



Vereinigung Bürger fragen nach
buerger.fragen.nach@gmail.com
www.vbfn.ch
https://t.me/Buerger_fragen_nach

E-Mail-Anfragen Nr. 6.78.2– 15.04.2025

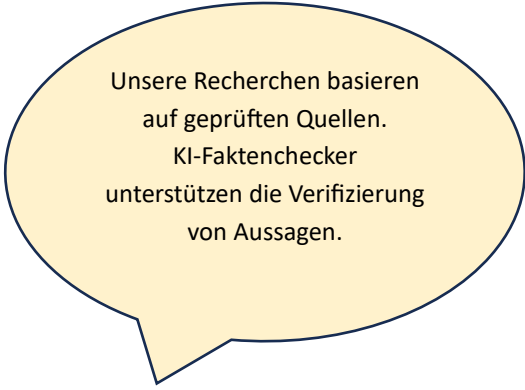
Mail an Wissenschaftsmagazin Nature Änderung in Studie Zhou et al. vom 03.02.2020

**Nature-Studie unter der Lupe: Methodische Widersprüche, fehlende
Transparenz – und ein Netzwerk bis zur Gates Foundation.**

Die E-Mail-Anfrage und weiterführende Informationen finden Sie in diesem
Dokument.



Inhaltsverzeichnis



Unsere Recherchen basieren
auf geprüften Quellen.
KI-Faktenchecker
unterstützen die Verifizierung
von Aussagen.

Editorial	3
15.04.2025: E-Mail-Anfrage an Wissenschaftsmagazin Nature – Klärung der Diskrepanzen - Englisch	5
15.04.2025: E-Mail-Anfrage an Wissenschaftsmagazin Nature – Klärung der Diskrepanzen - Deutsch	10
Weshalb diese Anfrage an das Wissenschafts-Magazin Nature?	15
Ausgangslage	15
Was bedeutet eine vollständige Genomsequenz?	16
Brisant: Peer Reviewer mit weitreichenden Verflechtungen	20
? Fragen & Antworten	21

Editorial

Warum diese Analyse notwendig ist

Am 3. Februar 2020 veröffentlichte das renommierte Wissenschaftsjournal **Nature** eine der zentralen Studien zur angeblichen Entdeckung des neuartigen Coronavirus SARS-CoV-2 (Zhou et al.). Diese Publikation wurde zur **Schlüsselreferenz** für viele politische und wissenschaftliche Entscheidungen – insbesondere bezüglich der **Virusisolierung**, **Genomsequenzierung** und **Übertragbarkeit**.

Doch wie belastbar ist diese Studie wirklich?

Was wir untersucht haben

Wir haben die Preprint-Version vom **23. Januar 2020** mit der begutachteten Peer-Reviewed-Version vom **3. Februar 2020** umfassend verglichen. Dabei traten **nicht nur inhaltliche Differenzen**, sondern auch **methodische Widersprüche** und **nicht gekennzeichnete Änderungen** zutage.

Insbesondere der Begriff der „Virusisolierung“ wurde aus unserer Sicht **missverständlich verwendet**, da die präsentierten Sequenzdaten **zahlreiche Lücken aufwiesen** – die erst durch rechnerisches GAP-Filling geschlossen wurden.

Was wir zusätzlich herausfanden

Im Zuge unserer vierten Anfrage an Nature wurde zudem bekannt, dass der **Peer Reviewer** der Zhou et al.-Studie kein anderer als **Nicholas Loman** war – **Mitbegründer des ARTIC-Konsortiums**, das enge Verbindungen zu **Wellcome Trust, WHO und der Gates Foundation** aufweist. Diese Tatsache wurde weder in der Studie noch in der offiziellen Antwort offengelegt und wirft grundlegende Fragen zum **Peer-Review-Prozess** und zur **Transparenz** auf.

Warum dieses Dossier über die Anfrage hinausgeht

Im Rahmen der Dossier-Erstellung haben wir mehrere ergänzende Befunde und Dokumentationen integriert, darunter:

- Eine visuelle Darstellung der NGS-Rohdaten („WIV04“) im Vergleich zu einem idealtypischen Sequenzierungsbild
- Eine Gegenüberstellung der **Zitate zur Koch’schen Postulatsfrage** (inkl. Nachweis, dass die Aussage im Preprint **nicht enthalten war**)
- Eine methodenkritische Aufarbeitung zum Thema „vollständige Genomsequenz“

- Hinweise auf mögliche Interessenkonflikte und fehlende Deklarationen im Peer-Review

Dieses Dossier ist daher **mehr als nur eine kritische Leseranfrage**. Es ist ein **Beitrag zur Aufarbeitung der wissenschaftlichen Grundlagen** jener Publikation, die wie kaum eine andere zur weltweiten Pandemiebewertung herangezogen wurde.

15.04.2025: E-Mail-Anfrage an Wissenschaftsmagazin Nature – Klärung der Diskrepanzen - Englisch

Viertes Schreiben an Nature (15. April 2025)

Vereinigung Bürger fragen nach

buerger.fragen.nach@gmail.com

www.vbfn.ch

https://t.me/Buerger_fragen_nach

15.04.2025



E-Mail an: Dr. Magdalena Skipper – Editor in Chief, Nature (m.skipper@nature.com)

CC: Clare Thomas (c.thomas@nature.com)
Research Integrity Team (researchintegrity@springernature.com)
Nature Editorial Office (nature@nature.com)

Subject: Request for final clarification regarding the study

"A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin"

(Nature, February 3, 2020) – Comparison of versions and peer-review transparency

Dear Dr. Skipper,

Thank you for your response dated April 10, 2025, provided by Ms. Clare Thomas.

We acknowledge your reply, but would like to emphasize that several essential questions remain unanswered.

In our detailed comparison of the two versions of the Zhou et al. study from **January 23, 2020 (bioRxiv)** and **February 3, 2020 (Nature)**, we identified additional discrepancies that are **not addressed in the correction note of September 28, 2020**.

We respectfully submit the following points for further clarification:

1. Conflicting Information Regarding PCR Equipment

- The preprint (23.01.2020) names the **ABI 7700**,
- The final publication (03.02.2020) refers to the **ABI 7500 Real-Time PCR** machine.

This change was **not explained**, despite the fact that the two devices use **different software algorithms**.

Nonetheless, the **results remain identical**, which seems **scientifically implausible**.

In addition, both versions report a **CT value of 40**, although multiple scientific institutions (including the WHO) no longer consider this threshold to be reliable.

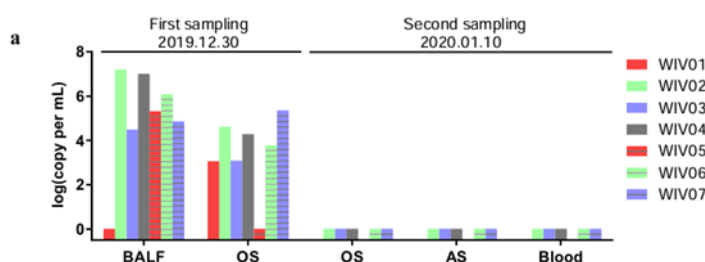
We therefore ask:

- Which PCR device was actually used?
- Were all analyses repeated using the updated device – or how was data equivalency ensured?
- Why was a CT value of 40 accepted, without any note regarding potential limitations?

2. Discrepancies in Figure 2a – January 23 vs. February 3

One central issue involves **Patient 4** in **Figure 2a** (OS sample, dated 30.12.2019):

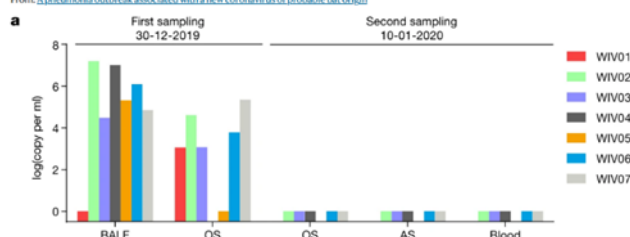
- In the **January 23 version**, Patient 4 shows a clearly elevated signal.



- In the **February 3 version**, this bar is **missing**.
- At the second sampling on **January 10**, Patient 4 **reappears** with data.

Fig. 2: Molecular and serological investigation of patient samples.

From: [A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin](#)



We therefore ask:

- Why was this bar removed?
- Was this change explained or justified?
- Does this represent a retroactive manipulation of original data – and on what basis?

This inconsistency raises concerns about data integrity, as it could alter the visual representation of sample distribution.

3. Use of the Term “Successfully Isolated”

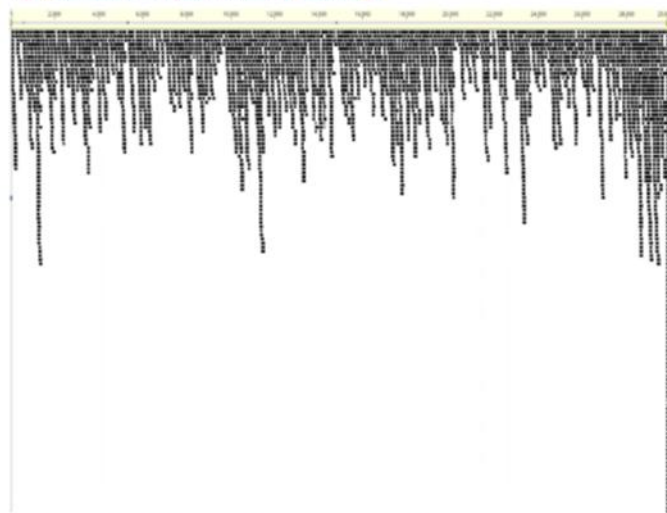
Both versions describe the virus as “successfully isolated”.

However, the NGS data show **significant sequencing gaps**, which were filled **using GAP-Filling**.

This approach computationally reconstructs missing genomic regions based on reference data and **does not** fulfill the criteria of a true isolation as per **Koch’s postulates**.

Extended Data Fig. 1: NGS raw reads of sample WIV04 mapping to the 2019-nCoV sequence.

From: [A representative outbreak associated with a new coronavirus of potential bat origin](#)



The x-axis indicates the genome nucleotide position and the y-axis represents the read depth of the mapping.

We ask:

- Why is the phrase “successfully isolated” used, despite the fact that a large portion of the genome was computationally inferred?

4. New Claim Regarding Virus Replication

The **February 3 version** contains the following new sentence:

“qPCR analysis showed that the viral load increased from day 1 to day 3 (Extended Data Fig. 6e, f).”

In the **January 23 version**, only a vague statement about isolation in Vero/Huh7 cells appears.

We ask:

- Is there solid proof that the increased RNA levels indicate **replication-competent virus** – or merely RNA accumulation?

5. Final Questions Regarding Peer Review and RaTG13

- Did the peer reviewer have access to **internal WIV data**?
- Was **Nicholas Loman** vetted for **conflict of interest or independence**?
- Why was the **RaTG13** sequence – allegedly discovered in **2013** – only published on **January 27, 2020**, the exact date the study was accepted?
- Was the **RaTG13 sequence itself** ever subject to independent **peer review**?

These circumstances suggest the possible **post hoc construction of a reference sequence**, raising serious concerns regarding scientific verifiability and transparency.

Concluding Remarks

We thank you for your previous response, but must reiterate that **many key scientific concerns remain unresolved**.

In the interest of scientific integrity, we kindly ask for a **conclusive clarification** of the points raised above.

We would also appreciate it if you could name a responsible contact person who might provide further information.

For your reference, here are links to both study versions:

- Preprint (bioRxiv, January 23, 2020):
<https://doi.org/10.1101/2020.01.22.914952>
- Final version (*Nature*, February 3, 2020):
<https://www.nature.com/articles/s41586-020-2012-7>

With kind regards,

Vereinigung Bürger fragen nach



15.04.2025: E-Mail-Anfrage an Wissenschaftsmagazin Nature – Klärung der Diskrepanzen - Deutsch

Viertes Schreiben an Nature (15. April 2025)

Vereinigung Bürger fragen nach

buerger.fragen.nach@gmail.com

www.vbfn.ch

https://t.me/Buerger_fragen_nach

15.04.2025



E-Mail an: Dr. Magdalena Skipper (m.skipper@nature.com), Editor in Chief

CC: Clare Thomas (c.thomas@nature.com)
Forschungsethik-Adresse (researchintegrity@springernature.com)
Nature – Internationale Fachzeitschrift (nature@nature.com)

Betreff: Bitte um abschliessende wissenschaftliche Klärung zur Studie

"A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin"

(Nature, 3. Februar 2020) – Versionenvergleich und Peer-Review

Sehr geehrte Frau Dr. Skipper

Vielen Dank für Ihre Rückmeldung vom 10. April 2025 über Frau Clare Thomas. Wir nehmen Ihre Antwort zur Kenntnis, möchten jedoch anmerken, dass wesentliche Fragen bisher unbeantwortet blieben.

Im Rahmen unserer detaillierten Analyse der beiden Versionen der Zhou et al.-Studie vom 23.01.2020 (bioRxiv) und 03.02.2020 (Nature) sind uns weitere zentrale Abweichungen aufgefallen, die nicht im Korrekturvermerk vom 28.09.2020 aufgeführt sind.

Wir möchten Ihnen daher ergänzend folgende Punkte zur Klärung vorlegen:

1. Widersprüchliche Angaben zur verwendeten PCR-Maschine

In der Version vom 23.01.2020 wird ein **ABI 7700**-Gerät genannt, in der publizierten Version vom 03.02.2020 ein **ABI 7500 Real-Time PCR**-System.

- Diese Änderung erfolgte **ohne Erklärung**, obwohl bekannt ist, dass diese Geräte unterschiedliche Auswertungsalgorithmen nutzen.
- Die Resultate beider Versionen bleiben dennoch **identisch** – was **methodisch nicht plausibel** erscheint.

Zusätzlich wurde mit **40 Zyklen** gearbeitet – einem Schwellenwert, der laut WHO und weiteren Fachinstitutionen **nicht mehr als verlässlich gilt**.

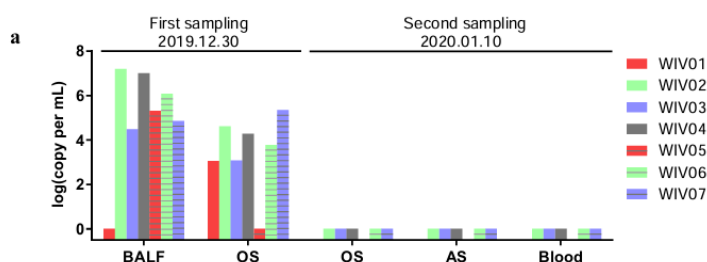
Unsere Fragen:

- Welches Gerät wurde tatsächlich verwendet?
- Wurden alle Tests erneut mit dem neuen Gerät durchgeführt – und falls nicht, wie wurde die Gleichwertigkeit sichergestellt?
- Warum wurde der hohe CT-Wert von 40 akzeptiert, ohne auf mögliche Unsicherheiten hinzuweisen?

2. Auffälligkeiten in Abbildung 2a – Versionen vom 23.01.2020 vs. 03.02.2020

Ein weiterer zentraler Punkt betrifft **Patient 4** in Abbildung 2a (OS-Probe, Sampling 30.12.2019).

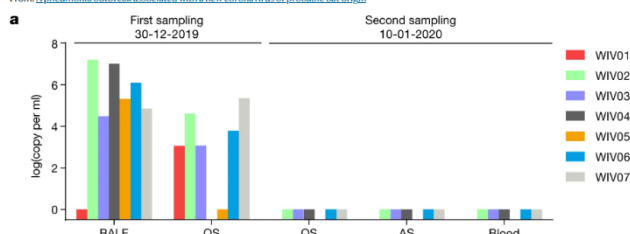
- In der Version vom **23.01.2020** ist ein **deutlich erhöhter Wert** bei Patient 4 sichtbar.



- In der Version vom **03.02.2020** fehlt dieser Balken vollständig.
- Beim zweiten Sampling am 10.01.2020 ist Patient 4 wiederum korrekt enthalten.

Fig. 2: Molecular and serological investigation of patient samples.

From: [A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin](#)



Unsere Fragen:

- Warum wurde dieser Datenbalken entfernt?
- Gab es hierzu eine Begründung?
- Handelt es sich um einen nachträglichen Eingriff in die Originaldaten – und wenn ja, auf welcher Grundlage?

Diese Änderung wirft Fragen zur **Datenintegrität** auf, da sie möglicherweise den Gesamteindruck der Probeverteilung verändert.

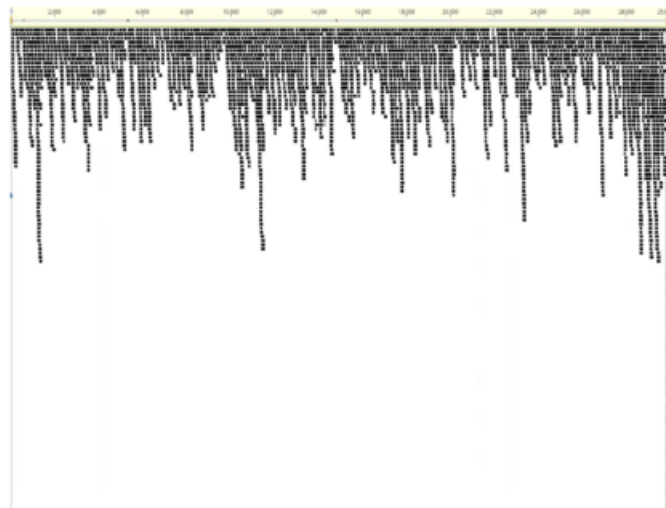
3. Begriff „Isolierung“ irreführend verwendet?

In beiden Versionen der Studie wird von einer erfolgreichen Virusisolierung gesprochen („*successfully isolated*“).

Gleichzeitig zeigen die NGS-Daten jedoch **massive Lücken**, die nur mittels **GAP-Filling** geschlossen wurden. Diese Methode ersetzt fehlende Sequenzabschnitte rechnerisch anhand von Referenzdaten und erfüllt **nicht** die Anforderungen einer echten Virusisolierung im Sinne der **Koch'schen Postulate**.

Extended Data Fig. 1: NGS raw reads of sample WIV04 mapping to the 2019-nCoV sequence.

From: [A respiratory outbreak associated with a new coronavirus of potential bat origin](#)



The x axis indicates the genome nucleotide position and the y axis represents the read depth of the mapping.

Unsere Frage:

- Warum wird die Formulierung „successfully isolated“ verwendet, obwohl ein grosser Teil des Genoms rechnerisch ergänzt wurde?

4. Neue Formulierungen zur Virusvermehrung

In der Version vom 03.02.2020 wurde der folgende Satz ergänzt:

„qPCR analysis showed that the viral load increased from day 1 to day 3 (Extended Data Fig. 6e, f).“

In der Version vom 23.01.2020 war lediglich vage von einer erfolgreichen Isolation in Zellkulturen die Rede.

Unsere Frage:

- Ist belegt, dass es sich bei der beobachteten RNA-Zunahme um **vermehrungsfähige Viruspartikel** handelt – oder lediglich um eine **Anreicherung von RNA**?

5. Letzte Bitte um Klärung – und offene Fragen zur Peer-Review

- Hatte der Peer Reviewer Zugriff auf interne Daten des Wuhan Institute of Virology?
- Wurde Nicholas Loman als Reviewer auf seine Unabhängigkeit überprüft?
- Warum wurde die RaTG13-Sequenz, obwohl angeblich **2013 entdeckt**, erst am **27.01.2020** publiziert – exakt am Tag der Studienannahme?
- Wurde die RaTG13-Sequenz jemals einem eigenen **Peer-Review** unterzogen?

Diese Umstände erwecken den Eindruck einer **nachträglich konstruierten Referenzsequenz** und werfen Fragen zur **wissenschaftlichen Nachprüfbarkeit und Transparenz** auf.

Schlussbemerkung und erneute Bitte um Stellungnahme

Wir bedanken uns für Ihre bisherige Antwort, halten jedoch fest, dass viele zentrale Fragen nach wie vor unbeantwortet sind.

Im Interesse der wissenschaftlichen Integrität bitten wir um eine abschliessende Klärung der genannten Punkte. Wir wären auch für die **Benennung einer zuständigen Ansprechperson** dankbar, die uns ggf. weitere Informationen zukommen lassen kann.

Links zu den beiden Studienversionen:

- Preprint (bioRxiv, 23.01.2020):
<https://doi.org/10.1101/2020.01.22.914952>
- Finalversion (Nature, 03.02.2020):
<https://www.nature.com/articles/s41586-020-2012-7>

Mit freundlichen Grüßen

Vereinigung Bürger fragen nach



Weshalb diese Anfrage an das Wissenschafts-Magazin Nature?

Ausgangslage

Schlüsselstudie zu SARS-CoV-2 unter der Lupe

Im Januar/Februar 2020 veröffentlichte das Wissenschaftsmagazin **Nature** eine der ersten und einflussreichsten Studien zum neuartigen Coronavirus:

„A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin“ – die sogenannte **Zhou et al.-Studie**.

Diese Publikation gilt bis heute als Schlüsselreferenz zur vermeintlichen **Isolierung**, **Sequenzierung** und **Übertragbarkeit** von SARS-CoV-2.

Wir haben die **Preprint-Version vom 23.01.2020** (bioRxiv) mit der **peer-reviewten Nature-Version vom 03.02.2020** detailliert verglichen.

Das Ergebnis ist brisant:

Mehrere **inhaltliche Widersprüche**, **nicht dokumentierte Änderungen** und eine überraschende **Personalie beim Peer Review** werfen erhebliche Fragen zur wissenschaftlichen Integrität und Transparenz auf.

Was bedeutet eine vollständige Genomsequenz?

Warum diese Visualisierung wichtig ist

Zur Verdeutlichung der Aussagekraft und besseren Verständlichkeit der **Genomdaten aus der Zhou et al.-Studie** haben wir die folgende Gegenüberstellung erstellt:

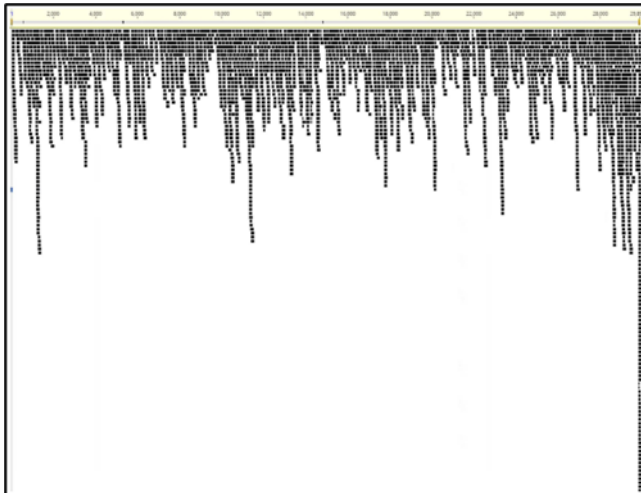


Abbildung «Extended Data Fig. 1»:
NGS raw reads of sample WIV04
mapping to the 2019-nCoV
sequence.

<https://www.nature.com/articles/s41586-020-2012-7/figures/4>

Grafik: Sequenzierungsqualität der
Probe WIV04 (**Zhou et al.**)

Was zeigt dieses Bild eigentlich – und was fehlt?

Viele Fachbegriffe wie *Read Coverage*, *GAP-Filling* oder *Assemblierung* sind für Laien schwer nachvollziehbar. Doch genau dort liegt der Knackpunkt.

Nur wenn alle Abschnitte des Genoms tatsächlich aus der Patientenprobe stammen, kann man von einer *tatsächlichen Sequenzierung* sprechen.

Fehlen solche Abschnitte (sog. Lücken), werden sie **rechnerisch ergänzt** – es entsteht ein *synthetisches Konstrukt*, keine reale Virusisolierung.

Noch genauer erläutert:

 Dieses sogenannte „Raw Read Mapping“ zeigt die Verteilung der tatsächlich gefundenen RNA-Fragmente entlang des Genoms (Positionen 2'000 bis 29'891).

 Die vertikalen Linien stellen die Lesetiefe (Read Coverage) an der jeweiligen Position dar.

 **Lücken** (Abschnitte mit stark reduzierter oder fehlender Abdeckung) sind deutlich sichtbar – insbesondere zwischen **8'000 und 14'000** sowie im Bereich **29'000–29'891**.

 **Bedeutung:** Diese Lücken müssen durch **GAP-Filling** mithilfe rechnerischer Algorithmen ergänzt werden. Es liegt **keine vollständige, lückenlose Sequenzierung** der Probe vor.

 Das widerspricht der oft verwendeten Formulierung einer „vollständigen Genomsequenz“ und kann nicht als klassische „Isolierung“ im Sinne der Wissenschaft gelten.

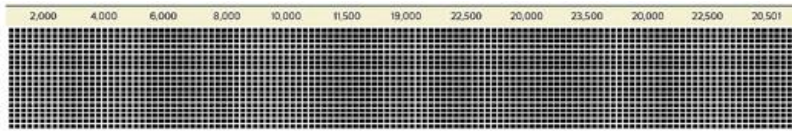


Bild oben: Ideales Sequenzierungsbild – zur Veranschaulichung erstellt (In Studien werden solche Diskrepanzen – zum Bild oben - nicht erklärt. Uns stellt sich die Frage, weshalb Autoren und Peer-Reviewer einer Studie sich keine Gedanken darüber machen, dass hier die Wissenschaft «herbeigeschrieben», statt eine seriöse «Sequenzierung» durchgeführt wird. Dass es sich in den Studien nicht um ein real existierendes Virus handelt, ist jedem Autor und Peer-Reviewer klar.

▶ Was zeigt dieses Bild – Wunschvorstellung einer seriösen Arbeit?

- ✓ Gleichmässige, vollständige Abdeckung über das gesamte Genom (bis 29'891)
- ✓ Keine Lücken – alle Abschnitte wurden aus der Probe gewonnen
- 💡 Nur ein solches Bild würde eine tatsächlich sequenzierte, lückenlose Virusstruktur nachweisen.
- 💬 Dies wäre eine Voraussetzung, um Aussagen über eine echte Isolierung oder kausale Krankheitsursache auf molekularer Ebene zu treffen – insbesondere im Sinne der **Koch'schen Postulate**.

📌 Wissenschaftliche Mindestanforderungen – auch bei Viren

Die **klassischen Koch'schen Postulate** (Isolation, Reproduzierbarkeit, Kausalität) gelten zu Recht als wissenschaftlicher Standard. Auch wenn Viren Besonderheiten aufweisen, existieren längst angepasste Versionen – z. B. die **molekularen Koch'schen Postulate** nach Stanley Falkow.

Diese fordern u. a.:

- Reproduzierbare Nachweise **aus echter Patientenprobe**
- Identifikation krankheitsverursachender Gene
- Nachvollziehbare, kontrollierte Methodik

Wer behauptet, ein neues Virus gefunden zu haben, **muss diese Kriterien erfüllen** – unabhängig von Definitionen.

Wenn stattdessen mit **synthetischen Ergänzungen**, fehlender Transparenz und **nicht überprüfbaren Behauptungen** gearbeitet wird, fehlt die wissenschaftliche Grundlage.



Ein bemerkenswerter Satz – und seine offene Entstehung

Zentrale Passage in der peer-reviewten Studie von Zhou et al. (Nature, 03.02.2020):

virus. However, there are still many urgent questions that remain to be answered. The association between 2019-nCoV and the disease has not been verified by animal experiments to fulfil the Koch's postulates to establish a causative relationship between a microorganism and a disease. We do not yet know the transmission routine of this virus among hosts. It

“The association between 2019-nCoV and the disease has not been verified by animal experiments to fulfil the Koch's postulates to establish a causative relationship between a microorganism and a disease.”

<https://www.nature.com/articles/s41586-020-2012-7>

● Übersetzung:

„Der Zusammenhang zwischen 2019-nCoV und der Erkrankung wurde nicht durch Tierversuche verifiziert, um die Koch'schen Postulate zur Etablierung eines kausalen Zusammenhangs zwischen Mikroorganismus und Krankheit zu erfüllen.“

! Auffällig:



Diese Passage **existiert nicht** in der ursprünglichen Preprint-Version vom **23.01.2020**. Es bleibt unklar:

- ? Wer hat diesen Satz eingefügt?
- ? War dies Teil der Peer-Review-Anpassung?
- ? Sollte damit auf subtile Weise auf die Unsicherheit des Nachweises hingewiesen werden – ohne dies offen zu thematisieren?

Diese Ergänzung im Peer-Review-Prozess **relativiert die zentrale Aussage der Studie**, wurde aber **nie öffentlich diskutiert**.

Fazit

Eine echte „**Isolierung**“ setzt mehr voraus als ein Datenpaket mit Lücken. Sie muss:

- **aus der Natur stammen**
- **reproduzierbar nachgewiesen werden**
- **kausal mit der Erkrankung verknüpft sein**

Wenn diese Standards **nicht mehr eingefordert werden**, dann ist das keine Wissenschaft mehr – sondern ein **System unbelegter Narrative**.

Brisant: Peer Reviewer mit weitreichenden Verflechtungen

Im Rahmen unserer vierten Anfrage an Nature wurde eine zentrale Information bestätigt:

Nicholas Loman war Peer Reviewer der Zhou et al.-Studie.

Er zählt zu den weltweit bekanntesten Experten für Genom-Analysen – doch genau diese exponierte Stellung birgt in diesem Fall erhebliche Interessenkonflikte:

1. Enge Verbindung zur Gates Foundation

Loman ist Mitgründer des **ARTIC Network**, das u. a. von der **Wellcome Trust** gefördert wird.

<https://artic.network/3-network-members.html>

2. Direkte Kooperation mit Schlüsselakteuren

Das ARTIC Network entwickelte die erste Sequenzierungsplattform für SARS-CoV-2 – inklusive Software zur **GAP-Filling-basierten Genomrekonstruktion**.

ARTIC-Mitglieder (Rambaut und Holmes) standen in enger Verbindung zur Andersen-Fauci-Drosten-Gruppe, welche in der Studie vom 17. März 2020 - Der proximale Ursprung von SARS-CoV-2 – ebenfalls veröffentlicht von Nature, folgende Aussage tätigten:

<https://www.nature.com/articles/s41591-020-0820-9>

«Da wir jedoch alle wichtigen SARS-CoV-2-Merkmale, einschließlich der optimierten RBD und der polybasischen Spaltstelle, bei verwandten Coronaviren in der Natur beobachtet haben, halten wir ein laborbasiertes Szenario für unwahrscheinlich.»

3. Finanzielle Zuwendung durch die Gates-Stiftung

Am **3.11.2023** verkündete die **University of Birmingham** (Lomans Universität), eine Förderung über **1 Million US-Dollar von der Gates-Stiftung** für ein Virus-Abwasserüberwachungsprojekt erhalten zu haben.

<https://www.birmingham.ac.uk/news/2023/1-million-from-bill-melinda-gates-foundation-for-wastewater-virus-testing>

Fazit: Ein Peer Reviewer mit enger Verbindung zu den Autoren, Institutionen und Geldgebern der untersuchten Studie widerspricht jedem Transparenzgebot. Noch gravierender ist, dass *Nature* in der Antwort auf unsere Anfrage explizit angibt, man sehe hier **keinen Interessenkonflikt**.

Offene Fragen:

- Warum wurde Nicholas Loman als Reviewer ausgewählt?
- Hatte er Zugang zu internen Daten des WIV?
- Warum wurde kein Hinweis auf seine Verbindungen veröffentlicht?
- Wie kann bei diesen Abhängigkeiten ein objektiver Review gewährleistet sein?

Wir fordern eine unabhängige Aufarbeitung dieses Peer-Reviews sowie eine vollständige Offenlegung der Auswahlkriterien und Kontakte im Begutachtungsprozess.

? Fragen & Antworten

◆ Warum stellen wir diese Anfrage an *Nature*?

Weil *Nature* als Herausgeber Verantwortung für Transparenz und Qualität des Peer-Review-Prozesses trägt. Diskrepanzen zwischen Preprint und finaler Version müssen nachvollziehbar erklärt werden – insbesondere bei einer global wirksamen Publikation.

◆ Ist das ein Angriff auf die Autoren?

Nein. Es geht nicht um persönliche Anschuldigungen, sondern um sachliche Aufklärung. Nur durch offene Fragen kann Vertrauen in die Wissenschaft wiederhergestellt werden.

◆ Was ist das Ziel?

Eine transparente Aufklärung folgender Punkte:

- Warum wurden zentrale Textstellen geändert?
- Warum fehlt jede Dokumentation zu methodischen Anpassungen?
- Warum wurden Zweifel an Validität (z. B. GAP-Filling, CT-Wert 40) nicht offen kommuniziert?

◆ Warum jetzt – fünf Jahre später?

Weil diese Studie nach wie vor in Behördenpapieren und wissenschaftlichen Zitaten auftaucht. Eine belastbare Analyse dieser Veröffentlichung ist für die Aufarbeitung der Pandemie zentral.