Neuauflage des Brandbriefes vom 11.12.2020

04.07.2023

AG Impfstoffe Aufklärung

Wir können die Augen nicht mehr davor verschließen, daß unsere Patienten teilweise massiv unter anhaltenden Nebenwirkungen der Corona-Injektionen leiden. Engagierte Therapeuten kümmern sich seit Monaten um sie, was sie physisch, psychisch, aber auch zeitlich an ihre Grenzen bringt. Beherzt betreten sie völliges Neuland und tauschen sich daher intensiv über biochemische Grundlagen und Therapieansätze aus.

Wäre das manchmal zu Invalidität führende Leid unserer Patienten vermeidbar gewesen?

Was hätte man von Anfang an vorhersehen können, hätte man die kritischen Fachleute, die vor den Injektionen warnten, gehört und sie explizit gefragt, woher sie ihr Wissen haben?

Lesen Sie dazu den mutigen Brandbrief einer erfahrenen promovierten Virologin und niedergelassenen Fachärztin für Allgemeinmedizin.

Neuauflage des Brandbriefes vom 11.12.2020

Johanna Deinert

Hinweise der Redaktion

Zielgruppen dieses Artikels sind die allgemeine Bevölkerung sowie Entscheidungsträger, Anwälte, Staatsanwälte und Richter ohne entsprechende Fachkenntnisse. Aus Gründen der Allgemeinverständlichkeit wurde daher auf einige wissenschaftlich-technische Details verzichtet, wobei auf eine fachlich korrekte Darstellung der Rechercheergebnisse nach bestem Wissen und Gewissen geachtet wurde.
Sollten uns trotzdem Fehler unterlaufen sein, sind wir für fachlich sauber belegte Hinweise aus dem Originalquellen dankbar, um das Dokument zu aktualisieren und zu vervollständigen.
Wir bitten die unten genannte Kontaktmöglichkeit nur für fachliche Unterstützung zu nutzen.

Webweite: https://expertcouncil.one/
E-Mail: info@expertcouncil.one sowie expertcouncil@swisscows.email

Unsere Vernetzung

www.mwgfd.de

www.corih.de

www.cormea.de

www.corona-solution.com

www.worldcouncilforhealth.org

www.aerzte-hippokratischer-eid.de

www.aerzte-fuer-aufklaerung.de

www.afaev.de

medicalcrisisdeclaration.com

www.aerzte-stehen-auf.de

Impressum

Verantwortlich im Sinne des Presserechts:
Expertcouncil.one e.V., A-8200 Gleisdorf, Österreich
Autoren: Frau Dr. Johanna Deinert, wissenschaftliche Recherche und Analyse
Redaktion: Dr. Klaus Retzlaff, Böklinger Str. 36, 39444 Hecklingen
Arbeitsgruppe Impfstoffe Aufklärung, Expertcouncil.one e.V.
Stiftung Ärzte für Aufklärung Hamburg, kontakt@aerzte-fuer-aufklaerung.de

Copyright: License - Creative Commons, Namensnennung „***Expertcouncil.one***“ - Nicht-kommerziell - Weitergabe unter gleichen Bedingungen, **CC BY-NC-SA**

Zur Neuauflage des Brandbriefes vom 11. Dezember 2020

Bereits am 11. Dezember 2020 skizzierte die promovierte Virologin und niedergelassene Fachärztin für Allgemeinmedizin Dr. Johanna Deinert in ihrem Brandbrief ausführlich die Entstehung von SARS-CoV-2 im Labor.

Sie ging auf die Vorenthaltung von erfolgreichen und preiswerten Medikamenten zur suffizienten Behandlung von Covid-19 sowie ihre Bedenken bezüglich der angedachten Covidimpfstoffe fundiert ein. Des Weiteren verwies sie explizit darauf, wie wichtig eine offene Diskussion ohne Zensur und Denkverbote ist.

Unsere Kollegin stützt ihre Ausführungen fortwährend auf ihre eigenen wissenschaftlichen Leistungen, den intensiven Austausch mit Kollegen sowie auf zahlreiche Literaturquellen. Nicht zuletzt nutzt sie dabei ihre klinische Beobachtungsgabe und ihre tägliche Erfahrung im Umgang mit Covid-19-Patienten. Wir stellen uns dabei folgende Fragen: Was hätte verhindert werden können, wenn ihre Ausführungen Beachtung gefunden hätten? Wo stünden wir heute?

Als Verein Expertcouncil.one haben wir uns zur Neuauflage des Brandbriefes und zur Versendung an Sie entschieden, weil der Brief nichts von seiner Aktualität verloren hat. Vielmehr wurden alle Ausführungen und Prognosen unserer Kollegin durch weitere Studien belegt. Tatsächlich wurden ihre schlimmsten Befürchtungen zu den sog. Impfungen für viele unserer Patienten traurige Realität. Neben den bereits anerkannten Impfschäden wie Thrombosen (diese führten leider auch zu Mehrfachamputationen und Lungenembolien), berichten unsere Patienten über eine Vielzahl von Symptomen und Erkrankungen. Sicherlich ist Ihnen bereits bekannt, dass sich darunter neurologische Symptome wie brennende, starke Schmerzen in der Haut, Schlaganfälle sowie Merkfähigkeits- und Sprachstörungen bzw. starke kognitive Beeinträchtigungen finden. Genauso wird von Hauterkrankungen oder wochenlang-anhaltenden Menstruationsbeschwerden, welche Betroffene in die Notaufnahmen von Kliniken treiben, sowie lebensbedrohlichen Herzerkrankungen berichtet, um nur einen Bruchteil zu nennen.

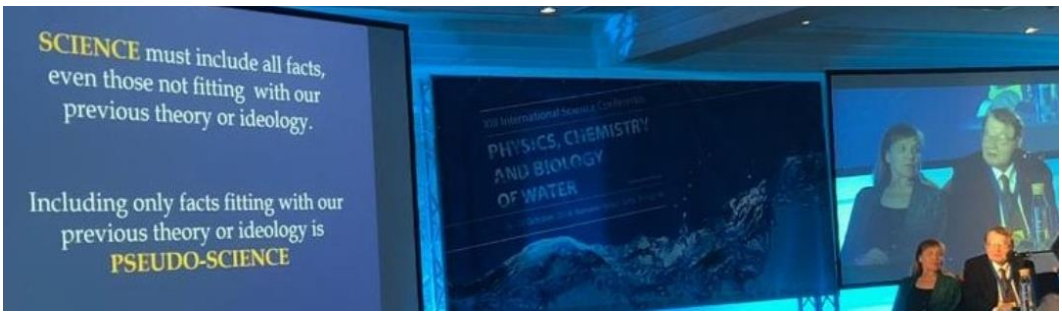
Da oft viele Körperregionen und Organsysteme betroffen sind, wird Patienten meist gesagt, dass die sog. Impfung dafür nicht ursächlich sein könnte. Wie interne Studien von Pfizer aufzeigen, werden die Lipid-Nanopartikel mit der mRNA bereits innerhalb von Minuten nach der Injektion im gesamten Körper verteilt. Somit werden alle Zellen des Körpers erreicht, die Lipid-Nanopartikel dringen aufgrund der energetischen Ladung aktiv in alle Zelltypen ein und zwingen diese das Spike-Protein, ein Fremdprotein, zu bilden und an der Zelloberfläche zu exprimieren. Diese Zellen werden von Immunzellen erkannt und abgetötet, was naheliegenderweise zu Schäden in jedem betroffenen Organsystem und in allen Gefäßinnenwänden führt. Dies ist bereits durch Funde der Pathologen um Professor Dr. Arne Burkhardt sowie Dr. Michael Mörz aufgrund von immunhistochemischen Färbungen bewiesen worden. Die Spike-Proteine wurden in vielen Geweben bereits nachgewiesen, nicht nur in Herz, Gehirn und rupturierten Körperhauptschlagadern. Aufgrund der sich täglich häufenden Berichte von Betroffenen, die mittlerweile auch im öffentlichen Fernsehen berichtet werden, wird sich bald niemand mehr hinter dem Argument verstecken können, er hätte nichts von den signifikanten Risiken gewusst.

Es sollte tägliche Pflicht im Leben sein, dass wir entscheidende und berechtigte kritische Fragen stellen und uns hinterfragen, ob wir die Augen verschlossen halten? Ein sehendes Schweigen wirkt am Ende des Tages oft schlimmer als „blinder Gehorsam“.

Mit dem unten stehenden Brief wenden wir uns hoffnungsvoll an Sie, da es höchste Zeit wird, die unermesslichen Schädigungen bewusst anzusehen und einzuordnen. Die Zeit drängt dazu, dass Menschen, die ihre Hoffnung in die Medizin und Wissenschaft investiert haben, eine angemessene Entschuldigung und Hilfe in ihrer Opferrolle erhalten. Letzteres ist eine Aufgabe, der sich die Menschen in medizinischen Berufen, welche frühzeitig die Katastrophe erkannten, bereits intensiv seit langer Zeit widmen und entsprechenden Vorsprung gegenüber anderen, gutgläubigeren Kollegen haben.

Für unsere Kollegin und Autorin des Brandbriefes im Namen des Expertcouncil.one im März 2023.

BRANDBRIEF



Belege für eine Laborherkunft des COVID-19 Erregers, SARS-CoV-2.

Dr.med. Johanna Deinert am 11.12.2020

Promoviert in medizinischer Virologie am Bernhardt-Nocht-Institut für Tropenmedizin und jetzt in „freier“ Berufsausübung als Facharzt für Allgemeinmedizin tätig.

ES BRENNT – Übersicht/Zusammenfassung:

Im Anbetracht der anstehenden Impfkampagne beeinflusst die Corona-Pandemie aktuell zunehmend jeden einzelnen Bürger. Seit dem 21. Januar beobachte ich bereits die Pandemie und kommuniziere mit meinem Netzwerk aus Ärzten und Wissenschaftlern verschiedenster Fachdisziplinen. **Aufgrund meiner wissenschaftlichen Qualifikation und praktischen Tätigkeit in der Primärversorgung von COVID-19 Patienten ambulant, kann ich wissenschaftlichen Ungereimtheiten und unehrliche Berichterstattung schnell erkennen.**

Für mich besteht nach eingehender wissenschaftlicher Prüfung und Diskussion mit hochqualifizierten internationalen Wissenschaftlern kein Zweifel an einer LABORHERKUNFT des SARS-CoV-2. Durch meine experimentelle Arbeit in der Abteilung für Virologie, habe ich Einblicke in die Arbeit von Dr. Drosten während des SARS Ausbruchs in 2002/2003 erhalten können und habe in den Folgejahren sporadisch die weitere Forschung an diesem Erreger beobachtet.

Besonders betrübt mich, dass trotz eindrücklicher Datenlage WIRKSAME und PATENTFREIE Medikamente gegen die Erkrankung NICHT EINGESETZT werden, eine hochexperimentelle Impfung jedoch für Millionen Bürger die NOTFALLZULASSUNG in Aussicht gestellt bekommt.

Inhalt

ES BRENNT – Übersicht/Zusammenfassung: 1

Einleitung 2

Belege für LABORHERKUNFT 3

Wissenschaftliche Spurensuche - überraschende Ergebnisse aus Indien 4

Weitere computergestützte Genanalysen aus Frankreich 5

In Hong-Kong war sie nicht mehr sicher 6

Ein Resumee aus der Beobachterperspektive – Österreich und Canada 8

Wie können wir das Feuer noch löschen? 9

Schlusswort - Welche Feuerwehr kann mir am besten helfen? 12

Einleitung

Im Anbetracht der anstehenden Impfkampagne beeinflusst die Corona-Pandemie aktuell jeden einzelnen Bürger. Seit dem 21. Januar beobachte ich die Pandemie und kommuniziere mit meinem Netzwerk aus Ärzten und Wissenschaftlern verschiedenster Fachdisziplinen. Dazu gehören einige der im Folgenden zitierten Wissenschaftler, wie Nobelpreisträger Prof. Luc Montagnier (Entdeckung des HIV) und Prof. Christian Drosten. Während meiner experimentellen Promotionsarbeit zwischen 2001 und 2004 war ich in der Nachbararbeitsgruppe von Herrn Drosten tätig und habe mich mit ihm über erste SARS-Pandemie 2003 viel mit ihm ausgetauscht. Ich habe eine primär Patienten versorgende Facharztanerkennung angestrebt. Mein fachärztlicher Schwerpunkt in der Allgemeinmedizin liegt in chronisch entzündlichen und immunologischen Erkrankungen, so dass die berufliche Notwendigkeit einer intensiven Beschäftigung mit dem neuartigen Corona-Virus sich bereits im Januar 2020 ergab.

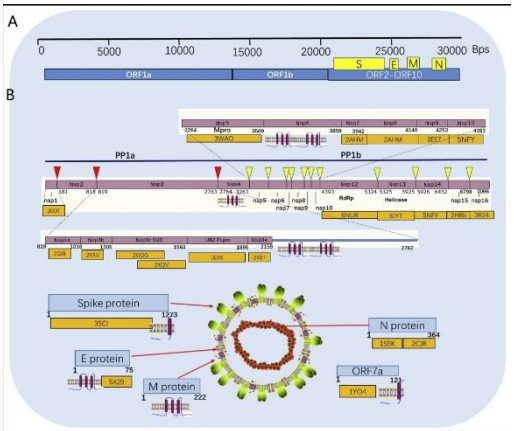


Abbildung 1: A) Lineare Verteilung der SARS-CoV-2 Gene entlang des Gesamtgenoms (x-Achse: Position im Genom nach anzahl der Basenpaare (Bps) - ORF=Open Reading Frame, S=Spike-Eiweiß-Gen, E=Envelope-Eiweiß-Gen, N=Nucleocapsid-Gen; B) Schnittstellen von Spaltungs-Eiweißen zur Vorbereitung der Einschleusung der Virus-RNA in den Wirtszell-Stoffwechsel, Lokalisation der Struktur-Eiweiße aus A in der Schemazeichnung[2]

Meine vornehmlich zur Risikogruppe gehörenden Patienten habe ich aufgeklärt und zur Kontaktreduktion und besonderen Hygiene aufgefordert. Nach Aufforderung durch meine klinisch tätigen Kollegen habe ich mich am 09.03.2020 der Einsatzzentrale des Notdienstes meiner Kassenärztlichen Vereinigung als Berater zur Verfügung gestellt und habe dort die Leitung und Patienten mit Covid-Verdacht telefonisch beraten und für die Testung triagiert. Mittlerweile sehe ich Covid-19 Patienten im fahrenden ärztlichen Notdienst und Verdachtsfälle im Abstrich-Dienst.

Nach früher Rücksprachen mit Ärztekammer, RKI, Charité habe ich mich bei zunehmender Bestätigung einer nicht natürlichen Herkunft des SARS-CoV-2 etwa im Mai auch mit dem Admiralarzt des Hamburger Bundeswehr Krankenhauses ausgetauscht. Wir waren uns bereits damals einig, dass es sich klinisch nicht nur um eine Lungenerkrankung, sondern vielmehr um ein generalisiertes Gefäßproblem handelt. Dies wurde im letzten Ärzteblatt nun zum Titel-Thema Long-Covid klar bestätigt – etwa 6 Monate später.[1]

Damit möchte ich sagen, dass ich wegen meiner Spezialisierung über viele Informationen und Erfahrungen verfüge, von denen die meisten meiner ärztlichen Kollegen erst jetzt lernen, oder sie noch gar nicht wissen. Derzeit gibt es keine Empfehlung zu ambulanten Therapieansätzen oder die Para-Immunität stärkende Lebensweise. Es gibt jedoch seit langem die Erkenntnis, dass Zink-Finger-Eiweiße innerhalb der Zelle, der pH Wert und die Mikronährstoffzufuhr (Vitamin C, Vitamin D) das Immunsystem unterstützen und Viruserkrankungen positiv beeinflussen können.

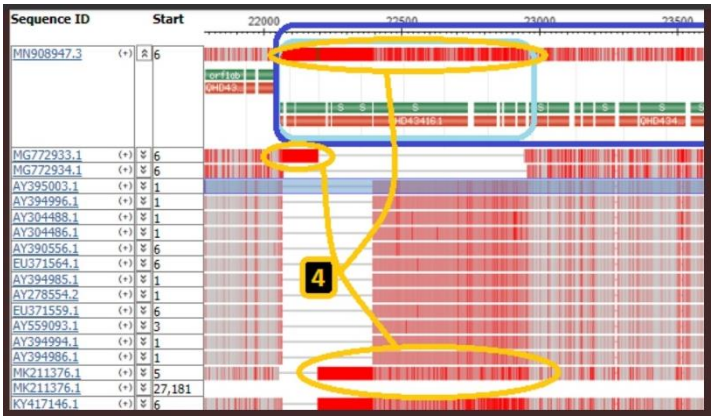
Aus China haben kamen bereits im Januar/Februar eine Fülle an Veröffentlichungen und auch computergestützten Bindungsanalysen diverser bekannter Medikamente und Naturheilkundlicher Präparate. Das Umfangreiche Dokument von Wu et.al enthält ebenfalls eine gute Darstellung des genetischen Aufbaus und seiner funktionell Wirksamen Eiweiße (Abb. 1).[2]

[1] Lenzen-Schulte, Martina. (December 4, 2020) Long COVID: Der lange Schatten von COVID-19. Dtsch Arztebl International (49), S.2416, https://www.aerzteblatt.de/int/article.asp?id=217002

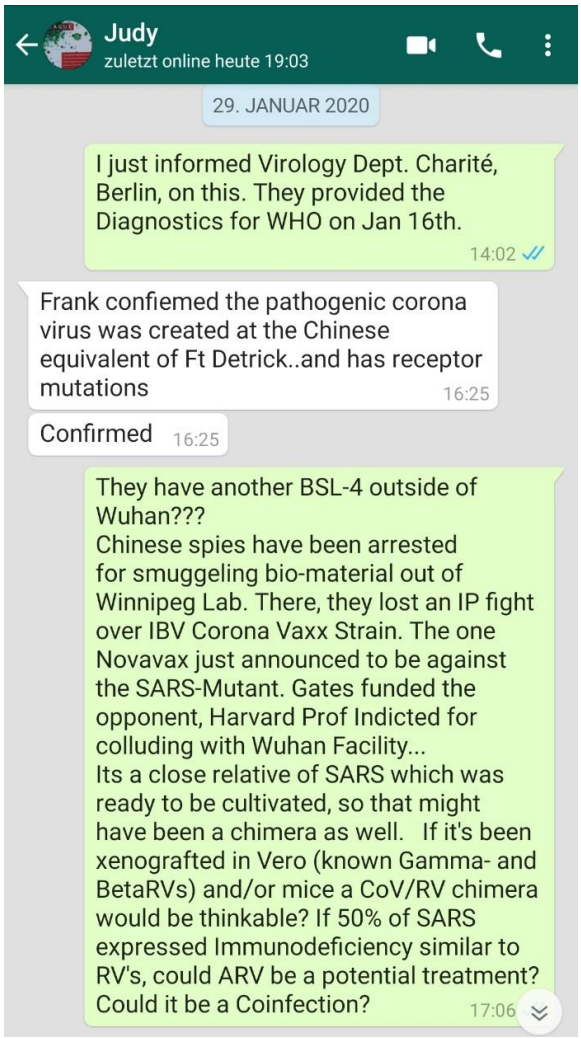
[2] 2020-02-27 als preprint, im peer-review veröffentlicht Mai 2020: C. Wu, Y. Liu, Y. Yang, P. Zhang, W. Zhong, Y. Wang, Q. Wang, Y. Xu, M. Li, X. Li, M. Zheng, L. Chen, H. Li, Analysis of therapeutic targets for SARS-CoV-2 and

Belege für LABORHERKUNFT

Das erste Verdachtsmoment ergaben sich schon im Januar, durch die relative Nähe des Ausbruchs zum Wuhan Institut für Virologie (Sicherheitsstufe 4 Labor). Dazu kamen Interaktionen über soziale Medien mit Studenten der Uni Hong-Kong hochverdächtigem Sequenzvergleich verschiedener CoV-Proben. Viele mittlerweile gelöschte Videos direkt aus Wuhan haben zumindest für einige Blickdiagnosen ausreichen können.



Ein Austausch mit der Virusspezialistin Dr. Judy Mikovits am 29.01.2020 bestätigte mich in diesen Anfangsverdacht ebenfalls. Aufgrund einer Kooperation zu einem Patienten bestand bereits seit zwei Jahren ein loser aber direkter Schriftverkehr. Den Entwurf ihres zweiten Buches hatte ich ebenso wie einige ihrer Rohdaten bereits im Sommer 2019 zur Einsicht erhalten.[3]



Ich: *„Ich habe gerade die Charité darüber informiert. Sie haben den Diagnostischen Test für die WHO am 16. Januar vorgelegt.“*
Judy: *„Frank hat bestätigt dass das krankmachende Corona in dem chinesischen Äquivalent zum Fort Detrick entstanden ist… und Mutationen am Rezeptor hat“*
Ich: *„Haben die noch ein anderes Sicherheitsstufe 4 Labor außerhalb von Wuhan? Chinesische Spione wurden verhaftet, als sie Bio-Material aus dem Winnipeg Labor geschmuggelt haben. Dort haben sie einen Patent-Streit über den Corona-Impfvirus (IBV) verloren. Den, den Novavax gerade angepriesen hat, dass er gegen die SARS-Mutante wirke. Gates hat den Gegenspieler finanziert, ein Harvard-Professor wurde wegen Klüngelei mit der Wuhan Einrichtung angeklagt… Es ist ein enger Verwandter von SARS, das damals sehr einfach kultiviert werden konnte, also hätte auch das schon eine Chimäre sein können. Wenn es in Vero-Zellen (bekannte Gamma- und Beta-RVs) und/oder Tiergewebe gezogen wurde, wäre eine CoV/RV Chimäre denkbar? Wenn schon bei 50% der SARS Fälle eine Immunstörung ähnlich wie bei RV [Retroviren, z.B. HIV] vorlag, könnten dann ARV [AntiRetroVirale Therapie] eine mögliche Behandlung sein? Könnte es auch eine Ko-Infektion sein?“*

discovery of potential drugs by computational methods, Acta Pharmaceutica Sinica B, Volume 10, Issue 5, 2020, pp. 766-788, https://doi.org/10.1016/j.apsb.2020.02.008.

[3] 2020-04-14 Buch: Plague of Corruption https://www.simonandschuster.com/books/Plague-of-Corruption/Judy-Mikovits/Children-s-Health-Defense/9781510752245

Wissenschaftliche Spurensuche - überraschende Ergebnisse aus Indien

Die erste Veröffentlichung mit dem Befund einer genetischen Variation, die nur sehr unwahrscheinlich in der Natur entstanden sein konnte, wurde am 31. Januar von der indischen Arbeitsgruppe um Pradhan et.al. als Preprint veröffentlicht.[4] Bei der computergestützten Analyse von allen 55 bis dahin in die NCBI-Datenbank eingetragenen Coronavirus-Genomen und 28 in voller Länge vorliegender nCoV2019 Gensequenzen wurde bestätigt, dass der nächste Verwandte das erste SARS-Coronavirus ist (Sarbecovirus in der Unterfamilie der Beta-Coronaviren – daher später der Name SARS-CoV-2).

Ziel der Arbeit war das Stachel-Eiweiß (Spike) genauer zu untersuchen und zu modellieren, da diese für Aussagen zu Zielgewebe, Wirtsbreite und mögliche Impfstoffentwicklung am aussagekräftigsten sind, daher auch reichhaltige Vergleichsdaten zu erwarten waren. Beim Vergleich der 55 Coronavirus-Spike-Genome fielen 4 Abschnitte mit zusätzlichen Geninformationen auf (Insertionen), die nur im neuen Coronavirus gefunden werden konnten. Zuvor hatte die Arbeitsgruppe von Dr. Zheng-Li Shi ebenfalls solche Inserts beschrieben.[5]

bioRxiv preprint first posted online Jan. 31, 2020; doi: http://dx.doi.org/10.1101/2020.01.30.927871. The copyright holder for this preprint (which was not peer-reviewed) is the author/funder, who has granted bioRxiv a license to display the preprint in perpetuity. It is made available under a CC-BY-NC-ND 4.0 International license.

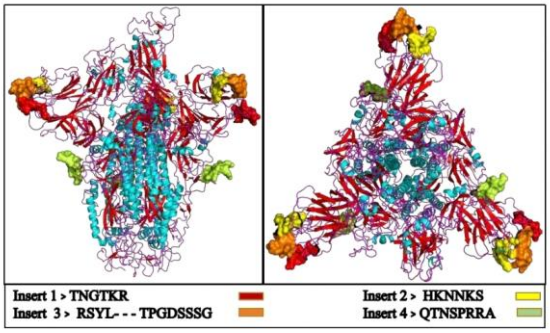


Figure 3. Modelled homo-trimer spike glycoprotein of 2019-nCoV virus. The inserts from HIV envelop protein are shown with colored beads, present at the binding site of the protein.

Motifs	Virus Glycoprotein	Motif Alignment	HIV protein and Variable region	HIV Genome Source Country/ subtype	Number of Polar Residues	Total Charge	pI Value
Insert 1	2019- nCoV (GP) HIV1(GP120)	71 76 TNGTKR TNGTKR 404 409	gp120-V4	Thailand */ CRF01_ AE	5 5	2 2	11 11
Insert 2	2019- nCoV (GP) HIV1(GP120)	145 150 HKNNKS HKNNKS 462 467	gp120-V5	Kenya*/ G	6 6	2 2	10 10
Insert 3	2019- nCoV (GP) HIV1(GP120)	245 256 RSYL----TPGDSSSG RTYLFNETRGNSSSG 136 150	gp120-V1	India*/C	8 10	2 1	10.84 8.75
Insert 4	2019- nCoV (Poly P) HIV1(gag)	676 684 QTNS_____PRRA QTNSSILMQRSNFKG PRRA 366 384	Gag	India*/C	6 12	2 4	12.00 12.30

Table 1: Aligned sequences of 2019-nCoV and gp120 protein of HIV-1 with their positions in primary sequence of protein. All the inserts have a high density of positively charged residues. The deleted fragments in insert 3 and 4 increase the positive charge to surface area ratio. *please see Supp. Table 1 for accession numbers

Um diese Insertionen besser zu verstehen, verglichen Pradhan et.al. sie mit allen zur Verfügung stehenden Virus Genomen und bemerkten überrascht eine 100%ige Übereinstimmung aller vier zusätzlichen Genabschnitte mit kurzen Sequenzen des HIV-1. Auch gab es keine Variationen innerhalb der SARS-CoV-2 Genome in diesen Stellen, sie waren 100%ig identisch, oder auch konserviert. Zudem konnten die 4 Inserts zwei Oberflächen-Struktur-Eiweißen des HIV-1 zugeordnet werden, dem Gag und dem gp120. Die Autoren diskutieren die kürze der Genabschnitte, kommen jedoch zu diesem Zeitpunkt bereits zu dem Schluss, dass eine Zufällige Einschleusung von zwei Schlüsseleiweißsequenzen eines einzigen Virus an vier Stellen des SARS-CoV-2 Genoms höchst unwahrscheinlich sei. Des Weiteren schlagen sie vor diese Gen-Abschnitte, aufgrund ihrer klaren Abgrenzbarkeit gegen zuvor bekannte Coronaviren, als PCR-Primer zu etablieren.

---

[4] 2020-01-31 Withdrawn Preprint: Prashant Pradhan, Ashutosh Kumar Pandey, Akhilesh Mishra, Parul Gupta, Praveen Kumar Tripathi, Manoj Balakrishnan Menon, James Gomes, Perumal Vivekanandan, Bishwajit Kundu Uncanny similarity of unique inserts in the 2019-nCoV spike protein to HIV-1 gp120 and Gag https://doi.org/10.1101/2020.01.30.927871

[5] 2020-01-23 preprint, im peer-review veröffentlichet 2020-02-03: Zhou, P., Yang, XL., Wang, XG. *et al.* A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin. *Nature* **579,** 270–273 (2020). https://doi.org/10.1038/s41586-020-2012-7

Die Veröffentlichung wurde sehr schnell von einigen Wissenschaftlern heftig kritisiert, zum einen aufgrund der computergestützten Vergleichsanalyse, zum anderen aufgrund der geringen Länge der zusätzlichen Genbausteine (Basen). Schon am 02. Februar wurde die Veröffentlichung von den Autoren wieder zurückgezogen.

Geopolitisch hat dies den schwelenden Konflikt zwischen Indien und China verschärft.[6] Die Truppenbewegungen an der Grenze zeigen, wie ernst beide Staaten die Differenzen nehmen.[7]

Weitere computergestützte Genanalysen aus Frankreich

Im März 2020 veröffentlichte der emeritierte Mathematiker Jean-Claude Perez unter Mitarbeit von Prof. Luc Montagnier (Nobelpreisträgers für die erstmalige Isolation und Sequenzierung des AIDS-Erregers HIV) eine Fraktal-Analyse der globalen Organisationsstruktur der bislang bekannten Genome von SARS Varianten (Sarbecoviren). [8]

Auch er hat Insertionen von sechs strategisch bedeutsamen des HIV (Humanes[Menschliches] Immundefizienz Virus) und SIV (Simian[Affen] Immundeffizienz Virus) finden können. Diese befanden sich jedoch alle auf einem nur sehr kurzen Stück des Genoms konzentriert (auf nur 1% des Gesamtgenoms).

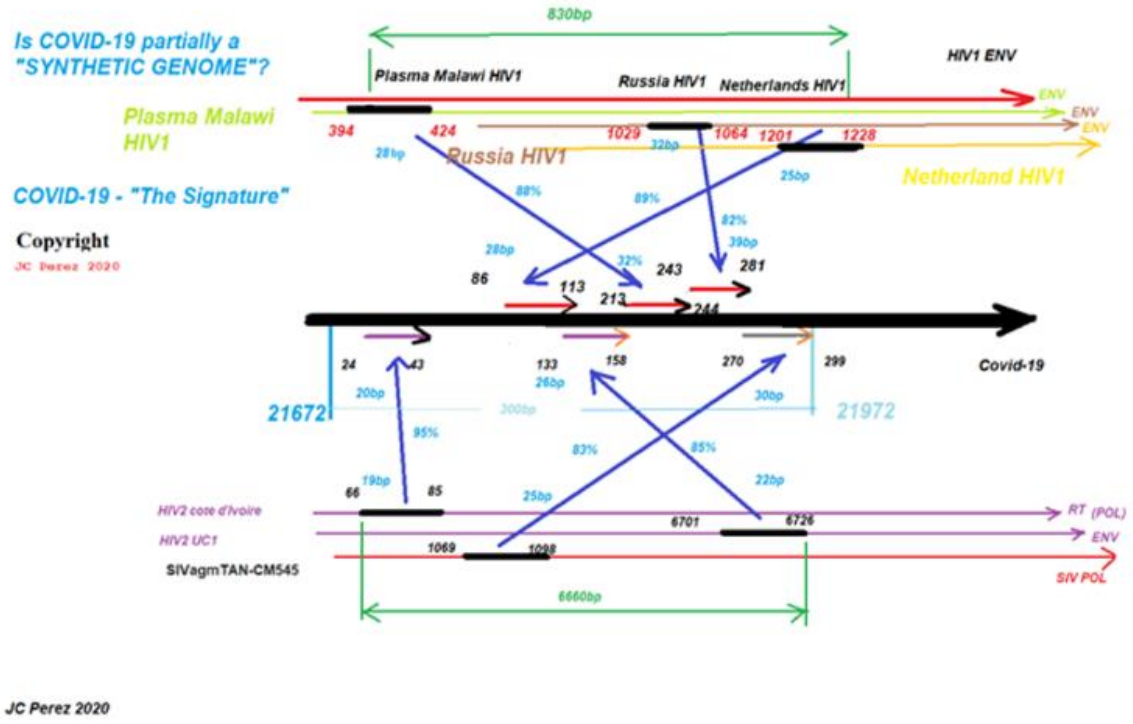


Figure 49: Is COVID-19 partially a "SYNTHETIC GENOME"?

Paradoxerweise zeigt sich jedoch in der Analyse der harmonischen globalen Ordnung des Genoms seit der Isolierung des ersten SARS-CoV in 2003 eine Zunahme der Organisation stattgefunden hat, insbesondere durch die sechs - für das SARS-CoV-2 spezifischen - Einschleusungen von HIV/SIV Sequenzen.

[6] 2020-01-26: Coronavirus Bioweapon https://greatgameindia.com/coronavirus-bioweapon/
[7] 2020-09-15: China India Border Conflict https://www.colorado.edu/polisci/2020/09/15/china-india-border-conflict-great-game-and-sino-indian-split
[8] 2020-03-23: Jean-Claude PEREZ. (2020). WUHAN COVID-19 SYNTHETIC ORIGINS AND EVOLUTION. International Journal of Research - Granthaalayah, 8(2), 285–324. http://doi.org/10.5281/zenodo.3724003

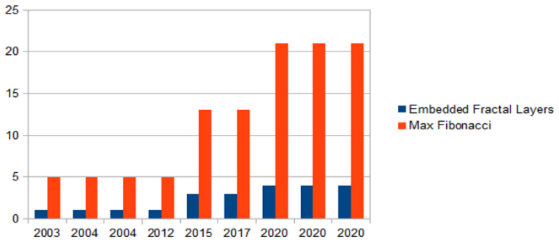


Table3: High level of correlation between the years of emergence of the SARS virus and the presence of Fibonacci fractal standing waves.

Genome reference	NCBI reference	Length bp	Fibonacci numbers FRACTAL embedded stationary waves periods				
			5bp	8bp	13bp	21bp	34bp
SARS2003	AY304488	29731	Yes				
SARS2004	DQ412043	29749	Yes				
SARS2004b	AY395003	29647	Yes				
SARS2012	KY417144.1	29770	Yes				
SARS2015	MG772934	29732	Yes	Yes	Yes		
SARS2017	MG772933	29802	Yes	Yes	Yes		
WUHANOLD	MN908943.1	30473	Yes	Yes	Yes	Yes	
WUHAN2	MN908943.2	29875	Yes	Yes	Yes	Yes	
WUHAN	MN908943.3	29903	Yes	Yes	Yes	Yes	

Als Schlussfolgerung wurde angenommen, dass aufgrund des entstandenen Symmetriebruches durch die Insertionen in der RNA-Organisation, anpassend eine Verstärkung der mathematischen Globalorganisation stattgefunden hat, indem weitere Mutationen im Gesamtgenom entstanden sind.

Als Konsequenz wird befürchtet, dass das Virus weiter mutieren wird, um sein optimales Level der fraktalen Grundorganisation nach Fibonnacci-Wellenfunktion zu erreichen. Ein Zusammenhang dieser Organisationsstruktur mit der Anpassungsfähigkeit an den menschlichen Wirt wird diskutiert.

Professor Montagnier sorgte für einige mediale Aufregung, als er im französischen Fernsehen bei Francesoir öffentlich vermutet, es könne sich beim SARS-CoV-2 um ein Experiment zur Herstellung eines HIV-Impfstoffes handeln.[9] Am 25. April veröffentlichte er jedoch gemeinsam mit Jean-Claude Perez eine Abhandlung, die genauer auf den kurzen Genabschnitt im Bereich des Stachelprotein-Gens ein, der dicht gepackte Informative Elemente von verschiedenen HIV und SIV Isolaten trägt.[10] Im August ist dieser Aufsatz im peer review erschienen. Am Folgetag veröffentlichen die Autoren einen Kommentar, in dem sie direkt die menschengemachte mit HIV manipulierte Coronavirus-Genom Evolution an.[11]

Table 11 - The 16 HIV SIV « EIE » according to their homologies with COVID-19 sorted by decreasing %.

HIV SIV strain	COVID-19 gene	Homology
HIV2 Env France 2012 (unsignificant)	Orf1ab	**100,00%**
HIV1 Sweden 2017 (recombinant form in Sweden)	Orf1ab	**100,00%**
HIV2 Env Cap verde 2012	S spike	**100,00%**
HIV2 Pol 2011 Senegal (unsignificant)	S spike	**100,00%**
SIV Pol 2015 Germany	Orf1ab	**100,00%**
SIV 2016 African Monkey	Orf1ab	**95,00%**
HIV2 RT Pol 2014 Cote d'ivoire	S spike	**95,00%**
SIV Env 2016 Africa	S spike	**95,00%**
HIV2Env 2012 Guinea	Orf1ab	94,00%
HIV1 Integrase 2004 USA	Orf1ab	93,00%
HIV1 Env 2011 USA	Orf1ab	93,00%
HIV1 Env 2016 Netherlands	S spike	89,00%
HIV1 Env 2008 Kenia	Orf1ab and S spike	88,00%
HIV1 Env 2013 Malawi	S spike	88,00%
HIV1 Env 2016 China	Orf1ab	87,00%
HIV2 1993 Cote d'ivoire	S spike	85,00%
SIV Pol 2013 CAmeroon	S spike	83,00%
HIV1 Env 2010 Russia	S spike	82,00%
Average Homology %	**9 Orf1ab and 10 S spike**	**92.61%**

In Hong-Kong war sie nicht mehr sicher

Im Juli wurde bekannt, dass eine Wissenschaftlerin aus dem WHO Referenzlabor für Coronaviren in Hong Kong bereits im April in die USA geflüchtet war, weil sie dort als Whistleblowerin über Ihre Recherche-Ergebnisse aussagen wolle. Dr. Li Meng Yan berichtete, sie habe Mann und Familie in Gefahr zurückgelassen, hätte aber Angst die Kommunistische Partei (CCP) würde sie aufgrund ihres Wissens verschwinden lassen wollen. Im September wurde Yan nach nur zwei Tagen von Twitter

[9] 2020-04-18 Asia Times https://asiatimes.com/2020/04/french-prof-sparks-furor-with-lab-leak-theory/
[10] 2020-04-25 Preprint: https://osf.io/d9e5g/
2020-08-01 im peer-review veröffentlicht: Perez, J. C., & Montagnier, L. (2020). COVID-19, SARS AND BATS CORONAVIRUSES GENOMES PECULIAR HOMOLOGOUS RNA SEQUENCES. International Journal of Research - GRANTHAALAYAH, 8(7), 217-263. https://doi.org/10.29121/granthaalayah.v8.i7.2020.678
[11] 2020-08-02: Perez, J. C., & Montagnier, L. (2020). HIV MAN-MANIPULATED CORONAVIRUS GENOME EVOLUTION: epub https://zenodo.org/record/3975589

verbannt, der Grund schien die Ankündigung der wissenschaftlichen Aufarbeitung ihrer Erkenntnisse am Folgetag gewesen zu sein.

Im ersten Yan-Report vom 14. September geht auch ihre Arbeitsgruppe auf die Genomstruktur ein, und diskutiert warum diese mehr auf eine Labormodifikation, als auf eine natürliche Herkunft hindeutet.[12] Ohne auf die vorherigen Hinweise überhaupt einzugehen, werden drei weitere Indizien für eine Laborherkunft des SARS-CoV-2 wissenschaftlich diskutiert:

1. Die Genetische Sequenz des SARS-CoV-2 ähnelt verdächtig einem Fledermausvirus, das vom Militärlabor der Dritten Medizinischen Universität (Chongquing, China) und dem Forschungsinstitut für Medizin des Nanjing Command (Nanjing, China)
2. Die Rezeptor-Bindungs-Domäne (RBD) innerhalb des Stachelproteins (Spike) des SARS-CoV-2, welches die Wirtsspezifität bestimmt, entspricht der des SARS-CoV aus der Epidemie 2003 in verdächtiger Weise. Indizien im Genom lassen vermuten, dass die RBD genetisch manipuliert wurde.
3. Das SARS-CoV-2 enthält eine einzigartige Furin-Cleavage Site (FCS) in seinem Spike-Eiweiß, welche dafür bekannt ist, dass sie die virale Infektiösität und Zellvorliebe enorm verstärkt. Allerdings ist diese FCS bisher in keinem der anderen Coronaviren dieser Unterklasse in der Natur gefunden worden. Zusätzlich sind seltene Codons (Basentriple) mit dieser zusätzlichen Sequenz assoziiert, was ebenfalls eine hohe Wahrscheinlichkeit vermuten lässt, dass diese FCS nicht das Ergebnis einer natürlichen Evolution ist. Es ist eher wahrscheinlich, dass sie mittels künstlicher Techniken ins Genom hineingeschnitten wurde, statt zufällig durch einfache wiederholte Zellpassage oder in einem Rekombinations-Ereignis von mehreren Viren in co-infizierten Zellen oder Tieren entstanden zu sein.

Im zweiten Yan-Report wird sie mit ihren Co-Autoren wesentlich deutlicher:

> ***„SARS-CoV-2 ist eine entfesselte Biowaffe: eine aufgedeckte Wahrheit durch die Enthüllung von groß angelegtem und organisiertem Wissenschaftsbetrug.“[13]***

Mit Bezug auf den Ausschluss einer natürlichen Herkunft in der ersten Veröffentlichung widmen sich die Autoren nun den bisherigen Publikationen, die diese Hypothese mittels einiger Coronaviren-Genome unterstützt haben, die aber erst nach Ausbruch veröffentlicht wurden. Es wurde berichtet, dass diese Viren (das RaTG13 Fledermaus-Virus, einige Pangolin-Viren und das RmYN02 Fledermaus-Virus) eine hohe Sequenz-Ähnlichkeit mit dem SARS-CoV-2 aufwiesen, woraus in der Gesamtschau ein scheinbar plausibler Weg für eine natürliche Evolution konstruiert werden könne. Die Autoren zeigen auf, dass die Gendaten dieser Viren erfunden wurden um die eigentliche Herkunft des SARS-CoV-2 zu vertuschen. Dies wiederum deutet umso mehr darauf hin, dass es sich bei den hier vorhandenen Labormodifikationen um mehr als simple Gain-of-Function Forschung handelt.

[12] 2020-09-14: Yan, Li-Meng, Kang, Shu, Guan, Jie, & Hu, Shanchang. (2020, September 14). Unusual Features of the SARS-CoV-2 Genome Suggesting Sophisticated Laboratory Modification Rather Than Natural Evolution and Delineation of Its Probable Synthetic Route. Zenodo. http://doi.org/10.5281/zenodo.4028830

[13] 2020-10-08: Yan, Li-Meng, Kang, Shu, Guan, Jie, & Hu, Shanchang. (2020, October 8). SARS-CoV-2 Is an Unrestricted Bioweapon: A Truth Revealed through Uncovering a Large-Scale, Organized Scientific Fraud. Zenodo. http://doi.org/10.5281/zenodo.4073131

Das Ausmaß und die koordinierte Natur dieses Wissenschaftsbetruges ist Ausdruck des Grades an Korruption in den Feldern der akademischen Forschung und dem Öffentlichen Gesundheitswesen. Als Ergebnis dieser Korruption wurde sowohl dem Ansehen der Wissenschaftlichen Gemeinschaft, als auch der Gesundheit der Weltbevölkerung Schaden zugefügt.

Wichtig sei anzumerken, schreiben die im Exil lebenden Autoren, dass SARS-CoV-2 nach den Kriterien der Peoples Liberation Army (PLA, China) eindeutig einer Biowaffe entspricht. Ihre Schlagkraft sei dabei weit höher, als dies bei typischen Biowaffen der Fall sei. Zusätzlich gäbe es Hinweise, dass die Ausbringung dieses bewaffneten Erregers eher absichtlich als durch einen Unfall geschehen ist.

Die Autoren definieren Abschließend das **SARS-CoV-2** als eine **Entfesselte Biowaffe** und die laufende Pandemie als ein Ergebnis einer **Entfesselten Biologischen Kriegsführung**. Es wird empfohlen Ermittlungen gegen die verdächtigte Regierung und Personen einzuleiten, die diese brutale Attacke auf die globale Gemeinschaft zu verantworten haben.

Ein Resumee aus der Beobachterperspektive – Österreich und Canada

Bereits im April haben Dr. Rossana Segreto vom Institut für Mikrobiologie Innsbruck, Österreich, und Yuri Deigin von einem Bio-Tech Unternehmen davor gewarnt, dass die Diskussion einer Laborherkunft kein Tabu darstellen darf. Sie stellen im Titel ihrer Arbeit die zynische Frage, ob das in Betracht ziehen einer Laborherkunft des SARS-CoV-2 eine Verschwörungstheorie sei die zensiert werden müsse.[14] Gemeinsam veröffentlichen sie seit November diskussionen zu einzelnen Themen die Dr Yan et.al. angespochen haben auf. Sie bestätigen, dass anhand der genetischen Struktur des SARS-CoV-2 eine Laborherkunft nicht ausgeschlossen werden kann.[15] Außerdem gehen sie ausführlich auf Manipulationshinweise im Spike-Eiweiß des RmYN02 Fledermaus-Virus ein.[16]

[14] Rossana Segreto & Yuri Deigin. Is considering a genetic-manipulation origin for SARS-CoV-2 a conspiracy theory that must be censored? DOI: 10.13140/RG.2.2.31358.13129/1 https://www.researchgate.net/publication/340924249_Is_considering_a_genetic-manipulation_origin_for_SARS-CoV-2_a_conspiracy_theory_that_must_be_censored

[15] 2020-11-17: Segreto, R., & Deigin, Y. (2020). The genetic structure of SARS-CoV-2 does not rule out a laboratory origin. BioEssays, e2000240. https://doi.org/10.1002/bies.202000240.

[16] 2020-12-01: Yuri Deigin, Rossana Segreto. The bat coronavirus RmYN02 is characterized by a 6-nucleotide deletion at the S1/S2 junction, and its claimed PAA insertion is highly doubtful. Epub: https://arxiv.org/abs/2012.00627

Wie können wir das Feuer noch löschen?

Besonders betrübt mich, dass trotz eindrücklicher Datenlage WIRKSAME und PATENTFREIE Medikamente gegen die Erkrankung NICHT EINGESETZT werden, eine hochexperimentelle Impfung jedoch für Millionen Bürger die NOTFALLZULASSUNG in Aussicht gestellt bekommt.

Wie von Jean-Claude Perez vermutet, konnten Im Verlauf der Pandemie bereits Mutationen gefunden werden, die zum Teil weniger krankmachend waren, gelegentlich aber insbesondere mit höhrerer globaler Organisationsstrukturen sogar als besonders krank machendes **Superantigen** fungieren können. Gemäß unveröffentlichter Fraktal-Analysen der Impf-mRNA von Pfizer, ist wegen der vom Hersteller gewählten Sequenzen insbesondere bei der mRNA-Impfung von Pfizer eine deutliche Verstärkung der Antigenen Eigenschaften zu erwarten.

Erste Berichte über **schwere Allergische Reaktionen und Gefäßerkrankungsbedingtem Tod** sickern nur mühsam durch all die euphorischen Impfvorbereitungen. Die ethische Redlichkeit der Impfstudien steht in Frage, da das sehr realistische Risiko einer **Antikörper Bedingten Erkrankungsverstärkung** nicht zuverlässig in vorklinischen Tierversuchen ausgeschlossen wurde und dies den Studienteilnehmern bei der Aufklärung zur Studie nicht mitgeteilt wurde. **Es ist bemerkenswert, dass erste Impflinge in Australien nach der Impfung erstmalig positiv auf HIV getestet wurden.**

Besonders im Anbetracht der scharfen Kritik und Zensur von altbekannten und patentfreien Medikamenten, die auch noch sehr günstig zu haben sind, muss von einem finanziellen Interesse ausgegangen werden, eine Neuzulassung auf ein Patentgebundenes Produkt zu erwirken. Die **Unterdrückung vielversprechender Ergebnisse einer frühzeitig ambulanten Therapie** mit den alten Präparaten Hydroxychloroquin oder Ivermectin kann medizinisch nicht hinreichend begründet werden. Auch hier ist an Studiendaten manipuliert worden und mutmaßlich absichtlich eine toxische osis in der Prüfung eingesetzt worden.

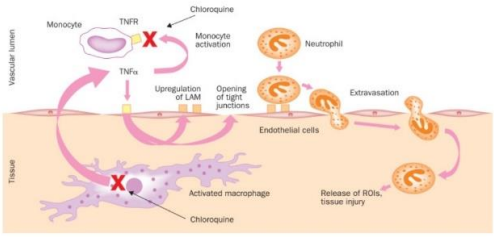


Figure 2 Effects of chloroquine on the immune system. TNFα is produced by activated monocytes/macrophages. Among its multiple functions it helps to activate resting monocytes and favours extravasation of neutrophils by opening tight junctions between human vascular endothelial cells and upregulating leucocyte adhesion molecules (LAM).[26] Chloroquine diminishes TNFα production and downregulates the TNFα receptors 1 and 2 (TNFR) on the monocyte cell surface, which eventually results in decreasedmonocyte activation as well as decreased leucocyte extravasation. Red crosses mark the steps directly inhibited by chloroquine.

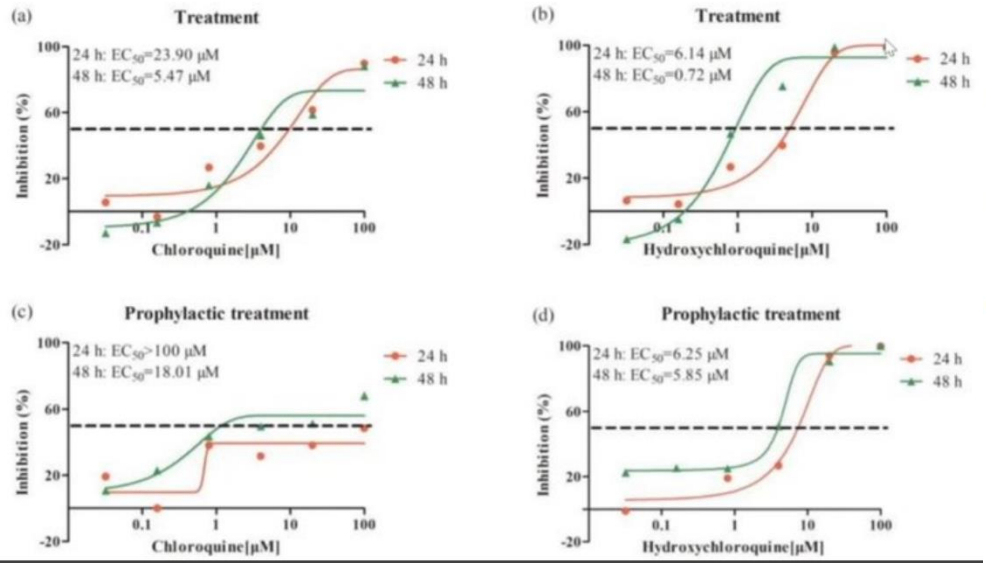
Nachdem im März die Pandemie in Europa angekommen war, hatte Professor Didier Raoult an seiner Klinik in Marseille bei ersten klinischen Beobachtungsstudien mit Hydroxychloroquin von vielversprechenden Verläufe berichtet. Dieses Medikament ist auf dem deutschen Markt zugelassen und wird zur Therapie von Autoimmunerkrankungen als Dauermedikation auf Krankenkassenkosten verschrieben. Es wird auch prophylaktisch bei Reisen in ein Malariagebiet verordnet. Für diese Studie wurde der erfahrene Professor vom Europapolitiker Daniel Cohn-Bendit harsch kritisiert.[17] Mehrere Veröffentlichungen hatten das verwandte Chloroquin als vielversprechenden Kandidaten erwähnt. Bereits in Veröffentlichungen ab 2004 wird sein Wirkmechanismus insbesondere gegen die Immunsystembeteiligung bei SARS und HIV diskutiert.[18]

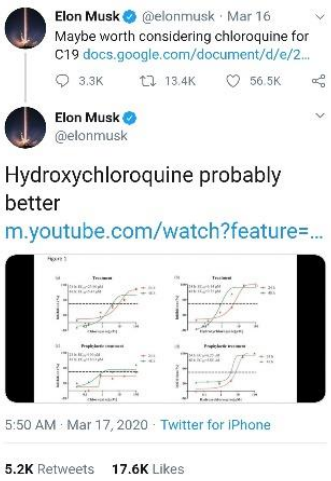
[17] 2020-03-30: Didier Raoult wird von Daniel Cohn Bendit angegriffen. https://www.tellerreport.com/news/2020-03-30---%E2%80%9Clet-him-shut-his-mouth%E2%80%9D%E2%80%A6-daniel-cohn-bendit-gets-angry-with-dr--raoult-.ByMBkIE1DL.html

[18] Chloroquin old Drug for new disease

In ähnlichen Hemmkinetiken, wie ich sie für meine Doktorarbeit erstellt hatte, zeigten sich jedoch wesentlich bessere Hemmeigenschaften beim Hydroxychloroquin, sowie bemerkenswerterweise auch eine deutlich bessere prophylaktische Wirkstärke.

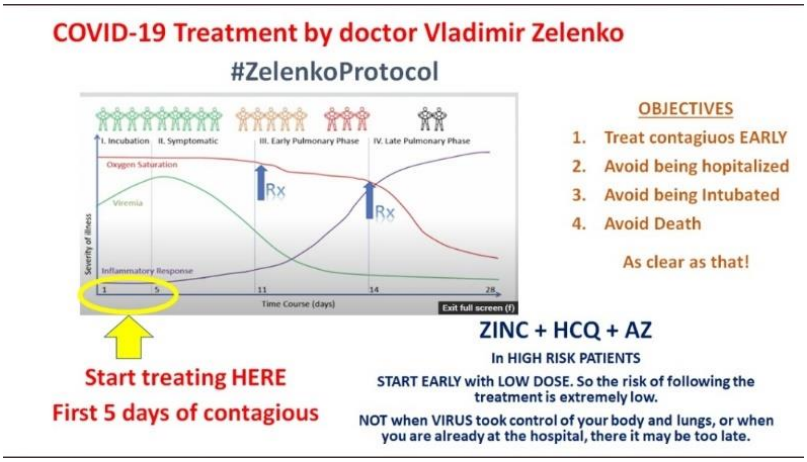
Figure 1





Die Veröffentlichung dieses Dokumentes über Google.docs wurde jedoch kurz darauf von der Plattform entfernt, jedoch nicht vom Autor selbst. Elon Musk hatte jedoch Dokument und Grafik bei Twitter veröffentlicht, so dass dieser Vorfall nicht unbemerkt blieb. Dr. James Todaro ist Teil der Gruppe „American Frontline Doctors“, deren Fortbildungsveranstaltungen und Pressekonferenzen trotz Anwesenheit von Abgeordneten aus der Politik auf den Videoplattformen und Sozialen Medien massiver Zensur unterlagen. Folge des Engagements dieser Gruppierung war die undmittelbare Kündigung der Initiatorin Dr. Simone Gold.[19]

Auch in der Covid-19 Hochburg der ersten Welle New York wurden durch Dr. Vladimir Zelenko mit dem Einsatz von Hydroxychloroquin in Kombination mit Zink und dem Antibiotikum Azithromycin gute Erfolge erzielt. Mittlerweile zeigen die Daten zur frühzeitigen ambulanten Therapie nach Risikoanalyse mit 141 Covid-19 Patienten ein signifikantes Ergebnis bei der Reduktion der von Krankenhauseinweisung und Tod.[20]



[19] https://www.americasfrontlinedoctors.com/speakers/

[20] 2020-10-26: Roland Derwand, Martin Scholz, Vladimir Zelenko
COVID-19 outpatients: early risk-stratified treatment with zinc plus low-dose hydroxychloroquine and azithromycin: a retrospective case series study. International Journal of Antimicrobial Agents. 56 (6), 2020, 106214, https://doi.org/10.1016/j.ijantimicag.2020.106214.

Des Weiteren liegt eine Metaanalyse von zum aktuellen Datum mit über 160 Studien zu Hydroxychloroquin vor, die mit einer statistischen Power von p<0.0000000000000017 die Wirksamkeit bei frühzeitiger Therapie nachgewiesen.[21]

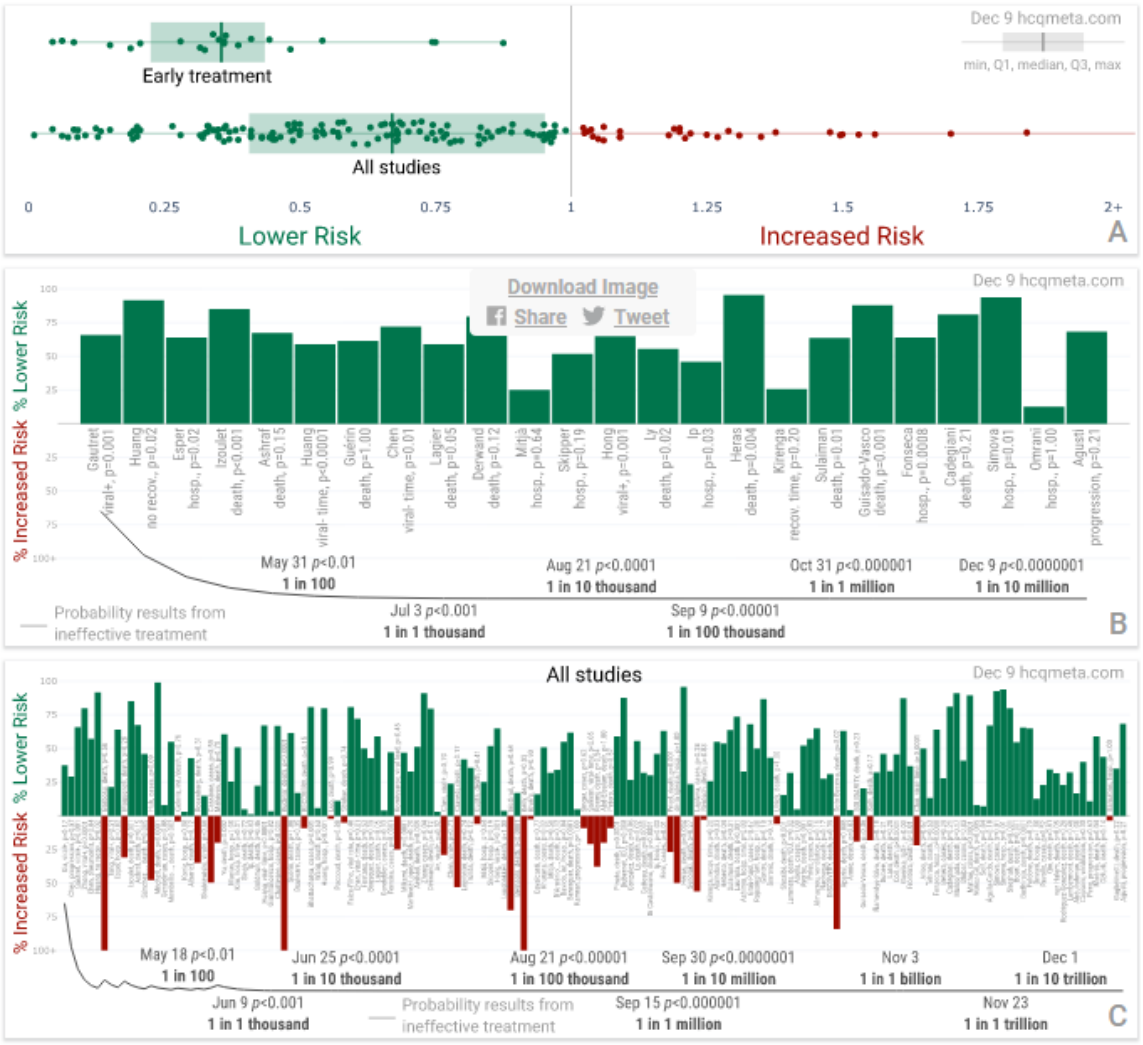


Figure 1. *A. Scatter plot showing the distribution of effects reported in early treatment studies and in all studies (the vertical lines and shaded boxes show the median and interquartile range). Early treatment is more effective. B and C. Study results ordered by date, with the line showing the probability that the observed frequency of positive results occurred due to random chance from an ineffective treatment.*

- HCQ is effective for COVID-19. The probability that an ineffective treatment generated results as positive as the 160 studies to date is estimated to be 1 in 60 trillion (p = 0.000000000000017).
- Early treatment is most successful, with 100% of studies reporting a positive effect and an estimated reduction of 65% in the effect measured (death, hospitalization, etc.) using a random effects meta-analysis, RR 0.35 [0.27-0.46].
- 91% of Randomized Controlled Trials (RCTs) for early, PrEP, or PEP treatment report positive effects, the probability of this happening for an ineffective treatment is 0.0059.
- There is evidence of bias towards publishing negative results. 88% of prospective studies report positive effects, and only 77% of retrospective studies do.
- Significantly more studies in North America report negative results compared to the rest of the world, p = 0.0001.

[21] 2020-10-20: Laufend aktualisierte kumulative Metanalyse zu Therapien (Version 31, stand 2020-12-09) https://hcqmeta.com

Schlusswort - Welche Feuerwehr kann mir am besten helfen?

Einerseits ist mein Berufsstand mit dem Pflegepersonal dem Virus im besonderen Maße ausgesetzt und andererseits sind wir auch diejenigen, die sich dazu entschieden haben ein berufsbedingtes Infektionsrisiko in Kauf zu nehmen. Bei der SARS-Epidemie in 2003 war ein großer Anteil der Opfer in unseren Berufen zu beklagen. Wir primärversorgende Ärzte sehen jedoch nicht nur die derzeit noch seltenen auftretenden infektiologischen Schäden, sondern ebenso die psychosozialen Schäden, die unsere Patienten aufgrund der politischen Maßnahmen erleiden. Die Berufsgruppe der Allgemeinmediziner ist nicht nur für die optimale ambulante Behandlung von Krankheiten verantwortlich, sondern auch für die psychosomatischen Grundversorgung und den Schutz der Bevölkerung vor medizinischer Überversorgung aufgrund finanzieller Interessen Dritter.

Wir Ärzte nehmen seit jeher in Anspruch unseren Beruf in freier Selbstverwaltung auszuüben und zu organisieren. Wird uns - wie es die hier zitierten Studien nahelegen - durch Wissenschaftsbetrug und Korruption die Wissensgrundlage für Umsichtige medizinische Entscheidungen entzogen, müssen wir Ärzte uns zunächst einmal gegenseitig aufklären. Aufgrund meiner eigenen Erfahrung kann ich Bürger und Kollegen verstehen, die vom Recht auf Versammlungsfreiheit Gebrauch machen und sich gegenseitig aufklären und zuhören wollen. Ich persönlich habe keine Zweifel an der Gefährlichkeit einer unterschätzten strategischen Biowaffe, sehe Maskenmandate und insbesondere den experimentelle Impfstoff aus gutem Grund allerdings als ebenso gefährlich an. Mit welch fraglicher Evidenzgrundlage die Freiheit der ärztlichen Berufsausübung und die bürgerlichen Freiheiten untergraben werden, ist gerade im Anbetracht eines wirklich neuen und genetisch manipulierten Erkrankungserregers, eine Tragödie.

Heutzutage werden etliche kritische ärztliche Stimmen mit propagandistische Mitteln einer sozialen Ächtung ausgeliefert, auch wenn die medizinisch begründete Kritik möglicherweise durchaus berechtigt ist. Es ist beispielsweise durchaus wichtig zu klären, ob die Koch'schen Postulate bei einem neu identifizierten Erreger alle erfüllt sind, dies wurde zumindest beim nächsten Verwandten des SARS-CoV-2 beim Ausbruch 2003 getan.[22] Es ist wichtig zu wissen, wie ECHTE Covid-19 Patienten sich präsentieren. Es ist wichtig zu wissen, ob durch die HIV-Anteile im Spike-Eiweiß auch bislang nicht erwartete klinische Phänomene auf diejenigen Patienten zukommen, die eine Erstinfektion zu 99,9% überleben. Und nicht zuletzt ist es natürlich wichtig zu wissen, dass die Diagnose einer Infektion nur durch einen dafür qualifizierten Arzt gestellt werden kann und nicht automatisch vorliegt, wenn ein einzelner Laborparameter positiv ausfällt. Für unsere Gesellschaft ist es wichtig zu wissen, dass viele Menschen gute Gründe haben das Tragen von Masken nicht uneingeschränkt zu dulden.

Eine **kontroverse Diskussion MUSS stattfinden können**, ohne dass einem Kollegen die Fachkompetenz oder sogar die Zulassung mittels fadenscheinigen und schubladisierenden Gesinnungsattributen irrational streitig gemacht wird – in der Notaufnahme muss ich jeden Patienten gleich gut behandeln, ob er nun ein politisches Tatoo auf der Stirn stehen hat mit dem ich politisch nicht konform gehe, hat die Behandlungsqualität nicht zu beeinflussen. Einen ähnlichen Umgang wünsche ich mir den selbstverständlich nicht immer aus der gleichen Perspektive ausgesprochenen Fachmeinung approbierter Humanmediziner.

Wir können uns nur selbst helfen – dafür benötigt es zunächst wieder Respekt und Offenheit – auch für unangenehme Wahrheiten. Ich habe der Verdaulichkeit zu liebe hier nur einen Bruchteil der zur Verfügung stehenden Belege für die Laborherkunft aufgeführt. Ich bin gerne bereit weiter mein Wissen zu teilen, sollte eine zukunftsorientierte Lösung zum Wohle der Bürger gesucht werden.

[22] 2003-04-16: https://www.spektrum.de/news/sars-coronavirus-endgueltig-als-erreger-bestaetigt/617800

AG Impfstoffe Aufklärung: Wir sind eine international vernetzte Gruppe, ein Kernteam aus mehr als 60 Ärzten, Medizinern, Pharmazeuten, Naturwissenschaftlern, Mathematikern, Heilpraktikern, Anwälten und Journalisten des ***Expertcouncil.one e.V.*** und wir haben unsere Kompetenzen und technischen Möglichkeiten vereint, um zur Aufklärung des aus unserer Sicht größten pharmakologischen Experimentes an der Menschheit beizutragen. Noch nie in der Geschichte der Wissenschaft und Medizin hat man es jemals gewagt, eine ganze Population, eine nahezu komplette Spezies zum Gegenstand medizinischer oder gentechnischer Experimente zu machen. Die Begründung der Ablehnung eines solchen Forschungsantrages hätte sich vermutlich auf den Artenschutz bezogen.

Die Tatsachen, dass dies nun an der Menschheit durchgeführt wurde und weitergeführt werden soll, dass es noch niemals eine so ungeheuerliche Zahl an Nebenwirkungen und Impfschäden gab, dass die Todesfallstatistiken entsprechende hoch signifikante Übersterblichkeiten aufzeigen, dass sich hier keine Staatsanwaltschaft einschaltet, obwohl die Folgen bereits jetzt unübersehbar sind, dass stattdessen Kritiker öffentlich diffamiert, ausgegrenzt und wirtschaftlich ruiniert werden, lässt uns erschaudern.

Viele unserer Ergebnisse sind noch vorläufig, die Untersuchungen sollen und müssen kritisch diskutiert, nachvollzogen und weiterentwickelt werden. Vieles ist noch nicht richtig nachvollziehbar, aber was wir gefunden haben – das ist unsere Überzeugung – ist so wichtig, dass die Öffentlichkeit und andere Wissenschaftler darüber informiert sein müssen, denn es geht hier um nichts Geringeres, als die gesundheitlichen Gefahren der COVID-19-Impfstoffe zu erkennen, sie abzuwehren und die diversen zum großen Teil noch unverstandenen Wirkmechanismen zu erkennen und herauszufinden, wie die schlimmsten Wirkungen auf die Gesundheit verhindert oder wenigstens gemildert werden können.

Wir haben festgestellt, dass die COVID-19-Impfstoffe neben Verunreinigungen systematisch Inhaltstoffe enthalten, deren Sinn wir nicht verstehen, die auch zum Teil gar nicht deklariert sind. Wir haben anhand einer kleinen Stichprobe Lebendblutuntersuchungen von Geimpften und Ungeimpften herausgefunden, dass eine Künstliche Intelligenz (KI) zu 100% das Blut Geimpfter und Ungeimpfter sicher unterscheiden kann. Das bedeutet, dass die COVID-19-Impfstoffe das Blut im Sinne einer Langzeitfolge verändern – ohne dass die Geimpften gleich merken, dass sich bei ihnen etwas verändert hat. Wir finden im Blut aller von uns untersuchten Geimpften Kristalle, die wir weiter untersuchen, wir finden stets Geldrollenbildung der Erythrozyten (der roten Blutkörperchen) und wir sehen sehr häufig einen ungewöhnlich schnellen Zerfall der verschiedenen Blutzellen. Wir gehen der Hypothese nach, dass nicht nur Arteriosklerose eine Langzeitfolge bei allen Geimpften sein könnte. Sollte sich diese Hypothese bestätigen, wären die Folgen gesundheitlich und sozio-ökonomisch sehr weitreichend. Autoimmunerkrankungen, geschwächtes Immunsystem, entzündliche Prozesse, Arteriosklerose etc. sind schleichende Erkrankungen, die zu Organschäden, Bluthochdruck, Herzinfarkten, neurodegenerativen Erkrankungen und Krebs führen können und die Lebenserwartung verkürzen. Das nebulöse Krankheitsgeschehen verschleiert, dass die COVID-19-Impfungen eine mögliche Ursache sein können. Eine steigende Anzahl von multiplen Krankheitsbildern müsste auf diese Ursache untersucht werden.
Dieser Artikel ist eine Neuauflage des Brandbriefes der promovierten Virologin und niedergelassenen Fachärztin für Allgemeinmedizin, Frau Dr. Johanna Deinert, vom 11.12.2020. Dieser Brandbrief hat bis heute nichts an Dringlichkeit und Aktualität verloren.
Mit unseren Heften stellen wir jeweils ein eigenständiges Thema oder eine Sammlung von Ergebnissen vor und rufen alle Verantwortungsträge zum adäquaten Handeln auf.
Unsere Themen finden Sie hier: https://expertcouncil.one/