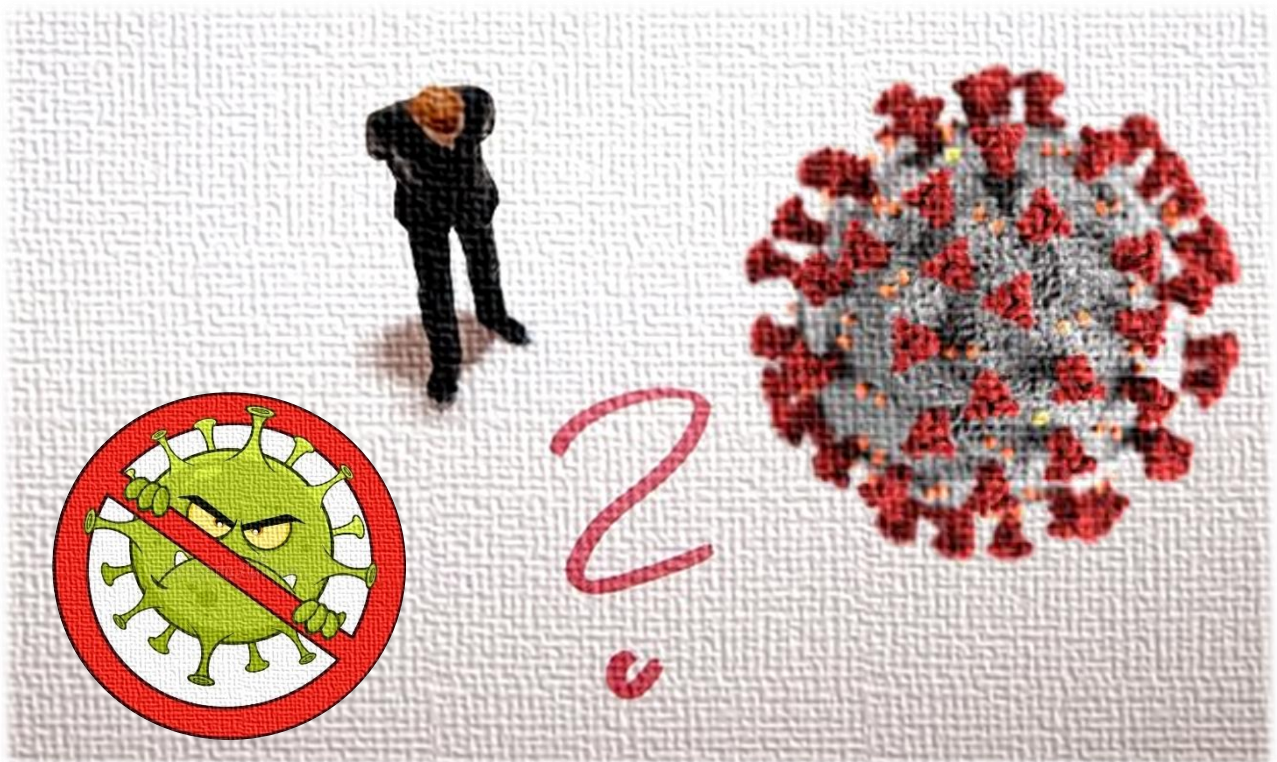


# SARS-CoV-2 proof missing – How Switzerland’s key responsible institutions have lost all credibility



E-mail correspondence published by Corona\_Fakten, translated by Corona\_fakta\_DK

## Executive Summary

The [Corona Fakten](#) team has been challenging almost anybody scientifically about the key question if there actually is any proof for the SARS-CoV-2 virus.

In their correspondence with the top Swiss virologists and scientists, **it is confirmed that a scientific proof of the SARS-CoV-2 virus does not exist!**

- Not even one scientific study on virus isolation substantiated by control experiments could be provided
- The final answer to the virus proof question is that “this is a well-known fact that is not disputed in science” (no study, reference or explanation given!)
- The last resort referred to by the Ministry of Health (BAG), the prestigious national reference laboratory for new emerging viral diseases NAVI as part of The Geneva University Hospitals HUG ([Hôpitaux universitaires de Genève](#), [Laboratoire de virologie](#)), refrains from their responsibility by stating it was “not their duty to answer” and there were “numerous reports and published studies on the subject available” (without naming just one specifically!).

It is highly recommended to read the complete original e-mail correspondence, which reads like a crime story, and **will be your best 90 minutes Corona reading time ever invested**. All evidence for how our public institutions have failed us is inside this document!

## Background Story

Following a [video interview](#) by the [Corona Fakten](#) team with Prof. Tanner, the eminently respectable Swiss epidemiologist and president of the Swiss Academies of Arts and Sciences, as well as director emeritus of the Swiss Tropical and Public Health Institute and former head of the Corona Task Force...

...the [Corona Fakten](#) team had one goal, which was to get written answers to the following:

**Proof that:**

- 1. SARS-CoV-2 has been isolated, has a specific viral genome, and**
- 2. has a biologically reproducible existence, which enables it to multiply in a human organism and cause disease.**

**Substantiated by scientific publications that adequately document the control experiments needed for the detection of these characteristics.**

...after the first answers were disappointing, the [Corona Fakten](#) team persistently followed every instance of public authority, but no satisfying answers were given by any of the responsible experts in the extensive (since 2020!) correspondence with the following researchers and the entire Swiss Corona Task Force:



Prof. Marcel Tanner



Prof. Martin Ackermann



Prof. Volker Thiel



Prof. Matthias Schweizer



Prof. Laurent Kaiser



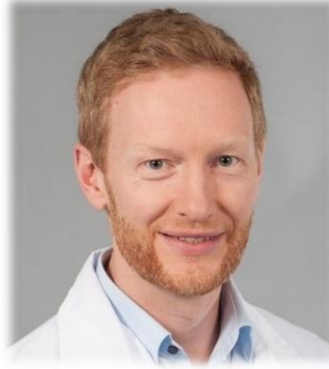
Prof. Didier Trono



Prof. Manuel Battegay



Dr. Pascal Cherpillod



Dr. Manuel Schibler

# SWISS NATIONAL COVID-19 SCIENCE TASK FORCE

...therefore, the story devolved into a correspondence lead by lawyer Philipp Kruse (Zurich), which culminated in managing to get the two instances of last resort, the Federal Office of Public Health (BAG), including its Corona Task Force members, and Switzerland's last defense bastion, the NAVI (national reference laboratory for new emerging viral diseases) in Geneva, to make a **binding statement**.

## Conclusion

The result: The responsible instances and authorities were bound to admit (by analogy): **We have neither proof of the existence of a disease-causing SARS-CoV-2 virus, nor do we have documentation on control experiments.**

The revelation: In the final reply, not a professor, scientist or doctor, but a lawyer of the responsible reference laboratory NAVI in Geneva answered to the main questions:

Proof that:

1. SARS-CoV-2 has been isolated, has a specific viral genome, and
2. has a biologically reproducible existence, which enables it to multiply in a human organism and cause disease.

Substantiated by scientific publications that adequately document the control experiments needed for the detection of these characteristics.



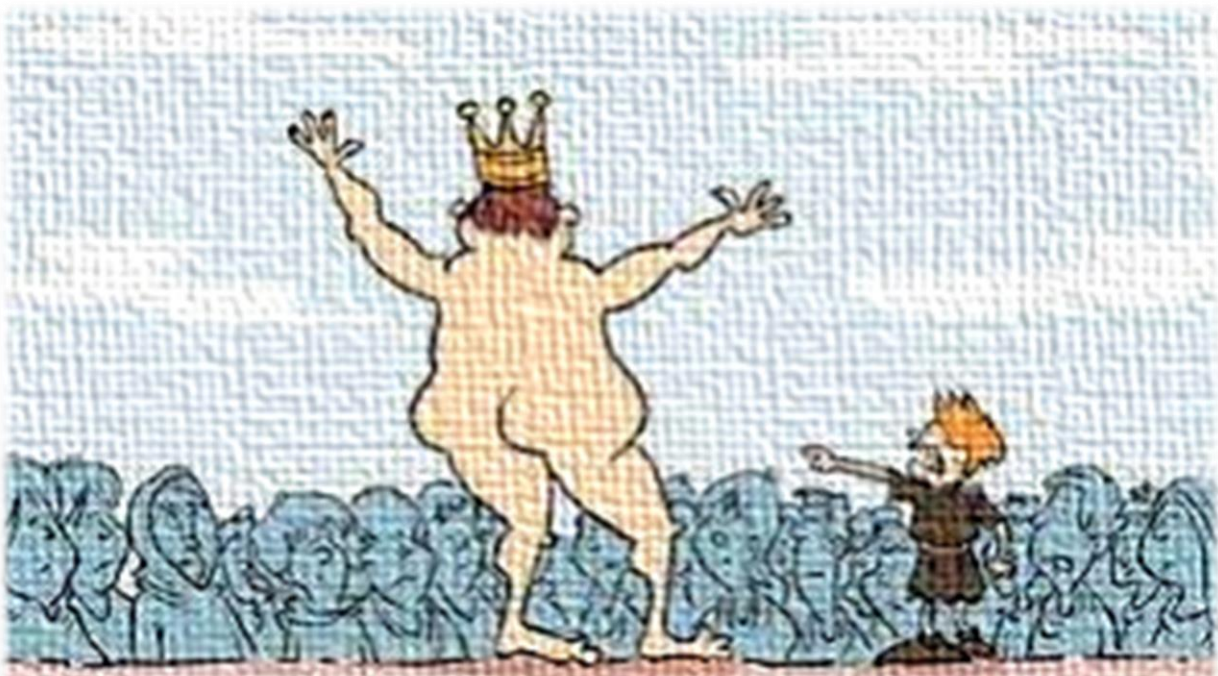
“[We cannot provide you with the desired proof because this is a well-known fact that is] **most importantly undisputed by the authorities of our country and the scientific community**”



“As for the first point [regarding isolation and the specific viral genome of SARS-CoV-2], **it is not our duty to answer it** and we refer you to the **numerous reports** of national and international organisations as well as **to the numerous published studies** around the subject.”



Source: Discover the faces of heroes at HUG, [Radia Lac](#)



Source: The Emperor is Naked! [Listen Notes](#)

**THE EMPEROR IS NAKED (at least in Switzerland!) AND WE ALL KNOW IT!**

# Here the English translation of the original German e-mail correspondence including screenshots (highlights in yellow, own notes in [...]):

Von: <[redacted].ch>  
Gesendet: Donnerstag, 10. September 2020 18:26  
An: 'volker.thiel@vetsuisse.unibe.ch' <volker.thiel@vetsuisse.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 freundlich 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 Publikation(en) 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 gewebebeigen?

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?

Hello Professor Thiel,

Prof. Marcel Tanner referred to you in a personal conversation regarding isolates of the Sars-Cov2 virus and corresponding infection experiments.

In all previous inquiries to the authors of published studies in which isolation was claimed, it had to be conceded in writing that the Coronavirus was NOT isolated in form of a pure culture. In this context, Prof. Tanner referred to your work and stated that you have such data at your disposal.

Please allow us to ask the following questions, which we kindly ask you to answer:

1. What do you mean by an isolate of SARS-CoV-2?
2. Have you published anything about this and if not, which publications are you referring to?
3. Where in the relevant publication(s) is it described that a viral structure or molecules attributed to the virus have been isolated in the sense of the word "isolation"?
4. Where are the control experiments documented that prove that nucleic acids used for targeting/aligning the genome of the virus are in fact viral in nature and not tissue intrinsic?

In the case that the control experiments mentioned in question 4 have not yet been carried out, please allow us the following additional question:

5. If such a control experiment were carried out at our expense (isolation of RNA from uninfected cell cultures, sequencing and alignment to the SARS-CoV-2 genome), would you publish these data together with us?

Von: Schweizer Matthias <matthias.schweizer@vetsuisse.unibe.ch>  
Gesendet: Mittwoch, 16. September 2020 13:51  
An: [redacted].ch  
Cc: 'volker.thiel@vetsuisse.unibe.ch', 'marcel.tanner@swissbio.ch'  
Betreff: Re: AW: Anfrage CV Publikation

Guten Tag Herr I [redacted]

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 Isolation" muss deutlich vom "normalen" Sprachgebrauch des Wortes Isolation 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.sniez.ch/offde/90k/pos88\\_021\\_Plakate\\_Virusisolierung\\_d.pdf](https://www.labor.sniez.ch/offde/90k/pos88_021_Plakate_Virusisolierung_d.pdf)
- 3) Punkt 2 in [https://www.virology.uzh.ch/de/services/virnachw.html#2\\_Virus-Isolierung\\_auf\\_Zellkulturen\\_mit\\_anschliessender\\_Identifikation](https://www.virology.uzh.ch/de/services/virnachw.html#2_Virus-Isolierung_auf_Zellkulturen_mit_anschliessender_Identifikation)

**Die 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. Infos in Link 2 und 3) in Patienten-Materialie und eben in Zellkultur nach Virus-Isolation eindeutig nachgewiesen. **Das Argument, dass ein Virus "bei hoher Reinheit" nicht isolierbar ist, ist nicht Notwendig.** 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 reiner 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://lexikon.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

Hello Mr. [name blacked out],

Since Prof. Thiel's e-mail account will probably be more than full after his return, I would like to take the liberty of sending you a short answer on his behalf.

The question regarding an "isolate" or "isolation" is regularly raised by corona-critical circles. The virological term "virus isolation" must be clearly distinguished from the "normal" usage of the word isolation. I am attaching some links here,

- 1) <https://de.wikipedia.org/wiki/Virusisolierung>
- 2) [https://www.labor-spiez.ch/pdf/de/dok/88\\_021\\_Plakate\\_Virusisolation\\_de.pdf](https://www.labor-spiez.ch/pdf/de/dok/88_021_Plakate_Virusisolation_de.pdf) (Download)
- 3) Point 2 in [https://www.virology.uzh.ch/de/services/virnachw.html#2\\_Virus-Isolierung\\_auf\\_Zellkulturen\\_mit\\_anschliessender\\_Identifikation](https://www.virology.uzh.ch/de/services/virnachw.html#2_Virus-Isolierung_auf_Zellkulturen_mit_anschliessender_Identifikation)

A complete purification of the viruses, i.e., the separation from all other substances, is not carried out routinely, since viruses can be damaged in the process and the complex method usually does not lead to any new knowledge. However, the virus was clearly detected using a wide variety of methods (compare, among other things, information in link 2) and 3) in patient material and cell culture after virus isolation). The argument that a virus that hasn't been "purified" doesn't exist is just nonsense. In addition, it was already possible to produce pure genomic RNA from SARS-CoV-2 using genetic engineering. When this RNA is brought into cells, the virus begins to replicate, creating SARS-CoV-2 virus particles that are indistinguishable from the virus from the patient. It doesn't get much cleaner.

Regarding the last point: the techniques for sequencing RNA and DNA have improved massively over the last many years (keyword next generation sequencing). Since the first human genome was completely sequenced as part of the Human Genome Project in 2003, dozens / hundreds ... more complete human and animal genomes have been sequenced in the meantime, at the DNA (the actual genome) level as well as their RNA (transcriptome; <https://flexikon.doccheck.com/de/Transkriptom>). No sequences have ever been found that could be related to corona viruses. This has been done many times, even if of course only what was found was described (no one lists what has not been found ...).

With kind regards

M. Schweizer

---

Von: Schweizer Matthias <[mthias.schweizer@vetsuisse.unibe.ch](mailto:mthias.schweizer@vetsuisse.unibe.ch)>  
Gesendet: Donnerstag, 17. September 2020 15:22  
An: [volker.thiel@vetsuisse.unibe.ch](mailto:volker.thiel@vetsuisse.unibe.ch)  
Cc: [marcel.fanner@swisstph.ch](mailto:marcel.fanner@swisstph.ch)  
Betreff: Re: AW: Anfrage CV Publikation

Guten Tag Herr [redacted]

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

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

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. Auch hier fehlt mir die Zeit, nach entsprechender Literatur zu suchen, 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

Hello Mr. [name blacked out],

You now make it very easy for yourself to briefly claim that the questions have not been answered, without presenting any arguments.

My remarks regarding the "isolate" should above all show that this is often confused with the normal meaning of its usage. Regarding your first questions, as an example, I can provide a study from Germany (<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32235945/>) in which the virus was isolated from patient material and analyzed genetically. Another study from China also shows

that sera from convalescent subjects, but not from control subjects, have antibodies against the virus (<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32413330/>). There are many more similar studies, but I don't have the time to select them. But since you seem to know the processes, you should also be able to search for the relevant literature (e.g., via <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/>).

I also answered question 4/5 by writing that the **entire genome and transcriptome of humans and animals and their cell cultures have been sequenced hundreds of times and no coronavirus-like sequences have ever been found**. Here, too, I don't have the time to search for the relevant literature, also because the keyword "Coronavirus" does not appear in these studies, since it was never found. However, I can cite a review article by Broecker and Moelling (<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31032941/>) that describes which parts of endogenous viruses have been found in the mammalian genome, and **corona viruses are definitely not in there**.

The topic is therefore closed for us and I remain, with kind regards

M. Schweizer

ch>  
an volker.thiel, marcel.tanner, Schweizer;  
Sehr geehrter Herr Prof. Thiel,  
18.09.2020, 14:27 ☆ ↶ ⋮

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 Wolfel et. al. vom 14.2.2020 (<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 Wolfel et. al. vom 14.2.2020 (<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 redily 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 Längemarkern, ein Leichtes wurde aber nicht getan.

Entscheidend ist in dieser Publikation, dass die Autoren dieser Publikation auf Seite 406, 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 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/32015509/>), 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,  
M. Schweizer

Dear Prof. Thiel,

I ask you to answer our questions personally, as your colleague Marin Schweizer does not seem to be able or willing to do so (please note his previous email).

We contacted you and not Mr. Schweizer on behalf of Prof. Tanner, with the clear objective of getting your answers to **five specific questions** that resulted from a conversation that took place with Prof. Tanner.

1. What do you mean by an isolate of SARS-CoV-2?

2. Have you published anything about this and if not, which publications are you referring to?

3. Where in the relevant publication(s) is it described that a viral structure or molecules attributed to the virus have been isolated in the sense of the word "isolation"?

4. Where are the control experiments documented that prove that the nucleic acids used for targeting/aligning the genome of the virus are indeed viral in nature and not tissue intrinsic?

5. In the event that the control experiments referred to in question 4 have not yet been performed, please allow us the following additional question: If such a control experiment would be performed at our expense (isolation of RNA from uninfected cell cultures, sequencing and alignment to the SARS-CoV-2 genome), would you publish this data together with us?

Your colleague Mr. Schweizer claims in his second email of September 17, 2020, 3:22 p.m., see below, that he answered questions 1 to 3 by citing the work of Roman Wölfel et. al. dated April 1, 2020 (<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32235945/>).

The first question is what you, Prof. Thiel and not your colleague - who does not work with SARS-CoV-2 - understand by an isolate when it comes to SARS-CoV-2.

The second question is whether you, Prof. Thiel, have published on this and if yes or no, which publications you are referring to, which contain the scientific evidence for the existence of SARS-CoV-2.

The third question must also be answered specifically, because the work by Roman Wölfel et. al. dated April 1, 2020 (<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32235945/>), with which he thinks he has answered questions 1-3, Mr. Schweizer forgot to cite the passages in which the complete genome of the virus was isolated, presented and sequenced.

We have worked through this publication and come to the following conclusion:

Although the abstract of this study states "Infectious virus was readily isolated from samples derived from the throat or lung", no proof of the isolation of a virus and the representation of its genome appear in the entire text.

If  $7.11 \times 10^8$  copies of the virus in a "throat swab" and  $2.35 \times 10^9$  copies per ml of liquid are to be present, the direct representation of the entire viral genome is possible in gel electrophoresis or in Nanopore-sequencing or by means of the negative-staining-technique in the electron microscope, using length markers, but nothing like that was done.

It is crucial in this publication that the authors of this publication on page 466, right column, 5th line from the bottom, claim the sequencing of entire virus genomes from all patients, but do not prove this claim: neither in the text nor in the methods part in the supplement.

[Note: You can find a more detailed analysis of the study at source [\[11\]](#) ]

I would ask you to email me a publication by you or by another working group in which the isolation and sequencing of a genome of SARS-CoV-2 is described and not just claimed.

Regarding question 4:

In none of the publications available to us, in which the alignment of SARS-CoV-2 is described, do the control experiments that are mandatory in science appear, which prove that the short nucleotide sequences are actually viral and not cell-specific, are then in the alignment process added up to a complete and long viral genome.

Please cite a publication by you or others that documents these pivotal control experiments.



The relevance of this question arises from the following fact:

In the **publication by Fan Wu et al**, in Nature, Vol 579 of February 3, 2020 (<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32015508/>), in which the **genome of SARS-CoV-2 was described for the first time and then used as a template for all further alignments, the total RNA from one patient's bronchial lavage (BALF) was clearly used without any previously performed isolation or enrichment of viral structures or nucleic acids.**

This RNA was converted into cDNA and pieces of 150 nucleotides in length were sequenced in order to calculate the genome of approximately 30,000 nucleotides in length. No control experiments were carried out that had to prove that the same "viral" genome cannot be calculated by the alignment of BALF RNA from healthy people, people suffering from other diseases, RNA from stored samples from the time before SARS-CoV-2 existed and RNA from cell culture control experiments.

The reference by your colleague Mr. Schweizer that question 4. had been indirectly answered by the fact that the genome calculated in the alignment is not found in the human genome is doubly untenable:

a. If very short nucleotide sequences up to a length of 10 nucleotides are used to calculate a genome of 29,803 nucleotides, it goes without saying that the approximately 30,000 nucleotides of the viral genome in one piece or just one of its 10 genes each with an average length of 3,000 Nucleotides can never be found in reality.

b. RNA metabolism generates many more sequences than are present in human chromosomal DNA, due to several known mechanisms. Your Mr. Schweizer suppresses these well-known facts. However, these facts explain that a supposedly viral genome can be calculated from short pieces of RNA, which in reality does not exist.

Since this possibility remains an unanswered question and **we have not been able to find any control experiments for SARS-Cov-2 so far, we need to assume that they have not been carried out so far**, and because doubt is the first and most important duty of every scientist, this results in the relevance of question 5. to you:

If such a control experiment would be carried out at our expense (isolation of RNA from uninfected cell cultures, sequencing and alignment to the SARS-CoV-2 genome), would you publish these data together with us?

Thank you for your personal answer.

Kind regards,

With best regards,

volker.thiel@vetsuisse.unibe.ch  
marcel tanner, matthias.schweizer

21.09.2020, 19:28 ☆ ↶ ⋮

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 Transkriptomstudien bei denen nicht-infizierte 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/TheBinderLabs/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 Nucleotiden) künstlich hergestellt wird und daraus das SARS-CoV-2 entsteht als Beweis für die Existenz des Virus sehen?**

Freundliche Grüsse,

Dear Mr. [name blacked out],

I am quite frankly amazed by your request and can only confirm what my honored colleague, Professor Schweizer, replied. From your questions, I conclude that you are questioning the existence of SARS-CoV-2?

The "control experiments" you demand are described in publications, be it in transcriptome studies in which non-infected control samples are also analyzed or with the traditional PCR detection in which there are numerous negative controls.

My colleague Marco Binder gave a good summary on the subject on Twitter (you will also find sources there that prove the existence of the virus):

<https://twitter.com/TheBinderLab/status/13062129421242124380161>

If you think the SARS-CoV-2 genome sequence is an artifact and does not code for a virus, would you then view an experiment in which the genome (as RNA with almost 30,000 nucleotides) is artificially produced and the SARS-CoV-2 emerges from it, as evidence of the existence of the virus?

With kind regards,

Christian Thiel  
an volker.thiel; marcel.tanner; matthias.schweizer  
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 [diesen 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 irgendwo 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 irte 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,  
With best regards,

Dear Prof. Thiel,

I can understand your astonishment, especially when such a situation suddenly appears out of nowhere and calls your own actions into question.

It honors you and proves your scientific seriousness that you still answer and offer me the prospect of proving the existence of the SARS-CoV-2 virus.

Please also respect my astonishment when I read with my own eyes that Prof. Christian Drosten from the Charité in Berlin had the reagents (primers) for the SARS-CoV-2 virus PCR test synthesized by the company Tib Molbiol, before the Chinese scientists led by Fan Wu published their preliminary sequences for the virus online on January 10, 2020.

I then looked at [their publication](#) and realized with horror that the Chinese virologists had only calculated the genome of the virus, which was later renamed SARS-CoV-2, by adding up very short sequence pieces. They have not found the entire genome or even larger pieces of it.

What's more, they have no virus or viral structures from which they isolated the viral nucleic acids, only the entire RNA from a lung lavage.

Crucial: The Chinese virologists have not carried out any control experiments to rule out that human/microbial RNA from a lung lavage of a healthy person, a person with another lung disease, a person who tested negative for SARS-CoV-2 or from such RNA from stored samples

from the time when there was no SARS-CoV-2 virus, the same addition of a virus genome from short pieces of RNA is possible.

Your indication that there are many transcription studies in which no SARS-CoV-2 genes are found cannot replace the logically necessary control experiments, because if something is artificially added up that cannot in reality be found, of course it cannot be found anywhere else and not found in any transcription study.

For this reason, your reference to the work that your colleague Marco Binder gave on Twitter also goes into the scientific void.

Since it could of course be that I am wrong, I would like to apologize in public if my position is disproved, I ask you - also in the sense of the scientific criteria of the DFG [German Research Foundation] - to get things straight here. To date, we have not received any publications of this type.

**Here is the most important question of all:**

**Which of the first publications claiming the existence of the SARS-CoV-2 virus do you personally refer to when you assume the scientifically proven existence of the SARS-CoV-2 virus?**

If the published SARS-CoV-2 genome or the short gene sequences that are added to its genome actually come from a virus, then of course I and everyone else also see your offered proof, "an experiment in which the genome (as RNA with 30,000 nucleotides) is artificially produced and the SARS-CoV-2 arises from it" as proof of the existence of the virus.

If your offered evidence is ambiguous or unsuccessful, I am sure you would agree to conduct the control experiments to try to extract the SARS-CoV-2 virus genome from the RNA of healthy people, SARS-CoV-2 negative people and from the RNA of uninfected cell cultures in exactly the same way that you and your colleagues are doing it?

The milestone has thus been set and the requirements for scientific work have been met, because I cannot find these required control experiments in the entire scientific literature on the SARS-CoV-2 virus. Again, I would be grateful for a link to your reference publication.

I wish you a successful day and thank you very much for your time.

Kind regards,

volker.thiel@vetsuisse.unibe.ch

marcel.famier

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

05.10.2020, 11:18 ☆ ↶ ⋮

Dear Mr. [name blacked out],

I will report as soon as I have time.

best regards,

Volker Thiel

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 Zelllinien 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 aufzugehen 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 nur 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 Virusnachweisverfahren (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 Nucleotiden) 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

Dear Mr. [name blacked out],

I come back to your first question "what is a virus isolate".

A virus isolate is obtained from samples taken from a patient, for example. Depending on the virus, virus isolates can be obtained from a variety of samples, such as nose/throat swabs, stool samples, or tissue from organs where the virus multiplies. The samples are then placed on cell lines in the laboratory and **a so-called cytopathic effect can usually be observed if the virus culture has shown positive growth**. This usually shows up after a few days and you can see that **the cells are dying due to virus growth. Many viruses are shed from the infected cells into the culture medium** and accumulate there. This medium (with the suspected viruses) is then applied to fresh cells and if a cytopathic effect is seen again, **it can be assumed that a virus isolate has been obtained**. In order to purify the isolate, a plaque purification is usually carried out. Further characterization can be, for example, complete sequencing, electron micrographs, detection of virus proteins in infected cells using antibodies (if any are present). **All this has been done for SARS-CoV-2 (and documented in numerous publications) and corresponds to today's standard**. Nowadays, the actual **virus isolation is trivial** and is often only briefly mentioned in the methods section (e.g., virus isolate was obtained from a ... patient ...; usually there are also details about the patient and an isolate name), the **above-mentioned virus detection methods** (sequencing, electron microscopy etc.) **are sufficient proof of the identity of a virus**, are recognized worldwide **and correspond to scientific standards**. I refer here again to the tweet by Marco Binder with the publications mentioned.

At the IVI [The Institute of Virology and Immunology, Switzerland's reference laboratory] we work with an isolate that comes from a COVID19 patient in Munich, we got it from the Charité in Berlin (the specific isolate information can be found in the publication mentioned below).

In addition, we have established a so-called reverse genetic system at the IVI. Here, I refer to your first answer.

"If the published SARS-CoV-2 genome or the short gene sequences that are added to its genome actually come from a virus, then of course I and everyone else also see your offered proof, "an experiment in which the genome (as RNA with 30,000 nucleotides) is artificially produced and from which SARS-CoV-2 arises" as proof of the existence of the virus."

**This is exactly the proof we have provided at the IVI** and now also by other groups in the USA. **Based on the first published genome sequence of SARS-CoV-2 from Wuhan**, we had DNA synthesized that corresponds to this sequence. This DNA was used to produce the virus. Of course, we have again sufficiently characterized the "synthetic" virus and were able to show, for example, that the synthetic SARS-CoV-2 has exactly the expected genome sequence. You can see the publication here: <https://www.nature.com/articles/s41586-020-2294-9>

I think that clears the ambiguity and you can now believe the virus exists.

With kind regards,

Volker Thiel

ch  
an volker.thiel, marcel.tanner, ...  
Sehr geehrter Herr Prof. Thiel,  
10.10.2020, 08:56

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 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 unbekanntenen 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 unbekanntenen 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 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 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 Südkina, 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 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 unbekanntenen 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 bewiesen 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 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 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,  
With best regards,

Dear Prof. Thiel,

thank you very much for the clarifying answer.

I am now sure where your main mistake in assumption lies and can substantiate this rigorously.

You write in your publication (<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)"

By doing so, you clearly identify the source that we have asked for, relied on and relied upon by the whole world in the belief that scientific proof of the existence of the new SARS-CoV-2 virus is contained herein.

This is the publication by Prof. Yong-Zhen Zhang (Fan Wu et al.), to which Prof. Drosten also refers:

- Prof. Zhang describes in detail that and how he calculated the genome of the virus, which is now referred to as the "SARS-CoV-2" virus, by stringing together very short gene sequences.
- He describes clearly that he did not take the short gene sequences for this from a virus, but directly from the lung fluid of a lung lavage (= BALF) of a person with pneumonia.
- He does not describe any control experiments that are a prerequisite in science in order to be able to call a statement scientific. These control experiments, which also result from the laws of thought and logic that are constitutive for science - to exclude the obvious, namely that the viral parts stem from the body's own short gene sequences and from those of the numerous known and above all unknown microbes that colonize humans - have not been carried out to this day.
- A method such as the alignment here, to calculate a theoretically long gene sequence from very short ones that has not been backed up by control experiments, must not be called scientific. Here, a scientific approach is suggested, that is neither obvious, nor comprehensible, nor verifiable for everyone.
- \*The fact that you still refer to Marco Binder's Twitter entries with regard to these control experiments is unscientific and repulsive, because if something is constructed in the multi-stage process of "alignment" that does not actually exist, then of course you can also not find it in any database in which human gene sequences are published.
- With your argument that the control experiments result from the fact that the viral sequence cannot be found in the human gene databases, you refer to third-rate literature in the social media and have forgotten four things:
  - a. To date, no one in the alignment process has checked whether the gene sequences from which the SARS-CoV-2 virus genome was calculated do not originate from gene sequences as a result of the metabolism of microbes that colonize humans and cell cultures.
  - b. Only about 5% of the existing microbes are genetically mapped, which means that control experiments must be carried out immediately, because it is obvious that the genome of the virus was calculated entirely or partially from these unknown sequences in a multi-stage "alignment".
  - c. It has been known for a long time that the enzymes that produce gene sequences constantly produce new gene sequences not only through the well-known mechanism of "template switching" that cannot be recorded in any database, and that the enzymes that produce RNA gene sequences do so, even without gene templates. This means that new gene sequences are constantly being created that were not recorded using previous methods. This alone results in the obligation to carry out control experiments immediately, because it is obvious that the genome of SARS-CoV-2 was constructed entirely or partially from such unspecific sequences.
  - d. Given the circumstances, you cannot claim that the proof of the existence of the virus is given by the fact that you have synthetically produced and are experimenting with the genome of the virus from the sequence provided by Prof. Zhang it. This is scientifically unacceptable circular reasoning.
- Prof. Zhang expressly mentions in his publication that he has not followed the rules for proving the existence of a virus, Koch's postulates. Not even the first postulate, the isolation of the virus.

- Prof. Zang explicitly mentions that there is only a correlation between the computational "detection" of this virus and actual pneumonia, but no proof that its "detection" is causal for this disease.

FYI in case you missed this:

- Prof. Drosten demonstrably had the primer sequences for the "SARS-CoV-2" virus synthesized - even before the sequence from Prof. Zhang was available - and on the same day the data was published, on the night of "10- 11 January 2020", he had sent these to those places where returning travelers from Wuhan were tested for the "SARS-CoV-2" virus. This apparently proved that the suspected virus could now be transmitted from person to person.
- As of January 20th, 2020, the Chinese health authorities and the government have shown that there is apparently no human-to-human transmission. All relatives and all hospital staff who were and are in contact with those suffering from atypical pneumonia - which was attributed to an unknown virus by the definition "atypical" - remained healthy. Honestly, that is why the government could refrain from lock-down measures.
- On January 20, 2020, the famous 84-year-old "SARS" doctor Dr. Zhong Nanshan arrived in Wuhan, where he traveled from southern China by train at his own expense and initiative. In Wuhan, he spread the news of the "positive" result of the PCR test of the Drosten test, on the basis of which he believed he could and should claim that human-to-human transmission of the suspected new virus had now been proven.
- First, only the public in Wuhan panicked, but then when he testified on the evening news that human-to-human transmission was now proven the whole of China [was in fear]. As is well known, the world public panicked about this a little later.

In this matter, as a human being, especially as a scientist and in your central function as Director of the IVI, you have the responsibility for the Swiss people and for the world population, the duty and responsibility to communicate these open contradictions and refutations to the public IMMEDIATELY.

So that mainly children, old people, the sick and the economy do not literally suffocate and perish through the scientifically unjustifiable, but refuted conclusions and resulting measures, I ask you to act immediately.

Prof. Tanner has asked you to clarify through me whether a virus has actually been isolated in the sense of the word "isolation".

With your central and exclusive reference to the publication by Prof. Zhang, you now admit that no virus has been isolated, but obviously and without a doubt very short gene sequences from humans, from known and unknown microbes and probably also from biochemically generated gene sequences, were assembled into a virus genome that does not actually exist, and was only calculated purely mentally.

Going forward, you cannot refer to - in order to continue to evade your central and global responsibility - that the conceptual alignment of the short gene sequences to a "whole" virus genome based on a template from another corona virus genome happened. This alleged virus sequence template was also only created mathematically from very short sequences, which were certainly not isolated from a virus, but originate from short gene sequences from humans, animals, microbes and possibly biochemically synthesized gene sequences.

Prof. Tanner commissioned you through me and is responsible for carrying out the control experiments that are a prerequisite for being able to claim a virus as scientifically proven.

Your argument that these control experiments result indirectly from the fact that third parties and not you claim on Twitter that the calculated virus genome cannot be found in human gene databases is refuted by the fact that **something (laboriously) calculated can logically neither be proven in a database, nor in nature, nor in a laboratory.**

I would therefore ask you once again to **work with me to carry out and document those control experiments that prove or refute whether the very short gene sequences that were "aligned" mathematically, i.e., mentally, via various simulation programs to form a long genome, do not originate from the humans themselves or from the numerous microbes and phages that colonize humans, especially during disease and pneumonia. Or whether they originate in part from purely biochemical gene sequences or were invented in part by the alignment programs with which these programs fill the gaps in the genome that could not be closed with the short gene sequences available. These programs are mentioned in Prof. Zhang's methods part, but not which and how many parts of the entire "virus genome" were "filled in" by these gap-filling programs.**

We again offer to fund these control experiments and there are only scientific and human reasons for you to comply with Prof. Tanner's request to submit and document these control experiments and no reason not to do them or to delay them further.

The hardship caused by the Corona crisis is tremendous and knows no commandment, e.g., to protect your profession and its reputation. The misery is increasing every day and there is the possibility that our society is harming itself more and more severely in the collective hysteria that has no scientific justification. **I also asked other virologists to carry out the control experiments with me. All have so far remained guilty of an answer.**

You have the special opportunity to provide clarification here, since Prof. Tanner referred you to clarify this central question.

Please make up your mind and act immediately, and don't let another two weeks pass by before you reply.

Kind regards,

volker.thiel@vetsuisse.unibe.ch

an: marcel.tanner;

Sehr geehrter Herr

10.10.2020, 18:02 ☆ ↶ ⋮

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  
Langgassstrasse 122, 3012 Bern  
Tel: +41 31 631 2413  
[Volker.Thiel@vetsuisse.unibe.ch](mailto:Volker.Thiel@vetsuisse.unibe.ch)

Dear Mr. [name blacked out],

I am actually shocked by your response and urge you to educate yourself. From your answers it is clear that you understand neither the biology nor the current methodology.

I also urge you to remember that you have a responsibility. You are free to believe that the virus does not exist. But if you spread this, there will be people who will believe you, no longer protect themselves and, in the worst case, die of an infection.

Volker Thiel



an volker.thiel; marcel.tanner;  
Sehr geehrter Herr Prof. Thiel,  
vielen Dank für Ihre rasche Antwort.

11.10.2020, 12:27 ☆ ↶ ⋮

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 gelehrtten 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 iriges 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 erhabenen 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,

Dear Prof. Thiel,

thank you for the fast response.

We were surprised that your answer is now based on claims and accusations instead of scientific evidence.

I also ask you in relation to **Prof. Tanner, who clearly recognized that if the short gene sequences for the computational creation of the SARS-CoV-2 genome do not clearly come from viruses AND no control experiments have taken place, "we have a problem"**, to reconsider your statement and, in accordance with your position, to take a scientific position.

Please prove by naming verifiable and published facts that the findings and conclusions presented in my letter of October 10th, 2020, are based on:

1. A lack of knowledge or misunderstanding of academic biology, and
2. a lack of knowledge of today's methods or a misunderstanding of these methods.

The common challenge, to be solved by scientific reasoning, by following the laws of thought and logic and not by insult, is:

**Did the corona crisis** that was triggered by the hasty actions of Prof. Christian Drosten (see my letter of October 10, 2020) and the inexplicable actions of **Prof. Yong-Zhen Zhang (no isolate, no culture, no isolation, no fulfillment of Koch's postulates** and: Prof. Zhang claims to have **calculated the genome of SARS-CoV-2** in an unprecedented and inexplicable **record time of 40 hours**, including sequencing of the RNA from the bronchial lavage of a patient) **have a scientific basis** or was it based on an understandable, historically grown and thus excusable self-deception of those involved?

I do not assume that the actions of Prof. Drosten and Prof. Zhang happened with intent or even willful intent.

Consequential erroneous beliefs and actions become grossly negligent and thus legally tangible when concrete, comprehensible, verifiable scientific information and requests for clarification and, if necessary, corrections are not answered, but instead are acknowledged with unjustifiable allegations and insults.

I urge you once again to reconsider your statements and to respond in accordance with your honorable position as a professor.

Our offer to carry out the control experiments jointly at our expense still stands.

Kind regards,

With best regards,

[name blacked out]

marcel.tanner@swissth.ch

11.10.2020, 15:36 ☆ ↶ ⋮

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)

Dear Mr. [name blacked out],

Thank you for these copies of your exchange with Professor Volker Thiel.....my remarks in our interview referred above all to the question of the isolates and therefore I referred you to Professor Thiel....

Best regards from Basel

Marcel Tanner

an marcel.tanner; volker.thiel;

12.10.2020, 13:41 ☆ ↶ ⋮

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 angebotene 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, 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 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 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 peinerlicher 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 frapierende und den Test komplett in Frage stellende 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 aus Zellkulturen gewonnen hat, weil es in 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,

Dear Prof. Tanner,

Thank you for your reply.

Yes, it is specifically about the isolate of the virus and we contacted Prof. Thiel on your behalf to clarify this question.

In his answer of October 9th, 2020, Prof. Thiel clearly referred to the work of Prof. Zhang in Fan Wu et al.

With this publication, Prof. Zhang specified the alleged sequence of the SARS-CoV-2 virus, on which all subsequent sequence proposals of all virologists were based and still are based, which always differ only insignificantly from Zhang's sequence proposal.

In this publication, Prof. Zhang expressly states that he did not isolate a virus, but used the entire RNA from the bronchial lavage of a person suffering from pneumonia (and some documented previous illnesses, including chronic liver disease) to calculate the suspected virus genome. In this publication, Prof. Zhang also expressly emphasizes that it has not been proven whether the calculated sequences only correlate with the patient's illnesses or whether there could be a causal relationship. It has remained so to this day!

That is why Prof. Thiel, as a scientist and as an official who is committed to the people, their health, well-being and the economy, cannot and must not claim that he would work with the artificially produced sequence of a virus, and neither that a dangerous SARS-CoV-2 virus exists.

Even more, it seems that Prof. Thiel also does not know the crucial details of how Prof. Zhang calculated the genome of the SARS-CoV-2 virus and after this became obvious, accuses us of a lack of knowledge in biology and the methods used:

Prof. Zhang describes how he uses short genetic pieces of only 21 and 25 nucleotides in length (these are the default parameters in the alignment programs Megahit and Trinity used) to calculate a genome of 29,803 nucleotides with the help of a given genome sequence from a harmless bat corona virus.

He assumes, without explicitly naming this, that the short sequences from which he adds the proposed sequence of the genome of the SARS-CoV-2 virus are of viral nature because he excludes the longer sequences, that result from the overlapping (= contigs) of the short 21- and 25-pieces, and which are similar to human sequences, from later addition to the viral genome.

In doing so, Prof. Zhang and Prof. Thiel embarrassingly and thus negligently overlooked the fact that the bronchial lavage is full of known and unknown microbes of all kinds and their RNA products.

95% of the observed microbes are visible but cannot be cultivated, which is why their RNA and DNA sequences are not known. Because cell cultures are never free of microbes and countless contaminations of all kinds, there is an absolute obligation to isolate the suspected virus and to obtain its nucleic acid (in this case RNA) in pure form.

It is very likely that the genome of the SARS-CoV-2 virus was partly added up from such short gene sequences, which is why it is possible to test people "positive" from time to time (if there is enough organic material and the sample is not taken at the -healthy- parotid gland), and why PCR experts say that if the number of PCR cycles is increased above 40, then everyone will test "positive".

The dilemma that there is no analyzable virus isolate available is also reflected in the sentence

"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."

on page 39, in the chapter "Performance Characteristics", Section 2, of the attached text from the CDC on the real-time RT-PCR test for SARS-CoV-2. [\[Link, page 40\]](#)

We explain this astonishing fact, which completely calls the test into question, by the fact that Prof. Zhang was able to calculate the entire genome from purely human material, which has so

far not been possible for anyone who has obtained the required RNA sequences from cell cultures, because there is much more sequence diversity in humans and their microbes - especially in the case of disease - than in the relatively sterile cell cultures.

At the same time, it shows that **nobody has been able to repeat the result of Prof. Zhang's decisive "alignment" up to now, except purely synthetically and in circular reasoning** Prof. Thiel, who synthetically converted Prof. Zhang's sequence proposal into DNA and therefore - negligently - believes that he is working with the genome of a virus.

I would ask you, Prof. Tanner, to persuade Prof. Thiel that, instead of making assumptions about my biological knowledge, he should face up to science, whose supreme law is doubt and the attempt to refute in order to uncover existing and avoid future misinterpretations.

Indeed, if he doesn't, we have two "problems."

I am sure that, given the devastating effects of this situation on the entire world population, the effort [to perform the control experiments] is negligible.

Thank you very much for your help and I hope that we can continue our discussion on a scientific level instead of relying on accusations and insinuations like Prof. Thiel. Gentlemen, this matter is far too serious for such statements. This is about human lives and the future of billions of people.

Kind regards

an marcel.tanner; 19.10.2020, 18:26 ☆ ↶ ⋮

Sehr geehrter Herr Prof. Tanner,

die durch Prof. Christian Drosten und Prof. Zhang ausgelöste Eigendynamik der Corona-Krise gefährdet immer sichtbar 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,  
With best regards,

Dear Prof. Tanner,

The momentum of the Corona crisis triggered by Prof. Christian Drosten and Prof. Zhang is endangering people's health and the economy with rising obviousness.

By virtue of your office, responsibility for scientific work rests on your shoulders and thus the health and well-being of the Swiss people and the economy.

I have now received **inquiries from several lawyers** regarding this situation. These relate specifically to the isolate and the resulting consequences according to Prof. Thiel's claim, and **we are still waiting for proof of that often-mentioned isolate**. In this respect, according to the situation, criminal consequences will become relevant. As you can see, the situation is tense.

Due to the wide scope of this situation, time is of the essence. We assume that enough time has now passed to scientifically prove the IVI's isolate. So far this has not happened.

Due to our personal situation after our conversation, I would like to ask you about how to proceed:

1. How will you proceed in your office as President of the Academies?

2. May we propose you, Prof. Tanner, as a witness for legal proceedings, who
  - a. confirms the scientific nature of the SARS-CoV-2 existence claims or
  - b. questions the scientific nature of the SARS-CoV-2 existence claims?

I would appreciate if we could continue to work to clarify this matter. You could certainly see that the IVI did not comply with the relevant standards. In this respect, this process becomes legally relevant.

I hope we continue our conversation as constructively as we have done so far.

I wish you all the best and a pleasant evening.

Kind regards

[Response screenshot missing]

Dear Mr. [name blacked out]

Thank you very much and of course I take my responsibility seriously and, since I did not examine it myself, I immediately indicated Prof. Volker Thiel, IVI, and also Prof. Laurent Kaiser in Geneva, HUG, (Laurent.Kaiser@hcuge.ch).....

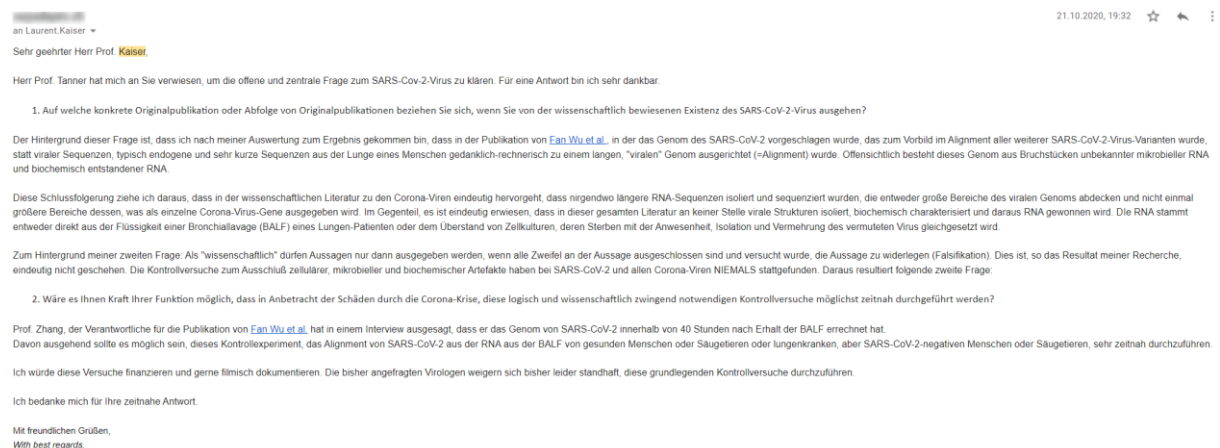
Like Volker Thiel, Laurent Kaiser created and sequenced isolates and carried out infection tests.

- My further procedure is that I ask Volker Thiel and Laurent Kaiser again to answer you

- I am no good as a witness because it's the teams from IVI and HUG who present the isolates to you

BUT I, like all of you, are interested in these questions being clarified and so we remain in a constructive dialogue.

See you soon and best regards



an Laurent.Kaiser - 21.10.2020, 19:32 ☆ ↶ ⋮

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 Bronchiaalavage (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 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,

Dear Prof. Kaiser,

Prof. Tanner referred me to you to clarify the open and central question about the SARS-CoV-2 virus. I would be very grateful for an answer.

1. Which specific original publication or sequence of original publications are you referring to when you assume the scientifically proven existence of the SARS-CoV-2 virus?

The background to this question is that after my evaluation, I came to the conclusion that in the publication by [Fan Wu et al.](#), in which the genome of SARS-CoV-2 was proposed, which was used as a model in the alignment of all other SARS-CoV-2 virus variants, **instead of viral sequences, typically endogenous and very short sequences from the lungs of a human being were theoretically and mathematically aligned to form a long, "viral" genome (=alignment).** Apparently, this genome consists of fragments of unknown microbial RNA and biochemically generated RNA.

I draw this conclusion from the fact that it is clear in the scientific literature on corona viruses that nowhere have longer RNA sequences been isolated and sequenced, covering either large regions of the viral genome itself or even just larger regions of what is known as individual corona virus genes. On the contrary, it has been clearly proven that **nowhere in the entire literature are viral structures isolated, biochemically characterized and RNA obtained from them. The RNA comes either directly from the fluid of a bronchial lavage (BALF) of a lung patient or from the supernatant of cell cultures, which when dying, are equated with the presence, isolation and multiplication of the suspected virus.**

Background to my second question: Statements may only be presented as "scientific" if all doubts about the statement have been ruled out and an attempt has been made to refute the statement (falsification). According to my research, this clearly did not happen. **The control experiments to exclude cellular, microbial and biochemical artifacts have NEVER taken place with SARS-CoV-2 and all corona viruses.** This leads to the following second question:

2. In view of the damage caused by the Corona crisis, would it be possible for you, to carry out these logically and scientifically absolutely necessary control experiments as soon as possible?

Prof. Zhang, who is responsible for the publication of Fan Wu et al. stated in an interview that he calculated the genome of SARS-CoV-2 within 40 hours of receiving the BALF.

Based on this, it should be possible to carry out this control experiment, the alignment of SARS-CoV-2 from the RNA from the BALF of healthy humans or mammals or lung diseased but SARS-CoV-2-negative humans or mammals, very promptly.

I would finance these experiments and would like to document them on film. Unfortunately, **the virologists who have been contacted so far have until now steadfastly refused to carry out these basic control experiments.**

Thank you for your timely reply.

Kind regards,

With best regards,

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

21.10.2020, 19:26   

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 Nucleotide), die gedanklich/rechnerisch zu einem langen viralen Gen-Strang von 29.803 Nucleotiden 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,

Dear Prof. Tanner,

Thank you for your answer and for inviting Prof. Laurent Kaiser to clarify the open questions about the scientific nature of the claims about SARS-CoV-2.

In doing so, three questions need to be clarified for you:

1. Which scientific original publications on SARS-CoV-2 do you personally refer to in your responsibility for the Swiss people and their economy when you assume the scientifically proven existence of SARS-CoV-2?
2. Are you convinced or not that the work of Prof. Zhang (in Fan Wu et al.) proved the existence of a virus?  
Please note that no isolate was used here and no isolation of a viral structure is claimed.
3. Is it in your power to persuade the biologists, medicine and virologists responsible for the Corona crisis to carry out the control experiments that are constitutive in science?

Please keep in mind that statements can only be called scientific if they can be refuted, i.e., falsified.

Control experiments - to rule out or to prove whether those very short pieces of RNA (25 nucleotides on average), which were added up mentally/mathematically to form a long viral gene strand of 29,803 nucleotides (=alignment), actually consist of short fragments of unknown microbial or biochemically produced RNA instead of a virus - have not yet been carried out for SARS-CoV-2 and neither for any other corona virus.

Nonetheless, should this be the case [the control experiments have been performed], I kindly ask you again for the relevant publications.

Thank you for your quick reply.

Kind regards,

With best regards,

an marcel.tanner, mich

28.10.2020, 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.

Dear Professor Tanner,

May I ask if you have asked Prof. Thiel again? How would you proceed as president of the Academies in this matter? So far, we have not received any publications on the matter, neither are your colleagues obviously willing to engage in further scientific exchange.

Would you be willing to be interviewed again if the scientific colleagues from the IVI or Mr. Ackermann should no longer get in touch?

Thank you for your reply and have a great day."

marcel.tanner@swisstph.ch

01.11.2020, 09:55

Sehr geehrter Herr

danke sehr für all Ihre Zeilen und wir sind nicht untätig geblieben und im Gang finden Sie einen Policy Brief der Task Force, der die Frage zu den Isolat 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 weitergehen, aber nun haben Sie einen Public Brief der TF, der eine neutrale 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

"Dear Mr. [name blacked out]

thank you very much for all your lines and we have not remained idle and attached you will find a [policy letter from the task force](#) (TF) that addresses the question of the isolates and the PCR tests; it was mainly done, extensively reviewed and summarized citing key references by Volker Thiel, Didier Trono and Laurent Kaiser. On this basis, you can definitely continue the scientific dialogue by writing to the entire task force via Prof. Martin Ackermann, leader of the TF, and you are welcome to copy me in. That would be a step forward. Martin Ackermann will definitely get in touch and the virologists may conduct further interviews with you, because after my interview I immediately informed Volker Thiel et al and you had initial exchanges that did not go any further, but now you have a public brief from the TF that can lay a new basis for a scientific dialogue.

With this in mind, see you soon and best regards

Marcel Tanner

PS: All Policy Briefs are on the TF website

in Martin, Volker, marcel.tanner@swisstph.ch

03.11.2020, 17:30

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 Paper 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 "Abstract" 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 entworfenen 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 22.10.2020.

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 Selenimzelle, 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 Gensequenz 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 Stücke an RNA aus der Lungenflüssigkeit eines Patienten sequenziert hat (mittels vorangehender Umschreibung in cDNA).

Diese sehr kurzen Stücke 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 Erbgang 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 Stücke an RNA aus der Lunge eines Menschen.
- Er hat entschieden, diese kurzen Stücke an einer Sequenz eines Fledermaus-Corona-Virus auszurichten.
- Er hätte auch eine völlig andere Virus-Art als Ausrichtung-Vorgabe 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 stellt 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 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 zirkelschlussig 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 unläuteren 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 passten".

Somit ist die Aussage der Autoren des "Policy Brief" widerlegt und nicht haltbar. Aus welchen Gründen sich 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 Zykluszahl (>35), die die PCR nicht nur völlig aussagekräftig 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 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 haben. Diese Tatsachen sollten jedoch langjährig bekannt sein.

Schlussfolgerung:

Die Autoren handeln bei ihren Aussagen zu den SARS-CoV-2-Testverfahren extern 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 umfangreich darstellende 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,

With best regards,

Dear Prof. Ackermann,

Thank you for your efforts to clarify the central question regarding Corona of scientific evidence for the existence of the SARS-CoV-2 virus.

However, the paper you commissioned from the Swiss "National COVID-19 Science Task Force (NCS-TF)" of October 29, 2020, entitled "[An update on SARS-CoV-2 detection tests](#)" proves and documents to our astonishment scientifically incomplete work by the authors, and refutes the existence claims of SARS-CoV-2.

I ask you not to take these statements personally, but we will present and explain our point of view extensively:

**Reasoning:**

**to A:**

To claim the identification and isolation of the virus.

In the summary, the authors claim, "The paper describes how SARS-CoV-2 was identified and isolated."

You claim in the "Main text" under "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 ...."

**This is demonstrably wrong. This statement has been refuted by the publication by Prof. Zhang (Fan Wu et al) and by the statement by Prof. Volker Thiel dated zz.2020.**

Prof. Zhang made the sequence of the SARS-CoV-2 virus he designed public on the Internet on January 10, 2020.

Prof. Thiel refers to exactly this sequence, which was made public on January 10th, 2020, in his letter dated zz.2020.

Only after this first publication of the genetic sequence of SARS-CoV-2 by Prof. Zhang did the authors around Prof. Wenjie Tan (Na Zhu et al), to which the authors of the "Policy Brief" refer, repeat exactly the same approach by Prof. Zhang and only later carry out cell culture experiments in order to publish their results on January 24th, 2020. The sedimented soap micelles, which are interpreted as viruses in supervisory electron microscopy (= negative stain),

are explicitly not examined biochemically in order to identify them as viruses or to isolate the viral gene substance from them in order to determine the viral genome.

Prof. Zhang describes in his publication that he did not isolate any virus, nor did he use cell cultures, but rather sequenced very short pieces of RNA from a patient's lung fluid (by means of previous transcription into cDNA).

He aligns these very short pieces mentally/mathematically with a given gene sequence of an alleged bat corona virus and invents more than 10% new gene sequences ad hoc, because not all sequences in the pool of RNA pieces from the patient's lungs were present to form a complete genetic strand of a corona virus. This is extensively documented in his publication.

- Prof. Zhang explicitly did not find and isolate a virus, isolated the viral genome from it and presented and sequenced it as a whole, but rather extremely short pieces of RNA from a human lung.
- He decided to align these short snippets with a bat corona virus sequence.
- He could have used a completely different type of virus as a target template, but for reasons that he and others have never stated before, he chose to use this type of corona virus genome as a guide.

Prof. Wenjie Tan (Na Zhu et al) follows exactly Prof. Zhang's suggestion and repeats exactly the same alignment, against the same bat virus genome with the RNA from the lungs of patients.

Only then do they attempt the same alignment with RNA from cell cultures, but here they require an extreme, additional biochemical effort to obtain the same result in the alignment as Prof. Zhang specified on January 10, 2020.

Conclusion:

As a consequence, it is obvious that exactly no viral gene sequence was found, but a variety of human and microbial RNA from a person's lungs, which are then arbitrarily and only mentally/mathematically put together to form a whole genome that does not actually exist.

It is completely absurd to suggest that this random way of working (alignment=aligning extremely short sequences into a huge whole genome) should imply dealing with viral sequences in any way just because the target for alignment is a random viral genome. Those involved are either aware that the genome of the alleged bat corona virus is only a conceptual/calculated construct and was never isolated from a virus or found as a whole, or they are knowingly unscientific and grossly negligent from a legal point of view if this easily verifiable fact should have escaped them. In consideration of the situation this leaves us stunned.

The authors argue demonstrably in circular fashion and on a clearly unscientific, even anti-scientific, level.

They claim in the "Main text":

"Once this characterization was performed with samples from COVID-19 patients, it became clear that the virus had similarities with coronaviruses previously detected in bats."

This statement is simply obviously untrue because no virus was found, but extremely short bits of RNA from a human that were aligned to a given bat virus genome.

Mathematically/statistically, nothing else can come out of this than what was specified. This is circular and totally unscientific. If you have any publications on this that you have still not sent to us, please send them to us again.

**to B:**

To the SARS-CoV-2 tests

The authors write under "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".

This statement is clearly wrong. The test was developed by Prof. Christian Drosten and the test reagents for the PCR test (the primers) were manufactured, as was clarified in the previous exchange of letters and is known to EVERYONE involved (but seems to have been concealed for obviously unfair reasons), even before Prof Zhang presented the genome of SARS-CoV-2 on the Internet on January 10, 2020. When Prof. Zhang then made the genome of SARS-CoV-2 public on January 10, 2020, Prof. Drosten sent the primer sets via airmail that "best matched the sequences of SARS-CoV-2".

Thus, the statement of the authors of the "Policy Brief" is refuted and not tenable. It is completely incomprehensible to us why such blatant mistakes can be made by the highly decorated authors of this paper.

For humanitarian reasons, Prof. Drosten, friend, colleague and co-author of Prof. Thiel, sent his test reagents (primers) free of charge to the places where "infections" were to be expected.

In order to guarantee positive test reactions, he advises an extremely high number of cycles (>39), which not only makes the PCR completely meaningless (the experts say "dirty"), but also leads to "positive" results if there is no RNA present at all in the sample being tested. All the authors of the "Policy Brief" know this.

The authors' subsequent claim that SARS-CoV-2 was never detected in stored samples before the "corona crisis" is in itself completely meaningless and unscientific if it is not specified exactly which PCR methods were used, with exactly which reagents and, above all, the number of cycles used. In addition, the authors suppress the well-known fact that RNA degrades very quickly and is therefore no longer detectable. According to the manufacturer's instructions, certain RNA corona vaccines must be stored at -80 degrees and only for a maximum of 5 days in order for them to be fully effective. However, these facts should be commonly known.

#### **Conclusion:**

The authors are extremely unscientific in their statements about the SARS-CoV-2 test procedures and suppress at least three known and relevant facts, each of which refutes the validity claim of the PCR tests.

The same applies here: If data has not been transmitted or publications have not been submitted at this point, we ask that you send them over.

Given the urgency and scope of this situation, we request a comprehensive, clarifying response at short notice. Otherwise, the pressure in society and the consequences for entrepreneurs and people will force us to take legal measures, which we absolutely want to avoid, since we have communicated constructively - albeit unsuccessfully - so far.

Kind regards,

an marcel.tanner

03.11.2020, 17:53

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 Laboren, 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 zehrbare Rückmeldung.

Mit freundlichen Grüßen,  
With best regards,

Dear Professor Tanner,

I am writing you these lines directly. The situation is causing me a lot of distress. We now have a team of doctors, lawyers, entrepreneurs, scientists and laboratories working with us on this matter. Since **Prof. Thiel's explanation has so far been completely inadequate** (you are aware of the mail correspondence) and there are no further findings even after the paper you sent us, we are in acute need of action due to the situation.

I would like to continue our conversation, which has been constructive and pleasant so far, but I urge you once again before I have to go public and enter the legal system with this information for human, moral and legal reasons:

**Please use all your influence to ensure that those involved finally and at lightning speed carry out the control experiments** (Prof. Zhang claims in an interview that he could have completed the RNA sequencing and alignment in 40 hours) **that will almost certainly refute the virus hypothesis elegantly and unequivocally, and which I will gladly finance and document.**

This offer still stands, but has not yet been taken up by anybody. It should actually not be a problem when working scientifically and it should silence all critics once and for all. Why is this still refused at this point? Please be of assistance here.

If this is not done, or if solid evidence is not presented, I will be forced to file criminal charges of fraud by abuse of position [Anstellungsbetrug] against the authors of the Task Force Policy Brief. These pretend to be scientific, but clearly violate scientific standards and the laws of thought and logic that precede any science. In doing so, they suppress health and life-related facts and, above all, the requirements for scientific work. In my opinion, the authors are jointly responsible for the corona hysteria and the direct and indirect damage to life and limb, as well as to the economy of the Swiss people. This situation leaves me no other choice, certainly understandable for you.

The reality of the consequences of the Corona policies, for which the virologists are responsible, forces me to act in order to prevent damage, especially from the children. I assume that you, as one of the most decorated scientists in Switzerland, have the same interest in finding truth, stopping unscientific conduct and enabling the people of Switzerland to live in peace, freedom and truth.

Please intercede for these people who are obviously wrong - and to err is human - to ensure that they can save face. For me as a Christian, the following applies: With people and not against them. **I would like to emphasize once again that I see the legal process as the very last resort**, but we must act as responsible people, despite all the suffering that is brought to us every day.

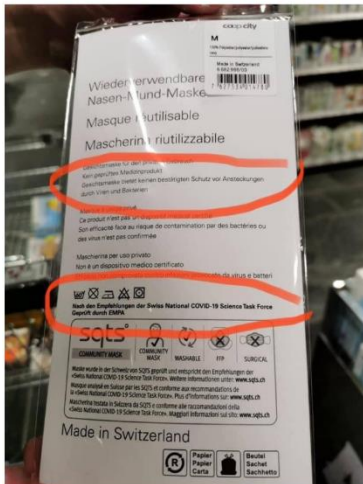
Dear Prof. Tanner, I got to know you - and I am very pleased about that - as a person of integrity and critical thinking. I appreciate you very much. You are in a key position. People listen to you. You are a wise man. Should I be disproved, I will gladly bear all the consequences. However, if not - and based on what we know so far, one has to assume that is the case - I am sure that you will do the right thing.

I wish you a good evening and look forward to a timely response.

Kind regards,

With best regards,

Sehr geehrter Herr Prof. Tanner,  
Wir haben immer noch keine Neugierde zu unserer letzten Email. Ich benötige hier nun ein abschließendes Statement.  
Dazu würde ich mich freuen, wenn Sie mir einen Kommentar zu dem angefügten Foto zur Verfügung stellen könnten. Vielen Dank und einen erfolgreichen Tag.



With best regards,

Dear Professor Tanner,

we still have no news on our last email. I need a final statement here.

In addition, I would appreciate if you could provide me with a comment on the attached photo.

the picture says:

Reusable nose and mouth mask.

Face mask for private use.

Not a tested medical product.

Face mask **does not offer confirmed protection against contamination by viruses or bacteria.**

**Based on the recommendations of the Swiss National COVID-19 Science Task Force.**

Tested by EMPA.

Thank you and have a great day.

Vor diesem Hintergrund ersuche ich das BAG, hier endlich Abhilfe zu schaffen und den bezeichneten Nachweis bis 10. Januar 2022 dem Absender vorzulegen.

**EINSCHREIBEN | 2-FACH**

An das Bundesamt für Gesundheit  
Bundesamt für Gesundheit BAG  
Frau Anne Levy, Direktorin  
Schwarzenburgstrasse 157  
3003 Bern  
Schweiz

Sollte die Existenz des SARS-Cov-2 Virus nur an seinem Aufbewahrungsort in der Schweiz überprüft werden können, werde ich gerne an diesen Ort kommen. Diesfalls müsste ich mich aber vor einer Fachperson begleiten lassen, welche die Fachkompetenz hätte, den angebotenen Nachweis auf seine Stichhaltigkeit hin überprüfen zu können.

Zürich, 28. Dezember 2021  
PK

Ich danke Ihnen für Ihre Bemühungen und verbleibe in Erwartung Ihrer Antwort bis 10. Januar 2022

Anfrage gestützt auf Art. 6 Bundesgesetz über das Öffentlichkeitsprinzip der Verwaltung (Öffentlichkeitsgesetz, BGÖ, SR 152.3)

Betr. REIN-ISOLAT SARS-Cov-2 | bis 10. Januar 2022

Mit freundlichen Grüssen

Sehr geehrte Frau Levy, sehr geehrte Damen und Herren

Philipp Kruse,  
Fürsprecher, LL.M.

Gestatten Sie bitte folgende Anfrage gestützt auf Öffentlichkeitsgesetz, deren Beantwortung für die Begründung sämtlicher epidemiologischer Massnahmen zur Abwehr von und Unterbrechung der Übertragung von SARS-Cov-2 eine erhebliche Rolle spielt.

**Bitte liefern Sie den Nachweis, dass das SARS-Cov-2 Virus gemäss den vier Kochschen Postulaten tatsächlich isoliert wurde, und dass dieses Virus in isolierter Form tatsächlich dem BAG oder der Corona-Task Force des Bundesrates in der Schweiz physisch vorliegt.**

Die Existenz dieses Virus hat bis heute reinen Behauptungscharakter, was erstaunt. Die behauptete Existenz von SARS-Cov-2 ist bis heute der eigentliche Dreh- und Angelpunkt für sämtliche Corona-Massnahmen des Bundesrates und für sämtliche Empfehlungen des BAG der letzten knapp 2 Jahre. Deshalb darf die Öffentlichkeit davon ausgehen, dass besagtes Rein-Isolat dem BAG seit Anbeginn der Pandemie in ausreichend viel Exemplaren vorliegt, und dass es dem BAG ein Leichtes ist, die Existenz des Virus in isolierter Form auch tatsächlich nachzuweisen.

## REGISTERED MAIL

Inquiry based on Art. 6 of the Federal Law on the Principle of Public Information in Administration (Public Information Law, BGÖ, SR 152.3)

re PURE ISOLATE SARS-Cov-2 I until January 10, 2022

“Dear Mrs. Levy, ladies and gentlemen

Please allow the following request based on the Information Act, the answer to which plays a significant role in justifying all epidemiological measures to prevent and interrupt the transmission of SARS-Cov-2.

**Please provide proof that the SARS-Cov-2 virus was actually isolated in accordance with Koch's four postulates and that this virus is actually physically available in isolated form to the BAG (Federal Office of Public Health FOPH) or the Corona Task Force of the Bundesrat (Federal Council in Switzerland).**

**To this day, the existence of this virus is purely assertive, which is astonishing. The alleged existence of SARS-Cov-2 is still the real linchpin for all corona measures of the Bundesrat and for all recommendations of the BAG in the last almost 2 years. The public can therefore assume that the BAG has had sufficient copies of the pure isolate in question since the beginning of the pandemic, and that it is easy for the BAG to actually prove the existence of the virus in isolated form.**

Against this background, I ask the BAG to finally remedy this and to submit the specified proof to the sender by January 10, 2022.

If the existence of the SARS-Cov-2 virus can only be verified at its storage location in Switzerland, I will be happy to come to this location. In this case, however, I would have to be accompanied by a specialist who would have the expertise to be able to check the validity of the evidence offered.

Thanking you for your efforts, I remain awaiting your reply by January 10, 2022

Kind regards

Phillip Kruse

Advocate, LL.M.

**Von:** Overhage Lorenz BAG  
**Gesendet:** Dienstag, 4. Januar 2022 16:50  
**An:** 'kruse@kruse-law.ch' <[kruse@kruse-law.ch](mailto:kruse@kruse-law.ch)>  
**Cc:** BAG-Media <[Media@bag.admin.ch](mailto:Media@bag.admin.ch)>  
**Betreff:** BGÖ 225-24/601 Rein-Isolat SARS-Cov-2 - Eingangsbestätigung

Sehr geehrte Kruse  
Wir bestätigen Ihnen den Eingang Ihres Zugangsgesuchs.  
Sollten wir Ihre Anfrage nicht innerhalb der gesetzlichen Frist beantworten können, werden wir uns bei Ihnen melden.

Freundliche Grüsse  
Lorenz Overhage  
MLaw

---

Eidgenössisches Departement des Innern EDI  
Bundesamt für Gesundheit BAG  
Abteilung Recht

Schwarzenburgstrasse 157,  
CH-3003 Bern  
Tel. +41 58 469 08 63  
[lorenz.overhage@bag.admin.ch](mailto:lorenz.overhage@bag.admin.ch)  
[www.bag.admin.ch](http://www.bag.admin.ch)

Subject: BGÖ 225-24/601 pure isolate SARS-Cov-2 - confirmation of receipt

Dear Mr. Kruse

We can confirm receipt of your access request.

If we cannot answer your request within the statutory period, we will contact you.

With kind regards

Lorenz Overhage

MLaw | Lawyer

EDI Federal Department of Home Affairs FDHA

BAG Federal Office of Public Health FOPH

Legal Department

Von: [lorenz.overhage@bag.admin.ch](mailto:lorenz.overhage@bag.admin.ch) <[lorenz.overhage@bag.admin.ch](mailto:lorenz.overhage@bag.admin.ch)>  
Gesendet: Dienstag, 18. Januar 2022 19:50  
An: [kruse@kruse-law.ch](mailto:kruse@kruse-law.ch)  
Cc: [Media@bag.admin.ch](mailto:Media@bag.admin.ch)  
Betreff: BGÖ 225-24/601 Rein-Isolat SARS-Cov-2 - Eingangsbestätigung

Sehr geehrter Herr Kruse

Wir beziehen uns auf Ihr Zugangsgesuch vom 28. Dezember 2021 betreffend Virusbeweis nach dem Kochschen Postulat.

Weder das BAG noch die Taskforce BAG Covid-19 haben die Aufgabe solche Erreger zu isolieren oder physisch aufzubewahren. Eine Dokumentation wie von Ihnen nachgefragt liegt somit nicht vor.

Zuständig für den Nachweis von SARS-CoV-2 ist das nationale Referenzlabor für neu auftretende Viruserkrankungen (NAVI) am Universitätsspital in Genf. Dieses setzt die Kochschen Postulate für den Nachweis von Viren nicht ein. Die vom NAVI eingesetzten Nachweismethoden sind wissenschaftlich anerkannt. Weitere Informationen zum NAVI finden Sie über diesen Link:

[Centre national de référence pour les infections virales émergentes | HUG - Hôpitaux Universitaires de Genève.](#)

Wir hoffen, Ihnen mit diesen Informationen zu dienen, und betrachten das Gesuch als erledigt.

Freundliche Grüsse  
Lorenz Overhage  
MLaw | Jurist

Eidgenössisches Departement des Innern EDI  
Bundesamt für Gesundheit BAG  
Abteilung Recht

Schwarzenburgstrasse 157,  
CH-3003 Bern  
Tel. +41 58 469 08 63  
[lorenz.overhage@bag.admin.ch](mailto:lorenz.overhage@bag.admin.ch)  
[www.bag.admin.ch](http://www.bag.admin.ch)

Subject: BGÖ 225-24/601 pure isolate SARS-Cov-2 - confirmation of receipt

Dear Mr. Kruse

We refer to your access request of December 28, 2021 regarding virus evidence according to Koch's postulate.

Neither the BAG nor the BAG Covid-19 task force have the task of isolating or physically storing such pathogens. A documentation as requested by you is therefore not available.

The national reference laboratory for new emerging viral diseases (NAVI) at the University Hospital in Geneva is responsible for detecting SARS-CoV-2.

This does not use Koch's postulates for the detection of viruses. The detection methods used by NAVI are scientifically recognized. More information about the NAVI can be found via this link:

[Centre national de référence pour les infections virales émergentes | HUG - Hôpitaux Universitaires de Genève.](#)

We hope to be of service to you with this information and consider the request closed.

With kind regards

Lorenz Overhage

MLaw | Lawyer



EDI Federal Department of Home Affairs FDHA  
BAG Federal Office of Public Health FOPH  
Legal Department

Philipp Kruse  
Fürsprecher, LL.M.

K R U S E | L A W

K R U S E | L A W

**EINSCHREIBEN | 2-FACH**  
Laboratoire de Virologie  
VIRO-CRIVE; NAVI  
Directeur: Dr. Pascal Cherpillod  
Bâtiment des Laboratoires  
4, rue Gabrielle-Perret-Gentil  
1211 Genf 14

Zürich, 24. Februar 2022  
PK

Anfrage gestützt auf Art. 6 Bundesgesetz über das Öffentlichkeitsprinzip der Verwaltung (Öffentlichkeitsgesetz, BGO, SR 152.3)

**Betr. Nachweis vermehrungsfähiges SARS-CoV-2; samt Kontrollexperimenten**

Sehr geehrter Herr Dr. Cherpillod

Mit Einschreiben vom 28. Dezember 2021 an das Bundesamt für Gesundheit hatten wir gestützt auf Art. 6 Bundesgesetz über das Öffentlichkeitsprinzip der Verwaltung (Öffentlichkeitsgesetz, BGO, SR 152.3) folgende Anfrage gestellt:

*[...] Bitte liefern Sie den Nachweis, dass das SARS-Cov-2 Virus gemäss den vier Kochschen Postulaten tatsächlich isoliert wurde, und dass dieses Virus in isolierter Form tatsächlich dem BAG oder der Corona-Task Force des Bundesrates in der Schweiz physisch vorliegt. [...]*

Eine Kopie der vollständigen Anfrage vom 28. November 2021 liegt hiermit bei, ebenso die Antwort des BAG, welche mit E-Mail vom 18. Januar 2022 bei uns eintraf und folgenden Inhalt hatte:

*[...] Weder das BAG noch die Taskforce BAG Covid-19 haben die Aufgabe solche Erreger zu isolieren oder physisch aufzubewahren. Eine Dokumentation wie von Ihnen nachgefragt liegt somit nicht vor.*

*Zuständig für den Nachweis von SARS-CoV-2 ist das nationale Referenzlabor für neu auftretende Viruserkrankungen (NAVI) am Universitätsspital in Genf. Dieses setzt die Kochschen Postulate für den Nachweis von Viren nicht ein. [...]*

Philipp Kruse  
Fürsprecher, LL.M.  
Talstrasse 20  
CH-8001 Zürich  
Zugelassen zu sämtlichen schweizerischen Gerichten  
Mitglied des Schweizerischen und des Zürcher Anwaltsverbandes

Telefon  
E-Mail  
kruse@kruse-law.ch

Damit hat die Existenz von SARS-CoV-2 auch im Februar 2022 nach wie vor reinen Behauptungscharakter.

Vor diesem Hintergrund ersuchen wir Sie als Chef des NAVI, hier endlich Abhilfe zu schaffen und uns den erforderlichen Nachweis möglichst umgehend vorzulegen.

**Konkret geht es vorlegend um den wissenschaftlich überprüfbaren Nachweis, dass:**

1. SARS-CoV-2 isoliert wurde, einen spezifischen viralen Erbgutstrang besitzt und
2. eine biologisch vermehrungsfähige Existenz aufweist, welche es befähigt, sich in einem menschlichen Organismus zu vermehren und dort eine Krankheitsaktivität hervorzurufen,

mitsamt

Quellenangaben von wissenschaftlichen Publikationen, welche die entsprechenden Kontrollexperimente zum Nachweis dieser Charaktermerkmale ausreichend dokumentieren.

In Anbetracht der fundamental grossen Bedeutung von SARS-CoV-2 für die Begründung weitreichender Massnahmen weltweit sowie auch in der Schweiz, gehen wir davon aus, dass der hiermit formulierte Nachweis eine reine Routine-Angelegenheit ist.

Ich danke Ihnen für Ihre Bemühungen und verbleibe in Erwartung Ihrer Antwort

Mit freundlichen Grüssen

Philipp Kruse,  
Fürsprecher, LL.M.

**Beilagen:**

- 1.) Anfrage betr. Virus-Isolat beim BAG gem. Einschreiben vom 28.12.2021;
- 2.) Antwort des BAG mittels E-Mail vom 18. Januar 2022.

2 | 2

## REGISTERED MAIL

Question based on Art. 6 of the Federal Law on the Principle of Public Information in Administration (Public Information Law, BGO, SR 152.3)

re Proof of reproductive SARS-Cov-2; including control experiments

Dear Dr. Cherpillod,

In a registered letter dated December 28, 2021 to the BAG (Federal Office of Public Health), we made the following request based on Art. 6 of the Federal Law on the Principle of Public Information in Administration (Public Information Law, BGO, SR 152.3):

"[...] Please provide evidence that the SARS-Cov-2 virus was actually isolated in accordance with Koch's four postulates and that this virus was actually physically available in isolated form to the BAG or the Corona Task Force of the Bundesrat (Federal Council) in Switzerland. [...]"

A copy of the complete request of November 28, 2021 is enclosed, as is the response from the BAG, which we received by email on January 18, 2022 and had the following content:

"[...] Neither the BAG nor the Taskforce BAG Covid-19 have the task of isolating or physically storing such pathogens. The documentation as requested by you is therefore not available.

The national reference laboratory for emerging viral diseases (NAVI) at the University Hospital in Geneva is responsible for detecting SARS-CoV-2. This does not use Koch's postulates for the detection of viruses. [...]

This means that the existence of SARS-CoV-2 is still an assertion without substance in February 2022.

Against this background, we ask you, as **head of NAVI**, to finally remedy the situation and to **present us with the necessary proof as soon as possible.**

Specifically, this is about the scientifically verifiable proof that:

1. SARS-CoV-2 has been isolated, has a specific viral genome, and
2. has a biologically reproducible existence, which enables it to multiply in a human organism and cause disease.

**Substantiated by scientific publications that adequately document the control experiments needed for the detection of these characteristics.**

In view of the fundamental importance of SARS-CoV-2 for the justification of far-reaching measures worldwide as well as in Switzerland, we assume that the proof formulated here is a mere routine job.

Thank you for your efforts and I remain awaiting your reply

Kind regards

Phillip Kruse,

Advocate, LL.M.

Attachments:

- 1.) Inquiry regarding virus isolate at the BAG according to registered letter of December 28th, 2021;
- 2.) Response from the BAG via email dated January 18, 2022.

**EINSCHREIBEN | 2-FACH**  
**Laboratoire de Virologie**  
**VIRO-CRIVE; NAVI**  
Directeur: Dr. Pascal Cherpillod  
Bâtiment des Laboratoires  
**4, rue Gabrielle-Perret-Gentil**  
**1211 Genf 14**

Zürich, 16. März 2022  
PK

**ERINNERUNG**

Anfrage gestützt auf Art. 6 Bundesgesetz über das Öffentlichkeitsprinzip der Verwaltung (Öffentlichkeitsgesetz, BGÖ, SR 152.3) vom 24.02.2022  
=> Nachweis vermehrungsfähiges SARS-CoV-2; samt Kontrollexperimenten

Sehr geehrter Herr Dr. Cherpillod

Mit Einschreiben vom 25. Februar 2022 hatten wir Sie um den Nachweis gebeten:

dass:

1. SARS-CoV-2 isoliert wurde, einen spezifischen viralen Erbgutstrang besitzt und
2. eine biologisch vermehrungsfähige Existenz aufweist, welche es befähigt, sich in einem menschlichen Organismus zu vermehren und dort eine Krankheitsaktivität hervorzurufen,

mitsamt

Quellenangaben von wissenschaftlichen Publikationen, welche die entsprechenden Kontrollexperimente zum Nachweis dieser Charaktermerkmale ausreichend dokumentieren.

Unserer Anfrage vom 24. Februar 2022 hatten wir unsere Vorkorrespondenz mit dem Bundesamt für Gesundheit (Anfrage betr. Virus-Isolat beim BAG gem. Einschreiben vom 28.12.2021 samt Antwort vom 18. Januar 2022) beigelegt und Ihnen damit erläutert, weshalb wir uns an Ihr Institut gewendet haben.

In unserem Telefonat vom 7. März 2022 (15:45) bestätigten Sie mir, unsere Anfrage an Ihre Experten im zuständigen Labor weitergeleitet zu haben.

Da die anordnenden Behörden für die faktischen Voraussetzungen ihrer epidemiologisch motivierten Massnahmen nach Epidemiengesetz beweisbelastet sind (Art. 36 Bundesverfassung), und weil dieser Nachweis bis dato von keiner Behörde der Schweiz erbracht wurde (nicht einmal in einem Gerichtsverfahren), besteht in objektiver Hinsicht ein erhebliches öffentliches Interesse an der Klärung der gestellten Fragen.

In Anbetracht der fundamental grossen Bedeutung von SARS-CoV-2 zur Rechtfertigung einmalig weitreichender Massnahmen gegenüber der Bevölkerung darf zudem davon ausgegangen werden, dass der Nachweis des Erregers im Sinne unserer Anfrage eine reine Routine-Angelegenheit darstellt.

Vor diesem Hintergrund bitte ich Sie höflich, unsere Anfrage vom 24. Februar 2022 nun zu beantworten und uns Ihre einlässliche Antwort mitsamt Quellenangaben **bis spätestens Freitag, 25. März 2022** zukommen zu lassen.

Ich danke Ihnen für Ihre Bemühungen und verbleibe

Mit freundlichen Grüssen

[gez.]

Philipp Kruse,  
Fürsprecher, LL.M.

**Beilagen:** ==

## REMINDER

Inquiry based on Art. 6 of the Federal Law on the Principle of Public Information in Administration (Public Information Law, BGÖ, SR 152.3) of February 24th, 2022

=> Proof of reproducible SARS-Cov-2; including control experiments

Dear Dr. Cherpillod,

In a registered letter dated February 25, 2022, we asked you for proof:

that:

1. SARS-CoV-2 has been isolated, has a specific viral genome, and
2. has a biologically reproducible existence, which enables it to multiply in a human organism and cause disease.

Substantiated by scientific publications that adequately document the control experiments needed for the detection of these characteristics.

We enclosed our previous correspondence with the BAG (Federal Office of Public Health) with our request of February 24, 2022 (request regarding virus isolate at the BAG according to registered letter of December 28, 2021 and reply of January 18, 2022) and explained to you why we were contacting your institute.

In our phone call on March 7, 2022 (3:45 p.m.), you confirmed that you had forwarded our request to your experts in the responsible laboratory.

Since the ordering authorities are under the burden of proof for the factual prerequisites of their epidemiologically motivated measures under the Epidemics Act (Article 36 of the Federal Constitution), and because this proof has not been provided by any Swiss authority to date (not even in court proceedings), there is a considerable objective public interest in clarifying the questions asked.

In view of the fundamental importance of SARS-CoV-2 to justify unprecedented far-reaching measures against the population, it can also be assumed that the detection of the pathogen in the sense of our request is a mere routine job.

Against this background, I politely ask you to answer our request of February 24, 2022 and to send us your thorough answer, including references, by Friday, March 25, 2022 at the latest.

Thank you for your efforts, I remain

Kind regards

Phillip Kruse,

Advocate, LL.M.



Kantonsspitalär Genf, 24. März 2022.

Vorab per E-Mail:  
[kruse@kruse-law.ch](mailto:kruse@kruse-law.ch)

Herrn  
RA Phillip Kruse  
Talstrasse 20  
CH-8001 Zürich

Ihr Schreiben vom 24. Februar 2022

Sehr geehrter Herr Rechtsanwalt

Hiermit bestätige ich den Empfang Ihres Schreibens vom 24. Februar 2022 an Herrn Dr. Manuel Schibler und Herrn Pascal Cherpillod, Biologen, die beide dem Dienst für Labormedizin angehören. Ihr Schreiben wurde mir zuständigkeitsshalber weitergeleitet. Ihr Inhalt hat meine vollste Aufmerksamkeit gefunden.

Sie baten um Beweise für die Existenz von SARS-CoV-2 und in Ihrem Antrag ging es auch um die Beantwortung einiger grundlegender virologischer Fragen über das SARS-CoV-2-Virus und insbesondere seine Fähigkeit, menschliche Zellen zu infizieren. Sie berufen sich auf die Gesetze zur Transparenz des Staates, d. h. das LIPAD in Genf.

Was den ersten Punkt betrifft, so ist es nicht unsere Aufgabe, darauf zu antworten, und wir verweisen Sie auf die zahlreichen Berichte nationaler und internationaler Organisationen sowie auf die zahlreichen veröffentlichten Studien aller Art zu diesem Thema. Wir weisen darauf hin, dass wir bereit sind, Ihre anderen Fragen zu beantworten, auch wenn die unten aufgeführten Elemente und vorgelegten Beweise offensichtlich öffentlich und bekannt sind und vor allem von den Behörden unseres Landes und der wissenschaftlichen Gemeinschaft nicht in Frage gestellt werden. Für weitere Informationen bitten wir Sie schon, sich auf diese umfangreiche Dokumentation zu beziehen.

Was die wissenschaftlichen Elemente betrifft, so stellen Ihnen Dr. Manuel Schiber und Pascal Cherpillod verschiedene Elemente vor, die hoffentlich Ihre Zweifel und Fragen beantworten werden und die insbesondere auf drei Artikeln basieren, die im Anhang enthalten sind und einen Teil Ihrer Aktivitäten in Bezug auf SARS-CoV-2 zusammenfassen:

-Das SARS-CoV-2-Virus wurde Ende des Jahres 2019 in Wuhan in China nachgewiesen, nachdem Patienten mit atypischer Lungenentzündung untersucht worden waren, bei denen alle routinemässigen Screening-Tests auf Viren oder Bakterien, die diese Symptome verursachen könnten, negativ waren.

-Der Erreger wurde durch die gleichzeitige Analyse von Zellkulturen/Elektronenmikroskopie und neuartiger Sequenzierung von Nasen- und Rachenabstrichen von symptomatischen

Patienten entdeckt. Es handelte sich um ein Virus aus der Familie der Coronaviridae, einer Familie mit einem sehr breiten Wirtsspektrum unter den Wirbeltieren. Es ist ein Tiervirus, das die Artengrenze überschritten hat und in der Lage ist, den Menschen zu infizieren und sich effektiv zu verbreiten.

-In unserem Labor vermehren wir regelmäßig SARS-CoV-2 und alle seine Varianten einschließlich Omicron auf Zellen menschlichen Ursprungs. Wir beobachten zytopathogene Effekte, die unter dem Lichtmikroskop sichtbar sind. Die PCR (sensitive and specific detection technique), die an diesen Kulturen durchgeführt wurde, zeigen einen deutlichen Anstieg der Virusmenge in Abhängigkeit von der Inkubationszeit, was eine aktive Vermehrung dieser Viren auf diesem menschlichen Substrat belegt.

-Symptomatische Patienten, die ins Krankenhaus eingeliefert wurden, wurden bis zu ihrer Genesung regelmäßig auf PCR getestet. Der Vergleich der in den Nasen-Rachen-Abstrichen gefundenen Viruslast entsprach der Entwicklung ihres Gesundheitszustandes: viele Viren bei der Einweisung in das Krankenhaus, keine oder nur wenige bei der Entlassung.

-Aus medizinischen Gründen wurden bei einigen symptomatischen Patienten Breitband-PCR-Tests durchgeführt, die auf die meisten bekannten respiratorischen Viren (Erkältung, Grippe, Respiratory Syncytial Virus, Paramyxovirus usw.) abzielten. Bei der Mehrheit von ihnen wurde nur SARS-CoV-2 nachgewiesen. Wir können also bei diesen Patienten die Atemwegssymptome, an denen sie litten, eindeutig mit dem Vorhandensein des SARS-CoV-2-Virus durch PCR in Verbindung bringen.

-Im Rahmen von Screenings des Gesundheitspersonals und der Allgemeinbevölkerung wurden einige Personen, die keine oder nur wenige Symptome zeigten, mittels PCR positiv auf SARS-CoV-2 getestet. Asymptomatische Virustransfers sind seit langem auch für andere Viren bekannt.

-Zu Ihrer Information: In den Krankenakten unserer Patienten finden sich Tausende von COVID-19-Fällen, die durch positive Laboregebnisse dokumentiert sind, zahlreiche Krankenhausaufenthalte, darunter auch auf der Intensivstation, sowie zahlreiche Todesfälle, die auf COVID-19 und seine Komplikationen zurückzuführen sind.

Was Kochs Postulate betrifft, die wissenschaftlich robust und interessant sind, so ist es offensichtlich ethisch nicht möglich, sie heutzutage zu testen."

Ich wünsche Ihnen einen guten Empfang dieses Schreibens, und verbleibe

mit freundlichen Grüßen,

Stéphanie Studer Scherl, RA  
Rechtsdienst des HUG

Kopie: Dr. Manuel Schibler; Hr. Pascal Cherpillod

Your letter of February 24, 2022

Dear attorney [Kruse],

I hereby confirm receipt of your letter dated February 24, 2022 to Dr. Manuel Schibler and Mr. Pascal Cherpillod, both biologists belonging to the Laboratory Medicine Service. Your letter has been forwarded to me as a matter of responsibility. Your content has got my full attention.

You asked for proof of the existence of SARS-CoV-2 and your request also sought to answer some basic virological questions about the SARS-CoV-2 virus, in particular its ability to infect

human cells. You refer to the laws of transparency of the state, i.e., the LIPAD (Loi sur l'information du public, l'accès aux documents et la protection = Law on Public Information, Access to Documents and Protection) in Geneva.

With regard to the first point, it is not our task to answer it and we refer you to the numerous reports of national and international organizations and to the numerous studies of all kinds published on the subject. We note that although the elements listed below and the evidence presented are obviously public and known, and most importantly undisputed by the authorities of our country and the scientific community, we are ready to answer your other questions. For more information, we kindly ask you to refer to this extensive documentation.

As for the scientific elements, Dr. Manuel Schibler and Pascal Cherpillod propose various elements that I hope will answer your doubts and questions, based in particular on three articles included in the appendix that summarize part of their activities related to SARS-CoV-2:

- The SARS-CoV-2 virus was detected in Wuhan, China, at the end of 2019 after examining patients with atypical pneumonia who all returned negative routine screening tests for viruses or bacteria that could cause these symptoms.
- The pathogen was discovered through the simultaneous analysis of cell cultures/electron microscopy and novel sequencing of nasal and throat swabs from symptomatic patients. It was a virus from the family Coronaviridae, a family with a very broad host range among vertebrates. It is an animal virus that has crossed the species barrier and is capable of infecting humans and spreading effectively.
- In our laboratory we regularly propagate SARS-CoV-2 and all its variants including Omicron on cells of human origin. We observe cytopathogenic effects visible under the light microscope. The PCR (sensitive and specific detection technique) performed on these cultures shows a significant increase in the amount of virus as a function of incubation time, demonstrating an active replication of these viruses on this human substrate.
- Symptomatic patients admitted to the hospital were regularly tested for PCR until recovery. The comparison of the viral load found in the nasopharyngeal swabs corresponded to the development of their state of health: many viruses on admission to the hospital, none or only a few on discharge.
- For medical reasons, broad-spectrum PCR testing targeting most known respiratory viruses (cold, influenza, respiratory syncytial virus, paramyxovirus, etc.) was performed in some symptomatic patients. Only SARS-CoV-2 was detected in the majority of them. So, in these patients, we can clearly link the respiratory symptoms they were suffering from to the presence of the SARS-CoV-2 virus by PCR.
- As part of screenings of health workers and the general population, some people who showed no or few symptoms tested positive for SARS-CoV-2 by PCR. Asymptomatic virus transfers have also been known for other viruses for a long time.
- For your information, our patient records contain thousands of COVID-19 cases documented by positive laboratory results, numerous hospitalizations, including in intensive care units, and numerous deaths related to COVID-19 and its complications.

As for Koch's postulates, which are scientifically robust and interesting, it is obviously not ethically possible to test them today.

I wish you a good reception of this letter, and remain

With best regards,

Stephanie Studer Scherl, Attorney at Law

Legal department of the HUG

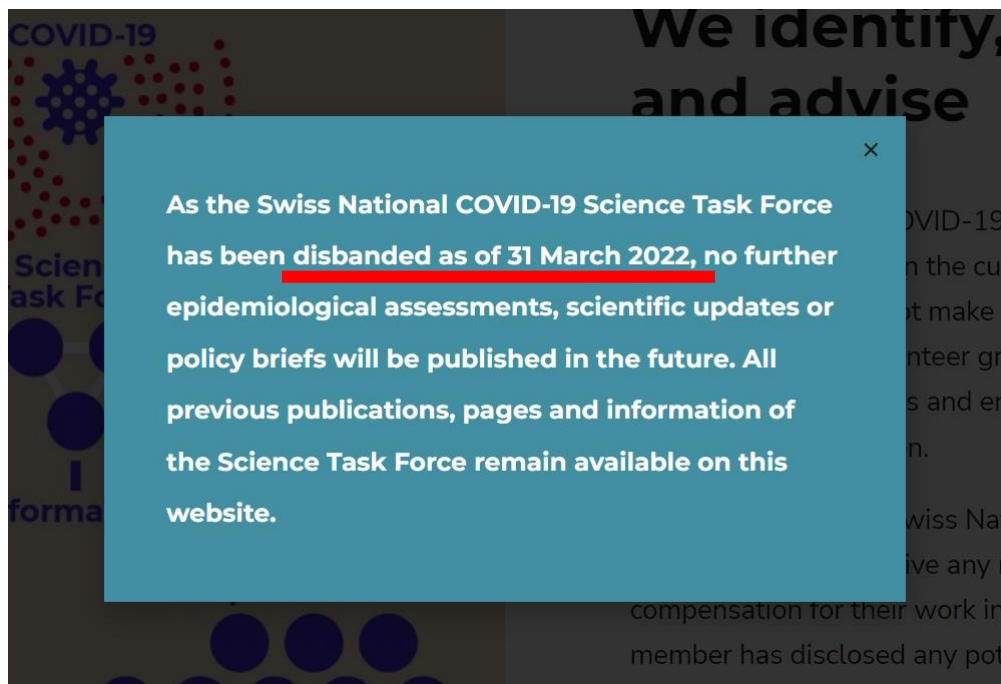
copy: Dr. Manuel Schibler; Mr. Pascal Cherpillod

Attached articles:

1. Culture-Competent SARS-CoV-2 in Nasopharynx of Symptomatic Neonates, Children, and Adolescents  
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7510703/>
2. Viral RNA Load in Mildly Symptomatic and Asymptomatic Children with COVID-19, Seoul, South Korea  
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32497001/>
3. Estimating clinical SARS-CoV-2 infectiousness in Vero E6 and primary airway epithelial cells  
[https://www.thelancet.com/journals/lanmic/article/PIIS2666-5247\(21\)00216-0/fulltext](https://www.thelancet.com/journals/lanmic/article/PIIS2666-5247(21)00216-0/fulltext)

## Final Point

One can only wonder how this correspondance has influenced the actual policies in Switzerland.



# THANK YOU Corona\_Fakten!

### Sources:

- <https://telegra.ph/Schriftlich-Best%3%A4tigt-Niemand-kennt-eine-Publikation-in-der-SARS-CoV-2-bewiesen-wurde-01-17>
- <https://telegra.ph/Schriftlich-best%3%A4tigt---Forscher-k%C3%B6nnen-keinen-Nachweis-f%C3%BCr-ein-krankmachendes-Virus-erbringen---Teil-2-01-23>
- <https://telegra.ph/Schriftlich-best%3%A4tigt---TEIL---Forscher-k%C3%B6nnen-keinen-Nachweis-f%C3%BCr-ein-krankmachendes-Virus-erbringen-02-13>
- <https://telegra.ph/Schriftlich-best%3%A4tigt---TEIL-4---Forscher-k%C3%B6nnen-keinen-Nachweis-f%C3%BCr-ein-krankmachendes-Virus-erbringen-04-05>