



„Das ganze Konstrukt ist eine Biowaffe“

Neue peer-reviewte Forschungen, die in diesem Jahr erstmals auch von der WHO diskutiert wurden, zeigen mit an Sicherheit grenzender Wahrscheinlichkeit, dass das Coronavirus menschengemacht ist. Bislang so gut wie unbekannt: Mit mindestens 15 auf den Menschen angepassten Bindungswegen ist es auf maximale Schadwirkung konstruiert. Das Virus – aber auch die Impfstoffe –, sind, so zeigen die Erkenntnisse, tatsächlich „Langzeitbiowaffen“, deren Wirkung sich erst über Jahre entfaltet, da Krankheitsprozesse ausgelöst werden, die oft nicht unmittelbar tödlich sind. Multipolar hat den Rechercheur Dirk Gerhardt interviewt, der die Studienlage kennt. Fazit: Alle müssen umdenken – nicht nur die Impfbefürworter, sondern auch diejenigen, die das Virus bislang für kaum gefährlich hielten.

PAUL SCHREYER, 12. Juni 2025, 0 Kommentare, PDF

Vorbemerkung der Redaktion: Das folgende Interview enthält zahlreiche wissenschaftliche Fachbegriffe. Für ein besseres Verständnis wurde daher ein Glossar mit Erklärungen zusammengestellt, das [hier als PDF heruntergeladen](#) werden kann. Etwa 200 wissenschaftliche Studien, die die folgenden Aussagen belegen, wurden im Text verlinkt. Die fachlichen Aussagen des Interviewpartners zum Virusgenom sowie das Glossar wurden zudem vor Veröffentlichung von einer promovierten Virologin auf Richtigkeit überprüft.

Multipolar: Wir sprechen heute über ein brisantes Thema mit schwer fassbaren Folgen. Zunächst möchte ich Dich kurz vorstellen, denn Du bist in den Medien bislang nicht in Erscheinung getreten. Ich kenne Dich seit über zehn Jahren als hervorragenden Rechercheur und Analysten von Datenmengen, die so komplex sind, dass die meisten davor kapitulieren. Du arbeitest Dich sehr tief ein, sehr präzise. Wir haben in der Vergangenheit, vor Corona, als Rechercheteam schon intensiv zusammengearbeitet. Du hast keinen beruflichen Hintergrund im medizinischen oder

wissenschaftlichen Bereich und arbeitest seit vielen Jahren im Controlling eines international tätigen Unternehmens. Daneben liest Du wissenschaftliche, insbesondere medizinische Studien.

Gerhardt: Das ist richtig. Grundsätzliche Biologie-Kenntnisse, auch in Genetik, besitze ich allerdings.

Multipolar: Auf Deine persönliche Motivation, die ist wichtig, werden wir am Ende des Gesprächs noch eingehen. Seit 2020 verfolgst Du nun die wissenschaftliche Studienlage rund um das Coronavirus. Und da gibt es Neuigkeiten, auf die Du mich hingewiesen hast. Im Dezember 2024 veröffentlichte ein deutscher Forscher im Bereich Bioinformatik, Dr. Andreas Martin Lisewski, der als Hochschullehrer in Bremen tätig ist, ein peer-reviewtes Forschungspapier zur genetischen Struktur des Coronavirus. Die Veröffentlichung des Papiers ist selbst ein Krimi. Sie hat zwei Jahre gedauert. Allein das Preprint dafür zu veröffentlichen, also die erste Version der Arbeit, schien zunächst unmöglich, denn drei große amerikanische Preprint-Server löschten es laut Lisewski ohne Begründung, offenbar, weil es politisch heikel war. Nun ist das Papier aber da, mit Peer Review, erschienen in einem Fachjournal, das zu Springer Nature gehört, einem der großen Wissenschaftsverlage. Der Inhalt ist brisant. Lisewski hat entdeckt, das zu einem zentralen Teil des Spike-Proteins des Coronavirus, nämlich der Furinspaltstelle, eine, Zitat, „exakte Blaupause“ in einem MERS-Virus existiert, das 2017 in einem Labor erzeugt wurde. Das ist vollkommen neu. Diese Blaupause wurde offenbar in das Coronavirus künstlich eingefügt. Ein Laborursprung wird damit nahezu zur Gewissheit. Kurz zum allgemeinen Verständnis: Wofür ist dieser offenbar künstlich eingefügte Teil des Virus verantwortlich?

Gerhardt: Das Coronavirus hat ja diese Stachel, diese Spike-Proteine und die Spike-Proteine sind diejenigen, die sich an die Zellmembranen des Menschen haften und mit einem Teil, das sich Rezeptorbindungsdomäne nennt, erkennen, wo sie hin wollen. Die Spike-Proteine haben zwei Untereinheiten, S1 und S2. In der Mitte findet sich beim Corona-Virus SARS-CoV-2 eine Besonderheit, eine sogenannte Furinspaltstelle, die dafür sorgt, dass es sich besser teilt. Sie ist bei anderen SARS-ähnlichen Betacoronaviren an der Stelle nicht enthalten und deshalb waren diese Viren zuvor auch für den Menschen weniger ansteckend. Daher kam es auch beim ersten SARS-Ausbruch 2003 zu keiner großen Pandemie. Die Furinspaltstelle selbst hat man zum Beispiel schon 1992 in Influenzaviren entdeckt und dann getestet, in welchem Maße sie zur Ansteckung führt, je nachdem, aus welchen Nukleotiden die Furinspaltstelle besteht. Wie gut lässt es sich spalten? Wie gut kann das Furin aus Menschen oder Tieren diese Furinspaltstelle erkennen und zerteilen?

Multipolar: Das Virus erreicht dadurch also mehr Zellen des Körpers?

Gerhardt: Genau. Und es hat noch einige andere Funktionen, auf die ich später zurückkommen werde. Lisewski hatte sich ja auf drei Funktionen konzentriert, nicht nur auf die Furinspaltung selbst, sondern auch darauf, dass es ein NLS, ein „Nuclear Localization Signal“ hat – also ein Kernlokalisierungssignal, was die Wissenschaftlerin Sarah Sattar gemeinsam mit Kollegen 2023 beschrieb, sowie zwei O-Glykolisierungsstellen. Er hat geschaut, ob es diese drei Eigenschaften in der Datenbank gibt und hat dann diesen MERS-Furinspaltstellen-Klon gefunden.

Multipolar: Was bedeuten diese Eigenschaften? Was macht das mit dem Virus?

Gerhardt: Die O-Glykolisierungsstellen um die Furinspaltstelle schützen das Genom des Virus vor Entdeckung durch eine Immunabwehr. Es werden Zuckerreste an ein Molekül angelagert. Das Kernlokalisierungssignal kann Moleküle oder Viren in den Zellkern einer Zelle bringen. Das Virus ist damit grundsätzlich gefährlicher, besser getarnt, und vor Zellabbauprozessen geschützt.

Multipolar: Gegenüber Multipolar erklärte Lisewski, dass er zu seinem Papier seit dem 2. Januar dieses Jahres in Austausch mit Christian Drosten steht, der sich gegenüber einer MERS-Ursprungshypothese insgesamt aufgeschlossen gezeigt hat. An dieser Stelle wird es nun auch politisch brisant, denn Drosten initiierte aufgrund von Lisewskis Forschungspapier eine Sondersitzung einer WHO-Arbeitsgruppe. Das ist die sogenannte SAGO, die „Scientific Advisory Group for Origins of Novel Pathogens“, eine Arbeitsgruppe der WHO, die sich seit 2021 mit dem Virusursprung befasst. Drosten ist da Mitglied, neben mehreren Dutzend anderen internationalen Forschern. Er hat veranlasst, dass am 18. Februar eine Sondersitzung dieser WHO-Arbeitsgruppe stattfand, auf der er Lisewskis Forschung vorstellte. Multipolar hat erfahren, dass die Daten bei der WHO auf großes Interesse gestoßen sind. Demnächst soll ein „independent assessment“ veröffentlicht werden, also eine Einschätzung der WHO. Der Bericht dazu ist laut einem SAGO-Mitglied bereits finalisiert. Ende Mai erfuhr Lisewski von der SAGO-Vorsitzenden Marietjie Venter, dass der Bericht sich derzeit allerdings immer noch in der WHO-internen Beratung und Bearbeitung befindet und „hoffentlich“ in den kommenden Monaten veröffentlicht werden könne.

Lisewski hat die Vortragsfolien, die er für Drosten anfertigte, am 10. Mai wissenschaftlich veröffentlicht. Auf diese Veröffentlichung hast Du mich hingewiesen, was auch der Anlass unseres Interviews ist. Bei Multipolar hatten wir im März schon einmal in einer Meldung Lisewskis Entdeckung am Rande erwähnt. Die Brisanz ist mir damals aber noch nicht aufgegangen. Ich denke, das geht vielen so – es kursiert einfach eine solche Fülle von Studien und Forschungspapieren zu diesem Thema, dass man als Laie oft nur schwer einschätzen kann, wie relevant etwas ist.

Um es besser einzuordnen, vielleicht noch ein paar Worte zum politischen Hintergrund. Es ist ja auffällig, dass gerade Christian Drosten, der jahrelang die Unwahrscheinlichkeit eines Laborursprungs betont hat, nun plötzlich offen für eine Prüfung zu sein scheint. Die ganze Debatte lässt sich nicht von Politik trennen. Die neue Trump-Regierung inklusive CIA hat sich ja im Januar dieses Jahres ganz offiziell hinter die Laborhypothese gestellt. Danach gab es im März einen großen Medienbericht von ZEIT und Süddeutscher Zeitung zusammen, die enthüllten: Der BND hat die Bundesregierung schon 2020 über einen wahrscheinlichen Laborursprung informiert. Das wurde die ganzen Jahre geheim gehalten.

Aber wie kam diese Enthüllung überhaupt in die Medien? Warum hat die Öffentlichkeit das jetzt erfahren? Viele sind skeptisch und sagen, wenn das jetzt von den großen Zeitungen kommt, dann soll den Leuten doch wieder nur Angst gemacht werden, das würde alles gar nicht stimmen. Der Hintergrund ist aber offenbar, dass nach dem Bruch der Regierungskoalition im November 2024 die Scholz-Regierung diese Debatte intern eröffnet hat, weil sie befürchtete, dass kritische Fragen auftauchen, wenn eine neue Regierung unter Merz im Kanzleramt auf eine weggeschlossene Geheimbewertung des BND stößt. Vor den Folgen dieser Entdeckung hatte man offenbar Angst und ist deshalb auf den letzten Metern der eigenen Amtszeit in die Offensive gegangen. Die Scholz-Regierung hat jedenfalls im Dezember 2024 die Erkenntnisse des BND erstmals einer handverlesenen und, Zitat, „zur Geheimhaltung verpflichteten Gruppe von Wissenschaftlern mitgeteilt“, wie ZEIT und Süddeutsche schreiben. Darunter waren Christian Drosten und Lars Schaade vom RKI. Die Gruppe hat sich kurz vor Weihnachten getroffen, anschließend im Januar 2025 und dann nochmal im Februar. Man beriet erstmals wissenschaftlich auf höchster Ebene über diese BND-Erkenntnisse zum Laborursprung, nach fast fünf Jahren.

Das alles geschah ungefähr gleichzeitig mit der Veröffentlichung von Lisewski, die aber, wie gesagt, auch schon mehrere Jahre Vorlauf hatte. Außerdem wurden am 2. Januar kritische Fragen an Drosten veröffentlicht, anonym und sehr kenntnisreich, mit Blick auf Drostens eigene Gain-of-function-Forschung an Viren. Leute wie Drosten bekommen

jetzt also von mehreren Seiten mit, hier dreht sich politisch und fachlich etwas, das auch für sie bedrohlich werden kann. Und nun präsentiert er selbst die brisanten Daten der WHO, treibt die Aufklärung also gewissermaßen persönlich voran, was ihm im neuen politischen Umfeld vielleicht nützt.

Aber jetzt von der Politik zurück zur fachlichen Bedeutung. In einem Interview habe ich dieses Jahr gesagt, dass das Virus, auch wenn es aus dem Labor kam, offenbar doch nicht so gefährlich war, da es 2020 ja keine Übersterblichkeit in Deutschland gab, auch nicht in Schweden, also unabhängig von den Maßnahmen. Du hast Dich nach diesem Interview bei mir gemeldet und gesagt, diese Schlussfolgerung kannst Du nicht teilen. Dein Argument: Viele Menschen sterben an den Folgen von Erkrankungen, die das Virus auslöst, aber erst mit großer Zeitverzögerung. Das wird deshalb oft nicht in Zusammenhang gebracht. Du sagst, es handelt sich um eine „Langzeitbiowaffe“ und Du sprichst von insgesamt 15 Rezeptor- und Bindungswegen des Virus und von 15 Merkmalen in der Furinspaltstelle, die speziell auf den Menschen angepasst sind. Kannst Du das genauer ausführen?

Gerhardt: Ja, es sind mindestens 15 Rezeptorwege. ACE2, der primäre Weg, worauf sich die Öffentlichkeit konzentrierte, als weit verbreiteter Rezeptor in menschlichen Zellen, aber daneben auch NRP-1, CD147, DC-SIGN/L-SIGN, AXL, ASGR1, KREMEN1, MR, MGL, GRP78, Integrine über RGD-Peptid, TMEM106B sowie Sialinsäure-bindende Wege und CEACAM.

Multipolar: Diese Kürzel werden nur hochspezialisierten Fachleuten etwas sagen. Ein Punkt ist aber allein schon die reine Anzahl dieser Bindungswege, richtig?

Gerhardt: Es gibt meines Wissens kein anderes Virus auf der Welt, das über so viele Bindungs- und Rezeptorwege verfügt. Die Vielzahl an Zellrezeptoren, über die SARS-CoV-2 eindringen kann, ist einzigartig unter den bekannten Coronaviren. Es scheint, als hätte dieses Virus nicht nur einen Hauptweg, sondern gleich ein ganzes Arsenal an Eintrittstoren. Diese Strukturvielfalt kann durch natürliche Evolution kaum erklärt werden – sie passt aber exakt zu Strategien, die 2018 im sogenannten DEFUSE-Proposal für die Entwicklung eines Pan-Coronavirus-Impfstoffs vorgeschlagen wurden: die serielle Passage in humanisierten Tieren, die Kombination verschiedener Spike-Fragmente, der Einbau von Glykanschilden und Furinspaltstellen sowie der Einbau von DC-SIGN als zusätzlicher Rezeptorweg.

Multipolar: All das wurde 2018 in einem US-Forschungsantrag vorgeschlagen: Project Defuse.

Gerhardt: Dazu kommt: Diese multibasische, polyfunktionale Furinsspaltstelle hat neben den von Lisewski vorgestellten Merkmalen noch weitere ungewöhnliche Features. Dazu gehören die Bildung einer separaten Heperansulfat-Bindestelle – die ist selbst ein Hinweis auf Laborherkunft, da solche Bindestellen unbeabsichtigt in Verozellen entstehen können –, eine Homologie zum menschlichen ENaC-alpha Kanal (woran auch vorher geforscht wurde), die umgekehrte Komplementarität zu MSH3 – und 19 Nukleotiden eines Moderna Patents aus dem Jahr 2016 –, die Bindung an nAChR, die Bindung an NRP-1 über das CendR-Motiv, die Flexibilität der Schleifen und Länge der Schleifen, die Induktion von Synzytien, die Superantigen-Charakteristika mit Toxin-Ähnlichkeit, außerdem Auswirkungen auf das Mikrobiom und die Mitochondrien, potenziell amyloid, und CGG CGG Codons für die Aminosäure Arginin, die auf den Menschen angepasst sind. Dazu eine HLA-Bindung und positive Ladung. Das Virus benutzt auch mindestens acht oder neun menschliche Proteasen, also Enzyme, zur Spaltung. Das bekannte Furin, welches bislang im Hauptfokus lag und überall im Körper exprimiert wird, daneben aber auch noch Trypsin, Plasmin, PCSKs, Faktor XA, Elastase, an der Furinspaltstelle S1/S2, TMPRSS2, HAT, Cathepsin B/L, Trypsin und Elastase an der zweiten Furinspaltstelle in S2. Das gibt es sonst so auch nicht.

Diese Vielzahl an Rezeptoren, Bindungswegen, Proteasen und tatsächlichen Bindungen an Zellen und Molekülen sind nicht allgemein bekannt. Durch die sogenannten Zoonose-Vertreter wurde anfangs eine falsche Spur gelegt und die Anzahl der ungewöhnlichen Features und Anomalien auf zwei begrenzt: eine sogenannte „suboptimale“ Furinspaltstelle sowie Glycans im Paper „Proximal Origin“, obwohl man intern mindestens sechs Anomalien fand, und Autoren des Papers sich darüber lustig machten. Diese wurden dann mit fadenscheinigen Argumenten weg erklärt. Andere Forschung musste zurückgezogen werden oder wurde jahrelang durch ablehnende Editoren oder Peer Review verzögert oder verhindert. Tatsächlich ist die reine Anzahl dieser Anomalien ein Hinweis auf eine künstliche Erschaffung des Virus, also für eine Laborherkunft.

In der Ursprungsvariante, dem sogenannten Wildtypus, war das Virus sehr gefährlich, aber noch nicht pandemiefähig. Die RBD, die Rezeptorbindungsdomäne, war schon an den Menschen angepasst, aber die Furinspaltstelle war so künstlich, dass sie praktisch sofort zurückmutiert ist, als das Virus freigesetzt wurde. Schon im Februar 2020 wurde dann die sogenannte D614G-Mutation beobachtet, die betroffene Zellen zehn Mal effizienter infiziert hat, als der Wildtyp. Das Virus wurde damit sehr infektiös.

Multipolar: Was ist D614G?

Gerhardt: D614G war die erste dominante Mutation im Spike-Protein von SARS-CoV-2. Sie machte das Virus ansteckender, indem sie das Spike-Protein stabiler und infektiösbereiter machte. Interessant ist, dass sie praktisch gleichzeitig weltweit auftauchte und sich schnell durchsetzte. Und man wusste schon seit 2006, dass diese Mutation, damals in SARS noch an Position 613, das Virus viel gefährlicher machte, was auch noch mal 2013 bestätigt wurde. Ich vermute, den Machern hinter dem Virus war bekannt, dass es in der freien Wildbahn schnell in diese stabilere, mehr offene Position der drei Bindungsarme mutieren würde.

Multipolar: Warum nun aber „Langzeitbiowaffe“?

Gerhardt: Ich spreche von einer Langzeitbiowaffe, weil der Wirtszellotropismus, also die Fähigkeit des Virus, bestimmte Zelltypen zu infizieren, so hoch ist, dass beinahe sämtliche Zellen des Körpers aufgeschlossen werden können und das Virus auch überall persistieren, also dauerhaft bleiben kann. Es gibt verschiedene Viren, die persistieren, wie EBV oder HIV. Andere Viren können das auch. Wenn man sich SARS-CoV-2 anschaut, dann kann das fast alles, was andere Viren auch können, aber eben in einem Virus vereint. Und das ist einfach unwahrscheinlich, dass es solch eine vielfache Pathogenität, also Fähigkeit zur gesundheitlichen Schädigung gibt und dieses eine Virus so viele dieser Eigenschaften hat. Es nutzt Exosomen zur Verbreitung, baut das Aktin-Netzwerk um, macht Filopodien und Tunneling Nanotubes, nutzt wie Influenza Lipid Rafts, bildet Synzytien, also die Verschmelzung einzelner Zellen zu Riesenzellen, kann wahrscheinlich auch Bakterien im Mikrobiom infizieren. Es wurde gebaut, um zu bleiben. Alle seine Eigenschaften – Persistenz, Vielseitigkeit, Entzündlichkeit – deuten darauf hin.

Multipolar: Es gibt ein amerikanisches Forschungspapier aus dem Jahr 2023 von Sarah Sattar und fünf anderen Forschern, darunter Friederike Feldmann, die beim NIAID tätig ist, also dem staatlichen US-Forschungsinstitut für Infektionskrankheiten, die gemeinsam veröffentlicht haben, dass das Spike-Protein von SARS-CoV-2 aufgrund der Furinspaltstelle in Zellkerne eindringen kann. Ist das richtig?

Gerhardt: Ja. Das nennt man ein Kernlokalisierungssignal, „pat7“. Es kann mittels Importinen-Proteinen Proteine in den Zellkern bringen. Sie erkennen das Signal und können das zu transportierende Protein an den

Kernporenkomplex binden.

Multipolar: Was passiert, wenn das Virus in den Zellkern eindringt? Was macht das für einen Unterschied?

Gerhardt: Wenn ein Virus in den Zellkern eindringt, dann kann es dort Prozesse der Zellteilung und Genregulation stören, sich selbst in das Genom einbauen, eventuell onkogen, also krebserregend wirken und zu chronischen Infektionen oder Autoimmunkrankheiten führen. Man hat immer gesagt, das kann nicht passieren, da Zellen einen Schutz haben, durch den die RNA von Viren nicht in den Zellkern gelangen könne. Es gibt das sogenannte LINE-1, ein Retrotransposon, welches grundsätzlich menschliche Zellen dazu theoretisch befähigt. HIV als Retrovirus wird ja auch in den menschlichen Zellkern eingebaut, aber das bringt seine eigene Einbausequenz mit. Es ist eine große Gefahr, wenn das Virus in den Zellkern kommt. Dann kann es heftiger wirken und auch viel länger anhalten.

Das andere Problem besteht darin, dass die Sequenz gleichzeitig auch ein CendR-Motiv ist. Wenn es sich spaltet, gibt es eine gewisse Sequenz von Aminosäuren, und wenn die offenliegen, können diese Moleküle oder Viren durch Zellmembranen oder Gewebebarrieren bringen. Das freiliegende Ende kann an den Rezeptor NRP-1 binden. Das ist sozusagen neuroinvasiv, also in das Nervengewebe eindringend, und neurodegenerativ, also die Nervenzellen schädigend. Es kann viel mehr Zellen aufschließen und kommt überall hin.

Multipolar: Und dass es in den Zellkern eindringen kann, ist mit dieser Studie 2023 entdeckt worden?

Gerhardt: Es gab vorher schon einige Studien, die gezeigt haben, dass 86 Prozent des Spike-Proteins im Zytosol, also der Zelle gefunden wird, aber auch 14 Prozent am Zellkern anhaften und 10 Prozent im Zellkern zu finden waren. Es ist nicht so, dass nur ein Beweis dafür existiert. Es gab auch eine Studie in Krebszellen der Leber, „Huh-7“, die auch wieder zurückgezogen wurde, wo aber gezeigt wurde, dass das Spike-Protein innerhalb weniger Stunden die Leberkrebszelle infizieren und in diese auch eingebaut werden konnte. Da es aber solch eine brisante Forschung war, wurde die wieder zurückgezogen.

Multipolar: Das Virus ist also sehr komplex und hat ungewöhnlich viele Merkmale, die es leicht an diverseste Zellen des Menschen binden lassen. Aber nochmal die Frage: Wenn es so gefährlich ist, warum gab es dann 2020 keine Übersterblichkeit?

Gerhardt: Die erste Variante von SARS-CoV-2 war noch nicht so ansteckend. Sie war zwar gefährlicher, die Mortalität war höher, grundsätzlich war sie aber nicht so ansteckend. Die Varianten, die sich dann verbreiteten, die haben Mutationen bekommen, die die Ansteckungsfähigkeit erhöht haben, aber das Virus dann weniger gefährlich machten.

Multipolar: Es wurde weniger gefährlich, aber es macht immer noch viele Menschen krank.

Gerhardt: Was die Mortalität angeht, habe ich das Gefühl, dass die Maßnahmenkritiker oft verharmlosen, wie gefährlich dieses Virus tatsächlich war, weil sie denken, dass ihre Maßnahmenkritik richtig ist und sie das nicht mehr hinterfragen wollen. Abgesehen von den Toten: Es gibt viele (1, 2, 3, 4, 5) Long-Covid- und Kohorten-Studien (6, 7), die zeigen, dass bis zu einem Drittel der untersuchten Leute Langzeitprobleme haben nach einer Covid-Infektion oder nach dem Spike-Protein-Bau durch die Impfung.

In der ersten Hälfte des Jahres 2020 hatten einfach viele noch gar keinen Kontakt zum Virus, dann kursierten bereits die Alpha/Beta-Varianten, die einige der schlimmsten Einbauten schon wieder verloren hatten, und die Schleifen zurückmutierten. Dr. Clare Craig aus Großbritannien schätzt, dass in der ersten Welle, wie bei

Influenzaviren auch, nur circa 10 Prozent der Bevölkerung infiziert wurden. Das wahre Potenzial dieser Biowaffe zeigte sich massiv erst mit den Impfungen. Heute liegt die Spike-Protein-Seroprävalenz, gemessen an Antikörper-Tests, in Deutschland bei über 99 Prozent. Es gab noch niemals ein Virus, welches in so kurzer Zeit so viele Menschen infizieren konnte – oder eben durch die Impfung auf einem Zweitweg erreichen konnte.

Multipolar: *Viele Schäden bauen sich erst langsam im Körper auf und daher gab es keine unmittelbare Übersterblichkeit 2020? Die tatsächliche Gefährlichkeit ist dadurch getarnt?*

Gerhardt: Jeder Kontakt mit dem Spike-Protein ist kumulativ schädigend. Besonders schlecht ist es, wenn unsere eigenen Zellen das Spike-Protein bauen. Es konnte nachgewiesen werden, dass die modifizierten mRNA-Impfstoffe tatsächlich funktionieren, transfizierte Zellen nach wenigen Stunden Spike-Proteine bauen. Anders als offiziell verlautbart, geschieht das allerdings nicht nur wenige Tage lang und nicht nur im Oberarm, sondern im Prinzip überall, je nachdem, wo die Impf-mRNA hinkommt. Und sie wurde so gebaut, dass sie überall hinkommt, die Lipidnanopartikel sind extra so konstruiert, dass sie jede Zellwand durchdringen können, selbst die Blut-Hirn-Schranke, und für sehr lange Zeit. Studien belegen eine Impfspike-Produktion nun bis 700 Tage und Laborwerte von Betroffenen zeigen, dass bis heute Impfspikes gebaut werden.

Multipolar: *Warum ist die Impfung noch gefährlicher als das Virus?*

Gerhardt: Eines der Probleme ist, dass mit der Impfung die sogenannte mukosale, also zur Schleimhaut gehörige Immunabwehr des Menschen umgangen wird. Diese Abwehr in den Schleimhäuten muss erst von einer gewissen Anzahl von Viren überwunden werden, damit man infiziert und krank wird. Wenn man die Bauanleitung für Spike-Proteine wie bei den modifizierten mRNA-Impfstoffen gespritzt bekommt, sind in erster Linie Muskelzellen und die Lymphe das Ziel – was auch so beabsichtigt war. Da lange Zeit während der Impfkampagne nicht auf Aspiration geachtet wurde, also ob man unbeabsichtigt Blutgefäße mit der Nadel getroffen hatte, konnte es schlechtestenfalls sein, dass man die modifizierte mRNA direkt ins Blut bekam. Der Pathologe Prof. Walter Lang hatte das mal anschaulich so erläutert: Die Impfung kann sich wie eine massive Virusinfektion im Körper auswirken. Bei einer normalen Atemwegsinfektion gelangen die Viren nur dann ins Blut, wenn der Körper sehr geschwächt ist oder die normale Abwehr nicht funktioniert. Diesen Extremzustand aber führt die Impfung quasi sofort herbei, wenn die Spikeproteine ins Blut geraten.

Ein anderes Problem ist die reine Arithmetik. Es wurde oft behauptet, eine Infektion sei sehr viel schlimmer als eine Impfung, weil in der Spitze der Krankheit mehr Virionen, also Viruspartikel, auftreten, die sich auch noch vermehren können. Wenn man die Studienlage anschaut, scheinen das maximal 10 hoch 11 im Peak zu sein, also 100 Milliarden Virione. Jedes Virion hat vielleicht 30 Spike-Proteine an der Oberfläche. Das wären also 3 Billionen Spike-Proteine, anhaftend an das komplette Virus. Durch die Nanotechnologie ist die Menge der in die Lipiden Nanopartikel eingebetteten modifizierten mRNA Moleküle enorm. Es sind bei Pfizer 1,28 hoch 13 mRNA Moleküle, sprich Bauanleitungen, also 12,8 Billionen. Bei Moderna sind es sogar 42,6 Billionen Moleküle. Eine genaue Untersuchung, wie viele Zellen wie viele Spike-Proteine herstellen und für wie lange, gibt es nicht, immer noch nicht, gab es auch bei Zulassung nicht.

Es kommen oft die Aussagen: Ja, aber dieses Spike-Protein wird nur kurz hergestellt und es ist nicht vermehrungsfähig, weil die entsprechenden Polymerasen des Virus nicht als Bauanleitung enthalten sind. Und dass das Spike-Protein nicht pathogen sei, was auch Faktenchecker sehr lange behauptet hatten. Spike-Proteine sind in vielen Körperflüssigkeiten oft monate- oder jahrelang sowohl nach Impfung als auch nach Infektion nachzuweisen.

Impfspikes wurden nach 10 Tagen in der Plazenta gefunden, nach 28 Tagen im Blutplasma, nach 30 Tagen im Herzgewebe und nach 60 Tage in den Lymphknoten. Und dies auch in erschreckender Menge. Eine Studie berichtet etwa von 436 Milliarden Spike-Proteinen, ungebunden durch Antikörper, in voller Länge, frei durch das Blut flottierend, bei einem nach Impfung an Myokarditis erkrankten Jugendlichen. Das sollte eigentlich nicht sein und die genauen Abläufe, wie es dazu kommt, müssen noch geklärt werden. Natürlich ist es pathogen, also selbst krankmachend. Und das auch systemisch.

Multipolar: Welche systemischen krankmachenden Effekte hat das Spike-Protein?

Gerhardt: Das Spike-Protein kann eigentlich alles. Es gibt so viele pathogene Prozesse, die es auslöst. Es ist wie ein Schweizer Taschenmesser – es hat ungewöhnlich viele Funktionen, viele davon sind krankheitsauslösend. Am wichtigsten sind die Zytokinstürme, die zu fortdauernden Entzündungen führen, über IL6, NF-kB, und TNF-a. Es kann Prozesse im Körper ändern oder anstoßen, wie etwa den JAK-STAT-Weg, den MAPK-Weg, den NF-kB-Weg, den PI3K/AKT-Weg, den mTor-Weg und andere. Es kann amyloide Mikro- und Makroclots bilden.

Was wir am Anfang missverstanden haben, war die Natur des Virus. Es erschien wie ein respiratorisches Virus, welches die Lungen befiel, zu Entzündungen führte und dann plötzliches Lungenversagen auslöste. In Wirklichkeit ist es ein vaskuläres, also die Blutgefäße betreffendes Virus, welches damals die kleinsten Lungenbläschen, Alveolen genannt, traf und entzündete. Studien dazu wurden über Jahre verzögert.

Die ersten Dinge, die dann herauskamen, waren, dass Viren, die eigentlich versteckt im Körper sind, auf einmal wieder auftreten – wie Herpes Zoster, also Gürtelrosen. Die tauchten auf einmal auf, Zeichen einer Schwächung der Immunabwehr. Dann kam Myokarditis, die als Impfnebenwirkung titulierte wurde. Jedoch kann das natürliche Spike-Protein das auch. Es kann sämtliche Endothelzellen befallen, also die Zellen, die die Blutgefäße von innen auskleiden. Es kann die Mitochondrien schädigen. Es kann das Gehirn und alle Immunzellen befallen, genauso Astrozyten – Zellen im zentralen Nervensystem – und sämtliche Neuronen.

Es kann wirklich fast alles befallen und persistieren. Es kann die Immunabwehr durcheinander bringen und dauerhaft schwächen. Es kann auch Krebs auslösen, weil das Spike-Protein P53, ein Tumorsuppressor-Gen, herunterreguliert und daran wohl auch wieder binden kann. Es ist wirklich sehr multimorbiditätsfähig. Deswegen ist es vielleicht auch so schwierig gewesen, das festzustellen, als die Impfungen herauskamen. Man hat für den Impfstoff die gefährlichste Variante des Spike-Proteins, die Ursprungsvariante Hu-1, genommen, noch ohne die Mutationen, die die Furinspaltstelle entschärft hatten, und hat das dann in unserem Körper bauen lassen.

Multipolar: Das ist eigentlich kaum zu glauben – und vermutlich vielen gar nicht bewusst. Wir haben zwar den Wissensstand, dass das Spike-Protein gefährlich und krankmachend ist. Aber wie konnte es passieren, dass genau dieses Spike-Protein als Bauleitung in die sogenannten Impfstoffe gelangte? Warum blieb die Furinspaltstelle in der Bauleitung enthalten? Gibt es dazu irgendwelche Erkenntnisse, wie das damals bei den Herstellern der Präparate abgelaufen ist?

Gerhardt: Das ist eine gute Frage. Ich kenne die Aussage von Philip Dormitzer, der erst bei Novartis war, später bei Pfizer und für die Impfstoffentwicklung zuständig, und der erklärt hat, man lässt keine Furinspaltstelle in Impfstoffen. Das ist ein No-Go, das macht man nicht. Eine Recherche von Charles Rixey hat gezeigt, dass die Furinspaltstelle in den mRNA-Impfstoffen geblieben ist, viele andere hatten die entschärft. Ich habe das selbst geprüft.

Multipolar: Rixey ist ein unabhängiger Forscher aus den USA, der im letzten Jahr auch öffentlich von Jay Bhattacharya zu seinen Erkenntnissen interviewt wurde. Letzterer ist seit kurzem Chef der US-Gesundheitsbehörde NIH. Wie ist es in China gelaufen?

Gerhardt: In dem chinesischen Impfstoff ist das RRAR zu GSAS geworden.

Multipolar: Was heißt das?

Gerhardt: Die eine Insertion, die Furinspaltstelle, wurde durch gezielte Mutation an diesen Positionen durch andere Aminosäuren ersetzt und damit unschädlich gemacht. Chinesischen Forschern muss die Gefahr also bewusst gewesen sein.

Multipolar: Und in den Präparaten der anderen Hersteller?

Gerhardt: In anderen Impfstoffen ist das gleichfalls geändert worden, auch bei Johnson & Johnson wurde das herausgenommen und entschärft. Charles Rixey hat dazu eine Grafik gemacht, die aufzeigt, dass es wirklich immer gemacht wurde, auch vorher schon. Der Öffentlichkeit hat man erzählt, man habe einen 2P-Lock – das heißt zwei Proline-Aminosäuren, die die Faltung des Proteins stören – eingebaut und deshalb könne das Spike-Protein nicht mehr binden, weil es in der geschlossenen Position bliebe. Meines Wissens ist das für MERS patentiert worden und anscheinend nicht ausreichend für SARS-CoV-2 geprüft, denn es funktioniert offensichtlich durch die Spaltung des Spike-Proteins auch nicht.

Entscheidend für das Spike-Protein ist auch noch, dass diese Inserts die Loops länger und flexibler machen. Und genau diese Furinspaltstelle führt auch zur Synzytien-Bildung von Riesenzellen. Das hatten damals in Deutschland sogar das Paul-Ehrlich-Institut, Samuel Theuerkauf und der ehemalige Chef Klaus Cichutek, der bis 2023 Präsident des Paul-Ehrlich-Instituts war, in einer wissenschaftlichen Arbeit veröffentlicht. Sie hätten alleine deswegen schon nicht die Sequenz-Codierung für die Furinspaltstelle in den Impfstoffen belassen dürfen.

Multipolar: Multipolar hatte im Februar 2021 berichtet von diesen Forschungen des Paul-Ehrlich-Instituts, direkt nach dem Impfstart. Es interessierte damals keinen der Verantwortlichen für die Impfkampagne.

Gerhardt: Sie hätten eigentlich alle wissen müssen, dass es gefährlich ist. Dazu kommen noch diese damals auch schon bekannten Warnungen vor Homologien zu menschlichen Epitopen. Zwei Dinge muss man dazu wissen: Es gibt eine kongruente Evolution in der Natur, und Viren neigen dazu, sich vor der Entdeckung des Wirts zu tarnen. Deshalb bilden sich einige Epitope ...

Multipolar: Epitope sind die Teile eines Antigens, die eine Immunantwort auslösen können.

Gerhardt: Es bilden sich einige Epitope, die ähnlich sind wie das, was das Wirtszellentier ausmacht – damit das Virus vor der Abwehr unentdeckt bleibt. Das kann man aber natürlich auch absichtlich einbauen. Im Spike-Protein gibt es eine ganze Menge schlimme homologe Epitope, MBP, das Myelin-Basische Protein, zum Beispiel. Oder die Furinspaltstelle ist einem menschlichen ENaC-Alpha-Epitop entsprechend, das sind zwar nur wenige Nukleotide, aber wenn das der Körper sieht, weiß er nicht, ist das jetzt meins oder ist das fremd. Fremdes würde er ja sofort angreifen und Eigenes würde er tolerieren. Wenn dauerhaft ein gut getarntes Fremdprotein im Körper verbleibt, ist die Verwirrung der körpereigenen Immunabwehr keine Überraschung.

Multipolar: Es ist also so aufgebaut, dass der Körper getäuscht wird und denkt, es ist etwas Eigenes?

Gerhardt: Genau. Und das ist ja auch bei den anderen Inserts so. Eines davon ist ein Galectin-3 Epitop-Homolog. Da gab es von Pradhan et al den Hinweis auf diese HIV-Inserts und Fauci tat das als lächerlich ab. Auch Drosten erklärte, dies sei, Zitat, „kompletter Unsinn“. Doch all diese Inserts haben Funktionen. Alle sind an den Loops und alle sind außen an der 3D-Struktur zu erkennen. Außerdem sind das auch noch Glykolysierungsstellen mit N-Linked-Glycans. Die schützen das Virus davor, dass es von der menschlichen Immunabwehr entdeckt wird.

Multipolar: *Nochmal: Die Furinspaltstelle ist in den mRNA-Präparaten von Pfizer/Biontech und Moderna drin und bei den Produkten anderer Hersteller nicht? Das wäre sehr relevant, denn die beiden hatten bei den Corona-Impfungen einen extrem hohen Marktanteil. In der Europäischen Union waren es zum Beispiel 90 Prozent. Neun von zehn Geimpften wurden hier deren Präparate injiziert.*

Gerhardt: Ja. Bei Biontech und Moderna ist die Furinspaltstelle so dringelassen worden, wie sie im Originalvirus war. Mindestens bis zu den ersten bivalenten Impfstoffen. Die Neuesten habe ich darauf noch nicht geprüft. Und bei SCB 2019, einem weniger bekannten Corona-Impfstoff. Bei allen anderen wurde sie entschärft.



Pfizer-Chef Albert Bourla, Biontech-Chefwissenschaftlerin Özlem Türeci und EU-Kommissionspräsidentin Ursula von der Leyen am 23. April 2021 bei einem Besuch in der Pfizer-Fabrik im belgischen Puurs, wo die mRNA-Präparate produziert wurden | Bild: picture alliance/dpa/BELGA | Benoit Doppagne

Multipolar: *Und wir wissen bis heute nicht, wie es dazu gekommen ist? Da gibt es keine Recherchen, welche Personen bei Biontech und Moderna die Verantwortung dafür tragen? Das dürfte auch juristisch von einiger Bedeutung sein. (1)*

Gerhardt: Es hätte nie passieren dürfen. Die Wissenschaft war sich zuvor einig, dass man so etwas Gefährliches nicht in Impfstoffe hineinlassen darf. Warum nun generell das ganze Spike-Protein genommen wurde, kann man vielleicht damit erklären, dass sich dort Superantigensequenzen befinden, eine relativ wahrscheinliche bei HR-2, das ist die Heptad-Repeat Domain 2, das ist an der Fusions-S-2-Stelle. Und genau an der Furinspaltstelle davor gibt es die mögliche zweite potenzielle Superantigenstelle, ein Epitop mit Ähnlichkeit zu dem Toxin SEB, Staphylococcal enterotoxin B. Und dort ist es so, wenn das in dem Genom drin ist, bilden sich ganz viele Antikörper, weil es nämlich 30 bis 40 Prozent der T-Zellen aktiviert in dem Augenblick, wenn die Immunabwehr auf das Virus trifft. Wenn man also nur nach Antikörpern schaut, sieht das toll aus und man denkt: Es aktiviert viele Antikörper, dann nehmen wir das als Impfstoff. Langfristig ist das aber eher schlecht, weil sich die Immunzellen erschöpfen.

Es gab aber auch schon vorher, mindestens seit 2016, ganz viel Forschung. Die Impfstoffe sind nicht 2020 vom Himmel gefallen, sondern man hat schon bestehende Konzepte für MERS- und SARS-Impfstoffe genommen und das Genom dafür geändert. Es gibt von Moderna bereits aus dem Juli 2019 Hinweise darauf, dass sie an dem Impfstoff, der es dann später wurde, gearbeitet haben. Auch bei Biontech gibt es Hinweise darauf, dass sie schon vorher an einem solchen Impfstoff geforscht haben.

Multipolar: *In der US-Presse war zu lesen, dass der Moderna-Impfstoff bereits am 13. Januar 2020 fertig war, zwei Tage, nachdem die Gensequenz von SARS-CoV-2 veröffentlicht wurde.*

Gerhardt: Einige Labore sollen das Genom schon vorher gekannt haben, was natürlich Fragen aufwirft. Das NIH unterschrieb den Auftrag für einen Moderna-MERS-Impfstoff am 12. Dezember 2019. Es hieß aber auch, sie hätten niemals ein Isolat gehabt, sondern nur die Computer-Sequenz. Ich nehme an, dass man aber tatsächlich ein isoliertes Virus braucht, um daraus einen Impfstoff zu entwickeln. Ob das in einer solch kurzen Zeit möglich war, kann ich nicht beurteilen.

Multipolar: *Die Erkenntnisse, die Du hier ausbreitest, wurden, weit weniger komplex, aber im gleichen Tenor, bereits im Mai 2021 vom kanadischen Virologie-Professor Byram Bridle in einem Interview öffentlich gemacht, formuliert als scharfe Warnung. Das Spike-Protein aus der Impfung sei „ein Toxin“, mit der weltweiten Impfkampagne habe man daher „einen Fehler gemacht“. Er bezog sich damals auf bis dahin nicht öffentlich zugängliche Daten der japanischen Zulassungsbehörde aus Tierversuchen zum Biontech/Pfizer-Impfstoff, die zeigten, dass sich Nanopartikel der Impfung in teils dramatischer Konzentration in Organen ansammelten. Bridle erläuterte damals, sie reichert sich in einer Reihe von Geweben an, wie der Milz, dem Knochenmark, der Leber, den Nebennieren, und, Zitat, „in ziemlich hohen Konzentrationen in den Eierstöcken.“*

Faktenchecker weltweit versuchten damals, das als Unsinn hinzustellen, unter anderem mit dem Argument, wenn das stimme, dann müssten ja Impfschäden in großem Maße bereits sichtbar sein, was man leugnete. Bridle wurde damals sehr professionell diffamiert. Innerhalb kürzester Zeit wurde eine eigene Fake-Webseite veröffentlicht mit dem Namen des Virologen, so dass man beim Googeln nach seinem Namen bis heute zuerst diese findet. Dort wurden Gegenargumente aufgelistet, die für den eiligen Leser auf den ersten Blick schlüssig klingen. Die Macher der Webseite verbargen sich in der Anonymität. Niemand zeichnete namentlich verantwortlich. Faktenchecker wie beim ZDF bezogen ihre Argumente von dieser Webseite um ihr Publikum zu beruhigen. Es gab und gibt hier einen Informationskampf mit harten Bandagen. Du hast auch Mediziner angeschrieben und über die fachlichen Zusammenhänge rund um das Spike-Protein informiert. Wie sind die Reaktionen?

Gerhardt: Es gibt keine. Ich versuche seit mindestens drei Jahren zu warnen, mein Wissen zu teilen, stoße aber überall auf taube Ohren und Schweigen. Selbst einige der besten Wissenschaftler, die ich kenne, versagen sich den potenziellen Konsequenzen dieses Wissens. Ich habe meinen gesamten Researchweg öffentlich auf Facebook und Twitter/X geteilt. Meine Beiträge wurden zensiert oder mit anderen Mitteln vor größerer Aufmerksamkeit geschützt.

Multipolar: *Du hast auch in Deinem persönlichen Umfeld einige Erfahrungen mit den Folgen dieser Injektionen gemacht. Du hast mir berichtet, dass Du allein bis Sommer 2021 sechs schwere Impfnebenwirkungen in Deinem unmittelbaren Umfeld beobachten konntest. Das hat Dich überhaupt erst zum Recherchieren gebracht. Kannst Du kurz schildern, was in Deinem Umfeld passiert ist?*

Gerhardt: Meine Schwester hatte sowohl nach der ersten als auch nach der zweiten Impfung Herzrasen, Tachykardie. Eine Bekannte meldete sich mit Schlaganfall. Eine andere hatte drei verschiedene Sachen: Enzephalitis, Sepsis und Myokarditis. Ein Nachbar, der der Grund war, warum ich die Recherchen begonnen habe, erlitt zwei Herzinfarkte nach einer Moderna-Impfung. Und die Fälle reihten sich immer weiter auf. Mein Trainingspartner vom Wandern konnte eine Woche nach der Impfung nicht gehen, da die Lungenfunktion derart gestört war, dass nichts mehr funktioniert hat. Damals wurde immer gesagt, dass dies ein Zeichen sei, dass die Impfung gut wirkt, jedoch hatte ich eher das Gefühl, dass dies ein Zeichen dafür ist, dass die Impfung sehr schnell irgendetwas im Körper anrichten kann. Und das war damals im Juli 2021 die Motivation, die Recherchen zu beginnen. Ich war vorher schon skeptisch und hatte bereits im September 2020 über die Laborhinweise etwas auf Facebook veröffentlicht, wo ich Stimmen zusammengetragen hatte. Dann ging aber meine Reise erst richtig los, dass ich wirklich geschaut habe, was alles passiert ist. Ich war ebenfalls skeptisch, als es mit der Impfung im Januar 2021 losging. Meine damalige Freundin war Heilpraktikerin und arbeitete in einem Pflegeheim für schwere Krankheitsfälle, die ja gleich als Erste geimpft wurden. Und sobald die Impfung durch war, so sagte sie, hatten sich die Leute verändert. Sie wurden phlegmatischer und haben sich nicht mehr so viel bewegt. Auch Charaktereigenschaften haben sich verändert. Das war so der erste Hinweis, wo wir dachten, dass dies nicht normal ist.

Multipolar: Jetzt gibt es einige Menschen, die sich engagieren in Richtung Behandlungsansätze. Darüber würde ich gern auch noch sprechen. Es gibt Ansätze, es gibt Lösungen für Menschen, die diese schweren Wirkungen erleiden. Was gibt es da für Möglichkeiten?

Gerhardt: Ich bin ja kein Arzt und kann keine Therapien oder Ähnliches empfehlen. Was sich herausgestellt hat und was ich auch immer geprüft habe, ist herauszufinden, was das Spike-Protein kann, welche Wege es in der Zelle beschreiten kann und ob es hilft, wenn man dies blockt. Eine Sache, die anscheinend sehr gut hilft, ist Quercetin, ein Flavonoid, da es 3CL-Pro blockt, wodurch sich das Virus nicht mehr so verbreiten kann. Nattokinase und Rutin, das sind so Sachen, die das Blut ein wenig verdünnen und die Adern frei halten. Das scheint auch ganz gut zu funktionieren. Es gibt auch einige andere Sachen wie NAC. Allgemein kann man sagen: Alles, was der Zellgesundheit gut tut, ist dafür gut. Würde man zum Beispiel Alkohol trinken und die Zelle anderweitig vergiften, muss sie gegen zwei Feinde gleichzeitig kämpfen und das kann sie nicht. Von daher, alles, was für die Zellgesundheit gut ist, und was vielleicht auch diesen Zellstress namens ROS verhindert, ist auch gut. Wobei es gegen einige Folgen der Spike-Proteine kaum etwas gibt. Es hat ja neurologische Komponenten, es wird berichtet über Turbo-Alzheimer, Turbo-CJD und Ähnliches. Turbo-ALS gibt es auch. Bei diesen Folgen kann man nicht wirklich etwas machen. Das ist ja die große Gefahr, dass wir jetzt sehenden Auges immer kränker werden als Gesellschaft und gar nicht wissen, woher das kommt. Deswegen auch meinen Dank dafür, dass ich die Informationen hier einmal präsentieren kann.

Multipolar: Zusammenfassend noch eine allgemeinere Frage, die sich mir als Laie stellt: Warum wurden solche Viren eigentlich erzeugt? Es gibt ja zwei Möglichkeiten: Im Englischen heißt es „Lab Leak“, also „Laborleck“, aber in dem Wort steckt ja auch schon die Wertung, dass es aus Versehen passiert ist, ein Unfall also. Wenn wir jetzt hypothetisch einmal von dieser Annahme ausgehen: Warum hat man diese Forschung betrieben? Was ist denkbar und schlüssig?

Gerhardt: Von dem Begriff „Lab Leak“ halte ich nichts, da dies für mich schon ein verengter Diskurs ist. Man sagt so, dass es nur zwei Möglichkeiten gibt: Zoonose oder „Lab Leak“. Ich sage immer „Laborherkunft“, das ist eindeutiger.

Ich glaube auch nicht, dass irgendetwas dafür spricht, dass es zufällig aus dem Labor entkommen ist.

Multipolar: Warum nicht?

Gerhardt: Es ist eben kein einfaches Virus, was aus einer Forschung etwa zu einem Impfstoff hervorging. Die Vorstufe vielleicht, aber mit den sogenannten Inserts und der polyfunktionalen Furinspaltstelle auf keinen Fall.

Multipolar: Wie wurde das Virus gebaut?

Gerhardt: Wenn man sich das Genom genau anschaut, sieht es so aus, als ob man RaTG13 als Backbone genommen hat.

Multipolar: Was ist RaTG13?

Gerhardt: Das ist das vom Institut in Wuhan beschriebene angeblich 2012 in Mojang bei mehreren Minenarbeitern gefundene Virus, das man isoliert haben will – wofür es aber keine Belege gibt. Es gibt auch keine Tests. Man kann nichts anfordern von diesem Virus. Und das hat man auch erst 2020, nachdem SARS-CoV-2 entdeckt und beschrieben worden ist, komplett veröffentlicht.

Multipolar: Also ein Vorläufer von SARS-CoV-2?

Gerhardt: Eine 96,3 prozentig ähnliche Sequenz. Es gab ja das Problem, als das Virus auftauchte, dass es keine Vorläufer und Zwischenstufen gab. Der nächste Vorläufer ist in der genomischen Tabelle so weit weg, dass es auffällig ist. Denn normalerweise müsste man Zwischenstufen finden. Das hat man halt nicht. Wenn man annimmt, dass es dieses Backbone war und man eine MERS-Furinspaltstelle eingesetzt hat, oder vielleicht von FIPV – das ist ein Katzen-Corona-Virus, das sich verändert, wenn die Furinspaltstelle entsprechend mutiert – und wenn man dazu noch annimmt, dass RaTG13 auch schon synthetisch ist, dann komme ich zu dem Schluss, dass es ein Konsensvirus ist, das man damals gebaut hat, um einen Impfstoff herzustellen. Doch das ganze Konstrukt am Ende mit der Furinspaltstelle ist kein Impfstoff, auch nicht für Fledermäuse oder was auch immer, sondern wirklich eine Biowaffe. Es ist so gefährlich auf den Menschen angepasst mit der Rezeptorbindungsdomäne, die man wahrscheinlich von einem Schuppentier genommen und eingesetzt hat. Es lässt sich anhand von Mutationsskalen mit stillen Mutationen zeigen, dass das Genom von SARS-CoV-2 im Vergleich zu RaTG13 sehr komisch aussieht. Es hat eine ganze Zeit lang keine Mutationen, dann auf einmal sehr viele Mutationen, und dann wieder ganz lange keine Mutationen. So etwas kommt in der Natur nicht vor. Es existieren zwar konservierte Bereiche im Genom, jedoch sieht alles sehr nach künstlicher Bearbeitung aus. Und die Technik dafür existierte, wie das von Bruttel et al hochgeladene Preprint zeigt und wie es zuletzt durch eine Veröffentlichung des US-Militärs bestätigt wurde.

Multipolar: Das Virus hat auch Einfluss auf die menschliche Reproduktionsfähigkeit.

Gerhardt: Es geht auf die Fertilität, die Fruchtbarkeit, und bringt die Hormone durcheinander.

Multipolar: Ein signifikanter Rückgang der Geburtenraten seit 2022 ist in mehreren Ländern dokumentiert.

Gerhardt: Und das wird absolut totgeschwiegen, genauso wie die immer noch anhaltend hohe Mortalität, die man mittels Tricks kleiner aussehen lässt, etwa durch Messung auf Basis der letzten drei Jahre, also inklusive der Pandemiejahre-Übersterblichkeit. Ich hatte mal eine Recherche zu Berichten zu den Fertilitätseinbrüchen weltweit gemacht, beginnend genau 9 Monate nach Start der Impfkampagne, in den großen Medien, aber kaum etwas

gefunden. Faktenchecker kommen daher und behaupten, das stimme nicht, aber es existieren Studien, die das sehr wohl besorgniserregend finden und untersuchen wollen.

Multipolar: 2018 wurde in den USA ein Pandemie-Planspiel durchgeführt namens „Clade X“. Organisator war das Center for Health Security an der Johns Hopkins Universität, also die amerikanische Institution, die seit über 20 Jahren Pandemie-Planspiele durchführt und die in der Corona-Zeit das allseits bekannte Dashboard mit den Fallzahlen publizierte, das hunderte Medien weltweit übernahmen. Bei „Clade X“ probte ein kleiner Zirkel von Regierungsexperten und ehemaligen US-Politikern in Washington den Ausbruch einer Pandemie, die laut Szenario von einer Biowaffe ausgelöst wurde. Anders als bei anderen Pandemie-Planspielen war dieses Drehbuch sehr präzise, was die konkreten Hintergründe des Ausbruchs angeht. Es heißt dort, dass die Pandemie mittels einer Biowaffe von einer kleinen Gruppe, nicht mehr als 30 Personen, ausgelöst wurde, um die Weltbevölkerung zu reduzieren, und damit, so wörtlich, „den Reset oder Paradigmenwechsel zu erreichen, der erforderlich wäre, das Gleichgewicht grundlegend zu verändern“. Im Szenario heißt es, die Gruppe habe, wieder Zitat, „ein Labor in der Nähe von Zürich gegründet und sich als kleine Biotech-Start-up-Firma ausgegeben“. Die Führer dieser kleinen elitären Gruppe wären, so wörtlich, „von der Vorstellung einer biblischen Plage als Korrektiv für die Exzesse der Menschheit geleitet worden“. Das klingt erst einmal vollkommen verrückt, ist aber genau das Szenario dieses sehr hochrangigen, öffentlich dokumentierten, keineswegs geheimen Planspiels, das am 15. Mai 2018 in Washington in einem Luxushotel mit namhaften Politikern geprobt worden ist.

Gerhardt: Ja, ich weiß.

Multipolar: Laut Szenario beginnt der Ausbruch in Deutschland. Durchgespielt wurden dann eine Reihe von Sitzungen des nationalen Sicherheitsrates. Und eines der ersten Ergebnisse war dann laut Drehbuch die Entwicklung eines PCR-Tests zum Virusnachweis. Dann gab es eine Debatte um Reisebeschränkungen und Lockdowns, das hieß damals noch Quarantäne. Man sprach über das, Zitat, „zu erlaubende Maß der Gewalt zur Aufrechterhaltung der Quarantäne“. Auch sollten von der Regierung mögliche negative Auswirkungen dieser Art von Quarantäne, einschließlich, so wörtlich, „des öffentlichen Widerstands gegen ihre Durchführung“ in die Pläne mit einbezogen werden. Es ist sehr detailliert. Laut Szenario gab es 150 Millionen Tote weltweit und am Ende der Übung stand die Forderung an die Regierung, Geld bereitzustellen, um neue Impfstoffe innerhalb von Monaten und nicht Jahren zu entwickeln. Insbesondere erwähnte man die RNA-Impfstoffe.

Das ganze war ein großer Erfolg für die Organisatoren. Die Veranstalter resümierten im Anschluss an die Übung 2018 stolz, man habe eine große Öffentlichkeit erreicht. Die Washington Post hatte dreimal über das Manöver berichtet, auch zur Fachwelt und zur Politik sei man durchgedrungen. Im Ergebnisbericht heißt es: „Clade X führte zu einer Reihe von Folgepräsentationen, Veranstaltungen beim US-Kongress, dem Expertentreffen der Biowaffenkonvention der CDC, Aspen Institute und anderen Organisationen“. Das Thema stand 2018 also auf mehreren Ebenen neu auf der Agenda. Als dann im Anschluss das Team der Johns Hopkins Universität, das die Übung entwarf, eine noch größere Nachfolgeübung konzipierte, kam die Topliga der Sponsoren mit an Bord: Die Gates Foundation und das Weltwirtschaftsforum. Das war dann 2019 „Event 201“, die Nachfolgeübung. Das ist alles sehr bemerkenswert, wenn man es im Zusammenhang betrachtet.

Gerhardt: Generell fällt auf, ist, dass es bei so großen Ereignissen, wie etwa auch beim 11. September 2001 oder bei den Londoner Anschlägen 2005, oft kurz zuvor passgenaue Übungen und Preparedness gab. Ich glaube, es dient einfach dazu, dass man erstens die Leute immer schon das Richtige denken lässt, wenn ihnen das vorher in die

Köpfe gepflanzt wird, und dass man zweitens auch Schwächen in der eigenen Strategie abklären kann. Bei SARS-CoV-2 hat man ja sehr darauf geachtet, was als Information herauskam und eine starke Zensur eingeführt. Die Wissenschaft war nicht mehr frei.

Wenn die Geburtenrate nur um 15 Prozent abnimmt, haben wir innerhalb von hundert Jahren große Landstriche nicht mehr so stark bevölkert wie heute. Die Geburtenrate war in den westlichen Ländern schon vorher nicht auskömmlich, also so, dass die Populationen erhalten bleiben. Und wenn sich nun auch noch an die Spermatozyten und die Eizellen Spike-Proteine heften, was sie offenbar können, wie das Professor Arne Burkhardt bei seinen Pathologieuntersuchungen gezeigt hat, dann sieht es schlecht aus.

Vorstellbar ist auch, dass gewisse Kreise in China an so etwas Interesse haben und nicht nur irgendwelche elitären Kreise im Westen. Für mich ist China nicht aus der Verantwortung raus, da es die militärischen Möglichkeiten gehabt hat, diese Forschungen, die zivil gemacht wurden, als Copycat-Forschung zu klonen und weiterzuentwickeln. In dieser Richtung existieren einige Hinweise, dass dort vorher mehr gelaufen ist und dass sie Bescheid wussten. Patient Zero soll laut Zeitungsberichten und FBI-Quellen Ben Hu sein, ein enger Vertrauter von Shi-Zhengli, und vorher mit Chimären mit den gleichen Restriktionsenzymen beschäftigt, wie sie Bruttel et al beschrieben.

Die Chinesen haben übrigens auch im September 2019 eine Übung am Flughafen von Wuhan durchgeführt, wo der Umgang mit Coronavirus-Infektionen trainiert wurde, inklusive Quarantäne und Isolierung. Und Shi Zhengli hatte Anfang 2020 ernsthaft vorgeschlagen, dass SARS-CoV-2 Virus X sein solle. In China wurden zwei frühe SARS-Fusions-Inhibitoren entwickelt, 2019 und im April 2020. Der erste zugelassene Impfstoff stammt auch von dort, von Yusen Zhou, der kurz darauf unter ungeklärten Umständen starb. Alles in allem erscheint es plausibel, dass das Virus absichtlich an der Stelle freigesetzt wurde und das mit dem Labor nur als Tarnung diente.

Was ich noch ergänzen möchte, ist dieser genomische Sachverhalt: Das Virus war noch nicht fertig. Man konnte sich damit herausreden, dass es ja nur ein Fledermaus-Impfstoff war und dass es die Mutationen, die dafür gebraucht wurden, damals noch nicht gab. Man kann das Genom allerdings so präparieren, dass es nach der Freisetzung in die Wildbahn schnell diese Mutationen erreicht, dass es also stabil wird und sich weit verbreitet. Und schließlich: Dass man dann ausgerechnet diese Version für die Impfung genommen hat und diese dann den meisten Menschen im Westen injizierte, das steht der Theorie entgegen, dass dahinter ein Plan steckt die gesamte Weltbevölkerung zu reduzieren. Denn hauptsächlich hat es ja die westlichen Bevölkerungen getroffen.

Multipolar: *China ist verdächtig?*

Gerhardt: Möglicherweise war das auch der Erstschlag in einem neuen Krieg – wofür ich die Chinesen verantwortlich machen würde. Es ist zwar bei ihnen im Land ausgebrochen, doch hatten sie am Ende nur relativ wenige Coronatote, verglichen mit den Auswirkungen anderswo. Die Chinesen haben am Anfang so viel gewusst, gelogen und die WHO instrumentalisiert, dass ich mir schon vorstellen kann, dass sie dahinterstecken.

Dazu kommen noch andere Überlegungen. In China begannen 2017 Forschungen, wie man bestimmte HLA – Humane Leukozytenantigene, das sind Teile der Immunabwehr, die bestimmte Zwecke erfüllen – zu ethnischen Biowaffen entwickeln kann. Das Problem ist, dass wir uns ja meistens versagen, über so etwas auch nur nachzudenken, da wir dies für viel zu schlimm und brutal halten. China hat anscheinend in den letzten 20 bis 25 Jahren über Fifth Generation Warfare und Biowaffen nachgedacht, weshalb ich es für möglich halte, dass auch China dahinterstecken kann.

Multipolar: Noch gefährlicher als das Virus, wenn ich es richtig verstanden habe, ist das durch die Impfung erzeugte Spike-Protein mit Furinspaltstelle. Und dieses wurde, wie Du sagst, ja im Grunde nur von zwei US-Firmen und einer deutschen Firma eingebaut – Moderna und Pfizer/Biontech. Es erscheint unplausibel, dass Chinesen dafür verantwortlich sind. Diese Annahme unterstellt, dass die Bauanleitung zur Furinspaltstelle versehentlich, jedenfalls ohne Schädigungsabsicht, in die mRNA-Präparate dieser Firmen gelangte. Wie glaubhaft ist das?

Gerhardt: Die Chinesische Führung oder die Kräfte dahinter kannten natürlich die Forschungen in den USA und in Deutschland an mRNA-Impfstoffen und wie weit diese waren. Das US-Militär brannte auf mRNA-Impfstoffe, wie etwa das Projekt P3 zeigt. Moderna war schon länger, und Biontech 2019 gerade rechtzeitig an der Börse gelistet, Biontech hatte eine Kooperation mit einer chinesischen Firma, die dann aber doch nicht funktionierte – jedenfalls kamen die mRNA-Impfstoffe dort gar nicht oder erst sehr spät auf den Markt. Aussagen von den Pfizer- und Moderna-Vorsitzenden ließen es so aussehen, als ob selbst die Firmenchefs nicht sicher waren, wie es zu der Entwicklung der Impfstoffe, beide mRNA, beide volles Spike-Protein-Genom, mit nur wenigen Unterschieden in Kleinigkeiten kam. Vielleicht reichen ein paar kompromittierte Personen an entscheidender Stelle. Die Aufsichtsbehörden waren schon vorher lahm und durch politisches Interesse so korrumpiert, dass die Impfungen auf jeden Fall nach den US-Wahlen 2020 als einziger Pandemie-Ausweg angesehen wurden und zugelassen werden mussten, wie es auch in den RKI-Protokollen heißt, oft in lächerlich kurzer Prüfungszeit für die hunderttausenden Seiten eingereichter Unterlagen.

Multipolar: Zum Abschluss: Wie kommst Du persönlich damit zurecht, über so viel bedrückendes Wissen zu verfügen? Wie gehst Du als Mensch damit um?

Gerhardt: Für mich ist Wissen immer die Basis für Aufklärung und Macht. Wenn man nichts weiß, ist man ahnungslos. In diesem Land gibt es Millionen von Menschen, die krank sind und die nicht wissen, was passiert. Wenn man sich aber vorbereiten kann, wenn man weiß, was passiert – ich finde das eher befreiend. Es gibt viele, die das nicht können und die Schwierigkeiten haben, dort hinzuschauen, das weiß ich. Und das ist auch der Grund, warum fast keiner ein Interesse an Aufklärung hat. Ich finde es sehr irritierend, dass keiner wirklich hinterfragt. Zur Erkenntnis, dass das Virus offenbar aus dem Labor kommt, sagt die eine Hälfte, wie Wolfgang Wodarg: Ist ja nur ein Schnupfen und nichts ist passiert. Und die andere Hälfte will davon sowieso nichts wissen, weil das Virus ja die Ausgangsbasis für den Impfstoff war – mit dem fast 80 Prozent der Bevölkerung geimpft worden sind. Da ist natürlich ein enormer Widerstand eingebaut, dass man gar nicht wissen möchte, was dabei jetzt genau herauskommt. Das Problem ist, dass sich sowohl Impfbefürworter als auch Maßnahmenkritiker in eine Lage manövriert haben, in der sie kein Interesse an einer ehrlichen Neubewertung des Virus zeigen – die einen, weil es die Impfkampagne infrage stellt, die anderen, weil es ihre Kritik an der Gefährlichkeit des Virus konterkarieren würde. Wir brauchen aber Aufklärung und freie Wissenschaft.

Anmerkung

(1) Multipolar hat die Biontech-Pressestelle am 3. Juni gefragt, warum die Furinspaltstelle von SARS-CoV-2 in der Bauanleitung des Impfstoffs belassen wurde, wer die entsprechende Entscheidung traf und seit wann dem Unternehmen die Gefährlichkeit der Furinspaltstelle bekannt ist. Biontech beantwortete keine der Fragen.

Weitere Artikel zum Thema:

- **Lockdown aus Angst vor der Biowaffe?** (Paul Schreyer, 13.3.2025)
- **Das Corona-Laborvirus: Die unbequeme Wahrheit kommt ans Licht** (Heimo Claasen, 4.5.2023)
- **Woher kam das Coronavirus?** (Günter Theißen, 7.6.2022)
- **Clade X: Eine Biowaffe zur Bevölkerungsreduktion** (Paul Schreyer, 27.10.2020)
- **Wurde die Corona-Krise geplant?** (Paul Schreyer, 18.9.2020)