

## Enthüllt: Offizielle biochemische und statistische Beweise bestätigen zu 100%, dass Moderna Covid-19 geschaffen hat

uncut-news.ch, März 4, 2022

<https://uncutnews.ch/enthueellt-offizielle-biochemische-und-statistische-beweise-bestaetigen-zu-100-dass-moderna-covid-19-geschaffen-hat/>



Es sind Beweise aufgetaucht, die zweifelsfrei belegen, dass der Pharmariese Moderna, das Unternehmen, das mit dem Verkauf einer experimentellen Covid-19-Spritze Milliarden verdient hat, **das Covid-19-Virus tatsächlich entwickelt hat.**

Am 23. Februar **veröffentlichte die Daily Mail einen Artikel**, aus dem hervorging, dass Moderna die 19-Basen-Sequenz (Nukleotid), die für die Furin-Spaltstelle in Covid-19 kodiert, patentiert hat.

*Von einem besorgten Leser*

Sie zitierten ein Papier von Wissenschaftlern aus Indien, der Schweiz, Italien und den USA (**mit dem vorsichtigen Titel: MSH3 Homology and Potential Recombination Link to SARS-CoV-2 Furin Cleavage Site**), in dem sie errechneten, dass die Wahrscheinlichkeit, dass eine von Moderna patentierte 19-Basen-Sequenz zufällig in Covid-19 auftaucht, wo sie sonst nirgendwo in der Natur vorkommt, 1 zu 3 Billionen beträgt.

Aber sie haben es versäumt, die offensichtliche Schlussfolgerung daraus zu ziehen. Hätten sie diese offensichtliche Schlussfolgerung gezogen, so fürchte ich, wäre dies die letzte wissenschaftliche Schlussfolgerung gewesen, die sie je veröffentlicht haben!

Sie beschlossen, die RNA-Sequenz für die Furin-Spaltstelle im Covid-19-Spike-Protein zu untersuchen, um zu sehen, ob sie irgendwo anders in der Natur vorkommt. .

Glücklicherweise hat das NCBI/NIH die wunderbare [BLAST-Datenbank](#) erstellt, in der jede dem Menschen bekannte Gensequenz in der Natur und jede dem Patentamt bekannte synthetische, patentierte Gensequenz katalogisiert ist.

Die Forscher wählten die Furin-Cleavage-Sequenz aus, weil sie die einzige zusammenhängende Genbuchstabensequenz (Nukleotidsequenz) in Covid-19 mit mehr als 3 Nukleotiden ist, die sich von den entsprechenden Buchstaben in seinem nächsten natürlichen Verwandten, dem Fledermaus-Coronavirus RaTG13, unterscheidet (alle anderen Unterschiede sind 3 Buchstaben oder weniger lang). Es war also bei weitem der beste Kandidat, um festzustellen, ob Covid-19 vom Menschen hergestellt wurde oder nicht.

Der Leser könnte es für wahrscheinlicher halten, dass eine Furin-Spaltstelle in der Sun erscheint als in der Daily Mail. Aber diese Spaltstelle bezieht sich auf die Trennung von Spike und Virus und nicht von Kissen und Kopfkissen.

Außerdem ist die Furin-Spaltstelle der Schlüssel zur [Pathogenität von Covid-19](#). Sollte also ein vom Menschen geschaffener Funktionszuwachs in das Virus eingebaut worden sein, so ist dies der Ort, an dem man ihn erwarten könnte.

Die Aminosäuresequenz der Furin-Spaltstelle ist PRRA (Proline Argenine Argenine Alanine). Jede Aminosäure wird durch ein Codon kodiert, das aus 3 Nukleotiden (Buchstaben der genetischen Sequenz) besteht. Alle Unterschiede im genetischen Code zwischen Covid-19 und RaTG13 sind also höchstens ein Codon lang, eine Aminosäure lang, mit Ausnahme der Furin-Spaltungssequenz, die...

CCT CGG CGG GCA

Die komplementäre Sequenz (der gegenüberliegende DNA-Strang der Doppelhelix ist (GGAGCCGCCGT), da C mit G und A mit T bindet.

Das umgekehrte Kompliment (das Gleiche rückwärts geschrieben) lautet also TGCCCGCCGAGG

Die Forscher führten eine BLAST-Suche (Basic Local Alignment Search Tool) durch (d. h. sie suchten nach der Gensequenz, der umgekehrten Gensequenz, die komplementäre Gensequenz und die umgekehrte komplementäre Gensequenz) in allen bekannten Gensequenzen der Natur nach CTCCTCGGCGGGCACGTAG, der 19-Nukleotid-Sequenz, die die Furin-Spaltungssequenz enthält,

die auch in Covid-19 vorkommt und die sogar in der umgekehrten komplementären Form CTACGTGCCCGCCGAGGAG, die von Moderna patentiert wurde, zu finden ist.

Die Suchergebnisse [können hier eingesehen werden](#).

**Tabelle 1 zeigt, dass sie in den 5 unten zitierten US-Patenten vorhanden ist...**

**US9149506B2:** Modifizierte Polynukleotide, die für Septin-4 kodieren –

<https://patents.google.com/patent/US9149506B2/en>

- Erfinder: Tirtha Chakraborty, Antonin de Fougères
- Derzeitiger Zessionar: ModernaTx Inc
- 2012-04-02 Priorität für US201261618953P
- **2013-12-16** Anmeldung eingereicht von Moderna Therapeutics Inc
- 2014-05-22 Veröffentlichung von US20140141067A1
- 2015-10-06 Veröffentlichung von US9149506B2
- 2015-10-06 Antrag bewilligt
- 2020-01-10 Erste weltweite Familienklage eingereicht

**US9216205B2:** Modifizierte Polynukleotide, die für Granulysin kodieren –

<https://patents.google.com/patent/US9216205B2/en>

- Erfinder: Tirtha Chakraborty, Antonin de Fougères
- Derzeitiger Zessionar: ModernaTx Inc
- 2012-04-02 Priorität für US201261618873P
- **2013-12-16** Anmeldung eingereicht von Moderna Therapeutics Inc
- 2014-04-24 Veröffentlichung von US20140113960A1
- 2015-12-22 Veröffentlichung von US9216205B2
- 2015-12-22 Antrag bewilligt

**US9255129B2:** Modifizierte Polynukleotide, die für die SIAH E3 Ubiquitin-Protein-Ligase 1 kodieren –

<https://patents.google.com/patent/US9255129B2/en>

- Erfinder: Tirtha Chakraborty, Antonin de Fougères
- Derzeitiger Zessionar: ModernaTx Inc
- 2012-04-02 Priorität für US201261618868P
- **2013-12-16** Anmeldung eingereicht von Moderna Therapeutics Inc
- 2014-05-22 Veröffentlichung von US20140141068A1
- 2016-02-09 Antrag bewilligt
- 2016-02-09 Veröffentlichung von US9255129B2

**US9301993B2:** Modifizierte Polynukleotide, die für den Apoptose-induzierenden Faktor 1 kodieren –

<https://patents.google.com/patent/US9301993B2/en>

- Erfinder: Tirtha Chakraborty, Antonin de Fougères
- Derzeitiger Zessionar: ModernaTx Inc
- 2012-04-02 Priorität für US201261618957P
- **2013-12-16** Anmeldung eingereicht von Moderna Therapeutics Inc
- 2014-04-17 Veröffentlichung von US20140107189A1
- 2016-04-05 Anmeldung erteilt
- 2016-04-05 Veröffentlichung von US9301993B2
- 2020-01-10 Erste weltweite Familienklage eingereicht

**US9587003B2:** Modifizierte Polynukleotide für die Produktion von onkologiebezogenen Proteinen und Peptiden – <https://patents.google.com/patent/US9587003B2/en>

- Erfinder: Stephane Bancel, Tirtha Chakraborty, Antonin de Fougères, Sayda M. Elbashir, Matthias John, Atanu Roy, Susan Whoriskey, Kristy M. Wood, Paul Hatala, Jason P. Schrum, Kenechi Ejebe, Jeff Lynn Ellsworth, Justin Guild
- Derzeitiger Rechtsnachfolger: ModernaTx Inc
- 2012-04-02 Priorität für US201261618868P
- **2016-02-04** Anmeldung eingereicht von ModernaTx Inc
- 2016-06-02 Veröffentlichung von US20160152678A1
- 2017-03-07 Veröffentlichung von US9587003B2
- 2017-03-07 Erteilung der Anmeldung

Moderna meldete also erstmals am 16. Dezember 2013 ein Patent für die 19-Nukleotid-Sequenz an. Vielleicht wäre der 25. Dezember angemessener gewesen, da sie dazu bestimmt war, die Dornenkrone von Matthäus 27, Markus 15 und Johannes 19 zu werden.

**Tabelle 2: Zeigt, dass die Sequenz in Covid-19 von Nukleotid 23601 bis 23619 vorkommt.**

**Tabelle 3: Zeigt, dass diese Gensequenz in der Natur nicht vorkommt (wohl aber 14 Nukleotide davon).**

Ich beschloss, ihre Arbeit zu überprüfen. Ja. Ich habe sie überprüft (ich werde den Globalisten eine Rechnung schicken). Das wurde zu einer kleinen epischen Reise. [Die Google-Patentseite für US9587003B2](#) enthält nicht die Gensequenz.

Die pdf-Datei des Patents enthält die Gensequenz nicht und ist auf den Seiten 101-304 nicht durchsuchbar. Es enthält jedoch einen Link zu einem langen Abschnitt „Sequence Listing“, den man nicht kopieren kann. Also habe ich ihn manuell mit der rechten Hand abgeschrieben – <http://seqdata.uspto.gov/?pageRequest=docDetail&DocID=US09587003B2>

Von dieser Seite aus kann man die Sequenz-ID eingeben, die in der Veröffentlichung als 11652 angegeben ist, und gelangt zu <https://seqdata.uspto.gov/?pageRequest=viewSequence&DocID=US09587003B2&seqID=11652> wo bei den Nukleotiden 2751-2733 rückwärts gelesen Folgendes steht...

```
gccctgatca ccatcatggc ccagatcggc agctacgtgc ccgccgagga ggccaccatc
2760
```

Die von Moderna patentierte Sequenz CTACGTGCCCCGCCGAGGAG ist das umgekehrte Kompliment von CTCCTCGGCGGGCACGTAG, der 19 Nukleotide umfassenden Sequenz, die in der Covid-19-DNA von Nukleotid 23601-23619 vorkommt (und die daher unter ihr Patent fallen würde).

Ebenso können Sie nach der Sequenz in US9149506B2 suchen, indem Sie zu <https://seqdata.uspto.gov/?pageRequest=viewSequence&DocID=US09149506B2&seqID=11652> gehen, wo Sie das Gleiche wieder finden werden

```
gccctgatca ccatcatggc ccagatcggc agctacgtgc ccgccgagga ggccaccatc
2760
```

Ich suchte dann die Gensequenz von Wuhan Hu1 (alpha) unter [https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NC\\_045512](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NC_045512) und fand

```
23581 ttatcagact cagactaatt ctctcggcg ggcacgtagt gtagctagtc aatccatcat
from https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NC_045512
```

Diese hat die 19 Nukleotidsequenz CTCCTCGGCGGGCACGTAG von 23601-23619 wie in Tabelle 3 beschrieben.

Ich habe dann meine eigene, nicht ausgerichtete Blast-Suche für alle patentierten Gensequenzen durchgeführt, um das umgekehrte Kompliment direkt zu finden (oder vielleicht für ein rückseitiges Kompliment) und erhielt die gleichen Ergebnisse wie die Forscher

[Download](#) [GenBank](#) [Graphics](#)

**Sequence 11652 from patent US 9587003**  
 Sequence ID: [KH664781.1](#) Length: 3387 Number of Matches: 1

Range 1: 2733 to 2751 [GenBank](#) [Graphics](#) [Next Match](#)

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
38.2 bits(19)	0.16	19/19(100%)	0/19(0%)	Plus/Plus

```

Query 1      CTACGTGCCCGCCGAGGAG 19
            |||
sbjct 2733   CTACGTGCCCGCCGAGGAG 2751
  
```

[Download](#) [GenBank](#) [Graphics](#)

**Sequence 11651 from patent US 9587003**  
 Sequence ID: [KH664780.1](#) Length: 3414 Number of Matches: 1

Range 1: 2760 to 2778 [GenBank](#) [Graphics](#) [Next Match](#)

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
38.2 bits(19)	0.16	19/19(100%)	0/19(0%)	Plus/Plus

```

Query 1      CTACGTGCCCGCCGAGGAG 19
            |||
sbjct 2760   CTACGTGCCCGCCGAGGAG 2778
  
```

Dasselbe gilt für die anderen 3 US-Patente.

Ich kann also bestätigen, und der Leser kann dies mit Hilfe der obigen Links bestätigen, dass Moderna ein Patent nicht nur auf das umgekehrte Komplement der 12 Nukleotid-Furin-Spaltstelle in

Covid-19 beantragt hat, sondern tatsächlich auf die 19 Nukleotid-Sequenz, die es wie oben beschrieben enthält.

Außerdem haben sie nicht nur am 4. Februar 2016 mit **US9587003B2** ein Patent beantragt, wie in der Daily Mail berichtet. Sie beantragten tatsächlich am 16. Dezember 2013 4 Patente mit **US9149506B2, US9216205B2, US9255129B2, US9301993B2**: sowie.

Moderna hatte also die 19-Nukleotid-Gensequenz, die die Furin-Spaltstelle enthält, die Covid19 seine Infektiosität für den Menschen verleiht, bereits 2013, also 6 Jahre vor dem Ausbruch in Wuhan, durch patentierte Funktionsgewinnungsforschung entwickelt. Nicht 3, wie in der Mail berichtet und viral anderswo...

Betrachten wir nun die Chancen für ein natürliches Auftreten des Virus. In dem Papier wird die Wahrscheinlichkeit, dass diese spezielle 19-Nukleotid-Sequenz zufällig in einem Virus mit 30 000 Nukleotiden vorkommt, wie folgt berechnet

$$(30.000-18) \times (1/4)^{19} = 1,09 \times 10^{-7}$$

Das ist richtig, weil es 30.000-18 Stellen gibt, an denen die Sequenz beginnen kann, da sie weitere 18 Buchstaben benötigt, um sie zu vervollständigen. Tatsächlich gibt es aber 29.904 Nukleotide in Wuhan HU1 (alpha). Eine genauere Berechnung würde also lauten

$$(29.904-18) \times (1/4)^{19} = 1,087 \times 10^{-7}$$

Dann wird die Wahrscheinlichkeit berechnet, dass die 19 Nukleotidsequenz in der patentierten Bibliothek mit 24.712 Sequenzen und einer durchschnittlichen Länge von 3300 Nukleotiden vorkommt. Diese Berechnung ist jedoch irrelevant, da die Sequenz nicht zufällig in 5 Moderna-Patentanmeldungen auftauchte. Es war bekannt, dass die Sequenz für eine Furin-Spaltstelle kodiert, von der bekannt ist, dass sie Coronaviren einen Funktionsgewinn verschafft.

Sie wurde absichtlich dort platziert und wegen ihrer Infektionskraft beim Menschen patentiert, die, wie wir später im Artikel sehen werden, daraus resultiert, dass das normale virale Arginin (R)-Codon AGA (das in 45 % der viralen Arginin-Codons verwendet wird) durch das menschliche Arginin-Codon CGG (das in 0 % der viralen Arginin-Codons verwendet wird) in der Furin-Spaltstelle ersetzt wird.

Wir versuchen hier lediglich herauszufinden, wie groß die Wahrscheinlichkeit ist, dass eine von Moderna patentierte 19-Nukleotid-Sequenz durch natürliche Ursachen, natürliche Mutationen des Fledermaus-Coronavirus RaTG13 oder eines anderen Virus in Covid-19 auftaucht.

Die Nukleotide bilden Codons, die Triplets sind. Es gibt also 64 mögliche Triplets der 4 DNA-Nukleotide ACGT ( $4 \times 4 \times 4 = 64$ ). Aber alle Triplets kommen vor. 61 kodieren redundant für 20 Aminosäuren und 3 sind Stopp-Codons, die dem Ribosom sagen, dass es die Herstellung des Proteins einstellen soll.

Doch so einfach ist es nicht, denn die Furin-Spaltstelle befindet sich im Spike-Protein an der richtigen Stelle, und das Spike-Protein hat nur  $1273 \times 3 = 3819$  Nukleotide. Die Wahrscheinlichkeit, dass die 19 Nukleotide umfassende Furin-Spaltungssequenz im Spike-Protein vorkommt, beträgt

$$(3.819-18) \times (1/4)^{19} = 1,389 \times 10^{-8}$$

Oder 1 zu 72 Millionen. Das wäre also die Wahrscheinlichkeit, dass eine bestimmte Variante, sagen wir die erste Covid-19-Variante, die 19-Nukleotid-Sequenz an der richtigen Stelle (dem Spike) hat. Und das tat sie. Nach Abwägung aller Wahrscheinlichkeiten und mit Sicherheit jenseits eines begründeten Zweifels (1 zu 72 Millionen ist ein unvernünftiger Zweifel) hat Moderna also Covid-19 hergestellt.

### **100%iger biochemischer Beweis dafür, dass Covid19 von Menschen gemacht wurde**

Das doppelte CGG-Codon, das in der Moderna-spezifischen Furin-Spaltstelle verwendet wird, kommt an keiner anderen Furin-Spaltstelle in irgendeinem anderen Virus in der Natur vor. Furin-Spaltstellen kommen zwar in anderen Viren vor, aber NICHT in anderen Betacoronaviren wie Covid-19 und schon gar nicht mit dem doppelten CGG-Codon.

Arginin ( R), kann durch jedes der 6 Triplets kodiert werden: AGG, AGA, CGA, CGC, CGG, CGT. In Covid-19 hat die Furinstelle (PRRA) 12 Nukleotide ( $3 \times 4$ ). In Covid-19 wird das RR-Doublett der Furin-Stelle durch CGG-CGG kodiert.

Die beiden Biochemiker Prof. Antonio R. Romeu und Assistenzprofessor Enric Ollé analysierten das RR-Doublett aus einer großen Stichprobe von Furin-Spaltstellen verschiedener Virusarten. Sie stellten fest, dass es in der Natur bei keinem Virus RR-Doubletten gibt, die von den Codons CGG-CGG kodiert werden. Sie stellten fest, dass das AGA-Triplett das Hauptcodon war, das an diesen viralen RR-Doubletten beteiligt war.

Bei jeder genetischen Rekombination (bei der ein Teil eines Genoms mit einem anderen Genom verschmilzt) wird der Donor-Code an den Akzeptor weitergegeben. Aber es gibt einfach KEIN bekanntes VIRUS mit einer Moderna-spezifischen Furin-Spaltstelle (mit dem Codonpaar CGG-CGG), das eine Moderna-spezifische Furin-Spaltstelle an Covid19 spenden könnte. Der einzige Weg, wie diese Sequenz in Covid-19 gelangen konnte, ist also von Moderna. Moderna war der Spender. Die Natur war es nicht. QED. Fall abgeschlossen...

#### ***Aber es kommt noch schlimmer.***

Die spanischen Professoren beschlossen, die Verwendung des Arginin-Codons in jedem einzelnen Protein in Covid-19 zu analysieren. Sie fanden das Folgende heraus...

- AGG (13%)
- AGA (45%)
- CGA (5%)
- CGC (10%)
- CGG (3%)
- CGT (24%).

Das AGA-Codontriplett war also die Mehrheit, und interessanterweise war CGG das Minderheitskodon für Arginin im Virus.

#### ***Aber es kommt noch schlimmer.***

Im speziellen Fall des S-Proteins werden von den 42 Argininen (R), die es hat, 20 durch AGA kodiert und nur 2 durch CGG. Diese 2 sind natürlich die beiden in der Moderna Specific Furin Cleavage Site.

Das einzige Arginin im Spike-Protein, das a la Moderna kodiert wird, befindet sich also in der Furin-Spaltstelle. Die anderen 40 Instanzen verwenden überhaupt kein CGG.

Sie führen weiter aus, dass jede einzelne Spezies in der Natur ihre eigenen Codonpräferenzen hat. Offensichtlich bevorzugen Viren in der Natur AGA und mögen CGG überhaupt nicht.

Aber raten Sie mal, welche Spezies CGG für Arginin häufiger verwendet als die anderen 5 konkurrierenden Codons – ja, der gute alte Homo sapiens. Unsere Codierungspräferenzen für Arginin sind

- AGG (20 %)
- AGA (20 %)
- CGA (11%)
- CGC (19%)
- CGG (21%)
- CGT (9%).

Das CGG-Codon in der Furin-Spaltstelle WURDE also durch chimärische (Mensch-Tier-Kombination) Funktionsgewinne erforscht.

#### **Könnte auch jemand anderes als Moderna Covid-19 unter Verwendung der Moderna-spezifischen Furin-Spaltstelle hergestellt haben?**

„Neue Dokumente zeigen, dass nur 18 Monate vor dem Auftreten der ersten Covid-19-Fälle Forscher Pläne vorgelegt hatten, hautdurchdringende Nanopartikel und Aerosole mit „neuartigen chimären Spike-Proteinen“ von Fledermaus-Coronaviren in Höhlenfledermäusen in Yunnan, China, freizusetzen. Sie planten auch, chimäre Viren zu schaffen, die genetisch so verbessert sind, dass sie

Menschen leichter infizieren, und beantragten 14 Millionen Dollar bei der Defense Advanced Research Projects Agency (Darpa) zur Finanzierung der Arbeit.

Aus Papieren, die von einem ehemaligen Mitglied der Trump-Administration als echt bestätigt wurden, geht hervor, dass sie hofften, „humanspezifische Spaltstellen“ in Fledermaus-Coronaviren einführen zu können, die es dem Virus erleichtern würden, in menschliche Zellen einzudringen.

Als Covid-19 zum ersten Mal genetisch sequenziert wurde, rätselten die Wissenschaftler, wie das Virus eine solche humanspezifische Anpassung an der Spaltstelle des Spike-Proteins entwickeln konnte, die der Grund für seine Infektiosität ist.“ – [der Telegraph](#)

**Ich kann mir vorstellen, wie all die großartigen Journalisten der Daily Mail und des Telegraph (ganz zu schweigen von den Wissenschaftlern auf der ganzen Welt) all diese Nachforschungen über Covid19 anstellen und zu der unvermeidlichen logischen Schlussfolgerung gelangen, dass es sich entweder um ein versehentliches oder ein absichtliches Laborleck handelt, und dann ihre Schlussfolgerungen so formulieren müssen, dass sie diese starke Wahrscheinlichkeit als schwache Möglichkeit bezeichnen.**

**Aber hier oben haben wir es als Tatsache bewiesen (da die Moderna-spezifische Furinspaltungssequenz CGG-Codon an keiner Furinspaltungsstelle in einem natürlichen Virus vorkommt und daher nicht das Ergebnis einer natürlichen genetischen Rekombination sein kann. Es muss also das Ergebnis einer vom Menschen vorgenommenen genetischen Einfügung sein.**

Theoretisch hätte eine weitere an der NIAID oder den NIH beteiligte Partei die von Moderna patentierte Furin-Spaltstelle nutzen und Covid19 selbst herstellen können. Dadurch wäre kein Patent von Moderna verletzt worden. Die Furin-Spaltstelle selbst ist nicht patentierbar, da sie seit mindestens 2004 bekannt ist

**US7223390B2:** Einfügung von Furin-Protease-Spaltstellen in Membranproteine und deren Verwendung

- 2004-05-07 Anmeldung eingereicht von Research Development Foundation
- 2004-11-11 Veröffentlichung von US20040224391A1
- 2007-05-29 Antrag bewilligt

Obwohl Moderna eigentlich die Moderna-spezifische (CGG für AGA) Kodierung der Furin-Spaltstelle hätte patentieren können, die in der Natur auch heute noch nicht bekannt ist (wenn wir annehmen, dass Covid-19 von Menschen gemacht ist).

Aber angesichts der Tatsache, dass die undichte Stelle im Labor (absichtlich oder versehentlich) aus Wuhan kam, und angesichts der chinesischen Vertuschung und der von Senator Rand Paul aufgedeckten Dementis von Fauci, und angesichts der Vertuschung durch die NIH, das NIAID und die US-Geheimdienste, deren dreimonatiger Bericht über die Herkunft von Covid-19, der vom Präsidenten-Imitator Biden in Auftrag gegeben wurde, nichts ergab, und angesichts der Beziehungen zwischen dem NIAID, den NIH, der WIV, der EcoHealth Alliance, der Universität von North Carolina und Moderna, sehe ich keinen Raum für irgendjemand anderen.

Außerdem hat die gesamte unheilige Kabale der schlechten Schauspieler mit der Entwicklung des Moderna-Impfstoffs begonnen, bevor die Pandemie ausbrach – <https://www.infowars.com/posts/must-watch-nih-claimed-joint-ownership-of-moderna-mrna-vaccine-began-development-weeks-ahead-of-pandemic/>

Aber so einfach sind die Dinge nicht, denn die Natur hatte sicherlich 100.000 Jahre Zeit, um menschliche Viren zu erschaffen, und sie hat nicht ein einziges Mal eine Moderna-spezifische (CGG für AGA) Furin-Spaltstelle in irgendetwas eingebaut, noch hat sie die 19-Nukleotid-Sequenz in irgendetwas vorher eingebaut.

Doch innerhalb von 6 Jahren nach der Patentierung durch Moderna finden wir sie in Covid-19 unter Umständen, bei denen Moderna mit diesem Virus arbeitet. Die Wahrscheinlichkeit, dass Moderna dafür verantwortlich ist und nicht die Natur, liegt also nicht bei 100.000 zu 6 oder 16.666 zu 1. Nein, sie liegt bei 100 %, denn die Natur hat es nicht getan. Sie hat es nie getan und es gibt keinen Beweis dafür, dass sie es jemals tun wird.

**Es ist der Mensch, der menschliche und virale Arginin-Codons verwechselt, nicht die Natur.**

**Prof. Luc Montagnier verbrachte die letzten Jahre seines Lebens damit, zu beweisen, dass COVID-19 von Menschen hergestellt wurde und einen Großteil des genetischen Codes von HIV1 enthält**

Prof. Luc Montagnier hat vor seinem Tod am 8. Februar 2022 das Konzept der natürlichen Evolution von Covid-19 vollständig widerlegt, indem er nachwies, dass es eine massive Ähnlichkeit mit HIV aufweist.

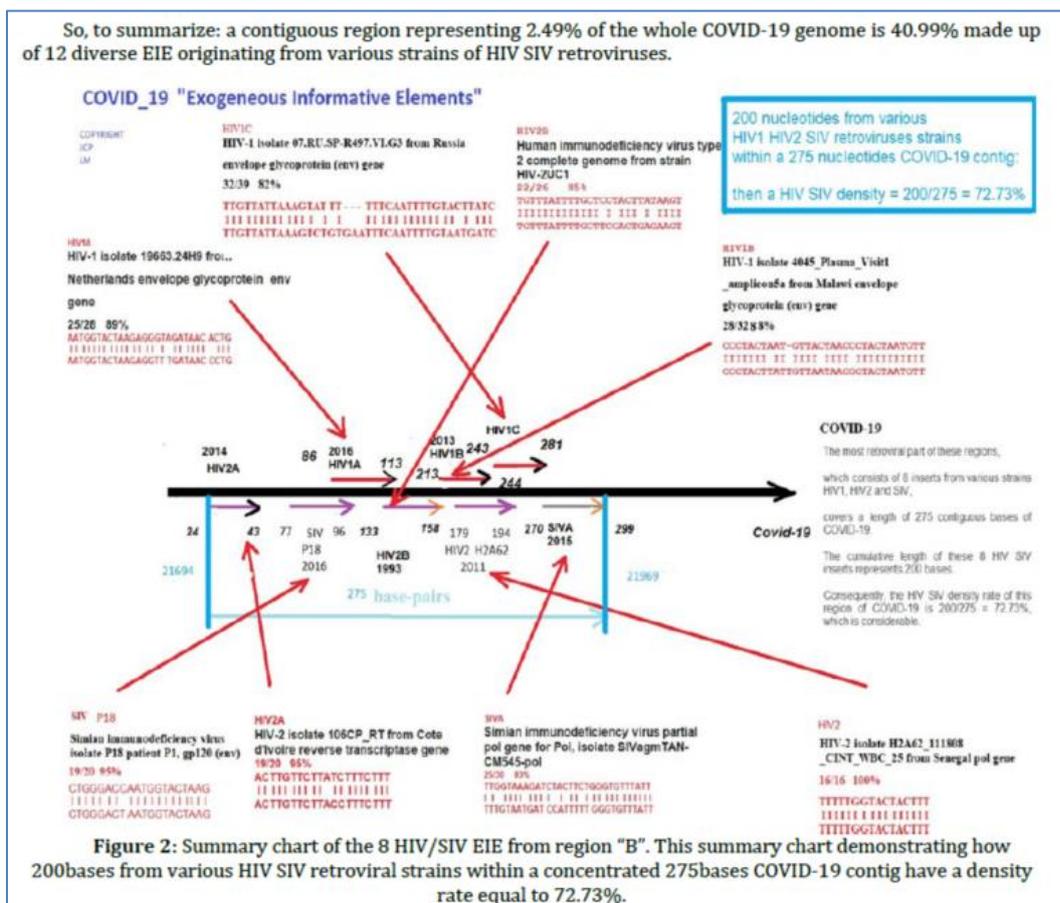
Das Diagramm unten zeigt eine 275 Nukleotide umfassende Region von Covid-19, die 200 Nukleotide von HIV/SIV (Simian ImmunoVirus) enthält. Und denken Sie daran, dass es 61 Codons gibt, die 20 Aminosäuren spezifizieren. Man kann also die gleiche Sache auf durchschnittlich 3 verschiedene Arten mit Codons ausdrücken.

Sie können eine pdf-Datei seiner Studie hier herunterladen und die ergänzenden Materialien hier (link im Orginal nicht hinterlegt). Sie ist sehr technisch. Aber er hat den Nobelpreis für die Entdeckung des HIV-Virus erhalten.

Wenn also jemand weiß, ob Covid mit HIV geboostet wurde, dann ist er es. Er wies schon früh in der Pandemie darauf hin, dass Covid-19 von Menschen hergestellt worden war, und wurde daraufhin von der Presse und den Faktenprüfern angefeindet. Jeder einzelne Faktenprüfer, der ihn angegriffen hat, lag falsch.

**Es gab keine wissenschaftliche Grundlage für irgendeine ihrer Faktenüberprüfungen. Diese Organisationen sind natürlich überhaupt keine Faktenprüfer. Sie sind globalistische Desinformationsagenturen, Söhne von Goebbels, Faktenverdrehen und Wissenschaftsleugner.**

Sie sind ungefähr so vertrauenswürdig wie eine amerikanische Wahl. Ich kann eine Tatsache selbst überprüfen, vielen Dank. Ich brauche keinen gehirngewaschenen, aufgeweckten Madrassa-Schüler, der mir seine Meinung über ein Thema sagt, das er nie an der Universität studiert hat.



Den übrigen Text des englischen Artikels findest du [hier](#), hat aber nichts mehr direkt mit dem vorigen Inhalt zu tun, daher ausgelassen. [Quelle: BREAKING: Official Biochemical and Statistical Evidence 100% confirms Moderna created Covid-19](#) # [Übersetzung: Freie Medien](#)