als würde man ein Puzzle zusammensetzen, ohne zu wissen, ob die Teile überhaupt vom selben Bild stammen, oder ob es das Bild überhaupt gibt.

- Es wurde RNA aus diversen Proben extrahiert, oft vermischt mit unzähligen anderen Nukleinsäuren.
- Diese RNA wurde partiell vervielfältigt und in kleinen Fragmenten ausgelesen.
- Die Fragmente wurden algorithmisch zusammengesetzt und dort, wo Sequenzen fehlten, mit bekannten Mustern ergänzt.

Das ist kein Beweis für ein vollständig isoliertes Virus. Es ist eine hypothetische Rekonstruktion, die immer nur so gut ist wie die verwendeten Referenzdaten und die sich selbst bestätigt, weil sie wieder auf die gleichen Referenzen zurückgreift.

Die tiefere Problematik

Damit wird klar: Wer sagt, SARS-CoV-2 sei „millionenfach sequenziert und isoliert“ worden, verwischt einen fundamentalen Unterschied. Er verwechselt bioinformatische Genom-Rekonstruktionen mit einer experimentell nachgewiesenen Existenz des Virus als unabhängige, klar definierte Entität.

Wir haben weltweit Milliarden in Programme, Biosecurity-Strukturen, WHO-BioHubs und Pandemieverträge investiert, deren wissenschaftliche Grundlage bis heute nicht durch den goldenen Standard einer tatsächlichen Virusisolation untermauert ist.

Warum das keine Haarspalterei ist

Das ist keine Spitzfindigkeit. Es ist der entscheidende Unterschied zwischen:

- einem tatsächlich isolierten, physikalisch nachgewiesenen Virus
- und einer **digitalen Rekonstruktion** aus Bruchstücken, die sich nur im Rechner zusammensetzen lässt.

Ohne solide Isolate keine validierte Genomsequenz. Ohne validierte Genomsequenz keine Grundlage für spezifische Tests. Ohne spezifische Tests keine saubere Epidemiologie. Und ohne das alles keine seriöse Rechtfertigung für Notstandsregimes, Milliardenbudgets und Grundrechtseinschränkungen. Oder?

Wir hören nicht auf

Wir werden daher nicht aufhören, diese Fragen immer wieder zu stellen. Solange bis transparent auf den Tisch gelegt wird, was tatsächlich sequenziert wurde und was eben nicht. **Damit jeder Bürger selbst entscheiden kann, ob er bereit ist, für ein hypothetisches Virus ein globales Kontroll- und Impfregime zu akzeptieren.**

Und für alle, die jetzt meinen, hier die grosse Virus-Existenz-Debatte lostreten zu müssen: Genau damit lenkt man wunderbar vom Kern ab und liefert der milliardenschweren Biosecurity-Industrie das perfekte Narrativ von den „extremen Virenleugnern“, gegen die man noch mehr Programme und Gesetze aufbauen müsse. Ob man an Viren glaubt oder nicht, ist hier völlig nebensächlich. Entscheidend ist: Wer diese Geschichte erzählt, muss sie wissenschaftlich wasserdicht belegen können. Und genau das tun sie bis heute nicht. **Wer das nicht erkennt, spielt deren Spiel, und zwar auf einem Nebenkriegsschauplatz, den er selbst eingerichtet hat.**