

<https://www.naturstoff-medizin.de/artikel/stammt-sars-cov-2-aus-einem-labor-entwickelt-von-den-usa-und-china/>

[30.05.2020 André Leu](#)

### **Stammt SARS-CoV-2 aus einem Labor – entwickelt von den USA und China?**

Es gibt Hinweise darauf, dass Wissenschaftler in Wuhan seit 2007 Gain-of-Function-Forschung betreiben, um Fledermaus- und andere Coronaviren durch die genetische Veränderung einer Schlüsselsequenz neu zu kombinieren. Ziel ist, diese Viren für den Menschen noch tödlicher und infektiöser zu machen. Konnte SARS-CoV-2 aufgrund mangelnder Biosicherheit aus dem Labor entkommen?

#### **Inhaltsverzeichnis**

Auf einen Blick

1. Bei den ersten Patienten, die mit COVID-19 ins Krankenhaus eingewiesen wurden, bestand erwiesenermaßen keinerlei Verbindung zum Huanan Seafood Market in Wuhan. Das schließt die Möglichkeit aus, dass das Virus auf diesem Markt seinen Ursprung hatte.
2. Was tat die chinesische Regierung, während sich das Virus in Wuhan ausbreitete und scharenweise schwer erkrankte Menschen mit einer neuen Form der Lungenentzündung in die Krankenhäuser eingeliefert wurden? Sie verhaftete Ärzte, die vor dieser Krankheit warnten.
3. Das Virus, das COVID-19 verursacht, SARS-CoV-2, ist in der Natur nicht bekannt.
4. Mehrere Forscher haben erklärt, bei SARS-CoV-2 handele es sich um eine genetische Rekombination aus Teilen des Spike-Proteins vom Coronavirus aus dem Malaien-Schuppentier und RaTG13, dem nächsten Verwandten des Spike-Proteins. Forscher des Instituts für Virologie Wuhan (Wuhan Institute of Virology) haben RaTG13 2013 bei Fledermäusen festgestellt.
5. Dass das einzigartige Spike-Protein von SARS-CoV-2 ein Resultat natürlicher Mutation sein könnte, ist unwahrscheinlich, denn zwischen den Wirtsarten liegen viele Tausend Kilometer.

Wiederholt erzählt man uns, dass die Quelle von COVID-19 auf dem Huanan Seafood Market im chinesischen Wuhan zu suchen sei. Es handele sich um eine natürliche Mutation eines Fledermausvirus, die sich dann von einem Wildtier auf den Menschen ausgebreitet hat. Doch die harten Fakten sprechen gegen diese Theorie.

#### **Ist tatsächlich der Huanan-Markt für Meeresfrüchte in Wuhan Ursprung des Coronavirus?**

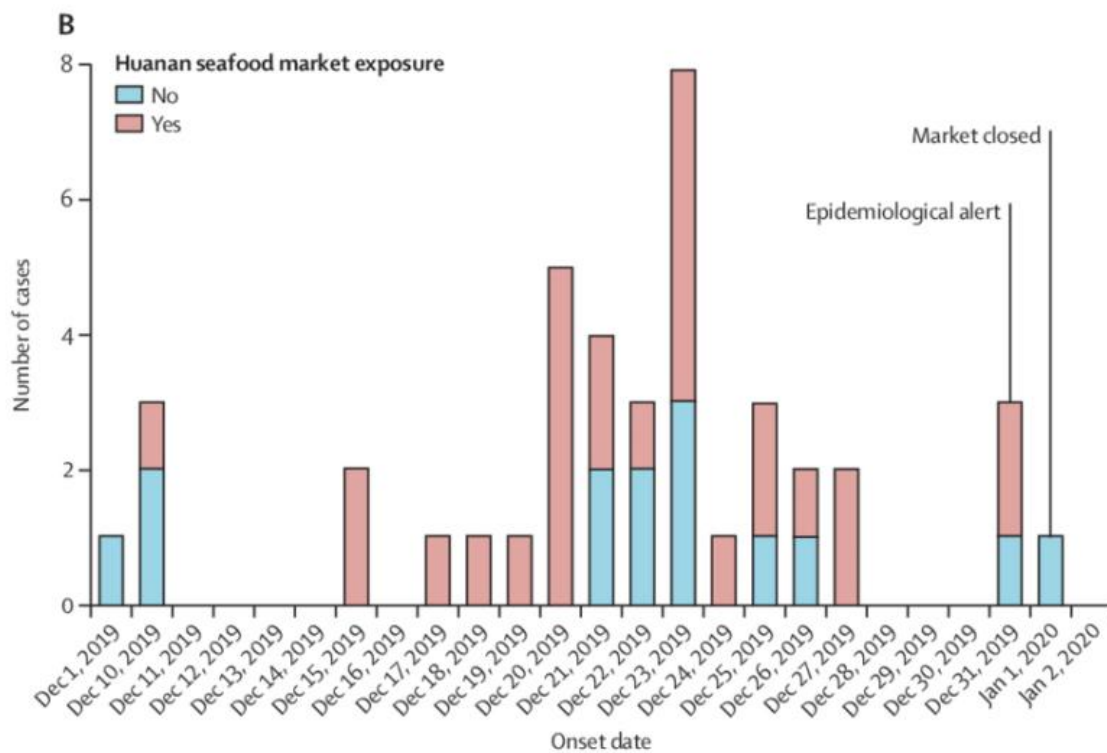
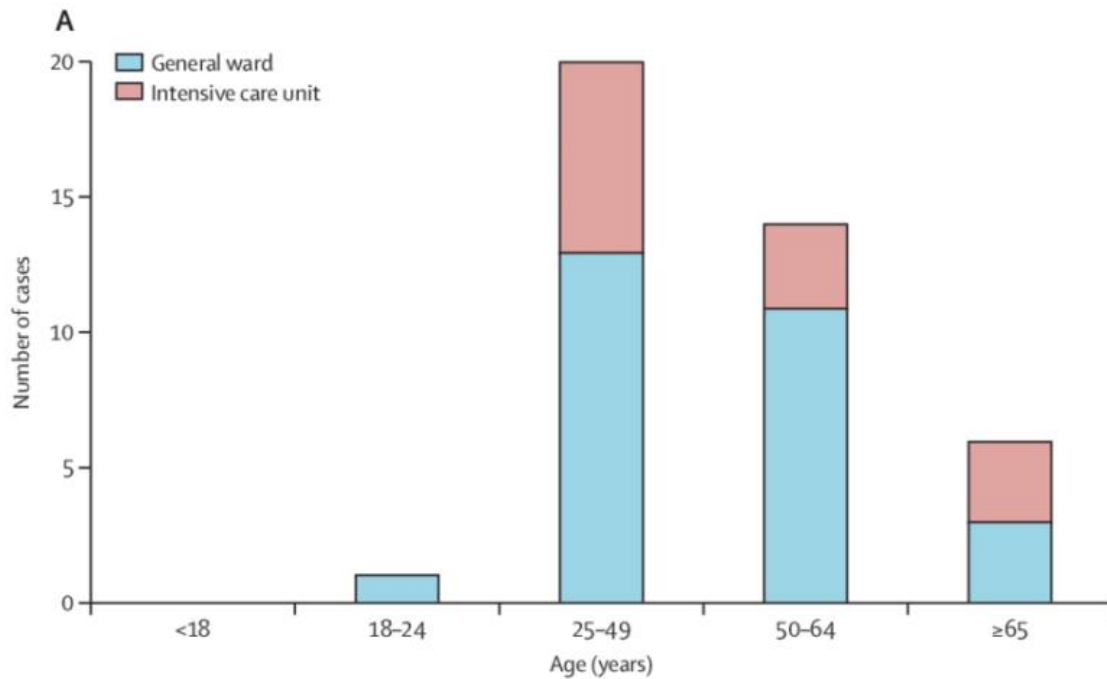
Die Daten zeigen deutlich, dass der Huanan-Markt für Meeresfrüchte nicht die Ausgangsquelle für COVID-19 gewesen sein kann

Es gibt Belege dafür, dass der erste Krankenhauspatient, der nachweislich mit COVID-19 eingeliefert wurde, keinen Kontakt zum Huanan-Markt hatte, und auch von den nächsten Patienten ließ sich bei

wenigen eine Verbindung zu diesem Markt herstellen. Das schließt die Möglichkeit aus, dass das Virus dort seinen Ursprung hatte.

Die nachfolgende Tabelle stammt aus einer wissenschaftlichen Arbeit, die *The Lancet* nach einer Prüfung durch Fachleute veröffentlichte. Der erste registrierte Fall eines Krankenhauspatienten mit COVID-19-Symptomen stammt vom 01. Dezember 2019.<sup>1</sup> Dieser Patient wies keinen Kontakt zu dem Markt für Meeresfrüchte auf.

9 Tage später, am 10. Dezember, kamen drei weitere Patienten ins Krankenhaus. Von ihnen hatten zwei keinen Kontakt zum Markt für Meeresfrüchte gehabt, einer schon. 5 Tage später wurden zwei weitere Fälle gemeldet, beide hatten sich auf dem Markt aufgehalten. Gleichzeitig wurden aber auch andere Personen ohne Verbindung zum Markt eingewiesen. Die Daten zeigen deutlich, dass der Huanan-Markt für Meeresfrüchte nicht die Ausgangsquelle für COVID-19 gewesen sein kann.



**Kontakt zum Huanan Seafood Market**

Datum des Symptombeginns und Altersverteilung der Patienten mit im Labor bestätigter 2019-nCoV-Infektion

(A) Anzahl der Klinikaufnahmen nach Altersgruppe.

(B) Verteilung des Symptombeginns bei im Labor bestätigten Fällen. Die Gesundheitsbehörden von Wuhan riefen am 30. Dezember 2019 Epidemie-Alarm aus und schlossen 2 Tage später den Huanan-Markt für Meeresfrüchte.

Quelle: [Researchgate.net](https://www.researchgate.net)

Das Virus (das damals noch 2019-nCoV hieß und inzwischen als SARS-CoV-2 bekannt ist) breitete sich mindestens 9 Tage lang unter der Bevölkerung von Wuhan aus, bevor erstmals ein Fall gemeldet wurde, bei dem sich ein Kontakt zum Huanan-Markt für Meeresfrüchte nachweisen ließ. Das Markt-Cluster ist aller Wahrscheinlichkeit nach auf eine infizierte Person zurückzuführen, die den Markt besuchte und dabei im dichten Gedränge gleichermaßen Betreiber von Ständen wie Kunden infizierte.

Die Behörden schlossen den Markt am 01. Januar 2020 und ließen ihn mit Bleiche reinigen, um auf diese Weise die Krankheit einzudämmen. Dieses Vorgehen machte jede Möglichkeit zunichte, festzustellen, ob auf dem Markt tatsächlich infizierte Tiere zu finden waren, wie das von der chinesischen Regierung, der Weltgesundheitsorganisation (WHO) und anderen behauptet wird. Da das Virus aber bereits in Wuhan grassierte, bevor die ersten Fälle auf dem Markt auftraten, konnte die Schließung diese Pandemie nicht aufhalten.

### **Peking behindert Nachforschungen**

Was tat die chinesische Regierung, während sich das Virus in Wuhan ausbreitete und scharenweise schwer erkrankte Menschen mit einer neuen Form der Lungenentzündung in die Krankenhäuser eingeliefert wurden? Sie verhaftete die Ärzte, die vor dieser Krankheit warnten.

Gleichzeitig erklärte die Regierung, es gebe keine Beweise für eine Übertragung von Mensch zu Mensch. Es handele sich vielmehr um eine seltene Krankheit, die direkt von Tieren stamme und die nicht von Mensch zu Mensch übertragbar sei. Das war, wie wir inzwischen wissen, eine Lüge.

Zwei chinesische Wissenschaftler veröffentlichten am 06. Februar eine Arbeit, die zeigt, dass es auf dem Markt für Meeresfrüchte keine Fledermäuse gegeben habe und dass sich Fledermäuse und Fledermausviren in Wuhan nur im Seuchenzentrum Wuhan und dem Institut für Virologie Wuhan (Wuhan Institute of Virology) finden ließen.

Die Wissenschaftler gelangten zu dem Schluss, wahrscheinlichster Ausgangspunkt von COVID-19 sei ein Unfall in einem dieser Labore, und empfahlen, der Frage gründlicher nachzugehen, ob möglicherweise ein Laborunfall für die Pandemie verantwortlich war. Die chinesische Regierung übte Druck aus und ließ diese Arbeit zurückziehen, löschen und verschwinden. Die Forscher wurden mundtot gemacht.

Im Interesse der Transparenz und der Meinungsfreiheit bieten wir Ihnen einen Link zur ursprünglichen Arbeit an, denn wir konnten eine Kopie sichern, bevor Peking versuchte, alles zu löschen.<sup>2</sup>

### **Was Forscher über SARS-CoV-2 wissen**

Das Virus SARS-CoV-2, das COVID-19 verursacht, hat man in freier Natur bislang noch nicht beobachtet. Sein nächster Verwandter, RaTG13, wurde 2013 von Forschern des Instituts für Virologie Wuhan (Wuhan Institute of Virology) in der Provinz Yunnan bei Fledermäusen entdeckt. Yunnan liegt rund 1.500 Kilometer von Wuhan entfernt.

RaTG13 wurde im Institut für Virologie Wuhan eingelagert, allerdings taucht in der wissenschaftlichen Literatur oder in Genbanken nichts dazu auf – bis zum 23. Januar 2020. Da veröffentlichten Shi Zhengli, die Leiterin des Zentrums für neue Infektionskrankheiten, und andere

Wissenschaftler des Instituts für Virologie Wuhan eine Arbeit, laut der RaTG13 zu 96,2 Prozent identisch mit SARS-CoV-2 ist.<sup>3</sup>

Unter den Forschern herrscht die Theorie vor, dass sich das Fledermaus-Coronavirus einen Zwischenwirt – etwa ein Schuppentier – gesucht hat und dort mutierte, bevor es anfangs, Menschen zu infizieren. Bis heute gibt es allerdings keine Beweise dafür, dass SARS-CoV-2 in Wildtieren identifiziert werden konnte.

### **Was es mit dem Spike-Protein und RaTG13 auf sich hat**

Forscher haben in Fledermäusen mehrere enge Verwandte von SARS-CoV-2 gefunden, aber diese Viren enthalten nicht das Spike-Protein, das es SARS-CoV-2 ermöglicht, Menschen zu infizieren. Dieses Spike-Protein ist einzigartig und unterscheidet sich von Spike-Proteinen anderer Coronaviren. Es wurde bislang in keinem einzigen anderen Coronavirus nachgewiesen, auch nicht in RaTG13.

Das Virus, bei dem ein Abschnitt des Spike-Proteins die größte Übereinstimmung mit einem Abschnitt von SARS-CoV-2 aufweist, entdeckten Forscher in einem Malaien-Schuppentier. Das Tier gehörte zu einer Gruppe von 25 Schuppentieren, die der Zoll an der chinesischen Grenze konfiszierte.<sup>4</sup> Abgesehen von diesem Abschnitt unterscheidet sich das restliche Schuppentiervirus allerdings doch sehr von SARS-CoV-2.

Mehrere Forscher haben erklärt, bei SARS-CoV-2 handele es sich um eine genetische Rekombination aus Teilen des Spike-Proteins vom Coronavirus aus dem Malaien-Schuppentier mit RaTG13.<sup>5</sup>

Dass eine Rekombination dieser beiden Viren in der freien Wildbahn auf natürliche Weise zustande gekommen ist, ist unwahrscheinlich. Das infizierte Malaien-Schuppentier wurde außerhalb von China gefangen, vermutlich Tausende Kilometer von Yunnan entfernt, von wo der bislang einzige nachgewiesene Fund des Fledermausvirus RaTG13 stammt.

Von 25 Malaien-Schuppentieren trug nur ein einziges Exemplar dieses Virus in sich. Das zeigt, dass es nicht gängig ist und bei Schuppentieren nicht zu weitverbreiteten Infektionen führt. RaTG13 haben die Forscher bislang in einigen wenigen Fledermäusen an einem Ort in Yunnan entdeckt, nirgendwo sonst auf der Welt. Es ist höchst unwahrscheinlich, dass ein extrem seltenes Virus, das aus einem isolierten Gebiet in Yunnan stammt, Schuppentiere infiziert, die man außerhalb Chinas gefangen hat, und bei diesen Tieren zu Mutationen führte.

Woher hat SARS-CoV-2 dieses einzigartige Spike-Protein? Der Theorie, nach der sich diese beiden Viren auf natürlichem Weg verbanden, fehlt es an Glaubwürdigkeit, wenn man berücksichtigt, dass sie nach unserem Kenntnisstand viele Tausend Kilometer entfernt voneinander auftreten. Die Theorie mag populär sein, aber es gibt nichts, was sie bestätigen könnte.

### **Künstliche Monsterviren oder das Spiel mit dem Feuer**

Das Institut für Virologie Wuhan (Wuhan Institute of Virology) beherbergt die weltweit größte Sammlung von Fledermaus-Coronaviren, auch RaTG13 findet sich dort. Die Fachleute am Institut sind auf Gain-of-Function-Forschung spezialisiert. Dabei geht es unter anderem darum, Viren, Bakterien und andere Mikroorganismen so mutieren zu lassen, dass sie infektiöser sind und Krankheiten besser übertragen.

Dafür nimmt man beispielsweise ein normalerweise harmloses Virus und manipuliert es so, dass es andere Spezies befällt und krank werden lässt. Oder man nimmt eine ohnehin für den Menschen tödliche Krankheit, etwa den Erreger der Spanischen Grippe oder der Pest, und macht sie noch tödlicher.

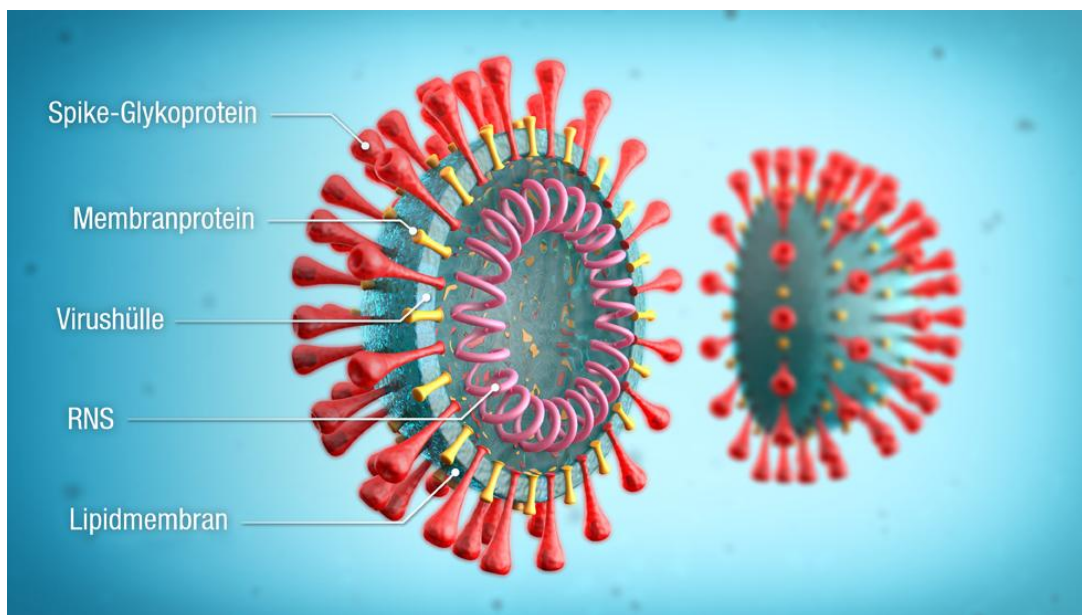
Die Wissenschaft ist gespalten, was derartige Forschungsarbeit angeht. Viele Forscher warnen, dass es zu einer globalen Pandemie kommen könnte, sollte einer dieser verstärkten Krankheitserreger aus dem Labor entkommen. Die Gain-of-Function-Gemeinde bestreitet, dass diese tödlichen Organismen entkommen können. Ihrer Auffassung nach ist ihre Forschung unerlässlich, um Medikamente und Impfstoffe herstellen zu können, die uns vor Pandemien schützen.

Nach 30 Jahren Forschungsarbeit spricht sehr wenig Greifbares für die Nützlichkeit der Gain-of-Function-Experimente – und es gibt viele Beispiele, in denen diese tödlichen Organismen aus Laboren rund um den Globus entweichen konnten ... auch in China. Bei der Bekämpfung der COVID-19-Pandemie geholfen hat die Gain-of-Function-Gemeinde bislang jedenfalls nicht.

### **Studien zur Gain-of-Function-Forschung am Wuhan Institute of Virology**

Seit 2007 betreiben Wissenschaftler am Virologischen Institut Wuhan Gain-of-Function-Forschung mit Fledermaus-Coronaviren. In mehreren wissenschaftlichen Arbeiten haben sie geschildert, wie sie harmlose Coronaviren so verändert haben, dass sie jetzt Menschen infizieren können. Sie haben Teile von zwei unterschiedlichen Viren genommen und daraus neue Viren erschaffen. Zwei bemerkenswerte Studien dazu erschienen 2015 und 2017.

2015 veröffentlichten Shi Zhengli vom Institut für Virologie Wuhan und Forscher anderer Universitäten und Forschungseinrichtungen in den USA und der Schweiz eine Arbeit, in der sie darlegen, wie sie das SARS-Coronavirus durch genetische Veränderungen in ein gefährliches neues synthetisches Virus verwandelt haben.



Das Spike-Protein sitzt am Ende des »Stachels« (englisch *spike*) des Coronavirus. Dieser Stachel koppelt sich an eine Zelle an, und das Protein erlaubt es dem Virus, die Zelle zu infizieren.

[©Liam – stock.adobe.com](https://www.adobe.com/stock/iam)

Dazu haben sie von einem Virus, das Shi Zhengli aus 2011 in Yunnan gefundenen Fledermäusen isolierte, den Gencode für Teile des Spike-Proteins genommen und in das SARS-Coronavirus eingebaut (also das Virus, das 2002/03 die ursprüngliche SARS-Epidemie verursachte).<sup>6</sup>

Das Spike-Protein sitzt an der Spitze des »Stachels« (englisch *spike*) eines Coronavirus. Mithilfe dieses Proteins koppelt sich das Virus an spezielle Rezeptoren der Zellen an, um sie dann zu infizieren. Jede Tierspezies verfügt über einzigartige Rezeptoren, was bedeutet, das Virus muss ein passgenaues Spike-Protein vorweisen können, um an den jeweiligen Rezeptor ankoppeln zu können. Es ist ein System wie mit Schloss und Schlüssel. Das Spike-Protein ist der Schlüssel, der Rezeptor das Schlüsselloch. Ein falscher Schlüssel wird das Schloss nicht öffnen.

Die meisten Coronavirus-Spike-Proteine, die man bei Tieren findet, infizieren Menschen nicht, denn die Spike-Proteine weisen den falschen Schlüssel für die Zellrezeptoren auf. Coronaviren von Tieren können Menschen nur dann infizieren, wenn der »Schlüssel« (die Spike-Proteine) des Virus so modifiziert ist, dass er zum »Schloss« (den Zellrezeptoren) der menschlichen Zellen passt.

Derartige Mutationen können durchaus auf natürlichem Weg auftreten, doch das geschieht zumeist nur sehr langsam und über viele Jahrzehnte hinweg. Andererseits nehmen Wissenschaftler in Laboren rund um den Globus Spike-Proteine, beispielsweise im Rahmen von Gain-of-Function-Forschung, und rüsten sie so auf, dass sie deutlich schneller und deutlich häufiger mutieren, als es auf natürlichem Weg der Fall wäre.

Das ist einer der Punkte, mit dem die Gain-of-Function-Forschung gerechtfertigt wird: Forscher lassen die Organismen schneller und häufiger als in der Natur mutieren, um Krankheitserreger so besser studieren zu können.

Das synthetische Coronavirus, das Shi Zhengli vom Institut für Virologie Wuhan und andere Wissenschaftler 2015 erschufen, war genetisch so modifiziert worden, dass es an die ACE2-Rezeptoren des Menschen ankoppelt – an genau die Rezeptorzellen, über die SARS-CoV-2 einfällt und COVID-19 auslöst.

### **Internationale Zusammenarbeit in der Gain-of-Function-Forschung**

Beteiligt an diesem gefährlichen neuen, genetisch manipulierten Virus waren US-amerikanische Forscher der Universität North Carolina, der Harvard Medical School, des National Center for Toxicological Research und der Food & Drug Administration in Arkansas sowie Wissenschaftler des Schweizer Instituts für Biomedizinische Forschung in Bellinzona und des Instituts für Virologie Wuhan. Sie kooperierten und veröffentlichten anschließend gemeinsam die Erkenntnisse ihrer Arbeit.

Das zeigt, dass diese gefährlichen genmanipulierten Viren rund um den Globus in vielen Laboren entstehen, auch in Wuhan.

2017 erklärten Shi Zhengli und andere Forscher des Instituts für Virologie Wuhan (Wuhan Institute of Virology) und der New Yorker EcoHealth Alliance in einer Veröffentlichung, wie sie die Spike-Proteine von acht Fledermaus-Coronaviren genetisch verändert haben. Dazu schnitten sie genetisches Material anderer Coronaviren aus und fügten es neu ein, sodass die Viren an den menschlichen ACE2-Rezeptor ankoppeln konnten. Das ist derselbe Rezeptor, über den SARS-CoV-2 COVID-19 verursacht.<sup>7</sup>



Im Nachrichtenmagazin *Newsweek* heißt es, die amerikanische Gesundheitsbehörde National Institutes of Health (NIH) habe EcoHealth Alliance extra für diese Forschungsarbeiten gegründet.<sup>8</sup>

Die 2015 und 2017 veröffentlichten Arbeiten zeigen ganz deutlich, dass Forscher vom Institut für Virologie Wuhan in Zusammenarbeit mit Wissenschaftlern aus den USA und anderen Nationen bei unterschiedlichen Arten von Coronaviren die Spike-Proteine genetisch verändert haben. Sie haben aus anderen Coronaviren Genmaterial ausgeschnitten und hinzugefügt und auf diese Weise dafür gesorgt, dass ansonsten harmlose Viren nunmehr Menschen befallen können.

### **Könnte SARS-CoV-2 aus dem Labor in Wuhan entwichen sein?**

Es gibt zahlreiche Fälle, in denen tödliche Krankheiten aus Laboren entwichen. Ein im Magazin *Science* erschienener Artikel führt viele Beispiele auf und zeigt, dass es nur an glücklichen Fügungen lag, dass die Erreger bislang noch keine schwere globale Pandemie ausgelöst haben.<sup>9</sup>

Als eine Delegation des US-amerikanischen Außenministeriums 2018 das Institut für Virologie Wuhan besuchte, stellte sie fest, dass die Sicherheitsmaßnahmen sehr schlecht waren. In einem Telegramm nach Washington drückten die Beamten ihre Bedenken aus, dass ein gefährliches Coronavirus entweichen könnte.

Am 14. April 2020 schrieb der Kolumnist Josh Rogin in der *Washington Post*: »Das erste Telegramm, das mir vorliegt, warnte auch, dass die im Labor betriebene Forschung an Fledermaus-Coronaviren und die mögliche Übertragung auf den Menschen ein Risiko darstelle, eine neue, SARS-ähnliche Pandemie auszulösen.«

Weiter schrieb er, dem neuen Labor mangle es den Beamten zufolge »ernstlich an ausreichend ausgebildeten Technikern und Wissenschaftlern, die einen sicheren Betrieb dieses Hochsicherheitslabors gewährleisten könnten«.<sup>10</sup>

Trotz aller Bedenken empfahl die US-amerikanische Gesundheitsbehörde National Institutes of Allergies and Infectious Diseases (NIAID), die rund um die Welt biomedizinische Forschung finanziell fördert, die USA sollten das Institut für Virologie Wuhan weiter finanziell unterstützen. Die Gelder wären Teil eines Zuschusses gewesen, den einige Einrichtungen zur Forschung an Fledermaus-Coronaviren erhalten sollten. Doch die Mittel wurden gestrichen, und das Labor in Wuhan erhielt keine Förderung.<sup>11</sup>

### **Eine Zusammenfassung**

Wie gesagt gibt es keinerlei Beweise dafür, dass der COVID-19-Erreger SARS-CoV-2 seinen Ursprung in Wildtieren oder auf dem Huanan-Markt für Meeresfrüchte hatte. Die Fakten zeigen, dass sich SARS-CoV-2 in Wuhan mehr als 9 Tage lang ausbreiten konnte, bevor der erste Fall einer Person bekannt wurde, die sich auf dem Markt aufgehalten hatte. SARS-CoV-2 ist weder in Wildtieren noch in Nutztieren gefunden worden.

Es gibt klare Belege dafür, dass es sich bei dem Virus um das Ergebnis einer Rekombination zweier Viren handelt. Die Fakten lassen es ausgesprochen unwahrscheinlich erscheinen, dass diese Rekombination auf natürlichem Wege abgelaufen ist, denn die beiden Wirtsspezies treten geografisch getrennt auf, möglicherweise Tausende Kilometer voneinander entfernt.



Es gibt klare Belege dafür, dass der nächste Verwandte von SARS-CoV-2 RaTG13 ist und dass dieses Virus im Institut für Virologie Wuhan gelagert wurde. SARS-CoV-2 besteht zu weiten Teilen aus RaTG13, aber das Spike-Protein von RaTG13 wurde mit einem Abschnitt eines Virus modifiziert, das Forscher in einem Malaien-Schuppentier entdeckten. Dieses modifizierte Spike-Protein verleiht SARS-CoV-2 die Fähigkeit, sich an die ACE2-Rezeptoren im menschlichen Körper zu binden und den Menschen zu infizieren.

Es gibt klare Belege dafür, dass das Institut für Virologie Wuhan Gain-of-Function-Forschung betrieb und dabei unterschiedliche Fledermaus-Coronaviren und andere Coronaviren neu kombinierte. Die Wissenschaftler veränderten das Spike-Protein genetisch so, dass das Virus den Menschen befallen kann.

Es gibt klare Belege dafür, dass die Sicherheitsmaßnahmen des Instituts für Virologie Wuhan ungenügend waren und ordnungsgemäß ausgebildetes Personal fehlte. Dies kann durchaus dazu geführt haben, dass eines der vielen gefährlichen, genetisch veränderten Fledermaus-Coronaviren entwichen ist und eine globale Pandemie auslöste.

Die Belege zeigen, dass die chinesische Regierung ständig gelogen hat, was die Ursachen dieser Pandemie angeht, und dass sie eine Ausbreitung zuließ. Sie hat verhindert, dass sich unabhängige Forscher im Institut für Virologie Wuhan umsehen und den Ereignissen auf den Grund gehen können. Sie unterdrückt weiterhin sämtliche unabhängigen Nachforschungen, ließ Wissenschaftler und wissenschaftliche Arbeiten verschwinden und machte andere mundtot. Das sind klare Belege für eine groß angelegte Vertuschungsaktion. Aber was genau versuchen die Chinesen zu vertuschen?

Geht man von den vorliegenden Fakten aus, wäre eine logische Schlussfolgerung die, dass SARS-CoV-2 ein Produkt von Gain-of-Function-Forschung im Institut für Virologie Wuhan ist und dass es aufgrund von mangelhaften Sicherheitsvorkehrungen entweichen konnte.

### **Wäre ein Verbot für Gain-of-Function-Forschung nicht die logische Folge?**

Die Forscher und Organisationen, die Gain-of-Function-Forschung betreiben, igeln sich ein und versuchen zu verhindern, dass diese Information an die Öffentlichkeit gelangt. Zu diesem Kreis gehören Anthony Fauci, der durch die NIH die Gain-of-Function-Forschung mit Millionenbeträgen gefördert hat, und viele andere Organisationen aus den USA und anderen Ländern, die bis zum heutigen Tag das Institut für Virologie Wuhan (Wuhan Institute of Virology) finanzieren, genauso wie andere Labore, die derart gefährliche Forschung betreiben.

Diese Gruppen erklären, bei SARS-CoV-2 handele es sich um eine natürliche Mutation. Sie wissen, wenn die Fakten als Licht kommen, schließt man ihnen die Labore und verbietet die Experimente, um derartige Unfälle in Zukunft zu verhindern. Glücklicherweise sind viele Wissenschaftler besorgt, was die Gain-of-Function-Forschung angeht, sodass wir damit rechnen können, dass weitere handfeste Fakten zum Ursprung dieser Pandemie bekannt werden und wir als Gesellschaft verhindern können, dass etwas Derartiges jemals wieder geschieht.

Es ist an der Zeit, alle Gain-of-Function-Forschung zu verbieten. Diese Wissenschaftler erschaffen tödliche Frankenstein-Monster, die, wenn sie entweichen, verheerende Folgen haben können. Es

sind Frankenstein-Viren, denn diese mörderischen Monster können Millionen Menschen töten, Volkswirtschaften große Schäden zufügen und viele Menschen um ihren Lebensunterhalt bringen.

Nur wenig spricht dafür, dass die Gain-of-Function-Forschung irgendeinen Nutzen hat, und die aktuelle COVID-19-Pandemie zeigt ganz deutlich, dass diese Forschung zu gefährlich ist. Und wenn man bedenkt, dass in diesen Laboren noch tödlichere Organismen lauern, kann es durchaus sein, dass der nächste Ausbruch noch gravierendere Folgen für uns hat. Wir müssen dem einen Riegel vorschieben. Jetzt.

Dieser Artikel erschien erstmal am 26. Mai 2020 auf [Mercola.com](https://www.mercola.com).

#### **Quellen & weiterführende Informationen**

1. [Lancet 2020; 395: 497–506](#)
2. [Chanworld.org. »The possible origins of 2019-nCoV coronavirus«, Februar 2020](#)
3. [Nature. 12. März 2020; 579: 270-273](#)
4. [bioRxiv. 20. Februar 2020](#)
5. [bioRxiv. 13. Februar 2020](#)
6. [Nature Medicine. Dezember 2015; 21: 1508-1513](#)
7. [PLoS Pathogens. 30. November 2017; 13\(11\): e1006698](#)
8. [Newsweek. 28. April 2020](#)
9. [Science. 28. September 2007; 317\(5846\): 1852–1854. doi:10.1126/science.317.5846.1852](#)
10. [Washington Post. 14. April 2020](#)
11. [Washington Post. 12. Mai 2020](#)