Grundlegend fehlerhafte COVID-19-'Wissenschaft'

Die Fehlinformation, die die verfassungsmäßigen Freiheiten gesunder/bzw. asymptomatischer Menschen beschneidet

von Dr. Byram W. Bridle, 7. September 2022

Die Verunglimpfung gesunder Menschen, insbesondere von Kindern

In den letzten Jahren wurden offensichtlich gesunde Menschen zu potenziellen asymptomatischen Überträgern einer Krankheit umdefiniert, die bei Hochrisikopersonen tödlich sein kann. Bei der Krankheit handelt es sich um das neuartige Coronavirus, das 2019 erstmals identifiziert wurde (COVID-19). Menschen auf der ganzen Welt sind von der nahezu lähmenden Angst befallen, dass ein Familienmitglied, Freund, Nachbar und/oder Kollege, der keine Anzeichen oder Symptome aufweist, sie durch die Verbreitung des schweren akuten respiratorischen Syndroms - Coronavirus-2 (SARS-CoV-2), dem Erreger von COVID-19, töten kann.

Dieses Paradigma, dass eine Person nicht wissen kann, wer in ihrer Nähe sicher ist, ist die Grundlage für Massensperren, Maskierung und die Einführung von "Impfstoffen", für die die ersten klinischen Versuche noch nicht abgeschlossen sind. Dies hat zu einer massiven Zerrüttung der Beziehungen auf der ganzen Welt geführt. Niemand ist davon verschont geblieben. Familien haben sich entzweit, jahrzehntelange Freundschaften wurden jäh beendet, und Kollegen haben sich verprügelt.

Uns wurde gesagt, dass jeder seinen Teil dazu beitragen müsse, damit die Krankenhäuser nicht überlastet würden. Denjenigen, die sich gesund fühlten, konnte man nicht trauen. Ohne es zu wissen, könnte ein böser Erreger aus ihrem Körper sickern. Gesunde Kinder, deren statistisches Risiko, an COVID-19 zu sterben, gleich Null war, würden mit ziemlicher Sicherheit ihre Großeltern töten, wenn sie nicht eingeschlossen, maskiert und "geimpft" würden. Diejenigen, die sich gegen die Abriegelung, Maskierung und Verabreichung sogenannter Impfstoffe wehrten, die weder die Krankheit noch die Übertragung des Erregers verhindern konnten, wurden wie gefühllose Schurken behandelt, die eine Ausgrenzung verdienen. Erinnern Sie sich an diese Titelseite einer der bekanntesten kanadischen Zeitungen vom 26. August 2021?...

TORONTO STAR

WEATHER HIGH 33 C | CHANCE OF THUNDERSTORMS | MAP A22

THURSDAY, AUGUST 26, 2021

If an unvaccinated person catches it from someone who is vaccinated, boohoo, too bad. I have no empathy left for the wilfully unvaccinated. Let them die. I honestly don't care if they die from COVID. Not even a little bit. Unvaccinated patients do not deserve ICU beds. At this point, who

Simmering divide over who isn't vaccinated

It's a polarizing debate, but patience and understanding for those not getting shots is in short supply as we all look to heal from pandemic

No jab could mean no job for Air Canada employees

Workers without valid reason for an exemption have until Oct. 30 to be vaccinated

KARON LIU AND SIMRAN SINGH

Der kanadische Premierminister Justin Trudeau ist ein klassisches Beispiel für eine Führungspersönlichkeit, die diese Art von Hass und Spaltung in seinem eigenen Land energisch gefördert hat.

... JEDER AUF DER WELT MUSS VERSTEHEN, DASS DIESER HASS VON WISSENSCHAFTLICHEN DATEN AUSGELÖST UND ANGETRIEBEN WIRD, DIE FATAL FEHLERHAFT SIND UND SICH TROTZDEM LAWINENARTIG VERBREITEN!

Wie konnte es also dazu kommen, dass wir mit unserer Reaktion auf COVID-19 so weit vom Weg abgekommen sind?
Warum werden zukünftige Geschichtsbücher, wenn sie korrekt sind, dies als die am schlechtesten gemanagte Krise unserer Zeit dokumentieren?

Die Hauptschuld liegt bei der wissenschaftlichen und medizinischen Gemeinschaft, die es zulässt, dass ein sehr eleganter wissenschaftlicher Test chronisch missbraucht wird. Dieser Test ist als "reverse Transkriptase-Polymerase-Kettenreaktion" (RT-PCR) bekannt.

Haben wir uns an die Wissenschaft gehalten?

Vor Gericht habe ich oft Richter erlebt, die sich über die scheinbaren Widersprüche in den von verschiedenen Sachverständigen vorgelegten wissenschaftlichen Beweisen wunderten. Diese Richter fragen sich oft, wie Wissenschaftler dieselben Daten so unterschiedlich interpretieren können. Was die wissenschaftliche Grundlage von COVID-19 betrifft, so lassen sich die veröffentlichten Arbeiten in zwei Kategorien einteilen:

1. Diejenigen, die vertrauenswürdig sind, weil sie auf soliden wissenschaftlichen Methoden beruhen.
2. Diejenigen, die nicht vertrauenswürdig sind, weil sie auf mangelhaften wissenschaftlichen Methoden beruhen.

In den letzten Jahren ist die Wissenschaft in der zweiten Kategorie sehr umfangreich geworden und hat in hohem Maße zur Begründung deS so genannten vorherrschenden "COVID-19-Narrativs" beigetragen. Das Problem ist, dass die Wissenschaft in Feld 2 nicht richtig interpretiert werden kann, weil sie auf einer grundlegend fehlerhaften Grundlage beruht. Zu viele Wissenschaftler haben es versäumt, die Methoden, mit denen die frühen COVID-19-Daten gewonnen wurden, kritisch zu bewerten. Dies hat dazu geführt, dass dieser Wissenschaftsschrott außer Kontrolle geraten ist. Der RT-PCR-Test ist das Kernstück dieses Problems.

Das auf Sand gebaute Haus muss abgerissen werden

Geht man zurück zur Geburtsstunde der COVID-19-Wissenschaft und bewertet sie kritisch, sticht der Missbrauch des RT-PCR-Tests als grundlegender Fehler hervor, der zu einer erheblichen Überschätzung der Zahl der COVID-19-Fälle und zur fälschlichen Bezeichnung gesunder Menschen als „asymptomatische Überträger einer tödlichen Krankheit“ geführt hat. Die einzige Möglichkeit, den Kurs zu korrigieren und die Lawine der fehlerhaften COVID-19-Wissenschaft zu stoppen, besteht darin, festzustellen, welchen Arbeiten man vertrauen kann und welchen nicht. Wichtig ist, dass die Herausgeber wissenschaftlicher Zeitschriften keine weiteren COVID-19-"Fakten" zur Veröffentlichung zulassen dürfen, solange die Autoren nicht eindeutig nachgewiesen haben, dass ihre Daten auf ordnungsgemäß angewandten Methoden beruhen. Vor allem müssen die Autoren nachweisen, dass ihre Forschungsmethoden angemessen kalibriert wurden, so dass ihre Schlussfolgerungen gerechtfertigt sind.

Der Missbrauch einer eleganten wissenschaftlichen Technik hat die COVID-19-Wissenschaft von Anfang an belastet

Um das Ausmaß eines Ausbruchs einer Infektionskrankheit richtig einschätzen zu können, muss man sie zunächst genau diagnostizieren. Krankheiten werden in erster Linie auf der Grundlage von zwei Dingen diagnostiziert:

1. Der genaue Nachweis eines Erregers mit Hilfe eines Labortests.
2. Feststellung von Anzeichen und/oder Symptomen, die auf die Krankheit hindeuten, was in der Regel von einem Arzt durchgeführt wird.

Symptome sind Aspekte einer Krankheit, die eine Person wahrnimmt, die aber von einem Beobachter nicht ohne weiteres beurteilt werden können. Beispiele sind allgemeines Unwohlsein, Schmerzen und Appetitlosigkeit. Im Gegensatz dazu können Krankheitsanzeichen objektiv von anderen beobachtet und dokumentiert werden, z. B. Husten, Niesen oder Fieber, das mit einem

Thermometer gemessen werden kann. Oft gehen die Symptome den Krankheitsanzeichen voraus. Wenn es darum geht zu definieren, was es bedeutet, "symptomlos" zu sein, gibt es drei relevante Szenarien:

1. **Eine Person, die nicht mit einem Krankheitserreger infiziert ist, ist nie dem Risiko ausgesetzt, die mit diesem Erreger verbundene Krankheit zu entwickeln.** Es handelt sich um gesunde Personen, die asymptomatisch sind, weil sie nicht infiziert wurden. Sie können andere nicht anstecken.

2. **Eine Person kann mit einem potenziellen Krankheitserreger infiziert sein, aber nie Symptome einer Krankheit entwickeln, weil der Erreger im Körper keinen wesentlichen Schaden anrichtet.** In vielen Fällen kann dies darauf zurückzuführen sein, dass das Immunsystem schnell und wirksam reagieren kann. Es gibt auch Beispiele dafür, dass sich Menschen mit SARS-CoV-2 infiziert haben, aber offenbar nie Symptome oder Anzeichen von COVID-19 entwickelt haben. Eine Infektion führt nicht immer zu einer Krankheit. So leben beispielsweise Milliarden von Mikroben, darunter viele Bakterien und Viren, auf und in unserem Körper, ohne uns zu schaden. Sie sind in unseren Körper eingedrungen, verursachen aber keine Krankheit, auch wenn einige von ihnen bei anderen Menschen oder sogar bei uns selbst schwere Krankheiten verursachen können, wenn sie an einen ungeeigneten physiologischen Ort gelangen (z. B. einige Fäkalbakterien, die über den Mund in den Körper gelangen). Infizierte, aber asymptomatische (krankheitsfreie) Menschen sind ebenfalls gesund (d. h. sie sind in ihrer Fähigkeit, ihren täglichen Aktivitäten nachzugehen, nicht beeinträchtigt).

3. **Menschen, die sich infizieren und dann erkranken, haben immer einen Zeitraum dazwischen, in dem sie "asymptomatisch" sind**. Technisch gesehen werden diese Personen, die schließlich krank werden, als "präsymptomatisch" bezeichnet. Ob eine Person wirklich asymptomatisch oder präsymptomatisch ist, weiß man erst, wenn die typische Inkubationszeit für einen Krankheitserreger verstrichen ist; das ist die Zeit, die von der Infektion bis zum Auftreten von Symptomen bei einer empfänglichen Person vergeht. Eine infizierte und symptomatische Person kann den Erreger der Krankheit auf andere übertragen.

Wenn Menschen mit COVID-19 infiziert sind, treten offensichtliche Symptome auf, und in der Regel werden auch Anzeichen sichtbar. Dies ist das Szenario, das während der erklärten COVID-19-Pandemie leicht zu handhaben war. Die Erkrankten wurden gebeten, zu Hause zu bleiben. Aus sozialhygienischer Sicht bin ich der Meinung, dass dies für alle Infektionskrankheiten, mit denen wir leben, empfohlen werden sollte. Dies würde die mit Infektionskrankheiten verbundene Morbidität und Mortalität verringern.

Im Zusammenhang mit COVID-19 beruhen die meisten Maskierungs-, Isolierungs- und Impfmaßnahmen weltweit auf der Annahme, dass die Übertragung von SARS-CoV-2 durch asymptomatische Personen, die vorübergehend infiziert sind, aber nie COVID-19 bekommen, und/oder präsymptomatische Personen effizient vermittelt werden kann. Dies beruht auf der Annahme, dass sich SARS-CoV-2 so weit vermehren kann, dass eine Person, die nicht hustet oder niest, eine Schwellendosis ausstoßen kann, die erforderlich ist, um eine andere Person potenziell zu infizieren. Obwohl dies theoretisch möglich ist und wahrscheinlich nur selten vorkommt, ist es falsch, daraus zu schließen, dass dies alltäglich ist und eine wesentliche Ursache für die Verbreitung von COVID-19 darstellt. Dieses falsche Konzept basiert auf einer Reihe wissenschaftlicher Studien, die sich auf RT-PCR-Tests stützten, die nicht richtig kalibriert waren.

Wie wird ein Fall von COVID-19 definiert?

Fälle von COVID-19 sollten nur wie folgt bestimmt werden:

1. Die Diagnose sollte von einem Arzt gestellt werden.

2. Sie sollte auf dem Vorhandensein von Anzeichen und Symptomen beruhen, die mit der klinischen Definition von COVID-19 übereinstimmen.
3. Das Vorhandensein von Symptomen und/oder Anzeichen sollte durch Laborergebnisse aus ordnungsgemäß kalibrierten Tests gestützt werden, die das Vorhandensein von SARS-CoV-2-Virionen nachweisen. Ein Virion ist ein einzelnes Viruspartikel. Virionen können replikations-kompetent sein; dies sind die einzigen, die potenziell eine andere Person infizieren und eine Krankheit verursachen können. Sie können aber auch nicht replikationsfähig sein, d. h. sie können sich nie auf andere Menschen übertragen und COVID-19 verursachen.

Während der gesamten erklärten Pandemie wurden viele so genannte "Fälle" von COVID-19 fälschlicherweise "diagnostiziert". Vor allem zu Beginn der erklärten Pandemie wurden die Fälle von anderen Personen als Ärzten definiert, es wurde angenommen, dass sie nur auf der Grundlage von Anzeichen und Symptomen oder ausschließlich auf der Grundlage eines positiven Labortestergebnisses auftreten. Letzteres war sehr häufig der Fall. Dies steht im Widerspruch zur Weltgesundheitsorganisation, die darauf hinweist, dass "*die meisten PCR-Tests als Hilfsmittel für die Diagnose angezeigt sind, weshalb die Gesundheitsdienstleister jedes Ergebnis in Kombination mit dem Zeitpunkt der Probenahme, dem Probentyp, den Testspezifika, den klinischen Beobachtungen, der Krankengeschichte, dem bestätigten Status aller Kontaktpersonen und den epidemiologischen Informationen berücksichtigen müssen"*.

Die Kerndefinition und allzu oft auch die einzige Definition von "Fällen" von COVID-19 basiert auf der Verwendung einer Labortestmethode, die als "RT-PCR" bezeichnet wird. Um zu verstehen, wie asymptomatische Menschen fälschlicherweise als signifikante Übertragungsquellen von SARS-CoV-2 eingestuft wurden, muss man zunächst verstehen, wie RT-PCR-Tests auf der ganzen Welt ordnungsgemäß kalibriert worden sein sollten.

Eine Polymerase ist ein Protein, das DNA, also einen genetischen Bauplan, kopieren kann. Die PCR-Methode setzt also voraus, dass dieser genetische Bauplan, die DNA, vorhanden ist, damit sie funktioniert. Wenn die DNA in einer Probe vorhanden ist und ein Wissenschaftler eine Polymerase und einige andere Zutaten hinzufügt und dann die Temperatur variiert, werden neue Kopien von winzigen Teilen der DNA erstellt. Mit jedem "Zyklus", den der PCR-Test durchläuft, werden mehr Kopien dieser Fragmente des genetischen Bauplans hergestellt. Sobald eine bestimmte Anzahl von Kopien in der Probe vorhanden ist, können sie nachgewiesen werden. Stellen Sie sich das Verfahren wie einen Fotokopierer vor. Aus großer Entfernung können Sie vielleicht nicht erkennen, ob eine einzige Kopie einer Seite angefertigt wurde. Wenn Sie jedoch einen Stapel von fünfhundert Seiten auf dem Ausgabefach liegen haben, wissen Sie mit Sicherheit, dass der Kopierer Kopien anfertigt. Kurz gesagt, die PCR ist eine Methode, mit der Wissenschaftler feststellen können, ob ein bestimmter genetischer Bauplan in einer Probe vorhanden ist.

Der genetische Bauplan für SARS-CoV-2 besteht nicht aus DNA. Stattdessen besteht er aus einer verwandten Struktur namens "RNA". Um mit dem PCR-Test festzustellen, ob ein RNA-basiertes Virus in einer Probe vorhanden ist, ist daher zunächst ein zusätzlicher Schritt erforderlich. Konkret wird eine "reverse Transkriptase" verwendet, um die RNA von SARS-CoV-2 in DNA umzuwandeln, von der dann Teile mit dem PCR-Test nachgewiesen werden können. Auf diese Weise wird der RT-PCR-Test zum Nachweis kleiner Teile des genetischen Materials von SARS-CoV-2 verwendet.

Die unsachgemäße Verwendung von RT-PCR-Tests führte zu einer Diskrepanz zwischen Laborstudien und "realen" Daten

Laborstudien legten nahe, dass asymptomatische Personen potenziell infektiöses SARS-CoV-2 ein bis zwei Tage vor dem Auftreten von COVID-19-Symptomen ausscheiden könnten. **Die bisher größte Studie, die unter realen Bedingungen durchgeführt wurde,** untersuchte jedoch die

Prävalenz von SARS-CoV-2 bei ca. 10 Millionen Menschen in Wuhan, China, und **fand keine Hinweise auf eine asymptomatische Übertragung.**

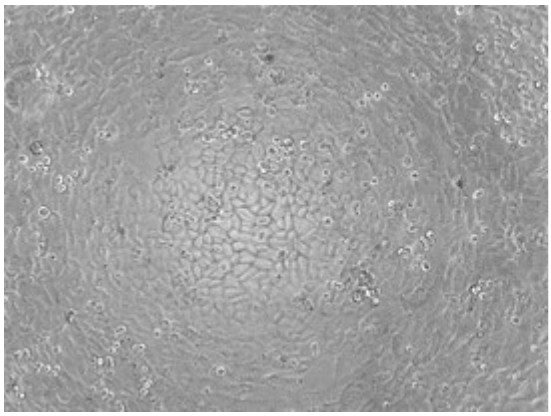
Diese typische Diskrepanz zwischen den Ergebnissen laborgestützter Studien und den Daten aus der "realen Welt" ist darauf zurückzuführen, **dass bei den erstgenannten Experimenten unkalibrierte oder falsch kalibrierte RT-PCR-Tests verwendet wurden.** Ein RT-PCR-Test kann nur feststellen, ob winzige Fragmente des genetischen Materials eines Virus in einer Probe vorhanden sind. Er kann niemals allein feststellen, ob dieses Material von Viruspartikeln stammt, die das Potenzial haben, zu infizieren und Krankheiten zu verursachen, oder von replikationsinkompetenten Virionen oder sogar Teilen davon, die keine Krankheiten verursachen können.

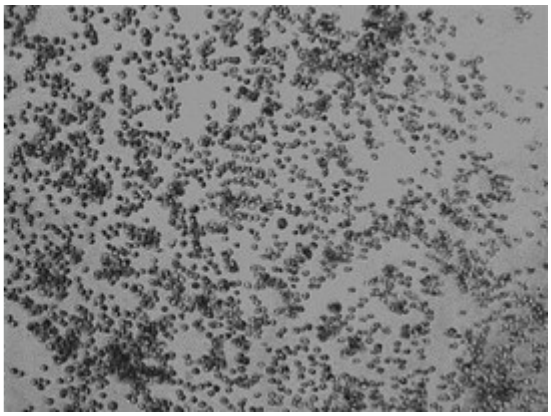
Fehlerhafte RT-PCR-Tests führten zu einer Überdiagnose von COVID-19

Ein positives Ergebnis eines RT-PCR-Tests zum Nachweis von SARS-CoV-2 allein reicht nicht aus, um COVID-19 zu diagnostizieren, und doch ist dies in den meisten Teilen der Welt zur Routine geworden. Neben dem Potenzial für falsch-positive Tests können auch Genome von SARS-CoV-2-Partikeln, die nicht mehr infektiös sind, echte positive Ergebnisse liefern. Ein Beispiel für letzteres wäre eine Person, die eine wirksame Immunreaktion hervorgerufen hat und möglicherweise Reste replikationsfähiger Viruspartikel oder teilweise abgebautes virales genetisches Material in relativ langlebigen weißen Blutzellen besitzt, die das Virus abgetötet haben. Diese Zellen werden als "Phagozyten" bezeichnet und sind Teil unseres Immunsystems. Nach der Beseitigung von SARS-CoV-2 aus dem Körper können vollständige und/oder partielle Genome von SARS-CoV-2 bis zu mehreren Wochen verbleiben. Die Phagozytose (oder das "Fressen") von SARS-CoV-2 ist ein Mechanismus zur Abtötung und Entfernung des Virus aus dem Körper. Diese phagozytischen Zellen neigen dazu, an den "abgetöteten" Virionen zu haften, so dass sie andere immunologische Effektorzellen aktivieren können, einschließlich B-Zellen, die die Antikörper produzieren, von denen wir schon so viel gehört haben. Diese Phagozyten können also eine Quelle für SARS-CoV-2-Genome sein, die durch einen PCR-Test amplifiziert werden könnten. Diese Genome hätten jedoch nicht das Potenzial, COVID-19 zu verursachen. Stattdessen wäre es ein Beweis dafür, dass die Infektion abgeklungen ist oder gerade abklingt. Die Persistenz ganzer oder partieller Genome, die nicht mit infektiösen Partikeln assoziiert sind, ist für eine Reihe anderer Viren gut dokumentiert, darunter Masern, das Middle East Respiratory Syndrome-Coronavirus und andere Coronaviren. **Ein positiver RT-PCR-Test auf das Vorhandensein von SARS-CoV-2 sollte niemals allein dazu verwendet werden, Fälle von COVID-19 zu definieren; und er sollte definitiv nicht dazu verwendet werden, zu behaupten, dass jemand das Potenzial hat, eine andere Person zu infizieren.**

Aufbau einer soliden Grundlage für die COVID-19-Wissenschaft:
Der Goldstandard-Test für funktionelle Virologie, der immer zur Kalibrierung von RT-PCR-Tests verwendet werden sollte

Ein Goldstandard-Test für die Infektiosität eines Virus ist ein zellbasierter funktioneller Assay, der das Potenzial zur Replikation und zum Zelltod bestimmt. Der Assay funktioniert folgendermaßen: Zellen, denen ihre antiviralen Eigenschaften entzogen wurden, werden in eine Schale gegeben, und man lässt sie am Boden haften. In der Regel bedecken die Zellen den gesamten Boden der Schale. Ein Wissenschaftler kann unter dem Mikroskop sehen, ob die Zellen gesund sind. Dann wird eine Probe zu den Zellen gegeben. Enthält die Probe replikationskompetente (d. h. potenziell krankheitsverursachende) Virionen, infizieren diese die Zellen und töten sie ab. Ein oder zwei Tage später kann der Wissenschaftler die Zellen erneut unter dem Mikroskop untersuchen. Wenn er einen so genannten "zytopathischen Effekt" feststellt, d. h. die Zellen sind abgestorben, deutet dies darauf hin, dass replikationskompetente Viren vorhanden waren. Wenn es keinen zytopathischen Effekt gab, waren auch keine replikationskompetenten Virionen vorhanden. Hier sind Bilder von meinem Forschungsteam, die zeigen, wie dieser Virologietest funktioniert...





...die Zellen auf der linken Seite wurden nicht mit einem replikationskompetenten (infektiösen) Virus in Kontakt gebracht. Sie bleiben fröhlich am Boden der Schale haften. Es gab keinen zytopathischen Effekt. Die Zellen auf der rechten Seite wurden einem replikationskompetenten Virus ausgesetzt, das sie infizierte und abtötete. Als die Zellen starben, rundeten sie sich ab und verloren ihre Fähigkeit, am Boden der Platte haften zu bleiben. Dies ist ein klassisches Beispiel für einen zytopathischen Effekt. Sie sehen, wie einfach es ist, mit diesem Test festzustellen, ob eine Probe infektiöse Virionen enthält.

Um einen RT-PCR-Test für SARS-Cov-2 zu kalibrieren, würden Proben von Nasopharyngeal-abstrichen einer großen Anzahl von Personen in zwei Teile geteilt werden; einer für den RT-PCR-Test und der andere für den Test mit dem virologischen Goldstandardtest. Die Wissenschaftler würden die Zyklusschwellenwerte aus dem RT-PCR-Test notieren, die mit dem Nachweis replikationskompetenter Virionen aus dem zellulären Virologietest verbunden sind, im Vergleich zu denen, die keinen zytopathischen Effekt verursacht haben. Auf diese Weise kann ein Schwellenwert für den Zyklus bestimmt werden. Oberhalb dieses Schwellenwerts gibt es keine Hinweise auf replikationskompetente Virionen in den Proben aus den Nasopharyngealabstrichen. Dies ist die objektive und korrekte Methode zur Kalibrierung eines RT-PCR-Tests bei der Untersuchung der Übertragung eines Virus. Andernfalls können die RT-PCR-Testergebnisse nicht sinnvoll interpretiert werden und würden zu unangemessenen Schlussfolgerungen führen, z. B. dass asymptomatische Personen COVID-19 verbreiten können.

Zu Beginn der erklärten COVID-19-Pandemie führte die kanadische Gesundheitsbehörde diese Kalibrierung ihres RT-PCR-Tests durch. Für den von ihr verwendeten Test wurde eine Zyklusschwelle von 24 festgelegt, ab der Personen als potenziell ansteckend eingestuft werden. Hätten sie diese Dienstleistung anschließend zur Unterstützung von Studien über die Ausbreitung von COVID-19 angeboten, wären nur Proben, die bei 24 oder weniger Zyklen ein Signal lieferten, als Nachweis von potenziell infektiösem SARS-CoV-2 deklariert worden. Diese anfängliche und angemessene Art der Kalibrierung des RT-PCR-Tests war jedoch für Labors in aller Welt, die die Übertragung von SARS-CoV-2 untersuchten, nicht erforderlich, ohne dass eine Erklärung dafür gegeben wurde. Vielmehr wurden willkürlich Zyklusgrenzwerte festgelegt. Daher waren die RT-PCR-Daten, die zur Bestimmung der weltweiten COVID-19-Fälle verwendet wurden, höchst unzuverlässig.

Sogar wurden Personen, die die unangemessene Einstufung der RT-PCR als eigenständigen diagnostischen Standardtest kritisiert haben, von so genannte "Faktencheckern" Recht gegeben: Sie mussten zugeben, dass sie unmöglich zwischen infektiösen und nicht-infektiösen Viren oder Teilen davon unterscheiden können. Ein "Faktencheck" von Reuters kam beispielsweise zu dem Schluss, dass *"PCR-Tests in England weit verbreitet sind, um nachzuweisen, dass SARS-CoV-2-**genetisches Virusmaterial** im Patienten vorhanden ist"*. Ich habe den entsprechenden Text fett gedruckt. In der Tat sind RT-PCR-Tests ein wertvolles Instrument zur Feststellung, ob Teile des genetischen Materials eines Virus in einer Probe vorhanden sind. Sie können jedoch nicht

feststellen, ob dieses genetische Material von einem replikationsfähigen Virion stammt, das das Potenzial hätte, jemanden zu infizieren.

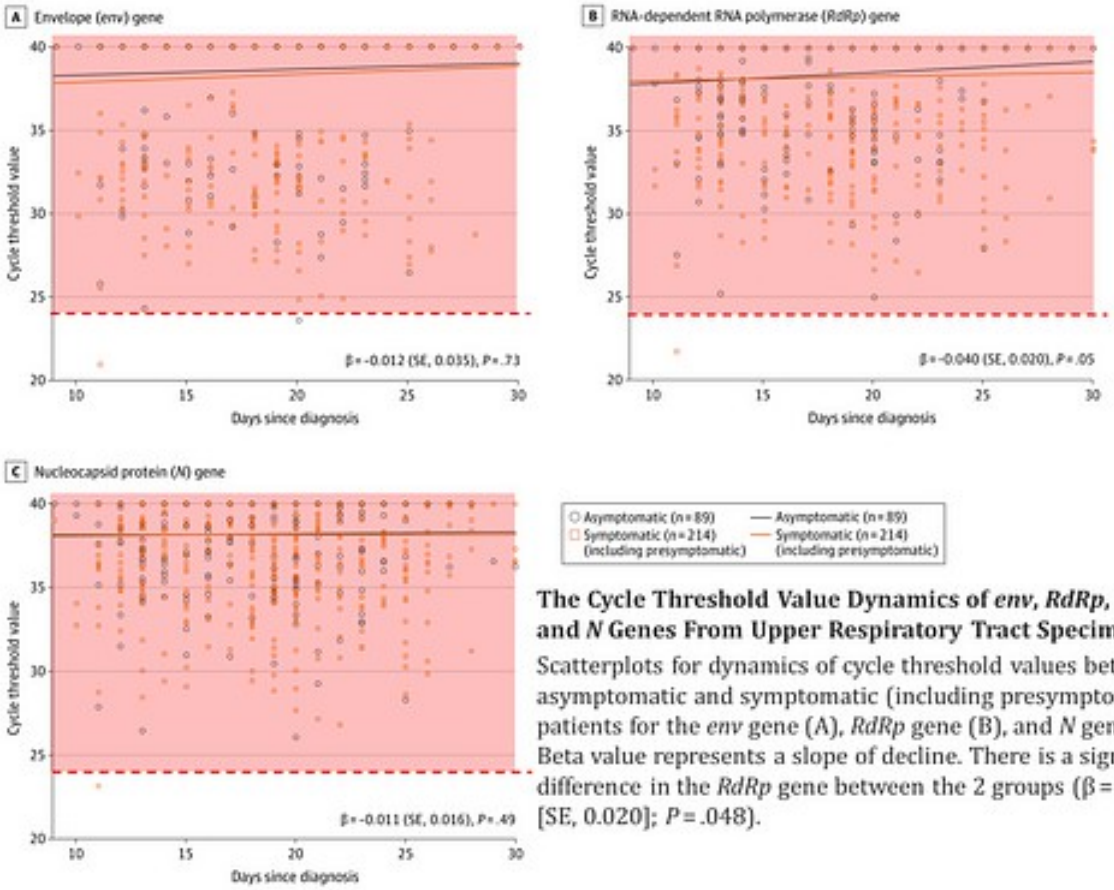
Positive RT-PCR-Tests für SARS-CoV-2 bei asymptomatischen Personen basieren fast durchweg auf hohen Zyklusschwellenwerten, was die Frage aufwirft, ob diese Personen infektiöse Viruspartikel beherbergen. **Da es keinen funktionellen zellbasierten Test zum Nachweis der Infektiosität gibt, ist es unmöglich, die Ergebnisse asymptomatischer Tests genau zu interpretieren.** Die Weltgesundheitsorganisation hat in Übereinstimmung mit vielen Gesundheitsexperten auf der ganzen Welt betont, dass die Verbreitung von SARS-CoV-2 durch asymptomatische Personen selten ist und daher der Schwerpunkt auf der Untersuchung von Personen mit Krankheitsanzeichen oder -symptomen und nicht von scheinbar gesunden Personen liegen sollte.

Neben der kanadischen Studie, in der eine Zyklusschwelle von 24 als geeigneter Cut-off-Wert für die Einstufung von Proben als positiv für infektiöses SARS-CoV-2 ermittelt wurde, berichteten andere Studien über die Ergebnisse ähnlicher Kalibrierungen anderer RT-PCR-Tests für SARS-CoV-2. Sie ermittelten Zyklusschwellenwerte von 22-27 und 30. Insgesamt deutet dies darauf hin, dass Tests mit Zyklusschwellenwerten über 22-30 wahrscheinlich nicht auf das Vorhandensein von replikationskompetentem SARS-CoV-2 hinweisen.

Die logische Schlussfolgerung ist, dass es ein Irrtum ist, Proben mit hohen Zyklusschwellenwerten, insbesondere solchen über 30, als positiv für infektiöses SARS-CoV-2 zu deklarieren. In vielen Ländern wurde jedoch davon ausgegangen, dass Menschen infektiös sind, wenn ihre Proben mit RT-PCR-Tests mit Zyklusschwellenwerten von bis zu 45 Zyklen als positiv deklariert wurden. Ein solch ungerechtfertigt hoher Grenzwert hätte zu einer **erheblichen Überschätzung der COVID-19-Fälle und zu einer fälschlichen Einstufung asymptomatischer Personen a**ls potenzielle COVID-19-Überträger geführt.

Das Versäumnis, den RT-PCR-Test zu kalibrieren, zeigt, wie eine repräsentative, einflussreiche wissenschaftliche Studie fälschlicherweise zu dem Schluss kam, dass asymptomatische Menschen ein Risiko für die Verbreitung von COVID-19 darstellen könnten

Die nachstehende Abbildung zeigt die Ergebnisse einer veröffentlichten Studie, die behauptet, die Häufigkeit, mit der asymptomatische Personen positiv auf SARS-CoV-2 getestet werden, im Verhältnis zu derjenigen, die bei Personen mit symptomatischen Infektionen beobachtet wird, darzustellen. Konkret handelt es sich um Grafiken aus Abbildung 2 einer im einflussreichen Journal of the American Medical Association - Internal Medicine veröffentlichten Arbeit. Das Argument war, dass die Häufigkeit, mit der asymptomatische Menschen positiv auf SARS-CoV-2 getestet wurden, derjenigen entsprach, die bei Menschen mit symptomatischen Infektionen beobachtet wurde. Die Autoren haben es jedoch versäumt, ihren RT-PCR-Test zu kalibrieren.



The Cycle Threshold Value Dynamics of *env*, *RdRp*, and *N* Genes From Upper Respiratory Tract Specimens

Scatterplots for dynamics of cycle threshold values between asymptomatic and symptomatic (including presymptomatic) patients for the *env* gene (A), *RdRp* gene (B), and *N* gene (C). Beta value represents a slope of decline. There is a significant difference in the *RdRp* gene between the 2 groups (β = 0.040 [SE, 0.020]; *P* = .048).

Figure: Most 'positive' results for the SARS-CoV-2 RT-PCR test are negative based on a gold standard virology assay. This is figure 2 from the following publication: Lee S, *et al*. Clinical Course and Molecular Viral Shedding Among Asymptomatic and Symptomatic Patients With SARS-CoV-2 Infection in a Community Treatment Center in the Republic of Korea. *JAMA Intern Med*. 2020 Nov 1;180(11):1447-1452. doi: 10.1001/jamainternmed.2020.3862. **The authors arbitrarily set a cycle threshold value of 40 as being the cut-off for a positive test result**; anyone whose test was positive at or below 40 cycles was assumed to have COVID-19. Each circle and square on the graphs represents a person that was designated as having a positive COVID-19 test result. However, **the authors failed to calibrate the RT-PCR test using the gold standard functional virology assay**. An example of what should have been done is provided in this publication: Bullard J, *et al*. Predicting Infectious Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 From Diagnostic Samples. *Clin Infect Dis*. 2020 Dec 17;71(10):2663-2666. doi: 10.1093/cid/ciaa638. In the latter publication, members of the Public Health Agency of Canada used the gold standard virology assay to objectively determine a cycle threshold of 24 as a cycle threshold cut-off. Above 24 cycles, there was no evidence of samples containing replication-competent (*i.e.*, infectious) SARS-CoV-2. Based on this, if the authors of the latter paper were to run the assay as a diagnostic test to support diagnoses of COVID-19, they would deem samples that yield a signal above 24 cycles to be 'negative'. A dotted red line has been added to the three graphs with a light red rectangle above it that shows which samples are negative, based on a cut-off of 24 cycles. Remarkably, only one out of 303 people had a positive test result (a person had to be positive for two of the three different RT-PCR tests) based on this calibration point. This means that **99.7% of the test subjects were incorrectly diagnosed as having COVID-19. It also means the conclusion the authors drew about asymptomatic people**, which was "Isolation of asymptomatic patients may be necessary to control the spread of SARS-CoV-2", **was unjustified. The data in this paper are unreliable due to a fatal flaw with how the RT-PCR test was implemented**. This is representative of the scientific publications that have erroneously labeled asymptomatic people as being a substantial risk of transmitting SARS-CoV-2 to others. This concept is not supported by the science.

Im Folgenden finden Sie die Beschreibung, die die Autoren der Studie im Methodenteil ihrer Arbeit gegeben haben. Der wichtigste Teil dieses Textes ist der letzte Satz, der fettgedruckt ist.

"Probenentnahme und RT-PCR für SARS-CoV-2

Die URT-Proben wurden sowohl aus nasopharyngealen als auch oropharyngealen Abstrichen

entnommen, die von geschultem medizinischem Personal (Ärzten und Krankenschwestern) durchgeführt wurden. Für die LRT-Proben erhielten die Teilnehmer am Vorabend die Anweisung, den ersten morgendlichen Auswurf (nach dem Gurgeln) in einem Probenbecher zu sammeln. RT-PCR-Tests für SARS-CoV-2 wurden mit dem Allplex 2020-nCoV-Assay (Seegene, Seoul, ROK) durchgeführt, um das Vorhandensein des Virus durch die Identifizierung von drei genetischen Markern zu bestimmen: Envelope (env)-Gen, RNA-abhängige RNA-Polymerase (RdRp)-Gen und Nukleokapsidprotein (N)-Gen. Die Zyklusschwelle (Ct) bei RT-PCR-Tests bezieht sich auf den Zeitpunkt des Nachweises viraler Amplikons und steht in umgekehrter Korrelation zur Menge der vorhandenen RNA. ***Ein niedriger Ct-Wert weist auf große Mengen viraler RNA hin. Er galt als positiv, wenn die Ct-Werte aller Gene weniger als 40 Zyklen betrugen."***

Bemerkenswert ist, dass die Autoren einen willkürlichen Schwellenwert von 40 Zyklen ansetzten, um ein positives Testergebnis zu definieren. Eine ordnungsgemäße Kalibrierung des Tests wurde nicht durchgeführt. Auf der Grundlage der veröffentlichten Ergebnisse der kanadischen Studie zur Kalibrierung eines RT-PCR-Tests für SARS-CoV-2 habe ich einen neuen Grenzwert von 24 Zyklen festgelegt. Dieser Wert ist in den Diagrammen in der obigen Abbildung als rote gepunktete Linie dargestellt. Symbole, die in dem hellroten Rechteck oberhalb dieser Linie erscheinen, werden als negativ eingestuft, im Gegensatz zur positiven Bezeichnung, die die Autoren vergeben hatten. **Bemerkenswert ist, dass 99,7 % der Personen, die von den Autoren als Träger infektiöser SARS-CoV-2-Viren eingestuft wurden, wahrscheinlich keine potenziell infektiösen SARS-CoV-2-Viren aufwiesen, wenn der Test richtig kalibriert worden wäre.** Dies ist ein fataler Fehler in dieser Studie, der die Schlussfolgerung "Die Isolierung asymptomatischer Patienten kann notwendig sein, um die Ausbreitung von SARS-CoV-2 einzudämmen" widerlegt. Er sollte auch dazu führen, dass die Studie zurückgezogen wird. Eine solche Arbeit hätte gar nicht erst veröffentlicht werden dürfen.

Hier zeigt sich ein fataler Fehler, der während der gesamten erklärten Pandemie sehr häufig in Veröffentlichungen auftrat, in denen behauptet wurde, asymptomatische Menschen könnten eine bedeutende Quelle für die Übertragung von SARS-CoV-2 sein, das bei anderen Menschen COVID-19 auslösen könnte. Bei jeder Veröffentlichung, die diese Behauptung aufstellt, sollte der Abschnitt über Materialien und Methoden sorgfältig geprüft werden, um festzustellen, ob der Zyklusschwellenwert für den RT-PCR-Test auf einer geeigneten Kalibrierungsmethode beruht oder willkürlich gewählt wurde.

Es folgt eine Liste weiterer einflussreicher Veröffentlichungen von Original-Forschungsstudien, die fälschlicherweise zu dem Schluss kamen, dass asymptomatische Menschen eine bedeutende Quelle replikationsfähiger SARS-CoV-2-Viren sein könnten. Die meisten von ihnen basieren auf fatal fehlerhaften RT-PCR-Tests, und die übrigen Veröffentlichungen legen nicht offen, wie sie eine "Infektion" definieren. Alle diese Arbeiten sollten zurückgezogen werden. Keiner ihrer Schlussfolgerungen kann man trauen...

1. Bai, Y. et al. Presumed Asymptomatic Carrier Transmission of COVID-19. Jama 323, 1406-1407 (2020).
2. Arons, M.M. et al. Presymptomatic SARS-CoV-2 Infections and Transmission in a Skilled Nursing Facility. The New England journal of medicine 382, 2081-2090 (2020).
3. Stock, A.D. et al. COVID-19 Infection Among Healthcare Workers: Serological Findings Supporting Routine Testing. Front Med (Lausanne) 7, 471 (2020).
4. Bi, Q. et al. Epidemiology and transmission of COVID-19 in 391 cases and 1286 of their close contacts in Shenzhen, China: a retrospective cohort study. The Lancet. Infectious diseases 20, 911-919 (2020).
5. Böhmer, M.M. et al. Investigation of a COVID-19 outbreak in Germany resulting from a single travel-associated primary case: a case series. The Lancet. Infectious diseases 20, 920-928 (2020).
6. Chan, J.F. et al. A familial cluster of pneumonia associated with the 2019 novel

coronavirus indicating person-to-person transmission: a study of a family cluster. Lancet (London, England) 395, 514-523 (2020).
7. Van Vinh Chau, N. et al. The Natural History and Transmission Potential of Asymptomatic Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 Infection. Clinical infectious diseases : an official publication of the Infectious Diseases Society of America 71, 2679-2687 (2020).
8. Chaw, L. et al. Analysis of SARS-CoV-2 Transmission in Different Settings, Brunei. Emerging infectious diseases 26, 2598-2606 (2020).
9. Cheng, H.Y. et al. Contact Tracing Assessment of COVID-19 Transmission Dynamics in Taiwan and Risk at Different Exposure Periods Before and After Symptom Onset. JAMA internal medicine 180, 1156-1163 (2020).
10. Gao, M. et al. A study on infectivity of asymptomatic SARS-CoV-2 carriers. Respiratory medicine 169, 106026 (2020).
11. Gao, Y. et al. A cluster of the Corona Virus Disease 2019 caused by incubation period transmission in Wuxi, China. The Journal of infection 80, 666-670 (2020).
12. Guan, W.J. et al. Clinical Characteristics of Coronavirus Disease 2019 in China. The New England journal of medicine 382, 1708-1720 (2020).
13. He, X. et al. Temporal dynamics in viral shedding and transmissibility of COVID-19. Nat Med 26, 672-675 (2020).
14. Hodcroft, E.B. Preliminary case report on the SARS-CoV-2 cluster in the UK, France, and Spain. Swiss medical weekly 150 (2020).
15. Hoehl, S. et al. Evidence of SARS-CoV-2 Infection in Returning Travelers from Wuhan, China. The New England journal of medicine 382, 1278-1280 (2020).
16. Lauer, S.A. et al. The Incubation Period of Coronavirus Disease 2019 (COVID-19) From Publicly Reported Confirmed Cases: Estimation and Application. Annals of internal medicine 172, 577-582 (2020).
17. Li, R. et al. Substantial undocumented infection facilitates the rapid dissemination of novel coronavirus (SARS-CoV-2). Science (New York, N.Y.) 368, 489-493 (2020).
18. Li, C. et al. Asymptomatic and Human-to-Human Transmission of SARS-CoV-2 in a 2-Family Cluster, Xuzhou, China. Emerging infectious diseases 26, 1626-1628 (2020).
19. Liu, Y., Funk, S. & Flasche, S. The contribution of pre-symptomatic infection to the transmission dynamics of COVID-2019. Wellcome open research 5, 58 (2020).
20. Lu, X. et al. SARS-CoV-2 Infection in Children. The New England journal of medicine 382, 1663-1665 (2020).
21. Lu, S. et al. Alert for non-respiratory symptoms of coronavirus disease 2019 patients in epidemic period: A case report of familial cluster with three asymptomatic COVID-19 patients. Journal of medical virology 93, 518-521 (2021).
22. Luo, S.H. et al. A confirmed asymptomatic carrier of 2019 novel coronavirus. Chinese medical journal 133, 1123-1125 (2020).
23. Mizumoto, K., Kagaya, K., Zarebski, A. & Chowell, G. Estimating the asymptomatic proportion of coronavirus disease 2019 (COVID-19) cases on board the Diamond Princess cruise ship, Yokohama, Japan, 2020. Euro surveillance : bulletin Europeen sur les maladies transmissibles = European communicable disease bulletin 25 (2020).
24. Sun, K. et al. Transmission heterogeneities, kinetics, and controllability of SARS-CoV-2. Science (New York, N.Y.) 371 (2021).
25. Nishiura, H. et al. Estimation of the asymptomatic ratio of novel coronavirus infections (COVID-19). Int J Infect Dis 94, 154-155 (2020).
26. Nishiura, H., Linton, N.M. & Akhmetzhanov, A.R. Serial interval of novel coronavirus (COVID-19) infections. Int J Infect Dis 93, 284-286 (2020).
27. Pan, Y., Zhang, D., Yang, P., Poon, L.L.M. & Wang, Q. Viral load of SARS-CoV-2 in clinical samples. The Lancet. Infectious diseases 20, 411-412 (2020).
28. Pan, X. et al. Asymptomatic cases in a family cluster with SARS-CoV-2 infection. The Lancet. Infectious diseases 20, 410-411 (2020).
29. Park, S.Y. et al. Coronavirus Disease Outbreak in Call Center, South Korea. Emerging

infectious diseases 26, 1666-1670 (2020).
30. Payne, D.C. et al. SARS-CoV-2 Infections and Serologic Responses from a Sample of U.S. Navy Service Members - USS Theodore Roosevelt, April 2020. MMWR. Morbidity and mortality weekly report 69, 714-721 (2020).
31. Kimball, A. et al. Asymptomatic and Presymptomatic SARS-CoV-2 Infections in Residents of a Long-Term Care Skilled Nursing Facility - King County, Washington, March 2020. MMWR. Morbidity and mortality weekly report 69, 377-381 (2020).
32. Qian, G. et al. COVID-19 Transmission Within a Family Cluster by Presymptomatic Carriers in China. Clinical infectious diseases : an official publication of the Infectious Diseases Society of America 71, 861-862 (2020).
33. Ran, L. et al. Risk Factors of Healthcare Workers With Coronavirus Disease 2019: A Retrospective Cohort Study in a Designated Hospital of Wuhan in China. Clinical infectious diseases : an official publication of the Infectious Diseases Society of America 71, 2218-2221 (2020).
34. Rosenberg, E.S. et al. COVID-19 Testing, Epidemic Features, Hospital Outcomes, and Household Prevalence, New York State-March 2020. Clinical infectious diseases : an official publication of the Infectious Diseases Society of America 71, 1953-1959 (2020).
35. Sakurai, A. et al. Natural History of Asymptomatic SARS-CoV-2 Infection. The New England journal of medicine 383, 885-886 (2020).
36. Samsami, M., Zebarjadi Bagherpour, J., Nematihonar, B. & Tahmasbi, H. COVID-19 Pneumonia in Asymptomatic Trauma Patients; Report of 8 Cases. Archives of academic emergency medicine 8, e46 (2020).
37. Tabata, S. et al. Clinical characteristics of COVID-19 in 104 people with SARS-CoV-2 infection on the Diamond Princess cruise ship: a retrospective analysis. The Lancet. Infectious diseases 20, 1043-1050 (2020).
38. Tong, Z.D. et al. Potential Presymptomatic Transmission of SARS-CoV-2, Zhejiang Province, China, 2020. Emerging infectious diseases 26, 1052-1054 (2020).
39. Treibel, T.A. et al. COVID-19: PCR screening of asymptomatic health-care workers at London hospital. Lancet (London, England) 395, 1608-1610 (2020).
40. Wei, W.E. et al. Presymptomatic Transmission of SARS-CoV-2 - Singapore, January 23-March 16, 2020. MMWR. Morbidity and mortality weekly report 69, 411-415 (2020).
41. Xu, J., Li, Y., Gan, F., Du, Y. & Yao, Y. Salivary Glands: Potential Reservoirs for COVID-19 Asymptomatic Infection. Journal of dental research 99, 989 (2020).
42. Yang, R., Gui, X. & Xiong, Y. Comparison of Clinical Characteristics of Patients with Asymptomatic vs Symptomatic Coronavirus Disease 2019 in Wuhan, China. JAMA network open 3, e2010182 (2020).
43. Yang, N. et al. In-flight transmission cluster of COVID-19: a retrospective case series. Infectious diseases (London, England) 52, 891-901 (2020).
44. Ye, F. et al. Delivery of infection from asymptomatic carriers of COVID-19 in a familial cluster. International journal of infectious diseases : IJID : official publication of the International Society for Infectious Diseases 94, 133-138 (2020).
45. Yu, P., Zhu, J., Zhang, Z. & Han, Y. A Familial Cluster of Infection Associated With the 2019 Novel Coronavirus Indicating Possible Person-to-Person Transmission During the Incubation Period. The Journal of infectious diseases 221, 1757-1761 (2020).
46. Zhang, J., Tian, S., Lou, J. & Chen, Y. Familial cluster of COVID-19 infection from an asymptomatic. Critical care (London, England) 24, 119 (2020).
47. Almadhi, M.A. et al. The high prevalence of asymptomatic SARS-CoV-2 infection reveals the silent spread of COVID-19. International journal of infectious diseases : IJID : official publication of the International Society for Infectious Diseases 105, 656-661 (2021).
48. Choi, A. et al. Symptomatic and Asymptomatic Transmission of SARS-CoV-2 in K-12 Schools, British Columbia, Canada April to June 2021. Microbiology spectrum, e0062222 (2022).

...diese 48 Papiere repräsentieren die meisten, wenn nicht sogar alle von Experten begutachteten wissenschaftlichen Beweise, die von den meisten Gesundheitsbehörden verwendet wurden, um asymptomatische Menschen fälschlicherweise als Quelle des COVID-19 verursachenden SARS-CoV-2 zu bezeichnen. Sie sind allesamt mit fatalen Mängeln behaftet.

In einer Studie kam man sogar zu dem Schluss, dass Patienten, die "positiv" getestet wurden und deren Zyklusschwellenwert über 33 liegt, wahrscheinlich aus den Krankenhäusern entlassen werden können. Eine solche Empfehlung würde niemals ausgesprochen werden, wenn es Beweise dafür gäbe, dass diese Menschen SARS-CoV-2-Viren in sich tragen, die andere anstecken können. Man muss sich also fragen, warum es den Testlabors erlaubt war, willkürlich Zyklusschwellen von 38 bis 45 als Obergrenzen für das Vorhandensein von infektiösem SARS-CoV-2 festzulegen.

Das ausschließliche Vertrauen auf unsachgemäß kalibrierte RT-PCR-Tests als Indiz für eine "Infektion" hat auch zu der irrigen Schlussfolgerung geführt, dass Personen mit post-symptomatischen Beschwerden ebenfalls maskiert und/oder isoliert werden müssen.

Ich habe noch keinen angemessenen wissenschaftlichen Nachweis gesehen, der die ungewöhnlich hohen Zyklusschwellenwerte rechtfertigt, die in Studien verwendet werden, die Menschen als asymptomatische COVID-19-Quellen bezeichnen. In Ermangelung solcher Daten gibt es keine Rechtfertigung für die Maskierung, Isolierung oder Vorschrift experimenteller Impfstofftechnologien für asymptomatische Personen.

Andere haben auch die ausschließliche Verwendung von RT-PCR-Tests für die Diagnose von COVID-19 und für Rückschlüsse auf die Übertragung kritisiert, wenn keine Infektiositätstests vorliegen.

Wie RT-PCR-Tests zur Unterstützung von COVID-19-Diagnosen hätten eingesetzt werden sollen

Alle Labore hätten verpflichtet werden sollen, ihre RT-PCR-Tests zu kalibrieren, bevor sie den Gesundheitsbehörden "reale" Daten zur Verfügung stellen, die zur Untersuchung der Übertragung von SARS-CoV-2 verwendet werden. Die Verwendung des Goldstandards der funktionellen Virologie für diese Kalibrierung hätte jedem Labor eine solide objektive Begründung für seinen spezifischen Zyklusgrenzwert geliefert, wenn es darum geht, festzustellen, ob eine Person das Potenzial hat, andere zu infizieren. Und dies sollte immer in Verbindung mit einer klinischen Diagnose durch einen Arzt erfolgen. Wie bereits erwähnt, wird, wenn dieser Standard rückwirkend auf die wissenschaftliche COVID-19-Literatur angewandt wird, deutlich, dass ein Großteil davon nicht vertrauenswürdig ist.

Ein großer Teil der wissenschaftlichen Grundlagen von COVID-19 ist grundlegend fehlerhaft

RT-PCR-Tests wurden während der erklärten COVID-19-Pandemie generell falsch eingesetzt, weil sie nicht richtig kalibriert wurden. Dies hat dazu geführt, dass asymptomatische Personen fälschlicherweise als bedeutende potenzielle Quellen für die Übertragung von COVID-19 eingestuft wurden. Dies wiederum führte zu einer unangemessenen Maskierung, Isolierung und "Impfung" von Personen, die kein echtes Gesundheitsrisiko für andere darstellen. Außerdem wurde den Ärzten das diagnostische Fachwissen entzogen und in die Hände anonymer Labortechniker gelegt.

Jetzt haben wir es mit einem Berg von COVID-19-Wissenschaft zu tun, der nicht richtig interpretiert werden kann. Integritätsbewusste Wissenschaftler mit einschlägigem Fachwissen wissen, dass eine beträchtliche, aber unbestimmte Anzahl von Personen, die "positiv auf COVID-19" getestet wurden, niemals das Potenzial hatten, SARS-CoV-2 auf andere zu übertragen, und dass viele von ihnen auch nicht tatsächlich an der als COVID-19 bekannten Krankheit litten.

Auflösung der offensichtlichen Widersprüche in den von "Experten" vorgelegten Beweisen
Für Richter, die sich über die unterschiedlichen Interpretationen von Experten in ihren Gerichten wundern, ist die Erklärung recht einfach. Wenn man die grundlegend fehlerhafte Wissenschaft aus den Expertenberichten entfernt, bleiben vertrauenswürdige Daten übrig, die im Allgemeinen nicht das unterstützen, was in den letzten Jahren die vorherrschende Meinung war. Wenn Wissenschaftler davon sprechen, dem Gesamtgewicht der wissenschaftlichen Beweise zu folgen, meinen wir eigentlich, dem Gewicht der vertrauenswürdigen wissenschaftlichen Beweise zu folgen. Lassen Sie sich nicht von den zahlreichen Berichten blenden, die sich angesammelt haben, oft in "angesehenen" Zeitschriften, die auf fehlerhaften wissenschaftlichen Methoden beruhen. Lassen Sie sich nicht von der Anzahl der "Gesundheitsbehörden" ablenken, die diese fehlerhafte Wissenschaft blindlings propagiert haben. Die Wahrheit ist keine Demokratie. Sie wird nicht durch eine Mehrheitsentscheidung definiert.

Schaden für das öffentliche Vertrauen in die Wissenschaft
Die weltweite Verbreitung von schlecht gemachter Wissenschaft in den letzten Jahren hat massiven und irreparablen Schaden angerichtet. Kinder und Jugendliche haben die Hauptlast dieses Schadens getragen. Ihnen wurde keine Wahl gelassen. Sie hatten kein Mitspracherecht. Sie wurden zu Schutzschilden in einem Konflikt, der von Erwachsenen ausgetragen wurde, die fehlerhafte Wissenschaft wie die Wahrheit des Evangeliums darstellten.

Als Wissenschaftler mit fundierten Kenntnissen in der Virusimmunologie bin ich unglaublich entmutigt über den Zustand meiner wissenschaftlichen Disziplinen. Meine Kollegen, die in ihren Elfenbeintürmen saßen und zuließen, dass Junk-Wissenschaft die Beschneidung verfassungsmäßiger Freiheiten rechtfertigt, sollten sich schämen. Ich bin stolz auf die relativ wenigen, die auf einem Fundament der Integrität stehen und in den letzten Jahren eine brutale Behandlung ertragen haben. Ich kann nur hoffen, dass der Schaden, der dem öffentlichen Vertrauen in die Gesundheitswissenschaften zugefügt wurde, behoben werden kann.

Deutsche Übersetzung mit der Hilfe von deepl.com: Dr. Norbert Guggenbichler

© 2022 Dr. Byram W. Bridle
548 Market Street PMB 72296, San Francisco, CA 94104