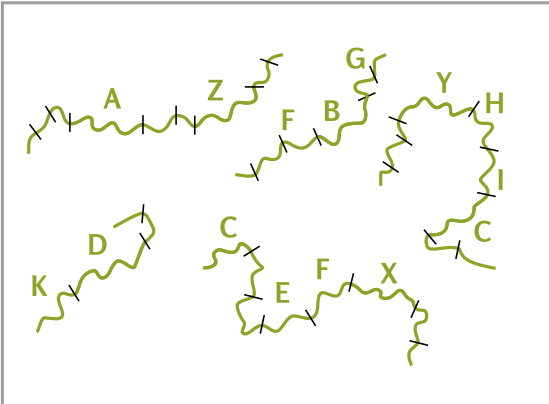
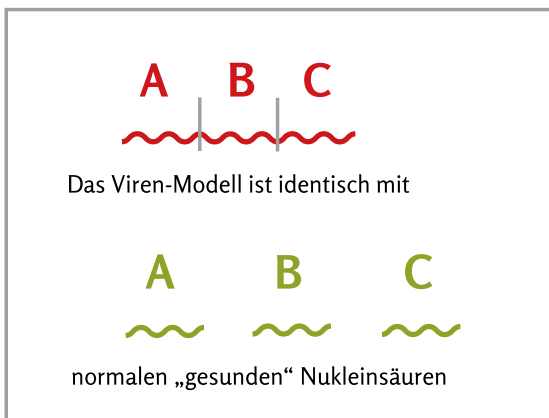


Grafik 3:

Alle Bestandteile der „Viren“-Modelle sind Bestandteile von normalen Zellen

**Bestimmung der Zusammensetzung
der Nukleinsäure von Mensch und Tier**


Das Ergebnis:
Die Sequenzdaten der Nukleinsäuren
gesunder Menschen und Tiere

**Vergleich der Sequenzen der Nukleinsäuren gesunder
Menschen und Tiere mit den „Viren“-Modellen**


Diese Ergebnisse widerlegen die Existenzbehauptung des Masern-Virus und die aller „krankmachenden Viren“.

Alle „krankmachenden Viren“ wurden auf die gleiche Art und Weise wie das Masern-Virus konstruiert.

In der nächsten Ausgabe von WISSENSCHAFTPLUS stellen wir Ihnen vor, wie Sie das für jedes beliebige „krankmachende Virus“ selbst überprüfen können.

Nachfolgend finden Sie das Sequenzgutachten „Stellungnahme zur Nukleinsäuresequenz des „Masernvirus“ eines unabhängigen Labors in Deutschland, welches vom weltweit größten und führenden Genetik-Labor bestätigt wurde.

STELLUNGNAHME

zur Nukleinsäuresequenz des „Masernvirus“

(eingereicht im Masern-Virus-Prozess am 10.02.2016)

Die Ergebnisse der nachfolgend aufgeführten Untersuchungen widerlegen alle Existenz-Behauptungen zum behaupteten Masern-Virus. Die Vergleiche der sog. genetischen Sequenz des angenommenen Masern-Virus mit den ganz normalen Sequenzen der Zellen haben eindeutig ergeben, dass die sog. Erbsubstanz des behaupteten Masern-Virus in Wirklichkeit aneinander gereihete, typische Stückchen an Molekülen sind, wie sie in allen Zellen vorkommen.

Weil ein „Masern-Virus“ niemals in einem Menschen oder Tier gefunden, isoliert und biochemisch charakterisiert wurde, werden immer nur Zellen benützt, um das „Masern-Virus“ angeblich zu vermehren. Mit diesen Untersuchungen ist bewiesen, dass es keinen Masern-Virus gibt und zelleigene Moleküle als Bestandteil des vermuteten Virus fehlgedeutet wurden und leider immer noch fehlgedeutet werden.

AUSGANGSPUNKT

Ausgangspunkt war ein Preisausschreiben, mit dem im Jahr 2011 zur Suche nach einer wissenschaftlichen Publikation aufgerufen wurde, in der die Existenz eines Masern-Virus behauptet und bewiesen und darin u.a. auch der Durchmesser des behaupteten Masern-Virus bestimmt worden ist.

In der Auslobung heißt es:

„Das Preisgeld wird ausgezahlt, wenn eine wissenschaftliche Publikation vorgelegt wird, in der die Existenz des Masern-Virus nicht nur behauptet, sondern auch bewiesen und darin u.a. dessen Durchmesser bestimmt ist.“

Das Preisgeld wird nicht ausgezahlt, wenn es sich bei der Bestimmung des Durchmessers des Masern-Virus nur um Modelle oder Zeichnungen wie dieses handelt...“ (es folgt eine Handskizze.)

ZWECK DER STELLUNGNAHME

Rechtsstreit Dr. Bardens / Dr. Lanka: Berufung gegen das Urteil des LG Ravensburg vom 12. März 2015, 4 O 346/13

FRAGESTELLUNG

Ausgangspunkt der Fragestellung ist die nachfolgend aufgeführte Publikation, in der die komplette Genomsequenz des im Frühjahr 2013 epidemischen Masern-Wildtyp-Stamms analysiert wurde.

Sparrer KMJ, Krebs S, Jäger G, Santibanez S, Mankertz A, Blum H, Conzelmann K-K. 2014. Complete genome sequence of a wild-type measles virus isolated during the 1.sprng 2013 epidemic in Germany. *Genome Announc.* 2(2):e00157-14. doi:10.1128/genomeA.00157-14.

Es drängt sich folgende zentrale Frage auf: ▶

Ist die für das Masern-Virus veröffentlichte Nukleinsäuresequenz ein eindeutiger, nicht anzuzweifeln-der Beweis für die Existenz des Masernvirus?

Die Frage ist mit einem „NEIN“ zu beantworten.

HINTERGRUND

Die analytischen Verfahren und Vorgehensweisen, die von den Autoren verwendet wurden, sind in der genannten Publikation beschrieben und lassen sich folgender zusammenfassen:

- Vero-hSLAM Zellen (Zelllinie) wurden mit dem klinischen Material (Rachenabstrich) in Berührung gebracht. Es wurde angenommen, dass das klinische Material „Masern-Viren“ enthält.

- Die Inkubation des klinischen Materials mit den Vero-hSLAM Zellen dauerte in der Regel 48h bei 37°C unter Zellkulturstandardbedingungen. Nach dieser Inkubationsdauer zeigten die Zellen phänotypische Veränderungen (Synzytienbildung; Zellverschmelzungen), als Anzeichen des nachfolgenden Absterbens der Zellen.

- Es wurde die gesamte RNA isoliert, d.h. 1., die zelluläre RNA der lebenden und absterbenden Zellen im Reagenzglas;

2., die RNA des Rindes und der Mikroben, die sich im verwendeten fötalem Rinderkälberserum befindet;

3., die RNA des vermuteten „Masernvirus“ und 4., jede weitere menschliche und mikrobielle RNA, die sich im Patientenmaterial (Rachenabstrich) befand. Diese Gesamt-RNA wurde weiter verwendet.

- Es wurde kein Masern-Virus isoliert und daraus seine RNA gewonnen, die die Erbsubstanz des Masern-Virus darstellen soll. Erkennbar wurden keine Sequenzen verwendet, die aus einem Virus stammen. Es wurden Sequenzen verwendet, die erkennbar aus anderen Quellen als von einem Virus stammen.

- Aus diesem Gemisch aller vorhandenen RNA wurde mittels des Encore Complete RNA-Seq Library System eine sogenannte Strang-spezifische Sequenz-Bibliothek hergestellt. Diese „Bibliothek“ enthält mit Ausnahme von rRNA alle RNA Sequenzen in Form von cDNA, die nach 48h Inkubationsdauer in den Vero-hSLAM Zellen und den Flüssigkeiten vorhanden waren und die hinzugegeben wurden.

- Die generierte cDNA Bibliothek und nicht etwa eine cDNA, die auf Basis einer aus einem Masern-Virus isolierten RNA hergestellt wurde, wurde auf einem Illumina MiSeq-Instrument sequenziert.

- Um die Sequenz des „Masernvirus“ mittels der Illumina Sequenzierung zu erhalten, wurden drei verschiedene Methoden kombiniert. Zusammengefasst wurde folgendermaßen vorgegangen:

- o Als Vorlage (Matrize) für eine gedankliche Konstruktion des Genoms (Erbsubstanz) des Masern-Virus aus den künstlich hergestellten Stückchen an cDNA, wurde die Gensequenz des Impfstammes „Schwarz“ (GenBank accession number AF266291.1) und eines ähnlichen Masernvirus ((MVi/Texas. USA/4.07, genotype D8; GenBank accession number JN635407.1). verwendet.

- o Es wurden nur diejenigen Sequenzen der hergestellten cDNA Bibliothek verwendet, die zu den beiden vorgegebenen Matrizen passten. Entsprechend dieser Vorlagen wurde gedanklich eine lange Abfolge an RNA-Sequenz konstruiert, die als solche in den Zellen und Flüssigkeiten zuvor nicht enthalten war. Diese solcherart konstruierte Sequenz wird als Genom des Masern-Virus ausgegeben. Alle anderen vorhandenen Sequenzen, die nicht zu den Vorlagen passten wurden bei der Konstruktion des Genoms des Masern-Virus nicht verwendet.

- o Auch die beiden zur Konstruktion des Masern-Virus verwendeten Matrizen wurden auf diese Art und Weise konstruiert. Letztendlich wurde das „Ur-Genom“ des Masern-Virus ebenso auf dieser Grundlage konstruiert, mit dem Unterschied, dass hierfür das Genom eines „ähnlichen“ Virus als Vorlage diente.

Die unvollständige Konstruktion des Ur-Genoms des Masern-Virus anhand eines ähnlichen Virus, wurde in der Publikation Nr. 5 des Verfahrens (Horikami & Moyer 1995) beschrieben.

Durch das in der Publikation beschriebene Vorgehen wurden also nur die zur Matrize passenden Sequenzabschnitte verwendet und auch aus dem eigentlichen Sequenz-Zusammenhang gerissen. Durch diese Technik werden Sequenzabschnitte verwendet, die nur um die 20 Basenpaare groß sind.

BEWEISFÜHRUNG

Die in der besagten Publikation erhaltene Masernvirussequenz wurde nicht durch direkte Sequenzierung erhalten. Vielmehr wurde die Sequenz dadurch erhalten, weil nur diejenigen Sequenzen der generierten Bibliothek verwendet wurden, die zu den beiden Matrizen passten. Durch diese Vorgehensweise werden auch sehr kurze Sequenzeinheiten verwendet.

Im Folgenden wurde entsprechend der Vorgehensweise in der oben genannten Publikation der umgekehrte Weg begangen:

Humane Sequenzen sowie Sequenzen vom Affen (monkey), vom Rind (bovine) und von Mykoplasmen (mycoplasma) wurden als Matrize für die Sequenzbibliothek beider „Masernvirusstämme“ (Impfstammes „Schwarz“; MVi/Texas.USA/4.07, genotype D8) verwendet.

Die Auswahl der Matrizen erklärt sich folgendermaßen:

- 1) Mykoplasmen sind seit je her klassische Kontaminanten von Zellkulturen.
- 2) Die meisten Zellkulturen benötigen Rinderserum oder fötales Rinderserum zum Wachstum.
- 3) Bei den zur Anzucht des „Masernvirus“ verwendeten Verozellen handelt es sich um eine etablierte Zelllinie, die aus normalen Nierenzellen von Grünen Meerkatzen (African Green Monkey) stammt.
- 4) Bei der Anzüchtung des „Masernvirus“ aus huma-

Virusstamm	Matrize	Übereinstimmung in %
AF266291	Homo	34,1324
	Monkey	99,7798
	bovine	98,6158
JN635407	Mycoplasma	24,5187
	Homo	34,988
	Monkey	99,698
	bovine	98,5277
	Mycoplasma	23,4806

Tabelle 1: Übereinstimmung zwischen Sequenzen der beiden Virusstämme AF266291 und JN635407 mit Sequenzen von Homo/monkey/bovine/mycoplasma

nem Material sind humane Zellen im Probenmaterial.

In Anlehnung zur oben genannten Publikation wurden zum Sequenzvergleich ebenfalls Sequenzen von > 20 Basenpaare zugelassen.

Das Ergebnis ist in Tabelle 1 aufgeführt. Es ist deutlich zu erkennen, dass die Sequenzen beider „Masernviren“ zu einem hohen Prozentsatz (etwa 99%) zu den Affen (Monkey-) Sequenzen identisch sind. Die Übereinstimmung zu humanen und bovinen Sequenzen beträgt um die 98% bzw. 34%. Eine detaillierte Analyse ist vom weltweit führenden Genetik-Institut durchgeführt worden. Diese Ergebnisse konnten bestätigt werden und sind auf Anfrage erhältlich.

ZUSAMMENFASSUNG

Diese Stellungnahme zeigt auf, dass

- die für das Masern-Virus veröffentlichte Nukleinsäuresequenz kein eindeutiger, nicht anzuzweifeln-der Beweis für die Existenz des Masernvirus ist.

10. Februar 2016