

Von: [xy.ch](mailto:xy.ch) <[xy.ch](mailto:xy.ch)>

Gesendet: Donnerstag, 10. September 2020 18:26

An: '[volker.thiel@vetsuisse.unibe.ch](mailto:volker.thiel@vetsuisse.unibe.ch)' <[volker.thiel@vetsuisse.unibe.ch](mailto:volker.thiel@vetsuisse.unibe.ch)>

Betreff: Anfrage CV Publikation

Guten Tag Herr Prof. Thiel,

Herr Prof. Marcel Tanner hat in einem persönlichen Gespräch im Bezug auf Isolate des Sars-Cov2 Virus sowie entsprechende Infektions-Experimente auf Sie verwiesen.

Bei allen bisherigen Anfragen an die Autoren bisher publizierter Arbeiten, bei denen eine Isolation behauptet wurde, musste schriftlich eingeräumt werden, dass es sich NICHT um eine reinkulturelle Isolation des Corona-Virus handelt. Prof. Tanner hat in diesem Zusammenhang auf Ihre Arbeiten verwiesen und festgestellt, dass Sie über solche Daten verfügen.

Bitte erlauben Sie uns, folgende Fragen zu stellen um deren Beantwortung wir freundlich bitten:

1. Was verstehen Sie bei SARS-CoV-2 unter einem Isolat?
2. Haben Sie hierzu publiziert und falls nein, auf welche Publikationen beziehen Sie sich?
3. Wo in der oder den entscheidenden Publikationen ist beschrieben, dass eine virale Struktur oder Moleküle, die dem Virus zugeschrieben werden im Sinne des Wortes "Isolation" isoliert wurden?
4. Wo sind die Kontrollexperimente dokumentiert, die beweisen, dass die Nukleinsäuren, die für die Ausrichtung/Alignment des Genoms des Virus verwendet wurden, tatsächlich viraler Natur sind und nicht gewebeeigen?

Für den Fall, dass die in Frage 4 genannten Kontrollexperimente noch nicht durchgeführt wurden, erlauben Sie uns bitte folgende weitere Frage:

5. Würden Sie, wenn ein solches Kontrollexperiment auf unsere Kosten durchgeführt werden würde (Isolation von RNA aus uninfizierten Zellkulturen, Sequenzierung und Alignment zum SARS-CoV-2-Genom), diese Daten mit uns zusammen publizieren?

Wir danken recht herzlich für Ihre Antworten und stehen bei Rückfragen jederzeit gerne zur Verfügung.

Mit freundlichen Grüßen,  
*With best regards,*

XY

---

**XY.ch**

Mo., 14. Sept.  
2020, 09:50

an marcel.tanner;

Guten Morgen Herr Prof. Tanner,

vielen Dank für Ihr Follow Up. Untenstehende Email hatten wir bereits letzte Woche an Prof. Thiel verfasst. Wir halten Sie über alle weiteren Ergebnisse auf dem Laufenden!

Besten Dank und einen erfolgreichen Start in die Woche!

Mit freundlichen Grüßen,

*With best regards,*

XY

---

**Von:** Schweizer Matthias <[matthias.schweizer@vetsuisse.unibe.ch](mailto:matthias.schweizer@vetsuisse.unibe.ch)>

**Gesendet:** Mittwoch, 16. September 2020 13:51

**An:** [xy.ch](mailto:xy.ch)

**Cc:** [volker.thiel@vetsuisse.unibe.ch](mailto:volker.thiel@vetsuisse.unibe.ch); [marcel.tanner@swisstph.ch](mailto:marcel.tanner@swisstph.ch)

**Betreff:** Re: AW: Anfrage CV Publikation

Guten Tag Herr Xy

Da das E-Mail-Konto von Prof. Thiel nach seiner Rückkehr wohl mehr als voll sein wird, erlaube ich mir, Ihnen an seiner Stelle eine kurze Antwort zukommen zu lassen.

Die Frage betreffend "Isolat" oder "Isolierung" wird regelmässig aus Corona-kritischen Kreisen aufgebracht. Der virologische Fachausdruck "Virus Isolation" muss deutlich vom "normalen" Sprachgebrauch des Wortes *Isolation* unterschieden werden. Ich füge Ihnen hier einige Links an, in denen der Ausdruck, wie er in der Virologie verwendet wird, mehr oder weniger detailliert erläutert wird

- 1) <https://de.wikipedia.org/wiki/Virusisolierung>
- 2) [https://www.labor-spiez.ch/pdf/de/dok/pos/88\\_021\\_Plakate\\_Virusisolation\\_d.pdf](https://www.labor-spiez.ch/pdf/de/dok/pos/88_021_Plakate_Virusisolation_d.pdf)
- 3) Punkt 2 in [https://www.virology.uzh.ch/de/services/virnachw.html#2. Virus-Isolierung auf Zellkulturen mit anschliessender Identifikation](https://www.virology.uzh.ch/de/services/virnachw.html#2. Virus-Isolierung_auf_Zellkulturen_mit_anschliessender_Identifikation)

Eine vollständige Aufreinigung der Viren, also die Trennung von allen anderen Substanzen, wird nicht routinemässig durchgeführt, da Viren dabei beschädigt werden können, und die aufwendige Methode meistens keinen neuen Erkenntnisgewinn bringt. Das Virus wurde jedoch mit verschiedensten Methoden (vergleiche u.a. Infos in Link 2 und 3) in Patienten-Material und eben in Zellkultur nach Virus-Isolation eindeutig nachgewiesen. Die Argument, dass ein Virus, das nicht "rein gereinigt" wurde, nicht existiere, ist einfach Nonsense. Zudem konnte man auch schon genomische RNA von SARS-CoV-2 gentechnologisch rein herstellen. Wenn diese RNA in Zellen gebracht wird, beginnt das Virus zu replizieren und es

entstehen SARS-CoV-2 Viruspartikel, die in nichts zu unterscheiden sind im Vergleich zu den Viren aus den Patienten. Viel reiner geht es nicht.

Zum letzten Punkt: Bereits seit vielen Jahren haben sich die Techniken zur Sequenzierung von RNA und DNA massiv verbessert (Stichwort *Next Generation Sequencing*). Seit im Jahre 2003 das erste menschliche Genom im Rahmen des *Human Genome Project* vollständig sequenziert wurde, sind in der Zwischenzeit Dutzende / Hunderte ... weitere vollständige Genome von Mensch und Tier sequenziert worden, und zwar auf Ebene der DNA (das eigentliche Genom) wie auch RNA (Transkriptom; <https://flexikon.doccheck.com/de/Transkriptom>). Dabei wurden noch nie Sequenzen gefunden, die mit Coronaviren verwandt sein könnten. Das wurde somit schon zig-fach gemacht, auch wenn natürlich nur beschrieben wurde, was man gefunden hat (es listet ja niemand auf, was man alles nicht gefunden hat .....).

Freundliche Grüsse  
M. Schweizer

---

**xy.ch**

16.09.2020, 20:07

an Schweizer; volker.thiel; marcel.tanner,

Guten Abend Herr Schweizer,

vielen lieben dank für Ihre Email, in der Sie uns Ihre Prinzipien darlegen.

Leider wurde keiner unserer Fragen beantwortet. Wir wissen Ihre Formulierungen zu schätzen, sind jedoch mit den gängigen Verfahren vertraut, weshalb wir bitten, Publikationen zu nennen, in denen die Isolate und vor allem die Kontroll-Experimente entsprechend dokumentiert und aufgeführt sind.

Als Beispiel:

Ihre Antwort auf Frage 2 weist auf ein Arbeitsblatt hin, welches Verfahren für Laien erklärt. Wir baten an dieser Stelle um wissenschaftliche Publikationen, auf welche sie sich beziehen. Wir sind mit den Methoden durchaus vertraut.

Ich bedanke mich nochmals für Ihre Hilfe in dieser Angelegenheit.

Mit freundlichen Grüßen,  
*With best regards,*  
xy

---

**Von:** Schweizer Matthias <[matthias.schweizer@vetsuisse.unibe.ch](mailto:matthias.schweizer@vetsuisse.unibe.ch)>

**Gesendet:** Donnerstag, 17. September 2020 15:22

**An:** [Xy](#)

**Cc:** [volker.thiel@vetsuisse.unibe.ch](mailto:volker.thiel@vetsuisse.unibe.ch); [marcel.tanner@swisstph.ch](mailto:marcel.tanner@swisstph.ch)

**Betreff:** Re: AW: AW: Anfrage CV Publikation

Guten Tag Herr Xy

Sie machen es sich nun sehr einfach, kurz zu behaupten, die Fragen seien nicht beantwortet worden, ohne jedwelche Argumente darzulegen. Meine Ausführungen betreffend "Isolat" sollten v.a. aufzeigen, dass dies oft mit dem Ausdruck aus dem normalen Sprachgebrauch verwechselt wird. Betreffend Ihrer ersten drei Fragen kann ich als Beispiel eine Arbeit aus Deutschland angeben (<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32235945/>), in der das Virus aus Patientenmaterial *isoliert* und genetisch analysiert wurde. Eine andere Arbeit aus China zeigt zudem, dass Seren von konvaleszenten, aber nicht von Kontrollpersonen, Antikörper gegen das Virus aufweisen (<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32413330/>). Es gibt noch eine Vielzahl ähnlicher Studien, aber mir fehlt die Zeit, diese herauszusuchen. Aber da sie anscheinend die Prozesse kennen, dürfte es ihnen somit auch möglich sein, die entsprechende Literatur zu suchen (z. Bsp. via <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/>).

Frage 4/5 habe ich ebenfalls beantwortet, dass schon Hunderte Male das gesamte Genom und Transkriptom von Menschen, Tieren und deren Zellkulturen sequenziert wurde, und dabei noch nie Coronavirus-ähnliche Sequenzen gefunden wurden. Auch hier fehlt mir die Zeit, nach entsprechender Literatur zu suchen, auch da das Stichwort "Coronavirus" in diesen Arbeiten natürlich nicht vorkommt, da es ja nie gefunden wurde. Ich kann an dieser Stelle aber einen Übersichtsartikel von Broecker und Moelling angeben (<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31032941/>), in dem beschrieben wird, welche Teile von endogenen Viren im Genom von Säugetieren gefunden wurden, und da sind Coronaviren definitiv nicht dabei.

Das Thema ist somit für uns erledigt, und ich verbleibe mit freundlichen Grüßen  
M. Schweizer

---

<Xy.ch>

18.09.2020, 14:27

an volker.thiel; marcel.tanner; Schweizer;

Sehr geehrter Herr Prof. Thiel,

ich bitte Sie persönlich auf unsere Fragen einzugehen, da ihr Mitarbeiter Marin Schweizer hierfür nicht willens oder in der Lage zu sein scheint (bitte beachten Sie seine vorangegangene Email).

Wir haben Sie und nicht Herrn Schweizer im Auftrag von Herrn Prof. Tanner kontaktiert, mit der klaren Zielvorgabe, fünf konkrete Fragen, die aus einem stattgefundenen Gespräch mit Prof. Tanner resultieren, zu beantworten.

1. Was verstehen Sie bei SARS-CoV-2 unter einem Isolat?
2. Haben Sie hierzu publiziert und falls nein, auf welche Publikationen beziehen Sie sich?
3. Wo in der oder den entscheidenden Publikationen ist beschrieben, dass eine virale Struktur oder Moleküle, die dem Virus zugeschrieben werden im Sinne des Wortes

"Isolation" isoliert wurden?

4. Wo sind die Kontrollexperimente dokumentiert, die beweisen, dass die Nukleinsäuren, die für die Ausrichtung/Alignment des Genoms des Virus verwendet wurden, tatsächlich viraler Natur sind und nicht gewebeeigen?

5. Für den Fall, dass die in Frage 4 genannten Kontrollexperimente noch nicht durchgeführt wurden, erlauben Sie uns bitte folgende weitere Frage: Würden Sie, wenn ein solches Kontrollexperiment auf unsere Kosten durchgeführt werden würde (Isolation von RNA aus uninfizierten Zellkulturen, Sequenzierung und Alignment zum SARS-CoV-2-Genom), diese Daten mit uns zusammen publizieren?

Ihr Mitarbeiter Herr Schweizer behauptet in seinem zweiten Mail vom 17.9.2020, 15.22 Uhr, siehe unten, dass er die Fragen 1 bis 3 durch das Zitieren der Arbeit von Roman Wölfel et. al. vom 1.4.2020 (<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32235945/>) beantwortet hätte.

Dabei lautet die erste Frage, was Sie Herr Prof. Thiel und nicht ihr Mitarbeiter - der nicht mit SARS-CoV-2 arbeitet - bei SARS-CoV-2 unter einem Isolat verstehen.

Die zweite Frage lautet, ob Sie, Herr Prof. Thiel hierzu publiziert haben und falls ja oder nein, auf welche Publikationen Sie sich beziehen, in der der wissenschaftliche Beweis für die Existenz des SARS-CoV-2 enthalten ist.

Die dritte Frage ist ebenso konkret zu beantworten, denn zu der von Herrn Schweizer zitierten Arbeit von Roman Wölfel et. al. vom 1.4.2020 (<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32235945/>), mit der er meint die Fragen 1-3 beantwortet zu haben, hat Herr Schweizer vergessen, die Stellen zu benennen, in der das komplette Genom des Virus isoliert, dargestellt und sequenziert wurde.

Wir haben diese Publikation durchgearbeitet und kommen zu folgendem Schluss:

Obwohl im Abstract dieser Arbeit steht "Infectious virus was readily isolated from samples derived from the throat or lung", taucht im gesamten Text kein Beweis der Isolation eines Virus und die Darstellung seines Genoms auf.

Wenn  $7.11 \times 10^8$  hoch 8 Kopien des Virus in einem "throat swab" und  $2.35 \times 10^9$  hoch 9 Kopien pro ml Flüssigkeit vorhanden sein sollen, ist die direkte Darstellung des gesamten viralen Genoms in der Gelelektrophorese oder in der Nanopore-Sequenzierung oder mittels der Negative-Staining-Technik im Elektronenmikroskop, bei Verwendung von Längenmarkern, ein Leichtes wurde aber nicht getan.

Entscheidend ist in dieser Publikation, dass die Autoren dieser Publikation auf Seite 466, rechte Spalte, 5. Zeile von unten, zwar die Sequenzierung von ganzen Virus-Genomen von allen Patienten behaupten, diese Behauptung aber nicht belegen: Weder im Text, noch im Methoden-Teil noch im Supplement.

Ich bitte Sie, mir eine Publikation von Ihnen zu mailen oder die einer anderen Arbeitsgruppe zu benennen, in der die Isolation und Sequenzierung eines Genoms des SARS-CoV-2 beschrieben ist und nicht nur behauptet wird.

Zur Frage 4.:

In keiner der uns vorliegenden Publikationen, in denen das Alignment des SARS-CoV-2 beschrieben wird, tauchen die in der Wissenschaft zwingend vorgeschriebenen Kontrollexperimente auf, die beweisen, dass tatsächlich virale und nicht zelleigene, kurze Nukleotid-Sequenzen im Alignment gedanklich zu einem kompletten und langen viralen Genom aufaddiert werden.

Bitte nennen Sie eine Publikation von Ihnen oder anderen, in der diese ausschlaggebenden Kontrollexperimente dokumentiert sind.

Die Relevanz dieser Frage ergibt sich aus folgender Tatsache:

In der Publikation von Fan Wu et al, in Nature, Vol 579 vom 3.2.2020 (<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32015508/>), in der das Genom des SARS-CoV-2 zum ersten Mal vorgestellt und zum Vorlage aller weiteren Alignments wurde, wurde eindeutig die gesamte RNA aus einer Bronchiallavage (BALF) eines Patienten benutzt, ohne dass zuvor eine Isolation oder Anreicherung von viralen Strukturen oder Nukleinsäuren stattgefunden hat.

Diese RNA wurde in cDNA umgewandelt und Stückchen der Länge von 150 Nukleotiden sequenziert, um daraus das Genom von ca. 30.000 Nukleotid-Länge zu errechnen. Es wurden keine Kontrollexperimente durchgeführt, die beweisen müssen, dass aus RNA der BALF gesunder Menschen, aus Menschen die an anderen Krankheiten leiden, aus RNA aus Rückstellproben aus der Zeit als es noch kein SARS-CoV-2 gab und aus RNA von Zell-Kultur-Kontrollexperimenten, im Alignment eben nicht das gleiche "virale" Genom errechnet werden kann.

Der Verweis Ihres Mitarbeiters Herr Schweizer, dass die Frage 4. indirekt dadurch beantwortet wäre, dass das im Alignment errechnete Genom im menschlichen Genom nicht gefunden wird, ist zweifach nicht haltbar:

a. Wenn sehr kurze Nukleotidsequenzen bis zur Länge von 10 Nukleotiden benützt werden, um ein Genom von 29.803 Nukleotiden zu errechnen ist es selbstredend, dass die ca. 30.000 Nukleotide des viralen Genoms am Stück oder auch nur eines seiner jeweils 10 Gene mit der durchschnittlichen Länge von 3.000 Nukleotiden in der Wirklichkeit niemals gefunden werden können.

b. Der RNA-Stoffwechsel erzeugt aufgrund mehrerer bekannter Mechanismen sehr viel mehr Sequenzen, als in der chromosomalen DNA eines Menschen vorhanden sind. Diese bekannten Tatsachen unterdrückt Ihr Herr Schweizer. Diese Tatsachen erklären aber, dass aus kurzen RNA-Stückchen ein angeblich virales Genom errechnet werden kann, das es in Wirklichkeit nicht gibt.

Da diese Möglichkeit im Raum steht, wir bei SARS-Cov-2 bisher keinerlei Kontrollexperimente finden konnten, deswegen davon ausgehen, dass diese bisher nicht durchgeführt wurden und der Zweifel die erste und wichtigste Pflicht eines jeden Wissenschaftlers ist, ergibt sich die Relevanz der Frage 5. an Sie:

Würden Sie, wenn ein solches Kontrollexperiment auf unsere Kosten durchgeführt werden würde (Isolation von RNA aus uninfizierten Zellkulturen, Sequenzierung und Alignment zum SARS-CoV-2-Genom), diese Daten mit uns zusammen publizieren?

Vielen Dank für Ihre persönliche Antwort.

Mit freundlichen Grüßen,  
*With best regards,*

Xy

---

**volker.thiel@vetsuisse.unibe.ch**

21.09.2020, 19:28

an xy; marcel.tanner; ; matthias.schweizer

Sehr geehrter Herr XY,

ich bin offen gesagt etwas erstaunt über Ihre Anfrage und kann nur bestätigen was mein hoch geschätzter Kollege Herr Professor Schweizer geantwortet hat. Aus Ihren Fragen schliesse ich dass Sie die Existenz des SARS-CoV-2 in Frage stellen?

Die von Ihnen geforderten „Kontrollexperimente“ sind in vielen Publikationen beschrieben, sei es in Transkriptomstudien bei denen nicht-infizierte Kontrollproben mitanalysiert werden oder beim traditionellen PCR Nachweis bei dem es zahlreiche Negativkontrollen gibt.

Eine gute Zusammenfassung zum Thema hat der Kollege Marco Binder auf twitter gegeben (Sie finden dort auch Quellen die die Existenz des Virus belegen): <https://twitter.com/TheBinderLab/status/1306212942124380161>

Falls Sie der Meinung sind die SARS-CoV-2 Genomsequenz ist ein Artefakt und kodiert nicht für ein Virus, würden Sie dann ein Experiment bei dem das Genom (als RNA mit 30.000 Nukleotiden) künstlich hergestellt wird und daraus das SARS-CoV-2 entsteht als Beweis für die Existenz des Virus sehen?

Freundliche Grüsse,  
Volker Thiel

---

**Xy.ch**

23.09.2020, 10:34

an volker.thiel; marcel.tanner; matthias.schweizer;

Sehr geehrter Herr Prof. Thiel,

ich kann Ihr Erstaunen nachvollziehen, vor allem wenn eine solche Situation plötzlich aus dem Nichts auftaucht und das eigene Tun in Frage stellt.

Es ehrt Sie und beweist Ihre wissenschaftliche Ernsthaftigkeit, dass Sie dennoch antworten und mir die Beweisführung für die Existenz des SARS-CoV-2-Virus in Aussicht stellen.

Bitte respektieren Sie auch mein Erstaunen, als ich mit eigenen Augen gelesen habe, dass Prof. Christian Drosten von der Charité in Berlin in der Firma Tib Molbiol die Reagentien (Primer) für den SARS-CoV-2-Virus-PCR-Test synthetisieren lies, bevor noch die chinesischen Wissenschaftler um Fan Wu am 10.1.2020 ihre vorläufigen Sequenzvorschläge für das Virus online veröffentlichten.

Daraufhin habe ich mir [deren Publikation](#) angesehen und mit Entsetzen festgestellt, dass die chinesischen Virologen das Genom des später in SARS-CoV-2 umbenannten Virus nur rechnerisch, durch Aufaddieren von sehr kurzen Sequenzstücken erstellt haben. Das ganze Genom oder auch nur größere Stücke davon, haben sie nicht gefunden.

Mehr noch: Sie haben keinen Virus oder virale Strukturen und daraus die viralen Nukleinsäuren isoliert, sondern nur die gesamte RNA aus einer Lungenspülung.

Entscheidend: Die chinesischen Virologen haben keine Kontrollexperimente durchgeführt, um auszuschließen, dass auch mit menschlicher/mikrobieller RNA aus einer Lungenspülung eines gesunden Menschen, eines Menschen mit einer anderen Lungenerkrankung, eines Menschen, der SARS-CoV-2-negativ getestet wurde oder aus solcher RNA aus Rückstellproben aus der Zeit, als es noch kein SARS-CoV-2-Virus gab, die gleiche Aufaddierung eines Virus-Genoms aus kurzen Stückchen an RNA möglich ist.

Ihr Hinweis, dass es viele Transkriptionsstudien gibt, in denen keine SARS-CoV-2-Gene gefunden werden, kann die logisch zwingenden Kontrollversuche nicht ersetzen, denn wenn künstlich etwas aufaddiert wird, was in Wirklichkeit nicht gefunden werden kann, kann das natürlich auch nirgendwo sonst und in keiner Transkriptionsstudie gefunden werden.

Aus diesem Grund geht auch ihr Hinweis auf die Arbeiten, die Ihr Kollege Marco Binder auf Twitter gegeben hat, in die wissenschaftliche Leere.

Da es natürlich sein könnte, dass ich mich irre und ich mich bei Widerlegung meiner Position in der Öffentlichkeit hierfür entschuldigen möchte, bitte ich Sie – auch im Sinne der wissenschaftlichen Kriterien des DFG, hier endgültig Klarheit zu schaffen. Bis heute liegen uns keine Publikationen dieser Art vor.

**Hier stellt sich die wichtigste aller Fragen:**

**Auf welche der ersten Publikationen der Existenz-Behauptungen zum SARS-CoV-2-Virus beziehen Sie sich persönlich, wenn Sie von der wissenschaftlich bewiesenen Existenz des SARS-CoV-2-Virus ausgehen?**

Wenn das publizierte SARS-CoV-2-Genom oder die kurzen Gensequenzen, die zu seinem Genom aufaddiert werden, tatsächlich aus einem Virus stammen, dann sehe ich und alle anderen natürlich auch Ihren angebotenen Beweis, "ein Experiment bei dem das Genom (als RNA mit 30.000 Nukleotiden) künstlich hergestellt wird und daraus das SARS-CoV-2 entsteht" als Beweis für die Existenz des Virus an.



Wenn Ihre angebotene Beweisführung nicht eindeutig ist oder nicht gelingt, bin ich sicher, Sie stimmen überein, die Kontrollversuche durchzuführen, um zu versuchen das Genom des SARS-CoV-2-Virus aus der RNA gesunder Menschen, aus SARS-CoV-2-negativen Menschen und aus der RNA nicht infizierter Zellkulturen auf die exakt gleiche Weise zu gewinnen, wie Sie und Ihre Kollegen es tun?

Damit ist der Meilenstein gesetzt und die Vorgaben wissenschaftlichen Arbeitens erfüllt, denn ich kann diese vorgeschriebenen Kontrollversuche in der gesamten wissenschaftlichen Literatur zum SARS-CoV-2-Virus nicht finden. Auch hier wäre ich für einen Link Ihrer Referenz-Publikation dankbar.

Ich wünsche Ihnen einen erfolgreichen Tag und bedanke mich recht herzlich für Ihre Zeit.

Mit freundlichen Grüßen,  
*With best regards,*

Xy

---

**Xy.ch**

29.09.2020, 15:30

an volker.thiel; marcel.tanner;

Sehr geehrter Herr Prof Thiel,

hatten Sie bereits die Möglichkeit, auf unsere letzte Email (siehe unten) einzugehen? In Anbetracht der Bedeutsamkeit dieses Vorgangs sind wir bisher überrascht, dass noch kein Material übermittelt werden konnte, welches diese Nachweise nach wissenschaftlichen Standards belegt.

Wir wissen allerdings auch um Ihre knappe Zeit, und sind umso mehr für die Beantwortung unserer wichtigen Fragen dankbar.

Mit freundlichen Grüßen,  
*With best regards,*

, Xy

---

**Xy.ch**

05.10.2020, 10:46

an volker.thiel; marcel.tanner;

Sehr geehrter Herr Prof. Thiel,

ich muss sagen, ich bin doch überrascht, dass Ihrerseits keine weitere Antwort erfolgt. Wie sie sicherlich wissen, ist Herr Prof. Tanner ebenso umfangreich an diesen Daten interessiert, da er sich nach den Vorgaben wissenschaftlichen Arbeitens eindeutig positioniert hat.

Ich würde es sehr schätzen, wenn Sie diesbezüglich eine umfassende Antwort vorlegen könnten, zumindest die vollständige Publikation, so dass wir diesen Vorgang abschließen können, oder gegebenenfalls die angebotenen Studien durchführen. An dieser Stelle möchte ich nochmals erwähnen, dass wir bereit sind,

die Kosten hierfür zu übernehmen.

Wir haben von vielen Seiten erhebliche Nachfrage bezüglich dieser Angelegenheit und möchten gerne ein Ergebnis kommunizieren.

Ich bedanke mich für Ihre Hilfe.

Mit freundlichen Grüßen,  
*With best regards,*  
XY

---

**volker.thiel@vetsuisse.unibe.ch**

05.10.202

0, 11:18

an Xy; marcel.tanner;

Sehr geehrter Herr XY,

ich werde mich melden sobald ich Zeit habe.

freundliche Grüsse,  
Volker Thiel

---

09.10.202

0, 10:43

**Xy.ch>**

an volker.thiel; marcel.tanner;

Sehr geehrter Herr Prof Thiel,

Bitte beziehen sie in Ihre Antwort auch diesen Artikel des Washington Standard ein:

<https://thewashingtonstandard.com/cdc-documents-no-quantified-virus-isolates-of-the-2019-ncov-are-currently-available/>

Abgesehen davon, dass wir nun schon seit mehreren Wochen auf eine Antwort in einer einfachen, grundlegenden Angelegenheit diskutieren, bin ich mir sicher, dass auch Herr Prof. Tanner als Präsident der Akademien in dieser Angelegenheit ein hohes Interesse an einer raschen Klärung hat.

Sollten Sie sich auf ein Isolat berufen, bitten wir Sie, uns spezifisch die Publikationen mitzuteilen.

Wir bitten in diesem Zuge nochmals aufgrund der Dringlichkeit in der Sache um eine priorisierte Beantwortung unserer Fragen, obwohl wir sicherlich verstehen, dass sie zeitlich - gerade in diesen Monaten - sehr eingebunden sind.

Ich möchte ebenfalls erneut betonen, dass es uns hier nicht um Bloßstellung oder Anschuldigungen geht. Wir möchten auf einer wissenschaftlichen Grundlage unbeantwortete Fragen klären und Zweifel ausräumen, oder auf der anderen Seite unsachgemäße wissenschaftliche Publikationen korrigieren und richtigstellen.

Ich wünsche Ihnen einen erfolgreichen Tag und danke für Ihre baldige Antwort.

Mit freundlichen Grüßen,  
*With best regards,*

XY

---

**volker.thiel@vetsuisse.unibe.ch**

09.10.2020, 11:27

an XY; marcel.tanner;

Sehr geehrter Herr XY,

ich komme zurück auf Ihre erste Frage „was ist ein Virusisolat“

Ein Virusisolat erhält man aus Proben die zB von einem Patienten genommen wurden. Je nach Virus kann man Virusisolate aus verschiedenen Proben bekommen, zB Nasen/Rachen Abstrich, Stuhlprobe, oder Gewebe von Organen wo das Virus sich vermehrt. Die Proben werden dann im Labor auf Ziellinien gegeben und man kann bei positiver Virusanzucht meist einen sogenannten zytopathischen Effekt beobachten. Dieser zeigt sich idR nach ein paar Tagen und man beobachtet dass die Zellen aufgrund des Viruswachstums absterben. Viele Viren werden von den infizierten Zellen in das Kulturmedium abgegeben und sammelt sich dort an. Dieses Medium (mit den vermuteten Viren) gibt man dann wiederum auf frische Zellen und wenn sich erneut ein zytopathischer Effekt zeigt kann man davon ausgehen dass man ein Virusisolat erhalten hat. Um das Isolat aufzugeinigen macht man idR eine Plaquereinigung. Weitere Charakterisierung kann zum Beispiel eine vollständige Sequenzierung sein, elektronenmikroskopische Aufnahmen, Nachweis von Virusproteinen in infizierten Zellen mittels Antikörper (falls welche vorhanden sind). Dies alles ist für SARS-CoV-2 gemacht worden (und in zahlreichen Publikationen belegt) und entspricht dem heutigen Standard. Die eigentliche Virusisolation ist heutzutage trivial und wird oft nur im Methodenteil kurz angegeben (zB Virusisolat wurde von einem ... Patienten erhalten...; normalerweise gibt es auch noch Details zum Patienten und einen Isolatnamen), die oben genannten Virusnachweismethoden (Sequenzierung, Elektronenmikroskopie ect) sind jedoch als Beweis für die Identität eines Virus ausreichend, weltweit anerkannt und entsprechen dem wissenschaftliche Standard. Ich verweise hier nochmals auf den Tweet von Marco Binder mit den genannten Publikationen.

Am IVI arbeiten wir mit einem Isolat das von einem COVID19 Patienten aus München stammt, wir haben das von der Charité in Berlin bekommen (die Angaben zu dem Isolat sind in der unten genannten Publikation).

Zudem haben wir am IVI ein sogenanntes revers-genetisches System etabliert. Hier beziehe ich mich auf ihre erste Antwort:

"Wenn das publizierte SARS-CoV-2-Genom oder die kurzen Gensequenzen, die zu seinem Genom aufaddiert werden, tatsächlich aus einem Virus stammen, dann sehe ich und alle anderen natürlich auch Ihren angebotenen Beweis, "ein Experiment bei dem das Genom (als RNA mit 30.000 Nukleotiden) künstlich hergestellt wird und daraus das SARS-CoV-2 entsteht" als Beweis für die Existenz des Virus an."

Genau diesen Beweis haben wir am IVI und mittlerweile auch andere Gruppen in den USA erbracht. Wir haben auf Basis der ersten veröffentlichten Genomsequenz von SARS-CoV-2 aus Wuhan DNA synthetisieren lassen die dieser Sequenz entspricht. Diese DNA wurde verwendet um davon das Virus zu erzeugen. natürlich haben wir das „synthetische“ Virus wiederum ausreichen charakterisiert und konnten zB zeigen dass das synthetische SARS-CoV-2 exakt die erwartete Genomsequenz hat. Die Publikation können sie hier nachlesen: <https://www.nature.com/articles/s41586-020-2294-9>

Ich denke damit sind die Unklarheiten ausgeräumt und Sie können jetzt die Existenz des Virus glauben.

Freundliche Grüsse,  
Volker Thiel

---

**Xy.ch**

10.10.202  
0, 08:56

an volker.thiel; marcel.tanner;

Sehr geehrter Herr Prof. Thiel,

vielen herzlichen Dank für die klärende Antwort.

Ich bin mir nun sicher, wo Ihr zentraler Annahmefehler liegt und kann dies stringent begründen.

Sie schreiben in ihrer Publikation (<https://www.nature.com/articles/s41586-020-2294-9>):

*"The detection of a new coronavirus in China at the end of 2019 prompted us to test the applicability of our synthetic genomics platform to reconstruct the virus based on the genome sequences released on 10–11 January 2020 (Fig. 2)"*

Damit geben Sie eindeutig die Quelle an, nach der wir gefragt haben, auf die Sie sich stützen und auf die sich die ganze Welt im Glauben darauf verlässt, dass hier der wissenschaftliche Beweis für die Existenz des neuen SARS-CoV-2-Virus enthalten ist.

Es handelt sich um die Publikation von Prof. Yong-Zhen Zhang (Fan Wu et al.), auf die sich auch Prof. Drosten bezieht:

- Prof. Zhang beschreibt im Detail, dass und wie er durch Aneinanderreihung von sehr kurzen Gensequenzen das Genom des Virus errechnet hat, das heute als "SARS-CoV-2"-Virus bezeichnet wird.
- Er beschreibt eindeutig, dass er hierfür die kurzen Gensequenzen nicht aus einem Virus, sondern direkt aus der Lungenflüssigkeit einer Lungenspülung (= BALF) eines Menschen mit Lungenentzündung entnommen hat.
- Er beschreibt keine Kontrollexperimente, die in der Wissenschaft Voraussetzung sind, um eine Aussage als wissenschaftlich bezeichnen zu dürfen. Diese auch aus den für die Wissenschaft konstitutiven Denkgesetzen und der Logik resultierenden Kontrollversuche – zum Ausschluss des Offensichtlichen, dass nämlich aus körpereigenen kurzen Gensequenzen

und aus denen der zahlreichen bekannten und vor allem unbekanntem Mikroben, die den Mensch besiedeln – sind bis heute nicht durchgeführt.

- Eine Methode wie hier das Alignment, um aus sehr kurzen Gensequenzen eine theoretisch lange zu errechnen, die nicht durch Kontrollversuche abgesichert sind, darf nicht als wissenschaftlich bezeichnet werden. Hier wird Wissenschaftlichkeit vorgegeben, die offensichtlich, nachvollziehbar und für jeden überprüfbar nicht gegeben ist.
- \*Dass Sie sich in Bezug auf diese Kontrollversuche immer noch auf Twitter-Einträge eines Marco Binder berufen, ist unwissenschaftlich und abstoßend, denn wenn etwas im mehrstufigen Prozess des "Alignment" konstruiert wird, was es in Wirklichkeit nicht gibt, kann man das natürlich auch in keiner Datenbank finden, in der menschliche Gensequenzen veröffentlicht werden.
- Bei diesem Ihrem Argument, dass sich die Kontrollversuche dadurch ergeben, dass sich die virale Sequenz nicht in den humanen Gen-Datenbanken finden lässt, berufen Sie sich auf drittklassige Literatur in den sozialen Medien und haben dabei viererlei vergessen:
  - a. Im Alignment-Prozess hat bis heute niemand überprüft, ob die Gensequenzen, aus denen das SARS-CoV-2-Virus-Genom errechnet wurde, nicht aus Gensequenzen stammen, die dem Stoffwechsel von Mikroben entstammen, die den Menschen und Zellkulturen besiedeln.
  - b. Nur ca. 5 % der existierenden Mikroben sind genetisch erfasst, woraus sich die Pflicht zur sofortigen Durchführung von Kontrollexperimenten ergibt, denn es ist offensichtlich, dass aus deren unbekanntem Sequenzen das Genom des Virus ganz oder teilweise im mehrstufigen "Alignment" errechnet wurde.
  - c. Es ist schon lange bekannt, dass die Enzyme, die Gensequenzen herstellen, nicht nur durch den bekannten Mechanismus des "Template-Switching" ständig neue Gensequenzen erzeugen, die in keiner Datenbank erfasst werden können und dass die Enzyme, die RNA-Gensequenzen herstellen, dies auch ohne Gen-Vorlagen tun. Das bedeutet, dass ständig neue Gensequenzen entstehen, die mit den bisherigen Methoden nicht erfasst wurden. Allein daraus ergibt sich die Pflicht zur sofortigen Durchführung von Kontrollexperimenten, denn es ist offensichtlich, dass das Genom des SARS-CoV-2 ganz oder teilweise aus solchen unspezifischen Sequenzen rechnerisch konstruiert wurde.
  - d. Sie können sich bei dieser gegebenen Sachlage nicht darauf beziehen, dass der Existenz-Beweis für das Virus dadurch gegeben ist, indem sie aus der vorgegebenen Sequenz von Prof. Zhang das Genom des Virus synthetisch hergestellt haben und damit experimentieren. Das ist ein wissenschaftlich unzulässiger Zirkelschluss.
- Prof. Zhang erwähnt in dieser Publikation ausdrücklich, dass er die Regeln für die Beweisführung der Existenz eines Virus, die Koch'schen Postulate, nicht eingehalten hat. Auch nicht das erste Postulat, die Isolation des Virus.
- Prof. Zhang erwähnt ausdrücklich, dass es nur eine Korrelation zwischen dem rechnerischen "Nachweis" dieses Virus und einer tatsächlichen Lungenentzündung gibt, aber keinen Beweis, dass seine "Entdeckung" ursächlich für diese Krankheit ist.

Zu Ihrer Information, falls Ihnen das entgangen sein sollte:

- Prof. Drosten hat nachweislich – noch bevor die Sequenz von Prof. Zhang vorlag – die Primer-Sequenzen für das "SARS-CoV-2"-Virus synthetisieren lassen und am gleichen Tag der Veröffentlichung der Daten, in der Nacht vom "10–11 January 2020" an diejenigen Stellen

versenden lassen, wo Reise-Rückkehrer aus Wuhan mit seinem Test auf das "SARS-CoV-2"-Virus getestet wurden. Damit wurde scheinbar bewiesen, dass das vermutete Virus nun doch von Mensch zu Mensch übertragbar sei.

- Bis zum 20.1.2020 haben die Chinesischen Gesundheitsbehörden und die Regierung aufgezeigt, dass es offensichtlich keine Mensch-zu-Mensch-Übertragung gibt. Alle Angehörigen und das gesamte Krankenhauspersonal, welches mit denjenigen Menschen in Kontakt waren und sind, die an atypischer Lungenentzündung litten – was man aufgrund der Definition "atypisch" auf ein unbekanntes Virus zurückführte – blieben gesund. Deswegen konnte die Regierung ehrlicherweise von Lock-Down-Maßnahmen absehen.
- Am 20.1.2020 kam der berühmte, 84-jährige "SARS"-Arzt Dr. Zhong Nanshan in Wuhan an, wohin er aus Südchina, auf eigene Kosten und Veranlassung per Zug reiste. Er verbreitete in Wuhan die Nachricht des "positiven" Resultats der PCR-Testverfahren des Drosten-Tests, aufgrund der er glaubte behaupten zu dürfen und zu müssen, dass nun eine Mensch-zu-Mensch-Übertragung des vermuteten neuen Virus bewiesen sei.
- Zuerst geriet dabei die Öffentlichkeit in Wuhan in Panik, abends das gesamte China, als er in den Abend-Nachrichten aussagte, dass nun die Mensch-zu-Mensch-Übertragung bewiesen sei. Wie bekannt, geriet darüber wenig später die Weltöffentlichkeit in Panik.

Sie haben in dieser Angelegenheit als Mensch, besonders als Wissenschaftler und in Ihrer zentralen Funktion als Direktor des IVI die Verantwortung für das Schweizer Volk und für die Weltbevölkerung, die Pflicht und die Verantwortung, diese offen daliegenden Widersprüche und Widerlegungen SOFORT der Öffentlichkeit zu kommunizieren.

Damit hauptsächlich Kinder, alte Menschen, Kranke und die Wirtschaft durch die wissenschaftlich nicht begründbaren, sondern widerlegten Schlussfolgerungen und resultierenden Maßnahmen nicht im wahrsten Sinne des Wortes ersticken und zu Grunde gehen, bitte ich Sie, umgehend zu handeln.

Prof. Tanner hat Sie über mich beauftragt zu klären, ob ein Virus tatsächlich im Sinne des Wortes „Isolation“ isoliert worden ist.

Sie gestehen nun mit Ihrem zentralen und exklusiven Bezug auf die Publikation von Prof. Zhang ein, dass kein Virus isoliert worden ist, sondern offensichtlich und zweifelsfrei sehr kurze Gensequenzen aus Menschen, aus bekannten und unbekanntem Mikroben und wahrscheinlich auch aus biochemisch entstandenen Gensequenzen nur rechnerisch, also rein gedanklich zu einem Virus-Genom zusammengesetzt wurde, das es in Wirklichkeit nicht gibt.

Sie können sich dabei auch nicht in Zukunft darauf berufen – um sich weiterhin Ihrer zentralen und globalen Verantwortung zu entziehen –, dass die gedankliche Ausrichtung (= Alignment) der kurzen Gensequenzen zu einem "ganzen" Virus-Genom anhand einer Vorlage eines anderen Corona-Virus-Genoms geschah. Auch diese angebliche Virus-Sequenz-Vorlage wurde ebenso nur rechnerisch aus sehr kurzen Sequenzen erstellt, von denen sicher ist, dass sie nicht aus einem Virus isoliert worden sind, sondern aus kurzen Gensequenzen des Menschen, von Tieren, Mikroben und ggf. biochemisch synthetisierten Gensequenzen stammen.

Prof. Tanner hat Sie über mich beauftragt und wacht darüber, die Kontrollversuche durchzuführen, die Voraussetzung sind, eine Virus-Behauptung als wissenschaftlich behaupten zu dürfen.

Ihr Argument, dass diese Kontrollversuche sich indirekt daraus ergeben, dass Dritte und nicht Sie auf Twitter behaupten, dass sich das errechnete Virus-Genom nicht in menschlichen Gen-Datenbanken finden lässt, ist dadurch widerlegt, dass sich etwas (mühsam) Errechnetes logischer Weise weder in einer Datenbank, noch in der Natur, noch in einem Labor nachweisen lässt.

Ich bitte Sie daher nochmals, mit mir zusammen diejenigen Kontrollversuche durchzuführen und zu dokumentieren, die beweisen oder widerlegen, ob die sehr kurzen Gensequenzen, die im "Alignment" rechnerisch, also gedanklich, via verschiedener Auswerteprogramme zu einem langen Genom angeordnet wurden, nicht aus dem Menschen selbst kommen, aus den zahlreichen Mikroben und Phagen, die den Menschen, vor allem bei Krankheit und Lungenentzündung besiedeln. Oder ob diese zum Teil aus rein biochemisch entstanden Gensequenzen stammen oder zum Teil durch diejenigen Programme des Alignments erfunden wurden, mit denen diese Programme die Lücken (gaps) des Genoms füllen, die sich mit den vorhandenen kurzen Gensequenzen nicht haben schließen lassen. Im Methoden-Teil von Prof. Zhang sind diese Programme erwähnt, aber eben nicht, welche und wie viele Anteile des ganzen "Virus-Genoms" durch diese Gap-filling-Programme "aufgefüllt" wurden.

Wir bieten nochmals an, diese Kontrollversuche finanzieren und es gibt nur wissenschaftliche und menschliche Gründe, dass Sie der Aufforderung von Prof. Tanner, diese Kontrollversuche vorzulegen und zu dokumentieren, nachkommen und keinen Grund, diese nicht zu tun oder weiterhin zu verzögern.

Die durch die Corona-Krise entstandenen Not ist groß und kennt kein Gebot, z. B. Ihren Berufsstand und dessen Ansehen zu schützen. Diese Not wird täglich größer und die Möglichkeit steht im Raum, dass unsere Gesellschaft in der kollektiven Hysterie, die keine wissenschaftliche Berechtigung hat, sich immer schwerwiegender selbst schädigt. Ich habe auch andere Virologen angefragt, mit mir die Kontrollversuche durchzuführen. Alle sind bisher eine Antwort schuldig geblieben.

Sie haben die besondere Möglichkeit, hier für Klärung zu sorgen, da Prof. Tanner zur Klärung dieser zentralen Frage auf Sie verwiesen hat.

Bitte entscheiden Sie sich und handeln Sie sofort, und lassen Sie mit Ihrer Antwort nicht wieder über zwei Wochen verstreichen.

Mit freundlichen Grüßen,

*With best regards,*

XY

---

**volker.thiel@vetsuisse.unibe.ch**

10.10.2020, 18:02

an Xy; marcel.tanner;

Sehr geehrter Herr XY,

ich bin tatsächlich schockiert über Ihre Antwort und rate Ihnen dringend sich weiter zu bilden. Aus Ihren Antworten wird klar dass sie weder die Biologie noch die heutige Methodik verstehen.

Ich mache Sie auch eindringlich darauf Aufmerksam, dass Sie eine Verantwortung haben. Es steht Ihnen frei zu glauben dass das Virus nicht existiert. Wenn Sie dies aber verbreiten dann wird es Menschen geben die Ihnen glauben, sich nicht mehr schützen und im schlimmsten Fall an einer Infektion sterben.

Volker Thiel

---

**Xy.ch**

11.10.2020,  
12:27

an volker.thiel; marcel.tanner;

Sehr geehrter Herr Prof. Thiel,

vielen Dank für Ihre rasche Antwort.

Wir waren überrascht, dass Ihre Antwort statt auf wissenschaftlichen Belegen nun auf Behauptungen und Anschuldigungen basiert.

Ich bitte sie auch im Zuge von Herrn Prof. Tanner, der klar erkannte, dass wenn die kurzen Gen-Sequenzen für die rechnerische Erstellung des SARS-CoV-2-Genoms nicht eindeutig aus Viren stammen UND keine Kontrollexperimente stattgefunden haben, "wir ein Problem haben", Ihre Aussage nochmals zu überdenken und Ihres Amtes entsprechend, wissenschaftlich Stellung zu nehmen.

Belegen Sie bitte jeweils durch Benennung von überprüfbaren und publizierten Tatsachen, dass die in meinem Schreiben vom 10.10.2020 jeweils dargestellten Sachverhalte und Schlussfolgerungen,

1. Auf fehlendem Wissen oder einem Missverständnis der gelehrten Biologie und
2. auf fehlendem Wissen um die heutigen Methoden oder einem Missverständnis dieser Methoden beruhen.

Die gemeinsame, durch wissenschaftliche Argumentation, durch Befolgung der Denkgesetze und Logik und nicht durch Beleidigung zu lösende Herausforderung lautet:

Hat die durch das voreilige Handeln von Prof. Christian Drosten (siehe mein Schreiben vom 10.10.2020) und das unerklärliche Handeln von Prof. Yong-Zhen Zhang (Kein Isolat, keine Kultur, keine Isolation, keine Erfüllung der Koch'schen Postulate und: Prof. Zhang behauptet, das Genom des SARS-CoV-2 in einer bisher



noch nie erreichten und unerklärlichen Rekordzeit von 40 Stunden errechnet zu haben, inklusive Sequenzierung der RNA aus der Bronchiallavage eines Patienten) ausgelöste Corona-Krise eine wissenschaftliche Grundlage oder beruht sie auf einer nachvollziehbaren, historisch gewachsenen und damit entschuldigen Selbsttäuschung der Beteiligten?

Ich gehe beim Handeln von Prof. Drosten und Prof. Zhang nicht von Absicht und nicht von Vorsatz aus.

Grob fahrlässig und damit juristisch greifbar wird folgenreiches irriges Glauben und Handeln dann, wenn konkrete, nachvollziehbare, überprüfbare wissenschaftliche Hinweise und Aufforderung zur Klärung, und gegebenenfalls zur Korrektur, nicht beantwortet, sondern mit nicht rechtfertigbaren Unterstellungen und Beleidigungen quittiert werden.

Ich bitte sie nochmals eindringlich, Ihre Aussagen zu überdenken und entsprechend Ihrer ehrbaren Position als Professor zu antworten. Nach wie vor steht unser Angebot zur gemeinsamen Durchführung der Kontrollexperimente auf unsere Kosten.

Mit freundlichen Grüßen,  
*With best regards,*  
XY

---

**marcel.tanner@swisstph.ch**

11.10.2022  
0, 15:36

an Xy; volker.thiel

Sehr geehrter Herr XY  
danke für diese Kopien zu Ihrem Austausch mit Professor Volker Thiel.....meine Bemerkung in unserem Interview bezog sich ja vor allem auf die Frage der Isolate und deshalb verwies ich Sie an Professor Thiel...  
Beste Grüsse aus Basel  
Marcel Tanner

---

**XY.ch**

12.10.2022  
0, 13:41

an marcel.tanner; volker.thiel;

Sehr geehrter Herr Prof. Tanner,

vielen Dank für Ihre Antwort.

Ja, es geht ganz konkret um das Isolat des Virus und wir haben in Ihrem Auftrag Herrn Prof. Thiel zur Klärung dieser Frage kontaktiert.

Herr Prof. Thiel hat in seiner Antwort vom 9.10.2020, aus welcher Quelle er die RNA-Sequenz des SARS-CoV-2-Virus erhalten hat, die er künstlich in DNA umschreiben ließ und damit arbeitet, sich ganz klar auf die Arbeit von [Prof. Zhang in Fan Wu et al.](#), bezogen.

Mit dieser Publikation hat Prof. Zhang die angebliche Sequenz des SARS-CoV-2-Virus vorgegeben, an der sich alle nachfolgenden Sequenz-Vorschläge aller Virologen orientierten und immer noch orientieren, die sich immer nur unwesentlich von diesem Zhangschen Sequenzvorschlag unterscheiden.

Prof. Zhang erklärt in dieser Publikation ausdrücklich, dass er kein Virus isoliert hat, sondern die gesamte RNA aus der Bronchiallavage eines an Lungenentzündung (und einigen dokumentierten Vorerkrankungen, darunter ein chronisches Leberleiden) für die Errechnung des vermuteten Virus-Genoms verwendet hat. Prof. Zhang betont in dieser Publikation ebenfalls ausdrücklich, dass nicht erwiesen ist, ob die errechneten Sequenzen nur mit den Krankheiten des Patienten korreliert oder ob es einen ursächlichen Zusammenhang geben könnte. Dabei ist es bis heute geblieben!

Deswegen kann und darf Prof. Thiel als Wissenschaftler und als Beamter, der dem Volke, dessen Gesundheit, Wohlempfinden und der Wirtschaft er verpflichtet ist, eben nicht behaupten, dass er mit der künstlich hergestellten Sequenz eines Virus arbeiten würde und noch weniger, dass es ein SARS-CoV-2-Virus gäbe und dies gefährlich sei.

Mehr noch, es scheint, dass Prof. Thiel auch die entscheidenden Details, wie Prof. Zhang das Genom des SARS-CoV-2-Virus errechnet hat, nicht kennt und nachdem dies offensichtlich wird, uns Unkenntnis der Biologie und der verwendeten Methoden vorwirft:

Prof. Zhang beschreibt, wie er anhand von kurzen Genabschnitten von nur 21 und 25 Nukleotiden Länge (das sind die Default-Parameter in den verwendeten Alignment-Programmen Megahit und Trinity) anhand einer vorgegebenen Sequenz eines Genoms eines harmlosen Fledermaus-Corona-Virus, ein Genom von 29.803 Nukleotiden errechnet.

Er geht, ohne dies explizit zu benennen davon aus, dass die kurzen Sequenzen, aus denen er den Sequenz-Vorschlag des Genom des SARS-CoV-2-Virus aufaddiert, deswegen viraler Natur sind, weil er längere Sequenzen, die sich aus dem Überlappen (=Contigs) der kurzen 21er und 25er Stückchen ergeben und die Ähnlichkeit mit menschlichen Sequenzen haben, von der späteren Aufaddierung zum viralen Genom ausschließt.

Dabei haben Prof. Zhang und Prof. Thiel in peinlicher und damit in fahrlässiger Weise die Tatsache übersehen, dass die Bronchiallavage voll mit bekannten und unbekanntem Mikroben aller Art und deren RNA-Produkte sind.

95% der beobachteten Mikroben sind sichtbar aber nicht kultivierbar, weswegen deren RNA- und DNA-Sequenzen nicht bekannt sind. Weil auch Zellkulturen nie frei von Mikroben und unzähligen Verunreinigungen aller Art sind, ergibt sich die unbedingte Pflicht, das vermutete Virus zu isolieren und daraus seine Nukleinsäure (in diesem Fall RNA) in reiner Form zu gewinnen.

Sehr wahrscheinlich wurde das Genom des SARS-CoV-2-Virus zum Teil aus solchen kurzen Gen-Sequenzen aufaddiert, weswegen es gelingt, Menschen hin und wieder "positiv" zu testen (wenn genügend organisches Material vorhanden ist und die Probe nicht an der - gesunden- Ohrspeicheldrüse entnommen wurde) und warum PCR-Fachleute sagen, dass jeder Mensch "positiv" getestet wird, wenn die Zyklen-Zahl der PCR auf über 40 erhöht wird.

Das Dilemma, dass kein auswertbares Virus-Isolat vorliegt, reflektiert sich auch im Satz

"Since no quantified virus isolates of the 2019-nCoV are currently available, assays designed for detection of the 2019-nCoV RNA were tested with characterized stocks of in vitro transcribed full length RNA (N gene; GenBank accession: MN908947.2) of known titer (RNA copies/ $\mu$ L) spiked into a diluent consisting of a suspension of human A549 cells and viral transport medium (VTM) to mimic clinical specimen."

auf Seite 39, im Kapitel "Performance Characteristics" 2. Abschnitt, des angehängten Textes der CDC zum Real-Time RT-PCR-Test auf SARS-CoV-2.

Wir erklären diese frappierende und den Test komplett in Frage stellende Tatsache dadurch, dass Prof. Zhang das gesamte Genom deswegen aus rein menschlichem Material errechnen konnte, was bisher niemanden gelungen ist, der/die die hierfür benötigten RNA-Sequenzen aus Zellkulturen gewonnen hat, weil es im Menschen und dessen Mikroben - besonders bei Krankheit - viel mehr Sequenzvielfalt gibt, als in den relativ sterilen Zellkulturen.

Es zeigt gleichzeitig, dass bisher niemand in der Lage war, das Ergebnis des maßgeblichen "Alignments" von Prof. Zhang zu wiederholen, außer rein synthetisch und im Zirkelschluss Prof. Thiel, der den Sequenz-Vorschlag von Prof. Zhang synthetisch in DNA umsetzte und deswegen - fahrlässig - glaubt, mit dem Genom eines Virus zu arbeiten.

Ich bitte Sie Herr Prof. Tanner, auf Herrn Prof. Thiel einzuwirken, dass dieser, statt Vermutungen bezüglich meines biologischen Wissens zu äußern, sich der Wissenschaft stellt, deren oberstes Gesetz der Zweifel und der Versuch der Widerlegung ist, um bestehende Fehldeutungen aufzudecken und zukünftige zu vermeiden.

Tut er das nicht, haben wir in der Tat zwei "Probleme."

Ich bin sicher, dass, gemäß den verheerenden Auswirkungen dieser Situation auf die gesamte Weltbevölkerung, dieser Aufwand verschwindend gering ist.

Ich bedanke mich recht herzlich für Ihre Hilfe und hoffe, dass wir unser Gespräch auf wissenschaftlicher Ebene fortführen können, statt wie Prof. Thiel auf Anschuldigungen und Unterstellungen zu setzen. Gentlemen, diese Angelegenheit ist für solche Äußerungen viel zu ernst. Es geht hier um Menschenleben und die Zukunft von Milliarden von Menschen.

Mit freundlichen Grüßen,

*With best regards,*

XY

---

**XY.ch**

19.10.2020, 18:26

an marcel.tanner;

Sehr geehrter Herr Prof. Tanner,

die durch Prof. Christian Drosten und Prof. Zhang ausgelöste Eigendynamik der Corona-Krise gefährdet immer sichtbarer die Gesundheit der Menschen und die Wirtschaft.

Auf Ihren Schultern liegt Kraft Ihres Amtes Verantwortung für das wissenschaftliche Arbeiten und dadurch die Gesundheit und dem Wohlergehen des Schweizer Volkes und der Wirtschaft.

Ich habe inzwischen von mehreren Rechtsanwälten Anfragen bezüglich dieser Situation erhalten. Diese beziehen sich genau auf das Isolat und die daraus erfolgenden Konsequenzen gemäß der Behauptung von Prof. Thiel und dem schon oft genannten Isolat, auf dessen Nachweis wir bis heute warten. Insofern werden gemäß dieser Sachlage strafrechtliche Konsequenzen relevant. Sie sehen, die Lage ist angespannt.

Aufgrund der umfangreichen Tragweite dieser Situation spielt die Zeit eine tragende Rolle. Wir gehen davon aus, dass inzwischen genug Zeit vergangen ist, um dem IVI den Nachweis für dessen Isolat wissenschaftlich nachzuweisen. Das ist bisher nicht geschehen.

Aufgrund unserer persönlichen Situation nach unserem Gespräch spreche ich Sie bezüglich der weiteren Vorgehensweise an:

1. Wie werden Sie Kraft Ihres Amtes als Präsident der Akademien nun weiter vorgehen?
2. Dürfen wir Sie, Herr Prof. Tanner als Zeuge für gerichtliche Verfahren vorschlagen, der

- a. die Wissenschaftlichkeit der SARS-CoV-2-Existenz-Behauptungen bestätigt oder
- b. die Wissenschaftlichkeit der SARS-CoV-2-Existenz-Behauptungen in Frage stellt?

Ich würde mich freuen, wenn wir weiterhin an der Aufklärung dieser Angelegenheit arbeiten könnten. Sie haben durchaus erkennen können, dass das IVI sich nicht an die entsprechenden Regeln gehalten hat. Insofern wird dieser Vorgang rechtlich relevant.

Ich hoffe, wir führen unser Gespräch so konstruktiv wie bisher fort.

Ich wünsche Ihnen alles Gute und einen angenehmen Abend.

Mit freundlichen Grüßen,

*With best regards,*

XY

---

**marcel.tanner@swisstph.ch**

19.10.2020, 22:03

an XY;

Sehr geehrter Herr XY

danke sehr und sicher nehme ich meine Verantwortung wahr und habe, da ich es nicht selbst untersuchte, sofort Prof. Volker Thiel, IVI, und auch Prof. Laurent Kaiser in Genf, HUG, ([Laurent.Kaiser@hcuge.ch](mailto:Laurent.Kaiser@hcuge.ch)) angegeben.....

Laurent Kaiser hat - wie auch Volker Thiel - Isolate erstellt und sequenziert sowie Infektionsversuche durchgeführt.

- Mein weiteres Vorgehen ist, dass ich Volker Thiel und Laurent Kaiser nochmals bitte, Ihnen zu antworten

- Als Zeuge taue ich nicht, denn es sind die Teams von IVI und HUG, die Ihnen die Isolate darstellen. ABER ich wie Sie alle sind interessiert, dass diese Fragen geklärt werden und so bleiben wir in konstruktivem Dialog.

Bis bald und beste Grüsse

---

## **Prof. Kaiser / Kontrollversuche**

Posteingang



**XY.ch**

Mi., 21. Okt.  
2020, 19:26

an marcel.tanner; volker.thiel;

Sehr geehrter Herr Prof. Tanner,

vielen Dank für Ihre Antwort und dass Sie Herrn Prof. Laurent Kaiser mit eingeladen haben, die offenen Fragen über die Wissenschaftlichkeit der Behauptungen zu SARS-CoV-2 zu klären.

Es gilt dabei, drei Fragen an Sie zu klären:

1. Auf welche wissenschaftlichen Original-Publikationen zu SARS-CoV-2 beziehen Sie sich persönlich in Ihrer Verantwortung für das Schweizer Volk und deren Wirtschaft, wenn Sie von der wissenschaftlich bewiesenen Existenz des SARS-CoV-2 ausgehen?
2. Sind Sie davon überzeugt oder nicht, dass durch die Arbeit von Prof. Zhang (in [Fan Wu et al.](#)) der Beweis für die Existenz eines Virus geführt wurde?  
Bedenken Sie bitte, dass hier kein Isolat verwendet wurde und keine Isolation einer viralen Struktur behauptet wird.
3. Liegt es in Ihrer Macht, die für die Corona-Krise verantwortlichen Biologen, Medizin und Virologen zu bewegen, die in der Wissenschaft konstitutiven Kontrollversuche durchzuführen?

Bedenken Sie bitte, dass Aussagen nur dann als wissenschaftlich bezeichnet werden dürfen, wenn diese widerlegbar, also falsifizierbar sind.

Kontrollversuche - zum Ausschluss oder zur Beweisführung, ob diejenigen sehr kurzen Stückchen aus RNA (durchschnittlich 25 Nukleotide), die gedanklich/rechnerisch zu einem langen viralen Gen-Strang von 29.803 Nukleotiden aufaddiert wurden (=Alignment), in Wirklichkeit nicht aus kurzen Bruchstücken unbekannter mikrobieller oder biochemisch entstandener RNA statt aus einem Virus stammen - sind bei SARS-CoV-2 und im gesamten Gebiet der Corona-Viren bis heute nicht durchgeführt worden.

Sollte dem doch so sein, bitte ich nochmals freundlich um die entsprechenden Publikationen.

Ich bedanke mich für Ihre rasche Antwort.

Mit freundlichen Grüßen,

*With best regards,*

xy

---

an martin.ackermann

Sehr geehrter Herr Prof. Ackermann,

in Ihrem Amt als Präsident der Schweizer Corona-Task-Force habe ich zwei Fragen an Sie:

1. Auf welche konkrete Originalpublikation oder Abfolge von Originalpublikationen beziehen Sie sich, wenn Sie von der wissenschaftlich bewiesenen Existenz des SARS-CoV-2-Virus ausgehen?

Der Hintergrund dieser Frage ist, dass ich nach Analyse der Publikationen zu der Erkenntnis komme, dass in der Publikation von [Fan Wu et al.](#), in der das Genom des SARS-CoV-2 vorgeschlagen wurde, das zum Vorbild im Alignment aller weiterer SARS-CoV-2-Virus-Varianten wurde, statt viralen Sequenzen, typisch endogene und sehr kurze Sequenzen aus der Lunge eines Menschen gedanklich-rechnerisch zu einem langen, "viralen" Genom ausgerichtet (=Alignment) wurde. Offensichtlich besteht dieses Genom aus Bruchstücken unbekannter mikrobieller RNA und biochemisch entstandener RNA.

Diese Schlussfolgerung ziehe ich daraus, dass in der wissenschaftlichen Literatur zu den Corona-Viren eindeutig hervorgeht, dass nirgendwo längere RNA-Sequenzen isoliert und sequenziert wurden, die entweder große Bereiche des viralen Genoms abdecken und nicht einmal größere Bereiche dessen, was als einzelne Corona-Virus-Gene ausgegeben wird. Im Gegenteil, es ist eindeutig erwiesen, dass in dieser gesamten Literatur an keiner Stelle virale Strukturen isoliert, biochemisch charakterisiert und daraus RNA gewonnen wird. Die RNA stammt entweder direkt aus der Flüssigkeit einer Bronchiallavage (BALF) eines Lungen-Patienten oder dem Überstand von Zellkulturen, deren Sterben mit der Anwesenheit, Isolation und Vermehrung des vermuteten Virus gleichgesetzt wird.

Zum Hintergrund meiner zweiten Frage: Als "wissenschaftlich" dürfen Aussagen nur dann ausgegeben werden (außer in der milliardenschweren Theoretischen Physik!?), wenn alle Zweifel an der Aussage ausgeschlossen sind und versucht wurde, die Aussage zu widerlegen (Falsifikation). Dies ist, so das Resultat meiner Recherche, eindeutig nicht geschehen. Die Kontrollversuche zum Ausschluß zellulärer, mikrobieller und biochemischer Artefakte haben bei SARS-CoV-2 und allen Corona-Viren NIEMALS stattgefunden. Daraus resultiert die zweite Frage.

2. Wie können Sie bezüglich Ihres Amtes helfen, dass in Anbetracht der Schäden durch die Corona-Krise, diese logisch und wissenschaftlich zwingend notwendigen Kontrollversuche möglichst zeitnah durchgeführt werden?

Ich würde diese Versuche finanzieren und gerne filmisch dokumentieren. Die bisher angefragten Virologen weigern sich bisher standhaft, was mit im Kontext der aktuellen Krise völlig schleierhaft ist. Ich danke für Ihre zeitnahe Rückmeldung in der Angelegenheit.

Mit freundlichen Grüßen,

*With best regards,*

XY

---

## Zentrale Frage Isolat / Kontrollversuche

Posteingang



**XY.ch**

Mi., 21. Okt.  
2020, 19:32

an Laurent.Kaiser

Sehr geehrter Herr Prof. Kaiser,

Herr Prof. Tanner hat mich an Sie verwiesen, um die offene und zentrale Frage zum SARS-CoV-2-Virus zu klären. Für eine Antwort bin ich sehr dankbar.

1. Auf welche konkrete Originalpublikation oder Abfolge von Originalpublikationen beziehen Sie sich, wenn Sie von der wissenschaftlich bewiesenen Existenz des SARS-CoV-2-Virus ausgehen?

Der Hintergrund dieser Frage ist, dass ich nach meiner Auswertung zum Ergebnis gekommen bin, dass in der Publikation von [Fan Wu et al.](#), in der das Genom des SARS-CoV-2 vorgeschlagen wurde, das zum Vorbild im Alignment aller weiterer SARS-CoV-2-Virus-Varianten wurde, statt viraler Sequenzen, typisch endogene und sehr kurze Sequenzen aus der Lunge eines Menschen gedanklich-rechnerisch zu einem langen, "viralen" Genom ausgerichtet (=Alignment) wurde. Offensichtlich besteht dieses Genom aus Bruchstücken unbekannter mikrobieller RNA und biochemisch entstandener RNA.

Diese Schlussfolgerung ziehe ich daraus, dass in der wissenschaftlichen Literatur zu den Corona-Viren eindeutig hervorgeht, dass nirgendwo längere RNA-Sequenzen isoliert und sequenziert wurden, die entweder große Bereiche des viralen Genoms abdecken und nicht einmal größere Bereiche dessen, was als einzelne Corona-Virus-Gene ausgegeben wird. Im Gegenteil, es ist eindeutig erwiesen, dass in dieser gesamten Literatur an keiner Stelle virale Strukturen isoliert, biochemisch charakterisiert und daraus RNA gewonnen wird. Die RNA stammt entweder direkt aus der Flüssigkeit einer Bronchiallavage (BALF) eines Lungen-



Patienten oder dem Überstand von Zellkulturen, deren Sterben mit der Anwesenheit, Isolation und Vermehrung des vermuteten Virus gleichgesetzt wird.

Zum Hintergrund meiner zweiten Frage: Als "wissenschaftlich" dürfen Aussagen nur dann ausgegeben werden, wenn alle Zweifel an der Aussage ausgeschlossen sind und versucht wurde, die Aussage zu widerlegen (Falsifikation). Dies ist, so das Resultat meiner Recherche, eindeutig nicht geschehen. Die Kontrollversuche zum Ausschluß zellulärer, mikrobieller und biochemischer Artefakte haben bei SARS-CoV-2 und allen Corona-Viren NIEMALS stattgefunden. Daraus resultiert folgende zweite Frage:

2. Wäre es Ihnen Kraft Ihrer Funktion möglich, dass in Anbetracht der Schäden durch die Corona-Krise, diese logisch und wissenschaftlich zwingend notwendigen Kontrollversuche möglichst zeitnah durchgeführt werden?

Prof. Zhang, der Verantwortliche für die Publikation von [Fan Wu et al.](#) hat in einem Interview ausgesagt, dass er das Genom von SARS-CoV-2 innerhalb von 40 Stunden nach Erhalt der BALF errechnet hat.

Davon ausgehend sollte es möglich sein, dieses Kontrollexperiment, das Alignment von SARS-CoV-2 aus der RNA aus der BALF von gesunden Menschen oder Säugetieren oder lungenkranken, aber SARS-CoV-2-negativen Menschen oder Säugetieren, sehr zeitnah durchzuführen.

Ich würde diese Versuche finanzieren und gerne filmisch dokumentieren. Die bisher angefragten Virologen weigern sich bisher leider standhaft, diese grundlegenden Kontrollversuche durchzuführen.

Ich bedanke mich für Ihre zeitnahe Antwort.

Mit freundlichen Grüßen,

*With best regards,*

xy

---

**XY.ch**

28.10.2020, 11:56

an marcel.tanner;

Sehr geehrter Herr Prof Tanner,

darf ich erfragen, ob sie nochmals bei Herrn Prof. Thiel angefragt haben? Wie würden sie als Präsident der Akademien in dieser Sache weiter vorgehen? Wir haben bisher keinerlei Publikationen in der Sache erhalten, weder sind die Kollegen offensichtlich zum weiteren wissenschaftlichen Austausch bereit.

Wären Sie nochmals zu einem Interview bereit, sollte sich die wissenschaftlichen Kollegen aus dem IVI oder Herr Ackermann nicht mehr melden sollten?

Besten Dank für Ihre Antwort und einen erfolgreichen Tag für Sie.

---

**marcel.tanner@swisstph.ch**

01.11.2020  
0, 09:55

an XY;

Sehr geehrter Herr XY

danke sehr für all Ihre Zeilen und wir sind nicht untätig geblieben und im Angang finden Sie einen Policy Brief der Task Force, der die Frage zu den Isolaten und den PCR-Tests, so wie das vor allem Volker Thiel, Didier Trono und Laurent Kaiser breit gesichtet haben, zusammengefasst mit Hinweis auf Schlüsselreferenzen. Auf dieser Basis können sie den wissenschaftlichen Dialog durchaus weiterführen, indem Sie dann der gesamten Task Force schreiben via Prof. Martin Ackermann, Leier der TF, und Sie mögen mich einkopieren. Das wäre ein Schritt voran. Martin Ackermann wird sich bestimmt melden und weitere Interviews mögen die Virologen mit Ihnen führen, denn nach meinem Interview habe ich sofort auch Volker Thiel et al informiert und Sie hatten erste Austausche, die nicht weitergingen, aber nun haben Sie einen Public Brief der TF, der eine neue Basis für einen wissenschaftlichen Dialog legen kann.

In diesem Sinne bis bald und beste GRüsse  
Marcel Tanner

PS:

All Policy Briefs sind auf der TF-Website

---

**XY.ch>**

03.11.2020  
0, 17:30

an Martin; Volker; marcel.tanner@swisstph.ch;

Sehr geehrter Herr Prof. Ackermann,

vielen Dank für Ihre Bemühungen Klarheit bei der für Corona zentralen Frage eines wissenschaftlichen Beweises für die Existenz des SARS-CoV-2-Virus Klarheit zu schaffen.

Das durch Sie in Auftrag gegebene Papier der Schweizer "National COVID-19 Science Task Force (NCS-TF)" vom 29.10.2020, mit dem Titel "An update on SARS-CoV-2 detection tests" beweist und dokumentiert jedoch zu unserem Erstaunen eine wissenschaftlich unvollständige Arbeit der Autoren und widerlegt in Ihrem Sinne die Existenz-Behauptungen des SARS-CoV-2.

Ich bitte Sie in der Sache, diese Aussagen nicht persönlich zu verstehen, sondern wir werden unseren Standpunkt umfangreich darlegen und erklären:

**Begründung:**

## **zu A:**

Zur Behauptung der Identifikation und Isolation des Virus.

Im Summary behaupten die Autoren, "das Papier beschreibt, wie SARS-CoV-2 identifiziert und isoliert wurde."

Sie behaupten im "Maintext" unter "1. How was SARS-CoV-2 identified?":

"SARS-CoV-2 was originally isolated by exposing cells in culture to samples harvested from the respiratory tract ...."

Das ist nachweislich falsch. Diese Aussage ist durch die Publikation von Prof. Zhang (Fan Wu et al) und durch die Aussage von Prof. Volker Thiel vom zz.2020 widerlegt.

Prof. Zhang hat die von ihm entworfene Sequenz des SARS-CoV-2-Virus am 10.1.2020 auf dem Internet öffentlich gemacht.

Auf exakt diese Sequenz, die am 10.1.2020 öffentlich gemacht wurde, bezieht sich Prof. Thiel in seinem Schreiben vom zz.2020.

Erst nach dieser Erst-Veröffentlichung der genetischen Sequenz des SARS-CoV-2 durch Prof. Zhang wiederholen die Autoren um Prof. Wenjie Tan (Na Zhu et al), auf den sich die Autoren des "Policij Brief" berufen, den exakt gleichen Ansatz von Prof. Zhang und führen erst später Zellkulturexperimente durch, um ihre Ergebnisse am 24.1.2020 zu veröffentlichen. Die sedimentierten Seifenmicelle, die in der Aufsichts-EM-Mikroskopie (=negative stain) als Viren gedeutet werden, werden explizit nicht biochemisch untersucht, um sie als Viren zu identifizieren oder daraus die virale Gensubstanz zu isolieren, um so das virale Genom zu bestimmen.

Prof. Zhang beschreibt in seiner Publikation, dass er kein Virus isoliert hat, auch keine Zell-Kulturen verwendet hat, sondern sehr kurze Stückchen an RNA aus der Lungenflüssigkeit eines Patienten sequenziert hat (mittels vorangehender Umschreibung in cDNA).

Diese sehr kurzen Stückchen richtet er gedanklich/rechnerisch an einer vorgegebenen Gen-Sequenz eines angeblichen Fledermaus-Corona-Virus aus und erfindet ad hoc über 10% neue Gen-Sequenzen, weil im Pool der RNA-Stückchen aus der Lunge des Patienten nicht alle Sequenzen vorhanden waren, um einen kompletten Erbgutstrang eines Corona-Virus zu bilden. Dies ist umfangreich in seiner Publikation dokumentiert.

- Prof. Zhang hat explizit kein Virus gefunden und isoliert, daraus das virale Genom isoliert und diese als Ganzes dargestellt und sequenziert, sondern extrem kurze Stückchen an RNA aus der Lunge eines Menschen.
- Er hat entschieden, diese kurzen Stückchen an einer Sequenz eines Fledermaus-Corona-Virus auszurichten.
- Er hätte auch eine völlig andere Virus-Art als Ausrichtungsvorgabe benutzen können, hat sich aber aus Gründen, die er und andere bisher nie benannt haben, entschieden, sich an dieser Art von Corona-Virus-Genom zu orientieren.

Prof. Wenjie Tan (Na Zhu et al) richten sich exakt an der Vorgabe von Prof. Zhang und wiederholen exakt das gleiche Alignment, gegen das gleiche Fledermaus-Virus-Genom mit der RNA aus der Lunge von Patienten.

Erst danach versuchen sie auch mit RNA aus Zellkulturen das gleiche Alignment und benötigen hier aber einen extremen, zusätzlichen biochemischen Aufwand, um das gleiche Resultat im Alignment zu erhalten, wie es Prof. Zhang am 10.1.2020 vorgegeben hat.

## **Schlussfolgerung:**

Als Konsequenz steht fest, dass exakt keine virale Gensequenz gefunden wurde, sondern eine Vielfalt aus menschlicher und mikrobieller RNA aus der Lunge eines Menschen, die dann WILLKÜRLICH und nur gedanklich/rechnerisch zu einem Ganzen Genom zusammen gesetzt werden, das es in Wirklichkeit nicht gibt.

Es ist vollkommen unsinnig zu behaupten, dass es sich mit dieser willkürlichen Arbeitsweise (Ausrichtung=Alignment extrem kurzer Sequenzen zu einem riesigen ganzen Genom) in irgendeinem Sinne um virale Sequenzen handeln müsse, da die Vorgabe zur Ausrichtung ein willkürliches virales Genom ist. Es ist den Beteiligten entweder bewusst, dass auch das Genom des behaupteten Fledermaus-Corona-Virus nur ein gedanklich/rechnerisches Konstrukt ist und niemals aus einem Virus isoliert oder als Ganzes gefunden wurde oder sie handeln wissend unwissenschaftlich und rechtlich gesehen grob fahrlässig, wenn ihnen diese leicht überprüfbare Tatsache entgangen sein sollte. Dies lässt uns angesichts der Sachlage fassungslos zurück.

Die Autoren argumentieren nachweislich im Zirkelschluss und auf eindeutig unwissenschaftlichen, ja sogar anti-wissenschaftlichen Niveau.

Sie behaupten im "Main-Text":

"Once this characterisation was performed with samples from COVID-19 patients, it became clear that the virus had similarities with coronaviruses previously detected in bats."

Diese Aussage ist einfach erkennbar unwahr, denn es wurde kein Virus gefunden, sondern extrem kurze Stückchen an RNA aus einem Menschen, die an einem vorgegebenen Fledermaus-Virus-Genom ausgerichtet wurden. Dabei kann mathematisch/statistisch nichts anderes herauskommen, als das, was vorgegeben wurde. Das ist zirkelschlüssig und völlig unwissenschaftlich. Sollten Sie hierzu Publikationen vorliegen haben, welche sie uns immer noch nicht übermittelt haben, bitten wir hier nochmals um Übermittlung.

**zu B:**

Zu den SARS-CoV-2-Tests

Die Autoren schreiben unter "3. SARS-CoV-2 detection tests" "a. Tests targeting the viral genome":

"The SARS-CoV-2 RT-PCR assay was developed as soon as the first viral genome was sequenced".

Diese Aussage ist eindeutig falsch. Der Test wurde, was im vorangegangenen Briefwechsel geklärt wurde und ALLEN Beteiligten bekannt ist (jedoch aus offensichtlich unlauteren Gründen verschwiegen zu werden scheint), von Prof. Christian Drosten entwickelt und die Testreagenzien für den PCR-Test (die Primer) hergestellt, noch bevor Prof. Zhang das Genom des SARS-CoV-2 am 10.1.2020 im Internet vorgestellte. Als dann am 10.1.2020 Prof. Zhang das Genom des SARS-CoV-2 öffentlich machte, wurden die Primer-Sets von Prof. Drosten via Luftpost versendet, die am "besten zu den Sequenzen des SARS-CoV-2 passten".

Somit ist die Aussage der Autoren des "Policy Brief" widerlegt und nicht haltbar. Aus welchen Gründen solch eklatante Fehler den hochdekorierten Autoren dieses Papers unterlaufen können, ist uns völlig unverständlich.

Prof. Drosten, Freund, Kollege und Coautor von Prof. Thiel hat seine Testreagenzien (Primer) aus humanitären Gründen kostenlos an die Orte versandt, an denen mit "Infektionen" zu rechnen war. Um positive Test-Reaktionen zu garantieren, rät er zu einer extrem hohen Zyklenzahl (>39), die die PCR nicht nur völlig aussagelos macht (die Fachleute sagen "schmutzig"), sondern auch zu "positiven" Resultaten führt, wenn in der zu testenden Probe überhaupt keine RNA vorhanden ist. Das ist allen Autoren des "Policy Brief" bekannt.

Die nachfolgende Behauptung der Autoren, dass das SARS-CoV-2 in Rückstellproben vor der "Corona-Krise" nie nachgewiesen wurde, ist in sich selbst völlig bedeutungslos und unwissenschaftlich, wenn hierbei nicht angegeben wird, mit exakt welchen PCR-Methoden, mit exakt welchen Reagentien und vor allem mit welcher Zyklenzahl hierbei gearbeitet wurde. Außerdem unterdrücken die Autoren hierbei die bekannte Tatsache, dass RNA sich sehr schnell abbaut und folglich nicht mehr nachweisbar ist. So müssen laut Herstellungsangaben bestimmte RNA-Corona-Impfstoffe bei -80 Grad gelagert werden und das auch nur maximal 5 Tage, damit sie die volle Wirkkraft hätten. Diese Tatsachen sollten jedoch langläufig bekannt sein.

## Schlussfolgerung:

Die Autoren handeln bei ihren Aussagen zu den SARS-CoV-2-Testverfahren extem unwissenschaftlich und unterdrücken dabei mindestens drei bekannte und relevante Tatsachen, die jeweils schon einzeln die Behauptung der Gültigkeit (Validität) der PCR-Tests widerlegen.

Auch hier gilt: Sollte an dieser Stelle Daten nicht übermittelt oder Publikationen nicht eingereicht worden sein, bitten wir um Übersendung.

Wir fordern gemäß der Dringlichkeit und des Umfangs dieser Situation kurzfristig eine umfänglich klarstellende Antwort. Der Druck in der Gesellschaft sowie die Konsequenzen für Unternehmer und Menschen zwingen uns sonst zu rechtlichen Maßnahmen, die wir unbedingt vermeiden wollen, da wir bisher konstruktiv - wenn auch ergebnislos - kommuniziert haben.

Mit freundlichen Grüßen,  
With best regards,  
XY

---

## Stand der Dinge - Bitte um Einflussnahme

Posteingang



XY.ch>

Di., 3. Nov.  
2020, 17:53

an marcel.tanner

Lieber Herr Prof. Tanner,

ich schreibe Ihnen diese Zeilen direkt. Die Situation bereitet mir größte Sorgen. Wir haben mittlerweile ein Team von Ärzten, Rechtsanwälten, Unternehmern, Wissenschaftlern und Labore, die in dieser Sache mit uns zusammenarbeiten. Da die Darlegung von Prof. Thiel bisher völlig unzureichend war (sie kennen den Mailverlauf) und auch nach dem von Ihnen übersendeten Papier keine weiteren Erkenntnisse vorliegen, geraten wir aufgrund der Situation in akute Handlungsnot.

Ich möchte unser bisher konstruktives und angenehmes Gespräch beibehalten, bitte sie jedoch nochmals eindringlich, bevor ich mit diesen Informationen aus menschlichen, moralischen und rechtlichen Gründen an die Öffentlichkeit gehen und in die Justiz eintreten muss:

Bitte machen Sie all Ihren Einfluss geltend, dass die Beteiligten endlich und blitzschnell die Kontrollexperimente durchführen (Prof. Zhang behauptet in einem Interview, dass er das Sequenzieren der RNA und das Alignment in 40 Stunden bewerkstelligt hätte), die die Virus-Annahme mit an zu Sicherheit grenzender Wahrscheinlichkeit elegant und eindeutig widerlegen und die ich gerne finanzieren und dokumentieren werde.

Dieses Angebot steht immer noch, wurde jedoch bisher von keiner der Parteien wahrgenommen. Es sollten eigentlich bei wissenschaftlichem Arbeiten kein Problem darstellen und alle Kritiker nachhaltig zum Schweigen bringen. Wieso wird sich an dieser Stelle geweigert? Bitte helfen Sie hier mit.

Sollte dies nicht geschehen, oder keine fundierten Nachweise vorgelegt werden, werde ich gezwungen sein, Strafanzeige wegen Anstellungsbetruges gegen die Autoren des "Policy Brief der Task Force" zu stellen. Diese geben Wissenschaftlichkeit vor, verletzen aber erkennbar die Regeln wissenschaftlichen Arbeitens und die jeder Wissenschaft vorangehenden Denkgesetze und Logik. Dabei unterdrücken sie gesundheits- und lebensrelevante Fakten und vor allem die Vorgaben für wissenschaftliches Arbeiten. Meiner Meinung nach sind die Autoren für die Corona-Hysterie und die direkten und indirekten Schäden an Leib und Leben und der Wirtschaft des Schweizer Volkes mitverantwortlich. Dieser Sachverhalt lässt mir, sicherlich für sie nachvollziehbar, keine andere Wahl.

Die Tatsachen der Folgen der Corona-Politik, die ursächlich die Virologen zu verantworten haben, zwingt mich zum Handeln, um Schaden vor allem von den Kindern abzuhalten. Ich gehe davon aus, dass Sie als einer der höchstdekorierten Wissenschaftler der Schweiz das gleiche Interesse haben, Wahrheit zu finden, Unwissenschaftlichkeit zu stoppen und den Menschen in der Schweiz ein Leben in Frieden, Freiheit und Wahrheit zu ermöglichen.

Bitte setzen Sie sich dafür ein, dass diese Menschen die offensichtlich irren - und irren ist menschlich - ihr Gesicht bewahren können. Gerade für mich als Christ gilt: Mit den Menschen und nicht gegen sie. Ich möchte nochmals betonen, dass ich den Rechtsweg als allerletztes Mittel sehe, wir müssen jedoch als verantwortliche Menschen tätig werden, bei all dem Leid, welches täglich an uns herangetragen wird.

Lieber Herr Prof. Tanner, ich habe sie - und das freut mich sehr - als integeren und kritischen Menschen kennengelernt. Ich schätze Sie sehr. Sie sind an einer Schlüsselposition. Auf Sie hören die Menschen. Sie sind ein weiser Mann. Sollte ich widerlegt werden, werde ich alle Konsequenzen gerne tragen. Wenn jedoch nicht - und davon muss man nach dem bisherigen Wissensstand ausgehen - bin ich sicher, dass Sie das Richtige tun werden.

Ich wünsche Ihnen einen guten Abend und freue mich auf eine zeitnahe Rückmeldung.

Mit freundlichen Grüßen,  
With best regards,

XY

---

**XY.ch>**

11.11.2020,  
14:15

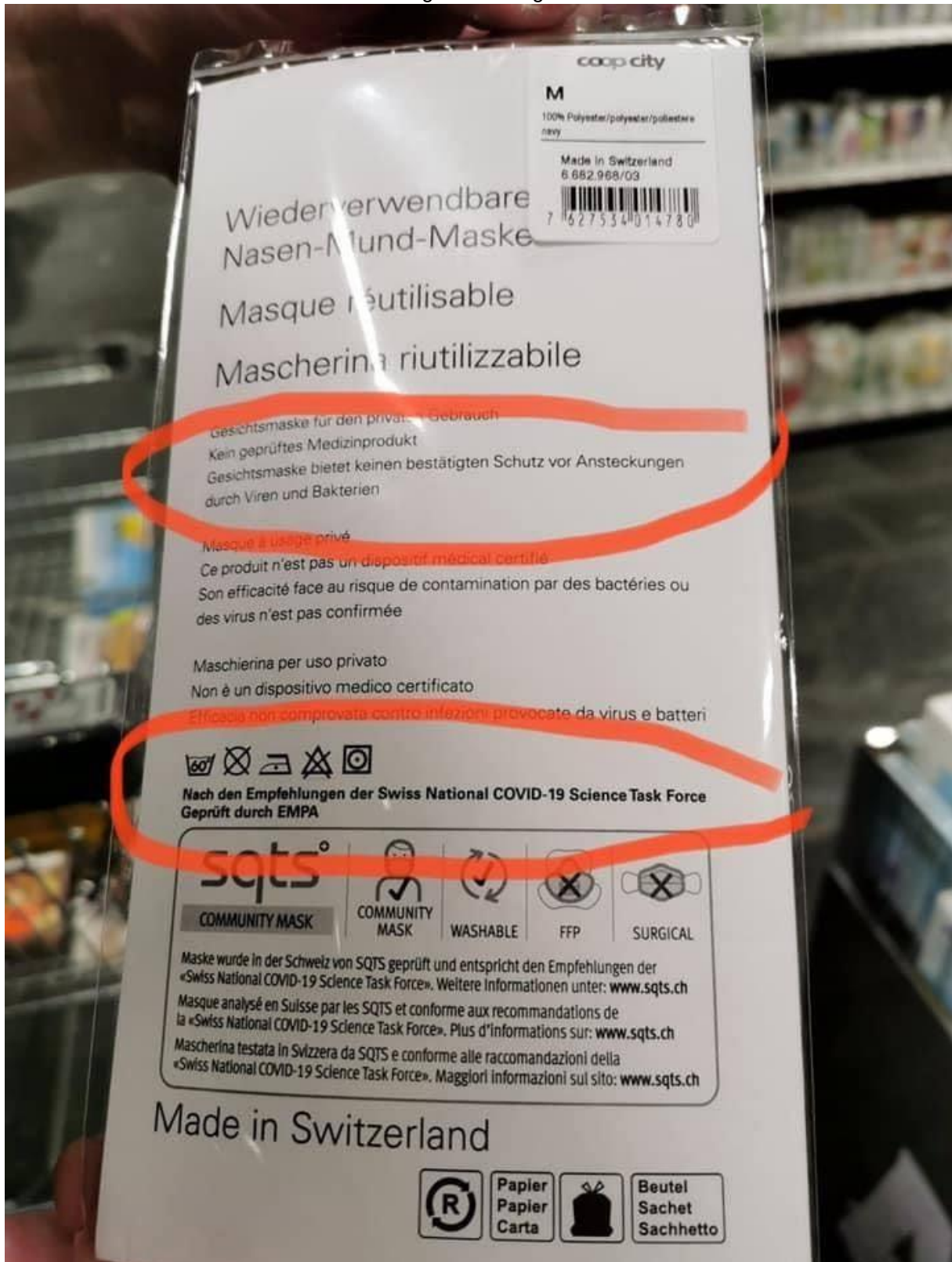
an marcel.tanner;

Sehr geehrter Herr Prof. Tanner,

wir haben immer noch keine Neuigkeiten zu unseren letzten Email. Ich benötige hier nun ein abschließendes Statement.

Dazu würde ich mich freuen, wenn Sie mir einen Kommentar zu dem angefügten Foto zur Verfügung

stellen könnten. Besten Dank und einen erfolgreichen Tag.



With best regards, XY

