

Bakterielle Plasmid-DNA in RNA-basierten genetischen Impfstoffen Ein Update

Prof. Klaus Steger & Prof. Ulrike Kämmerer

Anfang 2025 veröffentlichte MWGFD *Fragen & Antworten zu DNA-Resten in RNA-basierten genetischen Impfstoffen* [1]. In diesem Update werden die zahlreichen neuen Erkenntnisse, die wir größtenteils den Untersuchungen des amerikanischen Wissenschaftlers Kevin McKernan zu verdanken haben [2], kombiniert mit molekularbiologischem Grundwissen laienverständlich zusammengefasst.

Hintergrund

Mit den RNA-basierten genetischen Impfstoffen, so die Definition des Paul-Ehrlich-Instituts [3], wurde ein **Trojanisches Pferd aus in Lipid-Nanopartikel (LNP) verpackter modifizierter mRNA (modRNA)** geschaffen, um fremde Geninformation in gesunde(!) Zellen zu schmuggeln. Die fremde Geninformation zwingt die gekaperte Zelle dazu, ein körperfremdes Protein (im Fall von Covid-19 das Spikeprotein von SARS-CoV-2) zu produzieren und es auf der Zelloberfläche zu präsentieren, damit das Immunsystem Antikörper gegen dieses Antigen bildet. Da das offizielle Narrativ an dieser Stelle endet, fällt leider ein entscheidender Aspekt unter den Tisch. Das Immunsystem erkennt das präsentierte Antigen als körperfremd und identifiziert die betreffende Zelle als „virenfiziert“, was unweigerlich dazu führt, dass diese Zelle zerstört wird. (Details zum Funktionsprinzip [4]).

Zusätzlich enthalten die genetischen Impfstoffe der Firmen Pfizer/BioNTech und Moderna aber auch noch ein **Damoklesschwert**, das von den Herstellern vertuscht, von der Politik geleugnet und von „der“ Wissenschaft unterdrückt wird. Es handelt sich um hohe Konzentrationen an **Rest-DNA aus dem Herstellungsprozess** (siehe weiter unten), die Kevin McKernan im Februar 2023 mehr oder weniger zufällig in allen von ihm untersuchten Impfstoffchargen nachgewiesen hat [5]. Seine Ergebnisse wurden anschließend durch mehrere Labore bestätigt, inklusive eines Teams von MWGFD [6], und inzwischen in der Zeitschrift *Autoimmunity* veröffentlicht [7]. Da ein großer Teil der Rest-DNA in LNP verpackt vorliegt, wird sie zusammen mit der modRNA in die Zellen geschmuggelt.

*„Nur die Lüge braucht die Stütze der Staatsgewalt, die Wahrheit kann von alleine aufrecht stehen.“
Thomas Jefferson*

Die Chronologie der Vertuschung

Das politische Narrativ, dass „mRNA-Impfstoffe“ keine DNA enthalten, war von Beginn an eine Lüge, da bereits in den Zulassungsunterlagen das Gegenteil zu lesen ist [8]. So wird in Tabelle S. 4.1 des Rapporteur's Rolling Review Assessment Report (EMA/H/C005735/RR) unter der Rubrik Prozess-bedingte Verunreinigungen (Process Related Impurities) die durch quantitative PCR (qPCR) ermittelte Menge an Rest-DNA Vorlage (Residual DNA Template) mit „≤ 330 ng DNA / mg RNA“ angegeben. Da dieser Wert unter einem „Grenzwert“ von 10 ng DNA / klinischer Dosis liegt (siehe weiter unten), wurde dieses vollkommen neuartige Produkt für die Notfall-Zulassung durchgewunken. Um diesen „Grenzwert“ nicht zu überschreiten, wurden von den Herstellern eine ganze Reihe von „Tricks“ angewendet, um die Zulassungsbehörden ganz offensichtlich zu täuschen.

- **Trick-1:** Im Rahmen der Zulassung wurden nur die Ergebnisse der im Labor in kleinem Maßstab angewandten Produktionsmethode eingereicht, um Impfstoffe für die ersten klinischen Studien bereit zu stellen. Hierbei wurde die für die Herstellung von RNA erforderliche DNA-Vorlage durch eine PCR vervielfältigt (**Prozess-1**). Die Impfstoffe für die

Massen-Impfkampagne wurden später jedoch mit einem anderen Verfahren hergestellt, bei dem die DNA-Vorlage in bakterielle Träger-DNA (Plasmide) eingebracht und in Bakterienkultur vermehrt wurde (**Prozess-2**).

Beachte-1: Die Anwendung zweier unterschiedlicher Wirkstoffprozesse wird in den Zulassungsunterlagen explizit erwähnt [9]. Auf Seite 18 erfährt der Leser, dass Unterschiede zwischen Prozess-1 und Prozess-2 festgestellt wurden, aber nicht abschließend geklärt werden konnte, ob durch die beiden Prozesse identische Spezies erhalten werden, da keine experimentellen Daten zu den verkürzten RNA-Spezies und den exprimierten Proteinen vorliegen. Daher wird in der spezifischen Verpflichtung SO1 (specific obligation-1) gefordert, dass zusätzliche Charakterisierungsdaten vorgelegt werden müssen.

Bei der aktuellen wissenschaftlichen Diskussion um hohe DNA-Konzentrationen geht es primär um Reste bakterieller Plasmid-DNA, die bei der Zulassung von Prozess-1 gar nicht gefunden werden konnten! Als positiver Begleiteffekt dieses Tricks wird automatisch auch der Gesamt-DNA-Gehalt geringer (siehe Trick-2).

Interessant ist in diesem Zusammenhang auch ein Blick in die Zulassungsunterlagen von mResvia, einem weiteren RNA-basierten genetischen Impfstoff der Firma Moderna gegen RSV (Respiratory Syncytial Virus) [10]. Auf Seite 12 erfährt der Leser, dass für die Rest-Plasmid-DNA ein sensitiverer Fragmentierungstest entwickelt werden soll, um die Fragmentierung der verbleibenden Plasmid-DNA-Vorlage zu charakterisieren und die Wirksamkeit der DNase-I Behandlung (siehe weiter unten) zu bestimmen. Es sind genau diese Reste bakterieller Plasmid-DNA, die aktuell beim Impfstoff Comirnaty gegen Covid-19 vertuscht werden sollen. Dieser wurde von Pfizer/BioNTech aber nach demselben Produktionsverfahren hergestellt (Prozess-2).

Beachte-2: Bei den nach Prozess-2 hergestellten genetischen Impfstoffen könnte in Zukunft noch ein weiteres, bislang kaum beachtetes Problem auftreten. Alle Organismen markieren bestimmte Abschnitte ihrer DNA als aktiv bzw. inaktiv, was durch das Entfernen bzw. Anbringen von Methylgruppen erfolgt. Diese befinden sich bei Bakterien am DNA-Baustein A (Adenin), beim Menschen hingegen am DNA-Baustein C (Cytosin). Derartige Unterschiede an der DNA sind für unsere Zellen ein Hinweis auf das Eindringen von Bakterien oder Viren. Der dadurch von den Zellen ausgelöste „Katastrophenalarm“ resultiert in einer Ausschüttung von Interferon und damit einer Entzündungsreaktion, die sogar zum Zelltod führen kann [11].

- **Trick-2:** Bei der Überprüfung zur Einhaltung eines willkürlich festgelegten DNA-Grenzwerts wurden unterschiedliche Messmethoden angewandt, die zu einer **Überschätzung des RNA-Gehalts** und zu einer **Unterschätzung des DNA-Gehalts** führten [12].

Der RNA-Gehalt wurde zunächst mittels UV-Spektroskopie gemessen. Diese Methode kann jedoch bekanntermaßen nicht zwischen RNA und DNA unterscheiden. Kommen in einer Probe, so wie hier, RNA und DNA gleichzeitig vor, und wird der erhaltene Messwert ausschließlich der RNA zugeschrieben, so wird die RNA-Menge notwendigerweise überschätzt, da die enthaltene DNA als RNA fehlinterpretiert wurde. Wird dieser überschätzte RNA-Wert nachfolgend als Bezugspunkt für die Ermittlung der DNA-Menge verwendet, dann liegt das berechnete DNA/RNA-Verhältnis zu niedrig.

Die Messung des DNA-Gehalts erfolgte mittels qPCR. Mit dieser Methode kann jedoch ausschließlich die durch ein Primerpaar ausgewählte Zielsequenz gefunden werden, nicht jedoch andere DNA-Sequenzen außerhalb dieser Zielsequenz. Selbst die Zielsequenz kann nur dann nachgewiesen werden, wenn sie intakt ist. Wurde sie fragmentiert, so entzieht sie sich dem Nachweis, selbst wenn die Fragmente in großer Menge vorliegen. Diese Tatsache wird auch in einem Patent der Firma Moderna beschrieben [13] und daher eine andere Messmethode empfohlen (Flüssigchromatographie-Tandem-Massenspektrometrie), was die europäische EMA und die amerikanische FDA jedoch

ignorierten. Die Ergebnisse einer qPCR führen somit zwangsläufig zu einer Untererfassung der Gesamt-DNA-Menge.

Im Endprodukt, nach Einkapselung in LNP, fällt eventuell vorhandene DNA einfach unter den Tisch, da die Hersteller nur die RNA messen, nun erneut mit einer anderen Methode als vor der Einkapselung in LNP. Der verwendete RiboGreen-Fluoreszenz-Tests weist jedoch bekanntermaßen eine 2x höhere Affinität für DNA wie für RNA auf [14]. Bei gleichzeitiger Anwesenheit von RNA und DNA führt dies also erneut zu einer Überschätzung des RNA-Gehalts.

Beachte: Die von mehreren Laboren weltweit in allen untersuchten Impfstoffchargen gemessenen hohen DNA-Konzentrationen beruhen nicht auf der von den Herstellern verwendeten ungeeigneten qPCR, auch wenn das Paul-Ehrlich-Institut diese Methode in einem Fachkommentar als valide zu verteidigen versuchte [15], sondern auf für die Messung der Gesamt-DNA-Menge geeigneteren Methoden (z.B. Fluoreszenz-Spektroskopie, Qubit). Um Fehlinterpretationen durch gleichzeitig vorhandene RNA auszuschließen, wurden die Proben vor der Messung zusätzlich mit dem Enzym RNase-A behandelt, um die RNA abzubauen, so dass die tatsächliche DNA-Menge ermittelt wurde. Auch diesen Schritt haben die Hersteller unterlassen.

- **Trick-3:** Als Resultat von Trick-1 und Trick-2 konnte die EMA schließlich feststellen, dass ein „**Grenzwert**“ von **10 ng DNA pro klinischer Dosis** (siehe auch Trick-4) nicht überschritten wurde [16].

Beachte: Für das Risiko einer möglichen Integration von DNA in das Genom ist weniger die Masse der DNA, sondern vielmehr die Zahl der DNA-Fragmente von Bedeutung. Bei gleicher Masse (z.B. 10 ng) ist das Risiko einer Genomintegration bei kürzeren und damit in größerer Zahl vorliegenden Fragmenten höher als bei längeren, aber weniger zahlreichen Bruchstücken [17].

- **Trick-4:** Bei Trick-3 wird verschwiegen, dass der genannte **Grenzwert** ursprünglich für „freie“ DNA festgelegt wurde [18], welche als Beimischung in herkömmlichen Produkten wie Insulin oder Antibiotika vorliegt. Freie DNA wird aber nur mit einer extrem geringen Wahrscheinlichkeit ins Zellinnere gelangen. Die DNA in RNA-basierten genetischen Impfstoffen liegt aber, zumindest zu einem großen Teil, zusammen mit der RNA „verpackt“ in LNP vor. Verpackte DNA, für die bislang keine Erfahrungswerte und auch keine validen Grenzwerte vorliegen, wird aber sehr viel effektiver von den Zellen aufgenommen, wodurch das Risiko für eine schädigenden Zellwirkung deutlich ansteigt.

Beachte: Wie erstmals von einem Team von MWGFD gezeigt wurde [6], müssen vor der DNA-Messung die LNP zerstört werden (Triton-X-100, 95 °C), um die darin verpackte DNA freizusetzen, die ansonsten für die Messung nicht zugänglich ist. Auch diesen Schritt haben die Hersteller unterlassen und nur die freie DNA gemessen, wodurch es zu einer Unterschätzung der Gesamt-DNA-Menge kommt, da der Anteil der in LNP verpackten DNA, die ins Zellinnere gelangen kann, komplett ausgeblendet wird.

- **Trick-5:** Es wird behauptet, dass **DNA-Fragmente < 200 bp kein Sicherheitsproblem** darstellen, da (1) es „unwahrscheinlich“ sei, dass derart kleine Bruchstücke in das Genom integrieren, (2) sie nicht für funktionelle Proteine kodieren und (3) es sich nicht um DNA aus tierischen Zellen, sondern um DNA bakteriellen Ursprungs handle, die kein Krebsrisiko darstelle [19].

Beachte: Die Realität ist das exakte Gegenteil. Die Wahrscheinlichkeit einer Genomintegration sinkt nicht, sondern sie steigt, wenn die Fragmente kleiner und damit zahlreicher sind [20]. Auch diese Tatsache wird in einem Patent der Firma Moderna erwähnt [21]. Des Weiteren ist bekannt, dass das von Pfizer/BioNTech verwendete Plasmid ein Sequenzelement des Tumovirus SV40 enthält. Diese nur 72 bp lange

„Promoter/Enhancer-Sequenz“, die nach obiger Argumentation unbedenklich wäre, besitzt jedoch die Fähigkeit, nach Aufnahme ins Zellinnere in den Zellkern einzudringen, inklusive mit ihr assoziierter DNA-Sequenzen. Dies wird durch eine sogenannte Zellkern-Erkennungs-Sequenz (nuclear target sequence) ermöglicht [22]. Exakt diese Tatsache machte die SV40-Sequenz seit Jahrzehnten zu einem zentralen Werkzeug für die Gentechnik, also der experimentellen genetischen Manipulation von Zellen und Versuchstieren. Es ist daher nicht entschuldbar, dass Pfizer/BioNTech diese für die Produktion absolut unnötige, aber gefährliche Sequenz bei Einreichung der Zulassungsunterlagen verschwiegen hat. Ihr Vorkommen auf dem Plasmid wurde erst durch die Untersuchungen von Kevin McKernan aufgedeckt (siehe weiter unten).

➤ **Trick-6:** Vielfach geplante **Booster werden verschwiegen.**

Beachte: Im Assessment Report zu Comirnaty [9] erfährt der Leser auf Seite 50, dass ein Verzicht auf Genotoxizitätsstudien akzeptabel sei, da der Impfstoff nur Lipide und RNA enthalte. Dass es sich nicht um natürliche mRNA, sondern um synthetische modRNA handelt, wird ignoriert. Bemerkenswert sind auch die Ausführungen zu einem Bestandteil der LNP. So enthalte der neuartige Hilfsstoff ALC-0159 eine chemische Gruppe (Acetamid), die bei hohen Dosen und chronischer Verabreichung mit einer Genotoxizität in Verbindung gebracht werde. Da aber nur „zwei“ Verabreichungen des Produkts empfohlen werden, sei das zu erwartende Risiko einer Genotoxizität voraussichtlich sehr gering. Eine mögliche Risikosteigerung durch Booster wurde also gar nicht erst untersucht.

*„In der Politik passiert nichts zufällig.
Wenn es doch passiert, kann man darauf wetten, dass es so geplant war.“
Franklin D. Roosevelt*

Frage-1: Warum wurde die Plasmid-DNA nicht vollständig entfernt?

Die Plasmid-DNA sollte im Rahmen des Herstellungsprozesses mit Hilfe des Enzyms DNase-I entfernt werden. Es wurde jedoch bereits 1997 beschrieben, dass DNase-I kein verlässliches Enzym ist [23]. Selbst die Firma Moderna weist in ihrem Patent darauf hin, dass der DNA-Abbau durch DNase-I unvollständig abläuft [21]. Auch Mitarbeiter der Firma BioNTech weisen in einem Übersichtsartikel auf dieses Problem hin [24]. Und auf der Webpage eines Herstellers von DNase-I ist zu lesen, dass es praktisch unmöglich sei, in einer RNA-Präparation alle DNA-Stränge vollständig zu entfernen [25]. So zeigt das Enzym z.B. bei Anwesenheit von DNA:RNA-Hybriden eine verminderte Effizienz [26]. Exakt solche DNA:RNA-Hybride wurden von Kevin McKernan in Impfstoffchargen von Pfizer/BioNTech und Moderna nachgewiesen [27].

Trick-7: DNA:RNA-Hybride treten vornehmlich in der Spike-Region auf, da diese im Rahmen des Herstellungsprozesses in RNA umgeschrieben wird. Die produzierte RNA bleibt dabei eine gewisse Zeit an der DNA-Vorlage „kleben“ und schützt somit die DNA-Vorlage vor Zerstörung durch das Enzym DNase-I. Obwohl BioNTech eine qPCR für die Spike-Region entwickelt hatte, um das erfolgreiche Einbringen dieser Sequenz in das Plasmid zu überprüfen, verwendete sie diesen bereits vorhandenen Test nicht für die Bestimmung der am Ende des Produktionsprozesses verbleibenden Rest-DNA-Menge. Stattdessen entwickelte sie einen neuen Test, der gegen ein anderes Gen auf dem Plasmid gerichtet war, dem sogenannten KAN-Gen, das die Bakterien resistent gegen das Antibiotikum Kanamycin macht. Bei dieser Sequenz sind jedoch keine DNA:RNA-Hybride zu erwarten, da im Rahmen der Impfstoffherstellung keine KAN-RNA produziert wird. Es war daher vorhersehbar, dass KAN-DNA deutlich effektiver durch DNase-I entfernt wird als Spike-DNA [27].

Beachte: Es wurde nur eine einzelne kurze DNA-Sequenz mittels qPCR gemessen und behauptet, dass das Ergebnis dieser Messung für alle DNA-Sequenzen auf dem Plasmid gültig sei und daher auf die Gesamt-DNA-Menge extrapoliert werden könne. Ein fataler „Fehler“,

wenn man weiß, dass DNase-I die Spike-Region des Plasmids aufgrund der DNA:RNA-Hybride nur zu einem Bruchteil abbauen kann. Auch werden die vielen kurzen DNA-Bruchstücke, die als Folge einer unvollständigen DNase-I Aktivität entstehen können, systematisch übersehen. Man hätte den Abbau zumindest verbessern können, wenn man statt DNase-I das für diesen Zweck besser geeignete Enzym DNase-I-XT verwendet hätte [27]. Die Hersteller und deren Wissenschaftler müssen das gewusst haben.

Frage-2: Warum war eine SV40 Sequenz auf der Plasmid-DNA von Pfizer/BioNTech?

Diese Frage ist berechtigt, weil diese Sequenz für die Herstellung von RNA in den verwendeten *E. coli* Bakterien absolut unnötig ist und sie daher von der Firma Moderna nicht verwendet wurde. Besonders brisant ist, dass die Firma Pfizer/BioNTech die SV40-Sequenz in den eingereichten Zulassungsunterlagen nicht offengelegt hat [28]. Die fehlenden Sequenzen (SV40-Promotor/Enhancer, SV40-Ori, F1-Ori, SV40-PolyA, TK-PolyA) wurden erst nach dem Nachweis durch Kevin McKernan und einem Team von MWGFD nachgereicht, mit dem Hinweis, man hätte diese Sequenz als inaktiv eingeschätzt und es daher nicht für nötig erachtet, diese der Zulassungsbehörde zu melden [29,30]. Obwohl die Einreichung von falschen Unterlagen im Normalfall zu einer unverzüglichen Aufhebung der Marktzulassung hätte führen müssen, erfolgte diese nicht!

Auch wurde durch zwei Publikationen von Pfizer-Mitarbeitern bekannt, dass die Firma Pfizer für die Herstellung des „Impfstoffs“ Comirnaty einfach auf bereits vorhandene Plasmid-DNA aus ihrem „Gentherapie Programm“ zurückgegriffen hat [31,32]. Dies erklärt die Anwesenheit der SV40-Sequenz, da im Rahmen einer Gentherapie die gewünschte Erbinformation in das Genom eingebaut werden soll, was aber bei genetischen Impfstoffen unter keinen Umständen passieren darf. Insofern ist die Vertuschung dieser Sequenzen gegenüber den Zulassungsbehörden nicht entschuldbar.

Interessant ist die Tatsache, dass alle bisherigen qPCR-Studien unabhängiger Wissenschaftler an Pfizer/BioNTech Impfstoffen einen auffällig hohen Gehalt an SV40-DNA zeigten, obwohl hier keine DNA:RNA-Hybride zu erwarten sind. Als mögliche Ursache wurde sogenannte G4-DNA identifiziert (eine Quadruplex-Struktur aus 4 aufeinander folgenden Guanin-Bausteinen), welche die Stabilität der DNA erhöhen und den Abbau durch DNase-I nahezu unmöglich machen [33]. Kevin McKernan hat gezeigt, dass in der SV40-Sequenz des von Pfizer/BioNTech verwendeten Plasmids gleich 5 solche G4-DNA-Sequenzen enthalten sind [34]. Da die SV40-Sequenz auf dem Plasmid gleich doppelt hintereinander geschaltet vorkommt, können sich zusätzlich sogenannte Haarnadel-Schleifen ausbilden, welche die Stabilität der DNA noch weiter erhöhen. Zum besseren Verständnis stelle man sich ein altes Telefon vor, bei dem der Hörer durch ein Spiralkabel mit dem Apparat verbunden war, welches selbst Ähnlichkeit mit einer DNA-Doppelhelix hatte. Nach mehrmaligem Gebrauch des Telefons verdrehte sich das Spiralkabel regelmäßig, klappte schließlich um und bildete kaum mehr entwirrbare Knoten aus.

Frage-3: Sind Reste der Plasmid-DNA vermehrungsfähig und können sie in das menschliche Genom integrieren?

Als Argument gegen ein durch DNA-Reste verursachtes genetisches Risiko wird häufig angeführt, dass sich die verwendeten Plasmide aufgrund ihres bakteriellen Ursprungs in menschlichen Zellen nicht vermehren können. Eine Vermehrung ist für eine Genomintegration jedoch gar nicht nötig, d.h. Vermehrung und Integration sind zwei unterschiedliche und voneinander unabhängige Prozesse. Zudem wird „übersehen“, dass die verwendeten Plasmide auch virale Elemente (z.B. SV40-Promotor/Enhancer) und säugetierartige Sequenzen (z.B. origin-of-replication, ori) enthalten. Es ist bekannt, dass der SV40-Ori in Säugetierzellen aktiv sein kann, wenn er mit weiteren Elementen (F1-Ori, ColE1) gekoppelt wird. Beide Elemente sind in dem von Pfizer/BioNTech verwendeten Plasmid vorhanden [35] und wurden in der Nachmeldung der „vergessenen“ Funktionselemente des Plasmids explizit erwähnt (siehe oben). Ebenfalls gut belegt ist die von einer Vermehrung unabhängige Fähigkeit der SV40-Sequenz, ihren eigenen Transport sowie den Transport anderer mit ihr

assoziierten DNA-Sequenzen in den Zellkern zu fördern und dadurch den Einbau dieser Sequenzen in die Erbsubstanz zu erleichtern [36,37,38,39,40,41].

Es ist noch nicht endgültig geklärt, ob sich die für die Impfstoffherstellung verwendeten bakteriellen Plasmide in menschlichen Zellen vermehren können oder nicht. Hierfür spielt die in das Plasmid eingebrachte Sequenz (z.B. Spike) keine Rolle. Wichtig ist vielmehr, ob das Plasmid als natürlicher Ring, der sich generell leichter vermehren kann, oder als linearer Strang vorliegt. Im Rahmen der Impfstoffproduktion wird daher der Ring durch Schneiden mit sogenannten Restriktionsenzymen in einen Strang umgewandelt, um die Wahrscheinlichkeit einer Vermehrung zu minimieren. Kevin McKernan weist darauf hin, dass diese Linearisierung der Plasmide durch Pfizer/BioNTech unvollständig erfolgte und somit möglicherweise umkehrbar ist [42]. Als Grund für die unvollständige Linearisierung nennt er die Verwendung eines ungeeigneten Restriktionsenzym, das beim Schneiden der Plasmide „klebrige Enden“ (sticky ends) produziert, wodurch sich Teile von Plasmiden in der Zelle wieder zu einem Ring schließen und somit möglicherweise wieder vermehrungsfähig werden können. Tatsächlich wurde nachgewiesen, dass die in Comirnaty enthaltenen Reste von Plasmid-DNA in *E. coli* Bakterien vermehrungsfähig waren [43]. Die Ergebnisse wurden von Kevin McKernan überprüft [44].

Frage-4: Lassen sich Reste von Plasmid-DNA in geimpften Personen nachweisen?

Bei 75 von 102 untersuchten geimpften Personen konnten im Blut Bruchstücke von Plasmid-DNA nachgewiesen werden, darunter auch die SV40-Sequenz [45]. Die Ergebnisse konnten bei fast allen betroffenen Personen durch eine Genomanalyse bestätigt werden [46].

Kevin McKernan berichtet [47], dass er anhand der von fünf Studien zur Verfügung gestellten RNA-Seq Daten Fragmente von Plasmid-DNA in den analysierten Proben von geimpften Personen nachweisen konnte [45,48,49,50,51].

Kürzlich wurde ein Preprint veröffentlicht, an dem auch zwei Mitglieder von MWGFD als Ko-Autoren beteiligt sind [52]. Hierbei handelt es sich um die bislang längste Nachverfolgung (3,5 Jahre) eines dreimal mit Comirnaty geimpften 55-jährigen Mannes. Eine Covid-19 Infektion konnte über den gesamten Beobachtungszeitraum durch das Fehlen des Nukleokapsid(N)-Proteins ausgeschlossen werden. Es konnte eine deutlich verlängerte Expression von Spikeprotein (1.173 Tage nach Booster in Plasma und Exosomen (ELISA), 1.364 Tage nach Booster in Hautbiopsie), Spike-modRNA (1.284 Tage nach Booster in Exosomen (RT-PCR)) und Plasmid-DNA-Fragmenten (1.384 Tage nach Booster in Hautbiopsie: Sequenzen von Spike-Gen, ori1/ori2, SV40 (Bestätigung durch Sanger-Sequenzierung) nachgewiesen werden, die in einem multisystemischen Post-Vac-Syndrom resultierten.

Frage-5: Stellen die Reste von Plasmid-DNA in den RNA-basierten genetischen Impfstoffen ein Krebsrisiko dar?

Bereits 1999 wurde von Dean und Mitarbeitern gezeigt, dass die im Pfizer/BioNTech Impfstoff Comirnaty enthaltene SV40-Sequenz auch bei sich nicht in Teilung befindlichen Zellen in den Zellkern eindringen und in die zelluläre DNA eingebaut werden kann, und dass bereits wenige Kopien dieser Sequenz ausreichen, um auf diesem Weg eine Krebsentwicklung auszulösen [36]. Von Impfbefürwortern wird regelmäßig das Fehlen eines weiteren Gens des SV40 Virus, das angeblich für eine Tumorinduktion notwendige sogenannten „Large T-Antigen“ angeführt, um ein mögliches Krebsrisiko durch den Impfstoff Comirnaty abzustreiten. Es wurde jedoch gezeigt, dass das „Large T-Antigen“ für eine Integration nicht zwingend nötig ist [53]. Ebenfalls seit 1999 ist bekannt, dass die SV40-Sequenz, die in Comirnaty nachgewiesen wurde, an das Tumorsuppressorprotein p53 binden kann, wodurch wichtige genetische Reparaturmechanismen gestört und das Krebsrisiko weiter erhöht werden kann [54].

Ende 2025 analysierte eine umfangreiche Übersichtsarbeit die vorhandene Literatur zu Krebszeichen nach SARS-CoV-2 Infektion bzw. Covid-19 Injektion [55]. Neben Gemeinsamkeiten, wie z.B. dem Spikeprotein, weisen die Autoren aber auch auf Unterschiede zwischen Infektion und Injektion hin. So zeigt die Injektion eine deutlich umfassendere Verteilung im Körper sowie die intrazelluläre Aufnahme und die Persistenz modifizierter RNA

(modRNA), welche die Synthese eines körperfremden Spikeproteins im gesamten Körper vorantreibt. Die zusätzliche Existenz von fragmentierter Rest-DNA und die über Monate bis Jahre hinweg anhaltende Produktion von Spikeprotein stellen eindeutige Injektions-spezifische Faktoren dar, welche das Risiko der Krebsentstehung erhöhen, die Immunüberwachung stören und das Wachstum bereits vorhandener maligner Zellen beschleunigen könnten.

*„Alles, selbst die Lüge, dient der Wahrheit;
Schatten löschen die Sonne nicht aus.“
(Franz Kafka)*

Fazit: Die genetischen Risiken der RNA-basierten genetischen Impfstoffe sind real!

Obwohl es sich bei der Injektion von genetischen Impfstoffen biologisch eindeutig um eine „Transfektion“ handelt, d.h. um das Einbringen von fremder genetischer Information in unsere Körperzellen [56], behandelt die EMA diese neuartigen Produkte nicht als Gentherapeutika, sondern ohne jegliche wissenschaftliche Grundlage „per definitionem“ als Impfstoffe. Durch diesen Trick werden die Hersteller von den für derartige Präparate eigentlich gültigen, äußerst strengen Sicherheitsauflagen befreit.

Trick-8: Man wendet eine juristische Fiktion an.

Selbst ChatGPT erkennt den Schwindel und erklärt, es handle sich bei einer juristischen Fiktion um „einen rechtlichen Trick: Es wird rechtlich so getan, als wäre ein bestimmter Sachverhalt wahr, auch wenn dieser in Wirklichkeit nicht zutrifft oder gar nicht existiert. Diese Annahme dient dazu, eine rechtliche Regelung anzuwenden, die sonst nicht greifen würde, und dadurch Rechtssicherheit, praktische Anwendbarkeit und gerechte Ergebnisse zu ermöglichen.“ Des Weiteren nennt ChatGPT drei wichtige Merkmale einer juristischen Fiktion: „(1) Rechtsannahme trotz Unwahrheit: Ein Sachverhalt wird aus juristischen Gründen als gegeben behandelt, obwohl er tatsächlich falsch ist. (2) Zweckmäßigkeit: Die Fiktion wird verwendet, um Gesetzesregeln auf Fälle zu übertragen, in denen sie sonst nicht anwendbar wären, etwa zur Erleichterung von Verfahren oder zur Vermeidung von Rechtslücken. (3) Nicht widerlegbar im Verfahren: In vielen Fällen darf der fiktive Sachverhalt im Prozess nicht widerlegt werden – er gilt einfach als wahr.“

Eine ausführliche Analyse zum Thema „Impfstoff oder Gentherapie“ findet sich in dem empfehlenswerten Übersichtsartikel von Helene Banoun [57].

Bemerkenswerterweise wurde das Gesetz zur Regelung der Gentechnik [58] schon lange vor Beginn der Covid-19 Massen-Impfkampagne geändert, so dass es als „maßgeschneidert“ für die genetischen Impfungen erscheint. So wird im Gesetz zur Neuordnung des Gentechnikgesetzes [59] in §3 Abs. 3 ein gentechnisch veränderter Organismus (GVO) nun definiert als „ein Organismus, **mit Ausnahme des Menschen**, dessen genetisches Material in einer Weise verändert worden ist, wie sie unter natürlichen Bedingungen durch Kreuzen oder natürliche Rekombination nicht vorkommt.“ Gegenüber der Originalversion wurde ohne jegliche wissenschaftliche Begründung der Zusatz „mit Ausnahme des Menschen“ eingefügt, was bedeutet, dass jeder andere Organismus, z.B. ein Schimpanse, bei Anwendung der identischen Technik sehr wohl als GVO zählt.

Bereits 2009 wurde auf europäischer Ebene die Definition eines Gentherapeutikums dahingehend geändert, dass in § 2 der Zusatz „Impfstoffe gegen Infektionskrankheiten sind keine Gentherapeutika“ eingefügt wurde. [60].

Aus wissenschaftlicher und medizinischer Sicht sind diese beiden Gesetzesänderungen in keiner Weise zu rechtfertigen. Die EMA und andere Aufsichtsbehörden sind nicht mehr vertrauenswürdig, solange diese Fehler nicht korrigiert werden.

Referenzen

- [1] <https://www.mwgfd.org/2025/01/dna-reste-in-rna-basierten-genetischen-impfstoffen-fragen-und-antworten/>, [2] <https://anandamide.substack.com/>, [3] <https://www.pei.de/DE/newsroom/hp-meldungen/2022/220221-covid-19-pandemie->

[impfstoffe-im-fokus.html](https://anandamide.substack.com/p/curious-kittens), [4] <https://www.mwgfd.org/2025/12/modrna-ist-kein-mrna/>, [5] <https://publichealthpolicyjournal.com/biontech-mrna-based-covid-19-injections-contain-large-amounts-of-residual-dna-including-an-sv40-promoter-enhancer-sequence/>, [6] Kämmerer 2024 Pub Health Pol Law [7] Speicher 2025 Autoimmunity <https://doi.org/10.1080/08916934.2025.2551517>, [8] <https://www.ghr.agency/wp-content/uploads/2026/01/Rapporteurs-Rolling-Review-Report-Overview-LoQ-COVID-19-mRNA-Vaccine-BioNTech.pdf>, [9] https://www.ema.europa.eu/en/documents/assessment-report/comirnaty-epar-public-assessment-report_en.pdf, [10] https://www.ema.europa.eu/en/documents/assessment-report/mresvia-epar-public-assessment-report_en.pdf, [11] <https://anandamide.substack.com/p/dam-methylation-and-cgas-sting>, [12] <https://www.cicero.de/kultur/mrna-impfstoffe-covid-dna-verunreinigungen-teil-zwei>, [13] <https://patentimages.storage.googleapis.com/fc/2d/ee/de8c624d03912f/US10077439.pdf>, [14] Jones 1998 Anal Biochem <https://doi.org/10.1006/abio.1998.2914>, [15] Vieths 2025 Vaccine <https://doi.org/10.1016/j.vaccine.2025.127186>, [16] Shin 2007 Biologicals <https://doi.org/10.1016/j.biologicals.2005.12.005>, [17] <https://anandamide.substack.com/p/the-10ng-limited-hangout>, [18] https://cdn.who.int/media/docs/default-source/biologicals/documents/trs_978_annex_3.pdf, [19] <https://www.fda.gov/media/78428/download>, [20] Sheng-Fowler 2009 Biologicals <https://doi.org/10.1016/j.biologicals.2009.02.015>, [21] <https://patents.google.com/patent/US10077439B2/en>, [22] Sattar 2023 Front Microbiol <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1073789>, [23] Sutton 1997 Biochem J <https://doi.org/10.1042/bj3210481>, [24] Lenk 2024 Front Mol Biosci <https://doi.org/10.3389/fmolb.2024.1426129>, [25] <https://www.thermofisher.com/de/de/home/references/ambion-tech-support/nuclease-enzymes/general-articles/dnase-i-demystified.html>, [26] <https://anandamide.substack.com/p/laymans-description-of-rnadna-hybrids>, [27] McKernan 2026 J Independ Med <https://doi.org/10.71189/JIM/2026/V02N01A04>, [28] <http://www.ghr.agency/wp-content/uploads/2026/01/Rolling-Review-Report-Quality-COVID-19-mRNA-Vaccine-BioNTech-map.pdf>, [29] <https://anandamide.substack.com/p/executive-summary-of-the-fda-vrbpac>, [30] https://www.ghr.agency/wp-content/uploads/2025/01/Anlage_Wundc_32_Ema_Chmp_21199_2024_Type_II_Variation_Assessment.pdf, [31] Thorn 2022 Curr Opin Biotechnol <https://doi.org/10.1016/j.copbio.2022.102803>, [32] Lewis 2023 J Pharm Sci <https://doi.org/10.1016/j.xphs.2022.09.014>, [33] Evans 2025 npj Biofilm Microbioms <https://doi.org/10.1038/s41522-025-00694-x>, [34] <https://anandamide.substack.com/p/quadruplex-gs-are-dnasei-resistant>, [35] <https://anandamide.substack.com/p/sv40-origin-of-replication-in-mammalian>, [36] Dean 1999 Exp Cell Res <https://doi.org/10.1006/excr.1999.4716>, [37] Vacik 1999 Gene Ther <https://doi.org/10.1038/sj.gt.3300924>, [38] Martini 2007 Infect Agents CAC <https://doi.org/10.1186/1750-9378-2-13>, [39] Li 2007 Chin Med J <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/17439744/>, [40] Graessmann 1989 Nucl Acids Res <https://doi.org/10.1093/nar/17.16.6603>, [41] Young 2003 Gene Ther <https://doi.org/10.1038/sj.gt.3302021>, [42] <https://anandamide.substack.com/p/pfizers-failure-to-linearize-the>, [43] Wang 2024 J High School Sci <https://doi.org/10.64336/001c.127890>, [44] <https://anandamide.substack.com/p/fda-white-oak-lab-finds-6x-to-470x>, [45] Ryan 2023 Cell Rep Med <https://doi.org/10.1016/j.xcrm.2023.100971>, [46] Chakraborty 2024 OSF <https://doi.org/10.31219/osf.io/hzyn3>, [47] <https://anandamide.substack.com/p/back-to-the-future>, [48] Odak 2024 eBioMed <https://doi.org/10.1016/j.ebiom.2023.104947>, [49] Lee 2022 Cell Rep <https://doi.org/10.1016/j.celrep.2022.110680>, [50] Knabl 2022 Nat Comm Med <https://doi.org/10.1038/s43856-022-00083-x>, [51] Ludkovska 2022 Sci Adv <https://doi.org/10.1126/sciadv.add9468>, [52] Hulscher 2026 Zenodo <https://zenodo.org/records/18460099>, [53] Strayer 2002 Mol Ther <https://doi.org/10.1006/mthe.2002.0657>, [54] Dryman 2016 Oncotarget <https://doi.org/10.18632/oncotarget.10769>, [55] <https://drive.google.com/file/d/1RH0f1BEqY9I7ruuPKQPU6bGNVJRyXZxc/view>, [56] <https://flexikon.doccheck.com/de/Transfektion>, [57] Banoun 2023 Int J Mol Sci <https://doi.org/10.3390/ijms241310514>, [58] <https://www.gesetze-im-internet.de/gentg/BJNR110800990.html#BJNR110800990BJNE001106116>, [59] https://www.bgbl.de/xaver/bgbl/start.xav?startbk=Bundesanzeiger_BGBl&jumpTo=bgbl105s0186.pdf#/text/bgbl105s0186.pdf?_ts=1770305520082, [60] Document 32009L0120, Commission Directive 2009/120/EC of 14 September 2009 amending Directive 2001/83/EC of the European Parliament and of the Council on the Community code relating to medicinal products for human use as regards advanced therapy medicinal products <https://eur-lex.europa.eu/legal-content/DE/TEXT/HTML/?uri=CELEX:32009L0120#d1e73-4-1>.