

Plötzliche Militarisierung von Wuhans P4-Labor wirft neue Fragen über den Ursprung des tödlichen Covid-19-Virus auf



Die gemeldete

Militarisierung von Wuhans P4-Labor hat neue Fragen über die Herkunft des Covid-19-Virus und die offensichtliche Vertuschung, die seit der ersten Veröffentlichung stattgefunden hat, aufgeworfen.

Nach der gestrigen Absetzung der höchsten Gesundheitsbeamten in Wuhan haben die chinesischen Staatsmedien gerade berichtet, dass Chen Wei, Chinas wichtigster Experte für die Verteidigung gegen biochemische Waffen, nun in Wuhan stationiert werden soll, um die Bemühungen zur Überwindung des tödlichen, Erregers anzuführen.

Dem Bericht des PLA Daily zufolge hat Chen Wei den Rang eines Generalmajors inne, und im Zusammenhang mit den Berichten, dass chinesische Truppen Unterstützung leisten, deutet dies stark darauf hin, dass die PLA die Kontrolle über die Situation übernommen hat.

Wie die Epoch Times berichtet, waren der militärische Rang und die Spezialisierung von Chen vor diesem letzten Bericht nicht öffentlich bekannt. Am 30. Januar wurde sie erstmals von der staatlichen China Science Daily interviewt. In einem zweiten Interview am nächsten Tag sagte sie voraus, dass der Ausbruch in Wuhan in den nächsten Tagen nachlassen würde, sich aber auch wieder verschlimmern könnte...

"Wir müssen uns auf den schlimmsten Fall vorbereiten, die besten Lösungen finden und bereit sein einen langen Kampf zu führen", sagte sie.

Inmitten der ständigen Propaganda von KPCh-Beamten und der weit verbreiteten Zensur haben sich viele, wie auch der [US-Senator Tom Cotton - gefragt, ob das Virus biotechnisch hergestellt wurde und aus dem Labor \(das sich zufällig im Epizentrum des Virus befindet\) "durchgesickert" ist.](#)

Die Militarisierung und das Heranziehen von Chinas führendem Biowaffenexperten wirft erneut die Frage auf, ob der Wuhan-Stamm des Coronavirus (Covid-19) das Ergebnis von natürlich auftretenden Mutationen ist und ob es sich nicht vielleicht um einen biotechnologisch hergestellten Stamm handelt, der für defensive Immuntherapieprotokolle

bestimmt ist und der dann höchstwahrscheinlich aus Versehen in die Öffentlichkeit gelangt ist.

Ein neuer Bericht der in Zusammenarbeit zwischen einem pensionierten Wissenschaftler mit 30 Jahren Erfahrung in der genomischen Sequenzierung, so wie einem ehemaligen NSA-Analytiker für die Terrorismusbekämpfung, legt nahe, dass dieser mögliche Fehler aufgrund von Fristen vor dem bevorstehenden chinesischen Neujahrsfest überstürzt wurde. Auch die [John Hopkins Veranstaltung 201](#) könnte dazu beigetragen haben das die Tests nicht im üblicher Sorgfalt bearbeitet wurden da man die Tests schnell beendet haben wollt. der Zeitpunkt dieser Ereignisse deutet auf ein verstärktes menschliches Versagen hin und nicht auf eine Verschwörung.

In Peking ist in den letzten Jahren viermal das SARS-Virus versehentlich ausgetreten, so dass es absolut keinen Grund gibt, anzunehmen, dass dieser Coronavirusstamm aus Wuhan nicht auch versehentlich ausgetreten ist.

Der Ausbruch der angeblich Ende Dezember begann und die Tatsache, dass dieser als Covid-19 bezeichnete Wuhan-Coronavirusstamm in unmittelbarer Nähe des einzigen BSL-4-Virologielabors in China, das sich heute in Wuhan befindet, aufgetaucht ist und dieses Labor wiederum mit mindestens zwei chinesischen Wissenschaftlern besetzt war - Zhengli Shi und Xing-Yi Ge (beides Virologen, die zuvor in einem amerikanischen Labor gearbeitet hatten, das bereits einen unglaublich virulenten Fledermaus-Coronavirusstamm biotechnisch hergestellt hatte) , kann die versehentliche Freisetzung eines biotechnisch hergestellten Virus, das für die Forschung im Bereich der defensiven Immuntherapie bestimmt ist, aus dem virologischen Labor von Wuhan nicht automatisch ausgeschlossen werden, insbesondere wenn man die unnatürlichen genomischen Signale des Wuhan-Stamms berücksichtigt.

Zhengli Shi war 2015 Mitverfasser eines kontroversen Papiers, in dem die Entstehung eines neuen Virus durch die Kombination eines Coronavirus, das in chinesischen "Horseshoe-Fledermäuse" gefunden wurde, mit einem anderen Virus beschrieben wird, das bei Mäusen das humanähnliche schwere akute Atemwegssyndrom (SARS) verursacht.

SARS-like cluster of circulating bat coronavirus pose threat for human emergence

[Vineet D. Menachery](#)¹ [Boyd L. Yount, Jr.](#)¹ [Kari Debbink](#)^{1,2} [Sudhakar Agnihotram](#)³ [Lisa E. Gralinski](#)¹ [Jessica A. Plante](#)¹ [Rachel L. Graham](#)¹ [Trevor Scobey](#)¹ [Xing-Yi Ge](#)⁸ [Eric F. Donaldson](#)¹ [Scott H. Randell](#)^{4,5} [Antonio Lanzavecchia](#)⁶ [Wayne A. Marasco](#) [Zhengli-Li Shi](#)⁸ and [Ralph S. Baric](#)^{1,2}

Abstract

Go to: 

The emergence of Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus (SARS-CoV) and Middle East Respiratory Syndrome (MERS)-CoV underscores the threat of cross-species transmission events leading to outbreaks in humans. In this study, we examine the disease potential for SARS-like CoVs currently circulating in Chinese horseshoe bat populations. Utilizing the SARS-CoV infectious clone, we generated and characterized a chimeric virus expressing the spike of bat coronavirus SHC014 in a mouse adapted SARS-CoV backbone. The results indicate that group 2b viruses encoding the SHC014 spike in a wild type backbone can efficiently utilize multiple ACE2 receptor orthologs, replicate efficiently in primary human airway cells, and achieve *in vitro* titers equivalent to epidemic strains of SARS-CoV. Additionally, *in vivo* experiments demonstrate replication of the chimeric virus in mouse lung with notable pathogenesis. Evaluation of available SARS-based immune-therapeutic and prophylactic modalities revealed poor efficacy; both monoclonal antibody and vaccine approaches failed to neutralize and protect from CoVs utilizing the novel spike protein. Importantly, based on these findings, we synthetically rederived an infectious full length SHC014 recombinant virus and demonstrate robust viral replication both *in vitro* and *in vivo*. Together, the work highlights a continued risk of SARS-CoV reemergence from viruses currently circulating in bat populations.

Diese Forschung löste seinerzeit eine große Debatte darüber aus, ob technische Laborvarianten von Viren mit möglichem Pandemiepotenzial die Risiken wert sind.

Wie [Nature.com im Jahr 2015 berichtete](#), verstärken die Ergebnisse den Verdacht, dass Fledermaus-Coronaviren, die in der Lage sind, den Menschen direkt zu infizieren (und sich nicht erst in einem tierischen Zwischenwirt entwickeln müssen), häufiger vorkommen könnten als bisher angenommen, sagen die Forscher.

Andere Virologen stellen jedoch in Frage, ob die aus dem Experiment gewonnenen Informationen das potenzielle Risiko rechtfertigen. Obwohl das Ausmaß eines Risikos schwer einzuschätzen ist, weist Simon Wain-Hobson, ein Virologe am Institut Pasteur in Paris, darauf hin, dass die Forscher ein neuartiges Virus geschaffen haben, das in menschlichen Zellen "bemerkenswert gut wächst".

"Wenn das Virus entweichen würde, könnte niemand die Flugbahn vorhersagen", sagt er.

Im Oktober 2014 verhängte die US-Regierung ein Moratorium für die Bundesfinanzierung solcher Forschungen über die Viren, die SARS, Grippe und MERS (Middle East Respiratory Syndrome, eine tödliche Krankheit, die durch ein Virus verursacht wird, das sporadisch von Kamelen auf Menschen überspringt).

"Die einzige Auswirkung dieser Arbeit ist die Schaffung eines neuen, nicht-natürlichen Risikos in einem Labor", stimmt Richard Ebright, Molekularbiologe und Experte für Bioabwehr an der Rutgers University in Piscataway, New Jersey, zu.

Ebright und sein Co-Autor räumten auch ein, dass die Geldgeber es sich vielleicht zweimal überlegen, ob sie solche Experimente in Zukunft zulassen wollen.

"Wissenschaftliche Überprüfungsgremien könnten ähnliche Studien, die chimäre Viren auf der Grundlage zirkulierender Stämme aufbauen, für zu riskant halten", schreiben sie und fügen hinzu, dass eine Diskussion darüber erforderlich sei, "ob diese Art von Studien über chimäre Viren im Vergleich zu den damit verbundenen Risiken weitere Untersuchungen rechtfertigen".

Zuvor waren die Wissenschaftler auf der Grundlage von molekularen Modellen und anderen Studien der Meinung, dass es nicht in der Lage sein sollte, menschliche Zellen zu infizieren. Die jüngsten Arbeiten zeigen, dass das Virus bereits kritische Barrieren überwunden hat, wie z.B. die Fähigkeit, sich an menschliche Rezeptoren zu heften und menschliche Atemwegszellen effizient zu infizieren, sagt er.

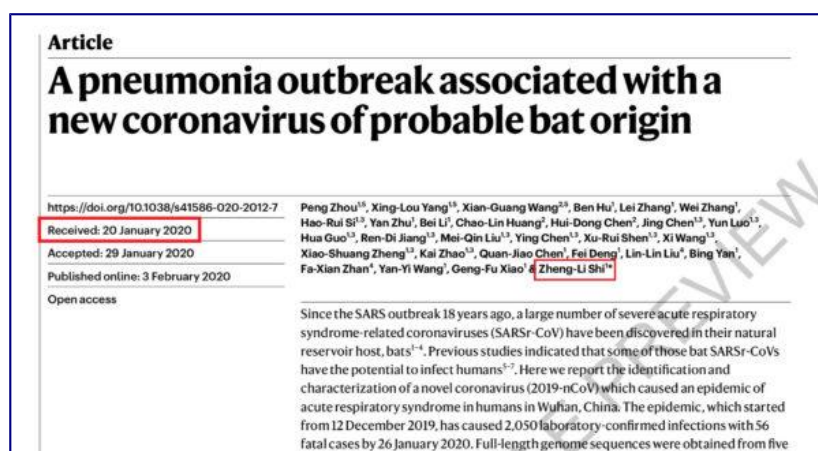
"Ich glaube nicht, dass Sie das ignorieren können."

Eine genetische Analyse der Spike-Protein-Gene - genau die Region, die 2015 vom UNC-Labor bio-engineered wurde, wo Zhengli Shi und Xing-Yi Ge zuvor ein fledermausartiges Coronavirus isolierten, das genau wie dieser 2019-nCoV-Stamm des Coronavirus auf den ACE2-Rezeptor zielt - deutet auf einen künstlichen und unnatürlichen Ursprung der Spike-Protein-Gene des Wuhan-Stamms hin, wenn man sie mit den Genomen wilder Verwandter vergleicht.

Anstatt ähnlich und homolog zu seinen wilden Verwandten zu erscheinen, weist ein wichtiger Abschnitt der Spike-Protein-Region des Wuhan-Stammes die größte genetische Ähnlichkeit mit einer biotechnologisch hergestellten, kommerziell verfügbaren Gensequenz auf, die bei der Immuntherapieforschung helfen soll. Es ist mathematisch möglich, dass dies in der Natur geschieht, aber diese Möglichkeit ist enorm klein.

Im Bericht heißt es dann weiter: ein Wissenschaftler, der sich intensiv mit der Untersuchung der molekularen Interaktion von Coronaviren und der Menschheit beschäftigt und dafür Jahrelang Millionen von Dollar ausgegeben hat, und sogar dabei geholfen haben, ein hypervirulentes Coronavirus von Grund auf bei der UNC zu entwickeln - und zufällig im einzigen BSL-4-Virologielabor in China arbeiten, das zufällig auch im Epizentrum eines Ausbruchs eines Coronavirus arbeitet, das sich der zoologischen Klassifizierung entzieht und dessen neuartige Spike-Proteinregion mehr mit einem kommerziellen genetischen Vektor gemeinsam hat als jeder seiner wilden Verwandten.

Als jedoch in jüngster Zeit eine zunehmende Zahl globaler Experten Chinas ursprüngliche offizielle Geschichte in Frage stellte, dass dies vom Lebensmittelmarkt in Wuhan stamme, schrieb Zhengli Shi eilig einen neuen Bericht, in dem er anstelle der ursprünglichen Ergebnisse behauptete, dass das neuartige Virus von einer Fledermaus in Yunnan, der chinesischen Chrysantheme, stammt. Sie sagte, dies sei eine neue Entdeckung, an der sie mehrere Jahre lang hart gearbeitet habe, und schrieb zufällig nach dem Ausbruch eine Arbeit und veröffentlichte sie in der berühmten internationalen akademischen Zeitschrift Nature.



Die Idee, dass der Wuhan-Stamm biotechnologisch hergestellt wurde, wird durch die Existenz einer Patentanmeldung untermauert, die darauf abzielt, die Spike-Protein-Gene eines Coronavirus zu modulieren - genau die Region, die von Zhengli Shi bei der UNC so verändert wurde, dass ein hypervirulenter Coronavirusstamm entsteht, und deren Veränderung und Anpassung das ungewöhnliche Verhalten des Wuhan-Stammes, wie oben beschrieben, erklären würde.

Angesichts der oben genannten Tatsachen ist auch das nicht der Grund für das ungewöhnliche Verhalten des Wuhan-Stammes:

Ein Coronavirus mutierte also spontan auf einem Markt oder tief in einer beliebigen Fledermaushöhle, die zufällig 20 Meilen von Chinas einzigem BSL-4-Virologielabor entfernt war und sprang dann auf den Menschen über. Ein Virus mit einem ungewöhnlich

schlüpfrigen, nie zuvor gesehenen Genom, das sich der zoologischen Klassifizierung entzieht und dessen Spike-Proteinregion, die es ihm erlaubt, in die Wirtszellen einzudringen wie es am ehesten ein biotechnologisch hergestelltes kommerzielles Produkt macht. Das es dann irgendwie schaffte, ihre ersten drei und etwa ein Drittel ihrer ursprünglichen Opfer anzustecken, obwohl sie nicht mit diesem Markt in Verbindung standen, und dann so auf die Menschen abgestimmt zu sein, dass sie die größte öffentliche Gesundheitskrise in der Geschichte Chinas auslöste, mit fast 100 Millionen Bürgern, die eingesperrt oder unter Quarantäne gestellt wurden.

Oder chinesische Wissenschaftler haben es versäumt, die korrekten Sauberkeitsprotokolle zu befolgen, möglicherweise während der überstürzten Urlaubszeit, was seit der Eröffnung des BSL-4-Labors erwartet worden war und mindestens viermal zuvor passiert ist. Dabei haben sie versehentlich diesen biotechnisch hergestellten Wuhan-Stamm, der wahrscheinlich von Wissenschaftlern, die Immuntherapie-Regime gegen Fledermaus-Coronaviren erforscht wurde und der bereits die Fähigkeit bewiesen hat, jeden notwendigen Schritt für die biotechnische Herstellung des Wuhan-Stamms 2019-nCov durchzuführen - in ihre Bevölkerung und jetzt in die Welt entfliehen lassen. Wie zu erwarten war, scheint dieses Virus an den Spike-Protein-Genen biotechnologisch hergestellt worden zu sein, was bereits bei der UNC getan wurde, um ein außerordentlich virulentes Coronavirus herzustellen. Die Bemühungen der Chinesen, die ganze Geschichte zu stoppen, sind darauf zurückzuführen, dass sie wollen, dass das Ausmaß der Vorkommnisse ausgeglichen ist, da sie nun mit einer schweren Pandemie und einer Entvölkerung konfrontiert sind. Keine Fakten sprechen gegen diese Schlussfolgerung.

Wie Professor Neil Ferguson warnte: "Wir befinden uns in der Frühphase einer globalen Pandemie".

Hoffen wir, dass er sich irrt.

[Sudden Militarization Of Wuhan's P4 Lab Raises New Questions About The Origin Of The Deadly Covid-19 Virus](#)

Übersetzt mit Hilfe von DeepL.com