

Dr. Stefan Lanka erklärt im Artikel "Fehldeutung Virus"* über die "Entdeckung" des Corona-Virus im Magazin *WissenschaftPlus* in der ersten Ausgabe 2020 folgendes:

"Aus den Bestandteilen der gestorbenen Gewebe und Zellen werden einzelne Bestandteile entnommen, als Bestandteile eines Virus fehlgedeutet und gedanklich zu einem Virusmodell zusammengefügt. Ein reales und komplettes Virus taucht in der gesamten „wissenschaftlichen“ Literatur nicht auf. Der Konsensfindungsprozess, bei dem die Beteiligten stritten, was zum Virus gehört und was nicht, dauerte beim Masern-Virus noch Jahrzehnte.

Beim angeblich neuen China-Coronavirus-2019 (SARS-Covid2) dauerte dieser Konsensfindungsprozess nur noch ein paar Maus-Klicks. Mit ein paar Mausklicks wurde in einem Programm, das aus der Molekülabfolge von kurzen Stückchen der Nukleinsäuren der abgestorbenen Gewebe und Zellen, deren Zusammensetzung biochemisch bestimmt wurde, je nach Vorgabe die viel längere, nun angeblich vollständige und vermeintliche Erbsubstanz eines bestimmten alten oder eben eines neuen Virus konstruiert. In Wirklichkeit ergeben nicht einmal diese Manipulationen, genannt „Alignement“ (ein Ausrichtungsverfahren), eine „vollständige“ Erbsubstanz eines Virus, das als dessen Genom bezeichnet wird.

Beim Vorgang der gedanklichen Konstruktion des „viralen Erbgutstrangs“ werden nicht passende Sequenzen „geglättet“ und fehlende ergänzt. So wird eine „Erbsubstanz-Sequenz“ erfunden, die es nicht gibt, die niemals als Ganzes entdeckt und nachgewiesen wurde. Zusammengefasst: Aus kurzen Stückchen wird, gedanklich und ausgerichtet an einem Modell eines viralen Erbgutstrangs, gedanklich ein größeres Stück konstruiert, das es in Wirklichkeit nicht gibt.

Zum Beispiel fehlen bei der nur „geistigen“ Konstruktion des Masern-Virus-Erbstrangs bei den tatsächlich vorliegenden, kurzen Bruchstücken zelleigener Moleküle weit mehr als die Hälfte der Molekülabfolgen, die ein ganzes Virus darstellen sollen. Diese werden zum Teil künstlich biochemisch erzeugt und der Rest einfach frei erfunden. (3) Diejenigen chinesischen Wissenschaftler, die nun behaupten, dass die Nukleinsäuren, aus denen gedanklich das Genom des neuen SARS-Covid2 konstruiert wurde (4), mehrheitlich aus giftigen Schlangen stammen, sind Opfer, wie wir alle, einer mittlerweile globalen Fehlentwicklung.

Je mehr „virale“ Erbgutstränge erfunden werden, desto mehr Ähnlichkeiten mit allem was es gibt, werden „festgestellt.“ Dieses Irren hat Methode. Große Teile unserer akademischen Wissenschaft funktionieren so: Man erfindet eine Theorie, bewegt sich innerhalb dieser Theorie, nennt das Wissenschaft und behauptet, dass das Tun die Realität abbilden würde. In Wirklichkeit bildet es nur das zuvor Gedachte ab. (5)"

Quellen: (3) Wer des Englischen mächtig ist, kann die Tatsache der nur gedanklichen Konstruktion des „Virus-Erbgutstrangs“(Complete genome) in dieser Publikation, an der das RKI maßgeblich beteiligt war, direkt erkennen: „Complete Genome Sequence of a Wild-Type Measles Virus Isolated during the Spring2013 Epidemic in Germany“, zu finden unter: <https://edoc.rki.de/handle/176904/1876>.

(4) Publikation vom 22.1.2020: Homologous recombination within the spike glycoprotein of the newly identified coronavirus may boost cross-species transmission from snake to human. Autoren: Wei Ji, Wei Wang, Xiaofang Zhao, Junjie Zai, Xingguang Li. Zu finden über <https://doi.org/10.1002/jmv.25682>

(5) Siehe Ausführungen hierzu im Magazin *WissenschaftPlus* Nr. 2/2019 auf den Seiten 33-36 innerhalb des Beitrages „Eine neue Sichtweise auf das Leben - Teil II.“

* Der ganze 15-seitige Artikel (als auch das Magazin) kann auf <https://wissenschaftplus.de/> bestellt werden!