

**Rechtsanwälte**

Dr. iur. André Voillat (Naturpatent Soletham)  
Lic. iur. Nicolas Facincant LL.M.  
Dr. iur. Reto Sutter LL.M. / dipl. Meisterspense  
Lic. iur. Michael Bopp LL.M.  
Dr. iur. Gerald Hiet

**Juristische Mitarbeiterin**

Jacqueline Brunner, MFLaw

**Konsultanten**

Dr. iur. Walter Ulrich  
Lic. iur. Lukas Gayler, MBA

**EINSCHREIBEN**

Bundesamt für Gesundheit BAG  
Schwarzenburgstrasse 157 *dir EA.*  
3003 Bern *Covid-19*

AmtL	GP	KUV	<del>LS</del>	VS	R	IT+GE+ER
DS	Bundesamt für Gesundheit					LKV
<i>SFH</i>						TG
CC						UV
Int	09. April 2020					
RM						
GB						
GeS						ASChem
	VA	NCD	MT	BioM	Chem	Str

Zürich, 7. April 2020

**Neues Coronavirus – Fragen zu dessen Nachweis, Gefährlichkeit und Pathogenität**

Sehr geehrte Damen und Herren

Nach dem heutigen Situationsbericht des BAG zur epidemiologischen Lage in der Schweiz und in Liechtenstein steigt die Anzahl der COVID-19-Erkrankungsfälle in der Schweiz und im Fürstentum Liechtenstein. Aktueller Stand seien 22'242 laborbestätigte Fälle, 590 mehr als am Vortag. Somit weist die Schweiz eine der höchsten Inzidenzen (259/100'000 Einwohner) in Europa auf. Bisher seien 641 Todesfälle im Zusammenhang mit einer laborbestätigten COVID-19-Erkrankung in der Schweiz aufgetreten.

Je länger die vom Bundesrat am 16. März 2020 angeordneten Massnahmen (gestützt auf eine ausserordentliche Lage nach dem Epidemienengesetz) andauern, desto wichtiger und drängender werden Fragen nach ihrer sachlichen Rechtfertigung. Es wird nicht mehr lange dauern, bis Betroffene anwaltlichen Rat einholen werden. Manch einer wird wissen wollen, ob er sich mit gerichtlichen Mitteln gegen die angeordneten Beschränkungen wehren kann.

Für viele ist schon heute oder in absehbarer Zeit die wirtschaftliche Existenz aufgrund der drastischen Einschränkungen der Wirtschaftsfreiheit (Art. 27 BV) gefährdet. Grundrechte wie etwa das Recht auf persönliche Freiheit oder die Versammlungsfreiheit können nicht mehr ausgeübt werden. Zudem drohen gesundheitliche Risiken gerade wegen der medial geschürten Angst und Panik sowie der Verhinderung sozialer Kontakte, die für Menschen

VOILLAT FACINCANT SUTTER + PARTNER

RA Dr. Gerald Hiet  
Fortmurgasse 11-13, Rainweg  
8001 Zürich

www.vfs-partner.ch

Eingetragen im Anwaltsregister

Zentrale: 044 206 20 30

Direkt: 044 206 20 24

Fax: 044 206 20 29

info@vfs-partner.ch



lebensnotwendig sind. Vor diesem Hintergrund stellt sich unweigerlich die Frage, ob und wenn ja wie lange die drastischen Einschränkungen der Grundrechte rechtmässig sind. Alles staatliche Handeln unterliegt dem Grundsatz der Verhältnismässigkeit. Grundrechtseinschränkungen bedürfen einer sorgfältigen Güterabwägung. Entscheidend ist, ob die zum Schutz der öffentlichen Gesundheit vor den Risiken durch COVID-19 ergriffenen Massnahmen zur Erreichung dieses Ziels geeignet und erforderlich sind und ob sie auch im Sinne einer Abwägung der Vor- und Nachteile dem Verhältnismässigkeitsgrundsatz entsprechen.

Sollte künftig sogar eine Impfpflicht angeordnet werden, wäre zudem die grundrechtlich verbürgte, körperliche und geistige Unversehrtheit (Art. 10 Abs. 2 BV) betroffen. In diesem Fall ist mit erheblichem Widerstand zahlreicher Menschen zu rechnen, die dann anwaltliche Unterstützung suchen werden, um sich mit rechtlichen Mitteln zur Wehr zu setzen. Um mögliche Mandanten objektiv und sachgerecht beraten zu können, brauche ich zusätzliche Informationen, die Ihrem Internetangebot nicht zu entnehmen sind. Andernfalls ist die Verhältnismässigkeit der angeordneten Massnahmen schwer zu beurteilen.

Ich bitte Sie deshalb um möglichst rasche Beantwortung der folgenden Fragen:

1. Sie sprechen im heutigen Situationsbericht zunächst von COVID-19-Erkrankungsfällen und im nächsten Satz von 22'242 laborbestätigten Fällen. Verwenden Sie die beiden Begriffe synonym? Handelt es sich um 22'242 Fälle mit Krankheitssymptomen oder handelt es sich um 22'242 positiv getestete Fälle, unabhängig von allfälligen Krankheitssymptomen?
2. Laut Situationsbericht sind in der Schweiz bisher 641 Personen gestorben, die im Labor positiv auf COVID-19 getestet worden waren, wobei der Altersmedian bei 83 Jahren lag. Von den 620 verstorbenen Personen für welche vollständige Daten vorhanden sind, litten 98% an mindestens einer Vorerkrankung. Wie stellen Sie sicher, dass die gestorbenen Personen *an* und nicht nur *mit* COVID-19 (tatsächlich aber wegen einer oder mehrerer Vorerkrankungen) gestorben sind?
3. Gibt es im ersten Quartal 2020 irgendwelche Hinweise auf eine Übersterblichkeit in der Schweiz? Nach dem Bundesamt für Statistik starben 2017, 2018 und 2019 in der Schweiz jeweils etwa 67'000 Menschen pro Jahr. Das entspricht monatlich rund 5'590 Todesfällen (ohne Berücksichtigung jahreszeitlich bedingter Schwankungen). Die 641 Toten im Zusammenhang mit COVID-19 seit 24. Februar 2020 deuten nicht ohne weiteres auf eine Übersterblichkeit hin. Verglichen mit der durchschnittlichen Lebenserwartung in der Schweiz (2018 laut Bundesamt für Statistik etwa 83,5 Jahre) fällt auch der genannte Altersmedian von 83 Jahren nicht aus dem Rahmen.
4. Wodurch unterscheidet sich SARS-CoV-2 von anderen Grippeviren (einschliesslich

Coronaviren) der Vergangenheit? Warum ist COVID-19 so ausserordentlich gefährlich, dass im Gegensatz zu Grippeepidemien der Vergangenheit beispiellos einschränkende Massnahmen getroffen wurden?

5. Ist der in der Schweiz verwendete Test auf SARS-CoV-2 als mutmasslichem Erreger von COVID-19 validiert und wenn ja, wie?
6. Basiert der in der Schweiz verwendete Coronavirustest auf PCR? Wenn ja, erläutern Sie bitte die gewählte Funktions- und Vorgehensweise. In der Regel liefert die PCR kein positives/negatives Ergebnis, sondern lediglich die Anzahl der Zyklen, die zum Nachweis von genetischem Material erforderlich sind. Die Einteilung in positiv und negativ hängt davon ab, welche Anzahl von Zyklen von den Testern für ein positives Ergebnis gewählt wird.
7. Falls in der Schweiz ein anderer Coronavirustest verwendet wird, nennen Sie ihn bitte und schildern seine Funktionsweise.
8. Wie zuverlässig sind die verwendeten Tests? Wie häufig sind falsche Ergebnisse?
9. Wie ist sichergestellt, dass ein positives Testergebnis nicht aus einer anderen Quelle stammt, z.B. Zellen oder Zellbestandteilen des Patienten, Bakterien, Pilze usw.? Ohne Reinigung und Charakterisierung der Viruspartikel kann ein Test kein Beweis dafür sein, dass ein Virus vorhanden ist (mangelnde Spezifizierung).
10. Das Epidemiengesetz regelt nach Art. 1 den Schutz des Menschen vor übertragbaren Krankheiten und sieht die dazu nötigen Massnahmen vor. Wie haben Sie die Übertragbarkeit und Pathogenität von COVID-19 festgestellt?
11. Sind für das Virus SARS-CoV-2 die von Robert Koch aufgestellten Forderungen erfüllt, damit es als Erreger einer bestimmten Krankheit bezeichnet werden darf? Die vier Kochschen Postulate müssen in ihrer Gesamtheit erfüllt sein, um zu beweisen, dass ein obligat pathogener Mikroorganismus der Erreger einer Infektionskrankheit ist:
  - a. Der Erreger oder Mikroorganismus (z.B. Virus) kann aus dem erkrankten Individuum in eine Reinkultur überführt werden (gezüchtet).
  - b. Der Mikroorganismus muss in allen Krankheitsfällen gleicher Symptomatik entdeckt werden können, bei gesunden Individuen jedoch nicht.
  - c. Ein vorher gesundes Individuum zeigt nach Infektion mit dem Mikroorganismus aus der Reinkultur dieselben Symptome wie das, aus dem der Mikroorganismus ursprünglich stammt.

- d. Der Mikroorganismus kann aus den so infizierten und erkrankten Individuen wieder in eine Reinkultur überführt werden.
12. Falls die Kochschen Postulate erfüllt sein sollten, nennen Sie bitte Studien, die einwandfrei belegen, dass das Virus SARS-CoV-2 nachgewiesen wurde (vollständige Reinigung, Isolierung und Bestimmung der biochemischen Eigenschaften plus elektronenmikroskopische Aufnahme).
13. Bitte nennen Sie Studien, die einwandfrei belegen, dass SARS-CoV-2 krankmachend ist (und nicht andere Faktoren den Krankheitsverlauf zumindest mitbestimmen).

Vielen Dank für Ihre geschätzten Antworten.

Mit vorzüglicher Hochachtung



RA Dr. Gerald Brei

Von: krisenstab@bag.admin.ch  
Betreff: Ihr Schreiben: Neues Coronavirus - Fragen zu dessen Nachweis, Gefährlichkeit und Pathogenität  
Datum: 9. April 2020 um 17:31  
An: brei@vfs-partner.ch



Sehr geehrter Herr Brei

Vielen Dank für Ihr Schreiben vom 7. April 2020.  
Der Bundesrat ist von der Verhältnismässigkeit der erlassenen Massnahmen überzeugt.  
Leider können wir nicht im Detail auf Ihre Fragen eingehen.

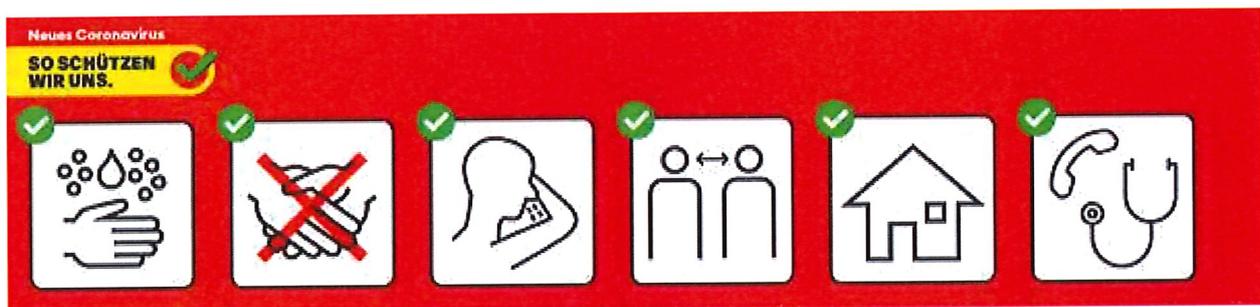
Freundliche Grüsse

**Salome Ryf**

Team Stabschef Taskforce COVID19

Eidgenössisches Departement des Innern EDI  
Bundesamt für Gesundheit BAG

Schwarzenburgstrasse 157, CH-3003 Bern  
[krisenstab@bag.admin.ch](mailto:krisenstab@bag.admin.ch)



\_Scan von HP  
MFP.pdf



## Coronavirus Krankheit 2019 (COVID-19)

# Situationsbericht zur epidemiologischen Lage in der Schweiz und im Fürstentum Liechtenstein

Stand 8.4.2020, 8:00 Uhr

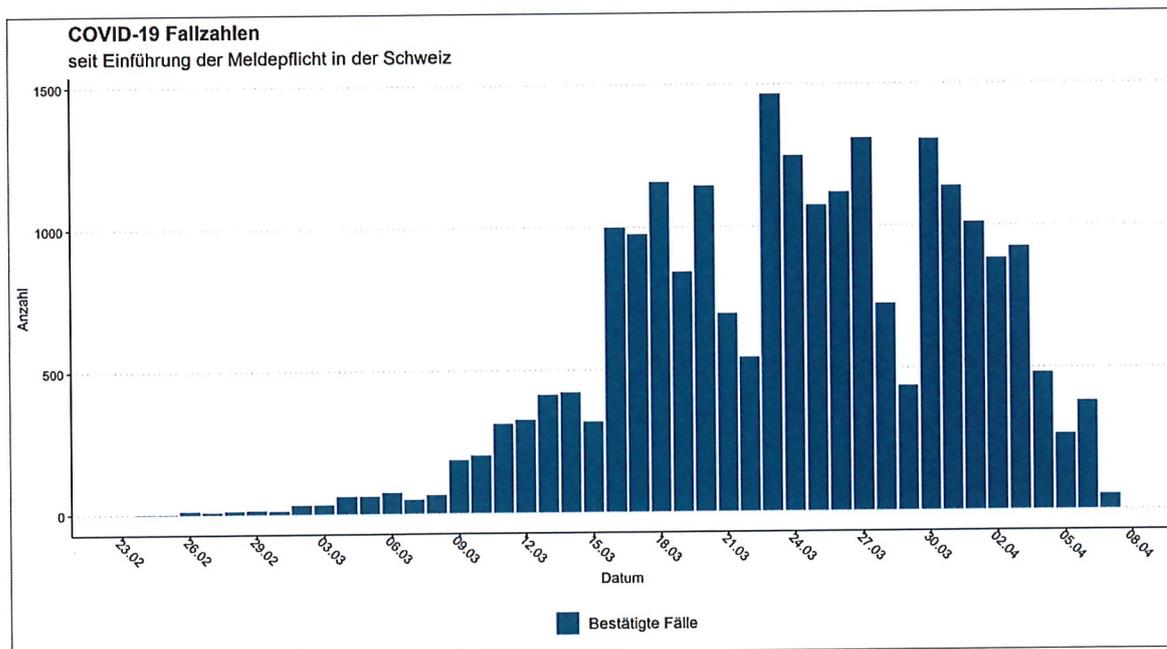
Die Anzahl COVID-19-Erkrankungsfälle in der Schweiz und im Fürstentum Liechtenstein steigt. Aktueller Stand sind 22 789 laborbestätigte Fälle, 547 mehr als am Vortag. Betroffen sind alle Kantone der Schweiz und das Fürstentum Liechtenstein. Somit weist die Schweiz eine der höchsten Inzidenzen (266/100 000 Einwohner) in Europa auf. Bisher traten 705 Todesfälle im Zusammenhang mit einer laborbestätigten COVID-19-Erkrankung in der Schweiz auf.

Dieser Bericht basiert auf den Informationen, die Laboratorien sowie Ärztinnen und Ärzte dem Bundesamt für Gesundheit (BAG) im Rahmen der Meldepflicht übermittelt haben. Die Fallzahlen für das heutige Datum beziehen sich auf Meldungen, die das BAG bis heute früh erhalten hat. Daher können die Daten in diesem Bericht von den Fallzahlen abweichen, die in den Kantonen kommuniziert werden.

### Zeitlicher Verlauf

Seit dem ersten verzeichneten laborbestätigten Fall am 24.02.2020 nehmen die Fallzahlen kontinuierlich zu. Die Zahl der durchgeführten Tests auf SARS-CoV-2, des Erregers von COVID-19, belaufen sich bisher insgesamt auf über 171 938, davon fiel das Resultat bei 15% positiv aus (mehrere positive oder negative Tests bei derselben Person sind möglich).

Abbildung 1: Entwicklung der Fallzahlen seit Einführung der Meldepflicht für COVID-19 in der Schweiz und Fürstentum Liechtenstein (entspricht in der Regel dem Datum der Probeentnahme)

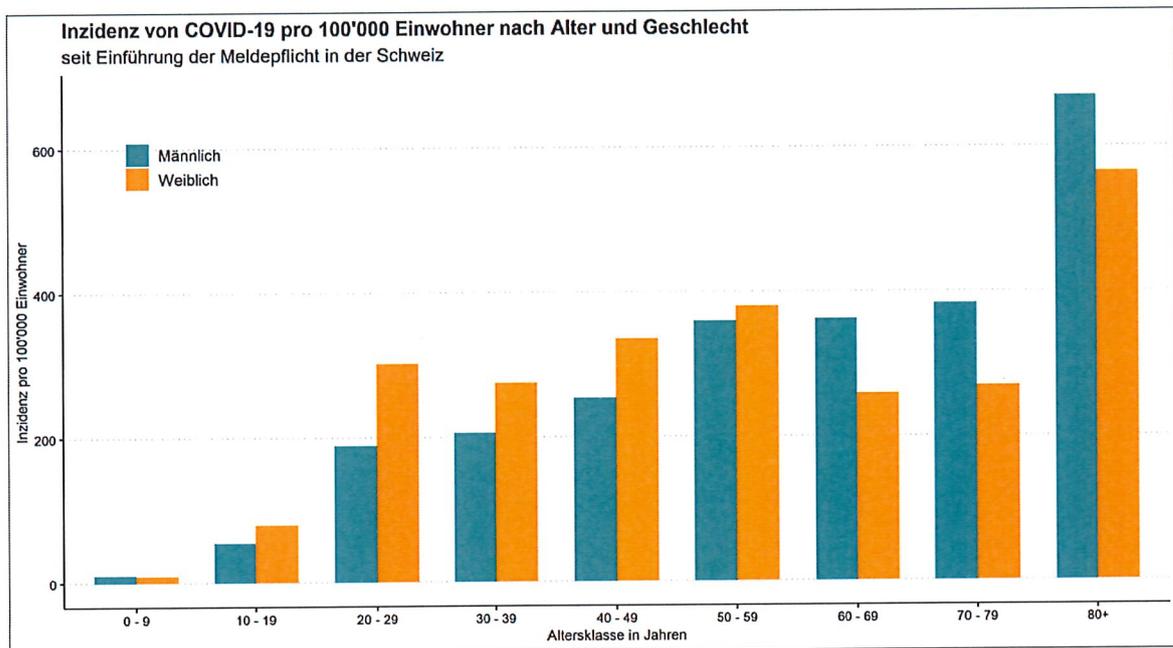




## Verteilung nach Alter und Geschlecht

Die Altersspanne für die laborbestätigten Fälle betrug 0 bis 105 Jahre. Der Median betrug 53 Jahre, das heisst 50% der Fälle waren jünger, 50% älter als 53 Jahre. 47% der Fälle waren Männer, 53% Frauen. Erwachsene waren deutlich mehr betroffen als Kinder. Bei Erwachsenen ab 60 Jahren waren Männer häufiger betroffen als Frauen, bei Erwachsenen unter 60 Jahren Frauen häufiger als Männer (Abbildung 2).

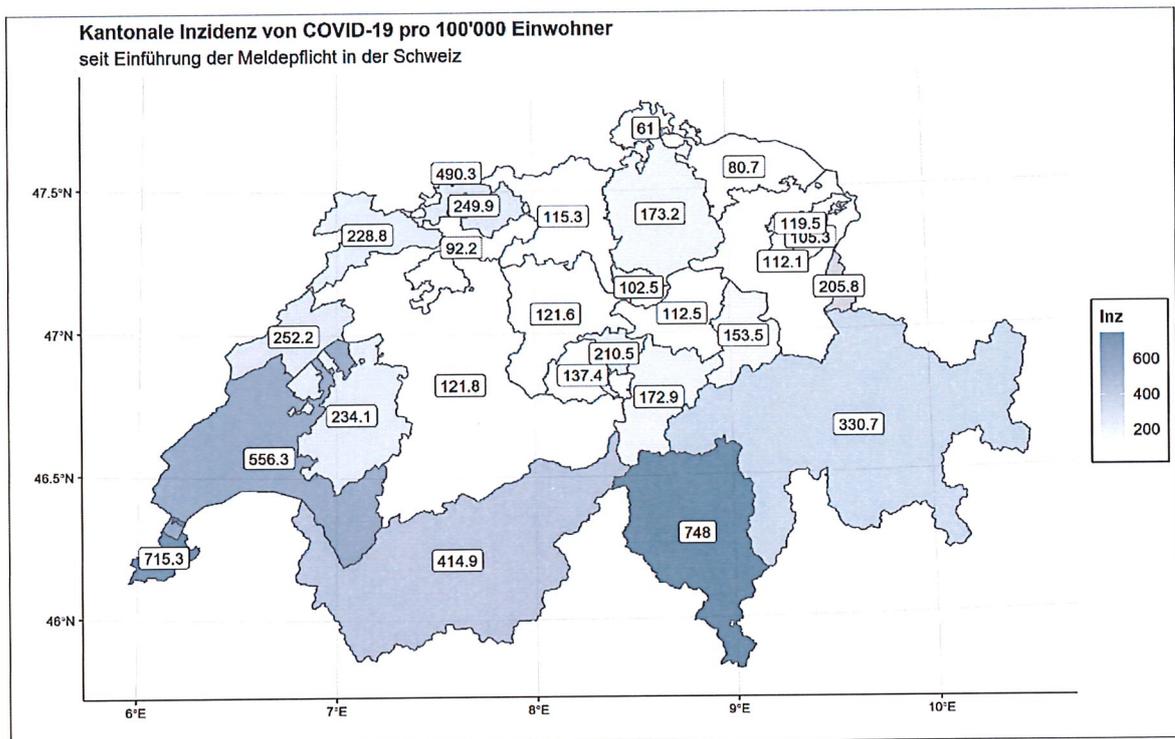
Abbildung 2: Inzidenz für COVID-19 pro 100 000 Einwohner nach Alter und Geschlecht in der Schweiz und Fürstentum Liechtenstein



### Kantonale Verteilung

In allen Kantonen der Schweiz und im Fürstentum Liechtenstein wurden Fälle gemeldet. Zu den kantonalen Fällen zählen auch einzelne Personen ohne ständigen Wohnsitz in den jeweiligen Kantonen. Bezogen auf die Einwohnerzahl sind die Kantone Tessin, Genf, Waadt und Basel-Stadt am stärksten betroffen.

Abbildung 3: Kantonale Inzidenz pro 100 000 Einwohner von COVID-19 in der Schweiz und im Fürstentum Liechtenstein



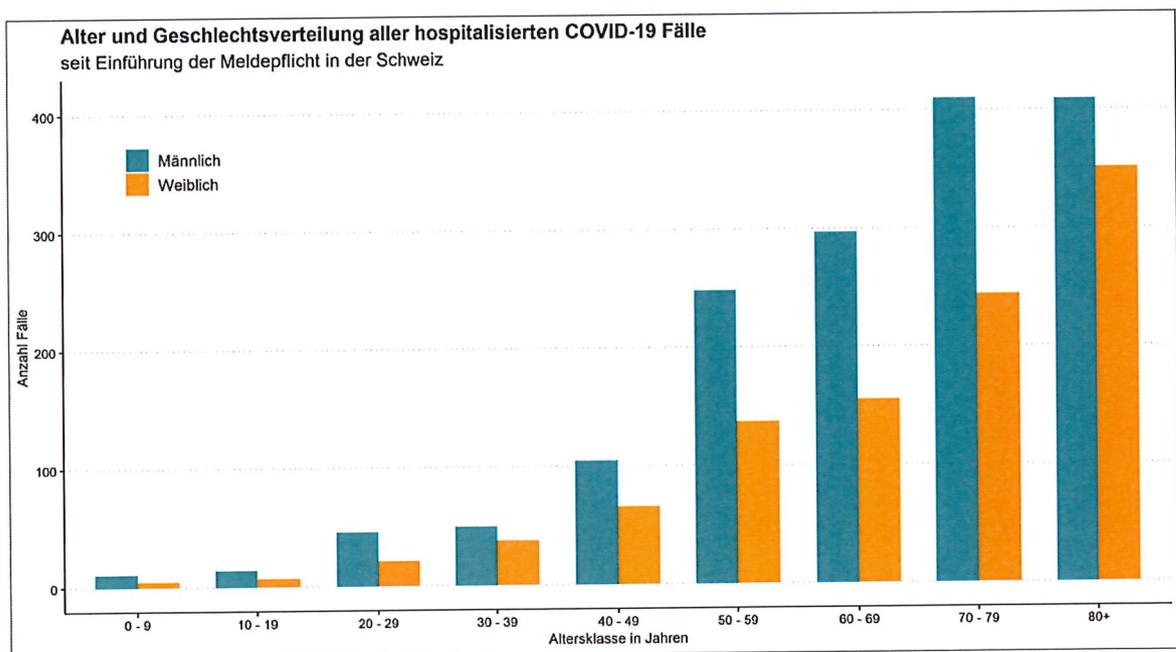
## Hospitalisationen

Bei 2622 hospitalisierten Patienten die im Labor positiv auf COVID-19 getestet worden waren stehen Informationen zur Verfügung. Ihr Alter betrug 0 bis 101 Jahre, der Altersmedian 71 Jahre. 61% der hospitalisierten Personen waren Männer und 39% Frauen.

Von den 2265 hospitalisierten Personen für welche vollständige Daten vorhanden sind hatten 13% keine relevanten Vorerkrankungen und 87% mindestens eine. Die drei am häufigsten genannten Vorerkrankungen waren Bluthochdruck (52% der hospitalisierten Personen), Herz-Kreislauferkrankungen (31%) und Diabetes (23%).

Bei den hospitalisierten Personen waren die drei am häufigsten genannten Symptome Fieber (67%), Husten (65%) und Atembeschwerden (40%). Ausserdem lag bei 44% eine Lungenentzündung vor.

Abbildung 4: Anzahl gemeldeter hospitalisierter Personen aufgrund einer COVID-19-Erkrankung nach Altersklasse und Geschlecht in der Schweiz und im Fürstentum Liechtenstein

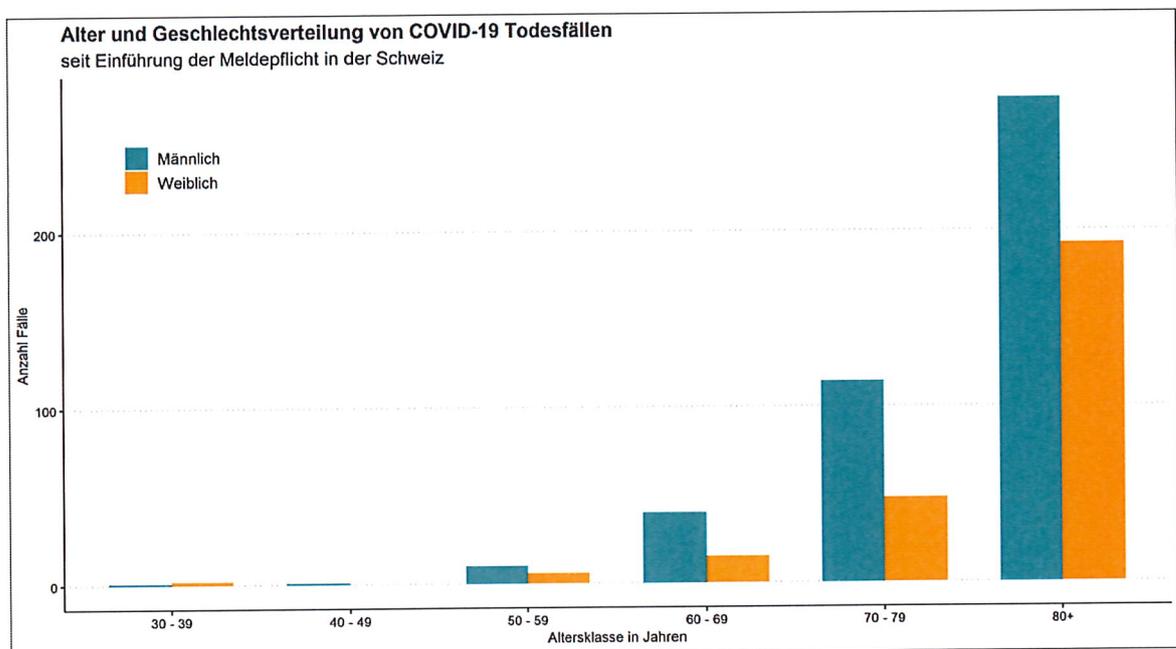


## Todesfälle

Bisher starben in der Schweiz 705 Personen, die im Labor positiv auf COVID-19 getestet worden waren. Die Inzidenz der Todesfälle liegt in der Schweiz bei 82 Todesfällen pro Million Einwohner. Von den Verstorbenen waren 441 Männer (63%) und 263 Frauen (37%), die Altersspanne betrug 32 bis 101 Jahre. Der Altersmedian lag bei 84 Jahren.

Von den 682 verstorbenen Personen für welche vollständige Daten vorhanden sind, litten 98% an mindestens einer Vorerkrankung. Die drei am häufigsten genannten Vorerkrankungen waren Bluthochdruck (65% der verstorbenen Personen), Herz-Kreislaufkrankungen (56%) und Diabetes (29%).

Abbildung 5: Anzahl verstorbener Personen im Zusammenhang mit einer laborbestätigten COVID-19-Erkrankung nach Altersklasse und Geschlecht in der Schweiz und im Fürstentum Liechtenstein

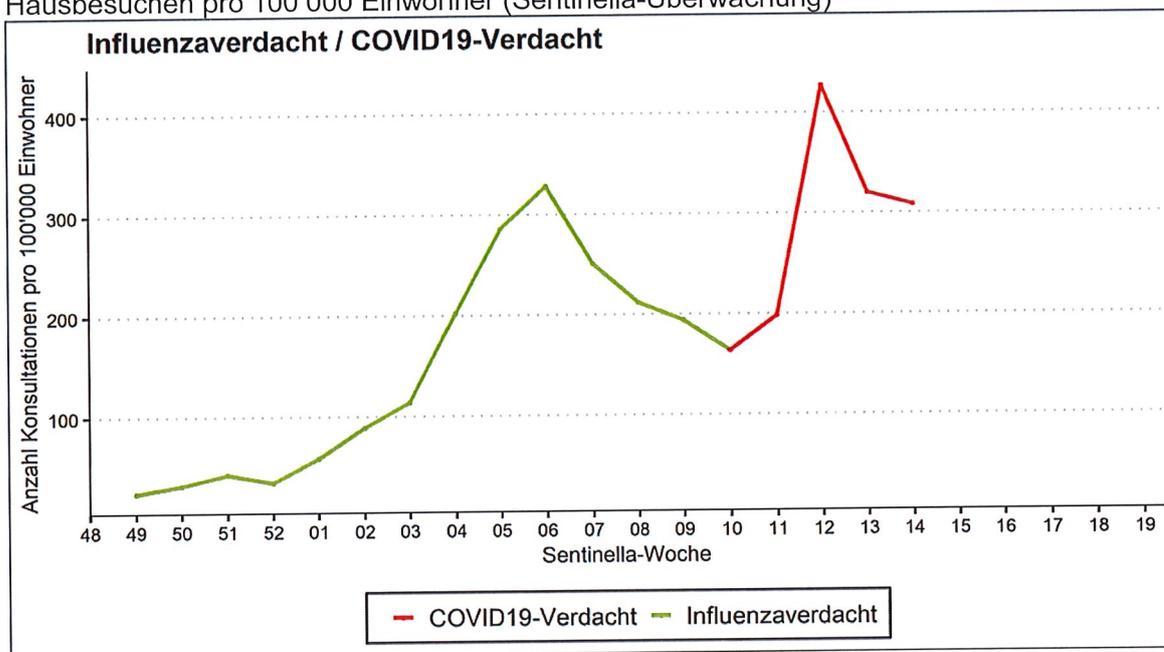


## Überwachung der ambulanten Konsultationen aufgrund von COVID-19 (Sentinella Meldesystem, Datenstand am 07.04.2020)

### Arztkonsultationen aufgrund COVID-19 Verdacht in den Praxen bzw. bei Hausbesuchen

In der Woche vom 28.–03.04.2020 meldeten die Ärztinnen und Ärzte des Sentinella-Meldesystems 45 Konsultationen wegen COVID-19 Verdacht auf 1000 Konsultationen. Das heisst, 4,5 % aller Konsultationen in den Arztpraxen bzw. bei Hausbesuchen waren aufgrund Verdacht auf COVID-19. Hochgerechnet<sup>1</sup> auf die gesamte Bevölkerung entspricht dies in etwa 308 COVID-19 Konsultationen pro 100 000 Einwohner. Gegenüber der Vorwoche blieb diese Konsultationsrate stabil (Abbildung 1). Hochgerechnet entsprechen die Meldungen einem Total von ungefähr 145 000 COVID-19 Verdachtsfällen, die seit Woche 10 im Hausarztsystem aufgetreten sind.

Abbildung 1: Anzahl Konsultationen aufgrund COVID-19 Verdacht in der Praxis bzw. bei Hausbesuchen pro 100 000 Einwohner (Sentinella-Überwachung)



Eine Stichprobe dieser Patienten mit COVID-19 Verdacht, wurde labordiagnostisch getestet. In den 14 untersuchten Proben konnten keine SARS-CoV-2 Viren, die Erreger der COVID-19, nachgewiesen werden.

Die Inzidenz war bei den 30- bis 64-Jährigen am höchsten. Der Anteil der Patienten mit COVID-19 Verdacht, welche aufgrund vorbestehender Grunderkrankungen ein erhöhtes Risiko für Komplikationen tragen, war bei den über 65-Jährigen am höchsten (Tabelle). Dieser Anteil ist für alle Altersgruppen und insgesamt deutlich höher als bei Patienten mit Influenzaverdacht (25% in Woche 14/2020 versus 7% im Mittel der vorhergehenden drei Grippesaisons).

<sup>1</sup> Die Hochrechnung der Sentinella-Daten auf die Bevölkerung ist hier begrenzt aussagekräftig. Einerseits unterscheiden sich die Symptome der COVID-19 nur wenig von denen einer grippeähnlichen Erkrankung. Diese können daher in die COVID-Überwachung einfließen. Andererseits verändert die aktuelle Lage das Verhalten der Bevölkerung bezüglich Arztkonsultationen, was in der Interpretation der Daten ebenfalls berücksichtigt werden muss.

### Alterspezifische Inzidenzen für die Woche 14/2020

Altersklasse	COVID-19 Verdacht pro 100 000 Einwohner	Trend	Mit Komplikationsri- siko
0–4 Jahre	59	sinkend	–*
5–14 Jahre	96	stabil	0%
15–29 Jahre	249	sinkend	11%
30–64 Jahre	437	stabil	19%
≥65 Jahre	259	stabil	74%
Total	308	stabil	25%

\* Da nur wenige Meldungen für diese Altersklasse vorliegen, ist Anteil mit Komplikationsrisiko nicht repräsentativ.

### Telefonische Arztkonsultationen aufgrund COVID-19 Verdacht

Zusätzlich zu den Konsultationen in den Praxen bzw. bei Hausbesuchen meldeten die Senti-nella-Ärztinnen und -Ärzte 547 telefonische Konsultationen wegen COVID-19 pro 1000 Kon-sultationen in den Praxen bzw. bei Hausbesuchen, deutlich weniger als in der Vorwoche (787 pro 1000 Konsultationen). Bei 29% dieser Patienten war eine Selbstisolation zuhause angezeigt, da sie die Kriterien hierfür erfüllten, und bei weiteren 1% war eine Spitaleinwei-sung erforderlich. Dies zeigt, dass die meisten Patienten die Empfehlung des BAG befolgen und ihre Ärztin bzw. ihren Arzt bezüglich COVID-19 erst telefonisch kontaktieren.

**Rechtsanwälte**

Dr. iur. André Voillat (Notarpatent Solothurn)  
Lic. iur. Nicolas Facincani, LL.M.  
Dr. iur. Reto Sutter, LL.M., dipl. Steuerexperte  
Lic. iur. Michael Bopp, LL.M.  
Dr. iur. Gerald Brei

**Juristische Mitarbeiterin**

Jacqueline Brunner, MLaw

**Konsulenten**

Dr. iur. Walter Ulrich  
Lic. iur. Lukas Gayler, MBA

**EINSCHREIBEN**

An den Bundesrat  
Schweizerische Bundeskanzlei  
Bundeshaus West  
3003 Bern

Zürich, 21. Juli 2020

**Corona – Gesuch um Zugang zu amtlichen Dokumenten nach dem BGÖ**

Sehr geehrte Damen und Herren Bundesräte

In Sachen

[REDACTED]

**Gesuchsteller**

vertreten durch  
RA Dr. Gerald Brei, Voillat Facincani Sutter + Partner, Fortunagasse 11-15, 8001 Zürich,

gegen

**Bundesrat, Bundeshaus, 3003 Bern,**

**Bundesrat**

betreffend

**Zugang zu amtlichen Dokumenten im Zusammenhang mit der Corona-Krise**

stellen wir hiermit namens und im Auftrag des Gesuchstellers den folgenden

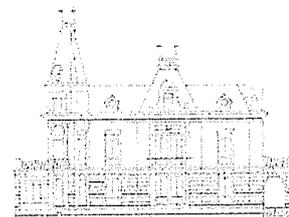
VOILLAT FACINCANI SUTTER + PARTNER

RA Dr. Gerald Brei,  
Fortunagasse 11-15 / Rennweg  
8001 Zürich

[www.vfs-partner.ch](http://www.vfs-partner.ch)

Eingetragen im Anwaltsregister

Zentrale: 044 206 20 20  
Direkt: 044 206 20 24  
Fax: 044 206 20 29  
[brei@vfs-partner.ch](mailto:brei@vfs-partner.ch)



### **Antrag:**

«Dem Gesuchsteller sei Zugang in Form von Kopien zu folgenden amtlichen Dokumenten zu gewähren:

1. Sitzungsprotokolle des Bundesrats im Zusammenhang mit der Erklärung der «besonderen Lage» gemäss Epidemiengesetz am 28. Februar 2020.
2. Situationsberichte und Lagebeurteilungen durch das BAG und die Swiss National Covid-19 Science Task Force zu Händen des Bundesrats zur Vorbereitung des Beschlusses vom 28. Februar 2020.
3. Sitzungsprotokolle des Bundesrats im Zusammenhang mit der Erklärung der «ausserordentlichen Lage» gemäss Epidemiengesetz am 16. März 2020.
4. Situationsberichte und Lagebeurteilungen durch das BAG und die Swiss National Covid-19 Science Task Force zu Händen des Bundesrats zur Vorbereitung des Beschlusses vom 16. März 2020.
5. Sämtliche internen Dokumente zu Händen des Bundesrats im Zusammenhang mit einer Folgenabschätzung des am 16. März 2020 beschlossenen Lockdowns (Gründe dafür und dagegen; Prüfung der Aussagen von Wissenschaftlern und Ärzten, die einer Pandemiesituation und einem Lockdown kritisch bis ablehnend gegenüberstanden sowie deren Einbeziehung in den Entscheid; Abwägung der Vor- und Nachteile, insbesondere im Hinblick auf zu erwartende «Kollateralschäden» aufgrund staatlich verfügbarer Massnahmen und Beschränkungen im Gesundheitsbereich und in der Wirtschaft; Überlegungen zur Verhältnismässigkeit).
6. Protokolle des Bundesrats und/oder des Krisenstabs des Bundesrates Corona KSBC im Vorfeld und im Zusammenhang mit der Mandatierung von Schweizerischer Nationalfonds, ETH-Rat, Swissuniversities und Verbund der Akademien a+ zur Bildung einer Ad hoc «Swiss National Covid-19 Task Force» am 30. März 2020 (einschliesslich der Kriterien zur Auswahl von dessen Mitgliedern).
7. Stellungnahme der Eidgenössische Kommission für Pandemievorbereitung und -bewältigung (EKP) zu Händen des Bundesrats (oder der KSBC) vor der Mandatierung der Ad hoc «Swiss National Covid-19 Task Force» am 30. März 2020.
8. Sitzungsprotokoll des Bundesrats vom 8. April 2020 zum Entscheid, dem Parlament den Erlass eines dringlichen Bundesgesetzes zu beantragen.
9. Vorbereitende Berichte und (Lage-)Beurteilungen von BAG, Swiss National Covid-19 Science Task Force und EJPD (rechtliche Beurteilung) zu Händen des Bundesrats zum vorgenannten Beschluss vom 8. April 2020.
10. Sitzungsprotokoll des Bundesrats vom 29. April 2020 mit dem Beschluss der Eckwerte für die Überführung der in der Corona-Krise erlassenen Notverordnungen in ein Bundesgesetz.

11. Vorbereitende Berichte und Lagebeurteilungen des BAG, Swiss National Covid-19 Science Task Force, des EJPD (rechtliche Beurteilung) zum vorgenannten Beschluss vom 29. April 2020.
12. Sitzungsprotokolle des Bundesrats im Zusammenhang mit dem Grundsatzentscheid vom 27. Mai 2020 zur Rückkehr zur «besonderen Lage».
13. Situationsberichte und Lagebeurteilungen durch das BAG und die Swiss National Covid-19 Science Task Force zu Händen des Bundesrats zur Vorbereitung des Beschlusses vom 27. Mai 2020.
14. Sämtliche internen Dokumente zu Händen des Bundesrats im Zusammenhang mit einer Folgenabschätzung der am 27. Mai 2020 beschlossenen Rückkehr zur besonderen Lage (ab 19. Juni 2020) statt zur normalen Lage (Gründe dafür und dagegen, Abwägung der Vor- und Nachteile, Überlegungen zur Verhältnismässigkeit).
15. Sitzungsprotokoll des Bundesrats im Zusammenhang mit dem Entscheid vom 19. Juni 2020 zur Rückkehr zur «besonderen Lage».
16. Situationsberichte und Lagebeurteilungen durch das BAG und die Swiss National Covid-19 Science Task Force zu Händen des Bundesrats zur Vorbereitung des Beschlusses vom 19. Juni 2020.
17. Sämtliche internen Dokumente zu Händen des Bundesrats im Zusammenhang mit einer Folgenabschätzung der am 19. Juni 2020 beschlossenen Rückkehr zur besonderen Lage statt zur normalen Lage (Gründe dafür und dagegen, Abwägung der Vor- und Nachteile, Überlegungen zur Verhältnismässigkeit).
18. Sitzungsprotokoll des Bundesrats im Zusammenhang mit dem Entscheid vom 1. Juli 2020 zur Anordnung einer Maskenpflicht im ÖV durch eine Änderung der Covid-19 Verordnung besondere Lage.
19. Situationsberichte und Lagebeurteilungen durch das BAG, die Swiss National Covid-19 Science Task Force und des EJPD (rechtliche Beurteilung) zu Händen des Bundesrats zur Vorbereitung des Beschlusses vom 1. Juli 2020 zur Anordnung einer Maskenpflicht im ÖV.
20. Sämtliche internen Dokumente zu Händen des Bundesrats im Zusammenhang mit einer Folgenabschätzung der am 1. Juli 2020 beschlossenen Maskenpflicht im ÖV (Gründe dafür und dagegen, Abwägung der Vor- und Nachteile, Überlegungen zur Verhältnismässigkeit).
21. Sämtliche Sitzungsprotokolle des Bundesrats im Zusammenhang mit dem Erlass und den jeweiligen Änderungen der verschiedenen Notverordnungen (z.B. Covid-19 Verordnung 2, Covid-19 Verordnung 3, Covid-19 Verordnung besondere Lage).
22. Rechtliche Beurteilungen des EJPD im Vorfeld zum Erlass und zur Änderung der genannten Notverordnungen, insbesondere zu den darin jeweils vorgesehenen Strafmassnahmen.

23. Sämtliche Protokolle der Sitzungen des Bundesrats, während denen die Situation in den Pflegeheimen ein Thema war, einschliesslich darauf bezogener Berichte und Lagebeurteilungen zu Händen des Bundesrats.

### Begründung

- 1 Nach Art. 6 Abs. 2 BGÖ hat jede Person das Recht, amtliche Dokumente einzusehen und von den Behörden Auskünfte über den Inhalt amtlicher Dokumente zu erhalten.
- 2 Der Bundesrat ist die oberste Behörde der Bundesverwaltung, für die das Gesetz nach Art. 2 Abs. 1 lit.a BGÖ gilt. Das BGÖ gewährt den Zugang zu amtlichen Dokumenten, um die Transparenz über den Auftrag und die Tätigkeit der Verwaltung zu fördern (Art. 1 BGÖ).
- 3 Der Bundesrat ist voraussichtlich federführende Behörde im Sinne von Art. 11 Abs. 1 VBGÖ. Für die ganz überwiegende Zahl der betroffenen Dokumente dürfte gelten, dass sie dem Bundesrat mitgeteilt worden sind und sich deshalb in dessen Besitz befinden (Art. 5 Abs. 1 lit.b BGÖ).

Mit vorzüglicher Hochachtung



RA Dr. Gerald Brei



**Von:** Ulysse.Tscherrig@bk.admin.ch  
**Betreff:** Corona - Gesuch um Zugang zu amtlichen Dokumenten nach dem BGÖ  
**Datum:** 10. August 2020 um 15:43  
**An:** brei@vfs-partner.ch  
**Kopie:** federica.liechti@bag.admin.ch, sandra.husi@gs-ejpd.admin.ch

Sehr geehrter Herr Brei

Hiermit bestätigen wir den Erhalt Ihres Zugangsgesuchs vom 21. Juli 2020.  
Ihr Gesuch betrifft mehrere Dokumente.

Als Stabstelle des Bundesrates ist die Bundeskanzlei zuständig für die Sitzungsprotokolle des Bundesrates (Ziff. 1, 3, 6, 8, 10, 12, 15, 18, 21 und 23 Ihres Gesuchs).

Nach Artikel 2 Absatz 1 Buchstabe a BGÖ gilt das BGÖ für die Bundesverwaltung. *E contrario* gilt das Bundesgesetz über das Öffentlichkeitsprinzip *der Verwaltung* nicht für den Bundesrat. «Der Bundesrat als Kollegialbehörde ist ebenfalls vom Geltungsbereich des Öffentlichkeitsgesetzes ausgeschlossen; dieser ist auf seine Verwaltung beschränkt» (vgl. Botschaft zum BGÖ vom 12. Februar 2003, BBl 2003 1963, S. 1985).

Da der Bundesrat vom persönlichen Geltungsbereich des Öffentlichkeitsgesetzes nicht erfasst ist, fallen seine Protokolle nicht unter das Öffentlichkeitsgesetz.

Aufgrund von Ziffer 22 Ihres Antrags haben wir Ihr Gesuch zuständigkeitshalber an das EJPD weitergeleitet.

Aufgrund Ihrer übrigen Begehren haben wir Ihr Gesuch zuständigkeitshalber an das BAG weitergeleitet.

Für allfällige Fragen stehen wir Ihnen gerne zur Verfügung.

Mit freundlichen Grüssen

**Ulysse Tscherrig**  
Jurist

Bundeskanzlei  
Sektion Recht

Bundeshaus West, 3003 Bern  
Tel. +41 58 462 37 28  
Fax +41 58 462 88 95  
ulyссе.тscherrig@bk.admin.ch  
www.bk.admin.ch

 **Bevor Sie dieses E-Mail ausdrucken: Denken Sie an die Umwelt!**

## „Wenn es das SARS-CoV-2 nicht gibt, was ist dann die Ursache für COVID-19?“

28.01.2022

<https://projekt-immanuel.de/wenn-es-das-sars-cov-2-nicht-gibt-was-ist-dann-die-ursache-fuer-covid-19/>

Das ist die falsche Frage. Die richtige Frage müsste lauten: was ist COVID-19?  
Die kurze Antwort lautet: es gibt zwar die einzelnen Symptome, doch die „Krankheit“ COVID-19 existiert ebenso wie das Virusmodell SARS-CoV-2 nur auf dem Papier.

**Auch mit dem Thema COVID-19 und den Ursachen der einzelnen Symptome werden wir uns in späteren Beiträgen noch ausführlich beschäftigen.**

Zu Anfang der sogenannten Corona-Krise war COVID-19 noch als atypische Lungenentzündung definiert. Und selbst diese Definition war bereits mehr als problematisch, weil es für eine atypische Lungenentzündung eine ganze Reihe an möglichen Ursachen gibt, die mit irgendwelchen Krankheitserregern überhaupt nichts zu tun haben. Von körperlichen Vorgängen als Folge komplexer Psychosomatik, die in der sogenannten „Neuen Medizin“/„Universalbiologie“ erklärt sind, bis hin zu etlichen physikalisch-chemischen Ursachen. Dass die Schulmedizin die Psychosomatik stets ausblendet und sich die meisten Krankheiten ausschließlich mit vermeintlichen Krankheitserregern erklären kann, ist eine Sache, doch die physikalisch-chemischen Ursachen, zu denen auch verschiedene toxische Medikamenten gehören, sind der Schulmedizin bereits seit langer Zeit sehr wohl bekannt. Dennoch scheinen diese von Anfang an konsequent ignoriert worden zu sein.

Als schließlich die PCR-Tests aufkamen, erweiterte sich der Symptomkatalog von COVID-19 rasend schnell, und das Krankheitsbild entwickelte sich von einer atypischen Lungenentzündung hin zu einem, wie das RKI in ihrem „Epidemiologischen Steckbrief“ schreibt, „unspezifischen Symptompektrum“. Das bedeutet, **COVID-19 kann mittlerweile alles und gar nichts sein.**

Dazu kam es, weil alle möglichen Symptome, die Menschen mit einem positiven PCR-Test aufwiesen, einfach COVID-19 zugeschrieben und als offizielles Symptom ins Krankheitsbild aufgenommen wurden. Die einzige Voraussetzung dafür war, dass das Symptom irgendwie mit der Corona-Virus-Idee auf einer rein theoretischen Ebene zu erklären war, selbst wenn die Erklärung am Ende recht abwegig klang.

So wurde zwar ein gebrochener Knochen trotz eines positiven PCR-Tests nicht mit COVID-19 in Verbindung gebracht, dafür aber Bindehautentzündung, Leberfunktionsstörungen, Hautausschlag, Blutvergiftung, Nierenversagen und vieles mehr.

**An dieser Stelle sei angemerkt, dass wir uns hier keineswegs über Menschen lustig machen, die mit einer schweren Lungenentzündung oder anderen Beschwerden auf Intensivstationen und vielleicht sogar im Sterben liegen. So etwas wird einem heutzutage ja sehr schnell unterstellt, wenn man Kritik am offiziellen Corona-Narrativ äußert. Es ist die vermeintlich „medizinisch-wissenschaftliche“ Definition von Corona, die wir hier kritisieren.**

Als wir selbst im Juli 2020 einmal genauer nachschauten, was COVID-19 eigentlich offiziell sein sollte, umfasste das Krankheitsbild, das die Gesundheitsbehörden und wissenschaftlichen Institute in aller Welt definiert hatten, schon knapp 30 offizielle Symptome. Dazu kam noch

eine ganze Reihe von Vermutungen und „möglichen Langzeitfolgen“ (mittlerweile auch „Long-Covid“ genannt), die jedoch erst noch durch „wissenschaftliche Studien genauer erforscht werden müssten“ – an dieser Aussage hat sich auch jetzt im Januar 2022 noch nichts geändert. Und natürlich gab es da auch noch den sogenannten „asymptomatischen Verlauf“, da auch Menschen ohne irgendwelche Symptome reihenweise positiv getestet wurden und man nun der Theorie nach das Virus auch in sich tragen und ansteckend sein konnte, ohne selbst krank zu werden. Irgendwann versuchte man COVID-19 dann generell von einer „Atemwegserkrankung“ zu einer „Gefäßerkrankung“ umzudefinieren. Wie viele weitere Symptome, Theorien, Neudefinitionen und „erste Studienergebnisse“ seither noch zu COVID-19 hinzugekommen sind, wissen wir nicht, und es ist auch belanglos.

In der Geschichte der Schulmedizin gab es schon viele Male mehr als fragwürdige Krankheitsdefinitionen. Einige davon haben sogar noch heute ihre Gültigkeit, wie z.B. „Pest“, „Erkältung“, „Influenza“ oder „AIDS“. Mal definierte man eindeutige Vergiftungserscheinungen plötzlich zu einer ansteckenden Krankheit; dann wurden körpereigene Vorgänge zu etwas Schlechtem, etwas Falschem erklärt, das bekämpft werden müsste; dann wiederum warf man die unterschiedlichsten Symptome in einen gemeinsamen Topf und behauptete, dass dies nun eine neue, eigenständige Krankheit sei; und schließlich wurden Zustände postuliert, die den Menschen angeblich gebrechlich und für Krankheiten empfänglich machen sollten, wodurch alle zukünftig auftretenden Beschwerden einfach nur die unausweichliche Folge dieses Zustandes seien. Und immerzu war der „Erreger“, der bösartige, unsichtbare Feind der Verursacher des Ganzen.

### **Und was ist jetzt COVID-19?**

Wie im vorangegangenen Abschnitt bereits deutlich wurde, gehört COVID-19 in die Kategorie „zusammenwürfeln und neu etikettieren“. Man machte aus all den durch die PCR-Tests gesammelten Symptomen, die in vielen anderen schulmedizinischen Krankheitsdefinitionen auch zu finden sind, eine Liste, betitelte diese mit „COVID-19“ und behauptete, dass all die in dieser Liste aufgeführten Symptome nun zusammengehören und nur durch eine einzige gemeinsame Ursache ausgelöst werden, sofern ein positiver PCR-Test vorliegt.

**COVID-19 ist also nur ein weiteres wildes Sammelsurium verschiedenster Symptome und Beschwerden, die in verschiedensten Geweben auftreten und eigentlich verschiedenste Ursachen haben.** Dabei ist kein einziges Symptom, für das man SARS-CoV-2 und eine seiner angeblichen Varianten verantwortlich macht, in irgendeiner Art und Weise neu oder ungewöhnlich.

Regelrecht „amüsant“ wird es, wenn man sich mal genauer anschaut, wie die Gesundheitsbehörden und „Corona-Experten“ versuchten, COVID-19 anhand seiner Symptome von anderen, ähnlichen Krankheitsdefinitionen zu unterscheiden. Da wurden dann auf einmal Symptome, die früher jeder Hausarzt mit banalen Phänomenen wie einem „Schnupfen“ oder einer „Erkältung“ in Verbindung gebracht hätte, plötzlich als exklusives, spezifisches COVID-19-Symptom dargestellt. Das Gleiche machte man vor kurzem noch einmal beim Versuch die angebliche „Omikron-Welle“ nicht nur von der „Grippe“ und der einfachen „Erkältung“ sondern auch von der vorherigen „Delta-Welle“ zu unterscheiden. Je nach Quelle findet man dann z.B. die Behauptung, dass Appetitlosigkeit ein geradezu exklusives Symptom von Omikron sein soll, das bei einer Grippe oder einer Erkältung angeblich nie auftritt; zudem sollen zwar Grippe, Erkältung und COVID alle oftmals mit einem Schnupfen einhergehen, Niesen trete aber nur bei einer Erkältung und gelegentlich bei neuen COVID-Varianten auf, bei einer Grippe dagegen nie. Bei manch anderen Symptomen

heißt es sogar nur, dass sie bei dieser oder jener Krankheit *in der Masse* häufiger oder seltener auftauchen...

**Diese Krankheitsdefinition und den verzweifelten Versuch, sie anhand ihrer postulierten Symptome von anderen Krankheitsdefinitionen zu unterscheiden, kann man nur als absurd bezeichnen.**

Stellen Sie sich vor, Sie wären im Jahr 2019 mit Symptomen, die Sie selbst im Vorfeld als „klassische Grippe“ gedeutet hätten, zu Ihrem Hausarzt gegangen. Dieser hätte Sie Ihre Symptome schildern lassen, sie dann routiniert untersucht und Ihnen anschließend gesagt, dass Sie mit Ihrer Einschätzung nicht ganz richtig lägen. Sie hätten nämlich nicht nur Halsschmerzen und einen Schnupfen, sondern müssten zudem auch niesen. Und Niesen sei für eine Grippe doch sehr ungewöhnlich. Außerdem hätten sie als Symptom Appetitlosigkeit angegeben, was bei einer Grippe normalerweise nie auftreten dürfte. Daher gehe der Arzt davon aus, dass man es bei Ihnen mit einer neuen Krankheit zu tun hätte, weswegen er sofort das Gesundheitsamt informieren würde.

Was hätten Sie auf die Diagnose dieses Arztes gegeben?

Typische Phänomene wie Appetitlosigkeit oder Müdigkeit, die man als Standardbegleiterscheinung unzähliger körperlicher Beschwerden bezeichnen kann, als spezifisches Symptom nur ganz bestimmter Krankheiten darzustellen, ist unsinnig. Und selbst das Niesen, ein Symptom, das natürlich fest an ein bestimmtes Organ gekoppelt ist, lässt sich nicht auf diese Art für eine Unterscheidung nutzen. Zu behaupten, dass ein Schnupfen, der mit oder ohne Niesen abläuft, ein Zeichen einer bestimmten Krankheit sei, beweist nur, dass all die Experten, die in der Corona-Zeit von Talkshow zu Talkshow wandern, um ihre Expertenmeinung (die sich ohnehin jeden Tag ändert) zu präsentieren, die echten Zusammenhänge biologischer Vorgänge im Körper überhaupt nicht untersuchen und verstehen, sondern ausschließlich im Rahmen einer fiktiven zu Papier gebrachten Idee argumentieren.

**COVID-19 lässt sich nicht anhand seiner Symptome von anderen schulmedizinischen Krankheitsdefinitionen unterscheiden! Schon allein deswegen nicht, weil unzählige andere Krankheitsdefinitionen mittlerweile in COVID-19 enthalten sind. Es sind alles nur altbekannte Symptome in einer neuen, rein theoretischen Definition.** Ohne PCR-Tests würden alle auftretenden Symptome ganz schnell wieder der normalen „Grippe“, der „Erkältung“ und anderen Krankheiten (die größtenteils ähnlich absurd definiert sind wie COVID-19) zugeschrieben werden. Warum gab es 2020 und 2021 so gut wie keine angebliche „Grippe“ in Deutschland? Weil man sie einfach nicht diagnostiziert hat. Die Symptome wären zwar alle da gewesen, doch da mittlerweile nur noch mit PCR-Tests diagnostiziert wird, war alles nur noch Corona.

*Dieses willkürliche Diagnostizieren auf Basis nichtssagender Labortests beinhaltet im Übrigen auch eine der Möglichkeiten, wie sich Verantwortliche weltweit letztlich aus der Corona-Affäre ziehen könnten. Die Wissenschaftler „entdecken“ z.B. eine angebliche neue Variante, bei der man feststellt, dass das Virus nun harmlos geworden sei, weswegen auch positive Tests sehr schnell keine Bedeutung mehr hätten und man aufhört zu testen. Von nun an wird COVID immer seltener diagnostiziert, und alle Symptome werden wieder Erkältung und saisonaler Grippe zugeschrieben, da ja das harmlos gewordene SARS-CoV-2 nicht mehr verantwortlich sein könne. Auf eine ganz ähnliche Weise ist auch die angebliche Schweinegrippe von 2009 von heute auf morgen verschwunden.*

### **Und was ist mit den Fällen von Long-COVID?**

Long-COVID ist ebenso wie die akute Form von COVID-19 nichts weiter als eine bloße Behauptung, die in diesem Fall sogar mit teils lang zurückliegenden PCR-Tests begründet wird. Damit ist die Krankheitsdefinition bei Long-COVID sogar noch breiter gefächert. Hier kann man wirklich sagen, dass man im Grunde alles als Langzeitfolge von COVID-19 ausgeben kann, inklusive psychischer Beschwerden.

So heißt es im Corona-Steckbrief des RKI:

*„Bislang lässt sich kein einheitliches Krankheitsbild abgrenzen und die zugrunde liegenden Mechanismen sind noch nicht klar. Es werden sehr unterschiedliche Symptome berichtet, die über Wochen und Monate fortbestehen, phasenweise wieder auftreten oder auch neu hinzukommen können.“*

Wir warten nur darauf, dass endlich auch „Krebs“ als Langzeitfolge in den COVID-19-Symptomkatalog mit aufgenommen wird (oder ist das in der Zwischenzeit sogar schon geschehen?). Der Krankheitsdefinition von COVID-19 sind jedenfalls keine Grenzen mehr gesetzt.

Und man kann sprichwörtlich Gift darauf nehmen, dass auch sämtliche Beschwerden, die in der Gesellschaft als Folge des „Lockdowns“, des „Social Distancing“ und der unverantwortlichen medialen Corona-Panikmache auftreten, ihren Weg in den Long-Covid-Symptomkatalog finden werden.

**Fließbanddiagnosen mittels Labortests haben mit Medizin, mit Wissenschaft und mit echter Sorge um das Wohlbefinden einer Bevölkerung nichts zu tun. Sie sind höchstens ein Geschäftsmodell. Wenn man wissen möchte, was bei einem Menschen gerade körperlich vor sich geht, muss man diesen ganz genau und vor allem individuell untersuchen. Welche Symptome tauchen in welcher Intensität in welchem Organ auf? Wie ist der psychische Zustand des Menschen, wie ist sein soziales Umfeld, was ist seine Krankheitsgeschichte, usw. Erst und nur dann kann man sagen, was einem Mensch gerade tatsächlich fehlt und wie man ihm helfen kann.**

### **Aber halt! Was ist mit dem Verlust des Geruchs- und Geschmackssinns?**

Beim berüchtigten Geruchs- und Geschmacksverlust verhält es sich ganz ähnlich wie bei der atypischen Lungenentzündung. Es gäbe eigentlich eine ganze Reihe an möglichen Ursachen, doch anstatt diese genauer zu untersuchen, behauptet man einfach ohne jede faktische Grundlage, dass das gefährliche Virus dafür verantwortlich sein müsse.

So gut wie jeder Hausarzt in diesem und vielen anderen Ländern hat es jedes Jahr vor allem in den kalten Wintermonaten mit Menschen zu tun, die neben den üblichen „Erkältungssymptomen“ auch darüber klagen, dass sie nicht mehr riechen und schmecken könnten. Zum einen ist das Phänomen also uralt und bestens bekannt, zum anderen ist es genau wie bei der Appetitlosigkeit, der Müdigkeit und dem Niesen unsinnig zu behaupten, dass es sich dabei um ein spezifisches Symptom handle, dass auf eine ganz bestimmte Krankheit hindeute.

**An dieser Stelle empfehlen wir den Artikel „Der Geruchs- und Geschmacksverlust“ von Ursula Stoll in der Ausgabe 03/2021 von Wissenschaftplus. Dort beschreibt die Autorin detailliert und leicht verständlich, welche körperlichen Vorgänge und Zusammenhänge zu jenem Phänomen führen, dass als DAS signifikante Symptom von COVID-19 gilt.**

Eine Schwellung der Riechschleimhaut, wie sie ständig bei „Erkältungen“ auftaucht, ist wohl die häufigste Ursache für den temporären Verlust des Geruchs- und Geschmackssinns. Doch

auch Kopfverletzungen oder Nasenpolypen können dazu führen. **Außerdem ist schon lange bekannt, dass (genau wie bei einer atypischen Lungenentzündung) auch eine ganze Reihe von Medikamenten dafür verantwortlich sein kann, ebenso wie ein Teststäbchen, das in die Nase eingeführt wird und den Riechkolben verletzt.**

Die Beobachtung oder besser gesagt das Empfinden, dass der Verlust des Geruchs- und Geschmackssinns seit Corona wesentlich häufiger auftritt als früher, kann u.a. damit leicht erklärt werden, dass der Fokus der Bevölkerung auf dieses Phänomen gelenkt wird. Dadurch fällt es den Menschen nicht nur schneller auf, es wird auch intensiver wahrgenommen, ganz besonders wenn auch noch Angst im Spiel ist.

Zu guter Letzt ist noch zu sagen, dass die Situation, in der wir uns alle aufgrund der „Corona-Krise“ befinden, etwas so Einzigartiges und so extrem Unnatürliches darstellt, dass unzählige Menschen – das Team von Projekt Immanuel mit eingeschlossen – in diesen Zeiten Beschwerden bekommen, die sie in dieser Form und Intensität noch nie erlebt haben. Auch das lässt sich verhältnismäßig leicht mit einer komplexen Psychosomatik erklären, wie sie in der Universalbiologie beschrieben wird, da kaum einer von uns schon einmal eine derart langanhaltende, derart belastende und derart stressige Krise erlebt hat.

**Nichts von alledem, was in der Corona-Krise in Sachen Krankheiten und körperlicher Beschwerden vor sich geht, bedarf eines Krankheitserregers und der Ansteckung, um es zu erklären.**

#### **Und was ist dann „Flurona“?**

Eine weitere absurde Behauptung. Mehr gibt es dazu nicht zu sagen.

Wer versteht, wie die COVID-19-Behauptung entstanden ist, versteht auch sofort, wie man auf so eine Idee wie „Flurona“, „Deltakron“ und die „Twindemic“ kommt.

#### **Fazit**

Das, was bei der Aufarbeitung der ganzen „Corona-Krise“ noch ein sehr schwieriges und für einige Menschen belastendes Kapitel sein wird, ist die Frage: wie viele Menschen in der Corona-Krise letztlich völlig grundlos gestorben sind.

Wie viele Menschen hätten überlebt, wenn man sie nur gründlich untersucht hätte, anstatt nur einen PCR-Test zu machen? Wie vielen Menschen hätte man leicht helfen können, wären sie nur richtig behandelt worden, anstatt sich blind an die Vorgaben einer WHO oder einer Gesundheitsbehörde zu halten? Wie viele Schäden und Nöte hätte man abwenden können, wenn man sich der Menschen individuell angenommen hätte, anstatt sie in verallgemeinerte „Krankheitsschubladen“ zu stecken?

**Zusammenfassend kann man also sagen: es gibt all die Symptome, die man COVID-19 zuschreibt, doch es gibt keinerlei Beweise dafür, dass diese eine gemeinsame Ursache hätten. Die einzelnen Symptome sind allesamt wohlbekannt und ließen sich in vielen Fällen auch verhältnismäßig leicht behandeln. Es ist wieder einmal nur der PCR-Test, der die Krankheit definiert und eine gemeinsame, ansteckende Ursache suggeriert. COVID-19 ist möglicherweise die absurdeste Krankheitsdefinition in der Geschichte der Medizin.**

Euer Projekt-Immanuel-Team

# Schriftlich bestätigt - Forscher können keinen Nachweis für ein krankmachendes Virus erbringen

Corona\_Fakten auf Telegram • January 17, 2022



Es scheint schier unfassbar, was Sie in der Reihe *"Schriftlich bestätigt – Forscher können keinen Nachweis für ein krankmachendes Virus erbringen"* zu lesen bekommen werden. Diese Reihe wird aus mehreren Artikeln bestehen, die nach und nach veröffentlicht werden, exklusiv auf Corona\_Fakten [1]

Für all diejenigen, die vehement die Behauptung vertraten, dass das Coronavirus wissenschaftlich nachgewiesen wurde, muss und wird hier ein Weltbild zusammenbrechen.

Die, welche uns immer wieder vorwarfen, wir würden eine Nebelkerze zünden, um die Kritiker lächerlich zu machen, sollten mit diesem Artikel zum Schweigen gebracht werden. Denn nicht wir sind es, die das Narrativ unendlich lange aufrechterhalten, es sind diejenigen, die sich bis heute verweigern, die Virenxistenz infrage zu stellen.

Doch traurige Realität scheint eher, dass die meisten Kritiker, welche die Virusexistenzfrage als lächerlich hinstellen oder absichtlich ignorieren, einfach von

Angst getrieben sind, in eine Ecke gedrängt oder als Spinner eingestuft zu werden und dabei möglicherweise "Follower" zu verlieren.

Kleiner Tipp an die oben genannten: Ihr könnt Eure Befürchtungen beiseitelegen. Wir besaßen und besitzen das notwendige Rückgrat, um genau dieses Thema aufzuarbeiten, in die Welt hinauszuposaunen und sogar 1,5 Millionen Euro demjenigen zu überreichen [2], der eine Publikation benennen kann, in welcher den wissenschaftlichen Regeln Genüge getan wurde.

Es kann nur einen einzigen Grund geben, warum das Geld bisher nicht eingefordert wurde – dessen Betrag übrigens höher als das Preisgeld für den Nobelpreis ist: Niemand kennt eine Publikation, die den wissenschaftlich vorgeschriebenen Regeln gerecht wird!

Mitstreiter und wir von Corona\_Fakten haben diverse Forscher, Virologen, Molekularbiologen, Anwälte, Medien und weitere Personen angeschrieben mit der Bitte, uns die Publikation(en) zu nennen, bei denen die wissenschaftlichen Beweise der Existenz eines Corona-Virus vorliegen, inklusive der dokumentierten Kontrollversuche aller getätigten Schritte der Beweisführung.

Doch bis dato war offensichtlich niemand dazu in der Lage. Dies lässt sehr tief blicken. Und bedeutet im Umkehrschluss, dass Verantwortliche sich blind auf Aussagen anderer verlassen, Behauptungen nicht selbst überprüfen und kritiklos als unumstößlichen Fakt übernehmen.

Leider tägliche, traurige Realität!

Für mich liegen folgende Gründe für dieses stümperhafte Vorgehen auf der Hand:

Entweder:

- sind diejenigen einfach zu faul, sich mit den notwendigen Publikationen zu beschäftigen
- sind diejenigen zu "beschäftigt", sich die notwendigen Publikationen durchzulesen
- war der auf die mediale Panikmache folgende Zeitdruck so enorm, so dass sich einfach extrem viele Fehler einschleichen konnten
- sind diejenigen nicht in der Lage, die maßgeblichen Publikationen inhaltlich zu verstehen

Oder: Sie agieren absichtlich, mit Vorsatz – was die schlimmste aller Varianten wäre!

### ***Warum zweifeln wir die Existenz des SARS-CoV-2 und aller anderen behaupteten krankmachenden Viren an?***

Damit Sie, lieber Leser, verstehen, warum überhaupt die Existenz der behaupteten krankmachenden Viren angezweifelt wird und warum dieser Umstand der wichtigste Punkt unter allen anderen, die derzeit in der Kritiker-Szene herumschwirren ist, werden wir versuchen, dies kurz und knapp zu erläutern.

**Der wohl entscheidendste Grund ist**, dass mit einer Widerlegung der Behauptung, man habe ein neues krankmachendes Virus entdeckt, alle – und ich meine damit wirklich alle – Maßnahmen und Einschränkungen sowie jede Impfung komplett vom Tisch wären und nichts anderes als eine Gefahr für Leib und Leben darstellten!

Ein weiterer Ansatz könnte sein, dass durch die Erkenntnis, dass es sich bei dieser Idee von gefährlichen herumfliegenden Viren um ein Hirngespinnst handelt, sich ein neuer Weg in eine sinnvolle, für den Menschen gemachte Medizin bahnen würde, bei welcher die Ursachen von "Krankheit" und "Symptomen" eindeutig und nachvollziehbar sind – und große Bereiche der Pharmabranche ihrer Existenzgrundlage beraubt werden würden.

Jede Diskussion über Tests, Statistiken (Todeszahlen, tatsächlich "Erkrankte"), Maßnahmen und anderes erlaubt ständige Ausflüchte in Argumentationen, welche wiederum in unendliche Diskussionen ausufern ...

**Mit anderen Worten:** Jeder, der nicht die Virenexistenzfrage stellt, untermauert automatisch das Narrativ der krankmachenden Viren, für welche NIE! ein wissenschaftlicher Beweis erbracht wurde. Auf diese Weise stützen diese Kritiker, mag sein auch unbewusst, das permanente Befeuern der Pandemielage.

### ***Warum sind wir uns so sicher, dass es keinen wissenschaftlichen Nachweis für ein krankmachendes Virus gibt?***

Die Beantwortung dieser Frage ist fast zu simpel, Sie können sich das kaum vorstellen.

**Im Jahre 1998** [3] wurden wegen einer Vielzahl an systematischen und umfangreichen Fälschungen in der Infektions- und Krebsforschung im Regelwerk die „Vorschläge zur Sicherung guter wissenschaftlicher Praxis“ zusammengefasst und veröffentlicht. Sie wurden 1997 von einer internationalen Kommission im Auftrag der

Deutschen Forschungsgesellschaft (DFG) erstellt und auftragsgemäß von Universitäten und der Hochschulrektorenkonferenz präzisiert, in Druckform und im Internet veröffentlicht und in Deutschland für alle staatlichen Wissenschaftsinstitutionen und Wissenschaftler verbindlich gemacht. Diese Regeln und Vorgaben sind Bestandteil des Arbeitsvertrages jedes einzelnen.

Wissenschaft muss für jeden nachvollziehbar und falsifizierbar sein.

Leider werden diese Regeln in der Virologie kontinuierlich missachtet und man handelt hierdurch anti-wissenschaftlich.

### **Der andere Punkt ist der Nachweis eines krankmachenden Virus selbst.**

Um solch eine Behauptung aufstellen zu dürfen, sind verschiedene Schritte unabdingbar. Werden diese nicht erfüllt, darf und kann niemand von einem wissenschaftlich einwandfreien Nachweis sprechen, maximal von einer Spekulation – und eine Spekulation ist bei Weitem kein Nachweis!

Wenn behauptet wird, dass eine ganz spezifische Struktur verantwortlich für das Auslösen ganz spezifischer Symptome sei, müssen mindestens folgende Dinge lückenlos durchgeführt und dokumentiert werden:

#### **Isolierung der behaupteten Struktur**

Die Struktur muss aus einem erkrankten Patienten isoliert werden, isoliert im Sinne des Wortes, also von allen anderen Bestandteilen getrennt werden. Dies wusste schon Luc Montagnier und bestätigte dies beim HI-Virus [4]. Dies ist zwangsweise notwendig, da sonst niemals behauptet werden darf, dass die sequenzierten Genbruchstücke, welche ich erhalten habe, zu einer einzigen Struktur gehören. Befindet sich noch anderes genetisches Material innerhalb der "isolierten" Probe, sind die erhaltenen Gensequenzen unmöglich zuzuordnen. Die Behauptung, das sei Standardvorgehen in der Virologie, macht diesen Umstand nicht besser, sondern zeigt die Selbsttäuschung der Virologie selbst auf.

Ich erhalte bei dieser Art der Sequenzierung viele kurze Gensequenzen aus einer Mischung aus allem Möglichen. Eine Zuordnung als Verursacher kann somit unmöglich getätigt werden.

#### **Der erzeugte Erbgutstrang des behaupteten Virus muss einzigartig sein.**

Die sequenzierten Gensequenzen, bzw. das Zusammensetzen dieser (*Sequenz-Alignment*), zu einer langen Gensequenz, welche dann als virales Genom behauptet

wird, darf nicht in:

- *menschlicher/mikrobieller RNA aus einer Lungenspülung eines **gesunden** Menschen gefunden werden,*
- *einem Menschen mit einer **anderen Lungenerkrankung gefunden werden,***
- *einem Menschen, der SARS-CoV-2-**negativ getestet** wurde gefunden werden,*
- *aus solcher RNA aus **Rückstellproben** aus der Zeit, als das SARS-CoV-2-Virus noch unbekannt war gefunden werden.*

**Alle Schritte der Kontrollexperimente müssen durchgeführt und dokumentiert werden.**

Das erste Kontrollexperiment wäre wie eben beschrieben das Konstruieren des Genoms anhand von Proben unterschiedlicher Herkunft.

Der zweite, aus wissenschaftlicher Logik resultierende Kontrollversuch ist der, mittels des entwickelten PCR-Verfahrens (real-time RT-PCR) intensiv, mit klinischen Proben von Menschen mit anderen Erkrankungen als denen, die dem Virus zugeschrieben werden und anhand von Proben gesunder Menschen, Tiere und Pflanzen zu überprüfen, ob nicht auch deren Proben sich als „positiv“ getestet herausstellen.

Das Dritte Kontrollexperiment bezieht sich auf den im Labor hervorgerufenem cytopathischen Effekt, bei dem behauptet wird, dieser sei die Folge eines Virus. Hier fehlen ebenfalls gänzlich die Kontrollgruppen.

*Wir fragten sowohl kritische Virologen und Epidemiologen als auch Befürworter der Corona-Maßnahmen, niemand konnte auch nur eine einzige Publikation nennen, bei der die Regeln für wissenschaftliches Arbeiten eingehalten wurden*

### **Prof. Sucharit Bhakdi & Prof. Karina Reiss**

Fangen wir bei zwei geschätzten Maßnahmen-Kritikern an, bei welchen einer der beiden später nicht mehr sicher war, ob das "Erste" SARS-CoV-2 in China jemals isoliert wurde ... [5]

Nachdem Prof. Bhakdi und seine Frau Prof. Karina Reiss die Publikumsfrage[6],

"ob denn jemals das SARS-CoV-2 wirklich isoliert wurde", mit einem klarem ja beantworteten und sogar erfolgreiche Tierversuche behaupteten,

fragten wir bei den beiden gezielt nach, ob diese uns die wissenschaftliche[n] Publikation nennen können, bei der der Nachweis, sprich die Isolierung eines neuartigen Coronavirus, dokumentiert wurde, samt seinen Tierversuchen.

**Die erste Antwort seitens Prof. Bhakdi war:**

*"Bitte unseren Artikel über Immunität und Impfung von der Homepage Goldegg-Verlag herunterladen. Die Information ist im Zitat 5 gegeben. Die SARS-CoV-2 Stämme können von European Virus Archive Global bezogen werden."*

**Von:** Sucharit Bhakdi

**Gesendet:** 10. September 2020 um 13:16 Uhr

**An:** XY

**Betreff:** AW: Ihr Vortrag am 6.9.2020 in Kiel mit Prof. Reiss

Bitte unseren Artikel über Immunität und Impfung von der Homepage GoldeggVerlag herunterladen. Die Information ist im Zitat 5 gegeben. Die SARS-CoV-2 Stämme können von European Virus Archive Global bezogen werden.

Grüße,  
Sucharit Bhakdi

Leider verwies sein Hinweis lediglich auf eine Übersichtsarbeit und keine direkte Publikation, was wenig hilfreich war und den Verdacht erhärtete, dass beide keine Publikation nennen können.

Wir wurden also konkreter, um Ausflüchte zu vermeiden:

**Frage:**

*"Können sie mir eine konkrete Publikation benennen, in der die Existenz eines SARS-CoV-2 behauptet und wissenschaftlich bewiesen ist und können sie die darin befindlichen Textstellen benennen, in denen die Beweisführung UND die Kontrollexperimente dokumentiert sind, die beweisen, dass tatsächlich virale Nukleotidsequenzen und nicht zelluläre, im Alignment zum langen viralen Genom ausgerichtet wurden."*

**Und genau jetzt wird es spannend.**

Prof. Bhakdi & Prof. Reiss haben uns folgende Publikation als Nachweis für die von uns geforderte Beweisführung der Isolierung eines SARS-CoV-2, samt seiner Kontrollexperimente genannt:

**Publikation:** "Virus Isolation from the First Patient with SARS-CoV-2 in Korea" [7]

**Von:** Karina Reiss  
**Gesendet:** 11. September 2020 um 16:35 Uhr  
**An:** XY  
**Cc:** Sucharit Bhakdi  
**Betreff:** Re: Aw: AW: Ihr Vortrag am 6.9.2020 in Kiel mit Prof. Reiss

Sehr geehrter Herr XY,

es gibt sehr viele Studien in denen Sars-CoV-2 Viren aus Menschen isoliert wurden.

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7036342/>

Viele diese Isolate sind anschließend konserviert worden und wurden in Tierversuchen erfolgreich eingesetzt. Da gibt es aus wissenschaftlicher Sicht keine Zweifel.

Beste Grüße,

Karina Reiß

Auf Nachfrage beim Autor der Publikation selbst, ob **die in ihren in-vitro-Experimenten dargestellten elektronenmikroskopischen Aufnahmen gereinigte Viren abbilden,**

bestätigte dieser schriftlich selbst [8]

**Antwortender Autor:** Wan Beom Park

Datum: March 19, 2020

**Antwort:** *"We did not obtain an electron micrograph showing the degree of purification."*

**Übersetzung:** *"Wir haben keine elektronenmikroskopische Aufnahme erhalten, die den Grad der Reinigung zeigt."*

Von "박완범" <wbpark1@snu.ac.kr> ☆

Betreff **RE: FW: Re: Question re Coronavirus RNA, II**

An Torsten ★

Kopie (CC) "오명돈" <mdohmd@snu.ac.kr> ☆

Dear Torsten Engelbrecht

I'm Wan Beom Park, first author of this article. I'm writing instead of Dr Oh, because he has been so busy due to COVID-19.

1. Can you please send me the list of ingredients of this "virus transport medium"?

Ans: UTM tube has universal transport medium. It is commercial kit and ingredients are not informed by the company.

2. In your paper you write "culture supernatant of Vero cells infected was used for RNA extraction". Was RNA obtained from the density at which CoV particles band?

Ans: We used blindly culture supernatant in order to extract RNA.

3. What is that density and did you obtain an EM showing the degree of purification?

Ans: No, we did not obtain an EM showing the degree of purification.

4. Do the EM shots show ultracentrifuged, sedimented virus particles? And do images C and D show the purified virus?

Ans: Yes, the EM shots show ultracentrifuged, sedimented virus particles rather than the purified virus.

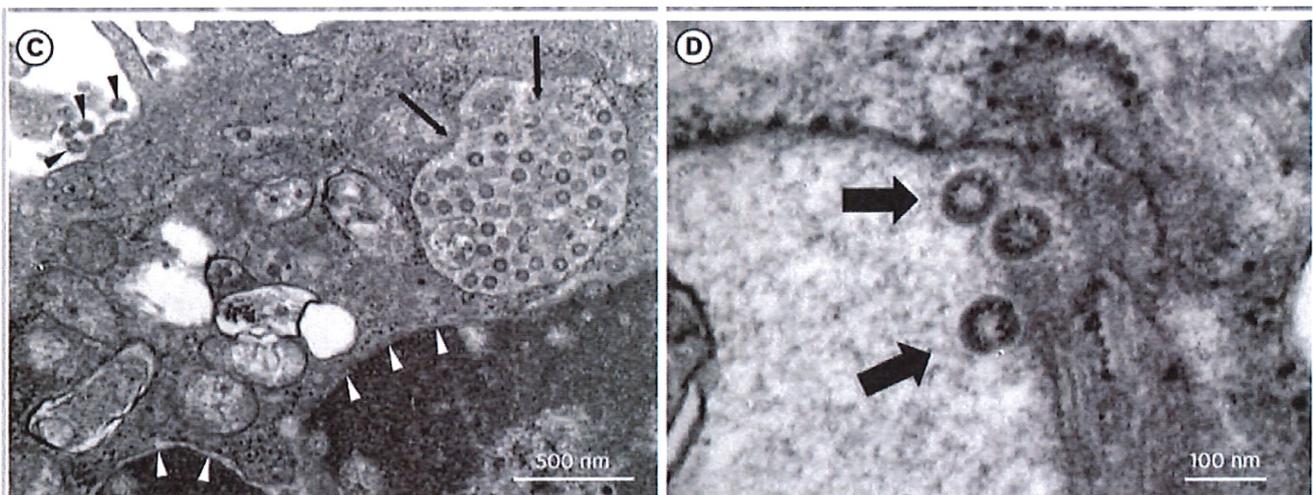
Thank you for your interest in our article.

Best,

Wan Beom Park

[8]

Jedem, der die Bilder der Studie begutachtet, wird sofort klar, dass hier keine Strukturen in isolierter Form vorliegen.



[7]

Hier wird behauptet, man habe eine virale Struktur innerhalb von Zellen fotografiert (*nicht isoliert, wie der Autor der Studie persönlich bestätigte*). Die Behauptung, diese Studie würde ein Virus in isolierter Form nachweisen, wird zu keinem Zeitpunkt untermauert.

Einer Struktur die Ursächlichkeit anzudichten krankmachend zu sein, ohne diese zuvor isoliert und die notwendigen Kontrollexperimente durchgeführt zu haben, darf und kann nicht als wissenschaftlich bezeichnet werden!

Des Weiteren werden in dieser Studie keinerlei Kontrollexperimente durchgeführt, die wir aber explizit erwähnten und forderten, und welche die Pflicht eines jeden Wissenschaftlers sind.

Hier stellt sich die Frage, warum Prof. Bhakdi und Prof. Karina Reiss diese Tatsache nicht wissen bzw. nicht wissen wollen, uns aber trotzdem diese Studie als Nachweis verkaufen wollten.

Jedem muss spätestens hier klar sein: Die beiden haben es nicht überprüft oder sie ignorieren diese Tatsache aus anderweitigen Gründen. Sie missachten damit beide die Regeln und Pflichten eines jeden Wissenschaftlers.

Was uns persönlich daran sauer aufstößt ist, dass beide weiterhin öffentlich behaupten, es gäbe das Virus, es sei längst nachgewiesen, jedem Diskurs mit uns darüber aus dem Weg gehen, selbst aber nicht in der Lage sind, auch nur eine einzige Publikation zu benennen.

Nachdem wir Prof. Reiss und Prof. Bhakdi darauf aufmerksam gemacht haben, verwiesen diese uns erneut wieder auf ihren Artikel über Immunität und Impfung der Homepage Goldegg-Verlag "Zitat 5", mit dem Zusatz:

*"Das ist das was wir ihnen anbieten können".*

Mit anderen Worten, sie können nichts anbieten, haben keinen Nachweis, behaupten aber nach wie vor, das Virus würde existieren, als wäre nichts gewesen.

Genau hier liegt das Problem der allermeisten. Sie haben nichts überprüft, möchten sich aber niemals einer Diskussion stellen.

**Fassen wir es ganz konkret zusammen:**

- Wiederholung von etwas Falschem und Unwahrem macht etwas nicht plötzlich richtig und wahr!
- Herr Bhakdi, das, was Sie anbieten, ist extrem unwissenschaftlich!
- Es ist offensichtlich und für jeden überprüfbar, dass die Autoren nur kurze, zelleigene Sequenzen zu etwas Längerem aufaddieren und dieses dann als Virus-Genom ausgegeben wird.

- Die in der Wissenschaft zwingend vorgeschriebenen Kontrollversuche zum Ausschluss zelleigener Artefakte finden nicht statt!
- Allein dieser Sachverhalt sollte ihnen offenbaren, dass „ihr Angebot“ nichts wert ist.

Bitte lieber Leser, lesen Sie sich den kompletten E-Mail Verkehr selbst durch [9]

## Prof. Marcel Tanner

Schweizer Epidemiologe, Malariaforscher und Public-Health-Spezialist. Er ist Präsident der R. Geigy-Stiftung, Präsident der Akademien der Wissenschaften Schweiz und Direktor emeritus des Schweizerischen Tropen- und Public Health Instituts (Swiss TPH) und ehemaliger Leiter der Corona-Taskforce

Nachdem wir gemeinsam (*Samuel Eckert und das Corona\_Fakten Team*) ein Interview mit Prof. Tanner (*Präsident der akademischen Wissenschaften*) führten, bestätigte er gleich mehrere elementare Dinge: [10]

- **dass der Test von Prof. Drosten nicht den notwendigen wissenschaftlichen Standards entspricht und sehr viele falsch-positive Ergebnisse erzeugte, sodass wir überhaupt erst in diese Corona-Panik geraten konnten.** Prof. Tanner führte dazu im Folgenden beschwichtigend aus, dass man das Vergangene – sprich den Auslöser – ruhen lassen sollte, weil man das Rad nicht zurückdrehen kann. (Min 21:05 bis Min 23:00).
- **Prof. Tanner bestätigte ebenfalls (bei Min 53:15), dass es nicht ausreicht, ein Alignment durchzuführen, um ein krankmachendes Virus nachzuweisen. (Genau dies wurde in China lediglich getan)**
- In dem Gespräch ging es u.a. darum, ob mittlerweile eine Publikation existiert, die eine Isolation des SARS-CoV-2 Virus durchgeführt hat. Prof. Tanner verwies uns an Prof. Volker Thiel vom Institut für Virologie und Immunologie der Universität Bern. Unsere Email-Kommunikation hat ergeben (*siehe weiter unten*), dass auch hier kein Isolatnachweis erbracht werden konnte. Diese abschließende Aussage können wir anhand unseres E-Mail-Verkehrs belegen. Damit tritt genau die Situation ein, die Prof. Tanner im Gespräch überraschend ehrlich artikuliert:

**„Und wenn man dann zum Schluss kommt, es gibt wirklich kein Isolat.... Dann haben wir ein Problem!“ (Min 56:14 bis Min 56:27)**

Was wir Herrn Prof. Tanner sehr hoch anrechnen ist, dass er sich nie gescheut hat, in einen Diskurs mit uns zu treten.

## Schweizer IVI rund um Prof. Thiel, Prof. Schweizer

**Ich fasse die wichtigsten Kernpunkte des Schriftverkehrs zusammen:**

**Unsere Ausgangsfrage an Prof. Thiel beinhaltete fünf einfache Fragen:**

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?

Von: <mailto:unbe@vetuisse.unibe.ch>  
 Gesendet: Donnerstag, 10. September 2020 18:26  
 An: 'volker.thiel@vetuisse.unibe.ch' <volker.thiel@vetuisse.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 freudlich 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?

- Weder Volker Thiel, noch jemand anderes aus seinem Hause konnte eine eigene Publikation vorlegen, in der nach wissenschaftlichen Regeln ein neues krankmachendes Virus nachgewiesen werden konnte.
- Man bestätigte, dass Virologen nicht wirklich isolieren und gesteht damit ein, dass die Herkunft der sequenzierten Gensequenzen nicht zugeordnet werden können!
- Man lieferte vorerst nur Wikipedia-Links und Hausblätter zu den Grundlagen der Virusisolation.
- Das IVI bestätigte ergänzend, dass lediglich eine "Isolierung" in einem Gemisch von Patientenproben und Zellkulturen durchgeführt wurde.
- Das IVI behauptet einfach, ohne auch nur ein sinnvolles Argument dafür vorzubringen, dass es nonsens sei, zu behaupten, es existiere kein Virus, nur weil man es nicht gereinigt habe ....
- Keine unserer fünf Fragen wurde beantwortet. 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.

Von: Schweizer Mathias <mathias.schweizer@vetsuisse.unibe.ch>  
 Gesendet: Mittwoch, 16. September 2020 13:51  
 An: [mathias.schweizer@vetsuisse.unibe.ch](mailto:mathias.schweizer@vetsuisse.unibe.ch)  
 Cc: yohar.thiel@vetsuisse.unibe.ch; marcel.tanner@swisstph.ch  
 Betreff: Re: AW: Anfrage CV Publikation

Guten Tag Herr I

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 isolieren" muss deutlich vom "normalen" Sprachgebrauch des Wortes isolieren 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-spez.ch/pdf/de/dok/2020/021\\_Platzale\\_Virusisolation\\_d.pdf](https://www.labor-spez.ch/pdf/de/dok/2020/021_Platzale_Virusisolation_d.pdf)

3) Punkt 2 in [https://www.virology.uw.ch/de/services/vimachw.html#2\\_Virus-isolierung\\_auf\\_Zellkulturen\\_mit\\_anschliessender\\_Identifikation](https://www.virology.uw.ch/de/services/vimachw.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. Intos in Link 2 und 3) in Patienten-Material und eben in Zellkultur nach Virus-Isolation eindeutig nachgewiesen. **Das Argument, dass ein Virus "aus nicht rein gereinigter" wurde nicht existiere, ist ein Nonsens!** 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 rainer 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://fluxicon.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

Für den Nachweis eines SARS-CoV-2 baten wir um eine Publikation des eigenen Hauses, da Prof. Tanner aussagte, dass das IVI ein eigenes hätte, leider verwies das IVI uns auf eine Publikation aus München. Arbeit von Roman Wölfel et. al. vom 1.4.2020 (<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32235945/>)

Von: Schweizer Matthias <matthias.schweizer@vetuisse.unibe.ch>  
 Gesendet: Donnerstag, 17. September 2020 15:22  
 An: [thiel@vetuisse.unibe.ch](mailto:thiel@vetuisse.unibe.ch)  
 Cc: [yoiker.thiel@vetuisse.unibe.ch](mailto:yoiker.thiel@vetuisse.unibe.ch); [marcel.tanner@swissinfo.ch](mailto:marcel.tanner@swissinfo.ch)  
 Betreff: Re: AW: AW: Anfrage CV Publikation

Guten Tag Herr I

Sie machen es sich nun sehr einfach, kurz zu behaupten, die Fragen seien nicht beantwortet worden, ohne jedwellige Argumente darzulegen.

Meine Ausführungen betreffend "Isolat" sollten v.a. aufzeigen, dass dies oft mit dem Ausdruck aus dem <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32235945/> Betreffend Ihrer ersten drei Fragen kann ich als Beispiel eine Arbeit aus Deutschland angeben (<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32413330/>) in der das Virus aus Patientenmaterial isoliert und genetisch analysiert wurde. Eine andere Arbeit aus China zeigt zudem, dass Sereen von korvalzeszenten, aber nicht von Kontrollpersonen, Antikörper gegen das Virus aufweisen (<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31032941/>). Es gibt noch eine Vielzahl ähnlicher Studien (<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31032941/>) 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/31032941/>).

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 (<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31032941/>). Auch hier lehnt mir die Zeit nach entsprechender Literatursuche 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

Wir hatten ursprünglich Prof. Thiel und nicht Herrn Schweizer angeschrieben und da Herr Schweizer scheinbar nicht in der Lage oder gewillt war, uns unsere Fragen zu beantworten, wurden wir konkreter und haben explizit auf eine Antwort seitens Herrn Prof. Thiel gepocht.

## Folgend unsere Mail im Wortlaut:

*"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.*

**[Anmerkung: Sie finden eine etwas detailliertere Analyse zu der Studie unter der Quelle [11] ]**

*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 uninferierten 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, "*

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-CoV2 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 gewebigen?
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 uninferierten 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 Wolfel 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-CoV2 arbeitet - bei SARS-CoV2 unter einem Isolat versteht

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-CoV2 enthalten ist

Die dritte Frage ist ebenso konkret zu beantworten, denn zu der von Herrn Schweizer zitierten Arbeit von Roman Wolfel 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 7.11x10 hoch 8 Kopien des Virus in einem "throat swab" und 2.35x10 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

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 zell-eigene, 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 benutzt 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,

Marcel Tanner

- Nachdem man bemerkte, dass diese Studie eben genau die gleichen Schwächen aufwies, wie alle weiteren, fragte man uns, **ob wir einen Klon**, der aus dem Genom, welches die Chinesen als Vorschlag vorgelegt hatten, als Nachweis für SARS-CoV-2 anerkennen würden. **Lassen Sie sich das kurz auf der Zunge zergehen:**

Die chinesischen Virologen haben das Genom des später in SARS-CoV-2 umbenannten Virus lediglich rein **rechnerisch, durch Aufaddieren** von sehr kurzen Sequenzstücken erstellt.

**Weder das vollständige Genom, geschweige denn größere Teile davon, wurde von ihnen aufgefunden! [12]**

**Mehr noch:** Sie haben kein Virus oder virale Strukturen und hiervon die viralen Nukleinsäuren isoliert, sondern lediglich die gesamte mithilfe einer Lungenspülung gewonnene RNA.

Würden Sie also einen Klon aus einem Computermodell als Nachweis für ein Virus akzeptieren, welches angeblich bereits viele Monate zuvor schon existiert haben soll?

volker.thiel@vetsuisse.unibe.ch

marcel.tanner matthias.schweizer

Sehr geehrter Herr

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 Transkriptstudien bei denen nicht-inferierte 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,

21.09.2020, 19:28 ☆ ↶ ⋮

- Sie lieferten keine Kontrollversuche, sondern behaupteten, dass diese indirekt dadurch durchgeführt wurden, dass das im Alignment **errechnete Genom im menschlichen Genom nicht gefunden wird.**

**Dieses ist zweifach nicht haltbar:**

a.) Wenn sehr kurze Nukleotidsequenzen bis zur Länge von 10 Nukleotiden benutzt werden, um ein Genom von 29.903 Nukleotiden Länge 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 unterdrücken die Verantwortlichen Virologen des Schweizer Instituts für Virologie und Immunologie (IVI). Diese Tatsachen erklären aber, dass aus kurzen RNA-Stückchen ein angeblich virales Genom errechnet werden kann, **das es in Wirklichkeit nicht gibt.**

**Folgend unsere Mail im Wortlaut:**

*"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,*

23.09.2020, 10:34 ☆ ↶ ⋮

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 Rückstauprüben aus der Zeit, als es noch kein SARS-CoV-2-Virus gab, die gleiche Aufaddierung eines Virus-Genoms aus kurzen Stücken 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 irrt und ich mich bei Widerlegung meiner Position in der Öffentlichkeit hierfür entschuldigen möchte, bitte ich Sie – auch im Sinne der wissenschaftlichen Kriterien der DFG, hier endgültig Klarheit zu schaffen. Bis heute liegen uns keine Publikationen dieser Art vor

**Hier stelle ich 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

Wir haben erst nach knapp zwei Wochen und zweimaliger Nachfrage auf eine Beantwortung unserer Mail eine Reaktion erhalten, obwohl Prof. Tanner diese Diskussion in Auftrag gegeben hatte und im CC alles mitgelesen hat. Nach zwei Wochen erhielten wir dann eine erste Reaktion:

*"Sehr geehrter Herr XXX,*

*ich werde mich melden sobald ich Zeit habe.*

*freundliche Grüße,*

*Volker Thiel"*

05.10.2020, 11:18 ☆ ↶ ⋮

volker.thiel@vetsuisse.unibe.ch  
marcel tanner

Sehr geehrter Herr

ich werde mich melden sobald ich Zeit habe

freundliche Grüsse,  
Volker Thiel

Eidgenössisches Departement des Innern EDI  
Institut für Virologie und Immunologie IVI  
Prof. Dr. Volker Thiel  
Länggassstrasse 122, 3012 Bern  
Tel. +41 31 631 2413  
[Volker.Thiel@vetsuisse.unibe.ch](mailto:Volker.Thiel@vetsuisse.unibe.ch)

In Kooperation mit der Vetsuisse Fakultät  
der Universität Bern

Nach weiteren mehr als zwei Wochen kam dann endlich die Antwort, mit der Prof. Thiel genau das bestätigte, was wir von Anfang an im Verdacht hatten.

Das IVI hat kein eigenes Isolat und beruft sich auf eine Quelle, bei der nie ein Virus nachgewiesen wurde. Aber lesen sie selbst:

Antwort seitens Prof. Thiel vom IVI:

volker.thiel@vetsuisse.unibe.ch 09.10.2020, 11:27 ☆ ↶ ⋮  
 marcel.tanner;  
 Sehr geehrter Herr  

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 Zellkulturen 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 sammeln 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 aufzugemeinigen 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 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

**Unsere Antwort im Wortlaut zeigt die eklatanten Annahmefehler seitens des IVI auf und aller Wahrscheinlichkeit nach, auch die Annahmefehler der meisten anderen Virologen:**

*"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 Lungenpülung (= BALF) eines Menschen mit Lungenentzündung entnommen hat.*
- *Er beschreibt keine Kontrollversuche, 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 Kontrollversuchen 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. Zang 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 Drogen-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,*

marcel.ch  
an volker.thiel, marcel.tanner, ...  
Sehr geehrter Herr Prof. Thiel,

vielen herzlichen Dank für die klare 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 Lungentzündung entnommen hat.
- Er beschreibt keine Kontrollversuche, 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 vierlei 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 Kontrollversuchen 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 Kontrollversuchen, 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 Lungentzündung 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 aufgeteilt, 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 Lungentzündung 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 Südhchina, 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 wahren 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 stehen 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 "ganzem" 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 Auswertprogramme 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 Lungentzündung 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 bitten 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 entstandene 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,

-> TEIL 2

--> Alle Quellen <--

Telegram-Hauptkanal: [https://t.me/Corona\\_Fakten](https://t.me/Corona_Fakten)

♥ **Mit dem Kauf dieses Buches könnt ihr uns unterstützen**  
**Buch hier bestellen: "Die Zeitzeugen Band 1.0" ♥**

---

**Folgend eine Liste unserer wichtigsten Artikel:**

👉 🗉 💬 **Corona\_Fakten: Liste der wichtigsten Artikel !**

## Wurde SARS-CoV-2 wirklich nicht isoliert?

18.01.2022

<https://projekt-immanuel.de/wir-antworten-5/>

*„Wurde SARS-CoV-2 wirklich nicht isoliert? Es gibt doch so viele Publikationen, in denen das behauptet wird.“*

Ja, es gibt viele Publikationen, in denen behauptet wird, das Virus sei isoliert worden. Diese Behauptung steht in der Regel übergroß im Titel der Arbeit, in der Einleitung oder in irgendeinem Presstext. Schaut man sich jedoch den Methodenteil der entsprechenden Publikation an – und DAS ist es, was man tun sollte, wenn man eine wissenschaftliche Arbeit in die Hand nimmt – sieht man sofort, dass nie etwas getan wurde, das den tatsächlichen Kriterien einer Isolation entspricht.

**Auf das Thema Virusisolation und was die Virologen in ihren Labors genau tun, gehen wir in kommenden Beiträgen noch genauer ein. Hier möchten wir jetzt nur einmal ganz grob die wichtigsten Verfahren erklären.**

Das Isolieren bestimmter Partikel aus organischem Probenmaterial ist seit vielen Jahrzehnten ein Standardverfahren der Mikrobiologie und dient dazu, einzelne Bestandteile einer Probe genauer untersuchen zu können. So lässt sich mit dem Verfahren der Isolation z.B. auch natürliches Gewebe („Zellen“) in seine bekannten Einzelteile zerlegen (Mitochondrien, Zellkerne, etc.). Das Verfahren ist logisch, leicht nachvollziehbar und funktioniert vereinfacht gesagt durch Zentrifugation.

Da bei vermuteten krankheitserregenden Viren niemals eine Isolation im eigentlichen Sinne funktionierte – weil die Viren nur eine Idee waren und es deshalb nichts zum Isolieren gab – gingen die Virologen in den 50er Jahren des 20. Jahrhunderts zu einem neuen Verfahren über, das man fortan einfach mit einer Isolation gleichsetzte und das bis heute angewendet wird.

Dabei wird im Labor Gewebe herangezüchtet und dann mit vermeintlich „infiziertem“ Material in Form von z.B. Speichel oder Blut eines erkrankten Menschen beimpft. Stirbt die Gewebekultur anschließend ab und zeigt kurz vor oder während des Absterbens ein bestimmtes Phänomen, das man den zytopathischen Effekt (cytopathic effect – CPE) nennt, gehen die Virologen von der Anwesenheit eines Virus aus. Bestätigt wird diese Annahme dann – wie bei fast allem, was heutzutage in der Virologie gemacht wird – mit Hilfe eines PCR-Tests.

Tatsächlich ist es aber so, dass die Gewebekultur vor der vermeintlichen „Infektion“ derart präpariert und „gestresst“ wird, dass allein das bereits zu ihrem Tod führt. Man müsste also, um dem Auftauchen eines zytopathischen Effekts und dem Absterben des Gewebes irgendeine wissenschaftliche Bedeutung zuschreiben zu dürfen, bestimmte Kontrollversuche durchführen, um zu beweisen, dass nicht das Verfahren selbst für das Ergebnis im Reagenzglas verantwortlich ist, sondern wirklich erst ein bestimmter, entscheidender Faktor in Form von „infiziertem“ Material. Diese Kontrollversuche wurden jedoch bis vor kurzem nie gemacht, auch wenn in vielen Arbeiten genau wie im Falle der Isolation behauptet wird, man hätte sie sehr wohl durchgeführt.

## **Warum nennt man nun das Abtöten von Geweben/Zellen im Reagenzglas „Isolation“?**

Isolation nennt man es deswegen, weil man zum einen glaubt, dass sich das Gewebe durch die Infektion vollständig in Viren verwandeln würde – das Gewebe stirbt ab und übrig bleiben nur die Viren – und zum anderen, weil mit dem infizierten Material, mit dem das herangezüchtete Gewebe beimpft wird, ein vermeintlich entscheidender Faktor von außen ins Labor gebracht wurde.

**Mit einer tatsächlichen Isolation hat das Ganze also überhaupt nichts zu tun, und dennoch ist dieses Verfahren in der Virologie tatsächlich offiziell als Virusbeweis und als Isolation anerkannt.** Daher argumentieren „Faktenchecker“, Fernsehexperten und auch einige bekannte Wissenschaftler aus der Kritikerszene, dass es sehr wohl eine Isolation gegeben hätte.

**Es GILT als Beweis, Punkt! Das reicht doch. Warum sollte man sich damit also weiter beschäftigen?** *Weil ein Konsens nichts mit der Realität zu tun haben muss. Es ist ein Glaube, eine Annahme, eine Theorie, eine wilde These, auf die man sich geeinigt hat und der man eine bestimmte Aussagekraft zuschreibt, ohne dies tatsächlich beweisen zu können. Deswegen sollte man sich auf jeden Fall genauer damit beschäftigen.*

9 von 10 Arbeiten zu SARS-CoV-2, die das Virus vermeintlich nachgewiesen haben wollen, arbeiten und argumentieren mit dem Abtöten von gezüchteten Gewebe-/Zellkulturen und dem zytopathischen Effekt. Das tatsächliche Isolieren von Partikeln, die anschließend genau biochemisch untersucht werden können – was immer zu einer Isolation dazugehört! Deswegen führt man ja überhaupt erst eine Isolation durch – gilt heutzutage in der Virologie als obsolet und nicht mehr notwendig. Das Arbeiten mit Zellkulturen in Verbindung mit der PCR sei effektiver und habe genauso große Aussagekraft, heißt es. In neueren Fachbüchern über Mikrobiologie wird jedoch mittlerweile auch das Arbeiten mit Zellkulturen bereits als veraltet dargestellt. Genetische Testverfahren und die Bioinformatik seien nun angesagt und würden eine Isolation und andere Laborverfahren unnötig machen, da die moderne Genetik noch viel genauere Ergebnisse erbringen könne. Tatsächlich ist aber das genaue Gegenteil der Fall! **Die Virologie arbeitet immer theoretischer, bringt nichts Greifbares mehr hervor und entwickelt sich als Wissenschaft im Grunde rückwärts.** Computermodelle, Augenschein, nichtssagende genetische Testverfahren und auf bloßen Annahmen beruhende Prognosen sind die modernen Werkzeuge der Virologie. Das ist auch alles, womit in der „Corona-Krise“ gearbeitet und argumentiert wird.

*Das Folgende stellt keine akkurate Analyse einer wissenschaftlichen Arbeit dar, das ist uns klar, aber gerade für Anfänger ist es dennoch eine ganz gute Methode, um Indizien zu sammeln, ob in einer Arbeit, die eine Virusisolation behauptet, tatsächlich etwas isoliert wurde oder nicht.*

*Sollten Sie eine wissenschaftliche Arbeit zu SARS-CoV-2 in PDF-Form vorliegen haben, verwenden Sie doch mal die Suchfunktion und schauen Sie, ob die Begriffe „vero cells“ (Affennierengewebe) und/oder „human airway epithelial cells“, „cytopathic effect“ und PCR in der Arbeit vorkommen. Falls ja, arbeitete man bei dieser Publikation höchstwahrscheinlich nur nach dem oben beschriebenen Verfahren und hat lediglich eine Zellkultur getötet.*

**Aber es gibt doch Arbeiten, in denen Aufnahmen von isolierten Partikeln gezeigt werden!**

Auch hier ist die gleiche Vorgehensweise nötig: man muss sich den Methodenteil der Arbeit anschauen und nachlesen, wie die jeweiligen Aufnahmen entstanden sind. **Nicht die Aufnahme ist das Entscheidende, sondern die Art, wie sie entstanden ist!** Wird die Entstehung einer mikroskopischen Aufnahme nirgendwo detailliert beschrieben, hat sie keinerlei Aussagekraft.

Vereinfacht gesagt, zeigen die mikroskopischen Aufnahmen, die als Isolation von SARS-CoV-2 betitelt werden, nichts weiter als Zellschrott. Bruchstücke von Zellen, die zuerst im Reagenzglas sedimentiert und dann mit einer Pipette erneute aufgewirbelt werden. Dadurch bilden sich vorübergehend Strukturen, die rein äußerlich in etwa dem Modell eines Coronavirus entsprechen und die man mit etwas Glück unter dem Mikroskop fotografieren kann.

Doch wie oben schon erwähnt, wäre die bloße Isolation von Partikeln ohnehin nicht ausreichend, um damit irgendetwas zu beweisen. *Hätte* man es tatsächlich mit sauberen wissenschaftlichen Methoden geschafft, Partikel zu isolieren, die im dringenden Verdacht stünden, ein parasitärer Mikroorganismus zu sein, müssten diese anschließend biochemisch charakterisiert werden. In keiner der Arbeiten, die irgendwelche vermeintlich isolierten Partikel zeigen, wurde das gemacht. Das wäre auch gar nicht möglich, weil diese Partikel aus Zellschrott keinerlei Erbgutstrang besitzen, den man extrahieren könnte.

**Lange Rede, kurzer Sinn: behauptet wurde eine Isolation sehr oft in sehr vielen Arbeiten, und hübsche Bildchen, die scheinbar isolierte Partikel zeigen, gibt es mittlerweile wie Sand am Meer. Doch Bilder ohne eine detaillierte Beschreibung zu deren Entstehung sind völlig bedeutungslos. Und bei *den* Bildern, deren Entstehung dokumentiert wurde, zeigen die angewandten Methoden sofort, dass sie nicht das Geringste mit dem zu tun haben, was man in der Mikrobiologie als „Isolation“ bezeichnet.**

*Wie zu Anfang des Artikels bereits gesagt, werden wir uns mit den Methoden der Virologie in kommenden Videos noch ausführlich beschäftigen.*

Euer Projekt-Immanuel-Team

# Schriftlich bestätigt - TEIL 2 - Forscher können keinen Nachweis für ein krankmachendes Virus erbringen

Corona\_Fakten auf Telegram • January 23, 2022



Offenbar ist uns schon mit der ersten Folge gelungen, eine gewaltige „Bombe“ platzen zu lassen.

Vergangene Woche starteten wir mit der neuen Serie "Schriftlich bestätigt", welche für wirklich jeden als Augenöffner gedient haben sollte zu erkennen, dass niemand – und wir meinen hier wortwörtlich n i e m a n d – auch nur ansatzweise in der Lage ist, einen Virenexistenznachweis zu erbringen!

Während die einen offen einräumen, dass die wissenschaftlichen Regeln von ihnen nicht befolgt wurden, widerlegen sich die anderen allein durch ihre eigenen Aussagen selbst, für jeden nachzulesen.

Aber die interessante Frage nach dem „Warum“ des einvernehmlichen Schweigens all dieser Forscher, bis zum heutigen Tage, sollten Sie, liebe Leser, an die Verantwortlichen weiterreichen. Auch wir kennen die Antwort nicht, doch die entsprechenden Werkzeuge legen wir Ihnen hiermit in die Hand.

Wir versprechen Ihnen schon jetzt, dass jeder einzelne Teil schon für sich allein genommen Unmengen explosiven Zündstoffs birgt.

Werden Sie nachfolgend Zeuge, wie sich hier sowohl die gesamte Schweizer Virologie-Forschung als auch die Corona-Taskforce als nutzlos, falsch und überflüssig entblößen!

Da der erste Artikel inmitten unseres Schriftverkehrs mit den führenden Schweizer Virologen Prof. Thiel, Prof. Schweizer und dem Leiter der akademischen Wissenschaften in der Schweiz endete, empfehlen wir unbedingt, dessen Lektüre nachzuholen.

## Schweizer IVI rund um Prof. Thiel, Prof. Schweizer, Prof. Tanner und Prof. Ackermann & die gesamte Corona-Taskforce!

Und um Ihnen den Lesefluss zu erleichtern und den Gedankengang fortzusetzen, haben wir uns entschlossen, die beiden Screenshots der letzten Antwort des ersten Teils hier nochmal einzubetten.

an.volker.thiel, marcel.tanner, ...  
Sehr geehrter Herr Prof. Thiel.

10.10.2020, 08:55 ☆ ↶ ⋮

vielen herzlichen Dank für die klare 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 Sie 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 Kontrollversuche, 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 vierlei 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 Kontrollversuchen 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 Kontrollversuchen, 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 ehrlicher Weise 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 Süchina, 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 da liegenden 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 Auswertprogramme 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 entstandenen 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 entstandene 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

Nach dieser etwas längeren, sehr ausführlichen Antwort unsererseits, antwortete Prof. Thiel noch am gleichen Tag, doch leider in einer Art und Weise, die für einen Wissenschaftler als beschämend zu betrachten ist. Statt sich auf all unsere vorgebrachten Argumente einzulassen, entschied sich Prof. Thiel für die Taktik des Beleidigens. Normalerweise kennt man diese Herangehensweise eigentlich nur von Personen, welche bereits mit dem Rücken zur Wand stehen und sich auf diese Art eine Ausweg versprechen.

## Prof. Thiel im Wortlaut:

*"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"*

volker.thiel@vetsuisse.unibe.ch

an: marcel.tanner;

Sehr geehrter Herr

10.10.2020, 19:02 ☆ ↶ ⋮

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

Eidgenössisches Departement des Innern EDI  
Institut für Virologie und Immunologie IVI  
Prof. Dr. Volker Thiel  
Länggassstrasse 122, 3012 Bern  
Tel: +41 31 631 2413  
[Volker.Thiel@vetsuisse.unibe.ch](mailto:Volker.Thiel@vetsuisse.unibe.ch)

Halten wir an dieser Stelle folgendes fest, lieber Leser:

1. Die Behauptung, wir hätten keine Ahnung von der Biologie und Methodik ist mehr als nur dreist! Nicht nur, dass wir die vorgeschlagene Studie analysiert, sondern auch die Studie der Chinesen bis ins kleinste Detail demontiert haben – es ist ein Leichtes für einen Virologen, dies zu überprüfen.
2. Prof. Thiel widerlegt nicht nur keines der vielen detaillierten Argumente, im Gegenteil – er geht erst gar nicht darauf ein!
3. Seine Behauptung: ‚es würden Menschen durch unsere Aussage sterben‘, konnte bis zum jetzigen Zeitpunkt durch keinerlei Fakten untermauert werden.
4. Prof. Tanner ist ebenfalls an einer wissenschaftlichen Antwort interessiert und musste bis zum jetzigen Zeitpunkt klar anerkennen, dass Prof. Thiel samt Team nichts zu liefern in der Lage waren.

**Unsere Antwort folgte rasch auf den Fuß, wie gewohnt seriös und wissenschaftlich korrekt.**

**Hier im Wortlaut:**

*"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 entschuldbaren 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"

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 überprüfbar 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 gelehnten 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 entschuldbaren 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 imiges 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

nach dieser Antwort fühlte Prof. Tanner sich wohl persönlich in der Pflicht, schrieb selbst eine Mail und unterstrich kurz und knapp den wichtigen Faktor nochmals:

### Prof. Tanner im Wortlaut

*"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"*

marcel.tanner@swissth.ch

; volker.thiel

Sehr geehrter Herr

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

Marcel Tanner  
President Swiss Academies of Arts and Sciences  
Professor em. of Epidemiology and Medical Parasitology, University of Basel  
Director emeritus and President R. Geigy Foundation  
Swiss Tropical & Public Health Institute (Swiss TPH)

Im Anschluss fassten wir den bisherigen Verlauf noch einmal für Herrn Prof. Tanner zusammen, welcher ja letztendlich Herrn Prof. Thiel übergeordnet ist. Unsere Hoffnung: dass Prof. Tanner kraft seiner Autorität auf Prof. Thiel einwirkt und infolgedessen letzterer seine Pflichten als Wissenschaftler endlich ernst nähme und ihnen nachkäme.

### Unsere Antwort an Prof. Tanner und Prof. Thiel im CC lautet:

*"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 niemandem 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"*

en marcel tanner; volkerthiel; i  
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 Lungenerkrankung (und einigen dokumentierten Vorkrankungen, 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, Wohlfühlen 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 Megalhit und Trinity) anhand einer vorgegebenen Sequenz eines Genoms eines harmlosen Fledermaus-Corona-Virus, ein Genom von 29.603 Nukleotiden errechnet.

Er geht, ohne dies explizit zu benennen davon aus, dass die kurzen Sequenzen, aus denen er den Sequenz-Vorschlag des Genoms 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/µL) 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 fragwürdige und den Test komplett in Frage stellende Tatsache dadurch, dass Prof. Zhang das gesamte Genom deswegen aus rein menschlichem Material errechnen konnte, was bisher niemandem 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,

Ergänzend zu dieser Mail verfassten wir eine weitere, nur an Herrn Prof. Tanner direkt adressierte. Unser Anliegen: Prof. Tanner nochmals eindringlich auf die Relevanz und Brisanz dieses Umstandes hinzuweisen. Und um keinerlei Raum für weitere Ausflüchte zuzulassen, befragten wir ihn ganz konkret bezüglich seines weiteren Vorgehens in der Sache – schließlich hatte er in einem Interview mit uns deutlich in Aussicht gestellt, dass er werde agieren müssen, falls sich tatsächlich herausstellen sollte, dass kein Isolat vorläge (was bis heute ja auch der Fall ist).

**Und nicht ganz ohne Raffinesse dekorierten wir das dann mit einem Highlight: Wir erkundigten uns bei Herrn Tanner, ob er als Zeuge vor Gericht zur Verfügung stünde. Wobei es uns egal wäre, ob er für oder gegen die Existenz von SARS-CoV-2 aufträte. Die Antwort fiel mehr als selbstentlarvend aus, aber lesen Sie selbst:**

**Unser Schreiben an Prof. Tanner lautet:**

*"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*

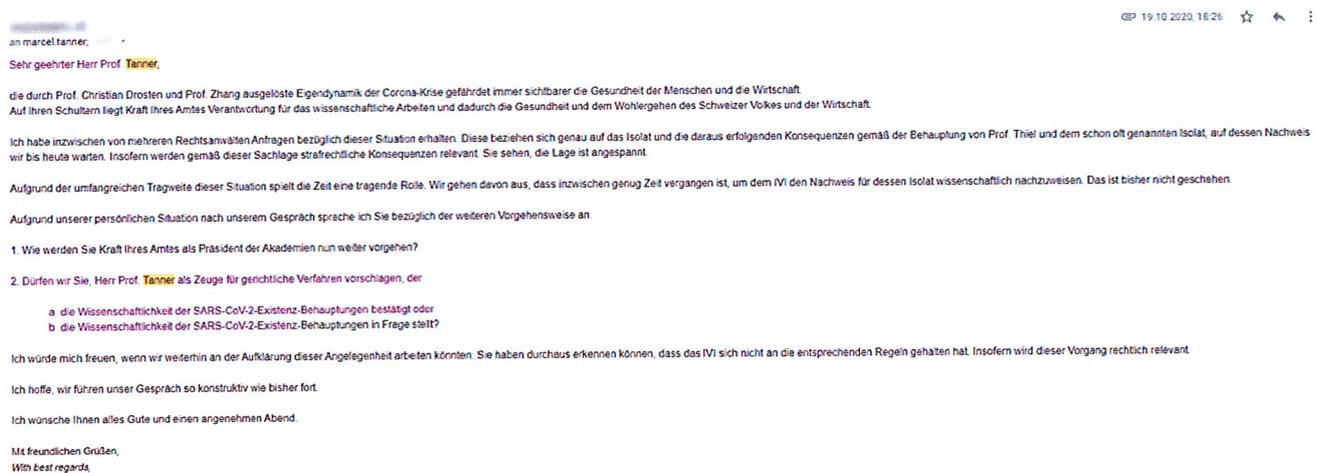
- a. die Wissenschaftlichkeit der SARS-CoV-2-Existenz-Behauptungen bestätigt oder  
b. die Wissenschaftlichkeit der SARS-CoV-2-Existenz-Behauptungen in Frage stellt?

*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"*



Prof. Tanner scheint den Ernst der Lage realisiert zu haben und zieht nun seine verbliebenen Asse aus dem Ärmel:

- er werde nicht vor Gericht aussagen, weder für noch gegen die Existenzbehauptung
- er bringt einen weiteren Virologen ins Spiel: Prof. Laurent Kaiser, Leiter der Abteilung für Infektionskrankheiten, Abteilung für Innere Medizin

Ehe er wohl gänzlich seine Felle wegschwimmen sehen würde, hoffte er wohl, dass wenigstens ein Herr Prof. Laurent Kaiser ihm aus der Patsche helfen könne.

**Prof. Tanners Antwort lautet:**

*"Sehr geehrter Herr XY*

*danke sehr und sicher nehme ich meine Verantwortung war 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"*

---

Zwei Tage später erhielt Herr Prof. Laurent Kaiser direkt Post von uns. Wir hatten noch einmal die wissenschaftliche Situation zusammengefasst und auch ihm angeboten, die Kosten für alle Kontrollexperimente zu tragen. Ebenfalls setzten wir ihn in Kenntnis, dass sich seine Kollegen bisher diese durchzuführen weigerten, obwohl es ihre Pflicht gewesen wäre.

### **Unser Mail im Wortlaut**

*"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:*

- 1. 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, "*

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 Säugelieren oder Lungenkranken, aber SARS-CoV-2-negativen Menschen oder Säugelieren, 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,

Parallel dazu versandten wir eine Mail an den ursprünglichen Verteiler (Prof. Tanner & Prof. Thiel) mit dem Hinweis darauf, dass Prof. Laurent Kaiser sich jetzt ebenfalls im Boot befindet. Mit Nachdruck wiesen wir nochmals auf die zu klärenden drei Punkte hin, incl. der Benennung der entsprechenden Publikation, nachdem bereits viel zu viel Zeit nutzlos verstrichen war.

Auch hier wieder leider ohne Erfolg, wie Sie hier selbst mitverfolgen können ...

Warum?

Na ganz einfach. Weil schlecht benannt werden kann, was nicht existiert! Es gibt ganz einfach keine Publikation!

**Unsere Mail im Wortlaut:**

*"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,"*

Prof. Kaiser / Kontrollversuche Posteingang x



21.10.2020, 19:26 ☆ ↶ ⋮

an marcel.tanner, voll er 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 oer 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,

Laurent Kaiser

Da inzwischen mehr als eine Woche Zeit verstrichen war seit der letzten Mail von Herrn Prof. Tanner und unsere Fragen noch der Beantwortung harreten, blieb uns nur, erneut nachzuhaken.

Lieber Leser, fragen Sie sich an dieser Stelle nicht schon selbst, wie es sein kann, dass niemand in der Lage zu sein scheint, auch nur eine einzige wissenschaftlich korrekte

Publikation zu benennen, in der die vorgeschriebenen Regeln eingehalten und dokumentiert sind?

Wir sind Zeugen eines verdammt Trauerspiels!

Es sieht tatsächlich so aus, als ob Prof. Tanner von seinen "Spezialisten" im Regen stehen gelassen wird, während deren Aussagen ihm gegenüber sich als nichts weiter als heiße Luft entpuppen.

**Unsere Mail im Wortlaut:**

*"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."*

an marcel.tanner, mich

29.10.2020, 11:56 ☆ ↶

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

Die Antwort seitens Prof. Tanner erfolgte schon drei Tage später mit dem Versuch, eine neue wissenschaftliche Basis zu finden. Er übergab uns eine PDF mit dem Titel "Policy Brief der Task Force", welche von der Schweizer Corona-Taskforce zusammengestellt worden war, welche die Grundlage für die Behauptung eines neuen krankmachenden Erregers mit dem Namen SARS-CoV-2 darstellen soll.

Dieses Dokument wurde in gemeinsamer Arbeit von Volker Thiel, Didier Trono, Laurent Kaiser sowie Prof. Martin Ackermann erstellt.

**Ich kann nicht anders und spoilere eines vorweg:**

**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 die extreme Unwissenschaftlichkeit der Autoren Didier Trono, Laurent Kaiser, Marcel Tanner,**

## Volker Thiel und Manuel Battegay und widerlegt die Existenz-Behauptungen des SARS-CoV-2.

### Die Mail von Prof. Tanner im Wortlaut:

*"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, Leiter 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"*

marcel.tanner@swisstoph.ch

01.11.2020, 09:55 ☆ ↶ ⋮

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, Leiter 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

Wie weiter oben bereits angedeutet, weist dieses Papier **"National COVID-19 Science Task Force (NCS-TF)"**, welches uns als Nachweis vorgeschlagen wurde und von allen Schweizer Virologen zusammengetragen wurde, um dann von der Schweizer Corona-Taskforce abgenickt zu werden, **KEIN KRANKMACHENDES VIRUS NACH!**

Schlimmer geht's nicht, denken Sie ... oder doch?

Doch, leider. Es schreit uns das anti-wissenschaftliche Vorgehen all dieser Virologen mitten ins Gesicht!

## **Unsere Argumentation in der Mail im Wortlaut:**

*"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 "Policy 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-Coronavirus 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 Herstellangaben 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,

03.11.2020, 17:30

an Martin Volker, marcel.tanner@wisstg.ch  
 Sehr geehrter Herr Prof. Ackermann,

vielen Dank für Ihre Bemerkungen 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 wiederlegt 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 "Main-Text" 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 22.10.2020 widerlegt.

Prof. Zhang hat die von ihm entwickelte Sequenz des SARS-CoV-2-Virus am 10.1.2020 auf dem Internet öffentlich gemacht. Auf exakte diese Sequenz, die am 10.1.2020 öffentlich gemacht wurde, bezieht sich Prof. Thiel in seinem Schreiben vom 22.10.2020.

Erst nach dieser Erst-Veröffentlichung der genetischen Sequenz des SARS-CoV-2 durch Prof. Zhang wiederholen die Autoren von Prof. Wenjie Tan (Na Zhu et al), auf den sich die Autoren des "Policy 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 Sellenfraktionen, die in der Auflicht-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 Ergänzungsstrang 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 un wahr, 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 vorlegen haben, welche sie uns immer noch nicht übermitteln 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 offenbarlich unläutenden 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 vorgestellt. 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 passen".

Somit ist die Aussage der Autoren des "Policy Brief" widerlegt und nicht haltbar. Aus welchen Gründen solch eklatante Fehler den hochdekonzentrierten 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 Zykluszahl (>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 Reagenzien und vor allem mit welcher Zykluszahl 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 Herstellerangaben bestimmte RNA-Corona-Impfstoffe bei -80 Grad gelagert werden und das auch nur maximal 5 Tage, damit sie die volle Wirksamkeit hätten. Diese Tatsachen sollten jedoch langjährig bekannt sein.

#### Schlussfolgerung:

Die Autoren handeln bei ihren Aussagen zu den SARS-CoV-2-Testverfahren extrem 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 übermitteln oder Publikationen nicht eingereicht worden sein, bitten wir um Übersendung.

Wir fordern gemäß der Dringlichkeit und des Umfangs dieser Situation kurzfristig eine umfanglich klarstellende Antwort. Der Druck in der Gesellschaft sowie die Konsequenzen für Untermehrer 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,

Gaben wir uns bisher noch recht brav und geduldig, musste uns an diesem Punkt nun wirklich der Kragen platzen. Was, wenn man erkennt, dass derartig hochgestellte Professoren nicht in der Lage bzw. gewillt sind, ihren Pflichten zu genügen? Dann bliebe am Ende nur der Weg über einen Rechtsstreit ...

Ganz in diesem Sinne blieb uns nichts weiter übrig, als unseren Ton im Schärfegrad anzupassen und so formulierten wir in Reaktion auf diesen Unfug eine noch nachdrücklichere Mail an Herrn Prof. Tanner. Immerhin ist er derjenige, der hier in der Verantwortung steht und sein Team offenbar nicht im Griff zu haben scheint.

Natürlich blieben wir auch hier sachlich, appellierten aber ein letztes Mal eindringlich an die Menschlichkeit.

### **Unsere Mail im Wortlaut:**

*"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 integren 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,"*

Stand der Dinge – Bitte um Einflussnahme Posteingang



03.11.2020, 17:53

Wiederholungs-E-Mail

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, Unternehmen, Wissenschaftlern und Laboren, die in dieser Sache mit uns zusammenarbeiten. Da die Dämonie von Prof. Thié bisher völlig unzureichend war (sie kennen den Mehrwert) 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, bräe sie jedoch nochmals eindringlich, bevor ich mit diesen Informationen aus menschlichen, moralischen und rechtlichen Gründen an die Öffentlichkeit gehen und in die Justiz einbreiten muss.

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

Dieses Angebot steht Ihnen noch, wurde jedoch bisher von keiner der Parteien wahrgenommen. Es sollten eigentlich bei wissenschaftlichen Arbeiten kein Problem darstellen und alle Kritiker nachhaltig zum Schweigen bringen. Was ist sich an dieser Stelle gewagt? 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, verfechten 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 Coronahysterie und die drohenden und inskünftigen 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 integren 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.

Mehr als eine ganze Woche erhielten wir keinerlei Rückmeldung, von nicht einem einzigen der involvierten Protagonisten.

Scheinbar fühlt sich keiner der im Schriftverkehr eingebundenen Forscher und Virologen in irgendeiner Weise in der Pflicht, die Misstände an Wissenschaftlichkeit korrigieren zu müssen. Niemand von diesen Herrschaften ist in der Lage, die von uns geforderten Nachweise vorzulegen.

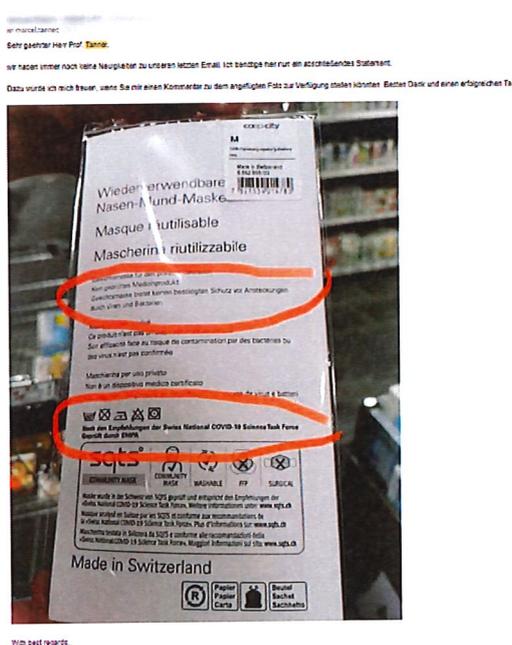
Und wenn Sie mich fragen, was das ist? Wissenschaft? Ausgeschlossen. Die Abgründe, die sich hier auftun, werden immer tiefer und ich finde das einfach nur erschreckend.

### Eingebundene Forscher im Schriftverkehr:

Prof. Marcel Tanner, Prof. Martin Ackermann, Prof. Volker Thiel, Prof. Schweizer, Prof. Laurent Kaiser, Prof. Didier Trono, Prof. Manuel Battegay, Die gesamte Corona-Taskforce

Daraufhin sandten wir unsere letzte Mail an Prof. Tanner, immer noch in der Hoffnung, dass dieser, wie versprochen, alle Hebel in Bewegung setzen würde, um diese eklatanten wissenschaftlichen Lücken zu schließen.

### Unsere Mail



Wiederverwendbare

Wie Sie sich wahrscheinlich schon denken können, erwarteten wir auch hierauf vergeblich eine Reaktion.

Vermutlich erschnüffelten dann doch die Adressaten den zu starken Tobak und ihnen blieb nichts weiter, als die Notbremse in Form des Schweigens zu ziehen, um nicht in Gänze ihr Gesicht zu verlieren ...

Letzteres allerdings war aus unserer Sicht zu diesem Zeitpunkt bereits sowieso schon geschehen und nicht mehr zu verhindern, auch wenn jene sich darüber noch nicht im Klaren waren.

Ihre einzig reale Chance, mit nur ein paar wenigen Blessuren davonzukommen, wäre es gewesen, die Kontrollversuche, die wir mehrfach auf unsere Kosten angeboten hatten durchzuführen, um schlussendlich möglicherweise sogar als "Helden" aus dieser falschen Pandemie hervorzugehen.

Wenn Sie jetzt glauben, das sei alles gewesen, muss ich Sie leider enttäuschen.

Die folgenden Teile unserer Reihe "Schriftlich bestätigt" beinhalten noch einigen interessanten Nachschlag an Sprengstoff – bleiben Sie gespannt und neugierig!

Exklusiv auf Corona\_Fakten liefern wir Ihnen hier schwarz auf weiß Puzzleteil um Puzzleteil, bei deren Zusammenfügen das Bild der Anti-Wissenschaftlichkeit der Virologen und Co. mehr und mehr (düstere) Gestalt annimmt.

---

**Telegram-Hauptkanal: [https://t.me/Corona\\_Fakten](https://t.me/Corona_Fakten)**

---

**♥ Mit dem Kauf unseres Buches könnt ihr uns unterstützen**  
**Buch hier bestellen: ["Die Zeitzeugen Band 1.0"](#) ♥**

---

Ansprechpartner auf Telegram für den premium Access:  
Benutzername: @NotIsolate

---

**Folgend eine Liste unserer wichtigsten Artikel:**

**   [Corona\\_Fakten: Liste der wichtigsten Artikel](#) !**



# Die Zeitzeugen

**Eine Zusammenfassung der Fakten rund um die  
Widerlegung der krankmachenden Virenexistenz**

**BAND 1.0**

1. Auflage 2021  
© 2021 Sachbuch

Autoren: Corona-Fakten  
Herausgeber: Praxis-Neue-Medizin-Verlag  
Lektorat: Annemarie Meixner  
Cover-Bild: Istockphoto; Autor/Bildnachweis: IR\_Stone  
Urnschlag & Layout: Ursula Stoll  
ISBN: 978-3-942689-25-0

Praxis-Neue-Medizin-Verlag  
Ursula Stoll, Schulgasse 2, 74523 Schwäbisch Hall

## Corona: Die nachvollziehbare und überprüfbare Widerlegung der Virus-Behauptungen

Corona\_Fakten, October 15, 2020

Nachdem wiederholt die Bitte an uns herangetragen wurde, die Videos von Dr. John Tal (*Pseudonym*) unter die Lupe zu nehmen, soll dies nun in Form dieses Artikels geschehen. Vorweg möchten wir betonen, dass wir uns sicher sind, dass Dr. John Tal reinsten Gewissens und in absoluter Überzeugung agiert. Unserem eigentlichen Wunsch entspräche es, wenn Dr. John Tal diesen Artikel, der sich auf sein Video „Falschinformation bezüglich der Verfügbarkeit von SARS CoV2 Isolaten aufgeklärt“ bezieht, liest und eventuell seinen Denkfehler erkennt und gemeinsam mit uns an der Aufklärung arbeiten würde. Jemanden wie ihn hätten wir gern mit im Team! Dies soll definitiv als Entgegenkommen und keineswegs als Angriff verstanden werden!

Dr. John Tal geht davon aus, dass durchaus Virusisolate existieren und diese ordnungsgemäß und nach den wissenschaftlichen Regeln der Kunst dokumentiert wurden. Dass dieser Umstand jedoch **keinesfalls** vorausgesetzt werden darf, belegen wir in diesem Kapitel. Wir werden gleichzeitig **eine nachvollziehbare und überprüfbare Widerlegung der Virus- Behauptungen vorlegen**. Wir hoffen sehr, dass er den Kontakt zu uns sucht oder mit einem weiteren Video auf seinem YouTube-Kanal Stellung bezieht.

**Wichtige Zusatzinfo:** Wir suchen Virologen und Bio-Informatiker, die sich mit dem Alignment auskennen, die uns dabei unterstützen die notwendigen Kontrollexperimente selbst durchzuführen, da sich die eingesessenen Verantwortlichen **bis heute weigern!**

222

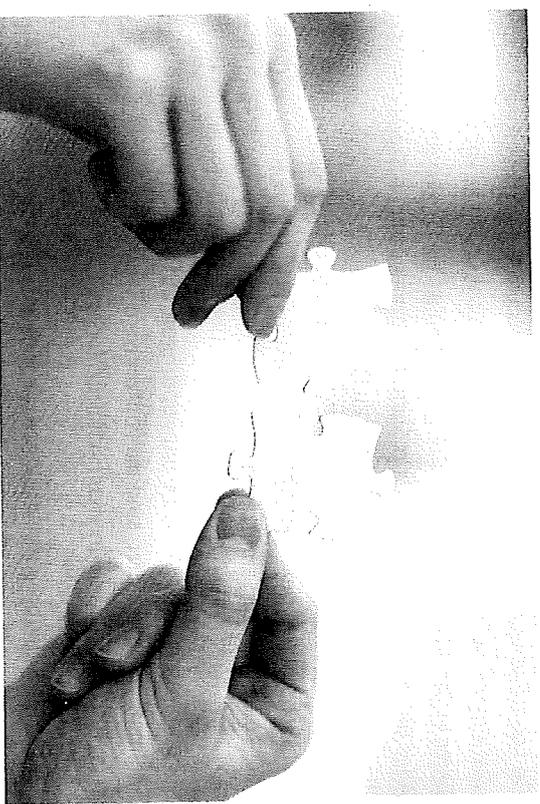


Abb. 18

*Um verstehen zu können, warum die „Wissenschaft“ der Virologie aufrechterhalten wurde, trotzdem sich diese bereits 1951 selbst widerlegt hatte, möchten wir Sie nun auf eine kurze Reise in die historischen Abläufe entführen.*

**Wie kam es überhaupt zur Existenzbehauptung von Viren und zu welchem Zweck geschah das?**

Für die Beantwortung dieser Frage begeben wir uns in der Geschichte weit zurück, mehr als 100 Jahre, im Prinzip in die Zeit des Wirkens von Edward Jenner und Louis Pasteur, wobei wir uns hier auf letzteren konzentrieren werden.

Als Louis Pasteur die Existenz von Viren postulierte, gab es weder eine Grundlage dafür, noch verfügte man über geeignetes Werkzeug (EM) zur Darstellung von Strukturen solcher Winzigkeit, wie man sie für Viren vermutet.

223

Da Louis Pasteur keine Erklärung für die Ursache des Erkrankens seiner „Patienten“ liefern konnte und Bakterien nicht in Frage kamen, **postulierte** er Strukturen, denen er die Bezeichnung „Virus“ verlieh. Alles basierend auf aus heutiger Sicht sehr fragwürdigen Experimenten, die mit Wissenschaftlichkeit nichts zu tun haben.

Die Princeton University<sup>2</sup> veröffentlichte die Untersuchung seiner Laboraufzeichnungen, bei deren Lektüre man zu dem Ergebnis kommen muss, dass Louis Pasteur seinerzeit massiv gelogen, betrogen und manipuliert hatte.

Mit anderen Worten: All seine Behauptungen, auf die sich unter anderem die Impfindustrie stützt, sind als vollkommen wertlos zu betrachten, da er im höchsten Grade unwissenschaftlich vorging.

**Bis 1951/52** glaubten die Virologen, dass es sich bei einem Virus um ein toxisches Eiweiß oder Enzym handele, das sowohl direkt seine giftige Wirkung entfaltet als auch sich im Körper vermehrt, ausbreitet und obendrein zwischen Menschen und Tieren übertragen werden kann.

Von dieser Idee verabschiedeten sich Medizin und Wissenschaft im **Jahr 1951**, weil weder die Darstellung der vermuteten Viren mittels Elektronenmikroskop noch die Durchführung der notwendigen Kontrollexperimente jemals gelingen wollte.

Man musste sich eingestehen, dass auch aus dem **Zerfall von kerngesunden Tieren, Organen und Geweben** identische Überbleibsel hervorgehen, denen man ursprünglich den Namen „Virus“ verliehen hatte.

Im Grunde hatte sich die Virologie somit selbst widerlegt und ihre Basis pulverisiert.

Bitte prägen Sie sich dieses wichtige geschichtliche Ereignis sehr gut ein, denn es illustriert beispielhaft, wie man doch eigentlich mittels Durchführung von Kontrollexperimenten einer falschen Fährte auf die Spur kommen könnte, um zukünftig die Forschung in vielversprechendere Richtungen lenken zu können.

Es handelt sich hier um genau dieselbe Art von Kontrolleexperimenten, die aktuell erneut Missachtung erfahren, obwohl die verantwortlichen Personen in Regierung und Bundesgesundheitsministerium sowie Dutzende Virologen in verantwortlicher Position explizit darauf hingewiesen worden sind.

Die Entscheidung liegt nun bei Ihnen, welchen Grad der Wichtigkeit Sie der Durchführung von Kontrolleexperimenten beimessen.

Wir empfehlen die folgende Lektüre, um diesen historischen Aspekt zu studieren:

*Prof. Karlheinz Lütke, Max-Planck-Institut für Wissenschaftsgeschichte, Frühgeschichte der Virologie, Sonderdruck 125, 89 Seiten, 1999. i. K. (A 2)<sup>3</sup>.*

**Hier wird aufgezeigt, dass bis 1953 jedem Virologen und der Wissenschaftsgemeinschaft bewusst und bekannt war, dass alle Bestandteile, die bis dato als Viruspartikel gedeutet wurden, sich durch Kontrollversuche als Rückstände abgestorbener Gewebe und Zellen entpuppten.**

**1953** trat ein neues Dogma auf den Plan, entscheidend gepusht durch die Ehefrau des späteren Nobelpreisträgers Crick, die eine Doppelhelix bildlich darzustellen wusste. Diese ihre Zeichnung wurde im berühmten Wissenschaftsmagazin „Nature“ als ein angeblich wissenschaftlich erarbeitetes Modell der vermuteten Erbsubstanz ausgegeben und diese angebliche Alpha-Helix gleichfalls zur Ikone der amerikanisch-globalen Pseudowissenschaft.

Im Stillen und ganz leise wurde diese von der Grundlagenforschung komplett **widerlegt, hierdurch DIE GESAMTE VIROLOGIE INDIREKT GLEICH MIT, ohne dass die Öffentlichkeit bis heute je davon Kenntnis erlangt hätte.**

Sämtliche Gen-Ideen wurden im Jahr 2000, dem Zeitpunkt der Veröffentlichung der widersprüchlichen Daten des sogenannten Human-Genom-

Projektes – der peinlichen Behauptung, dass das ganze menschliche Erbgut **entschlüsselt worden sei** (obwohl mehr als die Hälfte frei erfunden werden musste) – gänzlich und umfassend widerlegt!

(Siehe hierzu den Beitrag in der Zeit – Quelle 4 – vom 12.06.2008: „Erbgut in Auflösung“.

Hier wird zusammengefasst, dass das „Erbgut“ ständigen Veränderungen unterworfen ist, deswegen im eigentlichen Sinne kein „Erbgut“ sein kann und die Modifikationen im Sinne von krankheitsverursachenden Genen eine Fehleutung darstellen.

**Mit anderen Worten:** Das, was man als „krankhafte Gene“ hinzustellen pflegte, war weder krank noch gesund, sondern aus verschiedensten Faktoren, sei es durch Bewusstsein, (Umwelt-)Faktoren, oder andere sich ergebende Veränderungen, ohne pathologische Wertigkeit per se, verunsacht.

Diese neue Virus-Idee (die wie eben beschrieben im Jahre 2000 durch die *Grundlagenforschung widerlegt wurde*), wonach der wirksame, der virulente Faktor eines Virus kein Krankheitsgift sei, wie früher angenommen (bis 1951), sondern eine gefährliche Erbsubstanz, die Zellen, Menschen, Tiere und Pflanzen tötet, wurde zusammen mit der neuen Genhypothese popularisiert.

Statt Viren als giftige Eiweiße wurden ab 1954 Viren als ein **Erbgutstrang** krankhafter Gene ausgegeben, die das Potential haben, den Körper krankzumachen, aber vor allem **ständig mutieren**. Einerseits um auf diese Weise (*Mutation*) aus einer harmlosen Form plötzlich zu entstehen, aber andererseits auch, um jeden Impfstoff mehr oder weniger schnell wirkungslos zu machen.

Manchmal aber auch – wie z. B. 2009, als 93 % der impfbaren Bevölkerung die hochtoxische Schweinegrippe- Impfung mit Nanopartikeln als sogenannte „Wirkverstärker“, ablehnten – tatsächlich, faktisch und praktisch über Nacht, wie von unsichtbarer Zauberhand diktiert, auch effektiv aus den Medien verschwanden.

Und sich aber seither auch nicht mehr in ihre gefährliche Form zurück mutierten. Wir wurden Zeugen eines bis dato **einmaligen biologischen Wunders**: In nur einer Nacht mutierten alle Schweinegrippe-Viren gleichzeitig in eine harmlose und unsichtbare Version, denn sie wurden nie wieder gesichtet – trotz Milliarden-Investitionen in ihre Testverfahren und natürlich in den Impfstoff ... von dem als Arbeitsbeschaffungsmaßnahme für den Osten der blühenden Republik 31,62 der 34 Millionen Impfstoffdosen in einem Müllheizkraftwerk in Magdeburg vernichtet wurden ...

So leitete sich aus der Zwangslage der 1858 (von Rudolf Virchow)<sup>5</sup> zum Dogma erhobenen Krankheitsgift (lat. Virus) - Zelltheorie:

- zuerst die Idee der nicht definierten Viren ab,
  - dann die Idee der krankheitsregenden Bakterien,
  - dann der bakteriellen Toxine,
  - dann der Toxin-Viren
- bis zur Aufgabe dieser Idee im Jahre 1952.

Ab 1953 wurde aus der Virchow'schen Krankheitsgift-Idee die Idee der Gen-Viren (*die bereits widerlegt wurde*).

**Um zu verstehen, warum auch die von Dr. John Tal herangezogene Studie<sup>6</sup> mit der Behauptung eines Virusisolats genau jenes nachzuweisen nicht in der Lage ist, müssen wir uns dem Ursprung der Corona-Panik zuwenden.**

Folgende Studie verwendet Dr. John Tal in seinem Video als Nachweis: „Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 from Patient with Coronavirus Disease, United States“.

Wir werden später detaillierter auf diese eingehen.

Man muss sich darüber im Klaren sein, dass diejenige exklusive Grundlage, auf der diese US-Studie<sup>8</sup> aufbaut, bereits **keinerlei Nachweis** für ein neuartiges und krankmachendes Virus beinhaltet – ganz im Gegenteil.

Liest man die Studie dann genauer, findet man hier eindeutig die Beweise, dass kein **Virus** gesucht und auch nicht gefunden wurde. Es wurden typische, sehr kurze Schnipsel sogenannter Erbsubstanz nur gedanklich zu einem kompletten, sehr langen Genstrang aufaddiert, den es aber in der Realität nicht gibt.

Allein durch diesen Fakt stellen auch alle anderen Publikationen, egal ob aus den USA, England, Deutschland, Frankreich, Korea, Kanada und Co. keinen Beweis für ein krankmachendes Virus dar. Denn auch all diese **basieren auf der Annahme der ersten Sequenzvorschläge** eines Genoms, das die Chinesen vorgegeben haben.

Der Publikation von Fan Wu et al, in Nature, Vol 579 vom 03.02.2020<sup>9</sup>, in der das Genom (*kompletter Erbgutstrang*) des SARS-CoV-2 zum ersten Mal vorgestellt und **zur Vorlage aller weiteren Alignments (Ausrichtungen)** avancierte, war zu entnehmen, dass man eindeutig die **gesamte** aus einer Bronchiallavage (BALF) eines Patienten gewonnene **RNA** genutzt hatte, **ohne dass zuvor eine Isolation oder Anreicherung von viralen Strukturen bzw. Nukleinsäuren stattgefunden hätte.**

**Prof. Zhang** beschreibt in dieser Publikation, wie er anhand von kurzen Genabschnitten mit einer Länge von nur **21 und 25** Nukleotiden (*das sind die Default-Parameter in den verwendeten Alignment-Programmen Me-gahit und Trinity*) anhand einer vorgegebenen Sequenz eines Genoms (*hammloser Fledermaus-Corona-Virus*) in sieben unterschiedlichen, sehr aufwändigen Methoden, u. a. statistischen Methoden, ein Genom von 29.903 Nukleotiden errechnet.

Diese RNA wurde dann in cDNA umgewandelt und Moleküle mit einer Länge von gerade einmal 150 Nukleotiden sequenziert, um mithilfe derer

rein rechnerisch das komplette Genom einer Länge von ca. 30.000 Nukleotiden zu konstruieren.

Er geht davon aus – ohne dies explizit zu benennen – dass die kurzen Sequenzen, aus denen er den Sequenz-Vorschlag des Genoms des SARS-CoV-2-Virus aufaddiert, deswegen **viral** 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.

Einfach ausgedrückt bedeutet das:

Da man die uns "**bekannt**" menschlichen Sequenzen in dem Gemisch von genetischem Material herausgerechnet/entfernt hat, wird der übrig gebliebene Rest an Sequenzen, geboren aus **wirrologischem Zwangsdenken** (das 1954 durch die Nobelpreisvergabe an John Franklin Enders für eine **Spekulation** gekrönt wurde) davon ausgegangen, **dass dieser eben viral** Natur sein muss.

**Jetzt kommt der wesentliche und elementare Hinweis!**

Prof. Zhang und alle anderen haben dabei die Tatsache übersehen, dass sich in der gewonnenen **Bronchiallavage ebenfalls bekannte und unbekannt** **Mikroben aller Art und deren RNA-Überbleibsel** auffinden lassen.

**95 % der beobachteten Mikroben** sind sichtbar, aber nicht kultivierbar, weswegen deren RNA- und DNA-Sequenzen **nicht bekannt** sind. Weil auch Zellkulturen (*z. B. Vero E6 Zellen*) nie frei von Mikroben und unzähligen Verunreinigungen jeglicher Art sind, ergibt sich die unbedingte Pflicht, das vermutete Virus zu isolieren und daraus seine eigene Nukleinsäure (in diesem Fall RNA) in reiner Form zu gewinnen!

(Vgl. hierzu: Spiegel Wissenschaft; Quelle 10. Wikipedia; Quelle 11. NDR; Quelle 12. Zukunftsinstitut; Quelle 13. phagoflow; Quelle 14).

Sehr wahrscheinlich wurde das Genom des SARS-CoV-2-Virus zum Teil aus solchen (*wie eben beschrieben*) 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 man nur die Zyklen-Zahl der PCR auf über 40 erhöht (mehr dazu in den folgenden Bänden).

Ebenso werden Menschen durch den Test automatisch als positiv getestet, wenn beim Testen durch den Abstrich,

- a.) zu viele Schleimhäute beschädigt werden,
- b.) es dadurch zu Einblutungen kommt,
- c.) in der Nasenhöhle der sehr sensible Riechkolben, ein Teil des Gehirns, mechanisch verletzt wird oder
- d.) einfach nur ein sehr großes Probenvolumen entnommen wird,

denn im Körper, selbst in jedem natürlichen Gewässer und in allen Meeresleinsäuren aller Art. Darunter finden sich immer solche, aus denen der nur scheinbare Erbgutstrang des Virus gedanklich konstruiert wurde. Im PCR-Virus-Test werden nur sehr kurze Nukleinsäuren nachgewiesen, von denen behauptet wird, dass sie Bestandteil eines Virus seien.

Wir erklären diese frapierende und den Test komplett widerlegende 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 **direkt** aus Zellkulturen gewonnen hat) weil man im Menschen und dessen Mikroben – besonders bei Krankheit – eine viel höhere Sequenzvielfalt auffindet, als in den relativ sterilen Zellkulturen.

Es illustriert gleichzeitig, dass bisher niemand in der Lage war, das Ergebnis des **maßgeblichen "Alignments"** von Prof. Zhang zu wiederholen, außer auf rein **synthetischem Wege und im Zirkelschluss** dem Schweizer Institut für Virologie und Immunologie (IVI) unter Prof. Thiel, der den Sequenz-Vorschlag von Prof. Zhang synthetisch in DNA umsetzte und deswegen – **bis kürzlich nur fahrlässig** – glaubt, mit dem Genom eines Virus zu arbeiten. Wie gesagt ein Zirkelschluss! (*Unsere Leser wissen, warum wir: "bis kürzlich nur fahrlässig schreiben"*).

Prof. Zhang beschreibt keine Kontrolleexperimente, die in der Wissenschaft Voraussetzung sind<sup>25</sup>, um eine Aussage als „wissenschaftlich“ bezeichnen zu dürfen.

Diese auch aus den für die Wissenschaft konstitutiven Denkgesetzen und der Logik resultierender Kontrollversuche – zum Abschluss des Offensichtlichen, dass nämlich aus körpereigenen kurzen Gensequenzen und aus denen der zahlreichen bekannten und vor allem unbekanntem Mikroben, die den Menschen besiedeln – **sind bis heute nicht durchgeführt worden.**

Die chinesischen Virologen haben **keine Kontrolleexperimente** 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 das SARS-CoV-2-Virus noch unbekannt war,

genau die gleiche Aufaddierung eines Virus-Genoms aus kurzen RNA-Bruchstücken möglich ist!

Eine Methode **wie hier das Alignment**, um aus sehr kurzen Gensequenzen eine theoretisch lange zu errechnen, die nicht durch Kontrollversuche abgesichert ist, darf nicht als wissenschaftlich bezeichnet werden. Hier wird Wissenschaftlichkeit vorgegeben, die jedoch offensichtlich, nachvollziehbar und für jeden überprüfbar keinesfalls vorliegt.

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 Kontrolleexperimenten 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 Kontrolleexperimenten, denn es ist offensichtlich, dass das Genom des SARS-CoV-2 ganz oder teilweise aus solchen unspesifischen Sequenzen rechnerisch konstruiert wurde.

Prof. Zhang erwähnt in dieser Publikation<sup>16</sup> 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.

Ein simples, aber ansehnliches Beispiel hat am 10.10.2020 Naomi Seibt in ihrem Vortrag<sup>17</sup> im Bundestag verwendet, das Laien hilft zu verstehen, wie man sich das bildlich vorstellen kann.

Betrachten Sie bitte die folgenden Bilder:

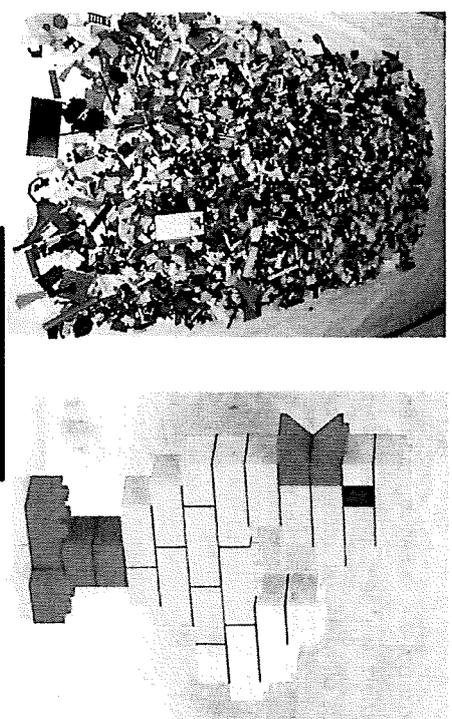


Abb. 19

Es wurde die **gesamte** aus einer Bronchiallavage (BALF) eines Patienten gewonnene **RNA** genutzt, um dann aus dieser Suppe an genetischem Material viele kurze Sequenz-Abschnitte (*kleine Legosteine linkes Bild*) **eine ganze Ente** (*rechtes Bild*) zu konstruieren. **All diese kleinen Sequenzabschnitte** (*Legosteinen linkes Bild*) haben nichts miteinander zu tun. Ohne einen Bauplan, eine Ausrichtung, genannt Alignment, könnte niemand etwas mit diesen ganzen kleinen kurzen Sequenzabschnitten

antangen (außer eben kreative Kinder, Junggebliebene und besonders Kreative auf der Suche nach der Beweisführung einer Idee).

Deswegen verwendeten die Virologen der CCDC ein Alignment, das an "Corona-Viren" aus Fledermäusen angelehnt wurde. Der Algorithmus versucht jetzt anhand der Vorlage (singemäß anhand einer anderen Bade-Ente), aus diesen vielen nicht zusammenhängenden kurzen Sequenzen (Legosteinechen) eine neue Ente zu konstruieren, sprich, ein Modell zu erschaffen. Dies ist ein rein gedankliches Konstrukt; es ist kein reales Gebilde und wurde auch noch nie und zu keinem Zeitpunkt als intaktes und vollständiges Genom (ganzer Erbgutstrang bei SARS-CoV-2 knapp 30.000 Nukleotide lang) isoliert!

Strukturen, die in EM-Aufnahmen gezeigt und als Abbildung von Viren publiziert werden, wurden niemals biochemisch charakterisiert. Es wurde niemals aus solchen Partikeln eine Nukleinsäure entnommen und bestimmt. Diese Partikel werden nur als Viren ausgegeben und dabei die Information unterschlagen, dass die gleichen Partikel dieser Art jedes Mal auch dann entstehen, wenn „uninfizierte“ Zellkulturen auf die gleiche Art und Weise behandelt werden wie als „infiziert“ definierte Zellkulturen. Nicht-Virologen bezeichnen diese Partikel z. B. als Phagosomen, Endosomen, Exosomen, Transportvesikel und im Querschnitt als Villi etc. pp.

Weitere Informationen dazu finden Sie in dem Kapitel: „Wie eine einzige Fehlinterpretation am 10.01.2020 die ganze Welt in die Irre führte“; siehe S. 210 oder im Internet unter der Quelle 18.

**Ergänzende Analyse der Studie aus den USA, die Dr. John Tal als Nachweis zum Virusisolat angibt**

Es handelt sich um die Studie:

„Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 from Patient with Coronavirus Disease, United States“<sup>19</sup>“

234

Gleich zu Anfang heißt es in der Studie, auf die sich Dr. John Tal bezieht: "A novel coronavirus, severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2), has been identified as the source of a pneumonia outbreak in Wuhan, China, in late 2019 <sup>20+21</sup>."

**Hier wird auf die folgende Quelle referenziert:**

„A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019“<sup>22</sup>“

In der ersten maßgeblichen Publikation der Autoren der CCDC (A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019<sup>23</sup>) zu den Ergebnissen ihrer Recherche, "Ein neues Coronavirus von Patienten mit Lungenentzündung in China, 2019" wird über keine Häufung von Fällen mit atypischer Lungenentzündung ("patient with pneumonia of unknown cause") berichtet.

Sie berichten darüber, dass die vorgefundenen Patienten zu einem "Cluster", zu einer Gruppe mit gemeinsamen Merkmalen zusammengefasst werden können. Das gemeinsame Merkmal war der mehr oder weniger häufige Besuch eines Meeresfrüchte-Marktes (seafood wholesale market) in Wuhan. Wie winzig die Gruppe der Patienten mit atypischer Lungenentzündung tatsächlich war, erkennt man daran, dass die CCDC von nur vier Patienten Abstriche und Flüssigkeiten des unteren Atemtraktes entnahm, um darin nach bekannten und unbekanntem Erregern zu suchen.

In dieser Studie, die als maßgeblich gilt, heißt es unter **Discussion**:  
"our study does not fulfill Koch's postulates"

Übersetzt: "Unsere Studie erfüllt nicht die Koch'schen Postulate"

**Damit ist eindeutig belegt, dass diese Studie zu keinem Zeitpunkt ein Nachweis für ein neuartiges Virus sein kann. Die Autoren sagen damit explizit aus, dass sie kein Virus isoliert und bestimmt haben, ansonsten hätten sie das erste der vier Koch'schen Postulate erfüllt!**

235

Was bedeutet dies zu diesem Zeitpunkt?

Die ursprüngliche Quelle, welche die von Dr. John Tal verwendete Studie als Referenz angibt, **kann keinen Nachweis** für ein krankmachendes Virus darlegen.

**Als am 10.1. und 12.1.2020** im Internet **vorläufige** Zusammenstellungen von Sequenzen erschienen, die nachträglich verändert und am 24.01.2020<sup>24</sup> sowie am 03.02.2020<sup>25</sup> wieder veröffentlicht wurden, stellte dies das Resultat der ersten beiden **Versuche** dar, das noch unbekannte Virus zu identifizieren. Die Virologen der CDC hatten hierfür die Sequenzen kurzer Genstückchen mittels Computerprogrammen theoretisch zu einem möglichen Erbgutstrang zusammengesetzt.

**Die Proben, die verwendet wurden, um das vermeintliche Virus zu isolieren, sind reine Annahmen basierend auf einem Modell, bei dem die Chinesen einen Genomvorschlagn verbreitet haben, der durch ein Alignment zustande gekommen ist.**

Im "Method" Bereich "Cell Culture, Limiting Dilution, and Virus Isolation" wird dieses wie folgt dokumentiert:

*"Wir verwendeten Vero CCL-81-Zellen zur Isolierung und initialen Passage. Wir kultivierten Vero E6, Vero CCL-81, HUH 7.0, 293T, A549 und EFKB3-Zellen in Dulbecco Minimal Essential Medium (DMEM), ergänzt mit hitzeinaktiviertem fötalem Rinderserum (5% oder 10%) und Antibiotika/Antimykotika (GIBCO, <https://www.thermofisher.com/External/Link>). Wir verwendeten sowohl NP- als auch OP-Abstrichproben zur Virusisolierung. Zur Isolierung, Begrenzung der Verdünnung und Passage 1 des Virus pipettierten wir 50 µl serumfreies DMEM in die Spalten 2-12 einer 96-Well-Gewebekulturplatte, dann pipettierten wir 100 µl klinische Proben in Spalte 1 und verdünnten sie seriell 2-fach über die Platte. Dann trypsinieren und resuspendieren wir Vero-Zellen in DMEM, das 10% fötales Rinderserum, 2x Penicillin/Streptomycin, 2x Antibiotika/Antimykotika*

*und 2x Amphoterin B in einer Konzentration von 2,5 x 105 Zellen/ml enthielt. Wir fügten 100 µl Zellsuspension direkt zu den Verdünnungen der klinischen Proben hinzu und mischten sie vorsichtig durch Pipettieren. Anschließend züchteten wir die beimpften Kulturen in einem befeuchteten 37°C-Brutschrank in einer Atmosphäre von 5% CO2 und beobachteten täglich cytopathische Effekte (CPEs). Wir verwendeten Standard-Plaquetests für SARS-CoV-2, die auf den Protokollen von SARS-CoV und dem Nahost-Coronavirus des respiratorischen Syndroms (MERS-CoV) basieren (9,10).*

*Wenn CPEs beobachtet wurden, schabten wir Zellmonolayer mit der Rückseite einer Pipettenspitze ab. Wir verwendeten 50 µl Viruslysat für die Gesamtnukleinsäureextraktion für Bestätigungstests und Sequenzierung. Wir verwendeten auch 50 µl Viruslysat, um eine Vertiefung einer zu 90% konfluenten 24-Well-Platte zu inokulieren."*

1. **Keine der Studien führt eine wirklich solide negative Kontrolle durch**, in der sichergestellt ist, dass nicht schon im Ausgangsmaterial, den Affenierenzellen und den verwendeten Chemikalien und Nährlösungen, das "potenziell infektiöse Agens" oder diejenigen kurzen Gensequenzen vorhanden sind, aus denen später der Erbgutstrang der behaupteten Viren konstruiert wird. Obwohl die eingebrachten Agenzien selbst, oder diese in Interaktion mit dem Zellmaterial, oder dieses allein, oder alles zusammen mit dem Isolat aus dem erkrankten Gewebe könnten für die beobachteten Veränderungen, die als viral gedeutet werden und für die Freisetzung kurzer Gensequenzen verantwortlich sein, aus denen später das Virus-Genom rechnerisch konstruiert wird.
2. **Virologen töten im Labor unbemerkt Gewebe.**

Die Virologen benutzen das Wort „Isolation“ nicht im eigentlichen Sinne des Wortes Isolation und werden verächtlich nervös,

wenn sie darauf angesprochen werden. Sie verstehen unter „Isolation“ die Erzeugung eines Effektes im Labor, den sie gleichzeitig als:

- a) Infektion
- b) Beweis für die Anwesenheit eines Virus
- c) Beweis für dessen Vermehrung
- d) Beweis für die Zerstörungskraft des angenommenen Virus deuten.

In Wirklichkeit töten sie unbemerkt und unbewusst Gewebe und Zellen im Labor – durch Verhungern und Vergiften. **Dieser Effekt ist als cytopathischer Effekt bekannt.**

### 3. Die angebliche Kultivierung des Virus.

Dieses Zusammenfließen wird als Riesen-Zellbildung und als „cytopathischer Effekt“ bezeichnet. Dieses Resultat vieler gewaltsamer und irrsinniger Schritte wird als zentraler Beweis für die „Anwesenheit, Isolation, Vermehrung etc.“ des vermuteten Virus ge- deutet. Die Beteiligten behaupten dann, dass ihnen die Kultivierung des Virus gelungen sei.

4. Die Virologen verwendeten in der Publikation 10 % fötales *Rinder serum*, 2x *Penicillin/Streptomycin*, 2x *Antibiotika/Antimykotika* und 2x *Amphotericin B*. Damit wird der Effekt, unter Punkt 2 und 3 beschrieben, hervorgerufen. Dies ist unter anderem auch in dem Gutachten innerhalb des Masernvirusprozesses bekannt (siehe hierzu das Gutachten – cytopathischer Effekt in Affienzellen ist nicht masernviruspezifisch; „Gerichtsdokumente bestätigen: Kein wissenschaftlicher Nachweis für die Existenz des Masernvirus“). Siehe hierzu Abb. 2; S. 21; Kontrolleexperiment.

5. Auch in der Publikation von Bech, V. & von Magnus, P. (1958) *Studies on measles virus in monkey kidney tissue cultures*. *Acta Pathologica Microbiologica Scandinavica* 42(1):75-85 wird beschrieben, dass der cytopathische Effekt nicht masernspezifisch ist, sondern durch andere Faktoren hervorgerufen wird. So heißt es in der Publikation auf S. 80:

*„cytopathic changes similar to those caused by measles virus may be observed also in uninoculated cultures of monkey kidney tissue (Fig. 4-5). These changes are probably caused by virus-like agents, so called 'foamy agents', which seem to be frequently present in kidney cells from apparently healthy monkeys“*

**Übersetzt:**

*„Cytopathische Veränderungen ähnlich denen, die durch das Masernvirus verursacht werden, können auch in nicht geimpften Kulturen von Affenierengewebe beobachtet werden (Abb. 4-5). Diese Veränderungen werden wahrscheinlich durch virusähnliche Erreger, so genannte 'schaumige Erreger', verursacht, die offenbar häufig in Nierenzellen von scheinbar gesunden Affen vorhanden sind“.*

Dieser Satz ist bemerkenswert, weist er doch auf die Unspezifität genau der pathologischen Veränderungen hin, die als Ausgangspunkt für den optischen Beleg einer Infektion in der ersten Publikation von Enders & Peebles gedient hat.

6. Prof. Karlheinz Lüdtke, *Max-Planck-Institut für Wissenschaftsgeschichte, Frühgeschichte der Virologie, Sonderdruck 125, 89 Seiten, 1999, i.K. (A2)<sup>26</sup>*.

Diese Lektüre ist dadurch so wichtig, weil diese aufzeigt, wie wichtig Kontrolleexperimente sind, um zu erkennen, dass man falsch lag. Darin wird aufgezeigt, dass bis 1953 jedem Virologen und der Wissenschaftsgemeinschaft klar und bekannt war, dass

alle Bestandteile, die bis dato als Bestandteile von Viren gedeutet wurden, sich **durch Kontrollversuche** als Bestandteile von abgestorbenen Geweben und Zellen entpuppten. Darum ist es so wichtig, immer wieder auf die fehlenden Kontrolleexperimente der vorgelegten Publikationen zu pochen. Genau diese Kontrolleexperimente fehlen in der von Dr. John Tal angeführten Publikation aus den USA!

Aus diesem Grund alleine dürfen diese und alle anderen Publikationen nicht als wissenschaftlich ausgegeben werden. Da es beim sog. Corona-Virus keine einzige Publikation gibt, die das Kriterium „wissenschaftlich“ erfüllt, sondern eindeutig unwissenschaftlich gearbeitet wurde, brechen alle Corona-Maßnahmen rechtlich – wie ein Kartenhaus – in sich zusammen. Das Infektionsschutzgesetz (IfSG), mit dem alle Corona-Maßnahmen legitimiert werden, fordert in § 1 ganz eindeutig die Wissenschaftlichkeit aller Maßnahmen und aller Beteiligten. Da die vom Gesetz geforderte Wissenschaftlichkeit bei Corona eindeutig nicht gegeben, sondern eindeutig verletzt worden ist, sind alle Corona-Maßnahmen illegal und die entstandenen Schäden mit exakter Begründung einklagbar.

7. Bereits allein aus dem Grund, dass diese verpflichtenden Kontrolleexperimente nicht durchgeführt wurden, muss diese Studie als unwissenschaftlich eingeordnet werden und ist das Papier nicht wert, auf dem sie geschrieben wurde. Siehe dazu die Regeln, die seit 1998 für wissenschaftliches Arbeiten (lege artis) durch die DFG verbindlich kodifiziert und von allen Universitäts-Rektoren unterschrieben wurden.

240

#### Fassen wir zusammen

1. Der Erbgutstrang des SARS-CoV-2 ist nur ein Modell, das anhand eines Alignments kreiert wurde. In der Publikation von Fan Wu et al, in Nature, Vol 579 vom 03.02.2020<sup>27</sup>, in der das Genom (*kompletter Erbgutstrang*) des SARS-CoV-2 zum ersten Mal vorgestellt wurde, wurde zur Vorlage aller weiteren Alignments **aller anderen Virologen und Biochemikern**.
2. Das Genom (Erbgutstrang) des SARS-CoV-2 wurde nie isoliert, es wurde lediglich die **gesamte** aus einer Bronchiallavage (BALF) eines Patienten gewonnene **RNA** genutzt.
3. Es wurden keine Kontrolleexperimente durchgeführt, die ausschließen, dass es sich bei den Gensequenzen um gewebeeigene Strukturen handelt. Beispiele dafür finden Sie innerhalb dieser Schrift und unter Literaturtips im Anhang.
4. Die Virologie hatte sich bereits im Jahre 1951 aufgegeben<sup>28</sup>, nachdem die Verantwortlichen die notwendigen Kontrolleexperimente durchgeführt hatten.
5. Sämtliche Gen-Ideen wurden im Jahr 2000, im Jahr der Veröffentlichung der widersprüchlichen Daten des sog. Human-Genom-Projektes, der peinlichen Behauptung, **dass das ganze menschliche Erbgut gelesen worden sei**, obwohl mehr als die Hälfte erfunden werden musste, gänzlich und umfassend widerlegt<sup>29</sup>.
6. Der cytopathische Effekt ist **NICHT!** virusspezifisch!

241

7. die Regeln, die seit 1998 für wissenschaftliches Arbeiten (Ige ar-tis) durch die DFG verbindlich kodifiziert und von allen Uni-versitäts-Rektoren unterschrieben wurden, wurden und werden bis heute nicht eingehalten.
8. Dr. John Tal unterlag dem gleichen Irrtum, wie alle anderen. Er hatte nicht bemerkt, dass die Grundlage seiner Publikationen be-reits keinen Nachweis lieferten und dass die notwendigen Kon-trollexperimente fehlten.
9. Louis Pasteur, jener, der die Virustheorie massiv propagierte wurde des Wissenschaftsbetrugs überführt<sup>30</sup>.

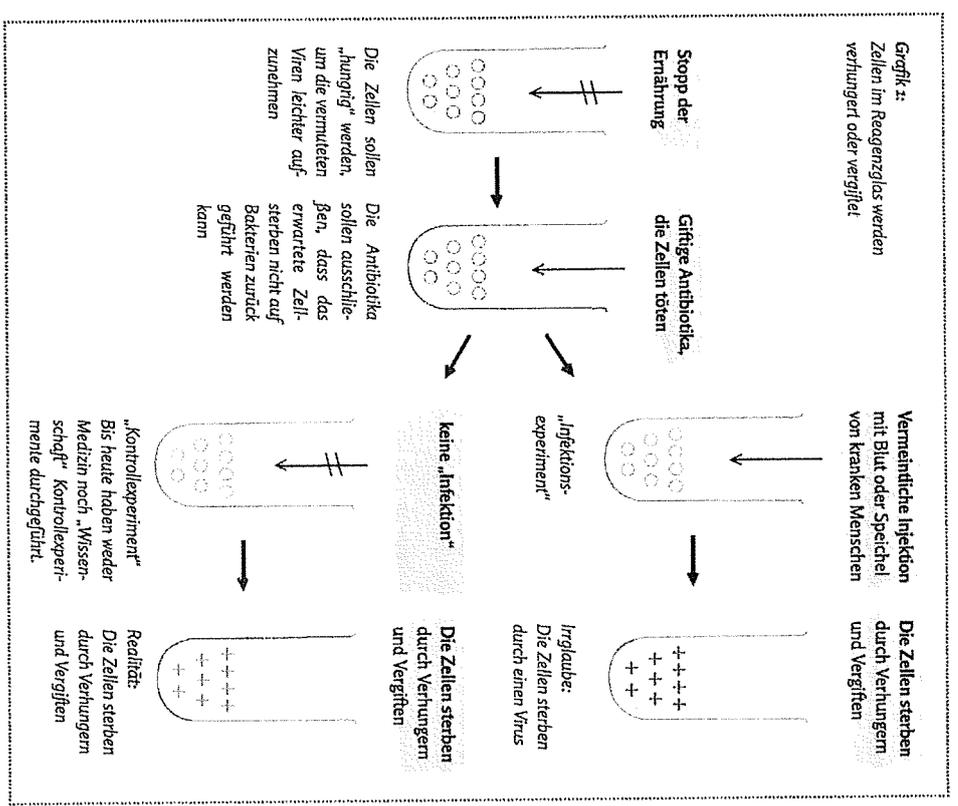


Abb. 20 (Kontrollexperiment)

## Quellenangabe

### Corona: Die nachvollziehbare und überprüfbare Widerlegung der Virus-Behauptungen

- 1 <https://www.youtube.com/watch?v=dCQPwV8TTAQ>
- 2 <https://www.nytimes.com/1995/05/07/books/experiments-in-deceit.html>
- 3 <https://impfen-nein-danke.de/uj/P125.pdf>
- 4 [https://www.zeit.de/2008/25/M-Genetik?utm\\_referer=https%3A%2F%2Ftelegra.ph%2F5-WissenschaftPlus-Ausgabe-5-2015-%2FVirchow-%20-%20ein-Strategie-der-Macht-von-Stiegfried-Mohr](https://www.zeit.de/2008/25/M-Genetik?utm_referer=https%3A%2F%2Ftelegra.ph%2F5-WissenschaftPlus-Ausgabe-5-2015-%2FVirchow-%20-%20ein-Strategie-der-Macht-von-Stiegfried-Mohr)
- 5 WissenschaftPlus: Ausgabe 5/2015, „Virchow – ein Strategie der Macht“ von Siegfried Mohr.
- 6 [https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/26/6/20-0516\\_article#r2](https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/26/6/20-0516_article#r2)
- 7 [https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/26/6/20-0516\\_article#r2](https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/26/6/20-0516_article#r2)
- 8 [https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/26/6/20-0516\\_article#r2](https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/26/6/20-0516_article#r2)
- 9 <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32015508/>
- 10 <https://www.spiegel.de/wissenschaft/mensch/bakterien-gekatalog-leben-im-gekroese-a-681518.html>
- 11 <https://de.wikipedia.org/wiki/Bakterien>
- 12 <https://www.ndr.de/ratgeber/gesundheit/Was-sind-Bakterien-und-wie-wirken-Antibiotika,bakterien174.html>
- 13 <https://www.zukunftsinstitut.de/artikel/wohnen/jio-tech-das-lebende-haus/>
- 14 <https://www.phagoflow.de/bakterien-als-krankheitserreger/>
- 15 [https://www.dfg.de/dfg\\_im\\_profil/download](https://www.dfg.de/dfg_im_profil/download)
- 16 <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32015508/>
- 17 [https://www.youtube.com/watch?v=5ok8\\_651sxY](https://www.youtube.com/watch?v=5ok8_651sxY)
- 18 <https://telegra.ph/Wie-die-Fehlannahme-des-behaupteten-SARS-CoV-2-begann-10-08>
- 19 [https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/26/6/20-0516\\_article#r2](https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/26/6/20-0516_article#r2)
- 20 <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/doi/full/10.1056/NEJMOa2001191>
- 21 <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7092803/>
- 22 <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7092803/>
- 23 <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7092803/>
- 24 <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31978945/> (Quelle nicht verfügbar)
- 25 <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32015508/>
- 26 <https://impfen-nein-danke.de/uj/P125.pdf>
- 27 <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32015508/>

- 28 <https://impfen-nein-danke.de/uj/P125.pdf>
- 29 <https://www.zeit.de/2008/25/M-Genetik>
- 30 <https://www.nytimes.com/1995/05/07/books/experiments-in-deceit.html>



# WHO Information Notice for Users 2020/05

## Nucleic acid testing (NAT) technologies that use polymerase chain reaction (PCR) for detection of SARS-CoV-2

20 January 2021 | Medical product alert | Geneva | Reading time: 1 min (370 words)

[Français](#)

[Español](#)

**Product type:** Nucleic acid testing (NAT) technologies that use polymerase chain reaction (PCR) for detection of SARS-CoV-2

**Date:** 13 January 2021

**WHO-identifier:** 2020/5, version 2

**Target audience:** laboratory professionals and users of IVDs.

**Purpose of this notice:** clarify information previously provided by WHO. This notice supersedes WHO Information Notice for In Vitro Diagnostic Medical Device (IVD) Users 2020/05 version 1, issued 14 December 2020.

**Description of the problem:** WHO requests users to follow the instructions for use (IFU) when interpreting results for specimens tested using PCR methodology.

**Users of IVDs must read and follow** the IFU carefully to determine if manual adjustment of the PCR positivity threshold is recommended by the manufacturer.

WHO guidance [Diagnostic testing for SARS-CoV-2](#) states that careful interpretation of weak positive results is needed (1). The cycle threshold (Ct) needed to detect virus is inversely proportional to the patient's viral load. Where test results do not correspond with the clinical presentation, a new specimen should be taken and retested using the same or different NAT technology.

WHO reminds IVD users that disease prevalence alters the predictive value of test results; as disease prevalence decreases, the risk of false positive increases (2). This means that the probability that a person who has a positive result (SARS-CoV-2 detected) is truly infected with SARS-CoV-2 decreases as prevalence decreases, irrespective of the claimed specificity.

Most PCR assays are indicated as an aid for diagnosis, therefore, health care providers must consider any result in combination with timing of sampling, specimen type, assay specifics, clinical observations, patient history, confirmed status of any contacts, and epidemiological information.

#### **Actions to be taken by IVD users:**

- 1. Please read carefully the IFU in its entirety.**
- 2. Contact your local representative if there is any aspect of the IFU that is unclear to you.**
- 3. Check the IFU for each incoming consignment to detect any changes to the IFU.**
- 4. Provide the Ct value in the report to the requesting health care provider.**

#### **Contact person for further information:**

Anita SANDS, Regulation and Prequalification, World Health Organization, e-mail:  
[rapidalert@who.int](mailto:rapidalert@who.int)

#### **References:**

1. Diagnostic testing for SARS-CoV-2. Geneva: World Health Organization; 2020, WHO reference number WHO/2019-nCoV/laboratory/2020.6.
2. Altman DG, Bland JM. Diagnostic tests 2: Predictive values. *BMJ*. 1994 Jul 9;309(6947):102. doi: 10.1136/bmj.309.6947.102.

Subscribe to our newsletters →



VERWALTUNGSGERICHT  
WIEN

1190 Wien, Muthgasse 62  
Telefon: (+43 1) 4000 DW 38700  
Telefax: (+43 1) 4000 99 38700  
E-Mail: post@vgw.wien.gv.at

GZ: VGW-103/048/3227/2021-2  
A.

Wien, 24.03.2021  
Rum

Geschäftsabteilung: VGW-M

IM NAMEN DER REPUBLIK

Das Verwaltungsgericht Wien hat durch seinen Richter Dr. Frank über die Beschwerde der A., vertreten durch Rechtsanwalt, gegen den Bescheid der Landespolizeidirektion Wien, Sicherheits- u. Verwaltungspolizeiliche Angelegenheiten, SVA Referat 3 – Vereins-, Versammlg-, Medienrechtsangel., vom 30.01.2021, GZ: ..., mit welchem die für 31.01.2021 angezeigte Versammlung untersagt wurde, zu Recht e r k a n n t:

I. Der Beschwerde wird Folge gegeben und der angefochtene Bescheid behoben. Die Untersagung erfolgte zu Unrecht.

II. Gegen dieses Erkenntnis ist gemäß § 25a VwGG eine ordentliche Revision an den Verwaltungsgerichtshof nach Art. 133 Abs. 4 B-VG unzulässig.

**Entscheidungsgründe**

Mit angefochtenem Bescheid untersagte die belangte Behörde eine von der A. am 29.1.2021 angezeigte Versammlung zum Thema „Allgemeine Informationen der A.“, die am 31.1.2021 von 14:35 bis 18:00 Uhr in Wien, B.-Platz hätte abgehalten werden sollen. Begründet wurde dies mit dem zu erwartenden rechtswidrigen Verhalten der Teilnehmer und dem daraus folgenden Seuchengeschehen sowie

einer näher beschriebenen „Strohmanntaktik“. Es werde erwartet, sohin auch von der A., dass gut beleumundete Strohmänner vorgeschickt würden, um den wahren illegalen Hintergrund zu verschleiern.

In der dagegen gerichteten Beschwerde wurde eine erhöhte Kontroll- und Begründungspflicht für die Untersagung von Versammlungen vorgebracht, wonach die Verfassungsbestimmung des § 1 Abs. 3 PartG die Tätigkeit einer politischen Partei keiner Beschränkung durch besondere Rechtsvorschriften unterworfen werden darf. Die belangte Behörde habe dahingehend keinen Versuch unternommen, im Einvernehmen mit der Beschwerdeführerin eine Modifikation im Sinne eines gelinderen Mittels durch die Änderung von Art und Ort der Versammlung. Der Begründungsbestandteil des „unbekannten Strohmannes“ verschließe sich für den Sinn der Beschwerdeführerin gänzlich. Da die Untersagung einer Versammlung nur Ultima ratio sein könne (VfGH 14.3.2013, B 1037/11 mwN), hätte aufgrund der schon wochenlangen Bekanntheit einer hohen Versammlungsdichte für den 31.1.2021 die belangte Behörde initiativ Kontakt aufnehmen müssen, um in Kooperation mit dem Veranstalter die Abhaltung der Versammlung zu gewährleisten. Es treffe die belangte Behörde dahingehend eine positive Schutzpflicht. Beispielsweise hätte die belangte Behörde bei der Befürchtung eines zu beengten Versammlungsplatzes der Beschwerdeführerin initiativ einen alternativen, gleichwertigen Versammlungsort anbieten müssen. Ganz und gar zurückzuweisen sei die von der belangten Behörde mittelbar vorgeworfene Unterstellung, wenn der Beschwerdeführerin, einer seit Jahrzehnten im Parlament vertretenen politischen Partei, jegliche Organisationseffizienz abgesprochen wurde. Dies erschließe sich aus dem Misstrauen, wenn der Beschwerdeführerin vorweg die Einhaltung der Seuchenbestimmungen nicht zugetraut werden. Die belangte Behörde trage darüber hinaus selbst gerade zur Eskalation bei, weil sie damit die Abhaltung von Spontanversammlungen befeuere. Aus den sozialen Netzen sei dem Dienst (LVT) die hochexplosive Stimmung gegen die Regierungsmaßnahmen bekannt.

Zusammengefasst dürfe eine Abwägung von kollidierenden Grundrechtspositionen nicht per se zu einer gänzlichen Untersagung führen. Damit sei eine Abwägung des öffentlichen Wohles der Gesundheit mit dem Grundrecht der Versammlungsfreiheit unterblieben. Da die A. als im Nationalrat vertretene Partei

eine Reputation habe, welche es um jeden Preis zu erhalten gebe, hätte sie die Bestimmungen des § 12 Abs.2 der 3. COVID-19-NotMV rigoros überwacht. Dazu werde bemerkt, dass die Einschätzungen des Gesundheitsdienstes sowie des LVT allgemein für alle bis dahin für den 31.1.2021 angemeldeten Versammlungen und vor der Anmeldung der gegenständlichen Versammlung erfolgt seien. Damit sei eine Prognose für die konkret beabsichtigte Versammlung schon denkunmöglich gewesen.

Von seuchenmedizinischer Seite habe es bis dato für Cluster anlässlich einer Versammlung keine evidente Wahrnehmung gegeben. Der peer review für die Schutzwirkung von FFP 2 Schutzmasken sei uneinheitlich, ja durch die WHO und die Europäische Kommission negativ in Hinblick auf die Vorteile der Schutzwirkung beantwortet.

Da die belangte Behörde in Hinblick gelinderer Mittel und eigener Handlungen zur Minimierung der Gefahr eines akuten Seuchengeschehens keine Überlegungen angestellt habe, laufe das verfassungsmäßig garantierte Verfahren einer bloßen Anzeige von Versammlungen auf ein Genehmigungssystem hinaus. Eine Bewilligung im Rahmen eines Konzessionssystems für Versammlungen sei mit dem Grundrecht auf Versammlungsfreiheit unvereinbar (VfSlg.11.651/1988 und 11.866/1988 zum Verbot einer Versammlung einer vorherigen behördlichen Bewilligung zu unterwerfen mwN).

Weshalb davon auszugehen war, dass es bei einer Versammlung von einer im Parlament vertretenen politischen Partei zwingend zu Verstößen gegen § 12 Abs. 2 der 3. COVID-19-NotMV kommen sollte, bleibe völlig offen. Damit würde diese Bestimmung die Grundlage einer völlig beliebigen und willkürlichen Beschränkung der Art. 12 StGG, Art. 11 EMRK und des Versammlungsgesetzes. Darüber hinaus mangle dem § 12 Abs. 2 der 3. COVID-19-NotMV die Einschlägigkeit für Versammlungen nach dem Versammlungsgesetz. Diese setze nämlich Versammlungen mit Veranstaltungen gleich, was eine gänzliche Verkennung der Rechtslage darstelle. Eine Versammlung, und eine solche liege hier vor, genieße den höchsten Schutz nach Art. 12 StGG und Art. 11 EMRK, welche eine Einschränkung durch bloße Verordnung verbiete.

Bei der Beurteilung der zu erwartenden Verletzungen von Seuchenbestimmungen werde auf „zahlreiche Medienberichte“ durch die belangte Behörde rekurriert. Damit gebe die belangte Behörde zu erkennen, Ermittlungen und damit Beweismittel schuldig geblieben zu sein. Eine Schlussbasis für Erwägung fehle damit, sodass nicht nur ein Begründungsmangel, sondern der Mangel der Unbegründetheit vorliege. Die Einschätzung des LVT Wien vom 28.1.2021 sei keine taugliche Entscheidungsgrundlage, weil diese vor der Anmeldung der Versammlung erfolgte und etwas nicht beurteilt werden könne, was nicht einmal noch mitgeteilt worden sei. Weiters verlange der VfGH in VfSlg. 5.087/1966, für die Beurteilung einer „Gesundheitsgefährdung“, dass auf „konkret, festgestellte, objektiv erfassbare Umstände“ rekurriert wird. Der von der belangten Behörde angefragte Gesundheitsdienst der Stadt Wien antworte nur in sehr allgemeiner Weise und gehe auf die konkrete Veranstaltung nicht ein. Folgte man diesen Argumenten, könnten hinkünftig alle Versammlungen ohne weiteres untersagt werden. Als einzelne Empfehlung des Gesundheitsdienstes sei noch hervorzuheben, dass eine erhöhte Übertragungsgefahr nur dann gegeben wäre, wenn Kontakte ohne Einhaltung des notwendigen Abstandes und ein Tragen eines Mund-Nasen-Schutzes unterbleibt. Die belangte Behörde stütze ihre Untersagung auf ein alternatives Fehlen.

#### Das Verwaltungsgericht Wien hat erwogen:

##### Sachverhalt:

Am 26.1.2021 richtete Polizeipräsident ... per Email eine Anfrage an die Oberphysikatsrätin der Stadt Wien, ..., betreffend „Demonstrationen am WE 30./31.1“ mit dem Ersuchen um Informationen aus gesundheitlicher Sicht zu nachstehenden Fragen:

- 1) „Ist bei einer Versammlung von mehreren hundert bis uU mehreren tausend Menschen, die den verordneten Mindestabstand von 2 Metern nicht einhalten und überdies überwiegend keinen eng anliegenden NMS tragen, damit zu rechnen, dass unter Bedachtnahme darauf, dass die Menschen im Regelfall laut skandieren und ihren Forderungen so freien Lauf lassen – auch im Hinblick auf die neu auftretenden Mutationsvarianten des Virus (und die

damit zusammenhängenden besorgniserregenden Medienberichte) - eine erhebliche Gefahr der Ansteckung unter den Versammlungsteilnehmern entstehen wird und somit mit einer unkontrollierbaren Weiterverbreitung des Virus in der Bevölkerung gerechnet werden kann?

- 2) Würden derartige Menschenansammlungen die Bemühungen der Gesundheitsbehörde, die 7 Tages-Inzidenz weiter zu senken, erheblich konterkarieren?“

Am 27.1.2021 übermittelte der Gesundheitsdienst der Stadt Wien per Email eine Antwort an den Polizeipräsidenten persönlich mit nachstehendem Inhalt:

„Sehr geehrter Herr Landespolizeipräsident ...,

die Corona-Kommission, als beratendes Gremium des für Gesundheit zuständigen Bundesministers weist in der letzten Empfehlung vom 21.1.2021 auf die erhöhte Übertragbarkeit der SARS-CoV-2 Virus-Mutante B.1.1.7 und die sich daraus ergebende Gefahr eines neuerlich sehr starken exponentiellen Anstiegs der Fallzahlen hin. Vor diesem Hintergrund und dem nach wie vor hohen Fallgeschehen hat die Corona-Kommission empfohlen, die gesetzten präventiven Massnahmen zur Kontaktreduktion weiter fortzusetzen. Es wurde auch angemerkt, dass die Akzeptanz der Bevölkerung notwendig ist, um auch weiterhin die notwendigen Rückgänge des Fallgeschehens erreichen zu können. Die epidemiologische Situation mit einer steigenden Anzahl an Infektionen, bei denen erste Testergebnisse auf mutierte Varianten des SARS-CoV-2- Virus hinweisen, hat dazu geführt, dass in weiten Bereichen zum Schutz vor Ansteckungen das Tragen von FFP2-Schutzmasken vorgeschrieben wurde und der vorgeschriebene Mindestabstand auf 2 Meter ausgeweitet wurde. Aktuelle Erhebungen zeigen, dass bei den neuen Virusvarianten Kontakte ohne Einhaltung des notwendigen Abstands und ohne Tragen von Schutzmasken aufgrund der erhöhten Übertragbarkeit in wenigen Tagen zu mehr Folgefällen führen können, als bisher beobachtet. Wenn Personen, die das Virus ausscheiden, an der Versammlung teilnahmen, ohne den geforderten Abstand einzuhalten und ohne einen Mund-Nasen-Schutz zu tragen, kann es vor diesem Hintergrund zu Übertragungen kommen, die speziell auch aufgrund der fehlenden Nachvollziehbarkeit von Kontakten die Bemühungen zur Reduktion der Fallzahlen konterkarieren.“

Die Zeichnung und die Emailadresse sind im Akt geschwärzt, sodaß eine persönliche Zuordnung verunmöglicht wurde.

Auf der offiziellen homepage der „Corona-Kommission“ (Bewertungskriterien | Corona Ampel (corona-ampel.gv.at) finden sich eine aktuelle Risikoeinschätzung und Bewertungskriterien.

Am 28.1.2021 übermittelte das Landesamt für Verfassungsschutz und Terrorismusbekämpfung einen Aktenvermerk zur „Einschätzung betr. Corona-Demos am 30. Und 31.1.2021“. Darin wurde im Wesentlichen ausgeführt, dass es – bezugnehmend auf vorangegangene Versammlungen - auf weiteren Versammlungen zu Verstößen gegen die Covid 19 Maßnahmen kommen würde. Für die Anmeldungen würden unbekannte „Strohleute“ vorgeschickt werden, welche aufgrund ihrer Unbescholtenheit zur Umgehung einer behördlichen Untersagung Verwendung fänden. Weiters sei seitens der „führenden Figuren der Szene“ aufgerufen worden, möglichst zahlreiche Versammlungen anzumelden, um die Behörde zu beschäftigen und möglichst viele Polizisten dezentral zu binden. Nur durch die Untersagung sämtlicher Versammlungen könne sichergestellt werden, dass nicht die eine oder andere nicht untersagte Versammlung zum Sammelbecken für präsumtive Teilnehmer anderer Versammlungen würde. Abschließend wurde wörtlich die Lage zusammengefasst wie folgt:

„Aufgrund der groß angelegten Mobilisierung und aufgrund des großen Erfolges der „Corona-Demos“ am 16.1.2021 ist mit einer sehr großen Teilnehmerzahl (mehrere Tausend) zu rechnen. Eine Einhaltung des vorgeschriebenen Mindestabstandes von 2 m scheint daher aus ha. Sicht denkunmöglich. Darüber hinaus ist aufgrund einschlägiger Aufrufe sowie Erfahrungen bei vergangenen Anlässen damit zu rechnen, dass ein Großteil der Teilnehmer die COVID-19 Bestimmungen (Abstand als auch MNS-Schutz) **gezielt und vorsätzlich missachten** wird.“

Bearbeiter und Zeichnender wurden im Akt wieder geschwärzt.

Sowohl die Stellungnahme des LVT als auch die Information des Gesundheitsdienstes der Stadt Wien ergingen ganz allgemein und vor allem vor der Anzeige einer beabsichtigten Versammlung durch die A. (sic!).

Die A. brachte mit 29.1.2021 eine Versammlung (dicte Kundgebung) zum Thema „Allgemeine Information der A.“ am 31.1.2021 von 14:34 bis 18:00 Uhr der Landespolizeidirektion Wien zur Kenntnis. Schutzzone und Abstand werden eingehalten. Kurz darauf wurde eine Änderung des Standortes von C.-platz auf B.-Platz mitgeteilt.

Darauf brachte die Landespolizeidirektion Wien, Referat für Vereins-, Versammlungs- und Medienrechtsangelegenheiten, die Anzeige dem Magistrat der Stadt Wien, MA 15, zur Kenntnis und bat um „weitere Veranlassung“. Um Mitteilung von Bedenken gegen die Abhaltung der Versammlung aus gesundheitsbehördlicher Sicht wird ersucht.

Mit 30.1.2021 richtete in Vertretung der Referatsleiter für Vereins-, Versammlungs- und Medienrechtsangelegenheiten der Landespolizeidirektion Wien der A. die beabsichtigte Untersagung der Versammlung aus. Als Begründung wird die befürchtete Missachtung von verordnetem Mindestabstand und Mund-/Nasenschutz genannt. Dies wiederum auf der erwarteten großen Teilnehmerzahl von zumindest 10.000 Personen. Die A. ging bei ihrer Anzeige von 2.000 aus.

In weiterer Folge erging der Untersagungsbescheid.

Diese Feststellung gründen auf den im Akt erliegenden Schriftstücken.

Rechtlich folgt:

Gemäß § 6 Abs. 1 Versammlungsgesetz, BGBl. Nr. 98/1953 idF BGBl. I Nr. 63/2017 sind Versammlungen, deren Zweck den Strafgesetzen zuwiderläuft oder deren Abhaltung die öffentliche Sicherheit oder das öffentliche Wohl gefährdet, von der Behörde zu untersagen.

Gemäß Art. 11 Abs. 1 EMRK BGBl. Nr. 210/1958 idF BGBl. III Nr. 30/1998, haben alle Menschen das Recht, sich friedlich zu versammeln und sich frei mit anderen zusammenzuschließen, einschließlich des Rechts, zum Schutz ihrer Interessen Gewerkschaften zu bilden und diesen beizutreten.

Gemäß Abs. 2 erster Satz leg. cit. darf die Ausübung dieser Rechte keinen anderen Einschränkungen unterworfen werden als den vom Gesetz vorgesehenen, die in einer demokratischen Gesellschaft im Interesse der nationalen und öffentlichen Sicherheit, der Aufrechterhaltung der Ordnung und der Verbrechensverhütung, des Schutzes der Gesundheit und der Moral oder des Schutzes der Rechte und Freiheiten anderer notwendig sind.

Den Ausführungen in der Beschwerde ist in allen Punkten zuzustimmen. Des Weiteren mangelt es dem Bescheid aus folgenden Gründen an einer haltbaren Begründung für eine Untersagung:

Sämtliche Anfragen wurden bereits vor der Bekanntgabe der verfahrensgegenständlichen Versammlung gestellt. Die Antworten berücksichtigen in keiner Weise die konkrete Versammlung der A..

Darüber hinaus ist zu der beauftragten „Information aus gesundheitlicher Sicht“ Nachstehendes auszuführen:

Der Gesundheitsdienst der Stadt Wien verwendet darin die Wörter „Fallzahlen“, „Testergebnisse“, „Fallgeschehen“ sowie „Anzahl an Infektionen“. Dieses Durcheinanderwerfen der Begriffe wird einer wissenschaftlichen Beurteilung der Seuchenlage nicht gerecht. Für die WHO (WHO Information Notice for IVD Users 2020/05, Nucleic acid testing (NAT) technologies that use polymerase chain reaction (PCR) for detection of SARS-CoV-2, 20 January 2021) ausschlaggebend ist die Anzahl der Infektionen/Erkrankten und nicht der positiv Getesteten oder sonstiger „Fallzahlen“. Damit bleibt es schon damit offen, von welchen Zahlen die „Information“ ausgeht. Die „Information“ nimmt Bezug auf die Empfehlung der Corona-Kommission vom 21.1.2021. Es ist mangels Angaben nicht nachvollziehbar, ob die dieser Empfehlung zugrundeliegenden Zahlen nur jene Personen enthalten, die nach den Richtlinien der WHO zur Interpretation von PCR-Tests vom 20.01.2021 untersucht wurden. Konkret ist nicht ausgewiesen,

welchen CT-Wert ein Testergebnis hatte, ob ein Getesteter ohne Symptome erneut getestet und anschließend klinisch untersucht wurde. Damit folgt die WHO dem Erfinder der PCR-Tests, ... ( <https://www.youtube.com/watch?...>). Mutatis mutandis sagt er damit, dass ein PCR-Test nicht zur Diagnostik geeignet ist und daher für sich alleine nichts zur Krankheit oder einer Infektion eines Menschen aussagt.

Laut einer Studie aus dem Jahr 2020 (Bullard, J., Dust, K., Funk, D., Strong, J. E., Alexander, D., Garnett, L., ... & Poliquin, G. (2020). Predicting infectious severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 from diagnostic samples. *Clinical Infectious Diseases*, 71(10), 2663-2666.) ist bei CT-Werten größer als 24 kein vermehrungsfähiger Virus mehr nachweisbar und ein PCR Test nicht dazu geeignet, die Infektiosität zu bestimmen.

Geht man von den Definitionen des Gesundheitsministers, „Falldefinition Covid-19“ vom 23.12.2020 aus, so ist ein „bestätigter Fall“ 1) jede Person mit Nachweis von SARS-CoV-2 spezifischer Nukleinsäure (PCR-Test, Anm.), unabhängig von klinischer Manifestation oder 2) jede Person, mit SARS-CoV-2 spezifischem Antigen, die die klinischen Kriterien erfüllt oder 3) jede Person, mit Nachweis von SARS-CoV- spezifischem Antigen, die die epidemiologischen Kriterien erfüllt.

Es erfüllt somit keiner der drei vom Gesundheitsminister definierten „bestätigten Fälle“ die Erfordernisse des Begriffs „Kranker/Infizierter“ der WHO.

Das alleinige Abstellen auf den PCR-Test (bestätigter Fall 1) wird von der WHO abgelehnt, siehe oben.

Das Abstellen auf eine Antigen-Feststellung mit klinischen Kriterien (bestätigter Fall 2) läßt offen, ob die klinische Abklärung durch einen Arzt erfolgt ist, dem sie ausschließlich vorbehalten ist; maW: ob eine Person krank ist oder gesund, **muss** von einem Arzt getroffen werden (vgl. § 2 Abs. 2 Z 1 und 2 Ärztegesetz 1998, BGBl. I. Nr. 169/1998 idF BGBl. I Nr. 31/2021).

Zu den Antigentests ist überdies zu bemerken, dass diese bei fehlender Symptomatik hochfehlerhaft sind (<https://www.ages.at/...>). Dennoch stützt sich

die Corona-Kommission für die aktuellen Analysen ausschließlich auf Antigen-Tests (siehe Monitoring der Covid-19 Schutzmaßnahmen, Kurzbericht 21.1.2021).

Ein Antigen-Test bestätigt einen Fall (3) auch dann, wenn eine Kontaktnachverfolgung zu der zu bestätigenden Person erfolgreich war. Damit werden dann zwei aufeinandertreffende Antigen-positiv getestete Personen auf einmal zum bestätigten Fall auch ohne klinischer Manifestation und ohne PCR-Test unter Anwendung der WHO-Richtlinien.

Sollte die Corona-Kommission die Falldefinition des Gesundheitsministers zugrunde gelegt haben, und nicht jene der WHO; so ist jegliche Feststellung der Zahlen für „Kranke/Infizierte“ falsch.

Im Übrigen wird darauf hingewiesen, dass selbst beim Verwenden der Fallzahlen nach der Definition der WHO die jeweiligen Modelle des Seuchengeschehens und die Bezüglichkeit der Zahlen ausschlaggebend für eine richtige Beurteilung sind. Sowohl in den Bewertungskriterien als auch in der aktuellen Risikoeinschätzung der Corona-Kommission vom 21.1.2021 finden sich dazu nur Sekundärquellen. Es wird auf die AGES (Österreichische Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit GmbH) und auf die GÖG (Gesundheit Österreich GmbH) verwiesen. Mitteilungen von diesen werden offenbar ungeprüft zugrunde gelegt und die von diesen dafür verwandten wissenschaftlichen Quellen sowie statistisch prognostische Methoden nicht genannt. Besonders hervorzuheben war, dass stark steigende Fallzahlen nicht zuletzt auf stark steigende Tests zurückzuführen sind.

Insgesamt ist bezüglich der „Information“ des Gesundheitsdienstes der Stadt Wien und der darauf fußenden Begründung des Untersagungsbescheides festzuhalten, dass zum Seuchengeschehen keine validen und evidenzbasierten Aussagen und Feststellungen vorliegen.

Dies wird unterstrichen durch die „Limitationen“ der Corona-Kommission, lautend „Es kann kein Rückschluss auf die Wirksamkeit einzelner Maßnahmen gezogen werden, da davon auszugehen ist, dass diese in Wechselwirkung zueinander stehen und sich in ihrer Wirkung gegenseitig beeinflussen.“.

Zur rechtlichen Beurteilung einer nicht verwertbaren Information zur Seuchenlage sowie der Einschätzung des LVT ist ergänzend auszuführen:

Die bloße, abstrakte Befürchtung eines konsenswidrigen Betriebes kann – hier im Betriebsanlagenrecht – nicht zu einer prophylaktischen Versagung einer Bewilligung führen (vgl. VwGH vom 21.12.2004, 2002/04/0124; vom 30.06.2004, 2001/04/0204).

Umso mehr dies bei einem Grund- und Freiheitsrecht, dem der Freiheit zu Versammlungen, zu gelten. Wie der Verfassungsgerichtshof ständig judiziert hat (vgl. VfGH vom 30.06.2004, B491/03; vom 30.08.2008, B663/08, beginnend mit RGH vom 23.01.1905, 691/1904), reichen bloße allgemeine Befürchtungen nicht aus für eine Untersagung einer Versammlung.

Die Untersagung der Versammlung erfolgte zu Unrecht, weshalb spruchgemäß zu entscheiden war.

Die ordentliche Revision ist unzulässig, da keine Rechtsfrage im Sinne des Art. 133 Abs. 4 B-VG zu beurteilen war, der grundsätzliche Bedeutung zukommt. Weder weicht die gegenständliche Entscheidung von der bisherigen Rechtsprechung des Verwaltungsgerichtshofes ab, noch fehlt es an einer Rechtsprechung. Weiters ist die dazu vorliegende Rechtsprechung des Verwaltungsgerichtshofes auch nicht als uneinheitlich zu beurteilen. Ebenfalls liegen keine sonstigen Hinweise auf eine grundsätzliche Bedeutung der zu lösenden Rechtsfrage vor.

### **B e l e h r u n g**

Gegen dieses Erkenntnis besteht die Möglichkeit der Erhebung einer Beschwerde beim Verfassungsgerichtshof und/oder einer außerordentlichen Revision beim Verwaltungsgerichtshof.

Die Beschwerde bzw. außerordentliche Revision ist innerhalb von sechs Wochen ab dem Tag der Zustellung des Erkenntnisses durch einen bevollmächtigten Rechtsanwalt abzufassen und ist die Beschwerde beim Verfassungsgerichtshof

und/oder die außerordentliche Revision an den Verwaltungsgerichtshof beim Verwaltungsgericht Wien einzubringen.

Für die Beschwerde bzw. die außerordentliche Revision ist eine Eingabegebühr von je 240 Euro beim Finanzamt für Gebühren, Verkehrssteuern und Glückspiel zu entrichten. Ein diesbezüglicher Beleg ist der Eingabe anzuschließen.

Es besteht die Möglichkeit, Verfahrenshilfe für das Verfahren vor dem Verwaltungsgerichtshof (siehe § 61 VwGG) bzw. Verfassungsgerichtshof (siehe § 35 VfGG in Verbindung mit § 64 Absatz 1 ZPO) zu beantragen.

Dr. Frank

Richter

**Juristen Komitee**  
*juristen-komitee.ch*  
*comité-juristes.ch*  
*comitato-giuristi.ch*

## **EINSCHREIBEN**

Präsidentin Nationalrat  
Präsident Ständerat  
Bundeshaus  
3003 Bern

Schweiz, 24. Dezember 2021

## **Deklaration von Schweizer Juristen: 2G-Zertifikatspflicht ist verfassungswidrig**

Sehr geehrte Frau Präsidentin des Nationalrats  
Sehr geehrter Herr Präsident des Ständerats

Die abermalige Ausweitung und Verschärfung der Zertifikatspflicht stellt einen schweren und dauerhaften Eingriff in die Grundrechte der Bürgerinnen und Bürger dar. Gemäss den Beschlüssen des Bundesrates vom 17. Dezember 2021 werden nun sogar gesunde Menschen, welche ihren Covid-Status BAG-konform als «negativ» nachgewiesen haben, vom Zutritt zu weiten Teilen des öffentlichen (gesellschaftlichen, kulturellen, wirtschaftlichen etc.) und des privaten Lebens ausgeschlossen. Damit werden sämtliche ungeimpften Menschen in der Schweiz, welche nicht das «Glück» haben, als genesen zu gelten, in nie dagewesener Weise diskriminiert.

Für so einmalig schwerwiegende Eingriffe in das Leben so vieler Menschen in der Schweiz müssten die Voraussetzungen gemäss Art. 36 BV (und insbesondere auch der Nachweis des rechtserheblichen Sachverhalts) nach über 20 Monaten «Covid-Krise» an Klarheit und an Deutlichkeit nichts zu wünschen übrig lassen: Die Sterbe- und Hospitalisierungszahlen müssten über längere Zeit nie dagewesene Werte erreichen, um so einzigartige Grundrechtsbeschränkungen für einen erheblichen Teil der Bevölkerung zu rechtfertigen.

Doch vorliegend ist nicht eine einzige Voraussetzung für die Einführung eines so rigiden und hochgradig diskriminierenden Regimes gegenüber rund zwei Millionen in der Schweiz lebenden Menschen erfüllt:

## 1. Keine erhebliche effektive Bedrohung der öffentlichen Gesundheit

- 1 Die vom Bundesrat beschlossenen Massnahmen müssen durch ein öffentliches Interesse gerechtfertigt sein (Art. 36 Abs. 2 BV). Erklärtes Ziel des Bundesrats ist es, mit der Ausweitung des Covid-Zertifikats eine «Überlastung» der Spitäler zu verhindern und – mit Blick auf die neuste «Variante Omikron» – die «hohen Fallzahlen» herunterzubringen.

### 1.1. Keine Übersterblichkeit

- 2 Zunächst ist festzuhalten, dass die Sterbezahlen für 2021 keinen Anlass für extreme Eingriffsmassnahmen liefern. Die Demographie-bereinigten Sterbezahlen für die Schweiz liegen im laufenden Jahr 2021 bis heute deutlich unter dem Durchschnitt der vorangegangenen 10 Jahre. Dies gilt sogar für die Altersgruppe der über 70-Jährigen.<sup>1</sup> Eine schwere unmittelbare Gefährdung der öffentlichen Gesundheit sieht anders aus.

### 1.2. Keine Überlastung der Spitäler

- 3 Auch mit Blick auf die Spitalauslastung sind derart einschneidende Massnahmen wie eine 2G-Regel in keiner Weise zu rechtfertigen: Per 15. Dezember 2021 waren die Schweizer Spitalbetten insgesamt zu 83% ausgelastet, der Anteil der «COVID-Patienten» lag trotz «Epidemie» offiziell bei lediglich 7.2%.<sup>2</sup> Die Intensivstationen waren zu 80.4% ausgelastet, der Anteil der «COVID-Patienten» lag offiziell bei 34.5%.<sup>3</sup> Dabei ist festzuhalten, dass eine Freiquote von ca. 20% auf eigentlichen Normalbetrieb hindeutet.<sup>4</sup> Noch im Jahr 2015 wurde moniert, dass eine Auslastung von «nur» 80% ein Problem sei: Die Spitäler seien «zu gross» und damit unrentabel.<sup>5</sup>
- 4 Auffallend ist dabei, dass nicht nur aktuell keine Triage notwendig ist, sondern selbst im Höchststand von November 2020 – trotz auch damals prognostizierter Horrorszenarien<sup>6</sup> –

<sup>1</sup> Quelle: Anhang «Sterbefälle pro Altersgruppe 2021 im Vergleich zu 2010 bis 2020 (jeweils bis KW 48) in der Schweiz».

<sup>2</sup> BAG, Covid-19 Schweiz, Gesamte Spitalkapazität, <https://www.covid19.admin.ch/de/hosp-capacity/total>.

<sup>3</sup> BAG, Covid-19 Schweiz, Intensivstationen (IS), <https://www.covid19.admin.ch/de/hosp-capacity/icu>.

<sup>4</sup> ELMIGER, Direktor (CEO) der Privatklinik Bethanien, in: Nau.ch, 16.09.2021, «Keine Krise: Spital-CEO kritisiert <Angst-Berichterstattung>», <https://www.nau.ch/news/schweiz/keine-krise-spital-ceo-kritisiert-angst-berichterstattung-66003628>.

<sup>5</sup> FRIEDLI, NZZ, 05.04.2015, «Schweizer Spitäler nur zu 80 Prozent ausgelastet», <https://www.nzz.ch/nzzas/nzz-am-sonntag/eiskalte-betten-schweizer-spitaeler-nur-zu-80-prozent-ausgelastet-1.18516688>.

<sup>6</sup> ACKERMANN, Taskforce-Chef, «Kapazitäten in Spitälern werden nicht reichen», SRF 30. Oktober 2020, <https://www.srf.ch/news/schweiz/bund-und-kantone-informieren-taskforce-chef-kapazitaeten-in-spitaelern-werden-nicht-reichen>; RHYN, NZZ, 19. November 2020, «Fürchtet euch! Warum die ständigen Unkenrufe bezüglich Intensivbetten kontraproduktiv sind», <https://www.nzz.ch/schweiz/intensivbetten-staendige-warnungen-sind-kontraproduktiv>.

nie eine Triage in den Spitälern stattgefunden hatte und jederzeit Intensivbetten zur Verfügung standen.<sup>7</sup>

- 5 Ohnehin sind es keineswegs die Ungeimpften, welche im Übermass für eine Auslastung des Gesundheitssystems sorgen – trotzdem werden sie nun mit dem 2G-Regime abgestraft. Gemäss der Erfassung der «Covid-Todesfälle» nach Impfstatus wurden nämlich seit Ende der «Nationalen Impfwoche» (14. November 2021) und damit seit demjenigen Zeitpunkt, in welchem alle Menschen in der Schweiz allerspätestens ein Impfangebot erhalten hatten, bis zum 15. Dezember 2021 41.96% als «nicht geimpft», 39.57% als «vollständig geimpft», 0.92% als «teilweise geimpft» und ganze 17.56% als «unbekannt» ausgewiesen.<sup>8</sup> Ungeimpfte und (teilweise) geimpfte Menschen halten sich damit die Waage. Von einer «Epidemie der Ungeimpften» – so die «Task Force»<sup>9</sup> – kann damit keine Rede sein. Sehr auffällig ist auch der grosse Anteil des Status «unbekannt» in einem Land, welches ansonsten alle möglichen Daten mit Akribie statistisch erfasst. Diese mangelhafte Erfassung ist ein klares Versäumnis des Bundesrates und der ihm untergeordneten Verwaltungseinheiten wie BAG und «swissmedic».

### 1.3. Politisch gewollter Bettenabbau

- 6 Von 1982 bis 2019 wurden in der Schweiz Spital-Kapazitäten kontinuierlich – und zwar bei den Betten um ganze 63% – reduziert.<sup>10</sup> Die Kapazitäten für Intensivpflege wurden seit erstmaligem Auftreten von Covid-19 in der Schweiz (mit Ausnahme einer kurzen Ma-

---

*Id.1587836; vgl. ferner KNELLWOLF, Tagblatt, 06.05.2021, «Theorie trifft auf Realität: Taskforce-Chef Martin Ackermann verteidigt die Horror-Szenarien», <https://www.tagblatt.ch/schweiz/corona-taskforce-chef-martin-ackermann-verteidigt-die-hohen-fallzahlen-in-den-szenarien-Id.2133686>.*

<sup>7</sup> NZZ, 27.07.2021, «Die Spitäler sind das Nadelöhr der Pandemie. Waren sie je überlastet? Und wieso haben sie Plätze abgebaut?» («hat trotz den Engpässen kein Spital eine explizite Patienten-Triage eingeführt»), <https://www.nzz.ch/schweiz/spitaeler-in-der-coronakrise-waren-sie-je-ueberlastet-Id.1636298>; vgl. auch SRF, 06.11.2020, «Triage-Entscheid soll für die ganze Schweiz gelten» («noch genügend Plätze vorhanden»; «Derzeit ist laut Pargger knapp die Hälfte der rund 900 zertifizierten Intensivplätze mit Corona-Patienten belegt, effektiv seien aber rund 1200 Plätze einsatzbereit.»), <https://www.srf.ch/news/schweiz/coronavirus-in-der-schweiz-triage-entscheid-soll-fuer-die-ganze-schweiz-gelten>.

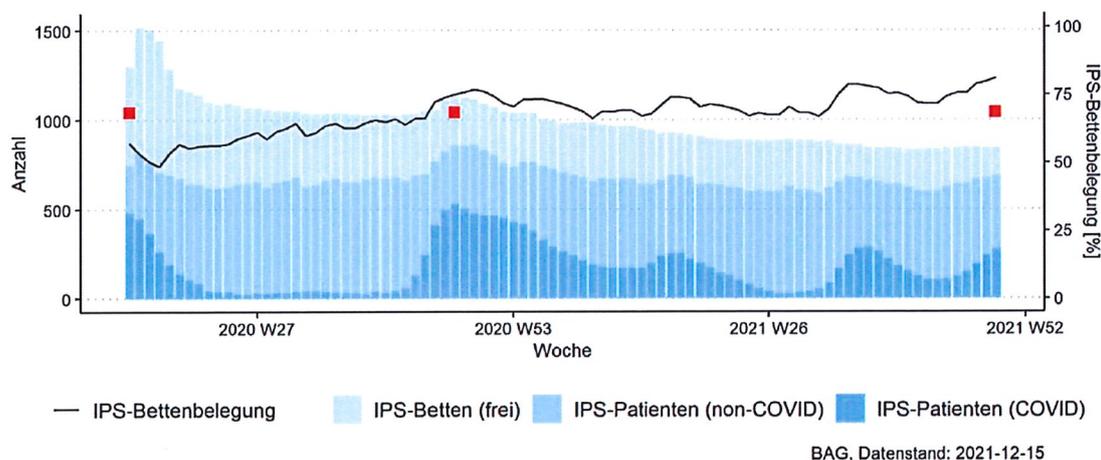
<sup>8</sup> BAG, Covid-19 Schweiz, Todesfälle nach Impfstatus, <https://www.covid19.admin.ch/de/vaccination/status>. Zeitraum 15.11.2021 bis 15.12.2021 in absoluten Zahlen: 227 «nicht geimpft», 214 «vollständig geimpft», 5 «teilweise geimpft» und 95 «unbekannt» (Stand: 19.12.2021).

<sup>9</sup> Swiss National Covid-19 Science Task Force, «Wissenschaftliches Update 24. August 2021», <https://sciencetaskforce.ch/wissenschaftliches-update-24-august-2021>.

<sup>10</sup> H+, Die Spitäler der Schweiz, «Spitäler, Betten und Bevölkerung – Anzahl Spitäler und Betten im Verhältnis zur Bevölkerung, ab 1947», <https://www.hplus.ch/de/zahlen-statistiken/hospital-und-klinik-monitor/gesamtbranche/strukturen/spitaeler/spitaeler-betten-und-bevoelkerung>.

ximierungsphase im März/April 2020) weiter kontinuierlich abgebaut, und zwar um rund 15–20% (siehe nachfolgende Grafik).<sup>11</sup>

**Abbildung 12.** Zeitlicher Verlauf der Auslastung der IPS-Betten, COVID-19- und nicht-COVID-19-Patientinnen und -Patienten für die Schweiz und Liechtenstein<sup>13</sup>.



	01.04.2020		18.11.2020		16.12.2021	
	Gemeldet		15-Tagesschnitt	Gemeldet	Gemeldet	
Covid-19	501		516,33	524	294	
Non-Covid-19	248		332,53	320	416	
Freie Betten	557		278,53	283	149	
<b>Total</b>	<b>1306</b>		<b>1127,4</b>	<b>1127</b>	<b>859</b>	

- 7 Auch diese Entwicklung passt schlecht zu dem vom Bundesrat vermittelten Bild einer epidemiologischen Bedrohung nie dagewesenen Ausmasses. Dieser Abbau der Betten steht denn auch im krassen Widerspruch zur verfassungsrechtlichen Aufgabe von Bund und Kantonen, gemeinsam im Rahmen ihrer Zuständigkeiten für «eine ausreichende, allen zugängliche medizinische Grundversorgung von hoher Qualität» zu sorgen (Art. 117a BV). Dabei ist es gerade der Bundesrat, welcher sich mit völlig unverständlicher Begründung (angeblich «fehlende Daten») einer parlamentarisch vorgeschlagenen Lösung zum Ausbau der Kapazitäten entgegenstellt<sup>12</sup> – nur um dann gleichzeitig wieder das Panik-Szenario einer Spitalüberlastung heraufzubeschwören. Wenn also jemand für einen (angeblichen) Kapazitätsengpass verantwortlich ist, so sind es Bund und Kantone – und nicht etwa die ungeimpften Menschen in diesem Land.

<sup>11</sup> Quellen: BAG, «Situationsbericht zur epidemiologischen Lage in der Schweiz und im Fürstentum Liechtenstein – Woche 49 (06.12. – 12.12.2021), S. 14, S. 23», [https://www.bag.admin.ch/dam/bag/de/dokumente/mt/k-und-i/aktuelle-ausbrueche-pandemien/2019-nCoV/covid-19-woechentlicher-lagebericht.pdf.download.pdf/BAG\\_COVID-19\\_Woechentliche\\_Lage.pdf](https://www.bag.admin.ch/dam/bag/de/dokumente/mt/k-und-i/aktuelle-ausbrueche-pandemien/2019-nCoV/covid-19-woechentlicher-lagebericht.pdf.download.pdf/BAG_COVID-19_Woechentliche_Lage.pdf), <https://www.covid19.admin.ch/de/hosp-capacity/icu>.

<sup>12</sup> MEISTER, 20minuten, 13.12.2021, «Bundesrat will Spitälern nicht helfen – wegen fehlender Daten», <https://www.20min.ch/story/bundesrat-will-spitaelern-nicht-helfen-wegen-fehlender-daten-473960531628>.

#### 1.4. Irrelevantes Kriterium der «hohen Fallzahlen»

- 8 Weiter beruft sich der Bundesrat auf die «hohen Fallzahlen». Diese Messgrösse ist für sich allein betrachtet selbst gemäss WHO bekanntlich völlig wertlos.<sup>13</sup> Auch das Bundesgericht hielt fest, «dass ein positiver PCR-Test keine Krankheitsdiagnose und für sich allein wenig aussagekräftig ist».<sup>14</sup> PCR-Testergebnisse lassen für sich alleine keine belastbaren Rückschlüsse auf eine tatsächliche Bedrohung der öffentlichen Gesundheit zu: Resultate können selbst dann positiv ausfallen, wenn gar keine symptomatische Erkrankung vorliegt.<sup>15</sup> Dabei wurde die angebliche Relevanz der asymptomatischen Übertragung längst widerlegt.<sup>16</sup> Die beklagten hohen Fallzahlen stammen demnach keineswegs ausschliesslich von kranken oder ansteckungsverdächtigen Personen. Vielmehr werden diese durch ein exzessives Testen von symptomlosen, gesunden Personen zielgerichtet fabriziert. Dies zeigt sich auch deutlich am Umstand, dass sich die «laborbestätigten Fälle»

---

<sup>13</sup> WHO, 14.12.2020, «Information Notice for IVD Users – Nucleic acid testing (NAT) technologies that use real-time polymerase chain reaction (RT-PCR) for detection of SARS-CoV-2», vgl. dazu «WHO Information Notice for Users 2020/05 Nucleic acid testing (NAT) technologies that use polymerase chain reaction (PCR) for detection of SARS-CoV-2», <https://www.who.int/news/item/20-01-2021-who-information-notice-for-ivd-users-2020-05>.

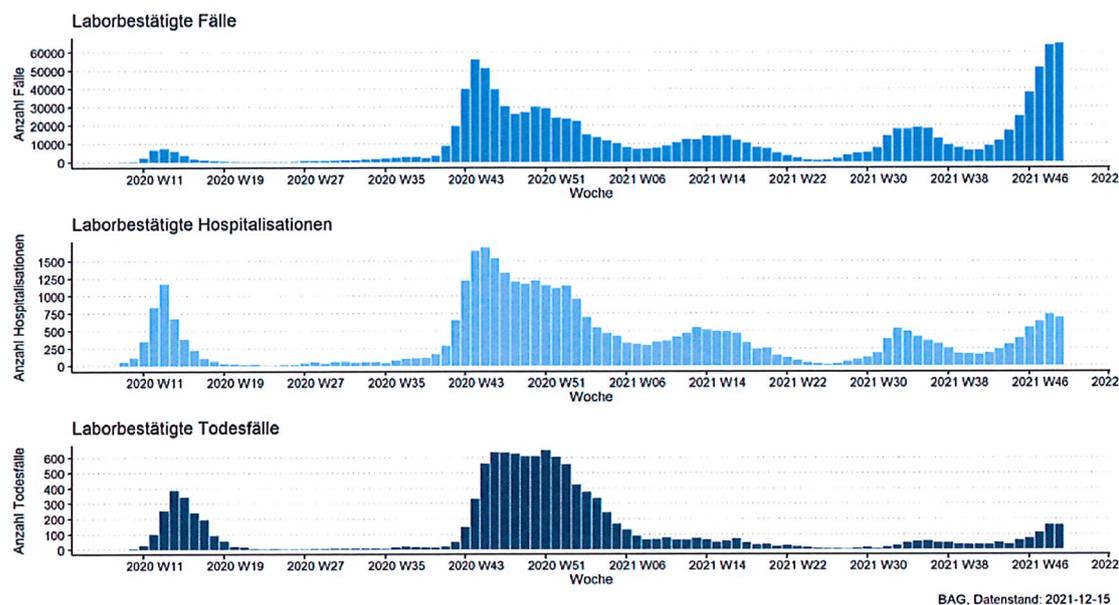
<sup>14</sup> Urteil 2C\_228/2021 des BGer vom 23. November 2021, E. 5.2.

<sup>15</sup> BORGER / MALHOTRA / YEADON et al., «Review report Corman-Drosten et al. Eurosurveillance 2020 – External peer review of the RTPCR test to detect SARS-CoV-2 reveals 10 major scientific flaws at the molecular and methodological level: consequences for false positive results», 27.11.2020, <https://cormandrostenreview.com/report/>; BULLARD / DUST / FUNK et al., «Predicting infectious SARS-CoV-2 from diagnostic samples», 22.05.2020, <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7314198/>; BYINGTON, «A positive PCR Test may not mean positively sick», [https://healthcare.utah.edu/the-scope/shows.php?shows=0\\_8pwxdv0o](https://healthcare.utah.edu/the-scope/shows.php?shows=0_8pwxdv0o); JAAFAR / AHERFI et al., «Predicting infectious SARS-CoV-2 from diagnostic samples (Correlation between 3790 qPCR positives samples and positive cell cultures including 1941 SARS-CoV-2 isolates)», 28.09.2020, <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7543373/>; MIN-CHUL / CHUNGUANG / KYEONG-RYEOL / JOON-YONG et al., «Duration of Culturable SARS-CoV-2 in Hospitalized Patients with Covid-19», 18.02.2021, <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33503337/>; VERNAZZA, «Infektiosität und PCR-Positivität – Nicht das Gleiche», 28.01.2021, <https://infekt.ch/2021/01/infektiositaet-und-pcr-positivitaet-nicht-das-gleiche/>; FISCHER / SCHWAGER, «PCR-Massentests: Positive Befunde sind wenig aussagekräftig», KTipp 05/2021, 10.03.2021, <https://www.ktipp.ch/artikel/artikeldetail/pcr-massentests-positive-befunde-sind-wenig-aussagekraeftig/>.

<sup>16</sup> CAO/GAN et al., «Post-lockdown SARS-CoV-2 nucleic acid screening in nearly ten million residents of Wuhan, China», <https://www.nature.com/articles/s41467-020-19802-w>; siehe dazu Ärzteblatt, 01.12.2020, «Neue Wuhan-Studie: Asymptomatische übertragen Corona nicht» <https://www.aerzteblatt.de/studieren/forum/138997>; vgl. auch WHO, «Transmission of SARS-CoV-2: implications for infection prevention precautions», 09.07.2020, <https://www.who.int/news-room/commentaries/detail/transmission-of-sars-cov-2-implications-for-infection-prevention-precautions>: «Four individual studies from Brunei, Guangzhou China, Taiwan China and the Republic of Korea found that between 0% and 2.2% of people with asymptomatic infection infected anyone else, compared to 0.8%–15.4% of people with symptoms.(10, 72, 86, 87)».

von den «laborbestätigten Todesfällen» längst entkoppelt haben (siehe nachfolgende Grafik).<sup>17</sup>

**Abbildung 1a.** Entwicklung der laborbestätigten Fälle, sowie Hospitalisationen und Todesfälle im Zusammenhang mit einer laborbestätigten SARS-CoV-2-Infektion seit Einführung der Meldepflicht für COVID-19 in der Schweiz und in Liechtenstein.



- 9 Haben sich aber die Todesfälle von den «Fallzahlen» entkoppelt, so sind die mit der «Gefährlichkeit» von SARS-CoV-2 begründeten Massnahmen in keiner Weise mehr tragbar (Art. 40 Abs. 3 EpG; Art. 30 und Art. 31 Abs. 4 EpG).

## 2. Keine gesetzliche Grundlage

- 10 Eine gesetzliche Grundlage lässt sich – wie bereits für die 3G-Zertifikatspflicht – weder im Covid-19-Gesetz noch im Epidemiengesetz finden. Entsprechendes hielten mehrere namhafte Rechtsexperten wie die Professoren KLEY,<sup>18</sup> NIGGLI,<sup>19</sup> und SCHEFER,<sup>20</sup> ehemali-

<sup>17</sup> BAG, «Situationsbericht zur epidemiologischen Lage in der Schweiz und im Fürstentum Liechtenstein – Woche 49 (06.12. – 12.12.2021), S. 2.

<sup>18</sup> KLEY, NZZ (Gastkommentar), 20.10.2021, «Der Bundesrat kann, kann, kann... Die Änderung des Covid-19-Gesetzes ist ein weiterhin verfassungswidriges Vorhaben», <https://www.nzz.ch/meinung/aenderung-des-covid-19-gesetzes-ein-weiterhin-verfassungswidriges-vorhaben-ld.1650569>.

<sup>19</sup> NIGGLI, «Corona-Massnahmen und Verfassung», in: *Anwaltsrevue|Revue de l'avocat* 10/2021 | S. 426–430.

<sup>20</sup> DAVID, plädoyer 5/2021, «Gesetzliche Grundlage fehlt – Covid-Zertifikat; Eine rechtliche Analyse von anonymen Autoren kritisiert die neue Verordnung des Bundesrats zum Zertifikat. Staats- und Verwaltungsrechtler kommen zum Schluss: Die Kritik ist berechtigt», <https://www.plaedoyer.ch/artikel/artikeldetail/gesetzliche-grundlage-fehlt/>, Prof. SCHEFER: ««Art. 6 des Epidemiengesetzes [verfügt] nicht über die erforderliche Normdichte [...]». Das heisst, er reicht als Basis für eine solche Zertifikatspflicht nicht aus.»

ge Bundesrichter wie Prof. SPÜHLER<sup>21</sup> sowie weitere Juristen<sup>22</sup> bereits bei Einführung der 3G-Regel fest – *a fortiori* gilt dies nun für die noch übergriffigere 2G-Regel.<sup>23</sup>

- 11 Als letzter Ausweg verbliebe dem Bundesrat ein Rückgriff auf die sogenannte Polizeigeneralklausel (Art. 185 Abs. 3 BV). Nach dieser könnte er Verordnungen und Verfügungen erlassen, um eingetretenen oder unmittelbar drohenden schweren Störungen der öffentlichen Ordnung oder der inneren oder äusseren Sicherheit zu begegnen. Doch ist dieser Zug längst abgefahren: Die – angebliche – Gefährdungslage darf nicht schon seit längerer Zeit voraussehbar oder erkennbar gewesen sein.<sup>24</sup> Die vom Bundesrat angeführten Gründe zur Ausweitung der Zertifikatspflicht (vorab die angeblich drohende Spitalüberlastung) sind bereits seit Beginn der Corona-Krise im März 2020 offenkundig und hinlänglich bekannt. Auch hätte im ordentlichen Gesetzgebungsverfahren seither mehrfach die Möglichkeit bestanden, eine 2G-Zertifikatspflicht einzuführen (oder endlich Abhilfe im Bereich der Probleme im Spitalwesen zu schaffen). Dass hierauf verzichtet wurde, eröffnet dem Bundesrat keineswegs die Möglichkeit der Gesetzesumgehung über den Weg der Polizeigeneralklausel.
- 12 Der ausgeweiteten Zertifikatspflicht und den damit verbundenen Sanktionen mangelt es damit bereits an einer gesetzlichen Grundlage.

### 3. Kein nachgewiesener Nutzen der Massnahmen

- 13 Doch müssten die vom Bundesrat verordneten Massnahmen auch geeignet und erforderlich sein, um das verfolgte Ziel – Verhinderung einer Überlastung der Spitäler oder generelle Eindämmung des Infektionsgeschehens – zu verhindern. Eine Massnahme ist insbe-

<sup>21</sup> SPÜHLER, Schweizerzeit, 22.10.2021, «Covid-Gesetz: Verfassungswidrig», <https://schweizerzeit.ch>.

<sup>22</sup> GERBER, NZZ (Gastkommentar), 30.09.2021, «Problematischer indirekter Impfwang durch das Covid-Zertifikat», <https://www.nzz.ch/meinung/impfdruck-durch-das-covid-zertifikat-ld.1647485>; vgl. auch GERBER, in: Jusletter Coronavirus-Blog, «Ausweitung der Covid-19-Zertifikatspflicht – Impfpflicht, Impfbefehl, Impfbefehl oder schon Impfwang?», <https://author.weblaw.ch/magnoliaAuthor/jusletter/blog/gerber15092021.html>; WIR FÜR EUCH, 24.09.2021, «Covid-Zertifikatspflicht in der Schweiz – eine rechtliche Analyse», <https://wirfuereuch.ch/informationen/rechtliche-analyse>.

<sup>23</sup> Vgl. dazu schon das EJP, «Rechtsrahmen für Differenzierungen aufgrund des Impfstatus – Gutachten des Bundesamts für Justiz vom 18. Februar 2021», <https://www.bj.admin.ch/bj/de/home/publiservice/publikationen/berichte-gutachten/2021-02-18.html>, welches festhielt, dass für eine Differenzierung nach Impfstatus bei schwerwiegenden Grundrechtseingriffen u.a. eine «formal-gesetzliche Rechtsgrundlage» und ein «objektiver Differenzierungsgrund», namentlich «wenn bei Geimpften ein sehr geringes Risiko besteht, dass sie sich anstecken und Covid-19 übertragen können», vorliegen müssten (S. 4 ff. und S. 20).

<sup>24</sup> Gsell v. Schweiz, EGMR-U vom 8. Oktober 2009, no. 12 675/05, §§ 54 ff.; dazu HÄFFELIN/HALLER/KELLER/THURNHERR, Schweizerisches Bundesstaatsrecht, 10. Aufl., Zürich 2020, § 7 N 312a.

sondere dann unverhältnismässig, wenn das Ziel mit einem weniger schweren Grundrechtseingriff erreicht werden kann.<sup>25</sup>

- 14 Die verordneten Eingriffe in die Grund- und Freiheitsrechte der Ungeimpften sind von vornherein ungeeignet, da Geimpfte das Virus so gut wie Ungeimpfte übertragen<sup>26</sup> und im Falle eines «Impfdurchbruchs» so schwer wie Ungeimpfte erkranken können. Internationale Daten zeigen gar, dass Geimpfte ein erhöhtes Risiko für eine Erkrankung, Hospitalisation und Tod infolge COVID aufweisen: So werden laut aktuellen Zahlen aus England 6 von 10 «COVID-Fällen», 6 von 10 «COVID-Hospitalisationen» und 8 von 10 «COVID-Todesfällen» von vollständig «geimpften» Personen generiert.<sup>27</sup>
- 15 Insgesamt betrachtet geht von SARS-CoV-2 kein grösseres Risiko als dasjenige einer saisonalen Grippe aus: In einer Studie vom Oktober 2020 wurde eine globale Letalität von gerade einmal 0.15%–0.20% errechnet; für Personen unter 70 Jahren gar nur von 0.03–0.04%.<sup>28</sup> In einer neueren Studie wird noch von einer Gesamtleitität von 0.15% ausgegangen.<sup>29</sup> Bei Kindern und Jugendlichen wird weltweit von einer Letalität von SARS-CoV-2 von nur 0.0027% ausgegangen,<sup>30</sup> womit das «Risiko» für diese gegen Null tendiert. In der Schweiz wurden in den Altersklassen 0–9 und 10–19 im Zeitraum 24.02.2020 bis 05.12.2021 denn auch gerade einmal drei Todesfälle (bei insgesamt über 11'000 Todesfällen) im Zusammenhang mit einem positiven PCR-Test registriert; der letzte um den 28.03.2021.<sup>31</sup> Informationen, ob eine Atemwegsinfektion mit SARS-CoV-2 wirklich ursächlich war für den Tod der jungen Patienten, sind nicht verfügbar. Gleichzeitig liegt gemäss WHO die Letalität bei der saisonalen Grippe (Influenza, «flu») normalerweise unter 0.1%.<sup>32</sup> In den USA wurde die Todesrate anlässlich der (letzten mittelschweren) Grippe-

<sup>25</sup> BGE 137 IV 249 E. 4.5 S. 256; BGE 136 I 87 E. 3.2 S. 92; BGE 136 I 29 E. 4.2 S. 36.

<sup>26</sup> ACHARYA et al., «No Significant Difference in Viral Load Between Vaccinated and Unvaccinated, Asymptomatic and Symptomatic Groups Infected with SARS-CoV-2 Delta Variant», <https://www.medrxiv.org/content/10.1101/2021.09.28.21264262v1.full>.

<sup>27</sup> The Exposé, «Fully Vaccinated accounted for 4 in every 5 Covid-19 Deaths in England during November despite Booster Jab Campaign», <https://dailyexpose.uk/2021/12/04/4-in-5-covid-deaths-fully-vaccinated-November/>.

<sup>28</sup> IOANNIDIS, «Global perspective of COVID-19 epidemiology for a full-cycle pandemic», 4./6. Oktober 2020, <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/epdf/10.1111/eci.13423>.

<sup>29</sup> IOANNIDIS, «Reconciling estimates of global spread and infection fatality rates of COVID-19: An overview of systematic evaluations», 26.03.2021, <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/eci.13554>.

<sup>30</sup> AXFORS/IOANNIDIS, «Infection fatality rate of COVID-19 in community-dwelling populations with emphasis on the elderly: An overview», Preprint vom 13.07.2021, <https://www.medrxiv.org/content/10.1101/2021.07.08.21260210v1.full.pdf>.

<sup>31</sup> BAG, Covid-19 Schweiz, Laborbestätigte Todesfälle, <https://www.covid19.admin.ch/de/epidemiologic/death>.

<sup>32</sup> WHO, Coronavirus disease (COVID-19): Similarities and differences with influenza, 17.03.2020, <https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019/question-and-answers-hub/q-a-detail/coronavirus-disease-covid-19-similarities-and-differences-with-influenza>.

welle von 2017–2018 seitens CDC auf 0.1355% geschätzt.<sup>33</sup> Die Bevölkerung ist damit von SARS-CoV-2 kaum mehr bedroht als durch eine (mittelschwere) saisonale Grippe. Entsprechend sind die Massnahmen gegenüber dem breiten Teil der Bevölkerung schlichtweg nicht erforderlich.

- 16 Die tatsächlich vulnerable Personengruppe, welche von SARS-CoV-2 betroffen ist – vorab Personen über 70 Jahren mit einschlägigen Vorerkrankungen –,<sup>34</sup> kann mit mildereren Massnahmen gezielt geschützt werden («*Focused Protection*»<sup>35</sup>). Unverständlich ist auch, warum zur Behandlung von SARS-CoV-2 nicht endlich (medikamentöse) Frühbehandlungsprotokolle geprüft und propagiert werden<sup>36</sup> – statt erkrankte Menschen einfach unbehandelt in Isolation zu stecken, sich selbst zu überlassen und dadurch mögliche schwere Verläufe zu begünstigen.

#### 4. Schädlichkeit der Massnahmen

- 17 Die Massnahmen des Bundesrates sind aber nicht nur völlig ungeeignet und nicht erforderlich – sie laufen den verfolgten Zielen sogar entgegen: Von den 11'172 Personen, die bis 1.12.2021 im Zusammenhang mit einer «laborbestätigten SARS-CoV-2-Infektion» verstorben sind, waren 7819 (70%) über 80 Jahre und 2249 (20.1%) 70–79 Jahre alt. 45 % starben in einem Alters- und Pflegeheim, 45 % in einem Spital, 2 % anderswo und bei 8 % der Verstorbenen wurde kein Sterbeort genannt.<sup>37</sup>

<sup>33</sup> CDC, «Past Seasons Estimated Influenza Disease Burden» (geschätzte 61'000 Todesfälle bei geschätzt 45 Mio. Erkrankten), <https://www.cdc.gov/flu/about/burden/past-seasons.html>.

<sup>34</sup> Letalität über 70-jähriger Menschen bei 2.4%–5.5% gemäss AXFORS/IOANNIDIS, «Infection fatality rate of COVID-19 in community-dwelling populations with emphasis on the elderly: An overview», Preprint vom 13.07.2021, <https://www.medrxiv.org/content/10.1101/2021.07.08.21260210v1.full.pdf>.

<sup>35</sup> Dazu etwa BHATTACHARYA / KULLDORFF (Great Barrington Declaration), «Focused Protection: The Middle Ground between Lockdowns and «Let it Rip»», 25.11.2020, <https://gbdeclaration.org/focused-protection/>. Auf Deutsch wiedergegeben bei WIR FÜR EUCH, 24.09.2021, «Covid-Zertifikatspflicht in der Schweiz – eine rechtliche Analyse», <https://wirfuereuch.ch/informationen/rechtliche-analyse>, N 77 ff.

<sup>36</sup> Siehe dazu etwa Front Line COVID-19 Critical Care Alliance, 16.01.2021, «Review of the Emerging Evidence Demonstrating the Efficacy of Ivermectin in the Prophylaxis and Treatment of COVID-19», <https://covid19criticalcare.com/wp-content/uploads/2020/11/FLCCC-Ivermectin-in-the-prophylaxis-and-treatment-of-COVID-19.pdf>; Front Line COVID-19 Critical Care Alliance, Prevention and Treatment Protocols for COVID-19, zu finden unter <https://covid19criticalcare.com/covid-19-protocols/>; WHO, 31.03.2021, «WHO advises that ivermectin only be used to treat COVID-19 within clinical trials», <https://www.who.int/news-room/feature-stories/detail/who-advises-that-ivermectin-only-be-used-to-treat-covid-19-within-clinical-trials>.

<sup>37</sup> Siehe etwa BAG, «Situationsbericht zur epidemiologischen Lage in der Schweiz und im Fürstentum Liechtenstein – Woche 49 (06.12. – 12.12.2021)», S. 15, S. 23, [https://www.bag.admin.ch/dam/bag/de/dokumente/mt/k-und-i/aktuelle-ausbrueche-pandemien/2019-nCoV/covid-19-woechentlicher-lagebericht.pdf.download.pdf/BAG\\_COVID-19\\_Woechentliche\\_Lage.pdf](https://www.bag.admin.ch/dam/bag/de/dokumente/mt/k-und-i/aktuelle-ausbrueche-pandemien/2019-nCoV/covid-19-woechentlicher-lagebericht.pdf.download.pdf/BAG_COVID-19_Woechentliche_Lage.pdf).

- 18 Für die aktuellen «COVID-Todesfälle» in den Alters- und Pflegeheimen können Ungeimpfte gerade nicht verantwortlich gemacht werden, da dort ab September 2021 schweizweit nach und nach eine Zertifikatspflicht für Besucher und Pflegepersonal eingeführt wurde. Ungeimpften Besuchern und Pflegenden war somit der Kontakt zu Bewohnern dieser Institutionen nur nach Vorlegen eines negativen Testergebnisses möglich, während «Geimpfte» auch weiterhin ohne Vorlegen eines negativen Testergebnisses Kontakt haben durften – und dies, obwohl sie SARS-CoV-2 genauso wie Ungeimpfte übertragen.<sup>38</sup> Von geimpften Besuchern und Pflegepersonal in Alters- und Pflegeheimen geht derzeit damit ein deutlich höheres Übertragungsrisiko aus – ja sie sind wohl sogar vornehmlich alleinig für eine Ansteckung verantwortlich zu machen.<sup>39</sup> Gleiches gilt infolge der eingeführten 3G-Regelung für Besucher und Pflegepersonal an Spitälern auch für eine potentielle Ansteckung im Spital, falls ein Patient sich erst dort mit SARS-CoV-2 infiziert haben sollte.<sup>40</sup>
- 19 Statt also endlich zielführende Massnahmen wie «*Focused Protection*»<sup>41</sup> einzuführen, sorgt der Bundesrat mit dem 2G-Regime gerade dafür, dass das einzige Instrument, welches allenfalls ansatzweise zum Schutz der vulnerablen Personen geeignet wäre – nämlich das regelmässige Testen – zurückgedrängt wird. Der Bundesrat löst damit kein einziges Problem – er verschärft die bestehenden Probleme gar noch.

---

<sup>38</sup> Vorn N 14.

<sup>39</sup> Kanton Zürich, «Informationen für Alters- und Pflegeheime», <https://www.zh.ch/de/gesundheit/coronavirus/informationen-fuer-alters-und-pflegeheime.html>.

<sup>40</sup> Toponline, 07.09.2021, «Kantonsspital Winterthur führt ab Freitag Zertifikatspflicht ein», <https://www.toponline.ch/news/winterthur/detail/news/fuer-besucher-am-kantonsspital-winterthur-gilt-zertifikatspflicht-1-00165100/>; PilatusTODAY, 27.08.2021, «Luzerner Kantonsspital führt Zertifikatspflicht bei Mitarbeitenden ein», <https://www.pilatustoday.ch/zentralschweiz/luzern/luzerner-kantonsspital-fuehrt-zertifikatspflicht-bei-mitarbeitenden-ein-143534168>; Kanton Zürich, «Informationen für Akteure im Gesundheitswesen», <https://www.zh.ch/de/gesundheit/coronavirus/informationen-fuer-akteure-im-gesundheitswesen.html>.

<sup>41</sup> Dazu vorn, N 16, FN 35.

## 5. Fazit

- 20 Dass nun gesunde Menschen ohne Testmöglichkeit von weiten Teilen des öffentlichen Lebens ausgeschlossen werden, lässt sich damit weder epidemiologisch noch rechtlich in irgendeiner Weise begründen. Ziel des Gesamtbundesrats scheint es einzig zu sein, den «widerwilligen» ungeimpften Teil der Schweizer Bevölkerung mit immer totalitärer anmutenden Zwängen zur Impfung zu nötigen. Mit einem Bündel an sinnlosen und gefährlichen Massnahmen – insbesondere mit der nun verordneten 2G-Zertifikatspflicht – verletzt der Bundesrat die Schweizerische Bundesverfassung gleich mehrfach. Er verletzt Grund- und Freiheitsrechte wie das Recht auf körperliche Integrität und auf Bewegungsfreiheit (Art. 10 Abs. 2 BV), das Recht von Kindern und Jugendlichen auf besonderen Schutz ihrer Unversehrtheit (Art. 11 Abs. 1 BV), die Vereinigungsfreiheit (Art. 23 BV), die Eigentumsgarantie (Art. 26 Abs. 2 BV; materielle Enteignung) und die Wirtschaftsfreiheit (Art. 27 BV). Überdies verletzt er das Rechtsgleichheitsgebot (Art. 8 Abs. 1 BV), das Diskriminierungsverbot (Art. 8 Abs. 2 BV) und das Willkürverbot (Art. 9 BV).
- 

Wir ersuchen Sie, sehr geehrte Frau Präsidentin, sehr geehrter Herr Präsident, kraft der verfassungsrechtlichen Kompetenzen, welche der vereinigten Bundesversammlung durch Art. 169 BV (Oberaufsicht) und Art. 170 BV (Überprüfung der Wirksamkeit) übertragen sind, den Bundesrat aufzufordern,

- sich festzulegen, wie er die verfassungsmässige Grundordnung wieder herstellen wird und
- der Bundesversammlung nachzuweisen, welchen epidemiologischen, volks-, privatwirtschaftlichen und gesellschaftlichen Gesamtnutzen seine Massnahmen vom 8. September 2021 (Ausweitung 3G-Zertifikatspflicht) und vom 17. Dezember 2021 (2G-Zertifikatspflicht) für Bund und Kantone bisher gebracht haben.

Wir verbleiben mit vorzüglicher Hochachtung.

## Unterzeichner(innen)

Prof. Dr. Karl Spühler, ZH

Dr. Frank David Braun, Rechtsanwalt, BS

Dr. Gerald Brei, Rechtsanwalt, ZH

Dr. Nicole Burger, Staatsanwältin, AG

Dr. Alexandra Farine Fabbro, Avocate, FR

Dr. Danica Gianola, Avocate, TI

Dr. Nikodemus von Gleichenstein, RA, SG

Dr. Philipp Haberbeck, Rechtsanwalt, ZH

Dr. Walter M. Haefelin, Rechtsanwalt, ZH

Dr. Ruth Huber, Rechtsanwältin, ZH

Dr. Daniela Kohler, Juristin, SZ

Dr. Andreas Limburg, Rechtsanwalt, ZH

Dr. Marco S. Marty, Rechtsanwalt, ZH

Dr. Silja V. Meyer, Rechtsanwältin, ZH

Dr. Andreas Noll, Advokat, BS

Dr. Sabina Nüesch, Rechtsanwältin, ZH

Dr. Thomas Rebsamen, Notar, LU

Dr. Sarah Stettler, Juristin, BL

Dr. Markus Zollinger, Rechtsanwalt, ZH

Marco A. Gröner, Jurist, SZ

Jean-Luc Addor, Avocat, VS

Thierry Ador, Attorney, GE

Gabi Alkalay, ehem. Staatsanwältin, ZH

Katja Ammann, Rechtsanwältin, ZH

Franz Aschwanden, Rechtsanwalt, TI

Sabine Bachmann, Juristin, BL

Darinka Balzarini, Juristin, ZH

Birgit Baumgartner, Juristin, ZG

Lukas Baumgartner, Jurist, BS

Roberto Bedrikow, Juriste, GE

Roberto Bedrikow, Jurist, GE

Thomas Bickel, Rechtsanwalt, ZH

Monica Bieler, Rechtsanwältin, ZH

Laetitia Block, Juristin, BS

Fabian Bögli, Jurist, BE

Dinah Born, Rechtsanwältin, BE

Franz Peter Boutellier, Rechtsanwalt, AG

Sibylle Brodbeck, Juristin, AG

Flavia Buchli, Rechtsanwältin, GR

Martine Burgy Ökonomin/Juristin, BL

Roger Büsser, Steuerexperte, SG

Michelle Cailler, Juriste, VS

Cristina Clemente, Avvocato/Notaio, TI

Christian Cotting, Dozent, FR

Aurélie Dey, Juriste, VD

Lucien Droz, Fürsprecher, BE

Nico Dürr, Jurist, BL	Andreas Jenzer, ehem. Staatsanwalt, BE
Carole Fallegger, Juristin/Psychologin, OW	Ronald Kessler, Rechtsanwalt, ZH
Olivia Fest, Juristin, ZH	Nicole Kistler, Rechtsanwältin, ZG
Cristina Frank, Rechtsanwältin, ZH	Patrik Kneubühl, Fürsprecher, BE
Andreas Gafner, Rechtsanwalt, BE	Nicolas Koehler, Jurist, BS
Carina Gendre Rohrbach, Avocate, FR	Tom Köhli, Jurist, GR
Bernhard Gerber, Rechtsanwalt/Notar, BE	Michelle Köpfli, Gerichtsschreiberin, BE
Valerie Girsberger, Juristin, SO	Barbara Kopieczek, Juristin, TG
Emanuel Glaser, Jurist, AG	Philipp Kruse, Fürsprecher, ZH
Dinah Gössi, Oberrichterin, AG	Giovanna Lanza, Rechtsanwältin, BL
Andrea Hager, Gerichtsschreiberin, ZG	Hermann Lei, Rechtsanwalt, TG
Katharina Hänggi, Juristin, BL	Daniel Liechti, Jurist, SO
Sandra Hartmann, Juristin, VD	Tanja Lüdke, Juristin, ZG
Nina Hauck, Juristin, BS	Jean-Frédéric Malcotti, Avocat, NE
Therese Hintermann, Rechtsanwältin, AG	Maria Rita Marty, Juristin, Kantonsrätin, ZH
Andreas Holenstein, Rechtsanwalt, AG	Felix Meier, Rechtskonsulent, BS
Stefan Hongler, Rechtsanwalt, SG	Daniel L. Meyer, Juriste, FR
Andrea Huber, Juristin, ZH	Barbara Milanifard, Juriste, SO
Jeannine Huber, Juristin, ZH	Marco Minuz, Volkswirt und Jurist, SZ
Said Huber, Gerichtsschreiber, FR	Edith Mösch, Juristin, AG
Miriam Huwiler, Juristin, LU	Stefan Müller, Jurist, ZH
Jacqueline Jaeger, Juristin, BS	Nina Munoz, Juristin, BE
Carin Jahn, Juristin, BE	Peter Naef, Rechtsanwalt/Notar, SO

Stefan D. Naegeli, Rechtsanwalt, ZH

Stéphanie Nanchen, Avocate, VS

Tatjana Nicolosi, Juristin, SO

Christine Niederhäuser, Rechtsanwält., BE

Stephan K. Nyffenegger, Rechtsanwalt, ZH

Loïc Paratte, Juriste, JU

Jean Perrenoud, Juriste, NE

Christian Peyer, Rechtsanwalt, AG

Tanja Pfammatter, Juristin, SZ

Steve Pillonel, Avocat, FR

Rolf Rätz, Fürsprecher, BE

Daniel Regenass, Staatsanwalt, ZH

Oswald Rohner, Rechtsanwalt, SZ

Johanna Sanz, Avocat, FR

Christine Schaad Hügli, Juristin, BE

Anita Schacher, Juristin, LU

Patrick Schaerz, Rechtsanwalt, ZH

Angelika Scheiwiler, Juristin, BL

Guido Schmitz, Attorney at Law, ZG

Rahel Scholl, Rechtsanwältin, ZH

Daniela Schwegler, Juristin/Autorin, ZH

Jonathan Schwenter, Jurist, BL

Pierre Seidler, Avocat, JU

Irina Stanelli, Rechtsanwältin, SZ

Natalie Stauber, Rechtsanwältin, ZH

Andrea Staubli, Rechtsanwältin, AG

Nadja Stirnimann, Juristin, SG

Ralph Studer, Rechtsanwalt, SG

Rosa Svay, Juristin, ZH

Artur Terekhov, Jurist, ZH

Erich Ulmi, Rechtsanwalt, LU

Ursula Uttinger, L&C / Dozentin, ZH

Patrick Villoz, Rechtsanwalt, AG

Fabian Voirol, Gerichtsschreiber, LU

Jürg Vollenweider, ehem. Staatsanwalt, ZH

Audrey Voutat, Avocate, JU

Andreas Wagner, Rechtsanwalt, AG

Florian Weishaupt, Jurist, AR

Youri Widmer, Avocat, VD

Alexandre A. Zindel, Juriste, VD

Nicole Zumstein Bonvin, Juristin, ZH

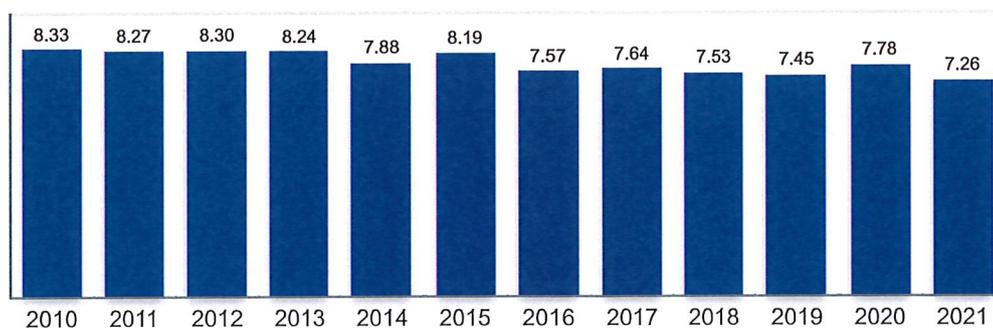
**Sterbefälle pro Altersgruppe 2021 im Vergleich zu 2010 bis 2020 (jeweils bis KW 48) in der Schweiz**

verstorben	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	Rang ↓
0-9 Jahre	342	350	341	352	353	376	332	341	329	320	359	296	12
10-19 Jahre	136	116	112	123	113	117	98	101	126	90	115	106	9
20-29 Jahre	305	336	306	300	287	308	308	293	293	292	304	276	12
30-39 Jahre	512	510	481	476	480	473	463	497	460	432	470	432	11
40-49 Jahre	1'485	1'485	1'374	1'385	1'227	1'236	1'136	1'117	1'133	1'026	1'027	935	12
50-59 Jahre	3'181	3'017	3'208	3'229	3'200	3'227	3'118	3'235	3'125	3'007	3'029	3'022	10
60-69 Jahre	6'438	6'428	6'492	6'352	6'250	6'448	6'146	6'002	6'125	6'003	6'082	6'205	7
70-79 Jahre	10'899	10'781	10'814	11'055	10'914	11'722	11'110	11'644	11'848	12'293	13'029	12'701	2
80-89 Jahre	20'993	20'627	21'064	21'446	20'956	21'989	21'042	21'427	21'388	21'529	23'341	21'387	7
90+	13'061	13'162	14'459	14'937	14'666	16'523	15'266	16'468	16'645	17'208	18'777	17'577	2
<b>Σ verstorben</b>	<b>57'352</b>	<b>56'812</b>	<b>58'651</b>	<b>59'655</b>	<b>58'446</b>	<b>62'419</b>	<b>59'019</b>	<b>61'125</b>	<b>61'472</b>	<b>62'200</b>	<b>66'533</b>	<b>62'937</b>	
Altersgruppe	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	Änderung
0-9 Jahre	763'546	773'683	783'958	794'511	809'351	823'054	836'288	850'571	860'227	868'184	873'043	874'142	14.5%
10-19 Jahre	872'579	868'752	858'585	848'796	844'160	840'698	839'215	840'895	840'267	841'274	844'155	849'423	-2.7%
20-29 Jahre	978'050	1'006'333	1'019'406	1'030'346	1'042'168	1'049'757	1'056'635	1'064'116	1'061'526	1'052'733	1'045'350	1'037'803	6.1%
30-39 Jahre	1'096'126	1'093'727	1'100'708	1'113'247	1'130'305	1'149'168	1'168'494	1'186'439	1'199'622	1'215'196	1'229'176	1'242'904	13.4%
40-49 Jahre	1'277'392	1'284'987	1'287'447	1'283'200	1'273'565	1'259'860	1'244'412	1'228'909	1'215'767	1'204'432	1'198'325	1'201'362	-6.0%
50-59 Jahre	1'031'892	1'053'147	1'082'053	1'112'118	1'148'621	1'186'078	1'218'051	1'244'853	1'264'983	1'281'878	1'292'837	1'299'045	25.9%
60-69 Jahre	840'583	857'053	868'362	878'389	886'140	894'042	902'572	911'076	920'865	931'525	947'959	967'319	15.1%
70-79 Jahre	554'034	559'506	571'857	587'790	606'600	626'308	644'592	666'139	686'537	705'653	721'518	736'567	32.9%
80-89 Jahre	311'195	315'101	320'508	326'446	331'892	338'655	344'896	351'441	357'094	363'648	370'791	374'413	20.3%
90+	60'409	57'845	61'778	64'217	66'829	70'046	71'971	75'111	77'242	80'004	82'879	84'110	39.2%
<b>Σ Bevölker.</b>	<b>7'785'806</b>	<b>7'870'134</b>	<b>7'954'662</b>	<b>8'039'060</b>	<b>8'139'631</b>	<b>8'237'666</b>	<b>8'327'126</b>	<b>8'419'550</b>	<b>8'484'130</b>	<b>8'544'527</b>	<b>8'606'033</b>	<b>8'667'088</b>	
Altersgruppe	[%] †				[%] †	[%] †	[%] †	[%] †	[%] †	[%] †	[%] †	[%] †	Rang 2021
0-9 Jahre	0.045%	0.045%	0.043%	0.044%	0.044%	0.046%	0.040%	0.040%	0.038%	0.037%	0.041%	0.034%	12
10-19 Jahre	0.016%	0.013%	0.013%	0.014%	0.013%	0.014%	0.012%	0.012%	0.015%	0.011%	0.014%	0.012%	9
20-29 Jahre	0.031%	0.033%	0.030%	0.029%	0.028%	0.029%	0.029%	0.028%	0.028%	0.028%	0.029%	0.027%	12
30-39 Jahre	0.047%	0.047%	0.044%	0.043%	0.042%	0.041%	0.040%	0.042%	0.038%	0.036%	0.038%	0.035%	12
40-49 Jahre	0.116%	0.116%	0.107%	0.108%	0.096%	0.098%	0.091%	0.091%	0.093%	0.085%	0.086%	0.078%	12
50-59 Jahre	0.31%	0.29%	0.30%	0.29%	0.28%	0.27%	0.26%	0.26%	0.25%	0.23%	0.23%	0.23%	12
60-69 Jahre	0.77%	0.75%	0.75%	0.72%	0.71%	0.72%	0.68%	0.66%	0.67%	0.64%	0.64%	0.64%	12
70-79 Jahre	1.97%	1.93%	1.89%	1.88%	1.80%	1.87%	1.72%	1.75%	1.73%	1.74%	1.81%	1.72%	11
80-89 Jahre	6.75%	6.55%	6.57%	6.57%	6.31%	6.49%	6.10%	6.10%	5.99%	5.92%	6.29%	5.71%	12
90+	21.6%	22.8%	23.4%	23.3%	21.9%	23.6%	21.2%	21.9%	21.5%	21.5%	22.7%	20.9%	12
† Anteil / Bev.	0.74%	0.72%	0.74%	0.74%	0.72%	0.76%	0.71%	0.73%	0.72%	0.73%	0.77%	0.73%	7
verstorben → Einwohner 2021	72'171	71'640	71'932	71'422	68'259	70'960	65'629	66'243	65'249	64'536	67'457	62'937	12
Sterberate / 1000 adjustiert	8.33	8.27	8.30	8.24	7.88	8.19	7.57	7.64	7.53	7.45	7.78	7.26	12
Rang	1	3	2	4	6	5	9	8	10	11	7	12	

1 = schlechtester Rang; 10 = bester Rang

**Auf die Bevölkerung von 2021 altersbereinigte Sterberaten von 2010 bis 2020**

■ altersbereinigte Sterberate pro 1.000 in der Schweiz



- Quelle: Bundesamt für Statistik: [Todesfälle nach Fünf-Jahres-Altersgruppe, Geschlecht, Woche und Kanton, 2000-2019](#) (3.1.2000-14.12.2021)
- Bundesamt für Statistik: [Ständige Wohnbevölkerung nach Alter, Geschlecht und Staatsangehörigkeitskategorie, 2010-2020](#) (jeweils am 31.12.)

## Situationsbericht

Woche 1 vom 03.01.2022

Dieser Bericht liefert Angaben zur Entwicklung der Covid-19-Epidemie in der Schweiz und im Fürstentum Liechtenstein. Der Situationsbericht bietet eine Zusammenfassung der aktuellen Lage und stellt dazu eine Übersicht dar.

### Lagebeschreibung

Situationsbericht, Woche 1 vom 03.01.2022

Die Lagebeschreibung bietet eine Zusammenfassung zur Entwicklung der Covid-19-Epidemie in der Schweiz und im Fürstentum Liechtenstein für die letzten beiden Kalenderwochen. Die Beschreibungen beruhen auf den Daten, die wir bis zum Redaktionsschluss am Mittwochmorgen der auf die Berichtswoche folgenden Woche (12.01.2022) erhalten haben. Die Zahlen der dargestellten Woche sind aufgrund von verzögerten Meldungen zu diesem Zeitpunkt noch nicht vollständig – insbesondere bei den laborbestätigten Hospitalisationen und laborbestätigten Todesfällen. Die Beschreibungen werden nachträglich nicht mehr angepasst. Dies kann dazu führen, dass die Zahlen in den Beschreibungstexten leicht von den Grafiken abweichen, welche täglich mit Nach-, Falsch- und Doppelmeldungen zur jeweiligen Woche aktualisiert werden.

#### **Das Wichtigste in Kürze**

Die Anzahl gemeldeter Fälle und die Anzahl durchgeführter Tests nahmen signifikant zu und sind auf einem Höchstwert seit Beginn der Epidemie. Die Zahl der Hospitalisationen und Todesfälle sanken signifikant. Aufgrund der Festtage ist mit verändertem Test- und Meldeverhalten zu rechnen. Dies erschwert die Einschätzung der aktuellen Lage.

#### **Laborbestätigte Fälle**

Für die Berichtswoche (Woche 01/2022) wurden schweizweit (inkl. FL) insgesamt 179 658 laborbestätigte Fälle gemeldet. Über die Vor- und Berichtswoche wurde eine signifikante Zunahme beobachtet. Aufgrund des hohen Anteils positiver Tests bei gleichzeitigem Höchststand an gemeldeten Tests ist mit einer erhöhten Dunkelziffer bei den Fällen zu rechnen. Die Inzidenz der laborbestätigten Fälle lag in der Schweiz und in Liechtenstein in der Berichtswoche zwischen 1007 (AR) und 3603 (JU) Fällen pro 100 000 Einwohnerinnen und Einwohnern und Woche.

#### **Laborbestätigte Hospitalisationen**

Für die Berichtswoche wurden bisher 629 Hospitalisationen im Zusammenhang mit einer laborbestätigten SARS-CoV-2-Infektion gemeldet. In der Vorwoche waren es zum selben Zeitpunkt 532 Hospitalisationen (Stand 05.01.2022). Jedoch gingen mehr Nachmeldungen ein, als in vorherigen Wochen. Somit ist im Vergleich zur Vorwoche trotz der zu erwartenden Nachmeldungen mit keiner Zunahme zu rechnen.

**Laborbestätigte  
Todesfälle**

Für die Berichtswoche wurden dem BAG bisher 86 Todesfälle im Zusammenhang mit einer laborbestätigten SARS-CoV-2-Infektion gemeldet. Zum selben Zeitpunkt in der Vorwoche waren dies 106 Todesfälle (Stand 05.01.2022). Trotz der noch zu erwartenden Nachmeldungen ist im Vergleich zur Vorwoche mit einer Abnahme zu rechnen.

**Tests und Anteil  
positive Tests**

In der Berichtswoche wurden 566 356 Tests (81 % PCR und 19 % Antigen-Schnelltests) gemeldet. Die Anzahl aller gemeldeter Tests stieg über die Vor- und Berichtswoche signifikant an. Schweizweit (inkl. FL) war der Anteil positiver PCR-Tests mit 38 % in der Berichtswoche erneut höher als in der Vorwoche (34 %). Der Anteil positiver Antigen-Schnelltests war mit 28 % in der Berichtswoche höher als in der Vorwoche (20 %).

**Contact Tracing**

Gemäss Meldungen von 22 Kantonen befanden sich am 11.01.2022 insgesamt 161 568 Personen in Isolation und 57 021 in Quarantäne. Die Anzahl Personen in Isolation sowie in Quarantäne stieg in den meisten Kantonen mit verfügbaren Angaben im Vergleich zur Vorwoche.

Quelle: BAG – Stand: 12.01.2022, 08.01h

Übersicht Epidemiologische Lage

Woche 1 vom 03.01.2022, Schweiz und Liechtenstein

Aufgrund von verzögerten Meldungen kann sich die Differenz bei den Hospitalisationen und Todesfällen noch erheblich ändern.

Relativität auswählen Pro 100 000 Einwohner/innen Absolute Zahlen

	Total bis 09.01.202 2	Woche 52 vom 27.12.202 1	Woche 1 vom 03.01.202 2	Differen z
<b>Laborbestätigte Fälle</b>	<b>1 560 106</b>	<b>112 445</b>	<b>180 562</b>	<b>+60,6%</b>
<b>Laborbestätigte FälleSchweiz</b>	<b>1 553 216</b>	<b>112 146</b>	<b>180 064</b>	<b>+60,6%</b>
<b>Laborbestätigte FälleLiechtenstein</b>	<b>6890</b>	<b>299</b>	<b>498</b>	<b>+66,6%</b>
<b>Laborbestätigte Hospitalisationen</b>	<b>40 902</b>	<b>706</b>	<b>661</b>	<b>-6,4%</b>
<b>Laborbestätigte HospitalisationenSchweiz</b>	<b>40 662</b>	<b>703</b>	<b>661</b>	<b>-6,0%</b>

	Total bis 09.01.202 2	Woche 52 vom 27.12.202 1	Woche 1 vom 03.01.202 2	Differen z
<b>Laborbestätigte HospitalisationenLiechtens tein</b>	240	3	0	-100,0 %
<b>Laborbestätigte Todesfälle</b>	12 077	122	91	-25,4%
<b>Laborbestätigte TodesfälleSchweiz</b>	12 010	122	91	-25,4%
<b>Laborbestätigte TodesfälleLiechtenstein</b>	67	0	0	-
<b>Tests</b>	15 462 792	409 225	566 512	+38,4%
<b>TestsPCR-Tests</b>	11 301 212	312 714	456 801	+46,1%
<b>TestsAntigen-Schnelltests</b>	4 161 580	96 511	109 711	+13,7%
<b>TestsAnteil positive PCR- Tests</b>	13,2%	34,0%	37,7%	+3,7pp
<b>TestsAnteil positive Antigen-Schnelltests</b>	5,6%	20,0%	28,1%	+8,1pp

# Übersicht Epidemiologische Lage

Woche 3 vom 17.01.2022, Schweiz und Liechtenstein

 Aufgrund von verzögerten Meldungen kann sich die Differenz bei den Hospitalisationen und Todesfällen noch erheblich ändern.

Absolute Zahlen



	Total bis 23.01.2022	Woche 2 vom 10.01.2022	Woche 3 vom 17.01.2022	Differenz
<b>Laborbestätigte Fälle</b>	<b>1 984 505</b>	<b>185 692</b>	<b>238 013</b>	<b>+28,2%</b>
Schweiz	1 976 277	185 134	237 236	+28,1%
Liechtenstein	8228	558	777	+39,2%
<b>Laborbestätigte Hospitalisationen</b>	<b>42 651</b>	<b>673</b>	<b>649</b>	<b>-3,6%</b>
Schweiz	42 399	670	648	-3,3%
Liechtenstein	252	3	1	-66,7%
<b>Laborbestätigte Todesfälle</b>	<b>12 296</b>	<b>95</b>	<b>93</b>	<b>-2,1%</b>
Schweiz	12 226	94	92	-2,1%
Liechtenstein	70	1	1	0,0%
<b>Tests</b>	<b>16 726 225</b>	<b>604 615</b>	<b>657 524</b>	<b>+8,8%</b>
PCR-Tests	12 354 128	500 378	551 328	+10,2%
Antigen-Schnelltests	4 372 097	104 237	106 196	+1,9%
Anteil positive PCR-Tests	15,5%	37,9%	42,3%	+4,4pp
Anteil positive Antigen-Schnelltests	6,8%	27,9%	32,8%	+4,9pp

# Übersicht Epidemiologische Lage

Woche 4 vom 24.01.2022, Schweiz und Liechtenstein

 Aufgrund von verzögerten Meldungen kann sich die Differenz bei den Hospitalisationen und Todesfällen noch erheblich ändern.

Absolute Zahlen



	Total bis 30.01.2022	Woche 3 vom 17.01.2022	Woche 4 vom 24.01.2022	Differenz
<b>Laborbestätigte Fälle</b>	<b>2 233 197</b>	<b>238 158</b>	<b>248 384</b>	<b>+4,3%</b>
Schweiz	2 224 062	237 381	247 477	+4,3%
Liechtenstein	9135	777	907	+16,7%
<b>Laborbestätigte Hospitalisationen</b>	<b>43 734</b>	<b>787</b>	<b>764</b>	<b>-2,9%</b>
Schweiz	43 480	786	763	-2,9%
Liechtenstein	254	1	1	0,0%
<b>Laborbestätigte Todesfälle</b>	<b>12 400</b>	<b>104</b>	<b>90</b>	<b>-13,5%</b>
Schweiz	12 330	103	90	-12,6%
Liechtenstein	70	1	0	-100,0%
<b>Tests</b>	<b>17 432 853</b>	<b>657 677</b>	<b>706 092</b>	<b>+7,4%</b>
PCR-Tests	12 936 271	551 467	581 613	+5,5%
Antigen-Schnelltests	4 496 582	106 210	124 479	+17,2%
Anteil positive PCR-Tests	16,6%	42,3%	40,8%	-1,5pp
Anteil positive Antigen-Schnelltests	7,7%	32,8%	36,7%	+3,9pp

Todesfälle<sup>1</sup> nach Altersklasse und Woche, 2015-2021  
Schweiz

Woche	Total						
	2021 <sup>2</sup>	2020	2019	2018	2017	2016	2015
1	1 896	1 314	1 341	1 561	1 678	1 340	1 423
2	1 781	1 366	1 389	1 541	1 731	1 243	1 494
3	1 758	1 418	1 358	1 494	1 746	1 323	1 524
4	1 605	1 417	1 403	1 397	1 657	1 351	1 480
5	1 431	1 426	1 439	1 397	1 564	1 345	1 590
6	1 405	1 396	1 481	1 441	1 592	1 340	1 656
7	1 295	1 384	1 555	1 458	1 402	1 313	1 805
8	1 305	1 369	1 527	1 478	1 383	1 380	1 772
9	1 277	1 349	1 527	1 636	1 395	1 320	1 729
10	1 282	1 357	1 452	1 532	1 348	1 355	1 549
11	1 222	1 396	1 379	1 482	1 262	1 278	1 541
12	1 265	1 530	1 351	1 380	1 239	1 294	1 435
13	1 237	1 630	1 322	1 348	1 183	1 269	1 293
14	1 252	1 879	1 382	1 339	1 234	1 242	1 302
15	1 248	1 647	1 222	1 300	1 201	1 224	1 229
16	1 245	1 576	1 308	1 229	1 181	1 139	1 284
17	1 269	1 377	1 233	1 147	1 223	1 175	1 215
18	1 214	1 250	1 256	1 226	1 210	1 172	1 275
19	1 255	1 184	1 266	1 200	1 204	1 149	1 161
20	1 187	1 153	1 218	1 117	1 207	1 176	1 152
21	1 204	1 190	1 271	1 223	1 186	1 227	1 129
22	1 208	1 102	1 245	1 159	1 126	1 150	1 099
23	1 105	1 171	1 251	1 178	1 108	1 104	1 171
24	1 194	1 152	1 171	1 119	1 120	1 113	1 169
25	1 186	1 149	1 210	1 127	1 196	1 237	1 100
26	1 174	1 180	1 243	1 181	1 166	1 172	1 197
27	1 161	1 180	1 258	1 152	1 158	1 092	1 295
28	1 174	1 174	1 225	1 078	1 087	1 164	1 358
29	1 210	1 114	1 206	1 223	1 151	1 235	1 295
30	1 156	1 156	1 260	1 222	1 121	1 181	1 174
31	1 159	1 280	1 139	1 264	1 200	1 113	1 140
32	1 307	1 172	1 138	1 222	1 099	1 150	1 215
33	1 237	1 230	1 142	1 187	1 128	1 166	1 195
34	1 237	1 219	1 252	1 145	1 207	1 131	1 152
35	1 322	1 173	1 147	1 206	1 164	1 137	1 172
36	1 330	1 167	1 172	1 178	1 153	1 184	1 151
37	1 331	1 259	1 252	1 230	1 190	1 103	1 188
38	1 297	1 243	1 296	1 177	1 265	1 180	1 130
39	1 304	1 255	1 237	1 212	1 243	1 212	1 188
40	1 230	1 243	1 234	1 225	1 295	1 286	1 235
41	1 304	1 334	1 278	1 233	1 268	1 271	1 168
42	1 307	1 289	1 298	1 211	1 210	1 277	1 220
43	1 350	1 492	1 307	1 233	1 214	1 230	1 203
44	1 296	1 694	1 224	1 272	1 153	1 313	1 286
45	1 400	2 068	1 264	1 263	1 312	1 286	1 169
46	1 476	2 149	1 365	1 248	1 251	1 353	1 199
47	1 551	2 157	1 331	1 280	1 318	1 193	1 257
48	1 658	2 123	1 375	1 321	1 396	1 331	1 255
49	1 723	2 179	1 218	1 389	1 390	1 294	1 307
50	1 630	2 215	1 367	1 356	1 357	1 301	1 240
51	1 487	2 187	1 401	1 322	1 456	1 446	1 208
52	1 507	2 121	1 329	1 349	1 375	1 589	1 294
53		1 987	0	0	0	0	1 318

<sup>1</sup> Tod von Personen mit ständigem Wohnsitz in der Schweiz, unabhängig davon, ob der Tod in

<sup>2</sup> 2021: provisorische Zahlen. Stand am 11.01.2022

Referenzbevölkerung: Ständige Wohnbevölkerung

Wochennummer gemäss ISO8601: 1, 2 ...52/53. Die erste Woche des Jahres ist die Woche, di

Quelle: BEVNAT

© BFS

Auskunft: Bundesamt für Statistik (BFS), Sektion Demografie und Migration, info.dem@bfs.adn

## Starke Fakten: Schweiz

Datenstand: 18.01.2022

*Die Sterblichkeit des Menschen ist ein unausweichliches Faktum*

Inhalt	Seite
<u>Sterbe geschehen saisonal betrachtet</u>	2
<u>Fallzahlen und Tests</u>	3
<u>Sterbefallzahlen und gemeldete Fallzahlen in Relation</u>	6
<u>Übersterblichkeit altersbezogen im groben Überblick</u>	7
<u>Sterbe geschehen 2020 - Überschreitung der Vorjahresmaxima</u>	9
<u>Übersterblichkeit betrachtet in den Altersgruppen 2020</u>	11
<u>Übersterblichkeitsanalyse altersbereinigt 2021</u>	15
<u>Hospitalisierungsdiagnosen Atemwegsinfekte - Vorjahresvergleich</u>	16
<u>Verlauf der Sterbekurven saisonal - Anteil Covid-19</u>	17
<u>Anteil der Altersgruppen: Sterbe geschehen / Hospitalisierung</u>	18
<u>Bevölkerungsentwicklung und Sterbe geschehen</u>	19
<u>Auslastung Krankenbetten / ICU</u>	22
<u>Impfnebenwirkungen</u>	24
<u>Ende der Influenza in der Schweiz</u>	26

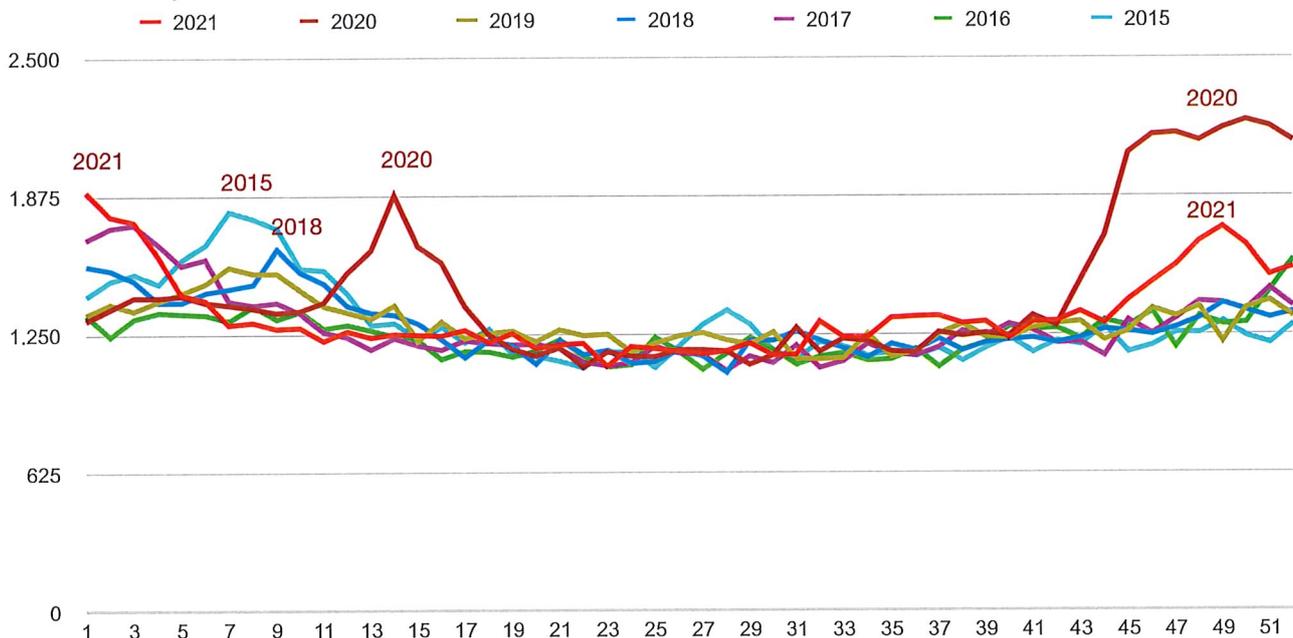
### Quellen:

- Bundesamt für Gesundheit BAG: Daten als .csv, Stand: 18.01.2022 Covid-19 Schweiz
  - A. COVID19Cases\_geoRegion\_AKL10\_w.csv
  - B. COVID19Cases\_geoRegion.csv
  - C. COVID19Death\_geoRegion.csv
  - D. COVID19Hosp\_geoRegion.csv
  - E. COVID19Hosp\_geoRegion\_AKL10\_w.csv
  - F. COVID19HospCapacity\_geoRegion.csv
  - G. COVID19Re\_geoRegion.csv
  - H. COVID19Test\_geoRegion\_AKL10\_w.csv
  - I. COVID19Test\_geoRegion\_all.csv
  - J. COVID19Test\_geoRegion\_PCR\_Antigen.csv
- Bundesamt für Statistik: Todesfälle nach Altersklasse, Woche und Kanton, Stand am 18.01.2022
- Bundesamt für Statistik: Todesfälle nach Fünf-Jahres-Altersgruppe, Geschlecht, Woche und Kanton, 2000-2019 (3.1.2000-29.12.2019)
- Bundesamt für Statistik: Todesfälle nach Fünf-Jahres-Altersgruppe, Geschlecht, Woche und Kanton (30.12.2019-3.1.2021)
- Bundesamt für Statistik: Todesfälle nach Fünf-Jahres-Altersgruppe, Geschlecht, Woche und Kanton (4.1.2021-28.11.2021)
- Bundesamt für Statistik: Ständige Wohnbevölkerung nach Alter, Geschlecht und Staatsangehörigkeitskategorie, 2010-2020 (jeweils am 31.12.)

**Analyse des Sterbegeschehens pro Kalenderjahr oder saisonal?**

Das Sterbegeschehen wird zumeist im Kontext eines Kalenderjahres betrachtet und als Gesamtsterberate pro 1.000 Einwohner zusammengefasst. Hierbei wird nicht beachtet, dass die höchste Anzahl verstorbener Personen zwischen Herbst und Frühjahr zu sehr unterschiedlichen Zeitpunkten auftritt und es so sein kann, dass in einem Jahr ein besonders später Höhepunkt im Frühjahr mit einem frühzeitigen Maximum bereits im Herbst zusammentrifft, wie dies 2020 der Fall war.

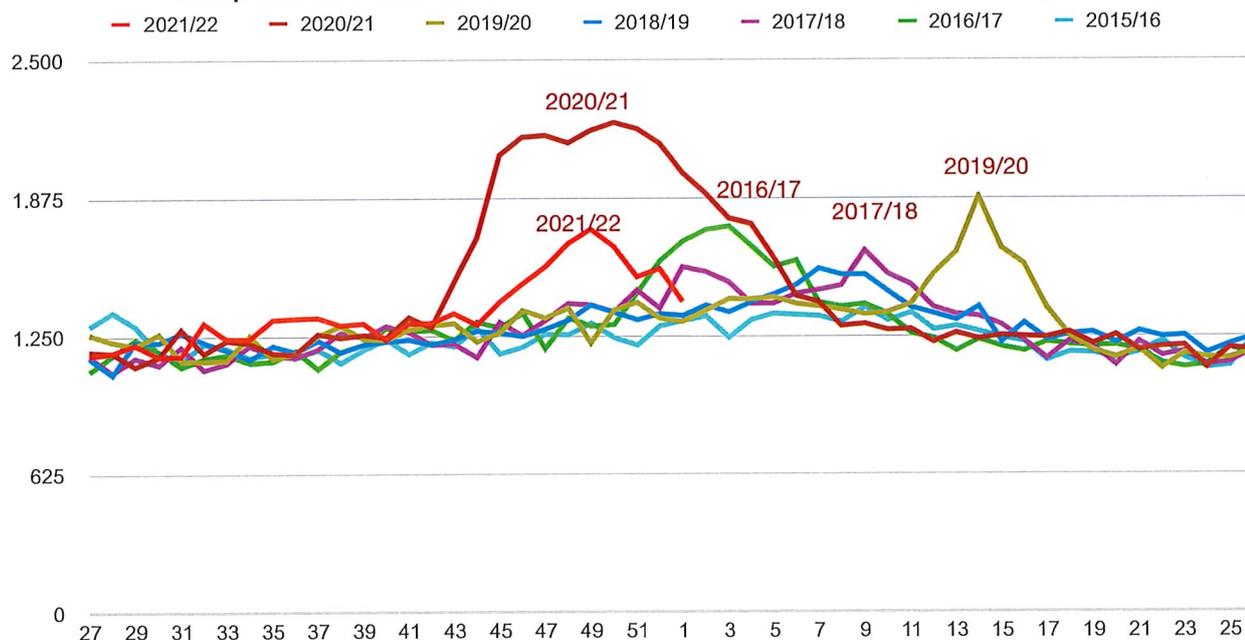
**Höhepunkte im Verlauf der absoluten Sterbezahlen in der Schweiz (Betrachtung im Jahresvergleich)**



Um das gesamte erhöhte Sterbegeschehen eines jeden Winters realistisch bewerten zu können, braucht es den saisonalen Vergleich vom Sommer eines Jahres (Anfang Juli, Kalenderwoche 27) bis zum Sommer des Folgejahres (Ende Juni, Kalenderwoche 26), so dass einheitlich 52 Kalenderwochen zusammengefasst werden.

Im Sommer zwischen Kalenderwoche 20 und 30 starben von 2015 bis 2021 durchschnittlich 1'180 Personen pro Woche. Im Winter schwanken die Werte erheblich: Der Mittelwert von Kalenderwoche 40 bis 10 liegt für diese Jahre bei 1'375 und die höchste wöchentliche Sterbezahl lag 2020 in Kalenderwoche 50 mit 2'215 Sterbefällen um 87,7% über dem sommerlichen Mittelwert.

**Höhepunkte im Verlauf der absoluten Sterbezahlen in der Schweiz (Betrachtung saisonal)**

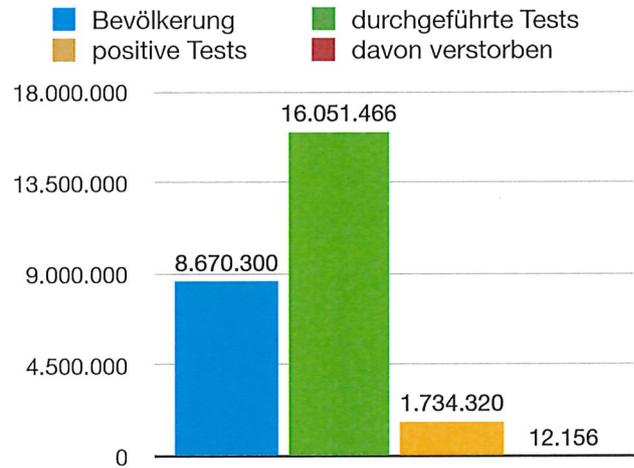


Fallzahlen („Infektionszahlen“) im Kontext von Teststrategien und Sterbegeschehen 2021

Die Quellenlage: In den Informationen zur aktuellen Lage „Covid-19 Schweiz“ veröffentlicht das BAG täglich die detaillierten statistischen Daten in Diagrammen und als .csv-Datei zum Download angeboten. Keine Informationen werden zur Anzahl der Genesenen gegeben. Näherungsweise bestimmen wir dies wie folgt: Genesen ist, die Anzahl der positiven Tests vor 3 Wochen abzüglich der bis heute Verstorbenen.

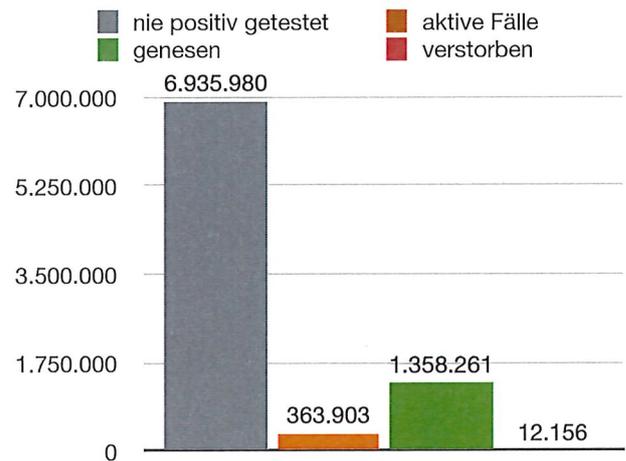
Testquote in der Schweiz

	Absolut	% Bevölkerung
Bevölkerung	8.670.300	
Aktuelle Testzahl	11.787.422	136,0 %
PCR-Tests	10.563.335	121,8 %
Antigen-Schnelltests	4.264.044	49,2 %
positive Tests	1.734.320	20,0 %
davon verstorben	12.156	0,14 %



Anteiliges Infektionsgeschehen in der Bevölkerung

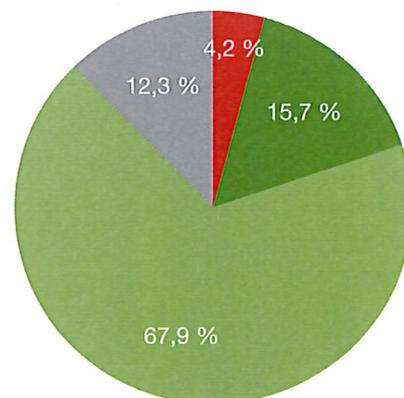
	Absolut	% Bevölkerung
Bevölkerung	8.670.300	
Aktuelle Testzahl	11.787.422	136,0 %
nie positiv getestet	6.935.980	80,0 %
aktive Fälle	363.903	4,2 %
genesen	1.358.261	15,7 %
verstorben	12.156	0,14 %



Immunsisierung durch Erkrankung oder Impfung

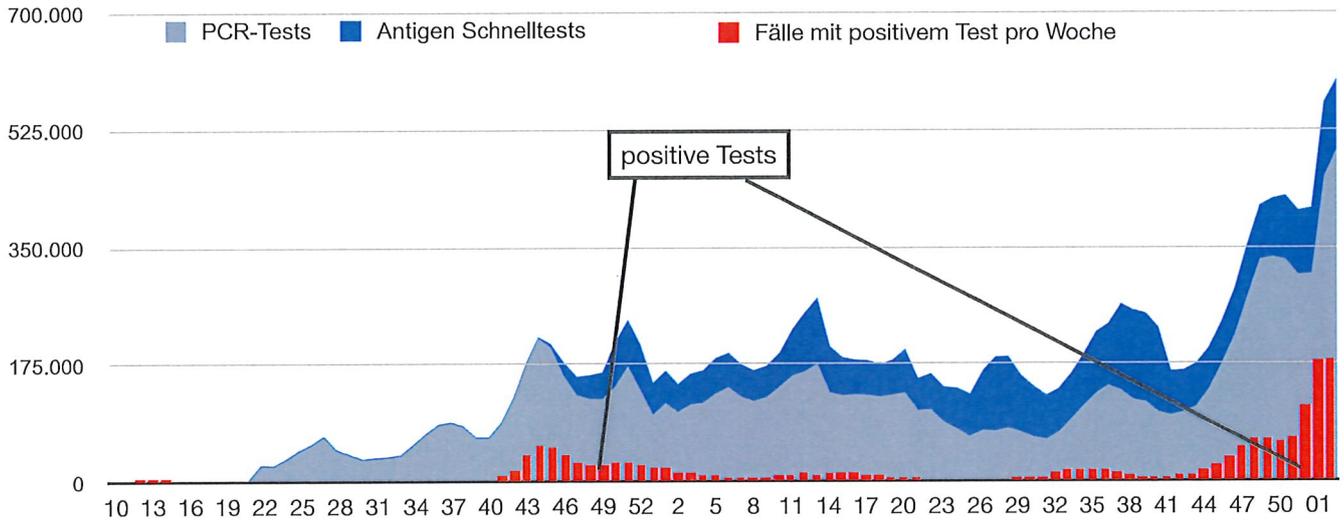
aktive Fälle	363.903
Genesen	1.358.261
aktives Impfzertifikat	5.885.348
nicht erfasst	1.062.788

- aktive Fälle
- aktives Impfzertifikat
- Genesen
- nicht erfasst

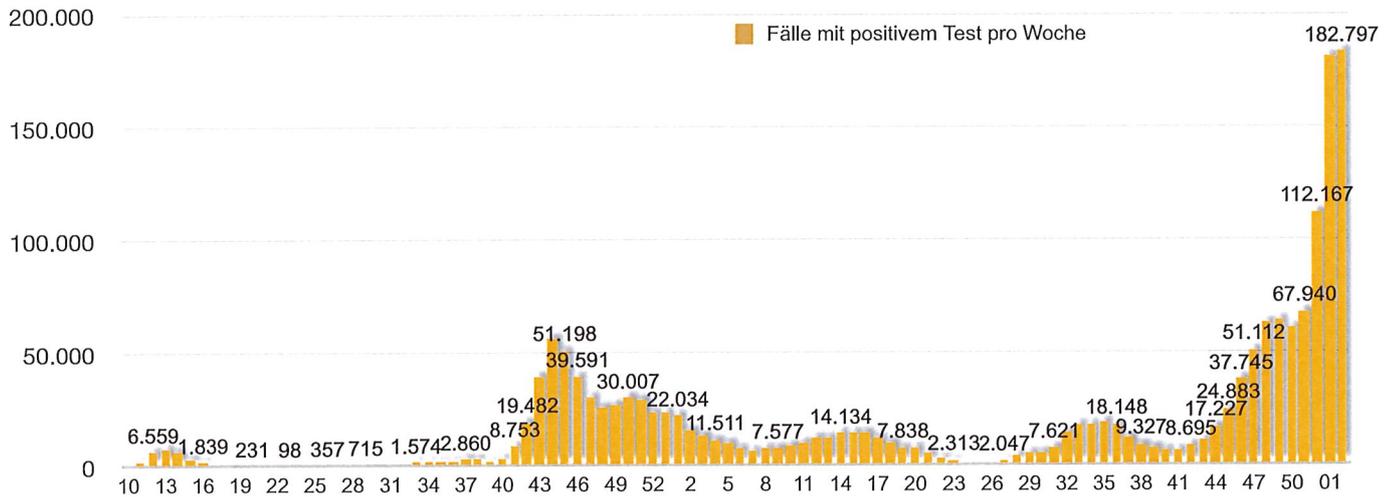


Es wird zwischen Genesenen und geimpften Personen Überschneidungen geben, da auch Genesene zusätzlich eine Impfung erhielten. Dadurch erhöht sich anteilig der Anteil der Personen, deren Immunitätsstatus nicht erfasst ist.

Fallzahlen mit positivem Test in Relation zu allen durchgeführten Tests in der Schweiz 2020/2021

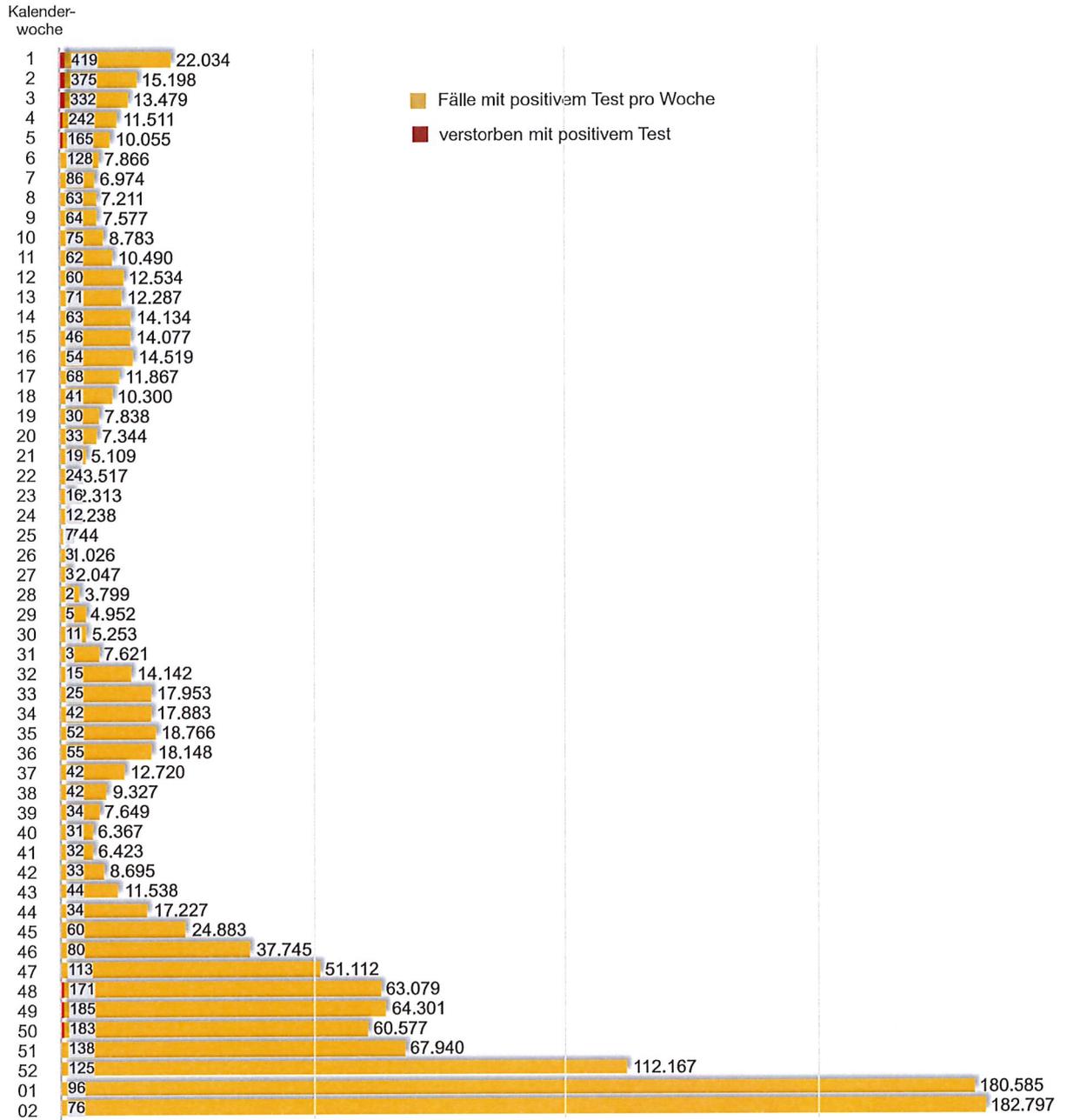


Fallzahlen mit positivem Test in der Schweiz 2020/2021 (Lupenansicht)



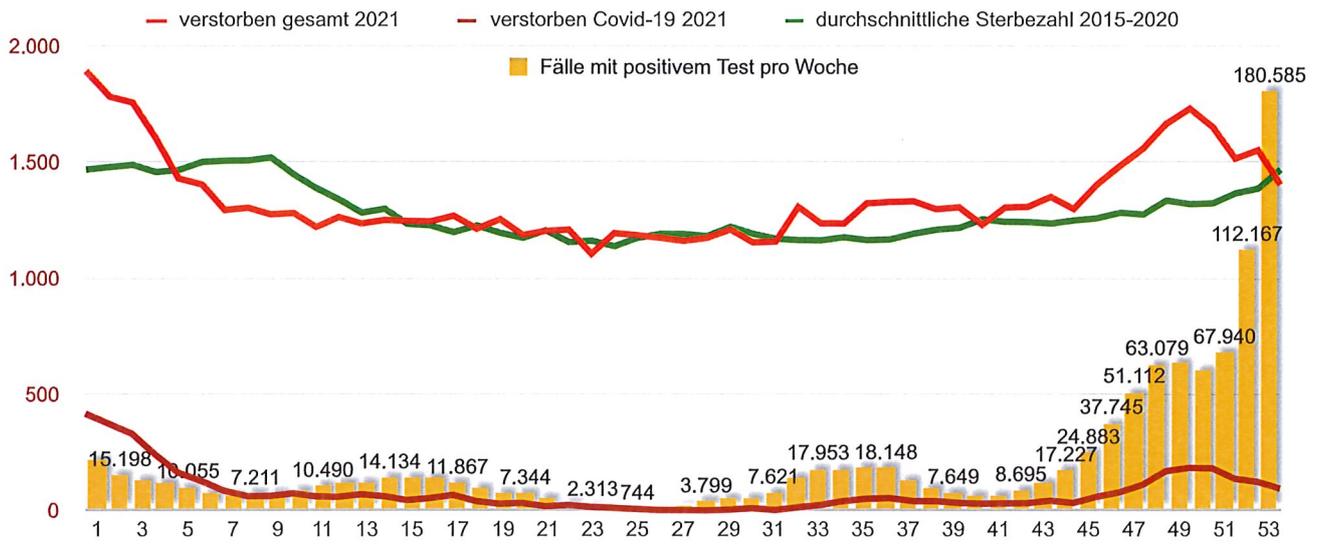
Testzahlen und Fallzahlen zeigen eine Verdopplung und korrelieren unmittelbar. Überraschend ist der hohe Anteil positiver Tests: Liegt dieser in Österreich bei ca. 2%, erreicht er in der Schweiz Werte von über 25% im Herbst/Winter 2020/21 und hat aktuell Positivraten von 43.3% (KW 03).

Verstorbene Covid-19 und „Fallzahlen“ 2021/2022



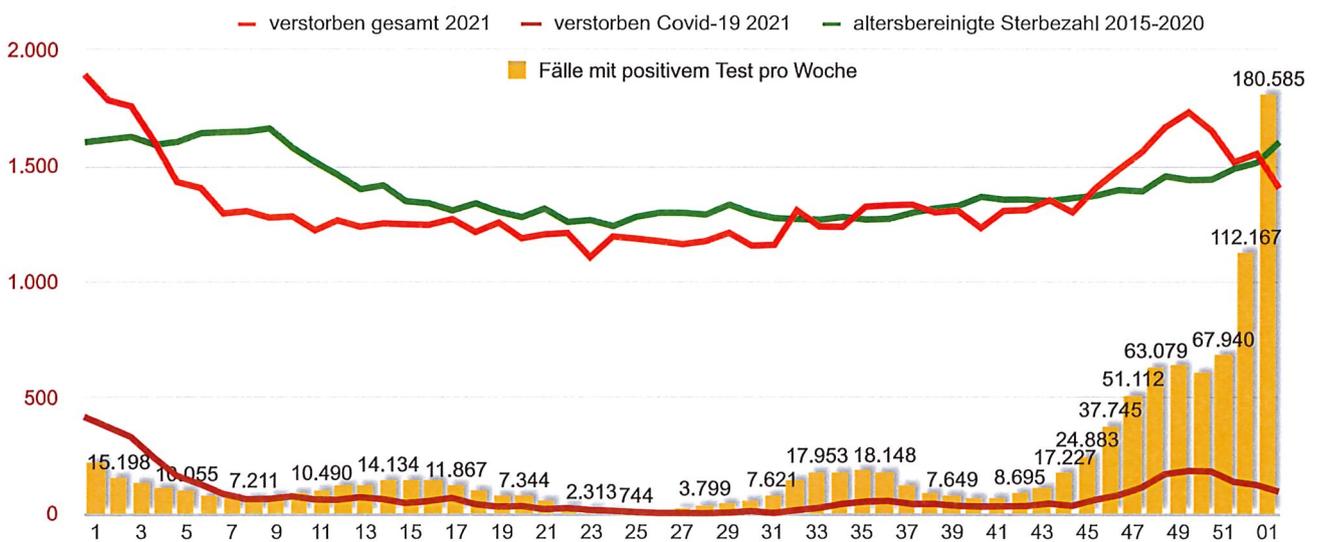
Die Fallzahlen haben sich in den letzten drei Wochen verdreifacht, dagegen gehen die Covid-19 zugewiesenen Todesfallzahlen vom Maximum 185 (KW 50/2021) auf 76 in KW 02/2022 zurück.

Verstorbene nach Wochen in der Schweiz zum Vorjahresmittel 2015-2020



– Grafik 1 –

Verstorbene nach Wochen in der Schweiz zum altersbereinigten Vorjahresmittel 2015-2020



– Grafik 2 –

Die Sterbezahlen der Vorjahre wurden in 5er Altersgruppen gemäß WHO-Diskussionspapier von 2001<sup>1</sup> auf die Bevölkerungszahlen von 2021 standardisiert und so altersbereinigt. So wird der Einfluss veränderter Populationen einzelner Altersgruppen mit hohem prozentualem Sterbeaufkommen eliminiert: So wuchs die Gruppe der 90-Jährigen von 70'046 im Jahr 2015 auf 84'110 im Jahr 2021 an. Bei einer Sterberate von ca. 25% in dieser Altersgruppe ergibt sich aus der Bevölkerungszunahme von 14'064 eine zu erwartende Zunahme der Sterbezahl von 3'516. Dies wird berücksichtigt, indem die Sterbezahl aus 2015 auf die heutige Bevölkerungszahl umgerechnet wird.

<sup>1</sup> Omar B. Ahmad u.a.: Age Standardization of Rates: A new WHO Standard, GPE Discussion Paper Series: No. 31: <https://www.who.int/healthinfo/paper31.pdf>

Verstorben pro Kalenderjahr bis KW 52 unter und über 80 Jahre in der Schweiz

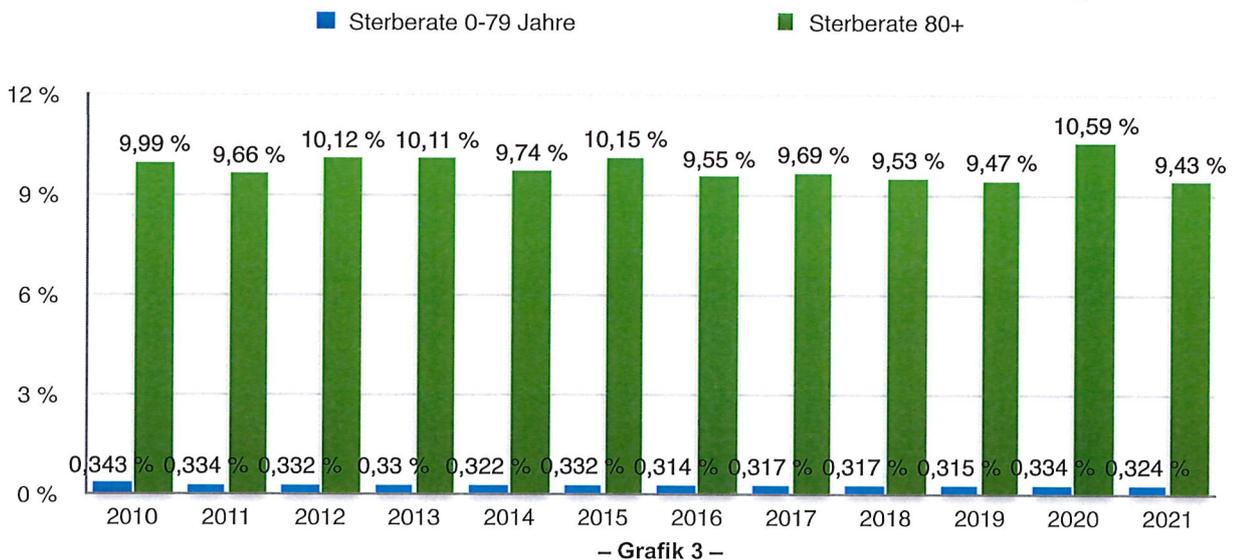
Jahr	0-79 Jahre					80 Jahre und älter				
	Einwohner	verstorben gesamt	Covid-19	Sterberate	Rang	Einwohner	verstorben gesamt	Covid-19	Sterberate	Rang
2010	7.414.202	25.406		0,343 %	1	371.604	37.113		9,99 %	5
2011	7.482.597	25.026		0,334 %	2	381.415	36.857		9,66 %	8
2012	7.572.376	25.155		0,332 %	4	382.286	38.687		10,12 %	3
2013	7.648.397	25.277		0,330 %	6	390.663	39.491		10,11 %	4
2014	7.740.910	24.888		0,322 %	8	398.721	38.817		9,74 %	6
2015	7.828.965	25.967		0,332 %	5	408.701	41.501		10,15 %	2
2016	7.910.259	24.857		0,314 %	12	416.867	39.792		9,55 %	9
2017	7.992.998	25.352		0,317 %	9	426.552	41.351		9,69 %	7
2018	8.049.794	25.489		0,317 %	10	434.336	41.399		9,53 %	10
2019	8.100.875	25.498		0,315 %	11	443.652	42.017		9,47 %	11
2020	8.152.363	27.197	2.178	0,334 %	3	453.670	48.038	5.633	10,59 %	1
2021	8.212.011	26.587	1.476	0,324 %	7	458.289	43.232	2.814	9,43 %	12

Tabelle 1

Quellen:

- BFS - Todesfälle nach Fünf-Jahres-Altersgruppe... 2000-2019, Stand: 03.03.2020
- BFS - Todesfälle nach Fünf-Jahres-Altersgruppe... 30.12.2019-03.01.2021, Stand: 09.04.2021
- BFS - Todesfälle nach Fünf-Jahres-Altersgruppe... 04.01.2021-31.10.2021, Stand: 18.01.2022
- BFS - <https://www.bfs.admin.ch/bfs/de/home/statistiken/bevoelkerung.html>

Sterberate nach Altersgruppen unter und über 80 Jahre in der Schweiz Kalenderwoche 01 bis 52



- Grafik 3 -

Im Jahr 2020 belegt die Altersgruppe der über 80-Jährigen den schlechtesten 1. Rang im Vergleich der Sterberaten. Bis zur Kalenderwoche 46 war hier noch ein 5. Rang zu verzeichnen. Das bedeutet, dass in den letzten 7 Wochen des Jahres sich das gesamte Sterbe geschehen dieser Altersgruppe noch um 4 Ränge verschlechtert hat. Dagegen verbesserte sich die Altersgruppe 2021 vom 1. auf den 12. Rang.

Die zusammengefasste Gruppe aller 0-79-Jährigen verschlechterte sich 2020 ebenfalls von Rang 6 auf Rang 3, wobei die älteren Anteile dieser Gruppe auch hier den Ausschlag gegeben haben werden. 2021 gab es eine Verbesserung um 4 Rangstufen.

Differenz der wöchentlichen Sterbezahlen in 2020 zum altersbereinigten Maximalwert 2015-2019

Altersgruppe	0-4	5-9	10-14	15-19	20-24	25-29	30-34	35-39	40-44	45-49	50-54	55-59	60-64	65-69	70-74	75-79	80-84	85-89	90
KW	2020																		
1	-4	-0	-0	1	-3	-5	-7	-4	-0	-4	0	-21	-34	-12	-24	-34	-61	-140	-214
2	-2	-1	-0	-1	-4	-7	-4	1	-9	-8	-9	-2	-11	-23	-21	-23	-92	-147	-199
3	1	3	2	0	-6	-2	-1	-6	-6	-1	-5	-17	-18	-19	-41	-45	-69	-110	-189
4	-7	-2	-1	0	-1	2	-4	-6	-3	-5	-1	-13	-18	-7	3	-15	-82	-99	-164
5	-2	-2	-1	-1	-3	-2	-6	1	-4	-4	-13	-8	-25	-7	-33	-20	-40	-77	-149
6	1	-0	-0	-2	-1	-2	-2	-5	-7	-8	-5	-8	-16	-15	-38	-36	-73	-96	-235
7	-1	-0	1	-2	-2	-8	-7	0	-5	-5	-17	-20	-17	-41	-19	-31	-109	-169	-249
8	-4	1	-4	-3	-2	-2	-1	-10	-4	-1	1	-17	-6	-24	-39	-72	-80	-122	-271
9	-6	-2	-3	0	-1	1	-5	-4	-5	-5	-15	-13	-14	-31	-34	-69	-93	-112	-244
10	-3	-2	-1	-1	-1	-3	-5	-5	-1	-13	-11	-14	-10	-30	-24	-27	-97	-88	-130
11	-0	-1	-2	-1	-5	1	-2	-4	3	-4	-13	-20	-21	-25	-18	-46	-57	-69	-111
12	-2	-2	-1	-4	-2	-2	-1	-1	-6	-4	-10	-20	-16	-4	-15	27	4	-40	-49
13	-2	-0	-1	-1	1	-4	-4	-1	-2	-4	-5	-0	-3	1	19	13	-14	22	56
14	-4	-2	-1	-1	0	-2	-0	1	-6	-4	-3	-9	-12	33	6	17	73	89	162
15	-5	-1	-1	2	-1	-1	1	-3	-4	1	-19	-11	-2	-10	20	26	28	69	95
16	-1	-0	-2	1	3	-0	-11	1	-8	0	-2	-22	-11	-6	-4	10	32	30	69
17	-2	-0	-3	-1	-2	1	-0	-3	1	1	-3	1	-9	-26	-8	-39	-16	12	13
18	-4	-1	-2	2	-1	-7	-4	2	-7	-11	-16	-10	-18	-24	-30	-40	-42	-22	6
19	-4	-1	-2	-1	1	-3	-3	6	-9	-6	-6	-9	-18	-30	-6	-12	-47	-20	-46
20	-3	-0	-2	-4	-4	0	-2	-4	-9	-0	-8	-1	-14	-27	-18	-13	-23	-66	-60
21	-5	-1	-1	-2	5	-6	-4	-2	-2	-3	-12	-15	-14	-10	-18	-29	-35	-36	-39
22	-7	-1	-0	-2	-3	3	-1	-6	-1	-7	-17	-4	-2	-26	-35	-32	-52	-57	-33
23	-3	-0	-1	-1	-5	-2	2	-3	-1	-15	-10	-14	-7	-17	-15	-21	-51	-18	-18
24	-3	-1	1	-2	1	-2	-0	-4	-5	-3	-11	-1	-28	-4	-34	-23	-15	-30	-56
25	-5	-1	-1	-3	0	3	-6	-4	-4	5	-20	-21	-13	-31	-16	-49	-60	-37	-50
26	-8	-1	-1	-4	0	-3	-3	-1	-7	-4	-12	-8	-28	-18	-7	-13	-18	-53	-73
27	-3	-0	-1	-3	-5	-1	-1	1	-5	-1	-12	-1	-14	-24	-26	-37	-40	-40	-89
28	-5	-2	-1	-2	-3	-10	-3	-5	-9	-8	4	-19	-2	-28	-31	-17	-67	-72	-113
29	-5	-2	-2	-3	-1	-6	-9	-2	-3	0	-23	-23	-18	-31	-39	-43	-41	-75	-58
30	3	-0	-2	-1	-4	-3	-4	-2	-8	-7	1	-17	-1	-18	-51	-18	-26	-54	-55
31	-6	-2	-1	-2	-2	-3	-1	-2	-6	-5	-8	-0	-15	-18	-8	-28	-23	-9	-4
32	-4	-1	-3	0	-2	-5	2	-4	-4	-3	-6	-22	-11	-19	-6	-26	-29	-59	-57
33	-6	-2	0	-2	1	1	-3	-2	-7	-8	-3	-5	-3	-34	-11	-8	-24	-28	-15
34	-7	-2	-0	0	-2	-2	-5	-1	-9	-6	-5	-23	-11	-9	-18	-24	-57	-20	2
35	-2	0	-2	-3	-2	-8	-7	-7	-5	-12	-11	-13	-4	-15	-5	-45	-46	-26	-23
36	2	-0	2	0	-2	-1	3	-3	-3	-11	-16	-16	-23	-11	-12	-32	-36	-39	-39
37	-5	-1	1	-1	0	-5	-0	-5	-6	-9	-7	-28	3	-2	-12	-32	-21	-2	-29
38	-2	-2	-1	-3	-3	-1	-1	-3	-7	-11	-12	-21	-35	-8	-32	-29	-27	-11	-39
39	5	-1	-1	0	-1	-1	-3	-0	3	-15	-4	-13	-14	-7	-19	-30	-19	-0	-68
40	-1	-1	-3	-6	-3	-2	2	-6	1	-7	-18	-10	-32	3	-6	-13	-36	-53	-54
41	-8	-1	-0	-1	2	-4	-4	-6	-0	9	-18	-19	15	-22	-18	-23	-18	-34	-22
42	-8	-0	-1	0	-4	-5	-1	-3	1	-6	-17	-24	-24	-30	-15	-13	-40	-1	-38
43	8	-1	-2	0	-3	-3	-0	-3	-5	-2	3	-7	-9	-10	-2	-10	0	40	51
44	-2	-0	-1	0	-2	-4	-2	-6	-1	-0	-10	-24	-7	3	-10	42	10	75	114
45	-0	1	1	-5	-3	-3	-4	-2	-6	6	-6	-14	3	29	17	83	95	143	211
46	-3	-1	-1	-2	-2	-3	-5	-3	-6	2	2	-4	-2	3	35	82	88	204	196
47	-12	-1	2	-1	4	-4	-4	-6	-7	-7	3	-20	1	13	37	54	155	179	248
48	-6	-4	1	0	-1	-2	-4	-4	-3	-3	-14	-20	-1	20	45	36	115	182	207
49	-8	-1	-0	1	1	-3	-5	-4	-8	-10	-4	-7	9	11	28	48	95	190	261
50	-6	-3	-1	-4	-1	-4	6	3	-4	-5	6	8	3	8	23	65	154	159	249
51	-10	-1	-2	-3	-2	-5	1	-3	4	-5	-3	-10	-17	17	5	59	76	194	189
52	-0	-2	-1	-2	-3	-5	-2	-5	-5	-10	-16	-2	-6	-9	55	33	110	92	104
53	-3	-1	0	2	2	5	-1	1	3	1	-6	-8	16	6	6	52	101	125	211

Die Altersgruppen von 0 bis 64 Jahre sind mit minimalen Überschreitungen der Vorjahresmaxima nicht von einem erhöhten Sterbegeschehen betroffen. In den Altersgruppen ab 65 zeichnen sich zwei Phasen überhöhter Sterbezahlen ab, die von KW 13-16 nur gering ausfallen und von KW 43-53 deutlich über vorherige Maxima hinausragen. Die resultierende Übersterblichkeit der Einzelgruppen und insgesamt wird auf der folgenden Seite berechnet.

Differenz der wöchentlichen Sterbezahlen in 2020 zum altersbereinigten Mittelwert 2015-2019

Altersgruppe	0-4	5-9	10-14	15-19	20-24	25-29	30-34	35-39	40-44	45-49	50-54	55-59	60-64	65-69	70-74	75-79	80-84	85-89	90
KW	2020																		
1	-2	1	1	2	-1	-2	-5	1	3	-2	5	-10	-22	0	-10	-12	-43	-80	-92
2	0	-1	1	1	-2	-2	-3	2	-5	-5	-5	4	2	-13	-3	-7	-46	-50	-99
3	3	3	3	1	-3	0	2	-1	-1	2	1	-7	-4	-4	-19	-30	-38	-56	-40
4	-1	-1	0	1	2	3	-1	-3	1	-3	4	-9	-11	0	19	-2	-53	-19	-82
5	0	-1	0	0	-1	-1	-3	5	-1	0	-6	-4	-9	2	-12	7	-26	-25	-81
6	3	0	1	-1	1	1	0	-3	-5	-1	2	-3	-2	5	-7	-5	-38	-55	-119
7	0	1	1	-2	1	-2	-4	4	-2	-1	-11	-8	0	-22	-8	-16	-38	-63	-73
8	-1	3	-2	-2	0	-1	1	-7	-1	3	4	-4	3	-15	-26	-37	-38	-33	-107
9	-1	-1	-1	0	0	3	-3	-1	0	-1	-6	-8	-3	-13	-24	-40	-37	-47	-112
10	0	-1	0	1	1	0	-1	-2	3	-8	-5	-10	-5	-14	-15	-3	-34	-51	-56
11	2	0	-1	0	-3	3	-1	0	6	2	-6	-8	-7	-17	-5	-3	-11	-15	-35
12	0	0	0	-2	-1	0	3	3	-1	-2	0	-5	-4	4	5	34	39	-5	23
13	0	0	-1	0	2	-1	0	0	0	0	8	5	9	37	32	22	42	97	97
14	0	-1	-1	-1	0	1	2	3	-1	0	4	4	-7	37	22	35	87	112	193
15	-2	-1	0	3	1	1	1	3	-1	6	-9	-2	6	-1	34	32	44	90	120
16	0	1	-1	2	4	1	-4	3	-4	4	4	-14	2	7	9	18	46	67	114
17	2	0	-1	0	0	2	1	2	4	6	5	7	0	-12	6	-19	7	35	44
18	0	-1	-1	3	1	-2	-2	3	-4	-9	-10	-4	-6	-13	-17	-32	-18	3	40
19	0	-1	-1	0	2	-1	-1	8	-6	-1	-2	-5	-6	-14	1	4	-33	-7	-39
20	1	1	-1	-2	0	2	0	-2	-2	2	3	3	-8	-19	-11	-1	-11	-41	-23
21	0	-1	-1	-2	7	-4	-2	1	0	1	-7	-7	-7	-3	4	-19	-24	-23	-23
22	-2	0	1	0	-2	4	-1	-3	2	-4	-5	0	5	-18	-26	-19	-35	-22	-13
23	0	0	0	-1	-3	0	2	2	5	-8	-4	-6	-2	-15	-4	-8	-35	3	-5
24	0	0	1	-1	3	0	2	-1	-1	0	-3	2	-18	7	-14	-7	-3	-19	-18
25	-1	0	0	-2	1	5	-3	0	0	9	-11	-9	0	-12	1	-24	-25	-17	-26
26	-4	0	-1	0	1	-1	-1	2	-2	-2	-6	5	-3	-8	1	-10	-4	-19	-52
27	-1	2	0	-1	-2	0	0	3	-3	1	-5	8	-7	-5	-8	-5	-21	-15	-42
28	1	-1	0	-1	-1	-6	-1	-2	-7	-5	7	0	10	-16	-15	10	-14	-46	-10
29	-1	-1	-1	-1	0	-2	-5	0	1	1	-8	-12	-14	-20	-24	-29	-7	-46	-33
30	6	1	0	0	-2	-1	0	0	-3	-5	6	-7	9	-10	-35	-8	-11	-34	-30
31	-4	-1	0	1	0	1	0	0	-2	0	5	6	1	-14	6	-7	-4	24	13
32	0	0	-1	2	0	-1	4	0	-1	0	2	-8	-7	-8	0	1	-3	-43	-18
33	-3	-1	0	0	3	2	-1	-1	-3	2	3	4	2	-24	-6	-3	8	-12	11
34	-2	-1	0	2	0	1	0	2	-5	-1	-1	-13	-5	-2	-10	7	-26	-14	28
35	0	0	0	-1	-1	-2	-3	-4	0	-8	0	-5	1	-5	6	-22	-22	-16	3
36	6	1	3	1	0	1	5	0	-3	-2	-6	-6	-16	1	-7	-17	-12	-12	-26
37	-2	0	2	1	1	-2	1	-3	-2	-6	1	-14	10	4	-5	-7	-10	11	0
38	2	-1	0	-1	-1	1	2	1	-4	-3	-10	-11	-27	3	-15	6	0	12	-8
39	5	-1	0	1	2	1	-2	2	5	-8	3	-3	4	2	-15	-20	1	14	-45
40	3	0	-1	-3	-2	2	3	-2	4	1	-14	2	-18	8	4	-7	-22	-35	-28
41	-3	0	1	0	4	-3	-2	-1	1	11	-11	-9	20	-7	-3	-7	-1	-4	10
42	-4	1	0	0	-2	-2	1	-1	4	-4	-9	-10	-13	-22	3	2	-27	12	24
43	9	0	-1	2	-1	0	1	1	0	1	5	0	1	-2	12	7	9	51	71
44	4	1	0	1	-1	-2	1	-3	1	5	-3	-11	-4	17	-2	63	31	103	157
45	2	2	1	-2	-1	0	-3	0	-3	11	-3	1	10	38	25	96	114	194	245
46	-1	0	0	1	0	-1	-3	2	-3	4	5	2	6	10	50	103	121	235	252
47	-3	0	3	0	5	-3	-2	-4	-5	-2	7	-8	6	25	51	93	170	201	263
48	-3	-1	1	1	0	0	0	0	-1	0	-9	-9	7	29	62	72	131	204	216
49	-5	0	1	1	1	-1	-2	1	-2	-6	3	1	18	27	40	61	121	223	290
50	-2	-1	0	-2	0	0	7	4	-1	1	10	12	10	12	32	89	167	190	279
51	-5	0	-1	-1	0	-2	1	-1	7	2	2	-3	-10	30	33	89	104	229	257
52	3	-1	0	0	0	0	0	-2	-3	-3	-5	-1	5	6	72	62	138	158	209
53	-3	-1	0	2	2	5	-1	1	3	1	-6	-8	16	6	6	52	101	125	211
Summe	-1	-2	3	-1	13	-10	-19	11	-41	-25	-89	-184	-102	-65	189	497	590	1.289	1.624
Gesamt	3.677																		

Summe der Differenzen (= Übersterblichkeit altersbereinigt) in 2020: +3'677

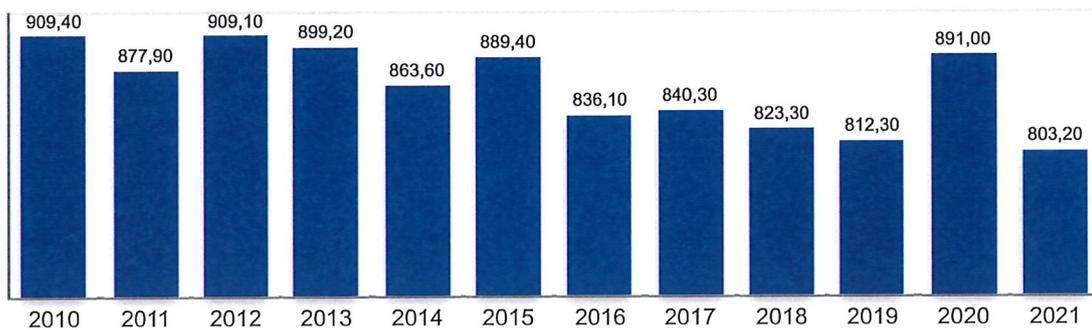
Sterbefälle pro Altersgruppe 2020/2021 im Vergleich zu 2010 bis 2019 (jeweils bis 31.12.) in der Schweiz

verstorben	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	Rang 2020	Rang 2021
0-4 Jahre	338	344	334	356	366	386	343	355	337	318	359	296	3	12
5-9 Jahre	27	41	31	36	21	32	22	27	31	38	31	28	5	8
10-14 Jahre	32	38	27	28	34	36	33	29	40	27	37	32	3	7
15-19 Jahre	115	92	96	104	93	94	76	83	98	75	87	82	8	10
20-24 Jahre	140	186	160	145	125	159	135	136	150	150	165	126	2	11
25-29 Jahre	182	183	162	188	183	178	201	183	170	163	169	189	10	2
30-34 Jahre	226	244	229	215	232	220	211	226	201	200	204	224	10	6
35-39 Jahre	322	309	292	308	290	286	295	311	301	272	328	255	1	12
40-44 Jahre	614	554	546	513	499	455	438	423	444	428	398	382	11	12
45-49 Jahre	1.005	1.067	942	977	830	888	801	800	799	680	736	625	10	12
50-54 Jahre	1.424	1.385	1.466	1.428	1.453	1.451	1.434	1.408	1.376	1.270	1.312	1.221	10	12
55-59 Jahre	2.034	1.917	2.039	2.090	2.058	2.045	1.992	2.090	2.036	2.000	2.055	2.105	5	1
60-64 Jahre	3.022	2.877	2.946	2.828	2.706	2.824	2.738	2.675	2.816	2.761	2.910	2.967	4	2
65-69 Jahre	4.013	4.104	4.137	4.096	4.138	4.172	3.992	3.894	3.847	3.798	3.898	3.895	8	9
70-74 Jahre	4.746	4.776	4.965	5.216	5.247	5.639	5.551	5.624	5.597	5.875	6.184	5.735	1	3
75-79 Jahre	7.101	7.017	6.873	6.828	6.709	7.147	6.719	7.178	7.322	7.575	8.642	8.327	1	2
80-84 Jahre	10.380	10.040	10.337	10.354	10.073	10.471	10.155	10.140	10.109	10.118	11.383	10.214	1	6
85-89 Jahre	12.598	12.513	12.834	13.074	12.918	13.354	12.948	13.444	13.275	13.360	15.708	13.502	1	2
90+ Jahre	14.234	14.404	15.757	16.177	15.963	17.769	16.880	17.945	18.139	18.672	21.589	19.439	1	2
Σ verstorben	62.553	62.091	64.173	64.961	63.938	67.606	64.964	66.971	67.088	67.780	76.195	69.644		
Einwohner	31.12.09	31.12.10	31.12.11	31.12.12	31.12.13	31.12.14	31.12.15	31.12.16	31.12.17	31.12.18	31.12.19	31.12.20	Δ10-20	Δ10-21
0-4 Jahre	382.170	389.540	398.095	404.449	411.610	418.295	423.031	430.115	433.743	437.880	437.695	437.118	14,5 %	14,4 %
5-9 Jahre	381.376	383.173	385.863	390.062	397.741	404.759	413.257	420.456	426.484	430.304	435.348	439.685	14,2 %	15,3 %
10-14 Jahre	417.675	412.857	410.691	406.092	402.926	401.927	400.504	404.420	408.828	415.562	421.875	429.468	1,0 %	2,8 %
15-19 Jahre	454.904	451.325	447.894	442.704	441.234	438.771	438.711	436.475	431.439	425.712	422.280	420.030	-7,2 %	-7,7 %
20-24 Jahre	470.871	478.288	491.602	498.088	498.961	498.313	496.048	495.535	488.709	483.445	479.503	478.181	1,8 %	1,6 %
25-29 Jahre	507.179	511.118	527.804	532.258	543.207	551.444	560.587	568.581	572.817	569.288	565.847	559.953	11,6 %	10,4 %
30-34 Jahre	525.183	534.233	546.818	559.161	570.734	582.448	589.284	596.100	598.895	606.490	612.081	620.459	16,5 %	18,1 %
35-39 Jahre	570.943	563.149	553.890	554.086	559.571	566.720	579.210	590.339	600.727	608.706	617.095	622.771	8,1 %	9,1 %
40-44 Jahre	642.499	634.084	624.940	615.491	605.311	597.760	590.167	584.230	582.171	583.783	588.156	599.618	-8,5 %	-6,7 %
45-49 Jahre	634.893	649.586	662.507	667.709	668.254	662.100	654.245	644.679	633.596	620.649	610.169	601.859	-3,9 %	-5,2 %
50-54 Jahre	550.052	566.570	582.357	599.998	621.473	642.615	657.774	669.041	673.096	671.146	662.817	654.609	20,5 %	19,0 %
55-59 Jahre	481.840	487.826	499.696	512.120	527.148	543.463	560.277	575.812	591.887	610.732	630.020	644.500	30,8 %	33,8 %
60-64 Jahre	457.530	461.129	457.353	458.224	458.714	463.486	468.979	480.708	491.373	503.529	517.347	532.379	13,1 %	16,4 %
65-69 Jahre	383.053	398.756	411.009	420.165	427.426	430.556	433.593	430.368	429.492	427.996	430.612	434.914	12,4 %	13,5 %
70-74 Jahre	300.300	304.397	312.450	326.356	341.072	356.726	371.249	384.240	392.361	398.116	400.091	402.215	33,2 %	33,9 %
75-79 Jahre	253.734	256.566	259.407	261.434	265.528	269.582	273.343	281.899	294.176	307.537	321.427	334.252	26,7 %	31,7 %
80-84 Jahre	191.585	195.108	197.484	201.444	204.553	208.501	211.503	214.971	217.197	220.832	224.513	227.086	17,2 %	18,5 %
85-89 Jahre	119.610	122.280	123.024	125.002	127.339	130.154	133.393	136.470	139.897	142.816	146.278	147.174	22,3 %	23,0 %
90+ Jahre	60.409	64.027	61.778	64.217	66.829	70.046	71.971	75.111	77.242	80.004	82.879	84.029	37,2 %	39,1 %
Σ Bevölker.	7.785.806	7.864.012	7.954.662	8.039.060	8.139.631	8.237.666	8.327.126	8.419.550	8.484.130	8.544.527	8.606.033	8.670.300		
Todesfälle/100'000	Berechnung der prozentualen Sterberaten pro Altersgruppe und Kalenderjahr												Rang 2020	Rang 2021
0-4 Jahre	0,088 %	0,088 %	0,084 %	0,088 %	0,089 %	0,092 %	0,081 %	0,083 %	0,078 %	0,073 %	0,082 %	0,068 %	8	12
5-9 Jahre	0,007 %	0,011 %	0,008 %	0,009 %	0,005 %	0,008 %	0,005 %	0,006 %	0,007 %	0,009 %	0,007 %	0,006 %	7	10
10-14 Jahre	0,008 %	0,009 %	0,007 %	0,007 %	0,008 %	0,009 %	0,008 %	0,007 %	0,010 %	0,006 %	0,009 %	0,007 %	4	8
15-19 Jahre	0,025 %	0,020 %	0,021 %	0,023 %	0,021 %	0,021 %	0,017 %	0,019 %	0,019 %	0,018 %	0,021 %	0,020 %	7	9
20-24 Jahre	0,030 %	0,039 %	0,033 %	0,029 %	0,025 %	0,032 %	0,027 %	0,027 %	0,031 %	0,031 %	0,034 %	0,026 %	2	11
25-29 Jahre	0,036 %	0,036 %	0,031 %	0,035 %	0,034 %	0,032 %	0,036 %	0,032 %	0,030 %	0,029 %	0,030 %	0,034 %	10	5
30-34 Jahre	0,043 %	0,046 %	0,042 %	0,038 %	0,041 %	0,038 %	0,036 %	0,038 %	0,034 %	0,033 %	0,033 %	0,036 %	11	8
35-39 Jahre	0,056 %	0,055 %	0,053 %	0,056 %	0,052 %	0,050 %	0,051 %	0,053 %	0,050 %	0,045 %	0,053 %	0,041 %	4	12
40-44 Jahre	0,096 %	0,087 %	0,087 %	0,083 %	0,082 %	0,076 %	0,074 %	0,072 %	0,076 %	0,073 %	0,068 %	0,064 %	11	12
45-49 Jahre	0,158 %	0,164 %	0,142 %	0,146 %	0,124 %	0,134 %	0,122 %	0,124 %	0,126 %	0,110 %	0,121 %	0,104 %	10	12
50-54 Jahre	0,259 %	0,244 %	0,252 %	0,238 %	0,234 %	0,226 %	0,218 %	0,210 %	0,204 %	0,189 %	0,198 %	0,187 %	10	12
55-59 Jahre	0,422 %	0,393 %	0,408 %	0,408 %	0,390 %	0,376 %	0,356 %	0,363 %	0,344 %	0,327 %	0,326 %	0,327 %	12	11
60-64 Jahre	0,661 %	0,624 %	0,644 %	0,617 %	0,590 %	0,609 %	0,584 %	0,556 %	0,573 %	0,548 %	0,562 %	0,557 %	9	10
65-69 Jahre	1,05 %	1,03 %	1,01 %	0,97 %	0,97 %	0,97 %	0,92 %	0,90 %	0,90 %	0,89 %	0,91 %	0,896 %	8	11
70-74 Jahre	1,58 %	1,57 %	1,59 %	1,60 %	1,54 %	1,58 %	1,50 %	1,46 %	1,43 %	1,48 %	1,55 %	1,426 %	6	12
75-79 Jahre	2,80 %	2,73 %	2,65 %	2,61 %	2,53 %	2,65 %	2,46 %	2,55 %	2,49 %	2,46 %	2,69 %	2,491 %	3	9
80-84 Jahre	5,42 %	5,15 %	5,23 %	5,14 %	4,92 %	5,02 %	4,80 %	4,72 %	4,65 %	4,58 %	5,07 %	4,498 %	5	12
85-89 Jahre	10,53 %	10,23 %	10,43 %	10,46 %	10,14 %	10,26 %	9,71 %	9,85 %	9,49 %	9,35 %	10,74 %	9,174 %	1	12
90+ Jahre	23,6 %	22,5 %	25,5 %	25,2 %	23,9 %	25,4 %	23,5 %	23,9 %	23,5 %	23,3 %	26,0 %	23,134 %	1	11
rohe Sterbeziffer	8,03	7,90	8,07	8,08	7,86	8,21	7,80	7,95	7,91	7,93	8,85	8,03	1	6
standard. Sterberate	909,4	877,9	909,1	899,2	863,6	889,4	836,1	840,3	823,3	812,3	891,0	803,2		
Rang	1	6	2	3	7	5	9	8	10	11	4	12		

1 = schlechtester Rang; 12 = bester Rang

Auf die Bevölkerung von 2021 altersbereinigte Sterberaten von 2010 bis 2020

■ altersbereinigte Sterberate pro 100.000 in der Schweiz



Es liegen im Jahr 2020 bis zur 52. Kalenderwoche mit Ausnahme der Altersgruppen 80-89 (2. Rang) und 90+ (schlechtester 1. Rang) alle altersstandardisierten Sterberaten im Mittelfeld bis zu 3 Spitzenrängen. Die Sterberate von 803,2 markiert 2021 das Rekordjahr mit der niedrigsten altersstandardisierten Sterberate der letzten 12 Jahre. Dies entspricht nicht den Erwartungen an eine tödliche Pandemie historischen Ausmaßes.

Berechnung der Übersterblichkeit 2020 / 2021 (Anteil Covid-19)

Berechnung des Durchschnitts der auf die jeweilige Einwohnerzahl von 2021 umgerechneten Todesfallzahlen

Todesfälle → „CH2020“	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	Ø 2010-19
0-4 Jahre	387	386	367	385	389	403	354	361	340	317	359	301	369
5-9 Jahre	31	47	35	41	23	35	23	28	32	39	31	28	33
10-14 Jahre	33	40	28	30	36	38	35	31	42	28	38	32	34
15-19 Jahre	106	86	90	99	89	90	73	80	95	74	87	84	88
20-24 Jahre	142	186	156	139	120	153	130	131	147	148	165	126	145
25-29 Jahre	201	200	172	198	189	181	201	180	166	160	167	191	185
30-34 Jahre	267	283	260	239	252	234	222	235	208	205	207	229	241
35-39 Jahre	351	342	328	346	323	314	317	328	312	278	331	259	324
40-44 Jahre	573	524	524	500	494	456	445	434	457	440	406	386	485
45-49 Jahre	953	989	856	881	748	807	737	747	759	659	726	630	813
50-54 Jahre	1.695	1.600	1.648	1.558	1.530	1.478	1.427	1.378	1.338	1.239	1.296	1.223	1.489
55-59 Jahre	2.721	2.533	2.630	2.630	2.516	2.425	2.291	2.339	2.217	2.111	2.102	2.110	2.441
60-64 Jahre	3.516	3.322	3.429	3.286	3.141	3.244	3.108	2.963	3.051	2.919	2.995	2.975	3.198
65-69 Jahre	4.556	4.476	4.378	4.240	4.210	4.214	4.004	3.935	3.896	3.859	3.937	3.911	4.177
70-74 Jahre	6.357	6.311	6.391	6.428	6.188	6.358	6.014	5.887	5.738	5.935	6.217	5.751	6.161
75-79 Jahre	9.354	9.142	8.856	8.730	8.445	8.861	8.216	8.511	8.319	8.233	8.987	8.351	8.667
80-84 Jahre	12.303	11.686	11.886	11.672	11.183	11.404	10.903	10.711	10.569	10.405	11.513	10.244	11.272
85-89 Jahre	15.501	15.060	15.353	15.393	14.930	15.100	14.286	14.498	13.966	13.768	15.804	13.521	14.786
90+ Jahre	19.800	18.904	21.432	21.168	20.071	21.316	19.708	20.076	19.733	19.611	21.889	19.467	20.182
<b>Summe</b>	<b>78.847</b>	<b>76.115</b>	<b>78.820</b>	<b>77.961</b>	<b>74.877</b>	<b>77.114</b>	<b>72.496</b>	<b>72.854</b>	<b>71.385</b>	<b>70.429</b>	<b>77.255</b>	<b>69.819</b>	<b>75.090</b>

Übersterblichkeitsberechnung im Vergleich zum altersstandardisierten 10- und 5-Jahresvergleich

Altersgruppe	Übersterblichkeitsberechnung zum altersbereinigten Vorjahreszeitraum 2010 – 2019					Übersterblichkeitsberechnung zum Vorjahreszeitraum 2015 – 2019		
	Ø 2010-19	2020	Δ 2020 – Ø	2021	Δ 2021 – Ø	Ø 2015-19	Δ 2020 – Ø	Δ 2021 – Ø
0-4 Jahre	369	359	-10	301	-68	355	3	-54
5-9 Jahre	33	31	-2	28	-5	31	-0	-3
10-14 Jahre	34	38	4	32	-2	35	3	-3
15-19 Jahre	88	87	-2	84	-4	82	4	2
20-24 Jahre	145	165	19	126	-19	142	23	-16
25-29 Jahre	185	167	-18	191	6	178	-10	13
30-34 Jahre	241	207	-34	229	-12	221	-14	8
35-39 Jahre	324	331	7	259	-65	310	21	-51
40-44 Jahre	485	406	-79	386	-99	446	-41	-60
45-49 Jahre	813	726	-87	630	-183	742	-16	-112
50-54 Jahre	1.489	1.296	-193	1.223	-266	1.372	-76	-149
55-59 Jahre	2.441	2.102	-339	2.110	-331	2.277	-174	-167
60-64 Jahre	3.198	2.995	-203	2.975	-223	3.057	-62	-82
65-69 Jahre	4.177	3.937	-240	3.911	-266	3.982	-45	-71
70-74 Jahre	6.161	6.217	56	5.751	-410	5.986	230	-235
75-79 Jahre	8.667	8.987	320	8.351	-316	8.428	559	-77
80-84 Jahre	11.272	11.513	241	10.244	-1.028	10.799	715	-555
85-89 Jahre	14.786	15.804	1.019	13.521	-1.265	14.324	1.481	-803
90+ Jahre	20.182	21.889	1.707	19.467	-715	20.089	1.800	-622
<b>Summe</b>	<b>75.090</b>	<b>77.255</b>	<b>2.165</b>	<b>69.819</b>	<b>-5.271</b>	<b>72.855</b>	<b>4.399</b>	<b>-3.036</b>

## Über-/Untersterblichkeit in Bezug zu den Covid-19 Todesfallzahlen

Altersgruppe	2020			2021		
	$\Delta$ (2010-2019) 2020 – Ø	$\Delta$ (2015-2019) 2020 – Ø	Covid-19 (2020)	$\Delta$ (2010-2019) 2021 – Ø	$\Delta$ (2015-2019) 2021 – Ø	Covid-19 (2021)
0-9 Jahre	-12	3	2	-73	-58	77
10-19 Jahre	2	7	0	-6	-1	1
20-29 Jahre	2	12	3	-13	-2	1
30-39 Jahre	-27	7	8	-77	-43	11
40-49 Jahre	-166	-57	21	-282	-172	38
50-59 Jahre	-532	-251	119	-597	-316	150
60-69 Jahre	-443	-107	463	-489	-153	378
70-79 Jahre	376	789	1.562	-726	-313	816
80+ Jahre	2.966	3.995	5.633	-3.008	-1.979	2.662
<b>Summe</b>	<b>2.165</b>	<b>4.399</b>	<b>7.811</b>	<b>-5.271</b>	<b>-3.036</b>	<b>4.134</b>

Die Übersterblichkeit betrug 2020 gegenüber dem altersbereinigten Vorjahresmittel 2'165 Sterbefälle. Betrachtet man den Vorjahreszeitraum von 2015 bis 2019, erhöht sich dieser Wert auf 4'399. Es wurden in diesem Zeitraum 7'811 Covid-19 Sterbefälle berichtet. Das heißt, dass Covid-19 als Teil des normalen Sterbegeschehens in diesem Jahr vollständig substituiert war. Ein signifikant erhöhtes Sterbegeschehen ist 2020 erst ab Altersgruppe 70+ festzustellen.

2021 bestand dagegen eine Untersterblichkeit gegenüber dem altersbereinigten Vorjahresmittel von 2010 bis 2019 von 5'271 Sterbefällen. Es wurden in diesem Zeitraum 4'134 Covid-19 Sterbefälle in der Altersgruppe berichtet. Das heißt, dass Covid-19 als Teil des normalen Sterbegeschehens in diesem Jahr vollständig substituiert war.

Differenz der wöchentlichen Sterbezahlen 2021 zum altersbereinigten Maximum 2015-2019

Altersgruppe	0-4	5-9	10-14	15-19	20-24	25-29	30-34	35-39	40-44	45-49	50-54	55-59	60-64	65-69	70-74	75-79	80-84	85-89	90
KW	2021																		
1	-2	-1	-1	-1	-4	-6	-2	-6	-8	-7	2	-8	-20	-6	9	30	36	-10	1
2	-0	2	-1	-1	-4	-6	1	-0	-8	-5	-3	-1	3	6	-19	12	-18	-36	-86
3	-5	-1	-1	0	-4	-3	-5	-7	-3	-3	-13	-4	-14	-12	-50	3	-16	-5	-66
4	-6	-2	-2	-2	-3	-3	-4	-6	-7	-1	-8	-2	-6	-11	-15	20	-27	-70	-98
5	-0	-1	-2	2	-3	-0	-4	-1	-1	-2	-11	-21	-17	-3	-23	-47	-40	-89	-148
6	-5	1	-1	2	-1	-3	-2	-8	-0	-11	-1	-20	-4	-23	-69	-43	-63	-108	-199
7	-7	-0	-0	-1	-5	-9	-6	-5	-6	-13	-19	-25	-21	-32	-39	-23	-126	-191	-281
8	-5	-2	-2	-2	-1	1	-3	-8	-0	-3	-11	-29	-19	-18	-29	-70	-88	-161	-293
9	-1	-0	-2	-1	-1	-1	-3	-2	-11	-9	-21	-13	-15	-32	-38	-53	-119	-153	-271
10	-7	-2	-0	-2	-4	-5	-6	-6	-3	-10	-12	-4	-21	-39	8	-34	-103	-99	-211
11	-0	-0	-2	-1	-4	1	-1	-5	-4	-8	-9	-22	-16	-16	-17	-92	-92	-108	-193
12	-3	-2	-1	-3	0	-0	-3	-4	-5	-6	-9	-30	-23	-22	-45	1	-75	-87	-115
13	-0	-1	-1	-1	-1	0	-4	-1	-2	-7	-15	-11	-25	-11	-17	-34	-72	-49	-94
14	-3	-2	-1	1	0	-5	-2	-3	-6	-4	-2	-14	-16	4	-26	-49	-31	-72	-87
15	-1	-0	-2	-1	-2	-2	-1	-9	-1	-3	-23	-6	-3	3	-25	-7	-52	-54	-49
16	-5	-0	-2	-1	0	1	-5	-5	-8	-6	-3	-29	4	-19	-16	6	-37	-63	-85
17	-8	-1	-3	1	-1	-2	1	-8	-1	-9	-7	-12	5	-12	-27	-24	-24	-26	-53
18	2	-1	-1	-1	-2	1	-0	-1	-3	-1	-5	-14	-14	-27	-20	-2	-40	-64	-90
19	1	-1	-2	0	-2	-2	1	-5	-5	-2	-8	-6	-14	-29	-15	5	-14	-52	-8
20	-5	2	-2	-5	-5	-1	-5	-6	-4	-3	-11	1	-19	-17	-3	-11	-23	-56	-67
21	-5	-0	3	0	-2	-3	-1	-6	-4	-0	-4	-5	-16	10	-27	-31	-43	-40	-58
22	-6	-1	-1	-2	-4	-1	1	-3	-5	-7	-17	-5	0	-10	-10	-33	-22	-42	-23
23	-4	-0	-1	3	-2	-2	-1	-9	-5	-12	-3	-13	-1	-33	-3	-17	-51	-85	-43
24	-9	-1	-0	-2	-2	2	-2	-4	-6	-12	-11	-2	-12	-20	-16	-33	-18	-22	-24
25	-4	-1	-1	-2	-3	4	-6	-2	-2	-7	-6	-12	-21	-33	-9	-31	-48	-66	-41
26	-8	-2	-0	-6	0	0	3	-3	-8	-10	-12	-24	-22	-15	-20	-18	-34	-50	-54
27	-2	-3	-1	-3	-5	-2	-2	1	-3	2	-6	-31	-1	-14	-31	-52	-56	-47	-81
28	-6	-2	-0	-2	-3	-8	-0	-2	-9	-8	-6	-21	-12	-12	-18	-42	-81	-52	-128
29	-1	-2	-2	-1	0	-7	-8	-3	-2	0	-21	-15	-26	-22	-10	-22	-50	-50	-61
30	-7	-0	-0	-2	-3	-5	-7	-4	-8	-4	-13	-13	-15	-2	-40	-24	-45	-30	-63
31	-7	-2	-2	-4	-4	-3	-3	-1	-0	-5	-22	-16	-21	-14	-19	-24	-31	-73	-32
32	-8	-1	-2	-2	-1	0	-1	-4	-3	-3	-7	-2	-0	4	-10	-31	-10	-14	-45
33	-5	-2	0	-5	-4	-2	-0	-2	-8	-12	2	9	-8	-4	-1	-31	-21	-60	-13
34	-8	-1	-0	-2	-2	-1	-4	-5	-6	-8	-10	-5	-7	3	-26	-18	-59	-25	-16
35	-4	1	-2	-4	-3	-6	-4	-7	-1	-10	-17	-6	23	-2	-1	-20	-23	4	-21
36	-0	-0	-1	0	-1	-2	-0	-7	2	-11	-17	-10	-12	-6	-3	-18	-18	-4	19
37	-2	-1	-0	-4	-2	-1	-0	-4	-8	-2	0	-16	-19	-3	-6	-21	-42	8	19
38	-1	-2	-0	-4	3	-2	-0	-5	-9	-11	0	-8	-11	-20	1	-11	-46	-46	-35
39	-2	-1	-1	1	-1	-3	-0	-3	-0	-8	-6	-10	-25	-8	1	-20	-28	6	-45
40	-6	-1	-2	-4	-5	-3	-0	-1	-4	-10	-7	-21	-28	-9	-13	-18	-44	-52	-46
41	-10	-1	-0	0	-3	-1	-0	-5	-1	7	-16	-5	-5	-19	-19	-11	-23	-38	-69
42	-8	-1	-0	0	-2	-2	-1	-2	1	-0	-14	-15	-17	-7	-22	-6	-32	-26	-73
43	-1	1	-1	0	-4	-5	-1	-3	-4	-5	2	1	-23	-15	-27	-21	6	5	-19
44	-6	-0	-2	-2	-1	-5	-5	-5	-7	-9	-18	-16	8	-17	-34	-39	-33	-43	-6
45	-3	-2	-1	-3	0	-4	3	-4	-7	-10	-13	-29	-10	-18	9	-27	-13	-35	17
46	-3	-1	-0	-3	-4	-4	-6	-4	-3	-1	-4	-19	-24	-17	-11	-4	-30	25	-1
47	-7	-1	1	0	-1	-4	1	-4	-2	-11	-2	-12	12	-2	-1	-23	25	-31	67
48	-8	-3	0	1	-2	-2	-4	-4	-5	-7	-14	-10	0	-5	-10	-19	24	26	100
49	-10	-1	-2	-3	3	0	-5	-4	-6	-4	-5	-17	-2	10	10	22	14	-9	126
50	-7	-3	-0	-1	-4	2	-0	6	-7	-12	-8	-0	5	-2	1	-10	22	11	69
51	-5	-1	-2	0	-2	-3	-2	-4	-6	-7	-19	-5	-20	8	-37	-2	-19	2	-94
52	-4	-2	-2	-4	-1	-4	2	-6	-5	-16	-16	5	-11	-3	-42	3	5	-105	-67

Differenz der wöchentlichen Sterbezahlen 2021 zum altersbereinigten Mittelwert 2015-2019

Altersgruppe	0-4	5-9	10-14	15-19	20-24	25-29	30-34	35-39	40-44	45-49	50-54	55-59	60-64	65-69	70-74	75-79	80-84	85-89	90	
KW	2021																			
1	0	-0	-0	0	-2	-3	-0	-1	-6	-5	7	3	-8	5	23	52	54	51	123	
2	2	2	0	1	-2	-1	2	1	-4	-3	1	4	17	16	-0	29	28	62	14	
3	-3	-1	-0	1	-1	-1	-2	-2	2	-0	-8	6	0	3	-28	18	15	50	84	
4	-0	-1	-1	-1	0	-2	-1	-3	-4	1	-4	2	1	-4	1	33	2	10	-16	
5	2	0	-1	3	-1	1	-1	3	1	2	-4	-18	-2	6	-2	-20	-27	-37	-80	
6	-3	1	-0	3	1	0	0	-6	2	-4	5	-15	10	-3	-39	-11	-28	-67	-84	
7	-6	1	0	-1	-2	-3	-3	-2	-3	-9	-13	-13	-4	-14	-27	-8	-55	-85	-105	
8	-2	-0	0	-1	1	2	-1	-5	2	1	-8	-16	-10	-8	-16	-35	-47	-72	-129	
9	4	1	-0	-1	0	1	-1	1	-6	-6	-12	-8	-4	-14	-27	-24	-63	-88	-139	
10	-4	-1	1	-0	-2	-2	-2	-3	0	-5	-5	0	-15	-24	17	-11	-41	-61	-137	
11	2	1	-1	0	-2	3	0	-1	-1	-2	-3	-10	-3	-7	-3	-49	-46	-54	-117	
12	-1	0	0	-1	1	2	1	-0	-0	-4	1	-16	-10	-14	-26	7	-41	-53	-43	
13	2	-1	-1	0	0	3	1	0	0	-3	-10	-3	-17	-3	0	-16	-35	-29	-53	
14	1	-1	-1	1	0	-2	-1	-0	-1	-0	5	-1	-10	8	-11	-30	-17	-49	-56	
15	2	0	-1	-0	-0	-0	-1	-3	1	2	-13	3	5	12	-12	-1	-36	-33	-25	
16	-4	1	-1	0	1	2	2	-3	-4	-2	3	-21	16	-5	-3	14	-23	-26	-40	
17	-4	-1	-1	2	1	-1	2	-3	2	-5	1	-6	14	2	-12	-3	-1	-3	-22	
18	6	-1	0	0	0	6	2	0	-0	1	2	-8	-1	-16	-8	6	-17	-38	-57	
19	5	-1	-1	1	-1	0	3	-3	-2	3	-5	-3	-1	-13	-8	21	-1	-40	-1	
20	-1	3	-1	-3	-1	1	-3	-4	2	-1	1	5	-14	-8	4	0	-11	-31	-31	
21	0	0	3	0	-0	-1	1	-3	-2	4	1	3	-8	17	-6	-21	-32	-26	-42	
22	-1	-0	-0	-0	-3	0	1	0	-2	-4	-4	-1	7	-2	-1	-20	-5	-7	-3	
23	-1	0	-0	3	-0	0	-1	-4	1	-5	3	-5	5	-31	8	-4	-35	-63	-31	
24	-6	-0	0	-1	-0	4	-0	-1	-2	-9	-3	1	-2	-9	4	-17	-6	-12	14	
25	0	-0	-0	-1	-2	6	-3	3	2	-4	3	-0	-7	-15	7	-6	-13	-46	-18	
26	-4	-1	0	-2	1	2	5	0	-3	-8	-6	-11	3	-4	-12	-15	-20	-15	-33	
27	1	-1	0	-1	-2	-1	-1	3	-1	4	1	-22	6	5	-14	-20	-37	-22	-34	
28	0	-1	1	-1	-1	-4	2	1	-7	-5	-2	-2	0	1	-1	-14	-28	-26	-25	
29	3	-1	-1	1	1	-3	-4	-1	1	2	-5	-5	-22	-11	5	-8	-16	-20	-36	
30	-4	1	2	-1	-1	-3	-3	-2	-3	-2	-8	-3	-5	6	-23	-14	-30	-10	-39	
31	-5	-1	-1	-1	-2	1	-2	0	4	-0	-9	-11	-5	-10	-5	-3	-12	-40	-15	
32	-4	-0	-0	0	1	4	1	0	-0	-1	1	11	4	15	-3	-4	16	3	-6	
33	-2	-1	0	-3	-2	-1	2	-1	-4	-2	7	18	-2	5	4	-26	10	-43	13	
34	-3	0	0	-0	-0	2	1	-2	-2	-3	-7	5	-1	10	-18	13	-28	-19	10	
35	-2	1	-0	-2	-1	-0	-0	-4	4	-6	-6	3	28	8	11	4	1	13	6	
36	4	1	-0	1	1	0	2	-4	2	-2	-6	-1	-5	7	1	-3	6	24	31	
37	1	-0	1	-2	-1	2	1	-2	-4	1	9	-3	-12	2	1	4	-30	21	48	
38	3	-1	1	-2	5	0	2	-2	-6	-3	2	1	-3	-9	18	24	-19	-24	-4	
39	-1	-1	0	2	2	-1	1	-1	2	-1	1	0	-7	1	4	-11	-8	20	-22	
40	-2	-0	0	-1	-4	1	0	3	-1	-2	-3	-9	-13	-4	-3	-13	-30	-34	-20	
41	-4	-0	1	1	-1	-0	2	0	0	10	-8	5	-0	-4	-5	5	-6	-7	-37	
42	-4	-0	1	0	-0	1	1	0	4	1	-6	-1	-5	1	-4	8	-19	-13	-10	
43	0	2	0	2	-2	-2	0	1	0	-2	5	7	-14	-8	-13	-4	15	16	0	
44	-1	1	-1	-1	-0	-3	-2	-2	-5	-4	-11	-4	11	-3	-27	-18	-11	-15	37	
45	-0	-1	-1	-0	2	-1	4	-2	-4	-5	-10	-14	-3	-9	17	-13	5	16	51	
46	-0	-0	1	0	-2	-2	-4	1	-1	0	-1	-13	-15	-9	4	17	3	56	55	
47	2	-0	2	1	0	-3	3	-2	0	-5	2	0	17	10	13	16	41	-8	82	
48	-5	-0	0	2	-1	0	-0	0	-3	-4	-9	1	8	4	7	17	39	48	109	
49	-7	-0	-1	-3	3	2	-2	1	1	-1	3	-9	7	26	22	34	41	24	154	
50	-3	-1	1	1	-3	6	1	7	-4	-5	-3	4	12	2	9	14	35	43	99	
51	-0	-0	-1	2	-0	0	-2	-2	-4	0	-13	2	-13	21	-9	28	9	37	-26	
52	-1	-1	-1	-2	2	1	4	-3	-4	-9	-4	6	0	12	-26	32	33	-39	39	
Summe	-49	-3	-3	2	-15	13	9	-51	-59	-109	-144	-159	-74	-55	-212	-48	-521	-764	-567	
Gesamt	-2.809																			

Summe der Differenzen (= Untersterblichkeit altersbereinigt) in 2021: -2'809

Die aktuelle Situation in der Schweiz ist durch eine anhaltend niedrige Sterblichkeit gekennzeichnet, die überwiegend unter dem altersbereinigten Mittelwert der Vorjahre 2010-2019 liegt. Es ergibt sich altersbereinigt in allen Altersgruppen eine Untersterblichkeit von insgesamt 2'809 Sterbefällen unter altersbereinigtem Vorjahresmittelwert.

**Hospitalisierungen aufgrund von Atemwegsinfektionen 2015 bis 2020 in der Schweiz**

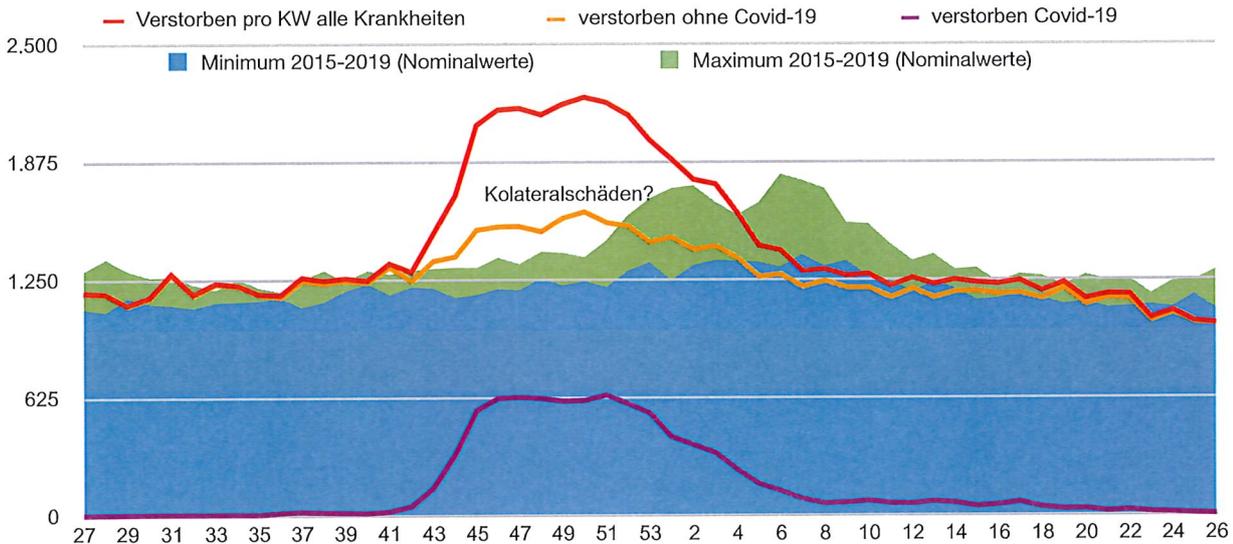
		0-9	10-19	20-29	30-39	40-49	50-59	60-69	70-79	80+
<b>Sepsis (ICD10-017)</b>	2020	76	66	113	207	403	1.050	2.018	3.423	4.320
	2019	63	64	159	272	397	1.098	2.086	3.652	4.943
	2018	79	61	83	186	411	800	1.593	2.584	3.491
	2017	41	23	27	76	178	443	955	1.412	1.741
	2016	68	41	88	140	363	766	1.474	2.232	2.993
	2015	70	53	105	142	368	816	1.649	2.478	3.088
<b>akute obere Atemwegs- Infektionen (ICD10-167)</b>	2020	1.145	107	137	188	144	209	212	257	384
	2019	1.621	166	164	178	150	234	249	307	451
	2018	1.650	137	180	196	159	238	218	304	441
	2017	883	71	78	78	89	79	101	167	194
	2016	1.717	144	166	190	180	234	210	314	342
	2015	1.527	151	170	191	134	228	200	305	383
<b>Grippe (ICD10-168)</b>	2020	527	88	127	172	182	305	423	622	760
	2019	506	68	126	162	239	486	792	1.290	2.028
	2018	549	74	108	213	308	586	930	1.503	2.397
	2017	131	23	29	49	70	149	288	586	952
	2016	410	75	123	129	139	215	324	500	564
	2015	309	65	56	103	160	245	387	578	1.040
<b>Pneumonie (ICD10-169)</b>	2020	911	197	399	942	2.032	4.656	6.652	9.535	12.655
	2019	1.538	273	377	665	864	1.598	3.000	5.464	9.149
	2018	1.486	254	396	618	1.007	1.702	3.162	5.504	8.980
	2017	617	139	176	285	490	937	1.637	3.067	4.527
	2016	1.514	292	397	623	981	1.692	2.959	4.822	8.157
	2015	1.403	272	390	615	990	1.653	3.044	5.106	8.795
<b>akute Bronchitis (ICD10-170)</b>	2020	4.180	32	3.337	35	63	87	121	211	407
	2019	6.568	32	27	71	80	145	212	391	700
	2018	6.286	45	52	54	80	139	192	389	713
	2017	3.500	23	33	30	40	59	81	172	281
	2016	6.891	52	48	63	72	140	194	331	654
	2015	6.058	40	24	43	76	131	196	342	659
<b>Summe 2020</b>		<b>6.839</b>	<b>490</b>	<b>4.113</b>	<b>1.544</b>	<b>2.824</b>	<b>6.307</b>	<b>9.426</b>	<b>14.048</b>	<b>18.526</b>
<b>Summe 2019</b>		<b>10.296</b>	<b>603</b>	<b>853</b>	<b>1.348</b>	<b>1.730</b>	<b>3.561</b>	<b>6.339</b>	<b>11.104</b>	<b>17.271</b>
<b>Summe 2018</b>		<b>10.050</b>	<b>571</b>	<b>819</b>	<b>1.267</b>	<b>1.965</b>	<b>3.465</b>	<b>6.095</b>	<b>10.284</b>	<b>16.022</b>
<b>Summe 2017</b>		<b>5.172</b>	<b>279</b>	<b>343</b>	<b>518</b>	<b>867</b>	<b>1.667</b>	<b>3.062</b>	<b>5.404</b>	<b>7.695</b>
<b>Summe 2016</b>		<b>10.600</b>	<b>604</b>	<b>822</b>	<b>1.145</b>	<b>1.735</b>	<b>3.047</b>	<b>5.161</b>	<b>8.199</b>	<b>12.710</b>
<b>Summe 2015</b>		<b>9.367</b>	<b>581</b>	<b>745</b>	<b>1.094</b>	<b>1.728</b>	<b>3.073</b>	<b>5.476</b>	<b>8.809</b>	<b>13.965</b>
<b>Covid-19 (2020 gesamt)</b>		<b>180</b>	<b>106</b>	<b>320</b>	<b>494</b>	<b>1.024</b>	<b>2.357</b>	<b>3.519</b>	<b>5.319</b>	<b>7.086</b>
<b>Covid-19 (2021 gesamt)</b>		<b>344</b>	<b>146</b>	<b>509</b>	<b>1.195</b>	<b>1.991</b>	<b>3.197</b>	<b>3.492</b>	<b>3.898</b>	<b>4.968</b>

Tabelle 8

**Quelle:**

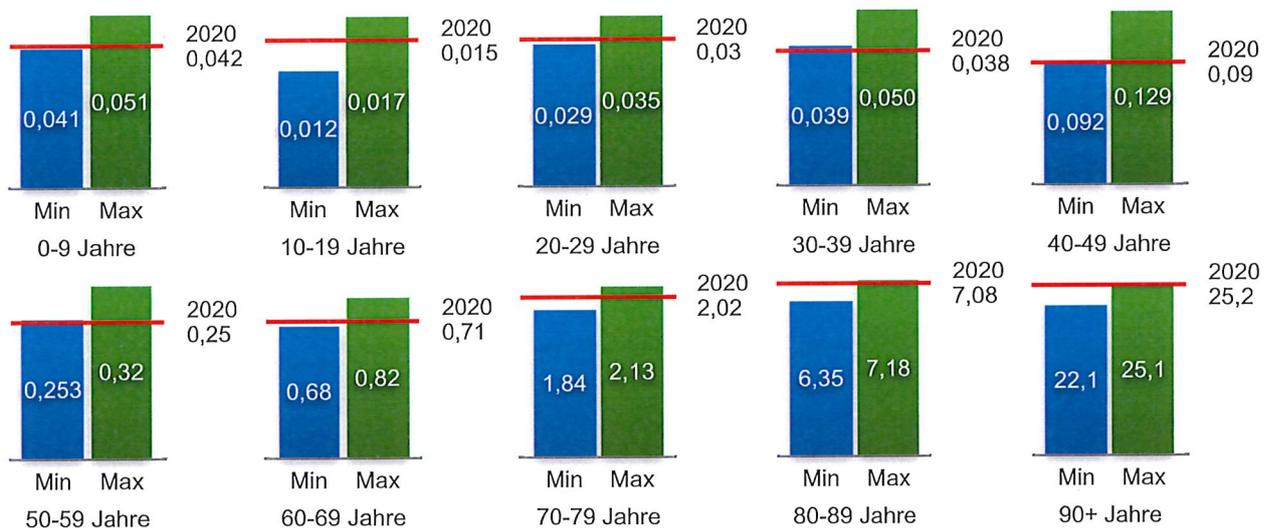
Bundesamt für Statistik: Medizinische Statistik der Krankenhäuser: Anzahl Fälle nach Hauptdiagnose, pro Altersklasse und Geschlecht, Dargestellter Zeitraum: 2019, veröffentlicht am 20.11.2020, URL: <https://www.bfs.admin.ch/bfs/de/home/statistiken/kataloge-datenbanken/tabellen.assetdetail.14841425.html>

**Gesamtzahl aller Verstorbenen pro Kalenderwoche in der Schweiz 2020/21 – saisonal**



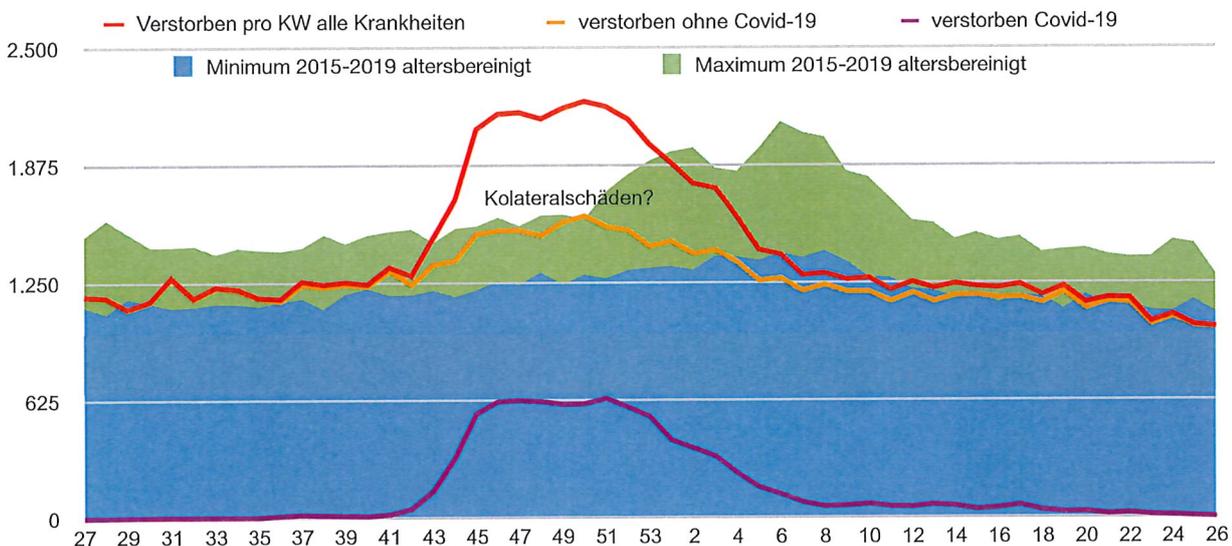
– Grafik 4 –

**Saisonale Sterberaten von KW 27/2020 bis KW 25/2021 pro Altersgruppe**



– Grafik 5 –

**Gesamtzahl aller Verstorbenen pro Kalenderwoche in der Schweiz 2020/21 – saisonal**

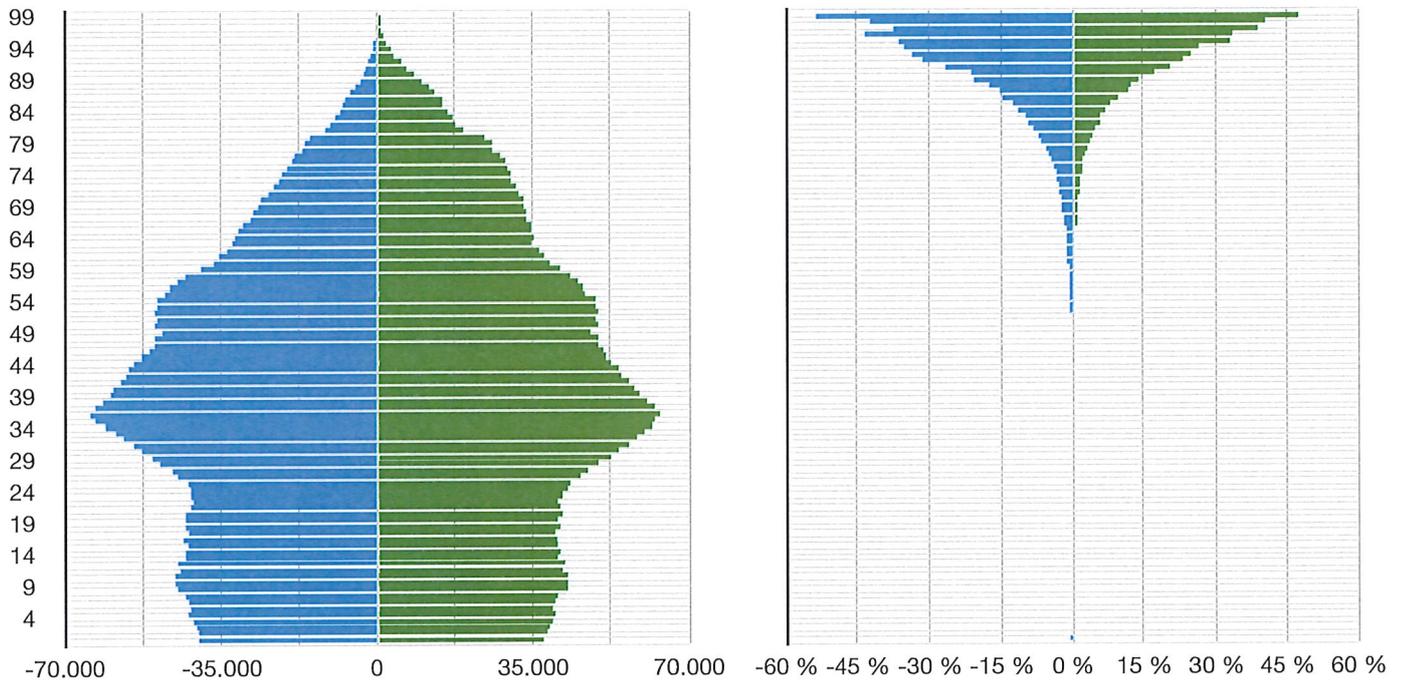


– Grafik 6 –



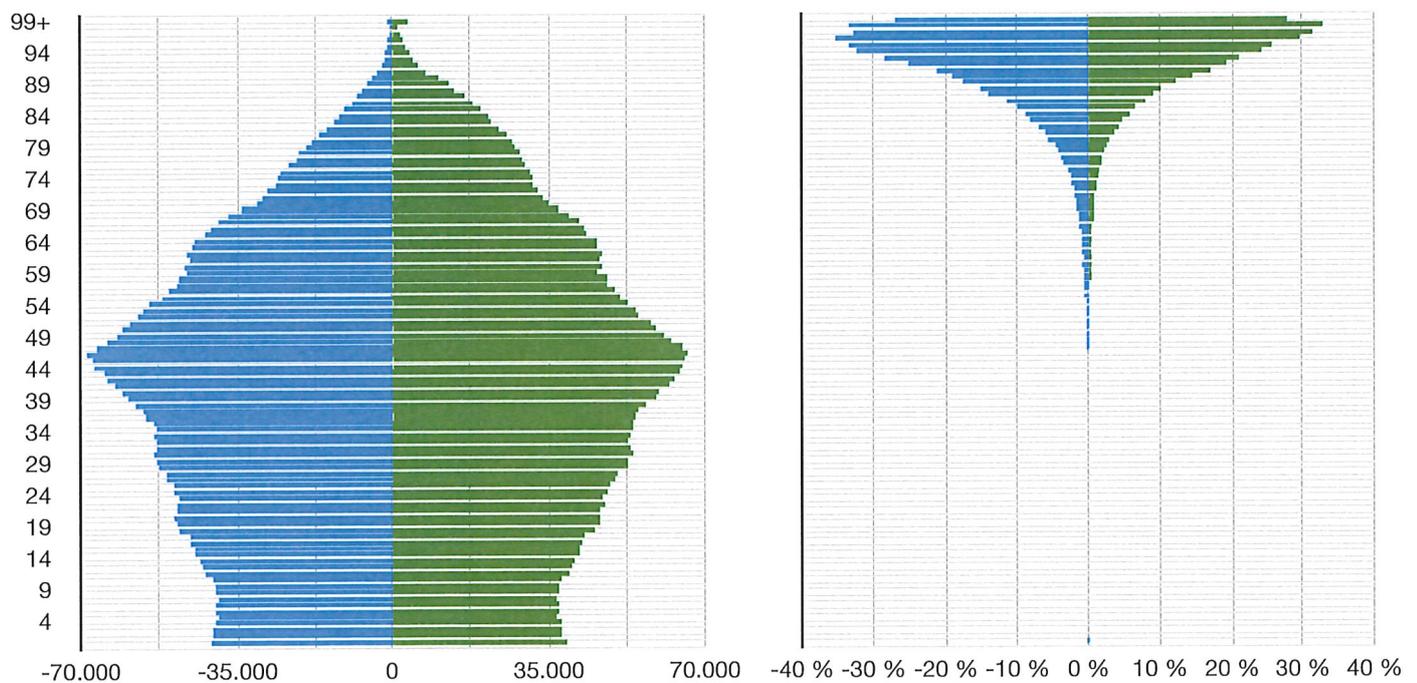
### Bevölkerungsentwicklung und Sterbegeschehen Alterspyramide der Bevölkerung in der Schweiz 2000<sup>2</sup>

■ Männer (2000)    ■ Frauen (2000)    ■ verstorben Anteil Männer    ■ verstorben Anteil Frauen



### Alterspyramide der Bevölkerung in der Schweiz 2010

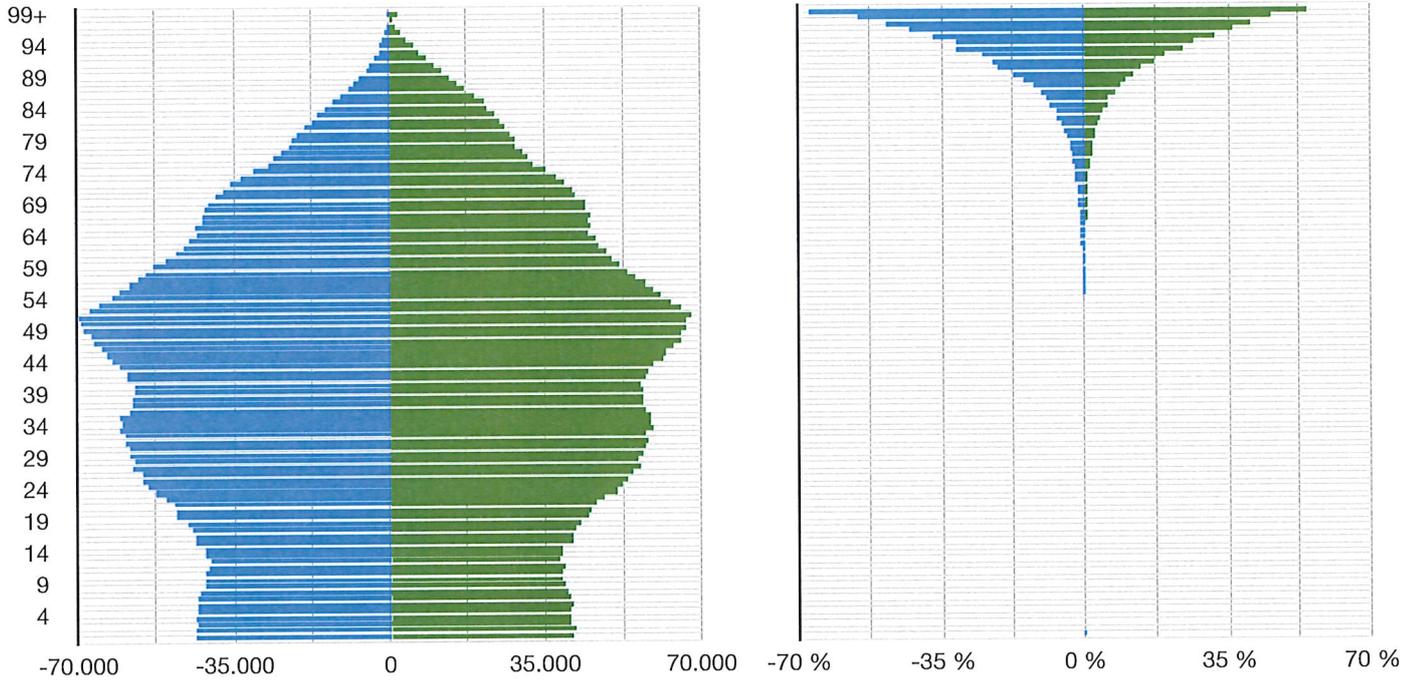
■ Männer (2010)    ■ Frauen (2010)    ■ verstorben Anteil Männer    ■ verstorben Anteil Frauen



<sup>2</sup> BFS: STAT-TAB - interaktive Tabellen; Demografische Bilanz nach Alter und Kanton; URL: [https://www.pxweb.bfs.admin.ch/pxweb/de/px-x-0102020000\\_104/-/px-x-0102020000\\_104.px/](https://www.pxweb.bfs.admin.ch/pxweb/de/px-x-0102020000_104/-/px-x-0102020000_104.px/)  
 BFS: STAT-TAB - interaktive Tabellen; Todesfälle nach Geschlecht, Staatsangehörigkeit, Zivilstand und Alter; URL: [https://www.pxweb.bfs.admin.ch/pxweb/de/px-x-0102020206\\_103/-/px-x-0102020206\\_103.px/](https://www.pxweb.bfs.admin.ch/pxweb/de/px-x-0102020206_103/-/px-x-0102020206_103.px/)

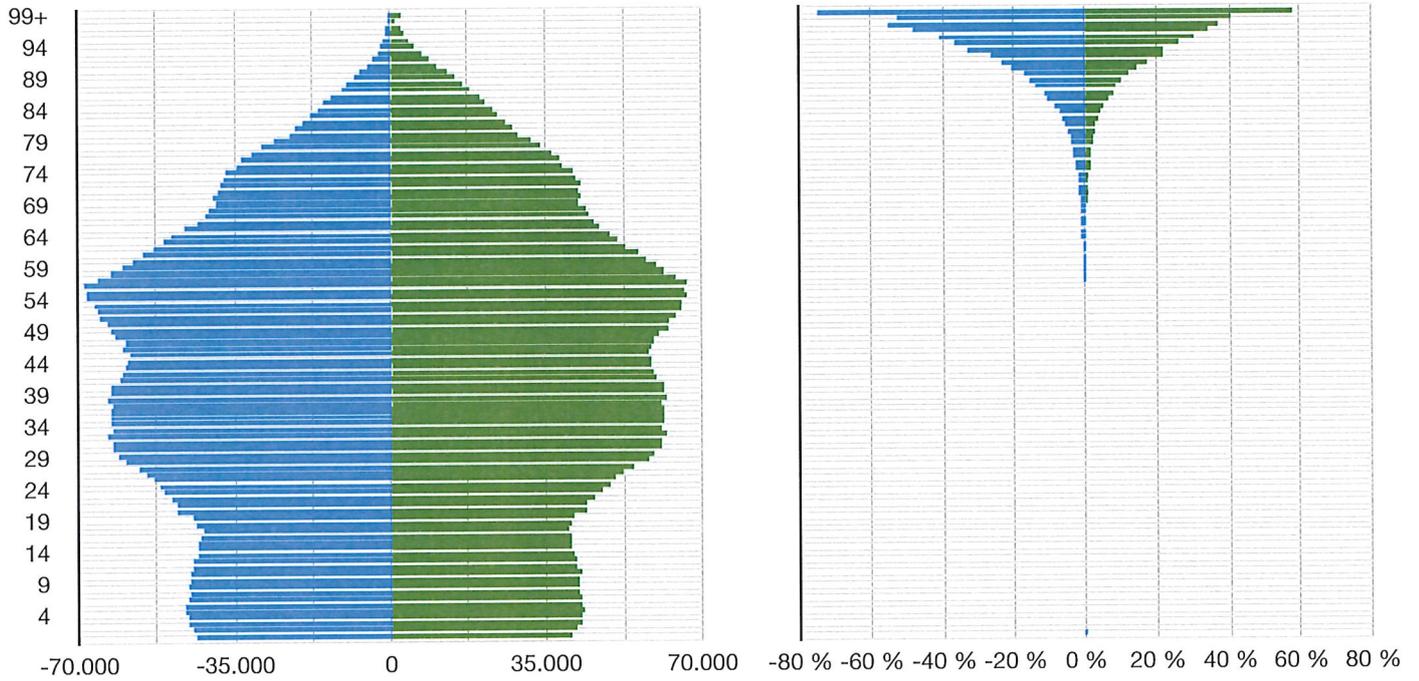
### Alterspyramide der Bevölkerung in der Schweiz 2015

■ Männer (2015)    ■ Frauen (2015)    ■ verstorben Anteil Männer    ■ verstorben Anteil Frauen



### Alterspyramide der Bevölkerung in der Schweiz 2020

■ Männer (2020)    ■ Frauen (2020)    ■ verstorben Anteil Männer    ■ verstorben Anteil Frauen



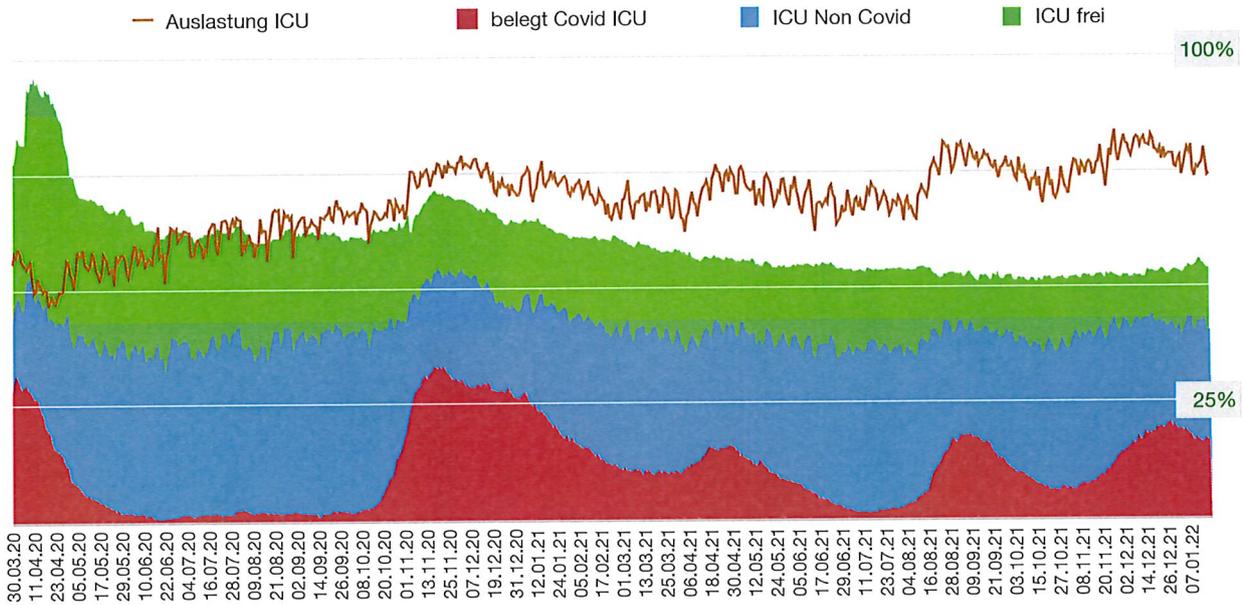
## Sterbeentwicklung pro Kalenderjahr 65 Jahre und mehr in der Schweiz (bei gleichbleibenden Sterberaten)

Jahr	65 Jahre und älter – Männer				65 Jahre und älter – Frauen			
	Einwohner	verstorben gesamt	Sterberate	Rang	Einwohner	verstorben gesamt	Sterberate	Rang
2010	576.615	24.166	4,191 %	17	764.519	28.136	3,68 %	16
2011	590.098	24.117	4,087 %	22	775.054	27.915	3,60 %	21
2012	608.255	24.680	4,058 %	26	790.363	29.316	3,71 %	13
2013	626.452	25.241	4,029 %	34	806.295	29.635	3,68 %	17
2014	643.701	25.111	3,901 %	36	821.864	28.987	3,53 %	28
2015	659.626	26.686	4,046 %	30	835.426	30.955	3,71 %	14
2016	674.610	25.682	3,807 %	39	848.449	29.628	3,49 %	36
2017	688.986	26.579	3,858 %	37	861.379	30.692	3,56 %	24
2018	703.051	26.755	3,806 %	40	874.250	30.621	3,50 %	33
2019	718.004	27.304	3,803 %	41	887.796	31.085	3,50 %	34
2020	730.463	31.779	4,351 %	12	899.207	34.478	3,83 %	8
2021	749.446	28.877	3,853 %	38	914.637	32.368	3,54 %	27
2022	769.218	30.992	4,029 %	35	931.917	33.661	3,61 %	20
2023	789.869	31.835	4,030 %	33	950.052	33.955	3,57 %	23
2024	811.602	32.756	4,036 %	32	970.319	34.394	3,54 %	26
2025	834.457	33.735	4,043 %	31	991.735	34.952	3,52 %	30
2026	858.449	34.761	4,049 %	29	1.014.375	35.596	3,51 %	31
2027	883.829	35.834	4,054 %	28	1.038.304	36.311	3,50 %	35
2028	910.638	36.947	4,057 %	27	1.064.073	37.084	3,49 %	38
2029	938.516	38.086	4,058 %	25	1.091.052	37.913	3,47 %	41
2030	964.646	39.223	4,066 %	24	1.116.097	38.789	3,48 %	40
2031	989.249	40.356	4,079 %	23	1.140.652	39.682	3,48 %	39
2032	1.011.394	41.459	4,099 %	21	1.163.481	40.606	3,49 %	37
2033	1.031.724	42.531	4,122 %	20	1.185.130	41.532	3,50 %	32
2034	1.049.836	43.569	4,150 %	19	1.204.782	42.474	3,53 %	29
2035	1.065.550	44.554	4,181 %	18	1.221.862	43.395	3,55 %	25
2036	1.079.541	45.496	4,214 %	16	1.237.520	44.297	3,58 %	22
2037	1.091.250	46.391	4,251 %	15	1.250.310	45.168	3,61 %	19
2038	1.100.151	47.239	4,294 %	14	1.261.085	45.999	3,65 %	18
2039	1.108.363	48.066	4,337 %	13	1.270.549	46.789	3,68 %	15
2040	1.114.405	48.873	4,386 %	11	1.278.497	47.543	3,72 %	12
2041	1.119.786	49.684	4,437 %	10	1.286.181	48.275	3,75 %	11
2042	1.125.176	50.519	4,490 %	9	1.293.184	48.990	3,79 %	10
2043	1.129.998	51.370	4,546 %	8	1.299.730	49.710	3,82 %	9
2044	1.134.490	52.244	4,605 %	7	1.306.437	50.441	3,86 %	7
2045	1.140.045	53.146	4,662 %	6	1.313.833	51.205	3,90 %	6
2046	1.144.753	54.042	4,721 %	5	1.320.410	52.013	3,94 %	5
2047	1.148.946	54.915	4,780 %	4	1.326.829	52.854	3,98 %	4
2048	1.151.502	55.739	4,841 %	3	1.331.146	53.729	4,04 %	3
2049	1.153.635	56.504	4,898 %	2	1.335.130	54.608	4,09 %	2
2050	1.154.775	57.179	4,952 %	1	1.338.361	55.495	4,15 %	1

Tabelle 1

Die Modellrechnung für obige Tabelle beruht auf der aktuellen Bevölkerung in 1er Altersgruppen für Männer und Frauen 2020. Es wird ohne Berücksichtigung evtl. Migrationsbewegungen von Jahr zu Jahr die aktuelle Bevölkerungszahl jeder Altersstufe ein Jahr höher gesetzt abzüglich der aufgrund der durchschnittlichen Sterberate dieser Altersstufe von 2015 bis 2020 zu erwartenden Abnahme. Das Sterbegeschehen berechnet sich ebenfalls anhand der durchschnittlichen prozentualen Sterberate von 2015-2020. In den nächsten 30 Jahren wird sich allein in dieser Altersgruppe die Sterbefallzahl etwa verdoppeln.

### ICU Belegung, Kapazität und Auslastung in der Schweiz



– Grafik 9 –

Mittlere Auslastung: 68.9%

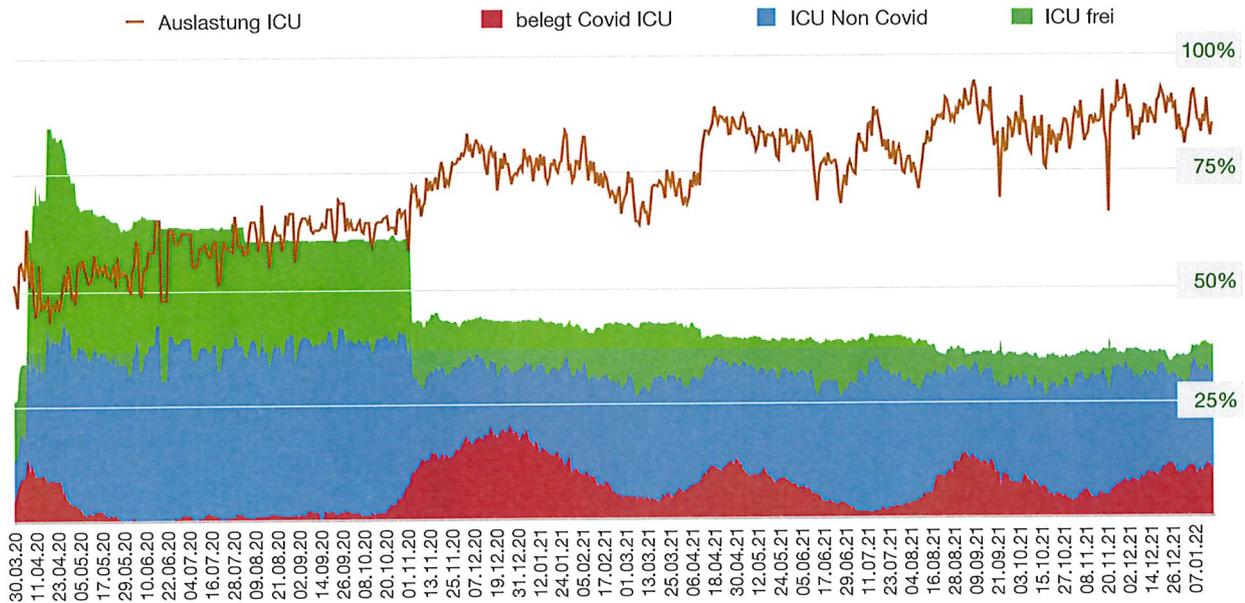
Auslastung am 17.01.2022: 74.3%

Maximal gemeldete Kapazität 1'570 Betten am 11.04.2020

Bettenkapazität am 17.01.2022 betrug 880 Betten

Reduzierung der gemeldeten Gesamtkapazität von 1'570 auf 880 Betten um 43.9%

### ICU Belegung, Kapazität und Auslastung im Kanton Zürich



– Grafik 10 –

Mittlere Auslastung: 73.1%

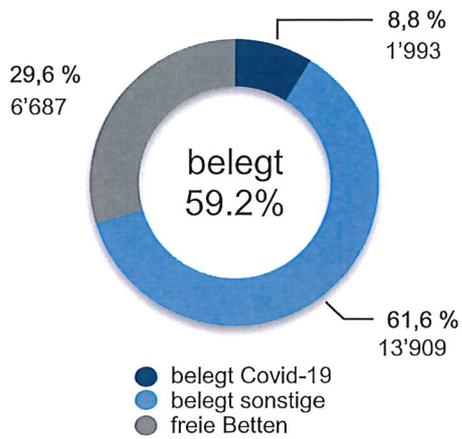
Auslastung am 17.01.2022: 85.2%

Maximal gemeldete Kapazität 428 Betten am 17.04.2020

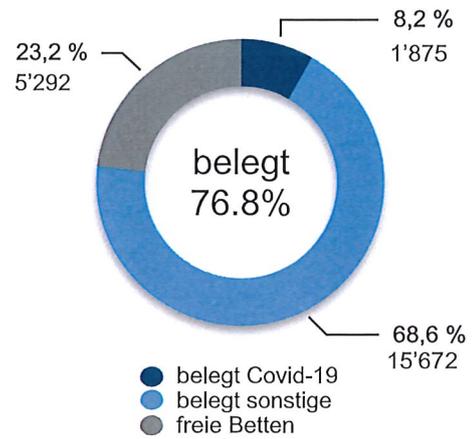
Bettenkapazität am 17.01.2022 betrug 161 Betten

Reduzierung der gemeldeten Gesamtkapazität von 428 auf 161 Betten um 62.4%

Belegung der Hospitalbetten am 17. Januar 2021 // 2022 (Quelle D.)

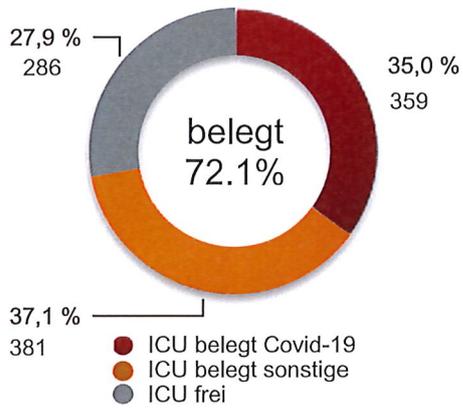


17.01.2021



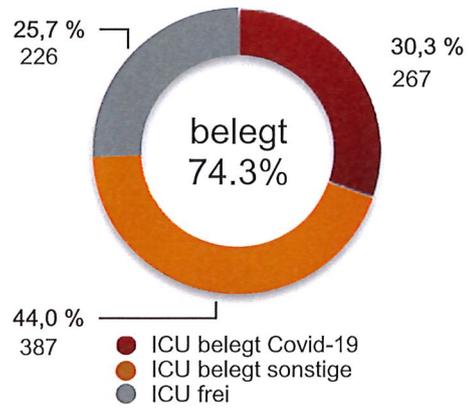
17.01.2022

Belegung der Intensivbetten (ICU) am 17. Januar 2020 // 2021 (Quelle D.)



27.12.2020

ICU Bettenzahl: 1'026

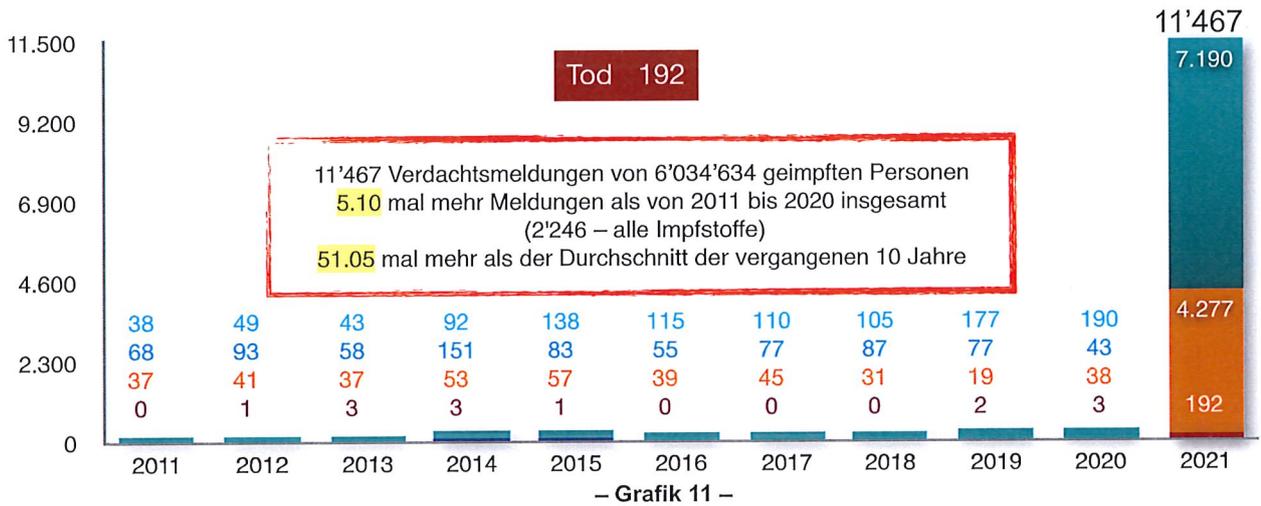


27.12.2021

ICU Bettenzahl: 880

**belegt bei 1'026 Betten: 63.7%**

Swissmedic Verdachtsmeldungen Covid-19 Impfnebenwirkungen (Stand 14.01.2022)



Disclaimer: In 192 der schwerwiegenden Fälle sind Personen in unterschiedlichem zeitlichen Abstand zur Impfung gestorben. Trotz einer zeitlichen Assoziation gibt es in keinem Fall konkrete Hinweise, dass die Impfung die Ursache für den Todesfall war.

Quelle: Swissmedic - Verdachtsmeldungen unerwünschter Wirkungen der Covid-19 Impfungen in der Schweiz - Update, URL: <https://www.swissmedic.ch/swissmedic/de/home/news/coronavirus-covid-19/covid-19-vaccines-safety-update-11.html>

betroffene Altersgruppen (Stand 14.01.2022)



– Grafik 12 –

## Erfassung/Nicht-Erfassung des Impfstatus in der Schweiz

## COVID19Cases\_vaccpersons

date	vaccine	vaccination_status	entries	sumTotal	pop	inz_entries	...	version
2021-11-09	all	fully_vaccinated	5	4588	5677544	0.09		2021-11-10_07-50-19
2021-11-09	all	partially_vaccinated	0	1012	171244	0		2021-11-10_07-50-19
2021-11-09	all	not_vaccinated	6	6596	2860567	0.21		2021-11-10_07-50-19
2021-11-09	all	unknown	2158	370651	NA	NA		2021-11-10_07-50-19

## COVID19Death\_vaccpersons

date	vaccine	vaccination_status	entries	sumTotal	pop	inz_entries	...	version
2021-11-29	all	fully_vaccinated	2	286	5784394	0.03		2021-11-30_07-48-34
2021-11-29	all	partially_vaccinated	0	81	152124	0		2021-11-30_07-48-34
2021-11-29	all	not_vaccinated	3	973	2772837	0.11		2021-11-30_07-48-34
2021-11-29	all	unknown	1	746	NA	NA		2021-11-30_07-48-34

## COVID19Hosp\_vaccpersons

date	vaccine	vaccination_status	entries	sumTotal	pop	inz_entries	...	version
2021-11-29	all	fully_vaccinated	3	1375	5784394	0.05		2021-11-30_07-48-34
2021-11-29	all	partially_vaccinated	0	239	152124	0		2021-11-30_07-48-34
2021-11-29	all	not_vaccinated	13	6672	2772837	0.47		2021-11-30_07-48-34
2021-11-29	all	unknown	1	4398	NA	NA		2021-11-30_07-48-34

Quelle: Covid-19 Schweiz – Informationen zur aktuellen Lage, Stand 20. Dezember 2021; Daten als .csv  
<https://www.covid19.admin.ch/de/overview>

## BAG:

## Fälle nach Impfstatus

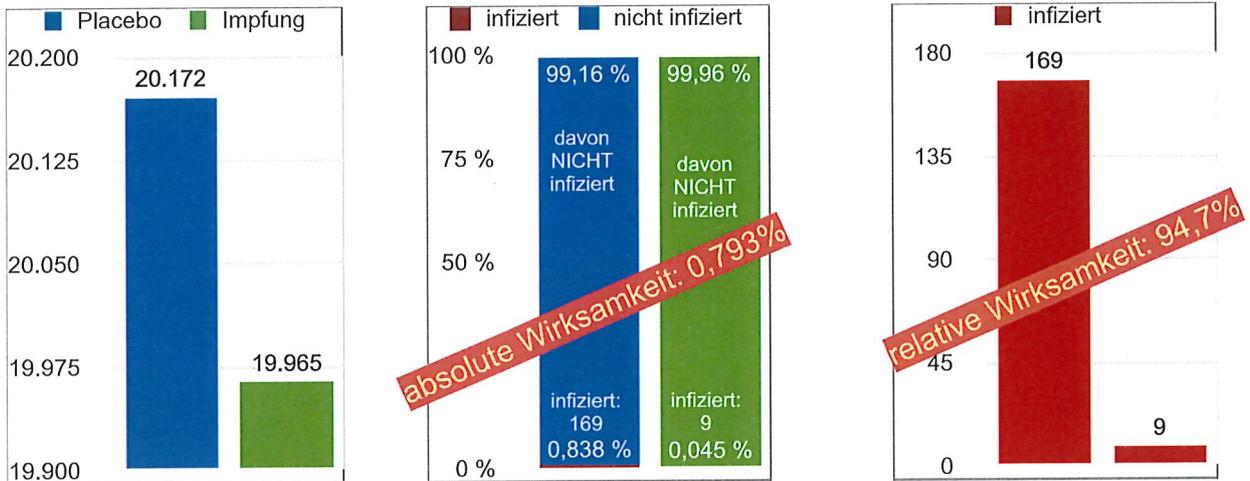
[...]

„Die Daten zum Impfstatus erfassen wir seit Ende Januar 2021. Sie basieren auf Informationen, die Ärztinnen/Ärzte und Spitäler uns im Rahmen der Meldepflicht übermittelt haben. Bei Hospitalisationen und Todesfällen im Zusammenhang mit einer laborbestätigten SARS-CoV-2-Infektion übermitteln uns diese seither neben klinischen Informationen zusätzlich den Impfstatus.“

Quelle: <https://www.covid19.admin.ch/de/vaccination/status?indicator=death>

**Seit dem 29.11.2021 wird der Impfstatus der Fallmeldungen nicht mehr berichtet!**

**Absolute und relative Wirksamkeit des Corminaty Impfstoffs**  
 Safety and Efficacy of the BNT162b2 mRNA Covid-19 Vaccine (31.12.2020)

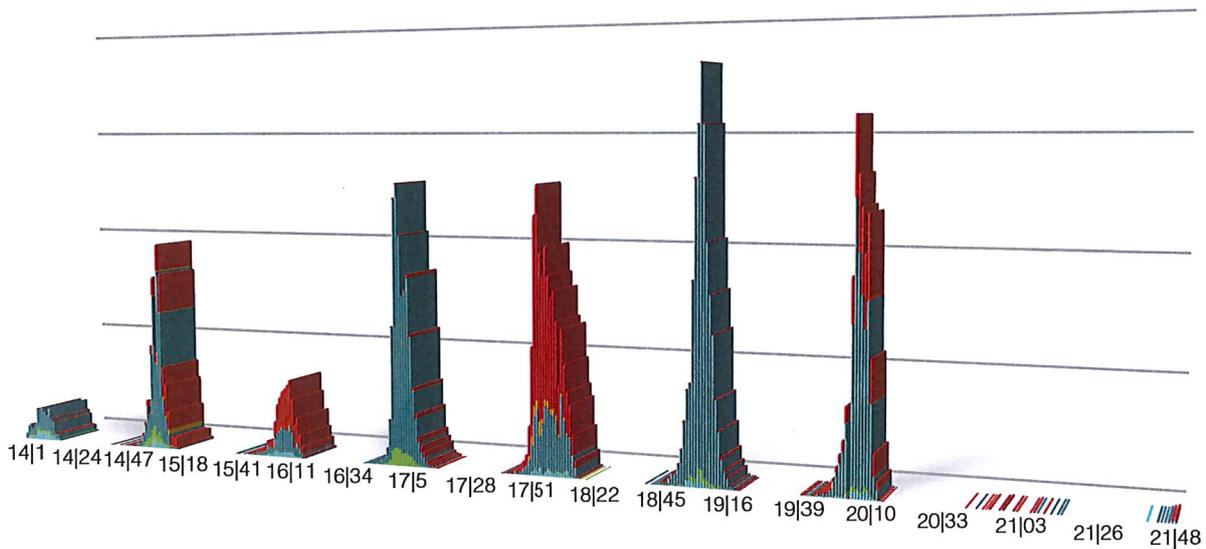


– Grafik 13 –

Quelle: The New England Journal of Medicine - Safety and Efficacy of the BNT162b2 mRNA Covid-19 Vaccine, URL: <https://www.nejm.org/doi/full/10.1056/nejmoa2034577>

**Das Ende der Grippe in der Schweiz: An das Überwachungsnetz der WHO gemeldete Grippe Viren**

■ A (H1) 
 ■ A (H1N1)pdm09 
 ■ A (H3) 
 ■ A (not subtyped) 
 ■ B (Yamagata lineage) 
 ■ B (Victoria lineage) 
 ■ B (lineage not determined)



WHO: [Flu-Net](#)

- Die Meldung von Grippefällen an die WHO endete faktisch mit Kalenderwoche 13/2020, und nicht nur in der Schweiz, sondern auf der gesamten Welt zeitgleich auf Nord-, Südhalbkugel, in Ost und West, unabhängig von der Jahreszeit.

**CORONA**

CORONA-RADAR AKTUELLE REGELN IHRE REGION ALLE INFOS

07.10.2021 **WIE IN SCHWEDEN, FINNLAND UND DÄNEMARK**

# Kommt der Impf-Stopp für U30-Jährige auch bei uns?



12 836 080 Dosen Moderna wurden bisher nach Deutschland geliefert  
Foto: Jono Searle/dpa

von: MARTA WAYS  
veröffentlicht am  
07.10.2021 - 17:52 Uhr

Neben Biontech galt der Impfstoff von Moderna als der wirksamste und sicherste unter den Covid-19-Vakzinen. Bis jetzt.

Daten deuten auf eine Zunahme von Herzmuskel- und Herzbeutelentzündungen (Myokarditis und Perikarditis) bei Jugendlichen und jungen Erwachsenen nach der Impfung hin. Das teilte die schwedische Gesundheitsbehörde am Mittwoch mit.

Die Konsequenz: In Schweden, Dänemark und Finnland werden jüngere Menschen ab sofort nicht mehr damit immunisiert. In Dänemark gilt die Regelung für alle unter 18 Jahren, in Schweden für alle unter 30 Jahren und in Finnland für Männer unter 30 Jahren. Das Ganze gilt als vorläufige Sicherheitsmaßnahme, in Schweden begrenzt bis zum 1. Dezember.

Die Behörden betonen im gleichen Atemzug, dass das Risiko dieser Nebenwirkungen sehr gering sei. Kann solch ein Impf-Stopp auch in Deutschland passieren? Wir häufig gibt es diese Nebenwirkungen bei uns und wie gefährlich ist das?

Das Problem der Herzmuskelentzündungen ist bekannt

Frankfurter Rundschau: GESUNDHEIT

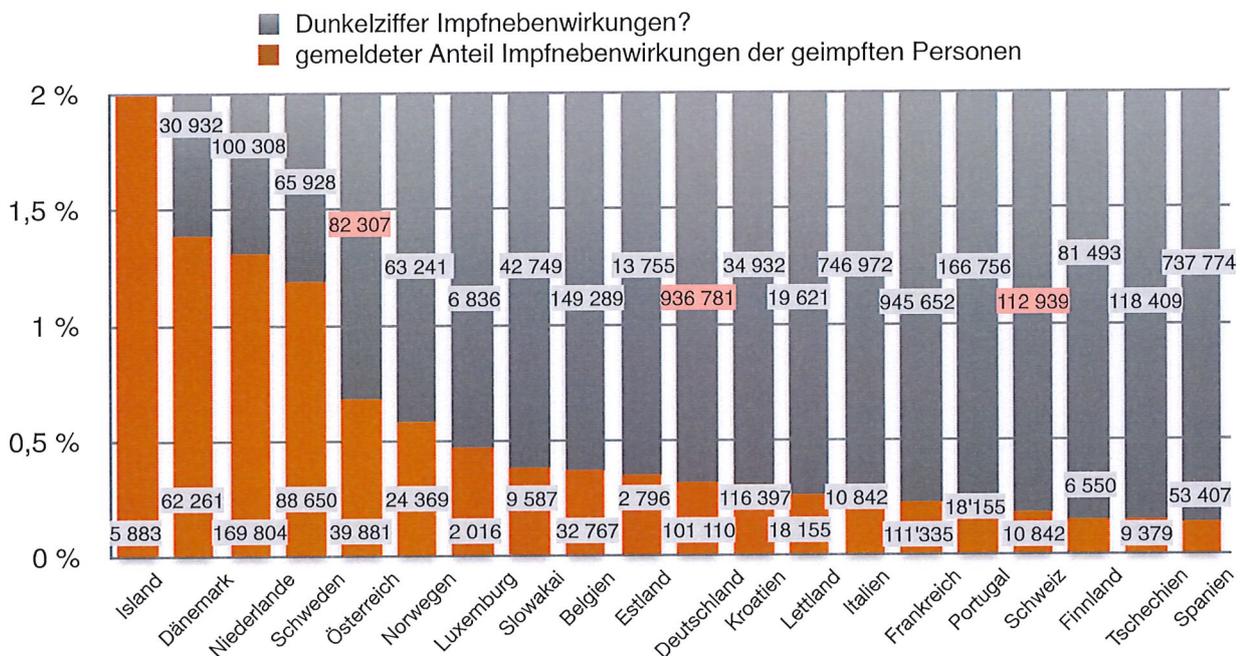
**Herzmuskelentzündung nach Corona-Impfung:  
Das Risiko wurde bislang unterschätzt**

• Von Pamela Dörhöfer

**Das Risiko einer Herzmuskelentzündung nach einer mRNA-Impfung scheint insbesondere bei männlichen Jugendlichen und jungen Männern höher als bislang gedacht.**

Frankfurt – Der mRNA-Impfstoff des US-Herstellers Moderna wird seit Freitag in Island überhaupt nicht mehr eingesetzt, gab die Gesundheitsdirektion des Landes auf ihrer Website Covid.is bekannt. In Schweden und Finnland soll der Corona-Impfstoff vorerst nicht mehr an unter 30-jährige Männer verabreicht werden, in Norwegen und Dänemark nicht mehr an unter 18-jährige männliche Jugendliche. In Großbritannien, Hongkong und Norwegen gibt es laut einem Bericht der „New York Times“ zudem Überlegungen, auch den mRNA-Impfstoff von Biontech/Pfizer bei Jugendlichen nur eingeschränkt zu verabreichen – konkret: nur eine Einzeldosis und keine Zweifachimpfung zu geben.

**Dunkelziffer der Impfnebenwirkungsmeldungen auf Basis der Quote Islands**



– Grafik 14 –

<https://impfnebenwirkungen.net>

Auf der Basis des prozentualen Anteils der gemeldeten Impfnebenwirkungen (z. B. 2% in Island) wird davon ausgegangen, dass die Impfstoffe in den übrigen Ländern eine annähernd hohe Nebenwirkungsquote zeigen werden, wobei davon auszugehen ist, dass zudem ein erheblicher Teil der Nebenwirkungen nicht gemeldet werden. So wird die Dunkelziffer voraussichtlich nicht gemeldeter Nebenwirkungen aus der Differenz der prozentualen Meldequote und der erwarteten Quote von 2% errechnet und auf die Zahl der geimpften Personen hochgerechnet.

**Impfschadensmeldungen BioNTech: Comirnaty® und Moderna: Spikevax®**

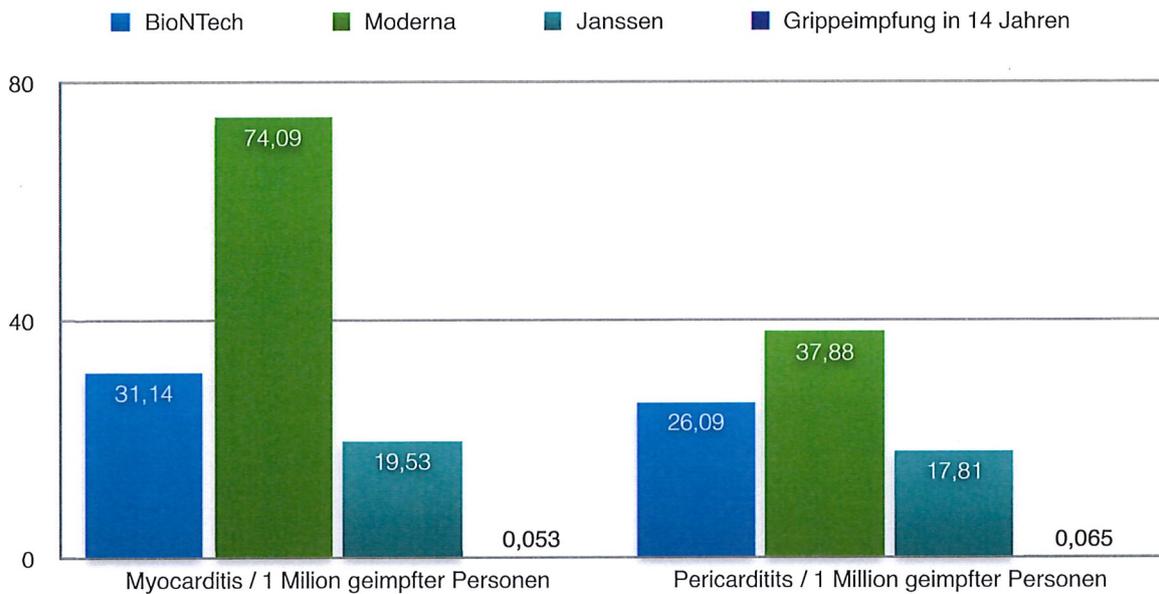
Impfstoff	Schweiz			EMA (europäischer Wirtschaftsraum)		
	BioNTech	Moderna	Janssen	BioNTech	Moderna	Janssen
alle Verdachtsmeldungen	3.298	7.723	55	701.425	204.875	47.069
schwerwiegend	1.334	2.431	23	196.772	68.115	12.695
verstorben	192			10.134	5.328	1.107
Verdachtsfälle pro 1 Mio.	1.661	2.063	1.170	2.822	5.616	5.782
verstorben / Mio	33,2			40,8	146,0	136,0
Myocarditis	52	206		7.739	2.703	159
verstorben				97	34	14
geimpfte Personen*	1.985.727	3.743.050	47.017	248.528.392	36.481.793	8.140.258
pro 1 Mio.	26,19	55,04		31,14	74,09	19,53
verstorben / Mio				0,39	0,93	1,72
Pericarditis				6.484	1.382	145
verstorben				34	14	5
geimpfte Personen				248.528.392	36.481.793	8.140.258
pro 1 Mio.				26,09	37,88	17,81

– Tabelle 9 –

\* 6 Wochen rückgerechnet

EMA: Myocarditis bei Grippeimpfstoff 46 Fälle in 14 Jahren bei 867.000.000 Grippeimpfungen

**Anzahl der gemeldeten „Verdachtsfälle“ pro 1 Million verglichen mit 14 Jahren Gripeschutzimpfung**  
EMA (nur europäischer Wirtschaftsraum)



– Grafik 15 –

<https://impfnebenwirkungen.net>



VORSICHTS-MASSNAHME

## USA: Bundesstaat stoppt vorsorglich Charge eines Corona-Impfstoffs - wegen allergischer Reaktionen

Von Veronika Silberg (14.10.2021)

In einem Impfzentrum in Kalifornien kam es zu einigen allergischen Reaktionen. Die Charge mit über 330.000 Moderna-Dosen wird jetzt auf Eis gelegt.

- Im Kampf gegen das **Coronavirus** will die **Gesundheitsbehörde** des US-Staates **Kalifornien** auf Nummer Sicher gehen.
- **Mehrere Patienten** eines Klinikums in **San Diego** reagierten auf ihre **Moderna-Impfung** mit allergischen Reaktionen.
- Die verbleibenden **Dosen** der entsprechenden **Impfstoff-Charge** werden nun vom Staat zurückgehalten und untersucht.
- In **Deutschland** kam es bisher laut Paul-Ehrlich-Institut nur zu **wenigen Nebenwirkungen**.

<https://www.merkur.de/welt/corona-impfstoff-nebenwirkungen-usa-kalifornien-moderna-allergien-stop-san-diego-krankenhaus-90175362.html>



NTG24.de  
19.01.2021 | 07:12  
42.645 Leser

### Moderna - Äußerste Vorsicht! - Stopp der Impfungen empfohlen - wird BioNtech / Pfizer und Bayer profitieren?

Wie bereits gestern durch NTG24 berichtet, irritiert eine Meldung des CDPH (California Department of Public Health) die Anleger. Demzufolge wird eine Aussetzung der laufenden Impfungen mit dem auch hierzulande bereits zugelassenem Corona-Impfstoff 41L20A von Moderna (US60770K1079) empfohlen. Hintergrund sind potenziell schwerwiegende allergischen Reaktionen, welche kürzlich bei der Verabreichung in einem kalifornischen Impfzentrum auftraten.

Laut welt.de wurde seitens Moderna jedoch zwischenzeitlich mitgeteilt, dass vergleichbare Ereignisse aus anderen Impfzentren, auch bei der gleichen Charge des Vakzins, bislang nicht bekannt wurden. Im Bericht wird auch auf eine Aussage des CDCs (Centers for Disease Control and Prevention) verwiesen, in der auf normale und zu erwartende Reaktionen auf Impfstoffe im Allgemeinen verwiesen wird ...

Den vollständigen Artikel lesen ...

**BIONTECH-Aktie komplett kostenlos handeln - auf Smartbroker.de**

© 2021 NTG24.de

<https://www.finanznachrichten.de/nachrichten-2021-01/51763378-moderna-aeusserste-vorsicht-stopp-der-impfungen-empfohlen-wird-biontech-pfizer-und-bayer-profitieren-665.htm>

Pfizer / BioNTech – Comirnaty, Sicherheitsbericht und juristische Bewertung

ANHANG I

ZUSAMMENFASSUNG DER MERKMALE DES ARZNEIMITTELS<sup>3</sup>

6. PHARMAZEUTISCHE ANGABEN [S. 16]

6.1. Liste der sonstigen Bestandteile

((4-Hydroxybutyl)azandiyl)bis(hexan-6,1-diyl)bis(2-hexyldecanoat) (ALC-0315)  
 2-[(Polyethylenglykol)-2000]-N,N-ditetradecylacetamid (ALC-0159)  
 Colfoscerilstearat (DSPC)  
 Cholesterol  
 Kaliumchlorid  
 Kaliumdihydrogenphosphat  
 Natriumchlorid  
 Natriummonohydrogenphosphat Dihydrat  
 Sucrose  
 Wasser für Injektionszwecke  
 Natriumhydroxid (zur pH-Einstellung)  
 Salzsäure (zur pH-Einstellung)



SICHERHEITSDATENBLATT

Überarbeitet am 07-Dez-2021

Version 3

Seite 1 / 13

**Abschnitt 1: BEZEICHNUNG DES STOFFS BEZIEHUNGSWEISE DES GEMISCHS UNDES UNTERNEHMENS**

1.1. Produktidentifikator

<b>Produktbezeichnung</b>	Pfizer-BioNTech COVID-19 Vaccine
<b>Produktcode</b>	PF00092
<b>Form</b>	Nanoform
<b>Synonyme</b>	Comirnaty; PF-07302048 containing PF-07305885 (BNT162b2); CorVAC Containing PF-07305885 (BNT162b2) ; CoVVAC Containing PF-07305885 (BNT162b2); COVID Vaccine Containing PF-07305885 (BNT162b2); COVID-19 Vaccine Containing PF-07305885 (BNT162b2)
<b>Handelsname:</b>	Nicht zutreffend
<b>Verbindungszahl</b>	PF-07302048
<b>Produktcode</b>	H000022941; H000023057; H000024547; H000024742
<b>Chemische Familie:</b>	Lipid Nanoparticles containing PF-07305885 (BNT162b2) and Lipids

**Abschnitt 3: ZUSAMMENSETZUNG/ANGABEN ZU BESTANDTEILEN**

ALC-0315 2036272-55-4	< 2	Nicht eingetragen	Keine Daten verfügbar	Nicht eingetragen	Keine Daten verfügbar	Keine Daten verfügbar
ALC-0159 1849616-42-7	< 1	Nicht eingetragen	Keine Daten verfügbar	Nicht eingetragen	Keine Daten verfügbar	Keine Daten verfügbar

Quelle:

**Abschnitt2: MÖGLICHE GEFAHREN**

**2.1. Einstufung des Stoffs oder Gemischs**

GHS-Klassifizierung: Nicht als gefährlich klassifiziert

**2.2. Kennzeichnungselemente**

**Signalwort** Nicht eingestuft

**Gefahrenhinweise** In Übereinstimmung mit den internationalen Standards für die Sicherheit am Arbeitsplatz nicht klassifiziert.

**2.3. Sonstige Gefahren**

**Sonstige Gefahren** Für einen oder mehrere der Bestandteile wurde ein berufsbedingter Expositionswert ermittelt (siehe Abschnitt 8).

**Hinweis:** Dieses Dokument wurde in Übereinstimmung mit den Standards für Arbeitsplatzsicherheit erarbeitet, nach denen alle bekannten Gefahren des Produktes oder seiner Inhaltsstoffe ungeachtet des potentiellen Risikos genannt werden müssen. Die angegebenen Vorsichts- und Warnhinweise treffen möglicherweise nicht in jedem Falle zu. In Abhängigkeit von der potentiellen Exposition an ihrem Arbeitsplatz weichen Ihre Anforderungen möglicherweise von den Angaben ab.

**SICHERHEITSDATENBLATT**

Produktbezeichnung Pfizer-BioNTech COVID-19 Vaccine  
Überarbeitet am 07-Dez-2021

Seite 7 / 13  
Version 3

<u>Eigenschaft</u>	<u>Werte</u>
pH-Wert	7.4
Schmelzpunkt /Gefrierpunkt	Keine Daten verfügbar
Siedepunkt /Siedebereich	
Flammpunkt	Es liegen keine Informationen vor
Verdampfungsgeschwindigkeit	Keine Daten verfügbar
Entzündbarkeit (fest, gasförmig)	Keine Daten verfügbar
Entzündlichkeitsgrenzwert in der Luft	
Obere Entzündbarkeitsgrenze:	Keine Daten verfügbar
Untere Entzündbarkeitsgrenze	Keine Daten verfügbar
Dampfdruck	Keine Daten verfügbar
Dampfdichte	Keine Daten verfügbar
Relative Dichte	Keine Daten verfügbar
Wasserlöslichkeit	Keine Daten verfügbar
Löslichkeit(en)	Keine Daten verfügbar
Verteilungskoeffizient	Keine Daten verfügbar
Selbstentzündungstemperatur	Keine Daten verfügbar
Zersetzungstemperatur	Keine Daten verfügbar
Viskosität, kinematisch	Keine Daten verfügbar
Dynamische Viskosität	Keine Daten verfügbar
Partikeleigenschaften	
Partikelgröße	Es liegen keine Informationen vor
Partikelgrößenverteilung	Es liegen keine Informationen vor
Explosive Eigenschaften	Es liegen keine Informationen vor

## SICHERHEITSDATENBLATT

Produktbezeichnung Pfizer-BioNTech COVID-19 Vaccine  
Überarbeitet am 07-Dez-2021

Seite 8 / 13  
Version 3

**10.6. Gefährliche Zersetzungsprodukte**

Gefährliche Zersetzungsprodukte Keine Daten verfügbar.

**Abschnitt 11: Toxikologische Angaben****11.1. Angaben zu Gefahrenklassen gemäß Verordnung (EG) Nr. 1272/2008**

<b>Allgemeine Angaben:</b>	Toxikologische Eigenschaften <b>wurden nicht gründlich untersucht</b> . Die folgenden Informationen sind für die einzelnen Inhaltsstoffe verfügbar.
<b>Kurz anhaltend</b>	Im Falle einer versehentlichen Injektion kann es zu einer allergischen Reaktion kommen. Bei einer allergischen Reaktion ist der Mitarbeiter in die nächstgelegene Notaufnahme zu bringen und dort entsprechend zu behandeln.
<b>Bekannte klinische Wirkungen:</b>	Gemäß klinischen Humanstudien können mögliche Beeinträchtigungen nach intravenöser Exposition zu dieser Verbindung folgendes beinhalten: Schmerzen an der Injektionsstelle, Muskelschmerzen, Kopfschmerzen, Fieber, Erkältungen, Müdigkeit, Gelenkschmerzen, abnormale Rötung der Haut (Erythema), und Schlafstörungen. <b>Schwerwiegende allergische Reaktionen, unter anderem Anaphylaxie, wurden beobachtet.</b>

**Sicherheitsbewertung: Produktdatenblätter**



— Master of Small Molecules

Your local distributor: **Hözel Diagnostika Handels GmbH**

+49-(0)221-126 02 66

DE Germany

Hallo, Anmelden  
**Mein Konto**

Cart (0)

z.B. Name, CAS, Target

Signalwege | Home | Produkte | Screening-Bibliotheken | Recombinant Proteins | Kits | Unsere Service | Uns kontaktieren

Others > Others > ALC-0159

**ALC-0159**

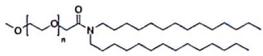
Art.-Nr.: HY-138300

Reinheit: ≥98.0%

[Data Sheet](#) | [SDS](#) | [Handling Instructions](#)

ALC-0159, a polyethylene glycol (PEG) lipid conjugate, could be used as vaccine excipient.

**Nur für Forschungszwecke. Wir verkaufen nicht an Patienten.**

	Größe	Preis	Verfügbarkeit	Menge
 <p>ALC-0159 Chemische Struktur CAS. Nr.: 1849616-42-7</p>	<b>Kostenlose Probe (0,5-1 mg)</b>		<a href="#">Jetzt bewerben</a>	
	5 mg	EUR 228	Auf Lager	<input type="text"/>
	10 mg	EUR 410	Auf Lager	<input type="text"/>
	25 mg	EUR 774	Auf Lager	<input type="text"/>
	50 mg	EUR 1230	Auf Lager	<input type="text"/>
	100 mg	EUR 1776	Auf Lager	<input type="text"/>

Quelle:

**Caution: Product has not been fully validated for medical applications. For research use only.**

Tel: 609-228-6898

Fax: 609-228-5909

E-mail: [tech@MedChemExpress.com](mailto:tech@MedChemExpress.com)

Address: 1 Deer Park Dr, Suite Q, Monmouth Junction, NJ 08852, USA



—Master of Small Molecules

Your local distributor: BIOZOL Diagnostica Vertrieb GmbH

Hallo, Anmelden

[Mein Konto](#)

+49-89-37 99 666-6

DE [Cart \(0\)](#)

z.B. Name, CAS, Target


[Signalwege](#) | [Home](#) | [Produkte](#) | [Screening-Bibliotheken](#) | [Recombinant Proteins](#) | [Kits](#) | [Unsere Service](#) | [Uns Kontaktieren](#)
[Home](#) > [Anti-infection](#) > [SARS-CoV](#) > [ALC-0315](#)

## ALC-0315

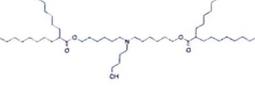
Art.-Nr.: HY-138170

Reinheit: ≥98.0%

[Data Sheet](#) | [SDS](#) | [Handling Instructions](#)

ALC-0315 is an **ionisable aminolipid** that is responsible for mRNA compaction and aids mRNA cellular delivery and its cytoplasmic release through suspected endosomal destabilization. ALC-0315 can be used to form lipid nanoparticle (LNP) delivery vehicles. Lipid-Nanoparticles have been used in the research of mRNA COVID-19 vaccine.

**Nur für Forschungszwecke. Wir verkaufen nicht an Patienten.**

	Größe	Preis	Verfügbarkeit	Menge
 ALC-0315 Chemische Struktur CAS. Nr. : 2036272-55-4	<b>Kostenlose Probe</b> (0,5-1 mg)		<a href="#">Jetzt bewerben</a>	
	25 mg	EUR 173	Auf Lager	
	50 mg	EUR 328	Auf Lager	
	100 mg	EUR 565	Auf Lager	
	200 mg		<a href="#">Angebot einholen</a>	
	500 mg		<a href="#">Angebot einholen</a>	

**Caution: Product has not been fully validated for medical applications. For research use only.**

Tel: 609-228-6898

Fax: 609-228-5909

E-mail: [tech@MedChemExpress.com](mailto:tech@MedChemExpress.com)

Address: 1 Deer Park Dr, Suite Q, Monmouth Junction, NJ 08852, USA

### 1. PRODUKT- UND UNTERNEHMENSKENNUNG

#### 1.1 Produktbezeichnung

Produktbezeichnung: ALC-0315

Katalog-Nr.: HY-138170

CAS-Nr.: 2036272-55-4

#### 1.2 Relevante identifizierte Verwendungen des Stoffs oder Gemischs und Verwendungen, von denen abgeraten wird

Identifizierte Verwendungen: Laborchemikalien, Herstellung von Stoffen.

#### 1.3 Einzelheiten zum Lieferanten des Sicherheitsdatenblatts

Firma: MedChemExpress USA

Tel: 609-228-6898 Fax: 609-228-5909

E-Mail: [sales@medchemexpress.com](mailto:sales@medchemexpress.com)

#### 1.4 Telefonnummer für Notfälle

Notrufnummer: 609-228-6898

### 2. IDENTIFIZIERUNG DER GEFAHREN

#### 2.1 Einstufung des Stoffes oder Gemischs

##### GHS-Einstufung gemäß 29 CFR 1910 (OSHA HCS)

Verätzung/Reizung der Haut (Kategorie 2), H315 Schwere Augenschäden/Augenreizung (Kategorie 2A), H319

#### 2.2 GHS-Kennzeichnungselemente, einschließlich Sicherheitshinweise

Piktogramm

##### Gefahrenhinweis(e)

H315 Verursacht Hautreizungen

H319 Verursacht schwere Augenreizungen

##### Sicherheitshinweis(e)

Datum der Überarbeitung: Druckdatum: Okt.-11-2021 Dez.-9-2021

P264 Nach Gebrauch Hände gründlich waschen

P280 Schutzhandschuhe/Schutzkleidung/Augenschutz/Gesichtsschutz tragen.

P302+P352 BEI KONTAKT MIT DER HAUT: Mit viel Wasser und Seife waschen.

P305+P351+P338 BEI KONTAKT MIT DEN AUGEN: Einige Minuten lang behutsam mit Wasser ausspülen. Kontaktlinsen entfernen, falls vorhanden und leicht durchführbar.

Weiter ausspülen.

P313 Ärztlichen Rat einholen/ärztliche Hilfe hinzuziehen.

P332+P313 Bei Auftreten von Hautreizungen: Ärztlichen Rat einholen/ärztliche Hilfe hinzuziehen.

P337+P313 Bei andauernder Augenreizung: Ärztlichen Rat einholen/ärztliche Hilfe hinzuziehen.

P362 Kontaminierte Kleidung ausziehen und vor erneutem Tragen waschen. [...]

**§ 5 Arzneimittelgesetz  
Verbot bedenklicher Arzneimittel**

- (1) Es ist verboten, bedenkliche Arzneimittel in den Verkehr zu bringen oder bei einem anderen Menschen anzuwenden.
- (2) Bedenklich sind Arzneimittel, bei denen nach dem jeweiligen Stand der wissenschaftlichen Erkenntnisse der begründete Verdacht besteht, dass sie bei bestimmungsgemäßem Gebrauch schädliche Wirkungen haben, die über ein nach den Erkenntnissen der medizinischen Wissenschaft vertretbares Maß hinausgehen.

**§ 95 Arzneimittelgesetz  
Strafvorschriften**

- (1) Mit Freiheitsstrafe bis zu drei Jahren oder mit Geldstrafe wird bestraft, wer
  1. entgegen § 5 Absatz 1 ein Arzneimittel in den Verkehr bringt oder bei anderen anwendet

**§ 8 Arzneimittelgesetz  
Verbote zum Schutz vor Täuschung**

- (1) Es ist verboten, Arzneimittel oder Wirkstoffe herzustellen oder in den Verkehr zu bringen, die
  1. durch Abweichung von den anerkannten pharmazeutischen Regeln in ihrer Qualität nicht unerheblich gemindert sind [Kommentar: ALC-0159, ALC-0315, sind nur für Forschungszwecke und nicht für die Anwendung am Menschen zugelassen]



## **Stellungnahme des Committee Board zu den geplanten Covid-Massnahmen des Bundesrates gemäss Medienkonferenz vom 12. Januar 2022:**

### **Verlängerung des verfassungswidrigen 2G-Regimes entgegen jeder Evidenz.**

#### **1. Ausgangslage**

Kurz vor Jahreswechsel hatte der Bundesrat die 2G-Zertifikatspflicht eingeführt und damit weite Teile der Bevölkerung ab 20. Dezember 2021 für mindestens einen Monat (bis 24. Januar 2022)<sup>1</sup> von der Teilhabe am gesellschaftlichen, wirtschaftlichen, kulturellen und von gewissen Aktivitäten des privaten Leben weitgehend ausgeschlossen. Dieses Regime steht in einer Reihe von zahlreichen Massnahmen, welche bezüglich Dauer und Eingriffswirkung eine für die Schweiz einmalige Dimension erreichen.

Mit Schreiben an die Präsidenten von National und Ständerat vom 24. Dezember 2021 (unterzeichnet von 133 Juristinnen und Juristen der Schweiz;<sup>2</sup> nachfolgend: **«2G-Deklaration»**) reagierte das Juristen-Komitee auf dieses 2G-Regime und legte dar, warum diese einmaligen Eingriffe in zahlreiche Grundrechte der Bevölkerung, in die Gesellschaft sowie in die Wirtschaft *ohne jede Evidenz einer Bedrohung der öffentlichen Gesundheit* erfolgten, und dass deshalb die in Art. 36 Abs. 1–3 der Bundesverfassung verankerten Voraussetzungen für Grundrechtseingriffe nicht erfüllt seien (Gesetzliche Grundlage; Öffentliches Interesse; Verhältnismässigkeit).

Obwohl die Sterbezahlen per 2021 im Vergleich zu den Vorjahren 2010 bis 2019 im unteren Erwartungsbereich liegen,<sup>3</sup> trotz eines über das Jahr 2021 erfreulich ausgeglichenen Hospitalisierungsgeschehens<sup>4</sup> und obwohl sich alle massgebenden Faktoren (Hospitalisierungs- und Sterbezahlen; Auslastungszahlen Spitäler und Intensivpflege) seit Mitte

<sup>1</sup> Medienmitteilung des Bundesrates vom 12.01.2022, <https://www.admin.ch/gov/de/start/dokumentation/medienmitteilungen/bundesrat.msg-id-86544.html>.

<sup>2</sup> Juristen Komitee, «Deklaration von Schweizer Juristen: 2G-Zertifikatspflicht ist verfassungswidrig», 24.12.2021, <https://juristen-komitee.ch/declaration-2g/> (unterdessen unterzeichnet von über 300 Juristinnen und Juristen aus der Schweiz).

<sup>3</sup> 2G-Deklaration (vorn FN 2), Ziff. 1.1.

<sup>4</sup> 2G-Deklaration (vorn FN 2), Ziff.1.2, Ziff. 1.3.

Dezember 2021 insgesamt weiter kontinuierlich verbessert haben,<sup>5</sup> will der Bundesrat an seinen drakonischen Massnahmen festhalten. Er schlug den Kantonen an seiner Medienkonferenz vom 12. Januar 2022 vor, das verfassungswidrige 2G-Regime um rund zwei weitere Monate bis 31. März 2022 zu verlängern und die Gültigkeitsdauer der 2G-Zertifikate (von bisher 365) auf 270 Tage zu verkürzen.<sup>6</sup>

Betroffen von diesen 2G-Einschränkungen sind sämtliche Personen ab 16 Jahren, welche nicht bereits über ein gültiges Impf- oder Genesungs-Zertifikat verfügen.

Vor diesem Hintergrund, und weil das Handeln des Bundesrates sowohl der im Schreiben 2G-Deklaration vom 24. Dezember 2021 aufgezeigten rechtserheblichen Evidenz als auch den sich daraus ergebenden rechtlichen Schlussfolgerungen diametral zuwiderläuft, sieht sich das **Committee Board** des Juristen Komitees veranlasst, vorliegende Stellungnahme in eigenem Namen abzugeben.

Vorliegende Stellungnahme erfolgt nicht im Namen der Unterzeichner des 2G-Deklaration vom 24. Dezember 2021. Weitere Schritte unter Einbezug eines offenen Unterzeichnerkreises von Juristinnen und Juristen bleiben ausdrücklich vorbehalten.

## 2. Motivation des Bundesrates

Der Bundesrat stützt seine überaus restriktiven Massnahmen nicht auf eine öffentlich verfügbare Evidenz von Sterbe- und Hospitalisierungszahlen. In seiner Medienmitteilung vom 12. Januar 2022 bestätigt er sogar den positiven Trend dieser Faktoren ausdrücklich, nämlich:

- dass die Hospitalisierungen und die Auslastung der Intensivpflegestationen gesunken seien, während die Fallzahlen in den letzten Wochen auf Rekordwerte anstiegen;
- dass Geimpfte und genesene Personen nach einer Infektion mit der Omikron-Variante deutlich weniger häufig hospitalisiert würden und
- dass auch der Anteil hospitalisierter Personen, die auf der Intensivstation behandelt werden müssen, mittlerweile geringer sei.

Trotzdem will der Bundesrat von den Kantonen eine Zustimmung zur Verlängerung des grundrechtswidrigen 2G-Regimes einholen. Er stützt sich in seiner Begründung vom 12. Januar 2022 auf eine reine Hypothesenlogik, wonach die Belastung in den Spitälern «steigen dürfte»:

---

<sup>5</sup> BAG, Offizielle Statistik Fallzahlen, Hospitalisierungen, Todesfälle, <https://www.covid19.admin.ch/de/epidemiologic/test?time=total&geoView=table>.

<sup>6</sup> Medienmitteilung des Bundesrates vom 12.01.2022, <https://www.admin.ch/gov/de/start/dokumentation/medienmitteilungen.msg-id-86772.html>.

«Obwohl die Omikron-Variante für geimpfte und genesene Personen weniger gefährlich ist, ist ein Anstieg der Hospitalisationen wegen der sehr hohe[n] Zahl von Infektionen wahrscheinlich. Die Belastung dürfte zuerst im normalen Akutbettenbereich steigen, bevor sie möglicherweise auch auf den Intensivpflegestationen zunehmen wird. Immer mehr Patientinnen und Patienten werden positiv getestet, die nicht wegen einer Covid-19-Erkrankung hospitalisiert wurden. Sie müssen in der Folge isoliert werden, wodurch die Betreuung im Spital aufwändiger wird. Hinzu kommt, dass auch im Spital ein wachsender Anteil des Personals wegen Erkrankungen abwesend sein wird.»<sup>7</sup>

### 3. Einwände aus juristischer Sicht

Zu dieser evidenzbefreiten Begründung des Bundesrates sind aus Sicht des Committee Board folgende – nicht abschliessende – Einwände vorzubringen (weitere Einwände bleiben vorbehalten):

#### 3.1. Über längere Zeit bestätigte Erkenntnisse sind zu berücksichtigen

Wie in der 2G-Deklaration vom 24. Dezember 2021 ausgeführt und belegt, lag per Ende Jahr 2021 ausreichend gesicherte Evidenz vor, um eine erhebliche effektive Bedrohung der öffentlichen Gesundheit durch SARS-Cov-2 auszuschliessen.<sup>8</sup>

Je mehr Zeit im Rahmen einer Epidemie vergeht, und je mehr Daten zur Wirkungsweise und zur tatsächlichen Gefährlichkeit bestimmter Krankheitserreger zur Verfügung stehen, desto mehr haben die verantwortlichen Behörden dieses Wissen bei ihren Entscheiden auch tatsächlich zu berücksichtigen.<sup>9</sup> Dies gilt auch für die angewandten Diagnose-,<sup>10</sup> Präventions- und Behandlungsmethoden.<sup>11</sup> Im Zusammenhang mit der Bekämpfung von polizeilichen Schutzgütern wie der öffentlichen Gesundheit können sich die Behörden für ihre Entscheide nicht ewig auf einen privilegierten «Chaos-Bonus» berufen und Einschränkungen auf Vorrat verfügen,<sup>12</sup> bloss weil «Restrisiken» nicht ganz ausgeschlossen

---

<sup>7</sup> Medienmitteilung des Bundesrates vom 12.01.2022 (Hervorhebungen hinzugefügt): <https://www.admin.ch/gov/de/start/dokumentation/medienmitteilungen.msg-id-86772.html>.

<sup>8</sup> 2G-Deklaration (vorn FN 2), Ziff. 1.

<sup>9</sup> Urteil 2C\_228/2021 des BGer vom 23.11.2021, E. 4.8: «Dies bedingt allerdings, dass die Behörden ihren Wissensstand laufend erweitern. Mit zunehmender Dauer der Freiheitsbeschränkungen steigen auch die Anforderungen an die wissenschaftlichen Grundlagen für die Risikoabschätzung, namentlich weil die erwähnten Unsicherheiten betreffend neu auftretende Infektionskrankheiten (vgl. E. 4.7 hiervor) abnehmen.»

<sup>10</sup> 2G-Deklaration (vorn FN 2), Ziff. 1.4 betr. Irrelevanz der Fallzahlen (PCR-Test).

<sup>11</sup> 2G-Deklaration (vorn FN 2), Ziff. 3, RZ 16 und FN 16.

<sup>12</sup> In diesem Sinne auch GERBER, «Drei Leiturteile des Bundesgerichts zu kantonalen Corona-massnahmen», in: Jusletter 16. August 2021, Ziff. 2.3.2 RZ [30] zu BGE Urteil 2C\_8/2021 vom 25.06.2021.

werden können. Das gesamte Leben beinhaltet gewisse Restrisiken. Entsprechend hielt das Bundesgericht fest:

«Soweit möglich, sind die Risiken zu quantifizieren; dabei ist nicht nur auf die denkbaren worst-case-Szenarien abzustellen, sondern auch die Wahrscheinlichkeit dieser Szenarien zu berücksichtigen (BGE 127 II 18 E. 5d). Umgekehrt müssen auch die negativen gesellschaftlichen und wirtschaftlichen Konsequenzen der Massnahmen berücksichtigt werden (BGE 132 II 305 E. 4.4 und 5.1).»<sup>13</sup>

Die jüngste Worst-Case Argumentation des Bundesrates steht allzu offensichtlich in klarem Widerspruch zum rechtlich massgebenden Sachverhalt der letzten Monate und damit auch zum Grundsatz der Verhältnismässigkeit. Das darin enthaltene Element der Erforderlichkeit gebietet es, dass grundrechtsbeschränkende Massnahmen zum Schutz der öffentlichen Gesundheit nur solange andauern dürfen, wie die unmittelbare Gefahr tatsächlich droht, und dass mildere Mittel zum Einsatz kommen müssen, wenn diese geeignete sind, dasselbe Ziel zu erreichen.<sup>14</sup> Dieser Grundsatz der Erforderlichkeit war dem Bundesgesetzgeber im Zusammenhang mit epidemiologisch motivierten Eingriffen derart wichtig, dass er ihn an drei Stellen des Epidemieggesetzes ausdrücklich verankerte, nämlich in Art. 30, Art. 31 Abs. 4 und in Art. 40 Abs. 3 EpG.

Gestützt auf den dauerhaft günstigen Verlauf der rechtserheblichen, gesicherten Daten seit Ende Januar 2021 und in Anbetracht der Tatsache, dass es bei der Bekämpfung von epidemiologischen Risiken immer auch um die Minimierung gesellschaftlicher und wirtschaftlicher Schäden gehen muss (dazu nachfolgend Ziff. 3.2), hätte der Bundesrat längst zwingend Veranlassung gehabt, Massnahmen mit der individuell, gesellschaftlich und wirtschaftlich grössten Eingriffswirkung (insbesondere Zertifikatspflicht) wieder zurückzunehmen, anstatt sie zu verlängern.

### **3.2. Bundeskompetenz auf besonders gravierende Krankheiten beschränkt**

Das Epidemieggesetz stützt sich in epidemiologischer Hinsicht auf Art. 118 Abs. 2 lit. b der Bundesverfassung.<sup>15</sup> Wie aus der massgebenden Kommentarliteratur zu dieser Verfassungsbestimmung unzweideutig hervorgeht, beschränkt sich die Kompetenz des Bundes auf Massnahmen, welche der *Abwehr besonders gravierender Krankheiten dienen, die schwerwiegende Folgen für die öffentliche Gesundheit haben*. Es geht um den Schutz

<sup>13</sup> Urteil 2C\_228/2021 des BGer vom 23.11.2021, E. 4.5; Urteil 2C\_941/2020 des BGer vom 8. Juli 2021 (zur Publ. vorgesehen), E. 3.2.4.

<sup>14</sup> BGE 135 I 176; E.3.3; HÄFELIN/HALLER/KELLER/THURNHERR, Schweizerisches Bundesstaatsrecht, 10. Aufl., Zürich 2020, N. 322.

<sup>15</sup> Die übrigen Kompetenznormen (Art. 40 Abs. 2; 119 Abs. 2; Art. 120 Abs. 2 BV) sind im vorliegenden Zusammenhang nicht relevant.

des Lebens und der Gesundheit vor ernstlicher Bedrohung. Massgeblich sind insbesondere (aber nicht nur) volkswirtschaftliche Gesichtspunkte, d.h. eine Krankheit begründet dann eine Kompetenz des Bundes zu deren Bekämpfung, wenn sie negative Auswirkungen auf die Arbeitsleistung der Bevölkerung zeitigt und hohe soziale Kosten verursacht.<sup>16</sup>

Die auf das Epidemien-gesetz des Bundes abgestützten Massnahmen von Bund und Kantonen haben deshalb nicht erst dann zu enden, wenn auch die letzte infektiöse Mutation von SARS-Cov-2 erfolgreich bekämpft wurde. Vielmehr sind insbesondere jene Massnahmen mit hoher Eingriffswirkung für Private, Gesellschaft und die Wirtschaft (wie z.B. Zertifikatspflicht) schon dann zurückzunehmen, wenn die Hospitalisierungs- und Todesfallzahlen die Maxima früherer Grippejahre (welche die Schweiz auch ohne Zertifikatspflicht erfolgreich gemeistert hatte) über längere Zeit wieder unterschreitet. Dies ist vorliegend im Vergleich zu den Vorjahren 2010–2019 seit spätestens Januar 2021 dauerhaft der Fall.

Dass die Sterberaten in den einzelnen Altersgruppen – wie vorliegend für das Jahr 2021 nachweisbar – im Vergleich zu den Vorjahren sogar unter den Mittelwert sinken, ist nicht erforderlich. Mit Blick auf die verfassungsrechtlich limitierte Kompetenz des Bundes (*limitiert auf Krankheitsgeschehen mit besonders gravierenden Folgen für die öffentliche Gesundheit*) haben die vorliegend offiziell verfügbaren Zahlen für Bundesrat und Parlament ab Ende Januar 2021 zu keinem Zeitpunkt eine Basis für die Einführung der Zertifikatspflicht geboten.

Die Schärfe epidemiologisch motivierter Massnahmen sowie die daraus resultierenden massnahmenbedingten Opfer für Private, die Gesellschaft und für die Wirtschaft stehen jedenfalls Stand heute in keinem halbwegs vernünftigen Verhältnis mehr zur mittlerweile abgeschwächten Bedrohung, welche von SARS-Cov-2 und seinen diversen Mutationen im heutigen Zeitpunkt für die öffentlichen Gesundheit tatsächlich noch ausgeht.

### **3.3. Erheblicher Korrekturbedarf bzgl. BAG-Hospitalisierungszahlen**

Eine unerwartete Wendung bei der Ermittlung des rechtserheblichen Sachverhalts ergab sich kürzlich aus dem Eingeständnis von Bundesrat CASSIS<sup>17</sup> und durch zahlreiche Medienberichte<sup>18</sup>, wonach rund 50% der vom BAG als «Covid-19-Hospitalisierungen» ausge-

---

<sup>16</sup> SG Kommentar BV-POLEDNA, Artikel 118 N 14; SCHÜPBACH/FORSTER/ZELTNER, RZ 8 ff.; BS Kommentar BV-GÄCHTER/RENOLD-BURCH, Art. 118, N 21.

<sup>17</sup> Bundesrat Ignazio Cassis in SRF-Sendung Arena vom 7. Jan 2022: «[...] Wer mit einem Auto verunfallt und stirbt und Corona-positiv ist, ist ein Corona-Toter. Das hängt von der [WHO-] Definition ab. [...]».

<sup>18</sup> Blick-online, 07.01.2022, «Spitaleinweisungen wegen Corona sind tiefer als ausgewiesen»; Sonntagszeitung, 09.01.2022, S. 9, «Vergesst die Fallzahlen»; NZZ-online 12.1.2022, «Aus Angst, Fehler zu machen, begeht der Bund seinen grössten Irrtum.».

wiesenen Fälle in Tat und Wahrheit aus anderen Gründen (als wegen einer SARS-Cov-2-Infektion) hospitalisiert wurden.

Dieser Korrekturbedarf um rund 50% (Reduktion der SARS-Cov-2 bedingten Spitaleinweisungen) ist eine neue Tatsache von erheblicher Bedeutung. Sie hat in die Risikobeurteilung der verantwortlichen Behörden umgehend einzufließen und bestätigt die bereits mit Schreiben des Juristen Komitees vom 24. Dezember 2021 ausgeführten Tatsachen, wonach (i.) sich aus der Auslastung der Spitäler in keiner Weise eine effektive Bedrohung der öffentlichen Gesundheit aufgrund von SARS-Cov-2 ablesen lässt,<sup>19</sup> und (ii.) hohe Fallzahlen für sich allein mitnichten ein taugliches Kriterium zur Quantifizierung der Bedrohung der öffentlichen Gesundheit sind.<sup>20</sup>

#### **4. Zusammenfassung**

Aufgrund dieser Tatsachen und rechtlichen Überlegungen sowie unter Verweis auf die 2G-Deklaration des Juristen Komitees an die Präsidenten von National- und Ständerat **lehnt das Committee Board des Juristen Komitees jede Verlängerung der Zertifikatspflicht (2G und 3G) und jede weitere Verschärfung von Massnahmen gegenüber der allgemeinen Bevölkerung als zusätzliche Verfassungsverletzung ab.**

**Das Committee Board fordert vielmehr die Aufhebung dieser extremen Massnahmen. Der rechtserhebliche Sachverhalt, der Rechtsstatus der besonderen Lage (Art. 6 EpG) und die angeordneten Massnahmen sind vielmehr umgehend einer unabhängigen und wirksamen Überprüfung im Sinne von Art. 169 und 170 Bundesverfassung zu unterziehen.**

Vor diesem Hintergrund wird das Committee Board in den kommenden Tagen weitere Schritte prüfen, damit den in der 2G-Deklaration vom 24. Dezember 2021 formulierten und ausreichend substantiierten Anliegen (betreffend wirksame Überprüfung der rechtserheblichen Grundlagen aller aktuell geltenden Massnahmen; Rückkehr zur verfassungsmässigen Grundordnung) das erforderliche rechtliche Gehör zuteil wird.

---

#### **Das Committee Board:**

Lic. iur. Michelle Cailler;

Lic. iur. Henri Gendre, Rechtsanwalt;

Dr. iur. Danica Gianola, Solicitor;

Fürsprecher Philipp Kruse, LL.M.;

Dr. iur. Markus Zollinger, Rechtsanwalt.

---

<sup>19</sup> 2G-Deklaration (vorn FN 2), Ziff. 1.2.

<sup>20</sup> 2G-Deklaration (vorn FN 2), Ziff. 1.4.



## Stellungnahme des Committee Board zur Presse-Anfrage der Republik vom 25. Januar 2022

### 1. Ausgangslage

- 1 Mit E-Mail vom 25. Januar 2022, 17.07 Uhr, gelangte die Zeitschrift Republik mit folgender «Bitte um Stellungnahme» an das Juristen Komitee:

Sehr geehrter Herr Kruse, sehr geehrter Herr Zollinger

Ein verspätetes Dankeschön für Ihr Mail von vor einigen Wochen. Für einen Beitrag für die Republik über Ihre Deklaration habe ich im Folgenden einige Fragen an Sie und bitte Sie um eine Stellungnahme.

Ihre Deklaration enthält an verschiedensten Stellen Halbwahrheiten oder Fehlinformationen:

**[Fragen 1–6]**

Gerne erwarte ich Ihre Stellungnahme bis Donnerstag, den 27. Januar, um 10 Uhr.

Vielen Dank und beste Grüsse,

Ronja Beck

- 2 Vorab ist festzuhalten, dass die «Deklaration 2G» vom 24. Dezember 2021 als Reaktion auf die bundesrätlichen Verschärfungen vom 17. Dezember 2021 unter einem gewissen Zeitdruck innert weniger Tage formuliert und von 133 (mittlerweile über 300) Juristen unterzeichnet worden war. Dabei war es das erklärte Ziel, eine Deklaration zu verfassen, die auch einem breiteren Publikum noch gut verständlich ist. Entsprechend stand eine möglichst konzise Darstellung des rechtserheblichen Sachverhalts im Vordergrund, während wir uns in diesem Stadium mit juristischen Ausführungen noch bewusst zurückgehalten haben, womit die Deklaration auf noch gut lesbaren 11 Seiten Platz gefunden hat.
- 3 Die Verfasser erheben keineswegs Anspruch auf eine abschliessende Darstellung aller Aspekte und Quellen des rechtserheblichen Sachverhalts. Viele Aspekte mussten wir aus Platzgründen weglassen oder konnten sie nur andeutungsweise aufführen. Das Committee

Board nimmt daher die Anfrage der Republik gerne zum Anlass, sich mit einzelnen Fragen etwas vertiefter – wenngleich abermals unter gewissem Zeitdruck – auseinanderzusetzen.

## 2. Beantwortung der sechs Fragen der «Republik»

- 4 Die sechs Fragen (jeweils grau hinterlegt) beantwortet das Committee Board wie folgt:

### 2.1. Auslastung der Intensivstationen und mediale Berichterstattung

Sie schreiben, eine Freiquote auf den Intensivstation von ca. 20 Prozent deutet auf einen «eigentlichen Normalbetrieb» hin. Verschiedenste Stimmen aus den Spitälern in der Schweiz widersprachen und widersprechen dieser Aussage ganz klar (z.B. *hier* oder *hier*). Auch, dass in der Schweiz zahlreiche Operationen aufgrund der hohen Belastung *verschoben werden mussten* und es zu einer stillen Triage gekommen ist, bleibt unerwähnt. Warum blieb dies unerwähnt? Und wie erklären Sie den Widerspruch zu den Aussagen von Chefärzten und Spitalpersonal?

- 5 In unserer «Deklaration 2G» legen wir unter Verweis auf offizielle Statistiken sowie auf Stimmen aus der Praxis (u.a. ELMIGER, CEO Privatklinik Bethanien)<sup>1</sup> dar, dass und warum nie eine Überlastung der Intensivstationen vorlag, die derart einschneidende Massnahmen wie die vom Bundesrat beschlossenen gerechtfertigt hätten. Dabei wollen wir nicht ausschliessen, dass es allenfalls tageweise in einzelnen Spitälern vorübergehend zu Engpässen gekommen ist.
- 6 Ergänzend ist auf Folgendes hinzuweisen: Die Schweiz verfügt zu normalen Zeiten über 950–1000 zertifizierte Intensivbetten, deren Auslastung im Jahresdurchschnitt typischerweise bei rund 75 Prozent liegt.<sup>2</sup> Die Auslastung unterlag schon immer saisonalen Schwankungen mit einem Peak in den Wintermonaten, wie er auch in den letzten zwei Wintern beobachtet werden konnte.<sup>3</sup> Prinzipiell stossen Intensivstationen regelmässig an ihre Belastungsgrenzen. Bereits 2007 erinnerten die Leiter der Intensivstationen für Erwachsene des CHUV (Lausanne) und HUG (Genf) an den grossen Unterschied zwischen den Intensivstationen und den anderen klinischen Abteilungen:

«[...] les premiers doivent gérer des flux multiples avec presque tous les services de l'hôpital, ce qui n'est pas le cas des derniers, qui ne gèrent qu'une

<sup>1</sup> Juristen Komitee, «Deklaration von Schweizer Juristen: 2G-Zertifikatspflicht ist verfassungswidrig», 24.12.2021, <https://juristen-komitee.ch/declaration-2g/>, N 3, FN 4.

<sup>2</sup> MEIER, 30.07.2020, «Statistiken zu Intensivbetten sorgen für Verwirrung», <https://www.medinside.ch/de/post/statistiken-zu-intensivbetten-sorgen-fuer-verwirrung>

<sup>3</sup> Near-real time monitoring of intensive care occupancy (IES system), «National trends»-Grafik, [www.icumonitoring.ch](http://www.icumonitoring.ch).

ligne de flux avec les soins intensifs. Cette difficulté est amplifiée par le nombre très limité de lits exploités en médecine intensive, en comparaison avec les unités intermédiaires et les divisions de patients: dans un hôpital moderne, la proportion de lits de médecine intensive est comprise entre 5-10% des lits totaux. Dans les grands hôpitaux, avec des flux importants issus des urgences, ceci conduit l'unité de soins intensifs à fonctionner la plupart du temps en flux tendu. Ce constat montre que l'unité de soins intensifs constitue un véritable carrefour dans l'hôpital, susceptible d'être facilement saturé et parfois même de ne plus être capable d'assurer sa mission.»<sup>4</sup>

- 7 Dieser Just-in-Time-Betrieb und seine Folgen betreffen insbesondere die Universitätskliniken: So stellte das CHUV (Lausanne) in seinem Jahresbericht 2017 fest, dass die Belegung «auf der Intensivstation nahe bei 90% und das Optimum für die Akutbetten bei 85% liegt». In den Vorjahren lag die Auslastung der Intensivstationen («soins intensifs adultes») gar noch leicht höher (2015: 90.9%; 2016: 91.2%).<sup>5</sup> Demgegenüber lag die Auslastung der Intensivstationen («soins intensifs adultes») im CHUV (Lausanne) im Jahr 2019 bei 87.8% und im Jahr 2020 gerade mal noch bei 81.1%, wobei dem Jahresbericht zu entnehmen ist, dass die Intensivstationen angesichts von Sars-Cov-2 im Jahr 2020 verstärkt («renforcés») worden seien.<sup>6</sup>
- 8 Dabei haben wir bereits in unserer «Deklaration 2G» ausgeführt, dass eine Auslastung von «nur 80%» als unrentabel kritisiert wurde.<sup>7</sup> Und gemäss einer umfassenden Auswertung von PWC vom 20. Oktober 2021 zur Wirtschaftlichkeit der Schweizer Spitäler erlitten die Schweizer Spitäler selbst im Pandemie-Jahr 2020 deutliche Umsatz- und Ertragsverlusten,<sup>8</sup> was nicht auf eine Überlastung der Spitäler hindeutet.
- 9 Diese Zahlen und Fakten untermauern unsere Aussage ausreichend, wonach eine «Freiquote» von ca. 20% in der Tat auf einen regulären Betrieb bzw. tendenziell sogar auf eine «Unterbelastung» hindeutet.
- 10 Betreffend die Frage der Triage ist festzuhalten, dass dies kein neues Thema ist. So hielten etwa die Akademien der Wissenschaften Schweiz (SAMW) in ihrer Publikation «Intensivmedizinische Massnahmen» von 2013 fest:

---

<sup>4</sup> CHIOLERO / CHEVROLET, in : revmed.ch, «L'unité de soins intensifs, carrefour dans l'hôpital: développer l'interdisciplinarité et une vision de système», <https://www.revmed.ch/revue-medicale-suisse/2007/revue-medicale-suisse-137/l-unite-de-soins-intensifs-carrefour-dans-l-hopital-developper-l-interdisciplinarite-et-une-vision-de-systeme>.

<sup>5</sup> CHUV, Rapport d'activité 2017, <https://rapportsannuels.chuv.ch/2017/>, S. 7 und S. 12.

<sup>6</sup> CHUV, Rapport d'activité 2020, <https://rapportsannuels.chuv.ch/2020/>, S. 4 und S. 11.

<sup>7</sup> «Deklaration 2G» (vorn FN 1), N 3, FN 5.

<sup>8</sup> PWC: Studie «Schweizer Spitäler: So gesund waren die Finanzen 2020» vom 20.10.2021: Zusammenfassung S. 38 («Leistungserbringer ertragsseitig unter Druck»), <https://www.pwc.ch/de/publications/2021/spitalstudie-2021.pdf>.

«Sterbende Patienten sowie Patienten, die keine reelle Aussicht haben, je wieder von intensivmedizinischen Massnahmen unabhängig zu werden, sollen nur in begründeten Ausnahmesituationen in die Intensivstation aufgenommen werden. [...] Bei allen Aufnahmeentscheidungen übernimmt der verantwortliche Arzt der Intensivstation die Rolle des Gate-Keepers und trägt auch die Verantwortung für den medizinischen Entscheid.»<sup>9</sup>

- 11 Dabei ist das von Ihnen – Frau Beck – angeführte Beispiel zur «kalten» Triage doch eher überraschend: Der von Ihnen angegebene Zeitungsbericht der Limmattaler Zeitung stammt vom 23. Dezember 2021. Wie in unserer «Deklaration 2G» angeführt, waren die Intensivstationen zu jenem Zeitpunkt zu 80.4% (15. Dezember 2021) ausgelastet, der Anteil der «COVID-Patienten» lag offiziell bei 34.5%.<sup>10</sup> Inwieweit hier die Anzahl der Covid-Patienten bzw. die Auslastung der Intensivstationen in irgendeiner Weise kausal zur Verlagerung des «Patienten W.» war, ist angesichts dieser Reserven wenig nachvollziehbar.
- 12 Trotzdem: Selbstverständlich anerkennen wir die schwierige Lage, in welcher sich die Spitäler (und erst recht das Pflegepersonal) seit Jahren (nicht erst seit der Corona-Krise) befinden. Allerdings ist diese Knappheit nicht epidemiologisch bedingt, worauf wir in unserer «Deklaration 2G» im Abschnitt «Politisch gewollter Bettenabbau» mit entsprechendem Nachdruck hingewiesen haben.
- 13 Uns ist bewusst, dass insbesondere dort, wo zur Behandlung von Covid-Patienten eigentliche spezialisierte Abteilungen eingerichtet wurden (wie z.B. am Universitätsspital Zürich, mit Aufnahme von Covid-Patienten aus der gesamten Schweiz und auch aus dem Ausland), zeitweise echte Überlastungssituationen eingetreten sind. Dadurch wurden die involvierten Ärzte und das Pflegepersonal auf schwere Belastungsproben gestellt. Diese Phasen der Überlastung sind aber unbedingt auch in den Zusammenhang zu stellen, dass Ärzte und das Pflegepersonal selbst aufgrund vorsorglich angeordneter Quarantäne (Kontakt-Tracing) phasenweise in erheblichem Ausmass ausfielen. Ausserdem ist zu berücksichtigen, dass das strenge Regime des «Kontakt-Tracing»-Automatismus (vorsorgliche Quarantäne) und die strikte Devise «bleiben Sie zuhause» zur Folge hatten, dass das sonst übliche und wichtige Mittel der ersten Stunde – die Hausärzte – während der gesamten Covid-Phase bis heute für die Behandlung von Covid-Patienten nicht in dem

---

<sup>9</sup> Akademien der Wissenschaften Schweiz (SAMW), «Intensivmedizinische Massnahmen (2013, ergänzt 2020 und 2021 um Richtlinien «Triage in der Intensivmedizin bei ausserordentlicher Ressourcenknappheit»)», <https://www.samw.ch/de/Publikationen/Richtlinien.html>, S. 33 Ziff. 9.1.

<sup>10</sup> BAG, Covid-19 Schweiz, Intensivstationen (IS), <https://www.covid19.admin.ch/de/hosp-capacity/icu>.

Ausmass zur Verfügung standen und stehen, wie dies für normale Gripfen früherer Jahre üblicherweise der Fall war.

## 2.2. Die Ungeimpften als «übermässige» Belastung für das Gesundheitssystem?

Sie schreiben, dass es «keineswegs die Ungeimpften» seien, «welche im Übermass für eine Auslastung des Gesundheitssystems sorgen.» Sie beziehen sich dabei auf die ähnliche Anzahl Todesfälle in einem bestimmten Zeitrahmen. Dabei lasten die Ungeimpften hier das Gesundheitssystem gemessen an ihrer – verglichen mit den Geimpften – sehr kleinen Gesamtpopulation sehr wohl übermässig aus (die allermeisten Covid-Toten waren 70 oder älter. Und in dieser Altersgruppe sind bis auf wenige Prozent alle mindestens doppelt geimpft). Wie erklären Sie diesen Widerspruch?

- 14 Diese Frage erscheint uns angesichts der neueren Entwicklungen als einigermaßen erstaunlich. Diesbezüglich ergab sich doch kürzlich eine unerwartete Wendung aus dem Eingeständnis von Bundesrat Cassis<sup>11</sup> und durch zahlreiche Medienberichte,<sup>12</sup> wonach rund 50% der vom BAG als «Covid-19-Hospitalisierungen» ausgewiesenen Fälle in Tat und Wahrheit aus anderen Gründen (als wegen einer SARS-Cov-2-Infektion) hospitalisiert wurden.
- 15 Nochmals zur Verdeutlichung die in der «Deklaration 2G» angeführten Zahlen: Per 15. Dezember 2021 waren die Schweizer Spitalbetten insgesamt zu 83% ausgelastet, der Anteil der «COVID-Patienten» lag trotz «Epidemie» offiziell bei lediglich 7.2%.<sup>13</sup> Die Intensivstationen waren zu 80.4% ausgelastet, der Anteil der «COVID-Patienten» lag offiziell bei 34.5%.<sup>14</sup> Aufgrund der neuesten Eingeständnisse besteht hier ein Korrekturbedarf von bis zu 50% hinsichtlich Belegung von Spital- und Intensivstation durch Covid-Patienten. Diese neue Tatsache hat in die Risikobeurteilung umgehend einzufließen und stellt unseres Erachtens sämtliche verordneten bundesrätlichen Massnahmen zutiefst in Frage.
- 16 Unabhängig von diesen neuen Entwicklungen bestand im Dezember 2021 längst erheblicher Anlass, die offiziellen Verlautbarungen – es seien vor allem die Ungeimpften, welche das Gesundheitssystem überlasteten – ernsthaft zu hinterfragen.

<sup>11</sup> Bundesrat Ignazio Cassis in SRF-Sendung Arena vom 7. Jan 2022: «[...] Wer mit einem Auto verunfallt und stirbt und Corona-positiv ist, ist ein Corona-Toter. Das hängt von der [WHO-] Definition ab. [...]».

<sup>12</sup> Blick-online, 07.01.2022, «Spitaleinweisungen wegen Corona sind tiefer als ausgewiesen»; Sonntagszeitung, 09.01.2022, S. 9, «Vergesst die Fallzahlen»; NZZ-online 12.1.2022, «Aus Angst, Fehler zu machen, begeht der Bund seinen grössten Irrtum.».

<sup>13</sup> BAG, Covid-19 Schweiz, Gesamte Spitalkapazität, <https://www.covid19.admin.ch/de/hosp-capacity/total>.

<sup>14</sup> BAG, Covid-19 Schweiz, Intensivstationen (IS), <https://www.covid19.admin.ch/de/hosp-capacity/icu>.

- 17 Eine entsprechende Behauptung hatte die Covid-19 Task Force des Bundes bereits an der Medienkonferenz vom 24.08.2021 aufgestellt, wonach in den Spitälern eine «Epidemie der Ungeimpften» beobachtet werden könne, weil «90% der hospitalisierten COVID-Patienten «ungeimpft» seien».<sup>15</sup> Für diese Behauptung gibt es keine Evidenz.
- 18 Erstens betrug der Anteil der «Covid-Patienten» (per 24.08.2021) in den Schweizer Spitälern zu jenem Zeitpunkt gerade einmal 3.7%.<sup>16</sup> Diese tiefe Quote zum Beleg für eine Epidemie irgendwelcher Art zu machen – geschweige für das Ausrufen einer Epidemie der «Ungeimpften» zu verwenden – ist bereits per se nicht seriös.
- 19 Zweitens bestand für die Behauptung, dass sich unter diesen 3.7% bis zu 90% «Ungeimpfte» befinden würden, gar keine solide Datenbasis, weil Spitäler erst im Spätsommer 2021 überhaupt erst begonnen haben, den Impfstatus systematisch zu erfassen. Das Kantonsspital St. Gallen bestätigte auf Anfrage, dass der Impfstatus bei Hospitalisierten bis zum 23.08.2021 nicht systematisch erhoben worden sei.<sup>17</sup> Interne Weisungen gewisser Spitäler liegen uns vor, wonach die schriftlich-offizielle Anordnung zur systematischen Erfassung des Impfstatus sogar erst im November (KS LU), respektive erst anfangs Dezember 2021 (USZH) erfolgten.<sup>18</sup> Wenn aber der Impfstatus selbst in grossen Spitälern erst seit Ende 2021 erhoben wurde, entbehrt jede Aussage zur Quantifizierung der Geimpften oder eben der Ungeimpften jeder Datengrundlage.
- 20 Dieser Tatsache der lückenhaften Datenlage ging ein aussagekräftiger Bericht vom 24. November 2021 in Medinside nach.<sup>19</sup> Auch dieser bestätigte auf der Basis von Anfragen bei diversen Spitälern, dass die Datenlage betreffend Impfstatus für das Jahr 2021 alles andere als zuverlässig ist.
- 21 Das gleiche Bild ergibt sich bei der offiziellen Erfassung der «Covid-Todesfälle» nach Impfstatus: Seit Ende der «Nationalen Impfwoche» (14. November 2021) und damit seit demjenigen Zeitpunkt, in welchem alle Menschen in der Schweiz allerspätestens ein Impfangebot erhalten hatten, wurden bis zum 15. Dezember 2021 41.96% als «nicht geimpft», 39.57% als «vollständig geimpft», 0.92% als «teilweise geimpft» und ganze 17.56% als «unbekannt» ausgewiesen.<sup>20</sup> Ungeimpfte und (teilweise) geimpfte Menschen

<sup>15</sup> Swiss National Covid-19 Science Task Force, «Wissenschaftliches Update 24. August 2021», <https://scienctaskforce.ch/wissenschaftliches-update-24-august-2021>.

<sup>16</sup> BAG, Covid-19 Schweiz, Gesamte Spitalkapazität, <https://www.covid19.admin.ch/de/hosp-capacity/total>.

<sup>17</sup> Diese E-Mail werden wir Ihnen – Frau Beck – auf Anfrage gerne anonymisiert nachreichen.

<sup>18</sup> Diese internen Weisungen werden wir Ihnen – Frau Beck – auf Anfrage gerne nachreichen.

<sup>19</sup> Medinside, 24.11.2021, «Wie genau sind die Zahlen über Geimpfte in Spitälern?», <https://www.medinside.ch/de/post/wie-genau-sind-die-zahlen-ueber-geimpfte-in-den-spitaelern>.

<sup>20</sup> BAG, Covid-19 Schweiz, Todesfälle nach Impfstatus, <https://www.covid19.admin.ch/de/vaccination/status>. Zeitraum 15.11.2021 bis 15.12.2021 in absoluten Zahlen: 227 «nicht geimpft», 214 «vollständig geimpft», 5 «teilweise geimpft» und 95 «unbekannt» (Stand: 19.12.2021).

halten sich damit die Waage. Der grosse Anteil des Status «unbekannt» ist ein Beweis dafür, dass der Impfstatus sogar bis heute nicht konsequent erfasst wird. In Anbetracht der grossen Bedeutung dieser Kenngrössen für die Festlegung von Massnahmen ist diese large Praxis nicht länger akzeptabel und ausserdem unbefriedigend in einem Land, wo ansonsten alle relevanten Daten zuverlässig statistisch erfasst werden.

- 22 Aus diesen Gründen, sowie mit Blick auf die notorische Tatsache der rasch nachlassenden Wirkung der Covid-19-Impfungen (sog. «Impfdurchbrüche»)<sup>21</sup> und mit Blick auf die nachfolgend (Ziff. 2.3) thematisierten Hinweise auf ein erhöhtes Infektions- und Sterberisiko der Geimpften, ist es falsch zu behaupten, dass die Ungeimpften die Spitäler übermässig belasten würden.

### 2.3. Erhöhtes Sterberisiko der Geimpften?

Ferner schreiben Sie, dass Geimpfte gemäss Daten aus England gar ein erhöhtes Risiko hätten, an Covid-19 zu versterben. Hier wird wieder ein Prävalenzfehler begangen. Und auf einen Blog verwiesen, der u.a. wegen eben jenem Fehler immer wieder *Bestandteil von Faktenchecks* von seriösen Organisationen war. Wie erklären Sie diesen Widerspruch? Und erachten Sie [dailyexpose.uk](http://dailyexpose.uk) als seriöse Quelle?

- 23 Die Angabe in der «Deklaration 2G», wonach in England 6 von 10 «COVID-Fällen», 6 von 10 «COVID- Hospitalisationen» und 8 von 10 «COVID-Todesfällen» von vollständig «geimpften» Personen verursacht worden seien, beruhen auf einem Bericht der UK Health Security Agency, welche im Auftrag der Englischen Regierung (Department of Health & Social Care) arbeitet und die Daten zusammenstellt.<sup>22</sup> Die von uns zitierte Quelle [www.dailyexpose.uk](http://www.dailyexpose.uk)<sup>23</sup> fasst die Daten dieses Berichtes zusammen, verlinkt den Bericht im Artikel und präsentiert Tabellen mittels Snapshots, so dass gemachte Aussagen durch den Leser einfach hinsichtlich Plausibilität überprüft werden können. Inwiefern die von Ihnen zitierte «Faktenchecker»-Seite mit einem Beitrag vom 1. November 2021 den von uns zitierten Beitrag mit späterem Publikationsdatum vom 4. Dezember 2021 in irgendeiner Weise «klarzustellen» vermöchte, erscheint uns schon in rein zeitlogischer Abfolge als unmöglich. Sollten die von uns übernommenen Angaben dennoch nicht korrekt sein oder

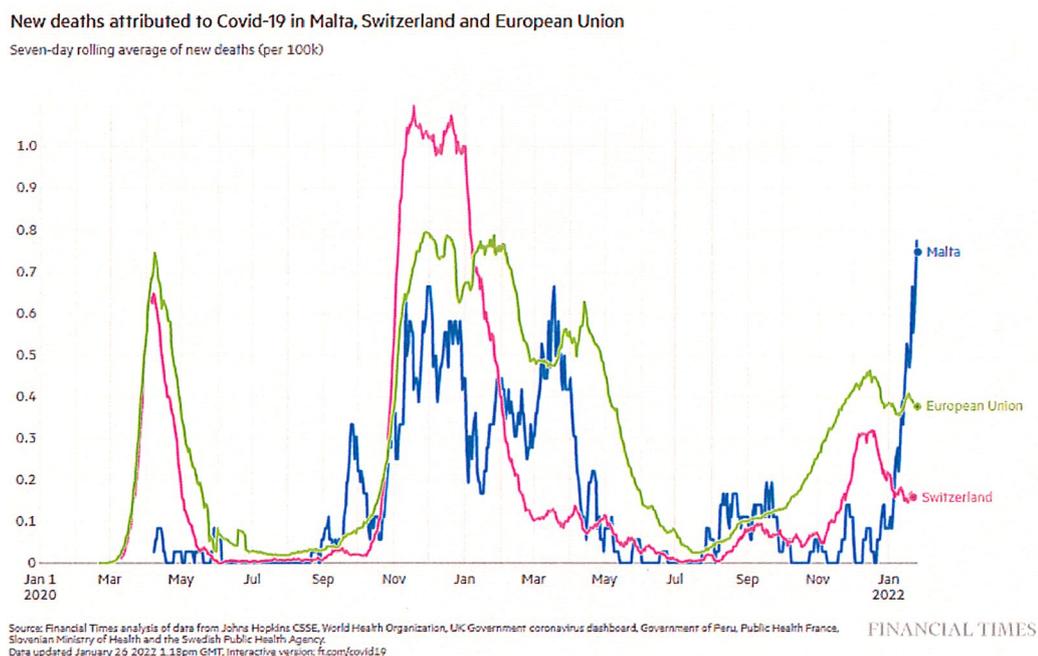
<sup>21</sup> Zusammenfassend: NZZ vom 31.12.2021 «*Nach Impfdurchbruch: Wie lange muss man mit dem Booster zuwarten?*» (<https://www.nzz.ch/schweiz/nach-impfdurchbruch-wie-lange-mit-dem-booster-zuwarten-ld.1662363>)

<sup>22</sup> UK Health Security Agency, COVID-19 vaccine surveillance report, Week 48, [https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment\\_data/file/1037987/Vaccine-surveillance-report-week-48.pdf](https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/1037987/Vaccine-surveillance-report-week-48.pdf).

<sup>23</sup> The Exposé, «Fully Vaccinated accounted for 4 in every 5 Covid-19 Deaths in England during November despite Booster Jab Campaign», <https://dailyexpose.uk/2021/12/04/4-in-5-covid-deaths-fully-vaccinated-November/>.

wir diese Daten falsch interpretiert haben, sind wir offen für eine diesbezügliche Diskussion und allfällige Korrektur.

- 24 Indes gibt es weltweit zahlreiche Indizien, die auf eine Korrelation von hoher Durchimpfungsrate mit hoher Infektions- und/oder Todesrate schliessen lassen.<sup>24</sup> Als ein Beispiel unter vielen sei etwa Malta erwähnt: Malta verzeichnet mit einer der höchsten Impfraten weltweit («fully vaccinated»: 86.6%)<sup>25</sup> derzeit gerade die höchste Covid-Todesrate seit Beginn der Corona-Krise:<sup>26</sup>



- 25 Wäre die Impfung derart erfolgreich, wäre doch eigentlich ein anderes Ergebnis zu erwarten. Eine abschliessende Beurteilung ist uns indes noch nicht möglich. In diversen

<sup>24</sup> Um nur einige wenige anzuführen: Siehe etwa KAMPF, 20.11.2021 «The epidemiological relevance of the COVID-19-vaccinated population is increasing», <https://www.thelancet.com/action/showPdf?pii=S2666-7762%2821%2900258-1>; SUBRAMANIAN / KUMAR, 30.09.2021, «Increases in COVID-19 are unrelated to levels of vaccination across 68 countries and 2947 counties in the United States», <https://link.springer.com/content/pdf/10.1007/s10654-021-00808-7.pdf>. Ferner MERCOLA, «How CDC Manipulated Data to Create «Pandemic of the Unvaxxed» Narrative», <https://childrenshealthdefense.org/defender/cdc-manipulated-data-create-pandemic-unvaxxed-narrative/>; SHITRIT / ZUCKERMAN et al., 30.09.2021, «Nosocomial outbreak caused by the SARS-CoV-2 Delta variant in a highly vaccinated population, Israel, July 2021», <https://www.eurosurveillance.org/content/10.2807/1560-7917.ES.2021.26.39.2100822>.

<sup>25</sup> Financial Times, «Covid-19 vaccine tracker: the global race to vaccinate», [https://ig.ft.com/coronavirus-vaccine-tracker/?areas=gbr&areas=\\_isr&areas=usa&areas=eue&areas=are&areas=chn&areas=chl&cumulative=1&doses=total&populationAdjusted=1](https://ig.ft.com/coronavirus-vaccine-tracker/?areas=gbr&areas=_isr&areas=usa&areas=eue&areas=are&areas=chn&areas=chl&cumulative=1&doses=total&populationAdjusted=1).

<sup>26</sup> Financial Times, «Coronavirus tracked: see how your country compares», New deaths attributed to Covid-19 in Malta (Stand: 25. Januar 2022), <https://ig.ft.com/coronavirus-chart/?areas=mlt&areasRegional=usny&areasRegional=usnh&areasRegional=uspr&areasRegional=usdc&areasRegional=usfl&areasRegional=usmi&cumulative=0&logScale=0&per100K=1&startDate=2021-06-01&values=deaths>

Ländern laufen derzeit Analysen zu ebendieser – mutmasslichen – Korrelation von Impf- und Todesrate. Wir werden diese Entwicklung weiter beobachten.

#### 2.4. PCR-Fallzahlen als Messgrösse «völlig wertlos»

Sie schreiben, die Fallzahlen seien als Messgrösse «völlig wertlos», weil die PCR-Tests nicht taugen. Das sage schliesslich selbst die WHO. Das WHO-Dokument, das sie als Quelle angeben und das in Querdenker-Kreisen immer wieder zirkuliert, macht diese Aussage jedoch nicht. Gemäss WHO sind die Tests verlässlich und es handelt sich hierbei um eine Falschinterpretation des Dokuments, *wie hier nachzulesen ist*. Wie erklären Sie diesen Widerspruch?

- 26 Das PCR-Testergebnis ist, wie von uns geltend gemacht, für sich alleine betrachtet laut Aussage der WHO im zitierten Dokument in der Tat wertlos, da es lediglich als *Hilfestellung* bei der Diagnose im Zusammenhang mit klinischen Beobachtungen (= Symptome) dient:

«Most PCR assays are indicated as an aid for diagnosis, therefore, health care providers **must** consider any result in combination with timing of sampling, specimen type, assay specifics, clinical observations, patient history, confirmed status of any contacts, and epidemiological information.»<sup>27</sup>

- 27 Aus dem aufgeführten Ausschnitt der von uns zitierten WHO-Quelle geht eindeutig hervor, dass die von Ihnen angegebene «Richtigstellung» von *correctiv.org* inhaltlich nicht korrekt ist.

- 28 Trotzdem werden in der Schweiz (und weltweit) positive PCR-Testergebnisse bei Personen ohne Symptome als «COVID-Fälle» erfasst, was definitiv nicht der Empfehlung der WHO entspricht.<sup>28</sup> Diese Problematik ist dem Bundesrat längst bekannt. In seiner Stellungnahme vom 26. August 2020 auf die Motion von Nationalrätin Verena Herzog vom 19. Juni 2020 zur Frage, warum man keine grossflächigen Testungen der Bevölkerung vornehme, positionierte sich der Bundesrat damals – zutreffend – noch wie folgt:<sup>29</sup>

«[...] Aus Sicht des Bundesrats ist das systematische grossflächige Testen sowie das Testen von repräsentativen Stichproben aus der hauptsächlich gesunden und symptomlosen Bevölkerung kein geeignetes Mittel, um eine prä-

<sup>27</sup> WHO Information Notice for Users 2020/05, 20.01.2021, «Nucleic acid testing (NAT) technologies that use polymerase chain reaction (PCR) for detection of SARS-CoV-2», <https://www.who.int/news/item/20-01-2021-who-information-notice-for-ivd-users-2020-05>.

<sup>28</sup> BAG, «Neues Coronavirus (Covid-19) Verdachts-, Beprobungs- und Meldekriterien vom 13.01.2022», [https://www.bag.admin.ch/dam/bag/de/dokumente/mt/msys/covid-19-verdachts-meldekriterien.pdf.download.pdf/Verdachts\\_Beprobungs\\_und\\_Meldekriterien.pdf](https://www.bag.admin.ch/dam/bag/de/dokumente/mt/msys/covid-19-verdachts-meldekriterien.pdf.download.pdf/Verdachts_Beprobungs_und_Meldekriterien.pdf).

<sup>29</sup> Antwort Bundesrat auf Motion Herzog (20.3859) vom 19.06.2020, <https://www.parlament.ch/de/ratsbetrieb/suche-curia-vista/geschaefft?AffairId=20203859>.

zise Information zur epidemiologischen Situation zu erhalten. Ein **Virusnachweis bei einer symptomfreien Person ist schwierig zu interpretieren, da es sich um ein Überbleibsel einer geheilten Infektion handeln könnte. Zudem ist bei einer Stichprobe, die fast nur aus gesunden Personen besteht, die Wahrscheinlichkeit für falsche Testergebnisse sehr hoch.** Bei der Entnahme der Probe handelt es sich ausserdem um einen invasiven Eingriff, der von staatlicher Seite nicht ohne Weiteres verordnet werden kann [...]»

- 29 Dabei gilt es allgemein als Selbstverständlichkeit in der Medizin, Laborwerte nur als Ergänzung zu einer klinischen Diagnose basierend auf Symptomen zu nutzen und niemals isoliert zu betrachten. Diesbezüglich sei nochmals an die Klarstellung des Bundesgerichts erinnert, welche wir in unserer «Deklaration 2G» vom 24. Dezember 2021 zitiert hatten («Indessen ist es gar nicht umstritten und übrigens allgemeinnotorisch, dass ein positiver PCR-Test keine Krankheitsdiagnose und für sich allein wenig aussagekräftig ist [...]»).<sup>30</sup> Betreffend PCR-Test im Zusammenhang mit Hospitalisierungen und Todesfällen verweisen wir auf den bereits erwähnten erheblichen Korrekturbedarf der BAG-Statistiken.<sup>31</sup>
- 30 Im Übrigen weisen wir darauf hin, dass eine Vielzahl weiterer Quellen die Tauglichkeit des PCR-Tests zur Diagnose einer Erkrankung infolge Infektion mit SARS-CoV-2 erheblich in Frage stellen. Um nur einige wenige zu nennen:
- Rechtsgutachten BAHNER;<sup>32</sup>
  - Bulletin Robert-Koch-Institut;<sup>33</sup>
  - Review Report BORGER/MALHOTRA/YEADON;<sup>34</sup>
  - Beitrag JEFFERSON/SPENCER/BRASSEY/HENEGHAN.<sup>35</sup>
- 31 Vor diesem Hintergrund besteht nach zwei Jahren PCR-Test-basierter epidemiologischer Lagebeurteilung höchste Veranlassung, diese im Zentrum der Risikobeurteilung stehende Messmethode einer wirksamen und unabhängigen Überprüfung zu unterziehen.

---

<sup>30</sup> Urteil 2C\_228/2021 des BGer vom 23. November 2021, E. 5.2.

<sup>31</sup> Vorn N 14, FN 11 und 12.

<sup>32</sup> BAHNER, 05.01.2022, «Rechtsgutachten zur Untauglichkeit des PCR-Tests, eine akute Infektion mit dem SARS-CoV-2-Virus nachzuweisen», <https://beatebahner.de/lib.medien/Rechtsgutachten%20Beate%20Bahner%20zur%20Untauglichkeit%20des%20PCR-Tests%281%29.pdf>.

<sup>33</sup> Robert-Koch-Institut, Epidemiologisches Bulletin 39/2020 vom 24. September 2020, S. 8: «Der Nachweis des SARS-CoV-2-Genoms stellt allerdings keinen unmittelbaren Beleg der Ansteckungsfähigkeit eines Patienten dar».

<sup>34</sup> BORGER/MALHOTRA/YEADON et al, «Review report Corman-Drosten et al. Eurosurveillance 2020», <https://cormandrostenreview.com/report/>.

<sup>35</sup> JEFFERSON/SPENCER/BRASSEY/HENEGHAN, 03.12.2020, «Viral Cultures for Coronavirus Disease 2019 Infectivity Assessment: A Systematic Review», <https://doi.org/10.1093/cid/ciaa1764>.

## 2.5. Wirksamkeit von «Ivermectin»? Alternative Behandlungsmethoden?

In der Deklaration fragen Sie, «wieso nicht endlich medikamentöse Frühbehandlungsprotokolle geprüft und propagiert werden.» Gemäss Quellenangabe verweisen Sie hier auf Ivermectin. «Es gibt keine aussagekräftige Evidenz für die Anwendung von Ivermectin (Stromectol) bei SARS-CoV-2», meldete vergangenen November selbst *der Hersteller von Ivermectin*. Wie erklären Sie diesen Widerspruch?

- 32 Die stark antivirale Aktivität von Ivermectin gegen SARS-CoV-2 *in vitro* wurde bereits im Juni 2020 aufgezeigt.<sup>36</sup> Seither hat Ivermectin seine Wirksamkeit bei COVID-19 in 67 Studien, davon 31 prospektive randomisierte Studien (RCT= Goldstandard der Studien) belegt. Eine Meta-Analyse, welche Daten von 3406 Patienten aus 24 RCT umfasst, kommt zum Schluss, das Ivermectin das Sterberisiko senkt und bei einem frühzeitigen Einsatz schwere Verläufe reduziert.<sup>37</sup> Aktuell wird Ivermectin in mehr als 20 Ländern für die Behandlung von COVID-19 verwendet.<sup>38</sup>
- 33 Dass Merck kein Interesse daran hat, das günstige Ivermectin zu vermarkten und deshalb behauptet, dass die Wirksamkeit nicht hinreichend nachgewiesen wurde, scheint geradezu nachvollziehbar. Merck hat in verschiedenen Ländern, auch in der Schweiz, Zulassungsgesuche für das voraussichtlich sehr teure Molnupiravir eingereicht, das zur Behandlung von COVID-19 eingesetzt werden soll. Währenddem die Herstellkosten für eine Therapiedosis mit Molnupiravir bei USD 17.80 liegt, soll diese für den Patienten in den USA USD 712.00 kosten. Merck verlangt einen 40-fachen Preisaufschlag.<sup>39</sup> Vergleicht man die Datenlage, die für Ivermectin vorliegt mit derjenigen für Molnupiravir, scheint es geradezu grotesk, dass für Molnupiravir eine Zulassung für die Behandlung von COVID erteilt werden soll und für Ivermectin nicht, zumal präklinische Studien darauf hindeuten, dass Molnupiravir das Erbgut schädigen kann.<sup>40</sup>

<sup>36</sup> CALY et al, 03.04.2020, «The FDA-approved drug ivermectin inhibits the replication of SARS-CoV-2 *in vitro*», <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7129059/>.

<sup>37</sup> BRYANT/LAWRIE et al., 21.06.2021, «Ivermectin for Prevention and Treatment of COVID-19 Infection: A Systematic Review, Meta-analysis, and Trial Sequential Analysis to Inform Clinical Guidelines», <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34145166/>; HOFT, 25.11.2021, «There Are Now 365 Studies that Prove the Efficacy of Ivermectin and HCQ in Treating COVID-19 – Will Anyone Confront Fauci and The Medical Elites on Their Deception?», <https://www.thegatewaypundit.com/2021/11/now-365-studies-prove-efficacy-ivermectin-hcq-treating-covid-19-will-anyone-confront-fauci-medical-elites-deception/>.

<sup>38</sup> Global ivermectin adoption for COVID-19, <https://ivmstatus.com>.

<sup>39</sup> SCHEPIS, 04.11.2021, «Gravierende Mängel bei Zulassungsstudie des Corona-Impfstoffes. Wo bleiben die Konsequenzen?», <https://www.nebelspalter.ch/gravierende-maengel-bei-zulassungsstudie-des-corona-impfstoffes-wo-bleiben-die-konsequenzen>.

<sup>40</sup> ZHOU et al., 07.05.2021, «β-D-N4-hydroxycytidine Inhibits SARS-CoV-2 Through Lethal Mutagenesis But Is Also Mutagenic To Mammalian Cells», <https://academic.oup.com/jid/article/224/3/415/6272009>.

- 34 Es hätten damit sehr gute Gründe bestanden, die Zulassung von Ivermectin sowie weitere erfolgsversprechende (medikamentöse) Frühbehandlungsprotokolle für SARS-CoV-2 wenigstens zu prüfen, anstatt völlig einseitig auf die Impfung als einzigen «Game-Changer» zu setzen.

## 2.6. «Focused Protection» als «unethischer, gefährlicher Blödsinn»?

In Ihrer Deklaration propagieren Sie das Konzept der «Focused Protection» und verweisen auf die Great Barrington Deklaration. Das Konzept wird von der WHO und führenden Epidemiologinnen und Virologen als *unethisch, gefährlich* oder als von *Pseudoexperten* verfasster Blödsinn bezeichnet. Wie erklären Sie diesen Widerspruch?

- 35 In Bezug auf den Ansatz der «Focused Protection» führten renommierte Wissenschaftler wie Prof. Dr. Martin KULLDORFF (Harvard University), Prof. Dr. Sunetra GUPTA (Oxford University) und Prof. Dr. Jay BHATTACHARYA (Stanford University) in der «Great Barrington Declaration» (unterzeichnet von über 920'000 Personen) bereits Ende 2020 aus, dass «zero Covid» unmöglich sei. Einzig Herdenimmunität sei der Endpunkt dieser Krise – unabhängig davon, ob man den Ansatz von «Lockdowns» oder eben der «Focused Protection» wählen würde. Dabei sei letzterer Ansatz klarerweise vorzuziehen, da die Schäden von Lockdowns «vielfältig und verheerend» seien.<sup>41</sup> Es bedürfe daher vielmehr eines gezielten Schutzes desjenigen Bevölkerungsteils, welcher effektiv ein erhöhtes Risiko hat, an SARS-CoV-2 tödlich zu erkranken<sup>42</sup> – und das sind vorab Personen über 70 Jahren mit einschlägigen Vorerkrankungen.<sup>43</sup>

<sup>41</sup> Zum Ganzen BHATTACHARYA / KULLDORFF (Great Barrington Declaration), «Focused Protection: The Middle Ground between Lockdowns and «Let it Rip»», 25. November 2020, zu finden unter <<https://gbdeclaration.org/focused-protection/>>. Bereits zitiert in «Deklaration 2G» (vorn FN 1), N 16 FN 35.

<sup>42</sup> Zum Ganzen GREAT BARRINGTON DECLARATION, «Frequently asked questions», zu finden unter <<https://gbdeclaration.org/frequently-asked-questions/>>; BHATTACHARYA / KULLDORFF, «Focused Protection: The Middle Ground between Lockdowns and «Let it Rip»», 25. November 2020, zu finden unter <<https://gbdeclaration.org/focused-protection/>>; KULLDORFF / GUPTA / BHATTACHARYA, «We Should Focus on Protecting the Vulnerable from COVID Infection», Newsweek, 30. Oktober 2020, zu finden unter <<https://www.newsweek.com/we-should-focus-protecting-vulnerable-covid-infection-opinion-1543225>>; BHATTACHARYA, «It's Time for an Alternative to Lockdown», 29. Oktober 2020, The Spectator, zu finden unter <<https://www.spectator.co.uk/article/it-s-time-for-an-alternative-to-lockdown>>; Kulldorff / Bhattacharya J, «Lockdown Isn't Working», 2. November 2020, The Spectator, <<https://www.spectator.co.uk/article/lockdown-isn-t-working>>.

<sup>43</sup> Letalität über 70-jähriger Menschen bei 2.4%–5.5% gemäss AXFORS/IOANNIDIS, «Infection fatality rate of COVID-19 in community-dwelling populations with emphasis on the elderly: An overview», Preprint vom 13.07.2021, <https://www.medrxiv.org/content/10.1101/2021.07.08.21260210v1.full.pdf>. Bereits zitiert «Deklaration 2G» (vorn FN 1), N 16 FN 34.

- 36 Zur Untermauerung Ihrer Frage beziehen Sie – Frau Beck – sich auf Aussagen von Tedros Adhanom Ghebreyesus (WHO), Anthony Fauci (NIAID) und Christian Drosten (Charité Berlin). Sie stützen sich demnach auf genau diejenigen Personen, welche den zur Krankheitsdiagnose ungeeigneten PCR-Test propagierten,<sup>44,45</sup> massiv überhöhte Sterblichkeitsraten von 3.4% verbreiteten<sup>46</sup> (effektiv: 0.15%),<sup>47</sup> nie eingetretene Horrorprognosen von «Millionen» an Corona-Toten allein in den USA skizzierten<sup>48</sup> (aktueller Stand: 864'397 Menschen, die an oder mit Corona verstarben)<sup>49</sup> und die Covid-Impfung als einzigen Ausweg aus der Corona-Krise bezeichneten.<sup>50</sup>
- 37 Demgegenüber zitieren wir Wissenschaftler, deren sorgfältige Analyse vom Herbst 2020 sich bis zum heutigen Tag in Gänze bewahrheitet hat. Um nur drei Punkte zu nennen: «Zero Covid» ist komplett gescheitert, die Lockdowns haben weltweit unendliches Leid produziert und wir sind – allem staatlichen Aktivismus zum Trotz – bereits in die Endphase der Herdenimmunität eingetreten.

<sup>44</sup> DROSTEN, 17.04.2021, «Die PCR-Tests für Sars-CoV-2 sind von Anfang an besser validiert», <https://www.welt.de/politik/deutschland/article230461507/Chefvirologe-Drosten-Die-PCR-Tests-fuer-Sars-CoV-2-sind-von-Anfang-an-besser-validiert.html>; Charité Berlin, Pressemitteilung 16.01.2020, DROSTEN: «Ich gehe davon aus, dass die breite Verfügbarkeit des Diagnostiktests nun in kurzer Zeit helfen wird, Verdachtsfälle zweifelsfrei aufzuklären [...]», [https://www.charite.de/service/pressemitteilung/artikel/detail/erster\\_test\\_fuer\\_das\\_neuartige\\_coronavirus\\_in\\_china\\_entwickelt/](https://www.charite.de/service/pressemitteilung/artikel/detail/erster_test_fuer_das_neuartige_coronavirus_in_china_entwickelt/).

<sup>45</sup> Zur fehlenden Eignung des PCR-Tests bereits vorn (Ziff. 2.4).

<sup>46</sup> CNBC, 03.03.2020, «WHO says coronavirus death rate is 3.4% globally, higher than previously thought», <https://www.cnbc.com/2020/03/03/who-says-coronavirus-death-rate-is-3point4percent-globally-higher-than-previously-thought.html> (GHEBREYESUS).

<sup>47</sup> IOANNIDIS, «Reconciling estimates of global spread and infection fatality rates of COVID-19: An overview of systematic evaluations», 26.03.2021, <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/eci.13554>. Bereits zitiert «Deklaration 2G» (vorn FN 1), N 15 FN 29.

<sup>48</sup> CNN, 15.03.2020, Dr. FAUCI: ««Possible» that millions could die in US», <https://edition.cnn.com/videos/politics/2020/03/15/sotu-fauci-millions.cnn>.

<sup>49</sup> Financial Times, «Coronavirus tracked: see how your country compares», Cumulative deaths attributed to Covid-19 in US (Stand : 25. Januar 2022), <https://ig.ft.com/coronavirus-chart/?areas=usa&areasRegional=usny&areasRegional=usnh&areasRegional=uspr&areasRegional=usdc&areasRegional=usfl&areasRegional=usmi&cumulative=1&logScale=0&per100K=0&startDate=2021-06-01&values=deaths>.

<sup>50</sup> DROSTEN, 06.09.2021, NDR.de: «Und darum sage ich weiter auch mit großer Überzeugung, dass wir uns aus dieser Pandemie rausimpfen können, wenn wir über eine Impfquote von 90 Prozent kommen – gesamtgesellschaftlich. Das sollte auch unser Ziel sein.», <https://www.ndr.de/nachrichten/info/97-Coronavirus-Update-Wir-muessen-uns-aus-der-Pandemie-rausimpfen,podcastcoronavirus334.html>.

### 3. Gegenfragen des Committee Board an Ronja Beck (Republik):

38 Abschliessend möchten wir unsererseits ebenfalls folgende Fragen an Sie richten:

#### 3.1. «Faktenchecker»

(1) Woraus schliessen Sie, dass die von Ihnen verlinkten «Faktenchecker» wie *correctiv.org* oder *factcheck.org* seriöse Quellen darstellen?

#### 3.2. Beurteilung der epidemiologischen Risiken

(2) Welches sind aus Ihrer Sicht die massgebenden Kriterien, um die effektive Gefährlichkeit eines Krankheitserregers objektiv überprüfbar und zuverlässig zu ermitteln? Reicht eine «Diagnose auf PCR-Testbasis» für Sie (noch immer) aus? Oder besteht Anlass, die bisher angewendeten Diagnosemethoden zu verbessern?

(3) Wie stark muss die tatsächlich erkennbare schädigende Wirkung eines Krankheitserregers auf die Gesundheit der Schweizer Bevölkerung sein (A. in qualitativer; B. in quantitativer Hinsicht), damit gravierende und dauerhafte Eingriffe in das private, öffentliche, wirtschaftliche und demokratische Leben der gesamten Schweiz (in bis anhin nie dagewesenem Ausmass) zu rechtfertigen sind?

(4) Wieviel Zeit (in Jahren) darf die Regierung der Schweiz besondere Befugnisse im Rahmen der besonderen Lage beanspruchen, ohne dass die Voraussetzungen für diese Sonderbefugnisse von einer anderen Staatsgewalt (inkl. von den Medien) wirksam überprüft werden?

39 Uns würde interessieren, wie Sie bzw. die Republik mit diesen Schlüsselfragen umgehen, und sehen Ihrer Antwort innerhalb von zwei Tagen (derselben Frist, welche Sie uns angesetzt haben) mit Interesse entgegen.

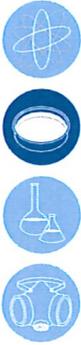
40 Wir danken Ihnen für Ihr Interesse und für die Gelegenheit, auf Ihre Fragen zu antworten.

---

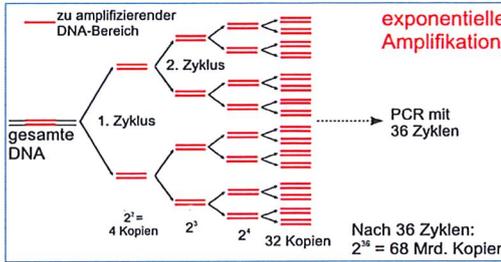
#### Für das Committee Board:

Fürsprecher Philipp Kruse, LL.M.;

Dr. iur. Markus Zollinger, Rechtsanwalt.



# Polymerase-Kettenreaktion

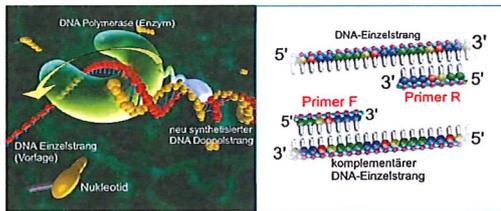


## Polymerase-Kettenreaktion (PCR)?

Mit **PCR** (engl. polymerase chain reaction) wird ein vorbestimmter Abschnitt einer Erreger-DNA vervielfältigt. Als «Kopiermaschine» braucht es ein Enzym namens **Polymerase**, welches in einer Kettenreaktion aus sich wiederholenden Temperatur-Zyklen den gewünschten DNA-Abschnitt immer wieder verdoppelt und so eine messbare DNA-Menge generiert.

**Vorteile:** In 45 min können in einem Volumen von 20-50 µl bis zu zehn Erreger nachgewiesen werden.

**Nachteile:** Es können nur Erreger nachgewiesen werden, deren Gen-Sequenz bekannt ist. Ob ein Erreger infektiös (virulent, «lebendig») ist oder nicht bleibt unbekannt.



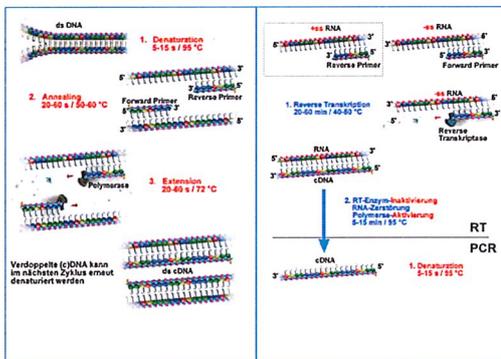
## DNA-Polymerase und Oligonukleotide

Für die Vervielfältigung der DNA (**Amplifikation**) wird das Enzym **DNA-Polymerase** benötigt. Als Vorlage dient ein DNA-Einzelstrang des nachzuweisenden Erregers. Die passenden Nucleotide (dNTPs) werden durch die DNA-Polymerase zum Komplementärstrang verbunden.

Die DNA-Polymerase bindet aber nur dort an den DNA-Einzelstrang, wo eine kurze Doppelstrangstruktur als Startpunkt vorliegt. Dieser wird in der PCR mit der Zugabe von **Primer** bestimmt, die den zu amplifizierenden DNA-Abschnitt definieren.

Ein Primer ist ein kurzes DNA-Stück bestehend aus 15-30 Nucleotiden, ein so genanntes **Oligonucleotid**. Für beide komplementären DNA-Einzelstränge des Erregers wird je ein Primer (Forward (F) & Reverse (R)) mit Hilfe von Software festgelegt.

Die dazu benötigte DNA-Sequenz des nachzuweisenden Erregers wird im Internet aus öffentlichen Datenbanken kopiert. Die Oligonucleotide werden über Internet bei spezialisierten Firmen bestellt und synthetisiert.

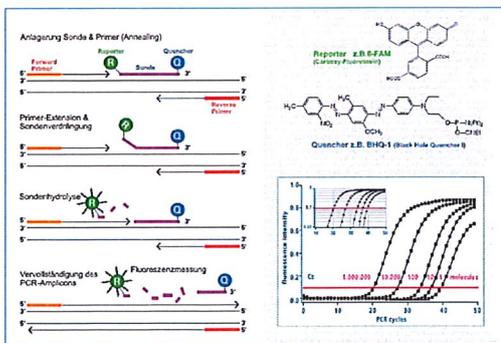


## PCR & RT-PCR – Die Kettenreaktion

Die PCR besteht aus einer Serie (Kettenreaktion) von 30 bis 45 Temperatur-Zyklen und wird in einem Thermocycler durchgeführt. Jeder Zyklus besteht aus drei Schritten:

- **Denaturierung:** Im ersten Schritt wird die doppelsträngige DNA auf 95 °C erhitzt um die Stränge zu trennen. Es stehen zwei Vorlagen (Matrizen).
- **Annealing** (Anlagerung): Die Temperatur wird Primer-abhängig gesenkt damit sich die spez. Primer an die DNA-Einzelstränge anlagern können.
- **Extension** (Elongation): Die DNA-Polymerase bindet bei 60°C an die kurzen doppelsträngigen Bereiche und repliziert den komplementären Strang.

Da die Genome vieler Virenarten aus RNA bestehen, muss diese für die PCR zuerst in DNA umgeschrieben werden. Dieser Vorgang wird **Reverse Transkription (RT)** genannt und kann im selben Ansatz der PCR vorgeschaltet werden.



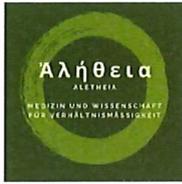
## Quantitative real-time PCR

Bei der real-time PCR findet zusätzlich eine **Quantifizierung** des amplifizierten DNA-Abschnittes statt. Dazu werden nach jedem PCR-Zyklus **Fluoreszenz**-Messungen durchgeführt, wobei die Zunahme der kopierten DNA mit der Zunahme der Fluoreszenz korreliert.

Als Fluoreszenz-Quelle können DNA-Farbstoffe (z.B. **SYBR Green**) verwendet werden, welche nur mit doppelsträngige DNA interkalieren (binden). Nach Anregung kann deren zunehmende Fluoreszenz gemessen werden. Es kann jedoch nicht zwischen spez./unspez. PCR-Produkten unterschieden werden.

Eine spezifischere Methode beruht auf den Zusatz einer zwischen den Primer liegenden Sonde (z.B. **TaqMan**). Diese ist an den Enden mit einem Reporter-Fluoreszenzfarbstoff (R), und einem Fluoreszenz-absorbierenden Quencher (Q) markiert.

Durch Verwendung einer speziellen DNA-Polymerase mit **5'-3'-Exonuklease-Aktivität**, wird die Sonde während der Synthese des Gegenstranges vom 5'-Ende her abgebaut, wodurch Quencher und Fluorophor voneinander entfernt werden. Die steigende Reporter-Fluoreszenz kann gemessen werden.



**ALETHEIA**

Medizin und Wissenschaft für Verhältnismässigkeit

Médecine et science pour l'application de mesures proportionnées

[www.aletheia-scimed.ch](http://www.aletheia-scimed.ch) - [info@aletheia-scimed.ch](mailto:info@aletheia-scimed.ch)

Aletheia c/o Postfach 1248, 6030 Ebikon

## **Einschreiben (R)**

10. Februar 2021

**Covid-19 - Offener Brief von Ärzten, Wissenschaft, Unternehmern und Angehörigen der Gesundheitsberufe der Schweiz. An alle Mitglieder von Bundesrat, Nationalrat, Ständerat, Regierungsräte, sowie an das BAG und die Kantonsärztinnen und -ärzte.**

**Primum non nocere, Secundum cavere, Tertium sanare**

Sehr geehrte Damen und Herren Parlamentarier

Sehr geehrte Amts- und Entscheidungsträger von Bund und Kantonen

Der Verein Aletheia vereint über 1'000 Gesundheitsfachpersonen, insbesondere Ärztinnen und Ärzte, Pflegerinnen und Pfleger, von denen viele täglich an der Corona-Front arbeiten. Was wir in unserem beruflichen und privaten Alltag erleben, deckt sich vielfach nicht im Ansatz mit den angst-einflössenden Berichten und Prognosen, welche die Medien und Behörden tagtäglich verbreiten. Wenn es - wie seit Monaten vermittelt - eine Pandemie von solch apokalyptischem Ausmass gäbe, wären die Konsequenzen ganz anderer Natur.

Was wir hingegen erleben, ist eine inkonsequente wie inkonsistente Massnahmenpolitik, die geprägt ist durch Entscheide, die weder nachvollziehbar, wissenschaftlich begründbar

noch staatsrechtlich legitimierbar sind. Es ist eine Massnahmenpolitik, die auch im Gesundheitswesen die Qualitäts- und Sicherheitsansprüche unserer Arbeit gefährden. So haben die staatlichen Interventionen den vor allem in der Winterzeit bestehenden Personalmangel noch verschlimmert. Der massive Eingriff der Behörden in die ärztliche Behandlungshoheit zwingt viele Ärzte und Ärztinnen gegen ihre ethischen und ärztlichen Grundsätze zu handeln.

Auszug aus dem Genfer Gelöbnis des Weltärztebundes:

„Ich werde, selbst unter Bedrohung, mein medizinisches Wissen nicht zur Verletzung von Menschenrechten und bürgerlichen Freiheiten anwenden.“

In der Ärzteschaft sind wir mit unseren Sichtweisen aktuell vermutlich in der Minderheit. Wir erachten unsere Argumente als differenziert und erwarten, dass Sie diesen die entsprechende Beachtung schenken. Sie tragen in der Legislative oder Exekutive die Verantwortung für die unermesslichen Kollateralschäden der ergriffenen Massnahmen, nicht zuletzt auch für die schier irreparable Spaltung der Gesellschaft, die Diffamierung von Andersdenkenden und den Ausschluss der Bevölkerung aus dem Meinungsbildungsprozess. Wir gehen hierzu in der juristischen Betrachtung im Kapitel 16 näher auf diesen Punkt ein.

Die Schweizer Legislative versäumt es, ihrer überfälligen staatsrechtlich-institutionellen Verpflichtung zur Oberaufsicht gegenüber dem Bundesrat (Art. 169 BV) nachzukommen. Bis zum heutigen Tage hat die Bundesversammlung es unterlassen, die Grundlagen und die Wirksamkeit der bundesrätlichen Massnahmen einer unabhängigen, kritischen und wirksamen Kontrolle zu unterziehen (Art. 170 BV). Damit sind ganz zentrale Kontroll- und Korrekturmechanismen des Rechtsstaates Schweiz seit März 2020 auf unbestimmte Zeit ausser Kraft.

In Anbetracht der schon gigantisch aufgelaufenen ökonomischen Schäden von 138 Milliarden SFr. (NZZ 28.11.2020<sup>1</sup>) und den unermesslichen negativen psychosozialen Auswirkungen durch die Corona-Massnahmen, fordern wir von der Politik, den Entscheidungs- und Amtsträgern und den Medien:

---

<sup>1</sup> <https://www.nzz.ch/wirtschaft/corona-krise-138-milliarden-franken-teuer-ld.1588354>.

- Dass sie sich im Entscheidungsprozess und vor dem Erlass verbindlicher Corona-Massnahmen unabhängig, kritisch und umfassend informieren. Wir verlangen, dass die politische Diskussion über Corona öffentlich und transparent aufgenommen wird. Insbesondere fordern wir eine unvoreingenommene Auseinandersetzung mit kritischen Stimmen, gegensätzlicher wissenschaftlicher Evidenz und eine vollumfängliche neutrale Information durch die Medien.
- Eine sofortige Aufhebung jeglicher Zensur der Beiträge kritisch eingestellter Experten und ein sofortiges Ende der einseitigen panikmachenden Berichterstattung von Seiten des BAG, der Task Force, Politik und vor allem der Medien.
- Eine grundsätzliche Neuorientierung unter Berücksichtigung der Verhältnismässigkeit aller Massnahmen und dies im öffentlichen Diskurs unter Einhaltung schweizerischer demokratischer Regeln und Rechtsstrukturen, denn wir haben nie eine wirkliche Notlage gehabt. Die aktuell unverhältnismässigen Massnahmen schaden der öffentlichen Gesundheit mehr als sie nützen, auf ökonomischer, physischer, geistiger und emotionaler Ebene.

Es gibt keine ausreichende medizinisch wissenschaftliche Evidenz, welche die aktuelle Politik mit ihren Massnahmen rechtfertigen würde. Entscheidend wäre eine tiefgreifende, transparente und vollumfängliche Auseinandersetzung der Entscheidungsträger mit allen – auch gegensätzlichen – wissenschaftlichen, global vorliegenden Daten in ihre Gesamtbeurteilung, auch wenn sie sich für die Task Force unangenehm präsentiert und sich vorangegangene Entscheidungen als falsch herausstellen sollten. Die öffentlich rechtlichen Medien lassen nicht genügend Raum für eine offene Debatte, in welcher auch kontroverse Ansichten und Meinungen veröffentlicht werden. Die entsprechenden Daten wurden durch qualitativ hochstehende wissenschaftliche Studien, von weltweit renommierten, hochqualifizierten Wissenschaftlern erarbeitet, studiert und deren Evidenz bestätigt. Die entsprechenden Studien werden aber konsequent und mit System von unseren verantwortlichen Entscheidungsträgern und Medien ignoriert und teils zensuriert. Dies verhindert eine objektive Meinungsbildung der Bevölkerung und eine kritische Bewertung der behördlich angeordneten Massnahmen. Darüber hinaus hat jeder Kanton die politische Vollmacht, willkürlich noch eigene Massnahmen, von zweifelhafter wissenschaftlicher Evidenz, hinzuzufügen. Das ist mit unserer direkten Demokratie nicht vereinbar.

„**Heilen ohne zu schaden**“ ist der Grundsatz jeden ärztlichen Handelns. Die kurz- und

langfristigen Kollateralschäden, die jetzt der Bevölkerung in allen Lebensbereichen zugefügt werden, haben aber Schweiz- und weltweit mehr negative und tödliche Auswirkungen, als die Zahl der Corona-Opfer, die jetzt gerettet werden.

Unserer Meinung nach stehen die derzeitigen Corona-Massnahmen und die harten Strafen bei deren Nichteinhalten im Widerspruch zu den Werten der schweizerischen Gesundheitspolitik, weil dem Wesentlichen nicht nachgekommen wird: „Wissenschaft – Expertise – Qualität – Unparteilichkeit – Unabhängigkeit – Transparenz“. Die Gesundheit und die psychosozialen schädigenden Konsequenzen sind unkalkulierbar und unermesslich, die ökonomische Vernichtung von Betrieben mit folgender existentieller Bedrohung von Menschen wird ins Kalkül einbezogen.

Die strikt repressive Politik rund um Corona steht im Gegensatz zu den wissenschaftlich anerkannten Grundsätzen der Prävention von Krankheiten, nämlich:

- Die Stärkung des eigenen Immunsystems durch einen Lebensstil, welcher Bewegungsmöglichkeiten nach individuellen Bedürfnissen und die Förderung von sozialen Bindungen im persönlichen Umfeld garantiert.
- Die Sicherung einer optimalen Betreuung betagter Menschen, ohne diese in Institutionen wie Gefangene einzusperren.
- Vermehrte Investitionen in das Gesundheitssystem, insbesondere in die Bedürfnisse der Pflege, um den heutigen Anforderungen gerecht werden zu können.

### **Das Konzept der Gesundheit**

1948 definierte die WHO die Gesundheit wie folgt: „*Gesundheit ist ein Zustand des vollständigen körperlichen, geistigen und sozialen Wohlbefindens*“.

Gesundheit ist daher ein weit gefasstes Konzept, das weit über das Physische hinausgeht und sich auch auf das emotionale und soziale Wohlbefinden des Einzelnen bezieht. Die Politik hat auch die Pflicht, diese Menschenrechte in ihre Entscheidungsfindung einzubeziehen, wenn es um Massnahmen im Zusammenhang mit der öffentlichen Gesundheit geht. Dabei betrifft es ganz grundsätzliche Fragen, wie die Gewichtung der individuellen Freiheit im Umfeld von risikobehafteten Personen, vor allem betagter Menschen, und die Akzeptanz des Todes im hohen Alter. Diese Fragen bedürfen einer gesamt-gesellschaftlichen Auseinandersetzung, und diesbezügliche Entscheidungsprozesse dürfen unter gar keinen Umständen wenigen Politikern und

Amtsträgern überlassen werden.

Die aktuellen globalen und schweizerischen Massnahmen zur Bekämpfung von SARS-CoV-2 verstossen in hohem Masse gegen diese Vision von Gesundheit und Menschenrechten. Sie stehen in absolut keinem Verhältnis zur allgemeinen Bedrohung durch das Virus.

### **Unsere Forderungen zusammengefasst:**

Die sofortige Aufhebung aller erlassenen restriktiven Massnahmen, ausschliesslich faktenbasierte und vollständige Information der Bevölkerung von Seiten des Bundes über die Art, Nebenwirkungen und möglichen Langzeitschäden des Gen-Impfstoffes und die Wiedereinführung der Mitbestimmung des Volkes, wenn es um Freiheit einschränkende Massnahmen geht und die Rückkehr zur normalen (nicht „neuen“) Normalität, weil:

1. die Verhältnismässigkeit der Massnahmen zur realen Bedrohung nicht gegeben ist.
2. das SARS-CoV-2 nie die Gefährlichkeit gezeigt hat, wie von bestimmten Virologen und Epidemiologen repetitiv immer wieder behauptet wurde. Es verhält sich im zeitlichen und saisonalen Verlauf wie die bekannten Grippeviren, darunter auch das Coronavirus im Jahr 2003.
3. wir nie die vorhergesagten Todeszahlen erreicht haben wie prognostiziert wurde, auch wenn jeder einzelne Todesfall ein einschneidendes und emotionales Erlebnis für die Angehörigen ist.
4. im Durchschnitt keine signifikante Übersterblichkeit besteht, verglichen mit den letzten 10 Jahren, wenn man die demografischen Veränderungen in der Altersstruktur mit einbezieht.
5. die Spitäler nie überlastet waren und in ihrer Gesamtheit nie an ihre Grenzen gestossen sind, trotz der rigorosen Sparmassnahmen im Gesundheitswesen mit Spital- und Bettenschliessungen und deutlichem Personalabbau der letzten Jahre. Punktuell aufgetretene Überforderungen waren hausgemacht, sind systembedingt und nicht auf das Coronavirus abzuschieben.
6. die Intensivstationen im Schnitt eine 75%-ige Belegung nur sporadisch und lokal leicht überschritten haben.
7. die restriktiven Massnahmen (Lockdown) keinen nachweislichen Einfluss auf das Infektionsgeschehen haben.
8. zur Identifikation von sogenannt „Infizierten“ ein absolut untauglicher, nie validierter Test (PCR-Test) angewendet wird, mit welchem keine Infektion mit einem replikations- und ansteckungsfähigen Virus nachgewiesen werden kann.

9. ein Test angewendet wird, welcher aufgrund seiner Untauglichkeit enorme falsch hohe positive Resultate erzielt und auf dessen Basis Massnahmen ergriffen werden, welche einen unermesslichen wirtschaftlichen und sozialen Schaden anrichten, welchen die zukünftigen Generationen zu begleichen haben.
10. für eine Korrelation von positiven Tests mit der Gefährlichkeit des Virusgeschehens die wissenschaftliche Basis fehlt und es sich somit bei der angeordneten Massnahmenflut um nicht mehr nachvollziehbare Freiheitseinschränkungen handelt.
11. das Virus mit hoher Wahrscheinlichkeit mit einem Impfstoff nicht eradiziert werden kann. Das Virus mutiert zu schnell und man rennt ihm immer hinterher, wie bei allen Grippeviren.
12. man bei der Entwicklung des mRNA-Impfstoffes viele wichtige Schritte für Erkenntnisse der Sicherheit und Wirksamkeit ausgelassen hat, sowohl in den präklinischen als auch in den klinischen Phasen.
13. man eine Neuentwicklung, die in der Regel mindestens 8 bis 15 Jahre braucht, auf knapp ein Jahr zusammengestaucht hat, mit dem Resultat, dass wir eigentlich viel zu wenig über die Wirksamkeit und vor allem über die Nebenwirkungen der Impfstoffe wissen. Es handelt sich um eine Black-Box.
14. es sich, aufgrund mangelnder Sorgfalt bei der Entwicklung des Impfstoffes, bei der Impfkampagne um einen strafrechtlich relevanten Feldversuch an Menschen handelt.
15. wir wollen, dass alle Kommunikationssysteme in Zukunft eine objektive, neutrale, der Wahrheit verpflichtete, umfassende und auf Wissenschaftlichkeit beruhende, Angst und Panik vermeidende Berichterstattung anwenden. Sie sollen jegliche diffamierenden und beleidigenden Aussagen gegenüber Andersdenkenden und sich kritisch Äussernden unterlassen und ihnen den entsprechenden Raum zu ihrer freien Meinungsäusserung in den Medien zugestehen. Vor allem sollen sie ihrer Verpflichtung nachkommen, alles und jedes zu hinterfragen und mit fundierten, seriösen Recherchen versuchen, die „-Wahrheit-“, soweit es menschenmöglich ist, ans Licht zu bringen.

**Stossrichtung:** Aufgrund der Erfahrungen und der Datenlage des vergangenen Jahres wissen wir, welche Personen einem erhöhten Risiko ausgesetzt sind, um schwer am Virus zu erkranken oder daran zu sterben. Das sind, unabhängig des Alters, diejenigen mit schweren chronischen Erkrankungen. Die höhere Zunahme an Sterbefällen aufgrund von Covid-19 bei den über 80-Jährigen ist auch dadurch bedingt, weil in dieser Altersgruppe durch die demografische Verschiebung der Anteil an Personen mit Erkrankungen überproportional zunimmt. Mit einem Bruchteil der bis heute aufgelaufenen Schadensumme aufgrund der Corona-Massnahmen könnte ein effizientes Schutzkonzept spezifisch für die Risikopersonen entwickelt werden, welches unser Gesundheitssystem problemlos bewältigen kann. Die Daten vom Bundesamt für Statistik und dem BAG belegen, dass der prozentuale Anteil an Todesfällen unter den 70-Jährigen sehr klein ist und sich von den vorhergehenden Jahren nicht unterscheidet. Diese Menschen müssen nicht mit Quarantäne-Massnahmen aus dem Arbeitsprozess herausgenommen und ganze Wirtschaftszweige mit Lockdown-Massnahmen an den Rand des Ruins gebracht werden. Wir hoffen, dass unsere Bemühungen für einen faktenbasierten Umgang mit der Corona Krise, Erfolg haben werden und, dass wir die politisch Verantwortlichen, Amtsträgerinnen, Unternehmer und Meinungsbildnerinnen ermutigen können, sich den effektiv vorliegenden Fakten zu stellen, sich mit den verschiedensten Interpretationen derselben auseinander zu setzen und entsprechend zu handeln. Dies zum Wohle der gesamten Bevölkerung, der Menschen, die vom Virus wirklich bedroht sind, der Betagten und vor allem der Jugend, welche die Zeche eines Tages bezahlen muss.

Im Anhang sind die oben erwähnten Forderungen analysiert und diskutiert. Das Inhaltsverzeichnis hilft zur Orientierung.

Freundliche Grüsse

Aletheia, Medizin und Wissenschaft für Verhältnismässigkeit

Dr. med. Andreas Heisler, Ebikon

Fabien Balli-Frantz, Biel

Dr. Werner Michael Heller, Schüpfheim

Dr. med. Rainer Schregel, Wattwil

Dr. med. Ruke Wyler, Bern

Philipp Kruse, Rechtsanwalt, LL.M.

Dr. med. Urs Guthauser, Bern

Dr. Sc. Nat. ETH Barbara Müller, Ettenhausen

Dr. med. Björn Riggenbach, Neuchâtel

Dr. med. Dieter Thommen, Thun

Dr. med. Thomas Binder, Wettingen

Dr. jur. Gerald Brei, Rechtsanwalt

Sowie Mitglieder und Unterstützer von ALETHEIA – Medizin und Wissenschaft für Verhältnismässigkeit

[www.aletheia-scimed.ch](http://www.aletheia-scimed.ch) – [info@aletheia-scimed.ch](mailto:info@aletheia-scimed.ch)

## Anhang:

### Inhaltsverzeichnis

1.	Die vorhergesagte Pandemie mit Millionen von Toten .....	9
2.	Verlauf von SARS-CoV-2 .....	10
3.	RT-PCR-Test von Corman-Drosten .....	11
4.	Amplifikationszyklen, Cycle treshold (Ct-Wert) .....	16
5.	Ineffektive Lockdown-Massnahmen.....	17
6.	Reproduktionszahl .....	18
7.	Massnahmen haben keinen Effekt auf die Reproduktionszahl.....	19
8.	Anzahl Tests in Bezug zu restriktiven Massnahmen.....	21
9.	Maskenpflicht ohne Einfluss auf den Verlauf.....	22
10.	Keine Überlastung der Intensivstationen in den Spitälern.....	25
11.	Keine Übersterblichkeit: Fehlende signifikante Erhöhung im Vergleich zu 2015.....	26
12.	Immunsystem .....	29
13.	Impfstoff.....	31
14.	Virusmutation.....	33
15.	Psychische Auswirkung auf die Gesellschaft .....	34
16.	Juristische Betrachtung.....	36

# 1. Die vorhergesagte Pandemie mit Millionen von Toten

Im Mai 2009 strich die WHO zwei wesentliche Punkte der Pandemie-Definition: Tote und Erkrankte. Früher war eine enorme Anzahl von Todesfällen und Erkrankten in mehreren Staaten die Bedingung. Das ist seit 2009 nicht mehr so. Nun reicht es aus, dass sich der Erreger schnell in mehreren Regionen der Welt ausbreitet. Ob viele daran sterben oder erkranken ist kein Kriterium mehr für eine Pandemie.

- „Profiteure der Angst - Das Geschäft mit der Schweinegrippe“, Arte.tv Dokumentation vom 20. Oktober 2009

Zu Beginn der „Pandemie“ waren die Massnahmen verständlich, auch wenn es Unterschiede bei der Umsetzung in den Ländern um uns herum gegeben hat. Die WHO hatte ursprünglich im März berichtet, dass die Sterblichkeitsrate unter den registrierten 19 Fällen 3,4 % betrug, was sich im Verlauf als einen über 10-mal zu hohen Wert herausstellte. Auf der Basis dieser Fälle sagte die WHO Millionen von Todesfällen durch ein hochansteckendes Virus voraus, für das es keine Behandlung oder Impfung gibt. So werde es einen beispiellosen Druck auf das Gesundheitssystem, unserer Krankenhäuser und die Intensivstationen geben.

Aussergewöhnlich viele Todesfälle wegen einer Grippe gab es in diesem und letzten Jahrhundert schon viele. Im Frühjahr 2015 gab es eine starke Grippewelle mit etwa 2500 Todesfällen zusätzlich zur normalerweise erwarteten Zahl. Ausserdem sterben jedes Jahr infolge der zunehmenden Zahl betagter Menschen in der Schweiz etwa 500 Personen mehr.

- Todesursachenstatistik 2015, Bundesamt für Statistik (BfS), Medienmitteilung vom 14.11.2017.

Die Bilder von Wuhan, die oben erwähnten Äusserungen der WHO und die Art der Berichterstattung haben zu einem panikartigen globalen Alarmzustand geführt, wie es in der Geschichte der Menschheit noch nie vorgekommen ist: „Flattening the curve“ (Kurve abflachen) wurde weltweit zum Slogan und die gesamte Gesellschaft und Wirtschaft wurde mit Lockdowns stillgelegt und gesunde Menschen unter Quarantäne gestellt. Die soziale und ökonomische Umwandlung wurde zur neuen Normalität deklariert. Man warte auf einen Impfstoff, bevor die Massnahmen rückgängig gemacht werden können. Die panikartige Stimmung und die Ängste wurden seither durch die Medien mit wissenschaftlich wenig fundierter und immer mehr einseitiger Berichterstattung kontinuierlich auf hohem Niveau gehalten.

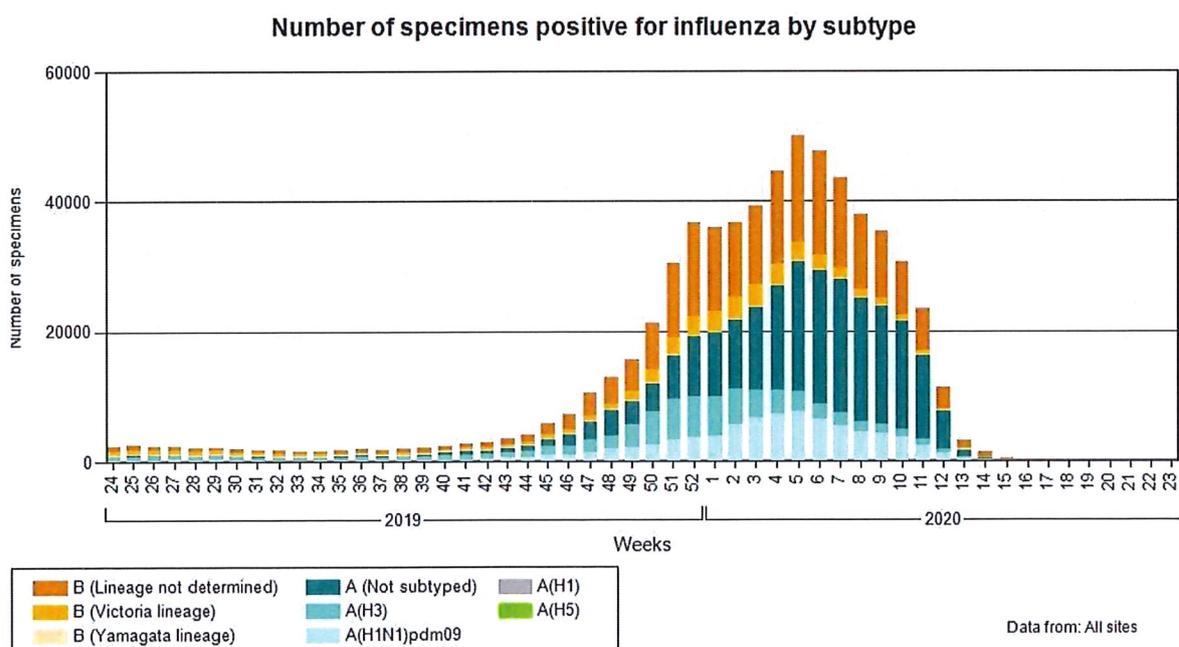
Fazit: Aufgrund der Abschwächung der Kriterien für eine Pandemie durch die WHO im Jahr 2009, nach welchen nur noch die überregionale Ausbreitung eines Erregers und nicht mehr die Anzahl Todesfälle und Erkrankten zählt, wurde die aus wissenschaftlicher Sicht fragwürdige Pandemie von SARS-CoV-2 ausgerufen. Die anfänglich prognostizierte hohe Sterblichkeitsrate war eine massive Überschätzung. Das Gesundheitssystem war nie überfordert. Die Vorhersagen haben sich nie bestätigt. Der unzulängliche wissenschaftliche Umgang mit den Daten und die Art der Berichterstattung führten zur Panikstimmung in der Bevölkerung.

## 2. Verlauf von SARS-CoV-2

Die Fakten zeigen jedoch eine andere Realität. Covid-19 folgt dem normalen zeitlichen Verlauf von zuerst Zunahme und dann Abnahme (Abb. 2, 3), wie in einer gewöhnlichen Grippezeit (Abb. 1). Wie jedes Jahr sehen wir eine Mischung aus Grippeviren, die sich im Verlauf so verhalten: zuerst die Rhinoviren, dann die Influenza-A- und B-Viren, dann die Corona Viren. Es gibt nichts, was sich von dem unterscheidet, was wir normalerweise kennen.

- Ivor Cummins, <<https://youtu.be/3cjgicrA504>>, ab 13' 38".
- Saisonbericht Grippe 2016/2017, Bundesamt für Gesundheit (BAG), BAG-Bulletin 31 vom 31.07.2017.

Abbildung 1



- <<http://www.who.int/flu-net>>.
- <<https://www.riffreporter.de/asset/who-influenza-0620.w1200.c0.jpg>>.

**Fazit: Die SARS-CoV-2 Viren verhalten sich im jahreszeitlichen Verlauf gleich wie die schon bekannten Grippeviren.**

### **3. RT-PCR-Test von Corman-Drosten**

Dieser Test ist der schicksalshafte Haken an dem alle Aktivitäten unserer Task Force und der Entscheidungsträger weltweit hängen. Dieser Test soll beweisen, ob eine Person mit dem Coronavirus infiziert ist. Dieser Test bestimmt angeblich die Fallzahlen der Infizierten und damit den  $R_e$ -Wert. Dieser Test bestimmt schlussendlich woran ein Toter gestorben ist. Dieser Test ist die Basis aller Horrormeldungen, Panikmache und Angstbereiter der Menschen. Dieser Test ist die Grundlage zur Begründung von restriktiven Massnahmen und Manipulation der Bevölkerung. Das Vorgehen beruht auf der Annahme, dass es sich um ein äusserst gefährliches und hochansteckendes Virus handelt. Die bisher gesammelten Daten weisen auf das Gegenteil hin: Es ist ein Virus mit ähnlichem Verhalten und ähnlicher Gefährlichkeit wie vergangene Influenza- und Corona Viren (2003). 99.8% und mehr überleben eine Infektion, und nur ein kleiner Prozentanteil der Infizierten muss hospitalisiert werden oder hat einen schweren Verlauf und wird intensivbehandlungspflichtig\*. Das durchschnittliche Sterbealter positiv getesteter Patienten liegt in der Schweiz bei 86 Jahren. 97% haben meist schwere Vorerkrankungen. Die mittlere Lebenserwartung in der Normalbevölkerung liegt ca. bei 84 Jahren. Auch wenn jeder Todesfall für die Angehörigen ein trauriges Erlebnis ist, so sollte man trotzdem akzeptieren, dass ein Todesfall in diesem Alter, unabhängig von der Ursache, ein vollkommen natürliches Geschehen ist. Es ist nicht nachzuvollziehen, warum eine ganze Gesellschaft so massiv geschädigt wird und massive Schulden hinterlassen muss, welche vor allem unsere Jugend einmal zu begleichen hat, nur weil wir uns von der Natur so weit entfernt haben, dass wir das natürlichste Geschehen des Lebens nicht mehr akzeptieren können: Den Tod im hohen Alter.

- \*John P A Ioannidis, Infection fatality rate of COVID-19 inferred from seroprevalence data, Bulletin of the World Health Organization; Type: Research Article ID: BLT.20.265892, Oct. 2020.

Ernst zu nehmende Kritik gegenüber diesem Test wurde schon früh von verschiedenen hochkarätigen Experten geäussert. Sie wurden ignoriert und ihre Einwände im Internet systematisch zensuriert, gelöscht und die Autoren persönlich von den Medien diffamiert. Am 27. November 2020 haben 22 international namhafte und hochqualifizierte Wissenschaftler im Eurosurveillance 2020 einen Peer-Review Report betreffs des RT-

PCR-Tests von Drosten veröffentlicht, welcher nicht mehr zensuriert werden kann. Gemäss diesem Report zeigt der von Corman-Drosten entwickelte RT-PCR-Test wesentliche wissenschaftliche Mängel auf molekularer und methodischer Ebene auf. Aufgrund dieser schwerwiegenden Mängel wurde ein Widerrufsantragsschreiben verfasst, indem die wissenschaftliche Zeitschrift Eurosurveillance aufgefordert wird, den Bericht von Corman-Drosten et al. vom 22. Januar 2020 über den von ihnen entwickelten RT-PCR-Test zurückzuziehen.

- Detection of 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) by real-time RT-PCR, Eurosurveillance 25(8) 2020.

Die Autoren des Peer-Review Reportes haben eine gründliche Punkt für Punkt-Überprüfung der Arbeit von Drosten, unter Berücksichtigung der diesbezüglichen einschlägigen Literatur, durchgeführt.

Sie kamen zum folgenden Schluss:

*„Das veröffentlichte RT-qPCR-Protokoll zur Detektion und Diagnose von 2019-nCoV und das Manuskript leiden unter zahlreichen technischen und wissenschaftlichen Fehlern, darunter unzureichendes Primer design, ein problematisches und unzureichendes RT-qPCR-Protokoll und das Fehlen einer genauen Testvalidierung. Weder der vorgelegte Test noch das Manuskript selbst erfüllen die Voraussetzungen für eine akzeptable wissenschaftliche Veröffentlichung. Darüber hinaus werden schwerwiegende Interessenkonflikte der Autoren nicht erwähnt. Schliesslich bedeutet der sehr kurze Zeitraum zwischen Einreichung und Annahme der Veröffentlichung (24 Stunden), dass hier entweder kein systematischer Peer-Review-Prozess durchgeführt wurde oder von problematischer schlechter Qualität. Wir liefern überzeugende Beweise für mehrere wissenschaftliche Unzulänglichkeiten, Fehler um Fehler. Angesichts der hier vorgestellten wissenschaftlichen und methodischen Fehler sind wir zuversichtlich, dass die Redaktion von Eurosurveillance keine andere Wahl hat, als die Veröffentlichung zurückzuziehen.“*

### **„ZUSAMMENFASSUNG DER IN DER ARBEIT VON CORMAN-DROSTEN GEFUNDENEN FEHLER**

*1. Es gibt keinen bestimmten Grund, die extrem hohen Konzentrationen von Primern in diesem Protokoll zu verwenden. Die beschriebenen Konzentrationen führen zu erhöhten unspezifischen Bindungen und PCR-Produktverstärkungen, wodurch der Test als spezifisches Diagnosetool **zur Identifizierung des SARS-CoV-2-Virus ungeeignet ist.***

*2. Sechs nicht näher bezeichnete wackelige Positionen werden zu einer enormen Variabilität in den realen Laborimplementierungen dieses Tests führen; Die verwirrende unspezifische Beschreibung im Corman-Drosten-Papier eignet sich nicht als Standard-*

*Betriebsprotokoll, sodass der Test als spezifisches Diagnoseinstrument **zur Identifizierung des SARS-CoV-2-Virus ungeeignet ist.***

3. *Der Test kann nicht zwischen dem gesamten Virus und viralen Fragmenten unterscheiden. Daher kann der Test nicht als Diagnose für intakte (infektiöse) Viren verwendet werden, was den Test als spezifisches Diagnoseinstrument **zur Identifizierung des SARS-CoV-2-Virus und zu Rückschlüssen auf das Vorhandensein einer Infektion ungeeignet macht.***

4. *Ein Unterschied von 10° C in Bezug auf die Glühtemperatur  $T_m$  für Primerpaar1 (RdRp\_SARSr\_F und RdRp\_SARSr\_R) macht den Test auch **als spezifisches Diagnosetool zur Identifizierung des SARS-CoV-2-Virus ungeeignet.***

5. *Ein schwerwiegender Fehler ist das Weglassen eines Ct-Wertes, bei dem eine Probe als positiv und negativ betrachtet wird. Dieser Ct-Wert wird auch nicht in Follow-up-Einreichungen gefunden, so dass der Test als spezifisches Diagnosetool **zur Identifizierung des SARS-CoV-2-Virus ungeeignet ist.***

6. *Die PCR-Produkte wurden nicht auf molekularer Ebene validiert. Diese Tatsache macht das Protokoll als spezifisches Diagnosetool **zur Identifizierung des SARS-CoV-2-Virus nutzlos.***

7. *Der PCR-Test enthält weder eine eindeutige Positivkontrolle zur Bewertung seiner Spezifität für SARS-CoV-2 noch eine negative Kontrolle, um das Vorhandensein anderer Corona Viren auszuschließen, was den Test als spezifisches Diagnoseinstrument **zur Identifizierung des SARS-CoV-2-Virus ungeeignet macht.***

8. *Das Testdesign im Corman-Drosten-Papier ist so vage und fehlerhaft, dass man in Dutzende von verschiedenen Richtungen gehen kann; nichts ist standardisiert, und es gibt kein Standard Operating Procedure (SOP). Dies stellt die wissenschaftliche Gültigkeit des Tests in Frage und macht ihn als spezifisches Diagnosetool **zur Identifizierung des SARS-CoV-2-Virus ungeeignet.***

9. *Höchstwahrscheinlich wurde das Corman-Drosten-Papier nicht von Experten geprüft, was den Test als spezifisches Diagnoseinstrument **zur Identifizierung des SARS-CoV-2-Virus ungeeignet macht.***

10. *Für mindestens vier Autoren gibt es **gravierende Interessenkonflikte.** Zusätzlich dazu sind zwei der Autoren der Corman-Drosten-Zeitung (Christian Drosten und Chantal Reusken) Mitglieder der Redaktion von Eurosurveillance. Darüber hinaus versäumten Victor Corman und Christian Drosten, ihre zweite Zugehörigkeit zu erwähnen: das kommerzielle Testlabor „Labor Berlin“. Beide sind dort für die Virendiagnostik*

*verantwortlich und das Unternehmen arbeitet im Bereich der Echtzeit-PCR-Tests.*

***Im Lichte unserer erneuten Prüfung des im Corman-Drosten beschriebenen Prüfprotokolls zur Identifizierung von SARS-CoV-2 haben wir Fehler und daraus verbundene Irrtümer identifiziert, die den SARS-CoV-2 PCR-Test unbrauchbar machen. Die Fehler zu erkennen hat den Vorteil, die menschlichen Kosten und Leiden in Zukunft erheblich zu minimieren.“***

***Externe Peer-Review des RTPCR-Tests zum Nachweis von SARS-CoV-2 zeigt 10 wesentliche wissenschaftliche Mängel auf molekularer und methodischer Ebene: Folgen für falsch positive Ergebnisse. Eurosurveillance 2020, 27.Nov. 2020***

*Pieter Borger(1), Bobby Rajesh Malhotra(2), Michael Yeadon(3), Clare Craig(4), Kevin McKernan(5), Klaus Steger(6), Paul McSheehy(7), Lidiya Angelova(8), Fabio Franchi(9), Thomas Binder(10), Henrik Ullrich(11), Makoto Ohashi(12), Stefano Scoglio(13), Marjolein Doesburg-van Kleffens(14), Dorothea Gilbert(15), Rainer Klement(16), Ruth Schrufer(17), Berber W. Pieksma(18), Jan Bonte(19), Bruno H. Dalle Carbonare(20), Kevin P. Corbett(21), Ulrike Kämmerer(22)*

Die Autoren kommen zu folgendem Schluss:

*„Kliniker müssen die verbesserte Genauigkeit und Geschwindigkeit der molekularen diagnostischen Techniken für die Diagnose von Infektionen erkennen, aber auch ihre Grenzen verstehen. Laborergebnisse sollten immer im Kontext der klinischen Präsentation des Patienten interpretiert werden, und für zuverlässige Testergebnisse sind geeignete Standorte, Qualität und Zeitpunkt der Probenentnahme erforderlich.“*

Diese oben gemachte Aussage erfordert unabdingbar und in jedem einzelnen Fall eine ärztliche Beurteilung des klinischen Zustandsbildes für die Diagnosestellung. Bei Massentestungen ausserhalb von Gesundheitszentren fehlt diese Grundvoraussetzung. Die Diagnose „Coronainfektion“ allein aufgrund des PCR-Tests ist deshalb unzulässig und widerspricht jedem korrekten ärztlichen Handeln. Einen Fragebogen bei der Probeentnahme auszufüllen, reicht bei Weitem nicht aus. Die täglichen öffentlichen Angaben von neu „Infizierten“ sind deshalb unhaltbar, weil sie nicht ärztlich mit dem klinischen Bild der Betroffenen korreliert werden und erzeugen so bloss Angst und Panik. Man erschleicht sich, mit falschen Fakten, eine Akzeptanz in der Bevölkerung, um immer schärfere Restriktionen ergreifen zu können.

*„Dies sind schwerwiegende Konstruktionsfehler, da der Test nicht zwischen dem gesamten Virus und viralen Fragmenten unterscheiden kann. Der Test kann nicht als Diagnose für SARS-Viren verwendet werden.“*

Auch diese Aussage der Autoren weist darauf hin, dass mit dem PCR-Test keine Diagnosestellung einer „Coronainfektion“ gemacht werden darf. Er weist kein Virus nach. Die täglich offiziell veröffentlichten „Infektionszahlen“ sind in Wahrheit bloss die Anzahl

positiv auf Virusfragmente getestete Personen und für eine Infektion nicht beweisend. Deshalb ist der Begriff „infizierte Fälle“ verfälscht und unzulässig. Dazu zum allgemeinen Verständnis die Definition von „Infektion“ nach „Pschyrembel“: „Eine Infektion ist charakterisiert durch das Eindringen von pathogenen Mikroorganismen, wie Bakterien oder Viren, in einen Organismus mit anschließender Besiedelung und Vermehrung. Die Ausprägung hängt ab von der Pathogenität und Infektiosität des Erregers sowie der Abwehrlage des Wirts. Nicht jede Infektion führt aber zu einer Infektionskrankheit.“ Beim Test werden nur Fragmente eines in einem Computermodell erzeugten mRNA, welches Covid-19 zugeordnet wird, festgestellt und kein ganzes intaktes vermehrungsfähiges Virus. Das wichtigste Kriterium wird nicht nachgewiesen: „Besiedelung und Vermehrung“. Auf den Test-Kits ist in korrekter Weise vermerkt, dass sie nur für wissenschaftliche Zwecke und nicht für die Diagnostik von Krankheiten verwendet werden dürfen.

In einer Studie im Nature Public Health Emergency Collection, Sept.2020, kam der Autor zur Schlussfolgerung: *„Der SARS-CoV-2-Nachweis mittels RT-PCR ist nicht immer verlässlich. Für die praktische Anwendung haben diese Tests viele Unsicherheiten, was nicht nur die schlechte Sensitivität und mitunter auch schlechte Spezifität, sondern auch was die Güte der Probengewinnung betrifft.“*

- Adrian Gillissen, Übersicht zu Sensitivität und Spezifität des SARS-CoV-2-Nachweises mittels PCR, 10.1007/s15033-020-1912-4.

ZITATE von KARY MULLIS Nobelpreisträger und Erfinder des PCR-Tests: *„Und mit PCR - wenn man es gut macht- kann man fast ALLES in JEDEM FINDEN! Das kann man als ein MISSBRAUCH ansehen: zu behaupten, dass es BEDEUTUNGSVOLL IST! Eine winzige Menge von IRGENDETWAS zu nehmen, sie messbar zu machen und es dann so darzustellen, als ob es WICHTIG wäre. Der Test sagt NICHT aus, ob man krank ist, oder ob das, was gefunden wurde, dir wirklich SCHADEN würde.“*

**Fazit: Der RT-PCR-Test ist ungeeignet für die Diagnosestellung einer Krankheit. Er darf nur für wissenschaftliche Zwecke verwendet werden. Dies ist auch auf jedem Entnahmekit vermerkt. Mittels Test können keine intakten Viren nachgewiesen werden, welche replikations- und ansteckungsfähig sind. Positiv getestete Personen dürfen daher nicht als krank oder infektiös gezählt werden. Die Fallzahlen, die dadurch generiert werden sind falsch. Für die Diagnose Covid-19 braucht es zwingend eine spezifische, harte klinische Symptomatik. Andere Ursachen mit ähnlichem Krankheitsmuster müssen ausgeschlossen werden.**

## 4. Amplifikationszyklen, Cycle threshold (Ct-Wert)

In der Schweiz werden unzählige, verschiedene nicht standardisierte Tests verwendet. Die gesamte Teststrategie ist nicht standardisiert. Die Amplifikationsraten, d.h. die Ct-Werte bewegen sich je nach Labor bis zu 45-fach. Dies bedeutet, dass aus einem entnommenen Virusfragment bis über 35 Billionen Fragment-Kopien hergestellt werden können. Über die Viruslast von replikationsfähigen ganzen Viren, deren Ansteckungspotential und die Erkrankungswahrscheinlichkeit des Trägers kann keine zuverlässige Antwort gegeben werden. Dass aufgrund eines Tests mit über 30 Amplifikationen eine Person als infiziert klassifiziert, als potentiell ansteckend und mitsamt seinen Kontaktpersonen in die Quarantäne verbannt wird, ist ein unakzeptabler Zustand. In der Forensik wird ein Test mit über 30 Amplifikationen nicht mehr als Beweis zugelassen. Die WHO erwähnt in einem Bulletin vom Dezember 2020, dass nicht mehr als 25 Zyklen angewandt werden sollen. In Schweizer Labors gibt es kein Standardverfahren, es werden Kits von unzähligen verschiedenen Herstellern verwendet und je nach Labor bis zu 45 Amplifikationszyklen angewendet. Die Frage ist mehr als berechtigt, warum in der Diagnostik von Covid nicht ein entsprechender maximaler Ct- Wert festgelegt wird?

- Inaugural – Dissertation Medizinische Fakultät der Bayerischen Julius-Max.-Universität Würzburg, Florian Goetz, Febr. 2006.
- WHO: Information Notice for IVD Users vom 14.12.2020.
- <<https://www.who.int/news/item/20-01-2021-who-information-notice-for-ivd-users-2020-05>>.

In der Schweiz gab es bis zur Woche 50 insgesamt 462 623 positiv getestete Personen. Davon wurden 16 458 Personen hospitalisiert, also 3.56%. Die Positivitätsrate und auch die Zahl der positiv getesteten Hospitalisierten hängen direkt vom PCR-Test und dessen Amplifikationsrate ab. Je höher der Ct-Wert, desto mehr falsch Positive werden aber gezählt und damit eine überhöhte Anzahl Hospitalisationen und Todesfälle mit der Diagnose Covid-19 generiert. Weil die Ct-Werte von den Labors in den meisten Fällen den behandelnden Ärzten nicht mitgeteilt werden, können nicht einmal zuverlässige Aussagen über eine theoretische Viruslast gemacht werden, welche aber Voraussetzung wäre, um die klinische Diagnose Covid-19 zu erhärten. So entsteht ein falsches Bild über Hospitalisationen, Todesfälle und der Bedrohungslage.

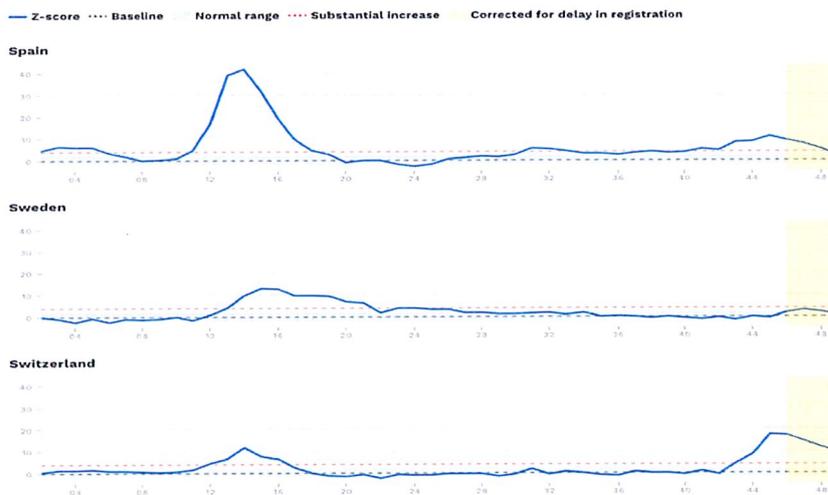
- BAG Situationsbericht zur aktuellen Lage vom 23.12.2020.

**Fazit: Es gibt in der Schweiz kein Standardverfahren in der Anwendung des PCR-Tests. Die Amplifikationsrate (Ct-Wert) kann bis zu 45-fach betragen, anstatt höchstens 25-fach. Je höher**

dieser Wert, desto höher fallen die falsch positiv Getesteten aus, bis über 97%. Die ärztlichen Verantwortlichen kennen in der Regel den zur Beurteilung einer theoretischen Viruslast absolut notwendigen Ct-Wert aber nicht. So entsteht eine vielfach zu hohe Einschätzung von Infizierten, Erkrankten und Todesfällen, aufgrund dessen Massnahmen ergriffen werden.

## 5. Ineffektive Lockdown-Massnahmen

Abbildung 2



**Zu Abbildung 2:** Im Ländervergleich, gemäss Statistik Euromomo, erkennt man, dass Spanien, jenes Land mit einem der härtesten Lockdown's, mehr Todesfälle zu beklagen hatte, als jenes Land mit den am wenigsten weit gehenden Restriktionen, Schweden. In der sogenannten zweiten Welle können Spanien und Schweden beide eine bedeutende Reduktion an Todesfällen verzeichnen, trotz massiv unterschiedlichen restriktiven Massnahmen. Der internationale Vergleich, auch mit der Schweiz, wirft die Frage des Nutzens von Lockdown-Massnahmen auf.

In einer im Dezember 2020 erschienenen Studie von Prof. Ioannidis et. al., in welcher der Effekt von nicht pharmazeutischen Massnahmen (NPIs) wie Lockdown etc. auf Covid-19 untersucht wurde, kommt man zur folgenden Schlussfolgerung: „Inferences on effects of NPIs are non-robust and highly sensitive to model specification. Claimed benefits of lockdown appear grossly exaggerated.“\* Eine andere peer reviewed Studie von ihm besagt: „While small benefits cannot be excluded, we do not find significant benefits on case growth of more restrictive NPIs. Similar reductions in case growth may be achievable

with less restrictive interventions.“\*\* Diese Arbeiten widersprechen deutlich einer im Frühling erschienenen Arbeit in Nature in welcher ausgesagt wird, dass der komplette Lockdown für eine Reduktion des Reproduktionswertes um 80% verantwortlich gewesen sei.

- \*Effects of non-pharmaceutical interventions on COVID-19: A Tale of Three Models, Vincent Chin, John P.A. Ioannidis et al, medRxiv preprint: <<https://doi.org/10.1101/2020.07.22.20160341>>.
- \*\*ASSESSING MANDATORY STAY-AT-HOME AND BUSINESS CLOSURE EFFECTS ON THE SPREAD OF COVID-19, Ioannidis J. et al. European Journal of Clinical Investigation, Januar 2021.
- Ivor Cummins, <https://youtu.be/3cjjicrA504>

**Fazit: Im Ländervergleich erkennt man keinen Effekt der Massnahmen auf die Ausbreitung des Virus. Spanien und auch die Schweiz mit wesentlich restriktiveren Massnahmen haben im Herbst mehr Todesfälle zu beklagen als Schweden mit vergleichsweise milden Restriktionen. Die in Schweden im Frühling beobachtete höhere Sterberate war systembedingt und betraf hauptsächlich die Alters- und Pflegeheime.**

## 6. Reproduktionszahl

Restriktive Massnahmen werden neben den Fallzahlen auch aufgrund der Reproduktionszahlen gefällt. Basierend auf dem Reproduktionswert ( $R_e$ -Wert) schätzt die Task Force jeweils zu einem bestimmten Zeitpunkt die epidemiologische Lage ein. Siehe Grafik unten. Die Reproduktionszahl gibt an, wie viele Menschen ein Infizierter unter den aktuellen Bedingungen im Durchschnitt ansteckt. Der  $R_e$ -Wert = 1 bedeutet, dass ein Virusträger im Schnitt eine andere Person mit dem Virus ansteckt. Die Zahl der Kranken bleibt so konstant. Bei einem Wert unter 1 wird die Ausbreitung eines Erregers gehemmt. Bei einem Wert über 1 nimmt die Ausbreitung des Virus bis zum exponentiellen Wachstum zu.

- ETH Zürich, <<https://tb.ethz.ch/plot.html>>.

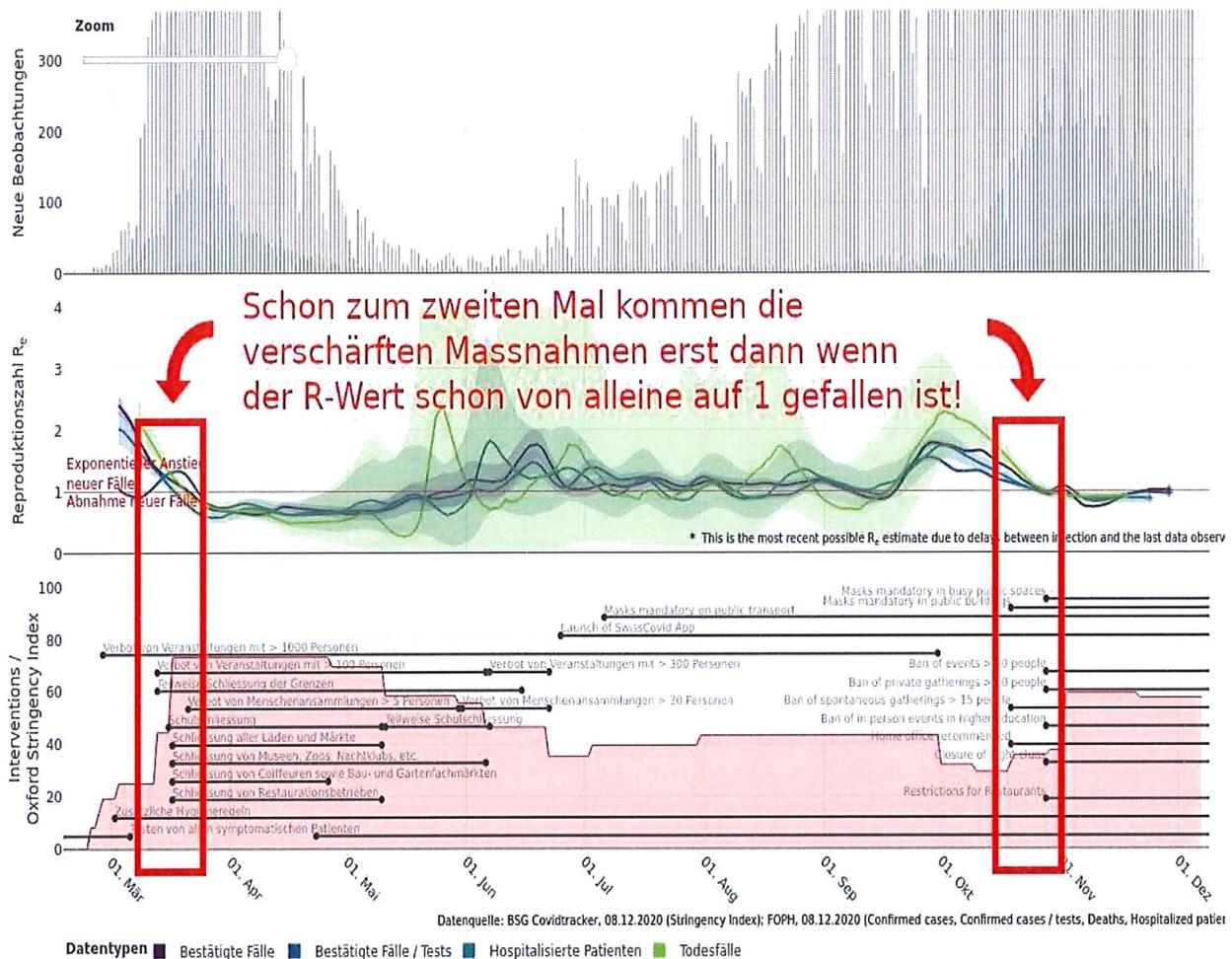
Eine exakte Berechnung der Reproduktionszahl ist schwierig bis unmöglich, da sie stark von den verfügbaren Informationen abhängt. Eine Rolle spielt auch die Anzahl an Tests, die durchgeführt werden. Denn, je mehr getestet wird, desto höher ist der  $R_e$ -Wert, welcher so willkürlich in die Höhe getrieben werden kann. Dieser Tests basiert wiederum auf einem für die Diagnosestellung „Coronainfektion“ gänzlich untauglichen Verfahren, dem PCR-Test, welcher seinerseits in Abhängigkeit der Amplifikationszahl sehr hohe falsch positive Resultate ergeben kann.

- <<https://www.br.de/nachrichten/wissen/was-bedeutet-die-reproduktionszahl-r,RwQHkDb>>.

# 7. Massnahmen haben keinen Effekt auf die Reproduktionszahl

Abbildung 3

Quelle: Swiss National Covid-19 Science Task Force



**Zu Abbildung 3:** Hier sehen wir in der oberen Graphik die  $R_e$ -Werte und in der unteren die vom Bund erlassenen Massnahmen im Zeitverlauf.

Ab Anfang März beobachten wir eine steile Abnahme der  $R_e$ -Werte von fast 3 auf etwas knapp über 1 bis zum 17. März als der Lockdown schweizweit ausgerufen wurde. Der  $R_e$ -Wert, welcher heute berechnet wird, bildet gemäss Swiss Task Force jedoch das Infektionsgeschehen von vor ca. 10 Tagen ab. Also hatte das infektionsgeschehen am 7. März oder schon vorher, kein exponentielles Wachstum mehr, d.h., dass die Ansteckungshäufigkeit sich stabilisiert hatte oder bereits am Abnehmen war, lange bevor die Lockdown Massnahmen aktiviert wurden. Im weiteren Jahresverlauf stellen wir in der Kurve das komplette Fehlen von Anzeichen einer Beeinflussung der Ausbreitung des Virus

durch die erfolgten Massnahmen fest. Ende Juni wurde die Swiss Covid App eingeführt und Anfang Juli die Maskenpflicht in allen öffentlichen Transportmitteln. Auf den Kurvenverlauf hatten auch diese Massnahmen keinen Einfluss\*. Auch das Testen von allen symptomatischen Patienten blieb ohne Effekt auf die Ausbreitung des Virus. Mitte September erfolgte der erwartete Wiederanstieg der  $R_e$ -Werte, der positiv Getesteten, der Hospitalisierten und der Todesfälle, trotz den bestehenden Massnahmen. Ab 1. Okt. fallen die oben genannten  $R_e$ - Werte wieder, und Ende November sind sie wieder bei „1“ angelangt. Auch auf die Todesfälle haben die Massnahmen keinen Einfluss, wenn man berücksichtigt, dass der Tod ab Beginn einer schweren Infektion im Mittel nach etwa 14-21 Tagen eintritt. Trotzdem folgen Ende November neue massive Restriktionen und Maskenpflicht in allen Innenräumen und Schulen. Gesunde Menschen werden dazu genötigt stundenlang während der Arbeitszeit die Maske zu tragen, ohne eine wissenschaftliche objektive Basis für den Nutzen zu haben. Eine Studie vom November 2020 aus Wuhan konnte keine Ansteckungen, welche von Gesunden asymptomatischen Menschen ausgehen, feststellen\*\*. Gesunden Schülern zwingt man Masken auf, obwohl die Daten zeigen, dass sie eine Infektion ohne schwere Symptome bewältigen und kein Ansteckungsrisiko für betagte Personen sind. Für eine gegenteilige Behauptung fehlt auf jeden Fall eine wissenschaftliche Evidenz. Diese Massnahme ist mit nichts zu rechtfertigen, schon gar nicht, wenn man die negativen gesundheitlichen Konsequenzen des Maskentragens mitberücksichtigt. Unverständlich wird die Politik der Restriktionen vollends durch die Tatsache, dass angesichts der sich beruhigenden Lage nochmals eins draufgesetzt wird und Massnahmen verfügt werden, welche die Tourismus-, Restaurations- und andere Branchen in die grössten wirtschaftlichen Schwierigkeiten, wenn nicht sogar in den Konkurs, stürzen werden. Dazu hat sich der Bundesrat angemasst, sich in die innersten privaten Angelegenheiten und Haushalte der Bürger einzumischen und zu bestimmen wie die intimsten sozialen Kontakte in den Familien ablaufen sollen.

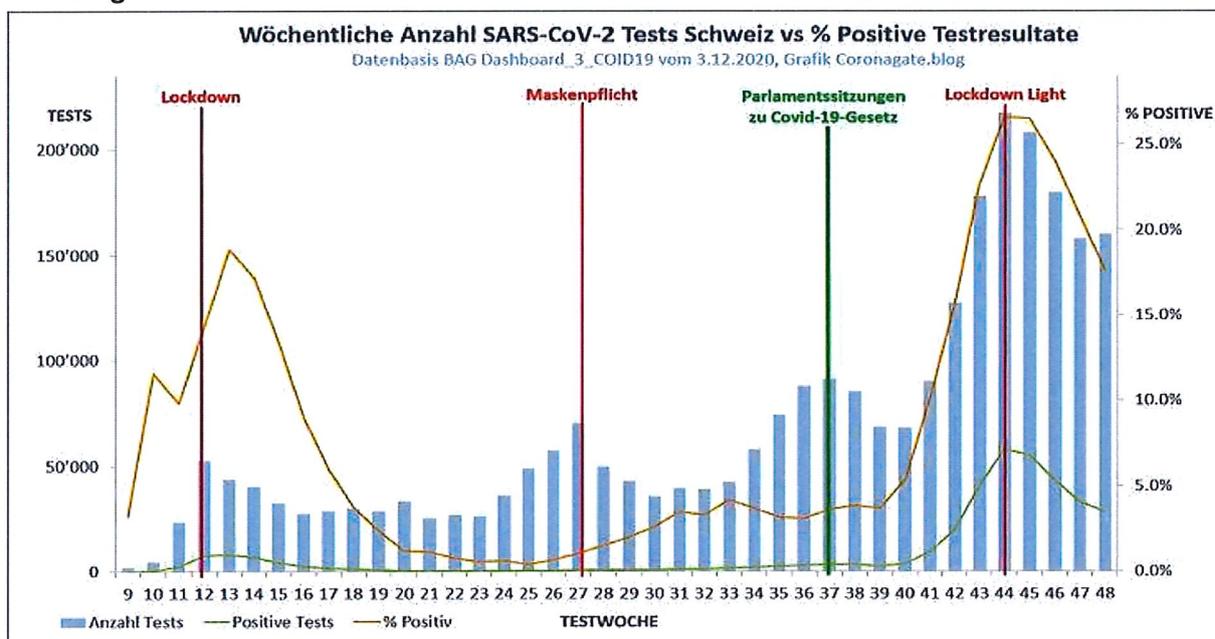
- \*Lockdowns and Mask Mandates Do Not Lead to Reduced COVID Transmission Rates or Deaths, New Study Suggests, Stephen C. Miller, American Institute for Economic Research, Aug.2020.
- \*\*Post-lockdown SARS-CoV-2 nucleic acid screening in nearly ten million residents of Wuhan, China, ShiYi Cao et al., Nature communications, Nov. 2020, <https://doi.org/10.1038/s41467-020-19802-w>.
- FOUR STYLIZED FACTS ABOUT COVID-19, Andrew Atkeson et.al., <[https://www.nber.org/system/files/working\\_papers/w27719](https://www.nber.org/system/files/working_papers/w27719)>, NATIONAL BUREAU OF ECONOMIC RESEARCH, Aug. 2020.

**Fazit: Mit keiner der durchgesetzten Massnahmen konnte man den Verlauf der Virusausbreitung eindämmen. Die Abnahme der Hospitalisationen wie Todesfälle hat**

jeweils lange vor dem Einsetzen der Massnahmen begonnen. Nach dem jeweiligen Beginn der Massnahmen blieb der erhoffte Effekt auf das infektionsgeschehen aus. Im Gegenteil, im Spätherbst nahmen die Erkrankungs- und Todesfälle wie in jeder Grippesaison wieder zu, trotz verschärfter Restriktionen. Die Massnahmen haben einen immensen Schaden auf allen Ebenen des gesellschaftlichen Lebens verursacht, aber keinen nachweisbaren Nutzen. Die restriktiven Massnahmen sind deshalb unverzüglich auszusetzen.

## 8. Anzahl Tests in Bezug zu restriktiven Massnahmen

Abbildung 4



**Zu Abbildung 4:** Diese Grafik zeigt eindrücklich auf, wie jeweils vor der Einführung restriktiveren Massnahmen in der 12., 27., 37. und 44. Woche die Anzahl Tests (blaue Flächen) massiv zunahm und nach der Einführung der neuen Massnahmen die Anzahl Tests deutlich abnahm. Es gibt keinen nachvollziehbaren Grund, weshalb aufgrund der Strategie der Task Force jeweils in der exponentiell zunehmenden Phase der Fälle das Testen reduziert wurde. Da drängt sich die berechtigte Frage auf, ob nicht jeweils vor neuen Massnahmen mehr „Fälle“ produziert werden, um Restriktionen mit erhöhter Akzeptanz in der Bevölkerung durchzubringen und nachher wieder reduziert werden, um einen Erfolg der Massnahmen vorzutäuschen.

Obwohl die innerschweizerische Datenlage eigentlich genügt, die Containment-Strategie

als gescheitert zu betrachten, ist es angezeigt auch auf die Daten anderer Länder zurückzugreifen. Ivor Cummins bezieht sich in seiner Analyse auf 40 wissenschaftliche Arbeiten und zeigt auf, dass sich das Coronavirus ganz nach den Gesetzmässigkeiten seiner bekannten Schwesterviren und allen anderen Grippeviren wie Influenza-, Rhino- und Adenoviren verhält. Er zeigt auf, wie sich alle Kurvenverläufe seit Jahren deckungsgleich und das Ausbreitungsverhalten des Virus in den verschiedenen Ländern ähnlich ist, trotz grossen Unterschieden in der Härte der durchgesetzten Restriktionen.

- Ivor Cummins: CRUCIAL Viral Update Dec 7th - Europe and USA Explained.
- The Transmission of Epidemic Influenza, R. Edgar Hope-Simpson.

**Fazit: Die Tests beherbergen ein hohes und effizientes Manipulationspotential. Je mehr getestet wird, desto mehr positive Resultate findet man, weil das Virus viel verbreiteter ist, als getestet werden kann. Das erweckt den Eindruck, als ob das Infektionsgeschehen in der Bevölkerung zunimmt. Obwohl diese Resultate über Infektionen nichts aussagen, werden sie trotzdem benutzt, um die Strategie des Bundes zu rechtfertigen. Vermindert man nach Einführung von Massnahmen die Tests sieht es so aus, als ob die Massnahmen gewirkt hätten, weil logischerweise auch die positiven Fälle abnehmen.**

## **9. Maskenpflicht ohne Einfluss auf den Verlauf**

Seit mehreren Monaten stehen wir unter einer behördlich angeordneten, weiträumigen Maskenpflicht. Sie bezieht sich auf die gesamte Gesellschaft in Innenräumen und zum Teil auch im Freien, unabhängig davon, wie hoch die individuelle Gefährdungslage ist. Man muss sie während der gesamten Arbeitszeit und Schulzeit tragen. Kinder müssen sie auch auf dem Pausenplatz beim Spielen, Erwachsene sogar während der Trainings im Fitnesscenter tragen. Diese Maskenpflicht wird einerseits auf dem Glauben einer wissenschaftlichen Evidenz für den Schutz vor dem Coronavirus und andererseits auf dem Glauben an das Ergebnis eines nicht zulässigen unbrauchbaren PCR-Tests, durchgesetzt. Über die Wirkung des Maskentragens ausserhalb von Gesundheitszentren im öffentlichen Raum gibt es mittlerweile eine Unmenge von Studien, mittlerer bis sehr guter Qualität. Es würde den Rahmen dieses Briefes sprengen, auf die einzelnen Studien einzugehen. Die Faktenlage über den Nutzen der Masken spricht für keine klare Evidenz, weder für die eine oder die andere Ansicht, d.h. die Faktenlage bleibt kontrovers. Beide Seiten haben gute Gründe für ihre Überzeugung. Entscheidet sich die Behörde aber für die eine oder andere Datenlage, dann ist es in dieser Situation reine Willkür oder eine pure

Glaubensfrage. Die Statistiken Covid-bezogener Hospitalisationen und Todesfällen im Verlauf der Zeitachse zeigen aber, dass die Massnahmen, auch die Maskenpflicht, überhaupt keine Wirkung gehabt haben (Abb. 1, 2 BAG, BfS, Task Force). Auch im Ländervergleich und sogar im interkantonalen Vergleich in der Schweiz fehlt eine Korrelation von Maskenpflicht und Eindämmung von Infektionen und ihren Folgen. Mittlerweile gibt es auch Studien mit Indizien dafür, dass bei Maskenträgern die Infektionshäufigkeit sogar grösser ist als bei Nicht-Trägern.

Im Bulletin der WHO vom 1.12.2020 „*Mask use in the context of COVID-19*“, ist folgendes vermerkt: „*At present there is only limited and inconsistent scientific evidence to support the effectiveness of masking of healthy people in the community to prevent infection with respiratory viruses, including SARS-CoV-2.*“

Folgende Nebenwirkungen werden beschrieben und sind wissenschaftlich belegt:

Erhöhung des Totraumvolumens mit Erhöhung des CO<sub>2</sub>-Gehaltes im Blut (Hyperkapnie). Nierenbelastung: Zum Ausgleich wird die Niere belastet, um die Hyperkapnie metabolisch zu kompensieren. Zusätzliche mögliche Nebenwirkungen: Schwitzen, hoher Blutdruck, Herzrasen und Herzrhythmusstörungen, beschleunigte Atmung (Tachypnoe), Kopfschmerzen, Verwirrtheit, Bewusstlosigkeit, Nausea, allgemeines Unwohlsein, Atemnotgefühl, klaustrophobische Attacken bis zu Panikreaktionen, Gefühl von körperlicher und seelischer Misshandlung. Noch nicht vorauszusehende psychische Störungen, Depressionen, signifikante Verschlechterung der kognitiven Fähigkeiten, was sich vor allem bei den Kindern negativ auswirkt. Bei Kindern ist vor allem das Lernen, das psychosoziale Verhalten mit dem Nächsten massiv behindert, denn das wichtigste Kommunikationsmittel geht verloren - die Mimik.

Jede verharmlosende Aussage über die Möglichkeit von Nebenwirkungen, leider zu oft auch von Medizinern geäussert, ist eine subjektive Meinung und somit eine Anmassung. Sie ist willkürlich und unverantwortlich. Den Leidensdruck kann man nicht objektiv messen und niemandem ist es gestattet, den Leidensdruck eines Dritten zu qualifizieren oder zu quantifizieren. Deshalb unterliegt es nicht einer Obrigkeit zu entscheiden, ob eine Massnahme für die Betroffenen zumutbar sei oder nicht.

Bei betagten Menschen, die unter einer Herz-Kreislauf-Erkrankung oder Niereninsuffizienz leiden, besteht beim Tragen der Masken eine die Gesundheit schwer gefährdende Situation, vor allem wenn sie sich körperlich belasten. Genau diese Menschen werden behördlich aufgefordert, gegen jegliche medizinische Vernunft, die Masken zum vermeintlichen Selbstschutz zu tragen.

Wir fordern klar und deutlich die sofortige Aufhebung der allgemeinen Maskenpflicht im öffentlichen Raum und einen Schlussstrich unter eine unzumutbare Demütigung der Menschen. Wenn schon, soll die Benützung der Masken auf freiwilliger Basis beruhen. Und wenn schon eine Abwägung von Schadensbegrenzung und Einschränkung individueller Freiheiten gemacht wird, dann muss dies strikt auf der Basis wissenschaftlicher Erkenntnisse geschehen.

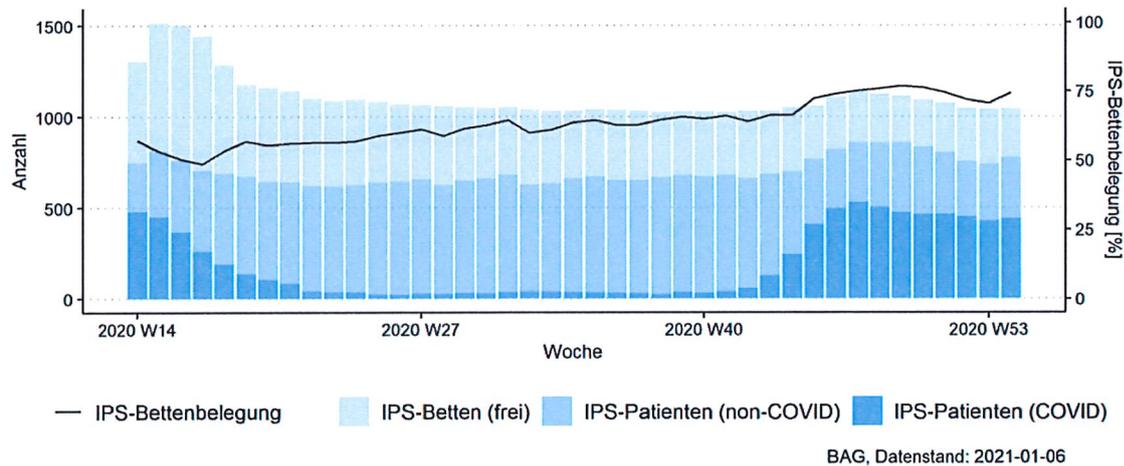
- Mandates Do Not Lead to Reduced COVID Transmission Rates or Deaths, New Study Suggests, Stephen C. Miller, American Institute for Economic Research, Aug.2020.
- <<https://swprs.org/who-mask-study-seriously-flawed>> Metastudie WHO, Juni 2020, mit Einbezug sämtlicher Daten, mit maximaler Transparenz und ohne Zensur.
- Rückatmung von Kohlendioxid bei Verwendung von Operationsmasken als hygienischer Mundschutz an medizinischem Fachpersonal, Ulrike Butz, Dissertation 29.11.2004, Institut für Anaesthesiologie der Technischen Universität München.
- Effectiveness of Adding a Mask Recommendation to Other Public Health Measures to Prevent SARS-CoV-2 Infection in Danish Mask Wearers, H. Bundgaard et al., AnnalsNov.2020, <<https://doi.org/10.7326/M20-6817>>.

**Fazit: Es besteht keine Evidenz über die positive Wirkung des Maskentragens ausserhalb von Gesundheitszentren. Die wissenschaftliche Datenlage ist kontrovers. Qualitativ hochwertig sind insbesondere jene Studien, die keine Wirkung zeigen. Das Tragen von Masken ist für alle gesundheitsgefährdend und für viele Menschen gesundheitsschädigend, vor allem für Kinder und Betagte. Die trotzdem durchgesetzte Maskenpflicht ist Willkür von Seiten der Politik, der die wissenschaftliche Legitimität fehlt.**

## 10. Keine Überlastung der Intensivstationen in den Spitälern

Abbildung 5

Abbildung 11. Zeitlicher Verlauf der Auslastung der IPS-Betten, COVID-19- und nicht-COVID-19-Patienten- und Patientinnen für die Schweiz und das FL.



**Zu Abbildung 5:** Die Intensivstationen waren gesamtschweizerisch nie vollständig ausgelastet. Die Auslastung betrug im Schnitt 75%. Die Horrorszenarien von völlig überlasteten Intensivstationen, beschrieben in den Medien und von gewissen Epidemiologen, haben im ganzen Jahr 2020 nie stattgefunden oder höchstens punktuell, wie jedes Jahr in der Grippezeit. Die Akutbetten waren auch nie ausgelastet, obwohl jede Klinik aus ökonomischen Gründen möglichst eine Vollbelegung anstrebt. Die Spitalbettenbelegung lag am 22.12. mit 69,3% in einem saisonal niedrigen Bereich wie die Gegenüberstellung mit den Vorjahren zeigt. In vielen Spitälern sind ganze Abteilungen geschlossen, wegen Personalmangel, aufgrund exzessiver Sparmassnahmen im Gesundheitswesen. Zusätzliche Betten wären also vorhanden. Zunahmen von Hospitalisationen sind auch dadurch bedingt, dass Covid-19-Kranke nicht zuhause gepflegt werden können, da die Angehörigen sonst in Quarantäne müssen. Zeitweilige punktuelle personelle Engpässe sind zudem damit zu erklären, dass viel Pflegepersonal wegen Quarantäne aus dem Arbeitsprozess herausgenommen wurde. Von einer Überlastung des gesamten Pflegepersonals im Allgemeinen konnte nie gesprochen werden und wenn es punktuell vorkam, war es systembedingt und nicht wegen dem Coronavirus. Auch diesbezüglich fehlt jegliche transparente Berichterstattung. Bilder aus der Presse, welche eine andere Realität suggerieren, sind falsch und eine willentliche Fehlinformation.

- <https://www.re-check.ch/wordpress/fr/soins-intensifs-satures-d/>.

**Fazit:** Weder die normalen Spitalbetten noch jene der Intensivstationen waren im 2020 überdurchschnittlich ausgelastet. Die Intensivstationen waren nur punktuell über 75% besetzt. Spitäler sind immer häufiger aus ökonomischen Gründen gezwungen nahe an der Belastungsgrenze zu arbeiten. Punktuelle Überbelastungen waren strukturell- und systembedingt. Hier stellt sich auch die Frage, welche Auswirkungen Spitalschliessungen, Personalabbau und Sparmassnahmen im Gesundheitswesen zur teilweisen Arbeitsüberlastung beigetragen haben.

## 11. Keine Übersterblichkeit: Fehlende signifikante Erhöhung im Vergleich zu 2015

Die von BAG und BfS publizierten Zahlen (Tabelle 1), belegen, dass die permanente aggressive Berichterstattung der Presse über eine angebliche massive Übersterblichkeit wegen des Coronavirus eine unverantwortliche Verdrehung der Realität ist und so Angst und Panik in der Bevölkerung geschürt wird. Die untenstehenden Daten stammen aus der Statistik des BfS.

**Tabelle 1**

Gesamte Todesfälle der Schweiz BfS, Stand 2. Februar 2020 (BFS-Nr. cc-d-01.04.02.01.32)

Alle Todesfälle Jahr 2015: **68'786**      Bewohner CH 1.1.2015: **8'237'666**

Alle Todesfälle Jahr 2020: **76'526**      Bewohner CH 1.1.2020: **8'606'033**

Im Jahr **2015** beträgt der Anteil Todesfälle bezogen auf die Gesamtbevölkerung **0.84%** und im Jahr **2020** waren es **0.89%**.

Die Anzahl Todesfälle 2020 ist eindeutig innerhalb der vom BfS errechneten Bandbreite, „innerhalb welcher Schwankungen als zufällig gewertet werden müssen“. Es besteht im Gegensatz zur allgegenwärtigen Berichterstattung keine signifikante Übersterblichkeit.

Dazu die Medienmitteilung des BfS vom 16.12.2019: *„Die Zahl der Todesfälle nimmt im gegenwärtigen Jahrzehnt jedes Jahr um etwa 500 bis 800 zu. Dies, weil die ersten geburtenstarken Jahrgänge der Nachkriegszeit ihre durchschnittliche Lebenserwartung erreicht haben.“* So dürften seit dem Jahr 2015 zwischen 2500 und 4000 Todesfälle durch die demografische Verschiebung bedingt sein.

## Abbildung 6

Anteil der Verstorbenen pro Jahr in verschiedenen Altersgruppen in der Schweiz. Daten aus dem BFS.

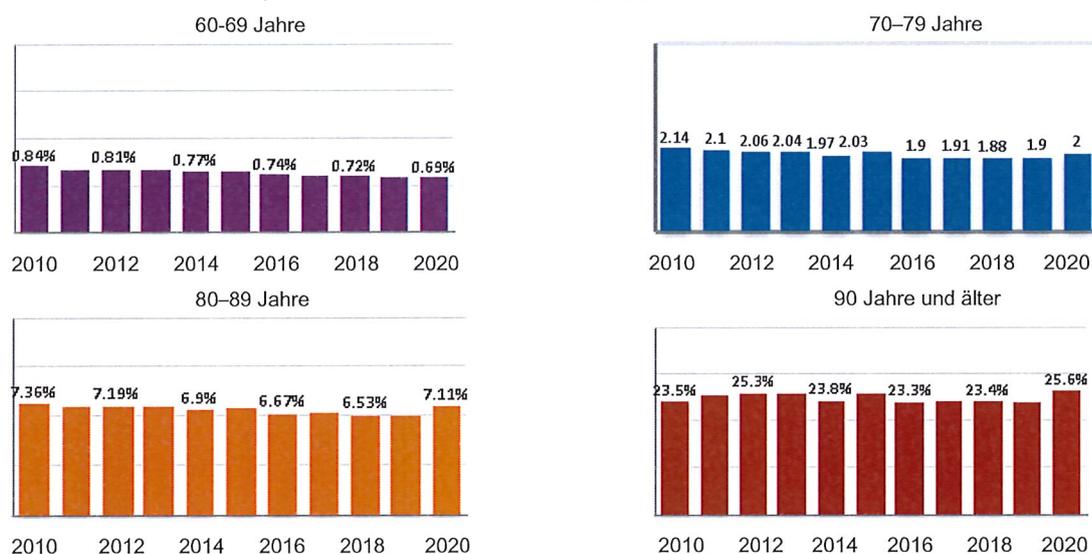


Abb. aus: Situationsanalyse Covid-19 Schweiz – Expertenkollektiv Ch, D, A 13. Januar 2021, Kontaktadresse: situation-c19-ch@protonmail.ch

**Abbildung 6** gibt an, wieviel Prozent je Altersgruppe verstorben sind unter Berücksichtigung des Bevölkerungszuwachses pro Altersgruppe. Auch dieses Diagramm verdeutlicht die fehlende Übersterblichkeit aller Altersgruppen über 60 Jahren im Vergleich mit den letzten 10 Jahren.

Gemäss John P A Ioannidis: The median infection fatality rate across all 51 locations was 0.23% (unter 70Jährigen 0,05%).

- Publication: Bulletin of the World Health Organization; Type: Research Article ID: BLT.20.265892.
- J.P.A Ioannidis: Global perspective of COVID-19 epidemiology for a full-cycle pandemic, European Journal of Clinical Investigation 07.10.2020, <<https://doi.org/10.1111/eci.13423>>.

Positiv ausgedrückt bedeutet dies: **99.8 %** der Infizierten überleben. Von einem besonders gefährlichen oder gar Killervirus kann also nicht die Rede sein, auch wenn es einzelne Menschen hart treffen kann und sie auch daran sterben. Das gleiche Verhalten und den gleichen Impact hatten wir in den letzten Jahrzehnten mehrfach durch andere Grippeviren, ohne dass die Regierungen mit derartig zerstörerischen Massnahmen reagiert haben.

Es wird untersucht werden müssen, inwiefern bei den betagten Schwerekranken die vermehrten Todesfälle im Spätherbst eine Konsequenz der Lockdown-Massnahmen sind. Im Frühjahr waren tausende von Arztpraxen geschlossen oder zumindest stark reduziert im Betrieb und wichtige Operationen wurden verschoben. Nachforschungen müssen aufklären, in welchem Masse Unterversorgung und mangelnde ärztliche Betreuung in

dieser Zeit Krankheitsprozesse beschleunigten und somit verfrühte Todesfälle verursachten. Vereinsamung, soziale Isolation, Hoffnungslosigkeit und Vertrauensverlust in die noch bestehende Lebenszeit dürften ihrerseits zur Häufung von Todesfällen führen, welche wir jetzt im Spätherbst beobachten. Die vermehrten Todesfälle als alleinige Konsequenz einer Covid-19-Erkrankung abzutun ist wissenschaftlich nicht belegt und unverantwortlich.

Die Antworten auf unsere Nachfrage bei zwei Chefärzten von schweizerischen Intensivstationen, aufgrund welcher Kriterien die Diagnose Covid-19 gestellt wird, zeigen deutlich, dass ganz wesentlich der PCR-Test die Diagnose bestimmt, bei den Erkrankten wie bei den Todesfällen. Es gibt keine klaren klinischen, laborchemischen oder bildgebenden Kriterien, welche eindeutig und unumstösslich die Diagnose Covid-19 zulassen. Die Diagnose stellt der Kliniker gemäss seiner Erfahrung und Kompetenz aus dem Gesamtbild aller Untersuchungsergebnisse und dem klinischen Bild des Erkrankten. Auch bei gewissenhaftestem Vorgehen sind falsch positive Diagnosen vorprogrammiert, weil der PCR-Test nicht zwischen virulenten Viren und unwirksamen viralen Fragmenten unterscheiden kann und das klinische Bild oft keine Unterscheidung von Krankheiten anderer Ursachen zulässt. Einzig bei einem tiefen Ct-Wert steigt die Wahrscheinlichkeit einer realen Infektion. Je nach Labor werden aber bis 45 Amplifikationen durchgeführt. Positive Resultate bei Amplifikationen höher als 25 dürften nicht als Diagnosekriterium gelten; auch gemäss WHO-Bulletin vom Dezember 2020. Brisant ist die Tatsache, dass die wenigsten Labore den behandelnden Ärzten den Ct-Wert überhaupt bekannt geben. Zudem sind Mehrfachzählungen von mehrfach positiv getesteten Personen üblich.

Medizinisches Personal wird im Bulletin „BAG, Meldekriterien vom 18.12.2020“ aufgefordert sogar PCR-Test-negative-Patienten mit *„erfüllten klinischen Kriterien und einem CT-Scan vereinbar mit COVID-19 oder mit erfüllten klinischen und epidemiologischen Kriterien“* zu melden\*. So wird die Todesursache Covid-19 von Verstorbenen auch allein anhand des klinischen Bildes gestellt, ohne weitere Verifikation z.B. mittels Autopsie. Gemäss einer Studie, welche autopsische Befunde mit den klinischen Diagnosen vergleicht, weisen aber auch heute noch in bis zu 25% der Fälle bedeutende Diskrepanzen und diagnostische Fehler nach. Dies ist auch dann der Fall, wenn der Kliniker sich in seiner Diagnose sicher fühlt. Die Autopsie ist eine offene und harte Fehler- und Qualitätsselektion für den Kliniker, der alles zu wissen glaubt\*\*. Auch Professor Klaus Püschel, Rechtsmedizin, sagte im April: *“Alle durch ihn autopsierten Verstorbenen litten an mehreren, zum Teil schweren, Vorerkrankungen. Die Massnahmen*

*stehen in keinem Verhältnis zu der Gefahr, die vom Virus ausgeht.* \*\*\* In Anbetracht dieser Tatsachen ist anzunehmen, dass die gemeldeten Todesfälle aufgrund Covid-19 viel zu hoch und restriktive Massnahmen aufgrund dieser falschen Zahlen unzulässig sind.

- \*Neues Coronavirus (COVID-19) Verdachts-, Beprobungs- und Meldekriterien vom 18.12.2020, Bundesamt für Gesundheit BAG.
- \*\*PRAXIS Schweiz Med Forum 2007;7:278–283278, Die Autopsie: anachronistischer Zopf oder vernachlässigte Qualitätskontrolle? Erfahrungen aus einem Kantonsspital, Claus Hoess et. al, PRAXIS Schweiz Med Forum 2007;7:278–283.
- \*\*\*Professor Klaus Püschel, Chefarzt Hamburger Rechtsmedizin, Der Streit ums richtige Mass. Hamburger Morgenpost. 3. April 2020

**Fazit: Es besteht keine signifikante Übersterblichkeit betrachtet über alle Altersgruppen und über das gesamte Jahr im Vergleich zu den letzten 10 Jahren. Die höchste prozentuale Todesrate verzeichnen wir in der Altersgruppe über 90 Jahren. In dieser Altersgruppe haben wir auch die grösste Zunahme an Personen aufgrund der demografischen Verschiebung. In dieser Altersgruppe ist die Sterberate nicht signifikant gegenüber den Jahren 2010 bis 2015 erhöht. Es stellt sich die Frage, ob die in absoluten Zahlen etwas erhöhte Sterberate bei den über 90 Jährigen eine Folge des Lockdowns ist, bedingt durch eine vernachlässigte Betreuung und Vereinsamung.**

## 12. Immunsystem

Seit Tausenden von Jahren ist der menschliche Körper, wie alle Lebewesen, täglich potentiell krankmachenden Erregern (Viren, Bakterien und Pilze) ausgesetzt. In unserem Körper finden sich Milliarden von Viren und Bakterien. Die Viren haben in Millionen von Jahren Evolution unsere DNA mit hervorgebracht. Wir leben mit Ihnen, zum Teil in Symbiose. Zum Teil muss der Körper darüber hinaus auch krankmachende Viren, Bakterien und Pilze permanent abwehren. Das schafft ein gesunder junger Körper problemlos und ist deswegen seltener krank als ein betagter Mensch.

Zur Abwehr haben wir Lebewesen ein mehrstufiges Abwehrsystem entwickelt. Dieses evolutive System ist äusserst lernfähig. Es muss sich ständig trainieren, indem es sich unaufhörlich mit fremden Erregern auseinandersetzt. Dadurch wird das System gestärkt. Fehlen diese äusseren Anreize durch allzu ausgeprägte Hygienemassnahmen oder sogar mit einer allzu rigorosen Vermeidungsstrategie, wie wir sie aktuell durch die Corona Massnahmen anwenden müssen, schwächen wir auf Dauer unser Immunsystem und sind

dann auf die nächste Mutation, welche kommen wird, noch weniger gut vorbereitet. Bestehende und zukünftige Impfstoffe garantieren keine Herdenimmunität, zumal herkömmliche Impfstoffe nur zwischen 30% und 50% Wirkung zeigen und ausgerechnet erst noch weniger bei den Risikopatienten. Immungeschwächte Menschen haben andere Mittel um sich vor potentiell krankmachenden Erregern zu schützen. Für deren Anwendung ist die hausärztliche Praxis die kompetente Stelle.

Das erste Abwehrsystem befindet sich in den Schleimhäuten des Körpers, der Haut und Körpersäften (IgA) und gilt als unspezifisch. Das ist bereits ein sehr effizientes System, dank welchem Erreger schon in der ersten Abwehrlinie eliminiert werden und dadurch keine Infektion verursachen. Die Betroffenen bemerken nichts, entwickeln keine Symptome, werden nicht krank, sind nicht krank und vor allem nicht infektiös. Dies passiert permanent, in jeder Sekunde, auch beim Trinken eines Glases Wasser. Bruchstücke dieser eliminierten Erreger können dann aber noch lange auf der Haut und auf Schleimhäuten mit PCR nachweisbar sein. Dies geschieht auch mit abgewehrten Corona Viren, aber dann mit den bekannten verheerenden Folgen, weil die als positiv Getesteten als „infiziert“ gelten. Ein Nachweis von ganzen Viren oder serologische Untersuchungen werden im Anschluss an diese Tests ja in der Regel nicht durchgeführt.

Das spezifische T-Zellsystem mit verschiedenen Untertypen ist die Ursache der zellulären Immunität und unserer vorhandenen Kreuzimmunität. Sie produzieren keine Antikörper. Sind wir in der Vergangenheit mit ähnlichen Viren wie dem Coronavirus in Kontakt gekommen, haben die T-Lymphozyten gelernt im Zusammenspiel mit dem B-Zellsystem diese Viren zu eliminieren und andererseits direkt virusinfizierte und entartete Zellen abzutöten (zytotoxische T-Lymphozyten), auch Killer T-Zellen sind daran beteiligt. Das ist ein Grund, weshalb so viele Menschen auch ohne Antikörpernachweis immun gegen das Coronavirus sind. Deshalb darf das Fehlen von Antikörper nicht als Argument fehlender Immunität gegen das Coronavirus dienen.

- SCIENCE: Selective and cross-reactive SARS-CoV-2 T cell epitopes in unexposed humans, Jose Mateus et al, 10.1126/science.abd3871 (2020). Sekine et al, Robust T cell immunity in convalescent individuals with asymptomatic or mild COVID-19, 2020.
- Immunity to COVID-19 is probably higher than tests have shown, Karolinska Institute.

Das B-Zellsystem bildet dann die verschiedenen Antikörper (IgM, IgG), humorale Immunantwort, welche wir im Blut messen können, welche aber kurzlebiger sind.

Die aktuelle immunologische Datenlage verbietet eine breitgestreute Massenimpfung in Anbetracht der Tatsache, dass ein bedeutender Anteil der Bevölkerung bereits eine

Immunität aufgebaut hat. Forscher fanden bis zu 60% SARS-Cov-2 Reaktivität mit CD4+T-Zellen in einer Population von nicht infizierten Personen, was auf Kreuzreaktionen mit anderen Corona Viren hindeutet. Es darf nicht sein, dass diese Menschen trotzdem geimpft werden, auch wenn es ohne Antikörper aufwändiger wird, die Immunität zu beweisen. Dieses Faktum ist brisant, im Angesicht der Forderung aus politischen Kreisen, dass in Zukunft nur noch ein Impfpass Personen vor Restriktionen bewahren würde.

- Targets of T-Cell Responses to SARS-CoV-2 Coronavirus in Humans with COVID-19 Disease and Unexposed Individuals: Alba Grifoni et.al, Cell. 2020 Jun 25; 181(7):1489-1501.e15. doi: 10.1016/j.cell.2020.05.015. Epub 2020 May 20.
- Doshi P. Covid-19: Haben viele Menschen bereits bestehende Immunität? BMJ. 2020; 17(370): m3563.<https://doi.org/10.1136/bmj.m3563>.
- Sekine T, Perez-Potti A, Rivera-Ballesteros O, et al. Robuste T-Zellimmunität bei rekonvaleszenten Personen mit asymptomatischem oder leichtem COVID-19. Zelle. 2020; 183(1): 158bis 168.e14. <<https://doi.org/10.1016/j.cell.2020.08.017>>.

**Fazit: Die Immunität gegenüber SARS-CoV-2 ist in der Bevölkerung deutlich mehr verbreitet als anfänglich vermutet wurde, auch aufgrund von Kreuzimmunität. Es bestehen dazu keine genauen Daten. Man spricht aber von einer Quote von über 80%. Diese Immunität verdanken wir hauptsächlich aufgrund unserer T-Zellaktivität. Zusätzlich haben wir effiziente Abwehrsysteme bereits auf unseren Schleimhäuten. Eine Immunitätsbestimmung allein aufgrund von Antikörpern ist nicht korrekt. Ein Immunitätsnachweis mit Impfpass, nur aufgrund von Antikörpern, hat Brisanz: Persönliche Zugangs- und Bewegungsfreiheiten könnten ungerechtfertigter Weise eingeschränkt werden.**

## 13. Impfstoff

Prof. Dr. Suchard Bhakdi, Facharzt für Mikrobiologie und Infektionsepidemiologie, Johannes-Gutenberg-Universität Mainz:

*„Die sich in Entwicklung befindenden bevorzugten Impfstoffe sind Gen-basiert. Das Gefahrenpotential ist nicht genügend erforscht. Allein der Akt der Impfung kann schwere Nebenwirkungen bewirken. Die Hälfte der gesunden Jungen Probanden hatte nach der Impfung Fieber, Schüttelfrost, Gliederschmerzen, Kopfschmerzen und sie haben sich krank gefühlt. Bei älteren vorerkrankten Menschen ist die Schwere der beschriebenen Nebenwirkungen nicht vorauszusehen. Bei Versuchspersonen werden Vorerkrankte*

*ausgeschlossen. Der Impfstoff hat mehrere Komponenten, welche schwere allergische Reaktionen hervorrufen können. Die Impfung selbst kann dazu führen, dass es bei einer echten nachfolgenden Infektion mit Coronavirus oder einem anderen Virus zu einem sehr schweren Krankheitsverlauf kommt (Antibody Dependent Enhancement - ADE). Im Tierversuch ist diese immunabhängige Verstärkung einer Erkrankung bei der Testung eines Impfstoffes gegen SARS-CoV-1 gezeigt worden. Für die Tiere war die Reaktion beinahe tödlich. Bei der Impfung geht der Gen-basierte Impfstoff innert Minuten in Zellen, die normalerweise von den Viren nicht befallen werden. Es kommt zur Bildung von Virusproteinen in diesen Zellen und sie werden zu Proteinfabriken. Weitere Gefahren sind die Entwicklung von Autoimmunerkrankungen, Embryonalstörungen bis zum fetalen Tod und zur weiblichen Sterilität. Diese Gefahren sind theoretisch bereits beschrieben. Sie sind aber nie geprüft worden.“*

Der Leitsatz jedes Arztes „Primum non nocere“ wird damit sträflich vernachlässigt.

- <https://www.youtube.com/watch?v=wMzqExjmFs4>.
- Informed consent disclosure to vaccine trial subjects of risk of COVID-19 vaccines worsening clinical disease: Timothy Cardozo et.al. Int. J. of Clinical Practice, October 2020, <https://doi.org/10.1111/ijcp.13795>.

Auch Prof. Dr. Stefan Hockertz, Immunologe, Toxikologe, Pharmakologe, beteuert:

*„...dass bis heute an Sicherheitsdaten und Qualität der Gen-basierten Impfstoffe so gut wie gar nichts vorliegt. Die Präklinik wurde so gut wie nicht durchgeführt und dies ist auch ein strafrechtlicher relevanter Punkt. Die Forderung nach Safety, Efficacy and Quality werden nicht erfüllt. Die klinische Phase 1 und 2 wurden nicht mit der notwendigen Sorgfalt durchgeführt. Man geht verfrüht in die Phase 3 mit zu frühzeitigen Auswertungen, statt bis am Ende zu warten. Auch im Bereiche der Toxikologie und Pharmakologie fehlen die unabdingbaren Untersuchungen. Zudem ist die vorausgesagte Wirkung von 95% vollends absurd. Es gibt noch keine einzige mRNA-Impfung auf der Welt, die zugelassen ist. Bei der Entwicklung des neuen Impfstoffes mit komplett neuer Strategie können keine Bezugsdaten von schon bestehenden zugelassenen Impfstoffen genommen werden. Es ist ein neues Impfprinzip, welches durch eine Toxikologie und Pharmakologie laufen muss – Dauer etwa 4 bis 4,5 Jahren. Dies muss alles zuerst im Tierversuch getestet werden, das geeignete Tier muss erst noch gefunden werden. Die ganze Histologie muss im Tierversuch gemacht werden. Die Funktionen im Immunsystem müssen nachgewiesen werden – all dies ist nicht gemacht worden.“* Die Antwort vom Impfstoffhersteller Pfizer auf Nachfrage von Prof. Hockertz war: „No data available yet“.

Und: Swissmedic äusserte sich am 1.12.2020 über den SwissInfo Ticker: „*Important data and safety efficacy and quality of deal are missing.*“

- <<https://www.youtube.com/watch?v=iiTrttV7Q8A>>.

Auf Grund des Fehlens dieser Daten ist man nun direkt auf den Menschenversuch ausgewichen und dies gegen ein Virus, welches bei über 85% der positiv Getesteten absolut symptomlos verläuft und 99,8% überleben.

- Impfstudien könnten unsauber sein – bis hin zu Fälschungen, Professor Dr. rer. nat. Gerd Antes, Uniklinik Freiburg im Breisgau, 1997 bis 2018 Leiter des deutschen Cochran-Zentrums, Martina Frei, Publiziert: 12.08.2020.
- <https://www.bmj.com/content/371/bmj.m4037>

**Fazit: Die heute vorhandenen Impfstoffe gegen SARS-CoV-2 sind Gen-basiert. Die Impfstoffe haben als Wirkungsgrundlage ein völlig neues Prinzip im Vergleich zu den herkömmlichen Grippeimpfstoffen. Bis heute ist es noch nie gelungen, nebenwirkungsfreie Gen-Impfstoffe herzustellen. Die Herstellung eines vom Prinzip her völlig neuen Impfstoffes dauert 10 bis 15 Jahre, wenn man alle bisher respektierten Phasen der Entwicklung, Prüfung und Herstellung einhalten würde. Im Eilverfahren, unter Verzicht und Abkürzung von äusserst wichtigen Prüfphasen, wurde ein Impfstoff innerhalb von acht Monaten auf den Markt gebracht. Wirkung, Nebenwirkungen und Langzeitschäden sind unbekannt. Bei dieser Impfstrategie handelt es sich um einen Feldversuch mit Menschen.**

## 14. Virusmutation

Viren mutieren. Dies ist eine den Viren innewohnende Eigenschaft. Es gibt solche, die sehr stabil sind und wenig mutieren, wie z.B. die Masern- oder Polioviren, und es gibt andere, die instabil sind und sehr häufig mutieren, wie die Grippeviren, die Corona Viren eingeschlossen. Die stabilen Viren kann man mit Impfkampagnen besser bekämpfen als die Instabilen. So konnte man die Poliomyelitis mit weltweiter konsequenter Impfstrategie fast ausrotten. Dies gelingt mit den Viren die häufig mutieren nicht. Deshalb ist es bis heute auch nicht gelungen die Grippeviren zu eliminieren. Trotz Impfkampagnen überfallen sie uns, dank Mutation, immer wieder im uns bekannten Jahresrhythmus. Aus denselben Gründen werden wir höchstwahrscheinlich das SARS-CoV-2 Virus auch mit der Gen-basierten Impftechnologie nicht eliminieren können. Es mutiert zu häufig und zu schnell.

Die neue SARS-CoV-2 Variante ist definiert durch mehrere Mutationen im Spike-Protein (Deletion 69- 70, Deletion 144, N501Y, A570D, D614G, P681H, T716I, S982A, D1118H). Das Protein ermöglicht dem Virus in menschliche Zellen einzudringen. Gewisse mutierte Varianten führen zu einer geschätzten Steigerung der Übertragbarkeit von bis zu 70%. Dazu wird eine Erhöhung des  $R_e$ -Wertes von 0.4 angegeben\*. Prof. Dr. Jörg Timm, Leiter des Instituts für Virologie der Universitätsklinikum Düsseldorf, sagt aber: „Das bedeutet nicht, dass die Variante auch eine schwerere Erkrankung auslöst. Dazu gibt es keine gesicherten Daten. Dem ersten Eindruck zufolge ist das aber nicht der Fall“. In einer anderen Studie wird auf die Wichtigkeit hingewiesen zu erforschen, ob die Präsenz von verschiedenen Mutationen mit der Sterberate korreliert\*\*. Gemäss einer im Science veröffentlichten Studie konnte zwar eine erhöhte Infektiosität der Mutanten, aber keine erhöhte Pathogenität im Tierversuch festgestellt werden\*\*\*. Eine weitere Studie zeigt, dass eine Mutation auch zu weniger schweren Krankheitsverläufen führen kann\*\*\*\*.

- \*Mutationen in SARS-CoV-2-Variante in UK und Erbgut-Analysen in Deutschland, Science Media Center Germany, Dec. 2020.
- \*\*Emerging SARS-CoV-2 mutation hotspots include a novel RNA-dependent-RNA polymerase variant Pachetti et al. J Transl Med (2020) 18:179 <<https://doi.org/10.1186/s12967-020-02344-6>>.
- \*\*\*(2020; DOI: 10.1126/science.abe8499).
- \*\*\*\*Weniger schwere COVID-19-Verläufe bei bestimmter Mutation von SARS-CoV-2 Sept.2020\*, Deutsche Gesellschaft für Neurologie.

**Fazit: Bis heute weisen keine Daten auf eine erhöhte Anzahl Hospitalisationen oder Sterblichkeit aufgrund der mutierten Varianten des SARS-CoV-2 hin. Verschärfungen der sowieso schon fragwürdigen Massnahmen aufgrund dieser Mutanten sind aus wissenschaftlicher Sicht nicht gerechtfertigt.**

## 15. Psychische Auswirkung auf die Gesellschaft

Die Resultate der dritten Befragung im Rahmen der Swiss Corona Stress Studie zwischen dem 11. und 19. November 2020 in welcher 11 620 aus der ganzen Schweiz befragt wurden, zeigen beängstigende Auswirkungen der Corona-Massnahmen auf der psychosozialen Ebene. Die Stressbelastung hat signifikant gegenüber dem ersten Lockdown im April zugenommen. Während damals 11% der Befragten einen maximalen Stresslevel angaben, waren es im November 20%. Die Zunahme an Stress war begleitet mit der Zunahme von Depressionen. Der Haupttreiber des psychologischen Stresses und

der Depressionen war die Belastung aufgrund der Covid-19-Massnahmen auf der Arbeit, in den Schulen und im Bildungswesen und aufgrund von finanziellen Einbussen und Ängsten für die Zukunft. Diese Stressoren sind signifikant gestiegen, verglichen mit der Lockdown Periode im April. Weiter steigt die Befürchtung, dass Personen im engeren Bekanntenkreis oder Familie ernsthaft krank werden oder daran sterben könnten. Ängste entstanden wegen den sozialen Restriktionen und familiäre Konflikte stiegen markant an. Der PHQ-9 Wert, ein Screening-Instrument zur Diagnostik von Depressivität für den routinemäßigen Einsatz im somatisch-medizinischen Bereich, stieg im Vergleich vor den Massnahmen von 3% auf 18% im November 2020 und dürfte in Zukunft noch ansteigen. Das Risiko einer Depressionsentwicklung war altersabhängig. Die Jüngeren zeigen das höchste Risiko und es war höher bei denjenigen, die einen finanziellen Verlust aufgrund der Covid-19 Situation erleben mussten. Man stellt auch einen deutlichen Unterschied der französischen Schweiz fest, wo die Restriktionen länger, im Vergleich mit der deutschen Schweiz, angewandt wurden.

Folgenden Störungen im psychosozialen Bereich haben markant zugenommen:

Ohnmachtsgefühle, Depression, psychovegetative Stressreaktionen, das Empfinden von Trennung und Entfremdung, Angst, Selbst- und Fremdverletzung sowie Zwänge, Gereiztheit, sozialer Rückzug bis zur Selbstisolation, Steigerung von Aggressionen, wegen den Masken erschwerte Identitäts- und Emotionswahrnehmung beim Gegenüber, Panik, psychotische Entgleisungen, Traumatisierung und vor allem Retraumatisierungen, vermehrte Suizide und Suizidversuche.

- The Swiss Corona Stress Study: [www.coronastress.ch](http://www.coronastress.ch) secondpandemic wave, November 2020 Conn..

**Fazit: Auf psychosozialer Ebene sind die Schäden, aufgrund der restriktiven Massnahmen, nicht kalkulierbar. Sie sind riesig und für die Betroffenen zum Teil unermesslich. Die Suizidrate hat zugenommen. Diese Auswirkungen werden von der Behörde einkalkuliert - als Kollateralschäden - angeblich auf der Basis einer höheren moralischen Ebene. Menschen sollen gerettet werden, dabei werden gerade deswegen viele Existenzen zerstört. Über psychische Langzeitschäden kann bis heute nur spekuliert werden, diese sind aber äusserst ernst zu nehmen.**

## 16. Juristische Betrachtung

Bei der Festlegung der epidemiologisch motivierten Massnahmen (Einschränkung der Grundrechte; Verkürzung der sonst üblichen demokratisch-rechtsstaatlichen Normierungsprozesse) ist der Bundesrat an die Rechtsordnung, insbesondere an die Bundesverfassung und an das Epidemiengesetz, EpG (SR 818.101) gebunden.

Im Bereich der Bundesverfassung stehen das Legalitätsprinzip (Art. 5 Abs. 1 BV), das Verhältnismässigkeitsprinzip (Art. 5 Abs. 2 BV) und das Willkürverbot (Art. 9 BV) im Vordergrund.

Das Epidemiengesetz selbst enthält zudem ebenfalls wichtige Anweisungen an die Exekutive für die Bewältigung von epidemischen Lagen. Gemäss Art. 4 Abs. 2 des Epidemiengesetzes sind Bundesrat und Kantone verpflichtet, bei der Bewältigung einer Epidemie, insbesondere folgendes zu berücksichtigen:

- internationale Empfehlungen und Richtlinien;
- den aktuellen Stand der Wissenschaft.

Wie oben bereits festgehalten, hat der Bundesrat bis heute auf zahlreiche wichtige, neue Erkenntnisse der Wissenschaft und internationale Empfehlungen nicht reagiert.

So schlägt er die Warnungen zahlreicher Wissenschaftler zur fehlenden Tauglichkeit des PCR-Tests zwecks Diagnose einer Krankheit mit einer beachtlichen Konsequenz in den Wind. Sogar die WHO macht in ihren zwei Informationen vom 14. Dezember 2020 und vom 20. Januar 2021 die Warnung von falsch positiven PCR-Tests deutlich, wenn nicht strenge Kriterien zur Diagnosestellung erfüllt werden. Diese sind, wie oben schon im Text erläutert, insbesondere bei Massentestungen nicht gegeben, vor allem von symptomlosen Personen, welche für zahlreiche Personengruppen zunehmend als de facto-Obligatorium etabliert werden (Schüler, Arbeitnehmer, Reisende etc.).

- <https://www.who.int/news/item/20-01-2021-who-information-notice-for-ivd-users-2020-05>.

Des Weiteren fördert der Bundesrat mit seinem Festhalten an erwiesenermassen untauglichen Entscheidungskriterien das Risiko, die Eidgenossenschaft und seine Beamten zum Schuldner astronomisch hoher Schadenersatzklagen zu machen.

- Bundesgesetz über die Verantwortlichkeit des Bundes sowie seiner Behördenmitglieder und Beamten (Verantwortlichkeitsgesetz, VG, SR 170.32).
- Art. 10a Abs. 2 u. 3 der Verordnung 2 des Bundesrates über Massnahmen zur Bekämpfung des Coronavirus vom 13. März 2020 mussten „Gesundheitseinrichtungen wie Spitäler und Kliniken, Arztpraxen und

Zahnarztpraxen [...] auf nicht dringend angezeigte medizinische Eingriffe und Therapien verzichten.“ Siehe: COVID-19 Verordnung 2 (SR 818.101.24), Stand 17. März 2020.

Entsprechende Sammelklagen aus dem Ausland sind bereits in Vorbereitung und werden letztlich auch die Schweiz nicht verschonen. Erste Schadenersatzklagen gestützt auf das Verantwortlichkeitsgesetz sind auch in der Schweiz in Vorbereitung oder wurden bereits eingereicht.

Des Weiteren ist nicht erkennbar, ob der Bundesrat sich in irgendeiner Weise mit den Auswirkungen seiner Massnahmen ernsthaft auseinandersetzt.

Im Raume stehen unter anderem folgende Fragen:

(1) Welche Auswirkungen auf die Gesundheit und auf die Lebenserwartung haben die periodisch erneuerten und verschärften Anordnungen an die Bevölkerung, die Aufforderung zur Isolation, vor allem für den ältesten Teil der Bevölkerung? Diese Anordnungen laufen notabene parallel zu angeordneten Einschränkungen in der Gesundheitsversorgung, resp. Gesundheitsvorsorge. Die seit März 2020 auferlegte Isolation und Einschränkung in der üblichen Gesundheitsvorsorge hat das Potential, den ältesten Teil der Bevölkerung mehr Schaden zuzufügen als das Virus selbst. Die Sterbezahlen der im Jahr 2020 verstorbenen Personen ohne positiven PCR-Test sprechen diesbezüglich eine alarmierende Sprache.

(2) Welche Auswirkungen auf die Gesundheit und auf die Lebenserwartung haben die langfristig nachwirkenden wirtschaftsschädigenden Massnahmen auf die Gesundheit und auf die Lebenserwartung der arbeitenden Bevölkerung und die der jüngeren Generation? Dabei geht es um die Schliessung ganzer Branchen; Arbeitslosigkeit; zunehmende Abhängigkeit vom Staat in hoher Zahl; bei gleichzeitig sich verschlechternder Wirtschaftslage etc.

Indem der Bundesrat den schädlichen Auswirkungen seiner Massnahmenpolitik nicht gebührend Rechnung trägt und immense Opfer von der gesamten Bevölkerung einfordert, verstösst er dauerhaft und signifikant gegen das verfassungsrechtliche Prinzip der Verhältnismässigkeit (Art. 5 Abs. 2 und Art. 36 Abs. 3 Bundesverfassung).

Aufgrund der richtungweisenden Bedeutung des Verhältnismässigkeitsprinzips für jede Bewältigung von Epidemien hat der Gesetzgeber wesentliche Aspekte des Verhältnismässigkeitsprinzips im Epidemiengesetz selbst wiederholt. Mit Bezug auf die einschränkenden Massnahmen des Bundesrates gegenüber der Bevölkerung statuiert Art. 40 Abs. 3 des Epidemiengesetzes:

*„Die Massnahmen dürfen nur so lange dauern, wie es notwendig ist, um die Verbreitung*

*einer übertragbaren Krankheit zu verhindern. Sie sind regelmässig zu überprüfen.“*

In dem der Bundesrat sich mit den Auswirkungen seiner Massnahmen auf die Gesundheit und auf die Lebenserwartung der jeweils am meisten betroffenen Bevölkerungsgruppen nicht auseinandersetzt, verstösst der Bundesrat gegen Art. 40 Abs. 3 des Epidemiengesetzes sowie gegen das staatstragende Grundprinzip der Verhältnismässigkeit.

Vor diesem Hintergrund ist es nicht mehr nachvollziehbar, warum die oberste Gewalt im Staate bis zum heutigen Tage schweigt. Die Schweizer Legislative versäumt es, ihrer staatsrechtlich-institutionellen Verpflichtung zur Oberaufsicht gegenüber dem Bundesrat (Art. 169 BV) nachzukommen. Bis zum heutigen Tage hat es die Bundesversammlung unterlassen, die Grundlagen und die Wirksamkeit der bundesrätlichen Massnahmen einer unabhängigen, kritischen und wirksamen Kontrolle zu unterziehen (Art. 170 BV).

Damit sind konstitutive Kontroll- und Korrekturmechanismen des Rechtsstaates Schweiz seit März 2020 auf unbestimmte Zeit ausser Kraft gesetzt. Dies geschieht zu einem Zeitpunkt, wo der ökonomische Schaden für die schweizerische Volkswirtschaft, die schweizerische Privatwirtschaft, für die betroffenen Menschen sowie die Beeinträchtigung von Gesundheit und Lebenserwartung einer unüberschaubar grossen Zahl von Menschen mit jedem Tage weiter zunimmt.

Eine Beendigung dieses fortschreitenden Regimes unkontrollierter und schadensstiftender Massnahmen ist nicht in Sicht.

Diese wenigen Hinweise sind nur beispielhaft genannt und nicht als abschliessend zu betrachten.

**ALETHEIA** – Medizin und Wissenschaft für Verhältnismässigkeit