



**Vereinigung Bürger fragen nach**  
buerger.fragen.nach@gmail.com  
www.vbfn.ch  
[https://t.me/Buerger\\_fragen\\_nach](https://t.me/Buerger_fragen_nach)

**E-Mail-Anfrage Nr. 6.80.1 – 22.04.2025**

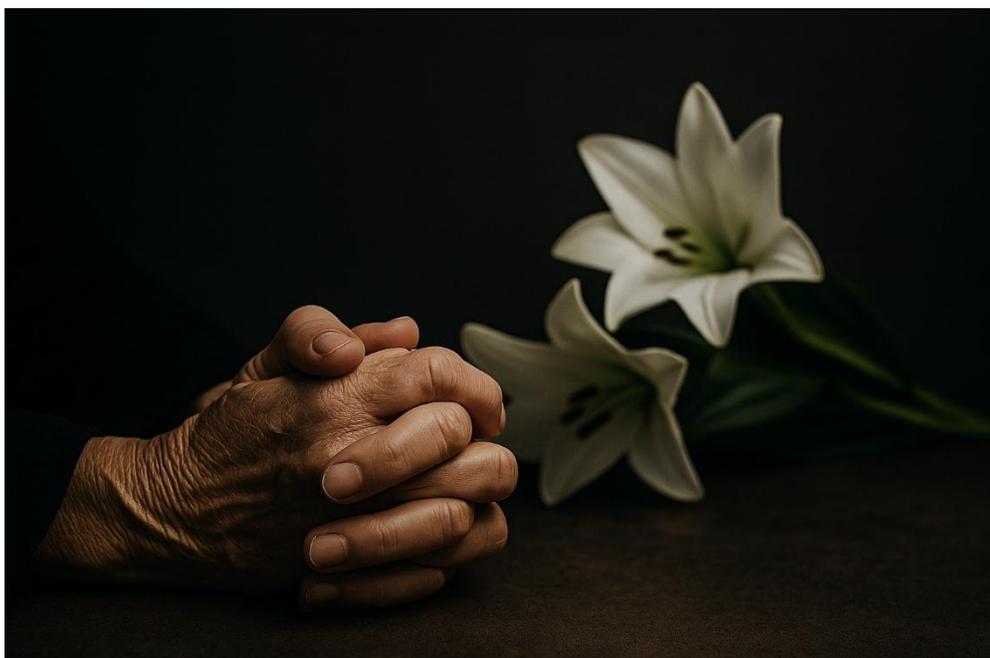
## **Mail an NEJM**

(New England Journal of Medicine)

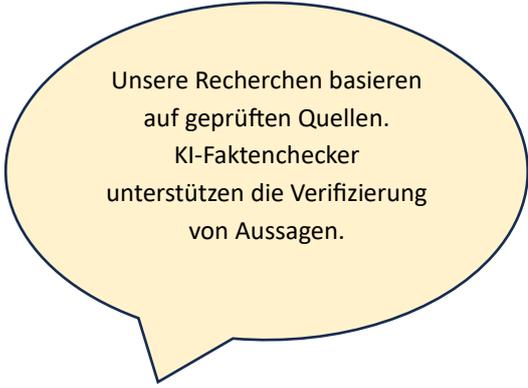
***Eine kritische Analyse der Zhu et al.-Publikation (NEJM, Januar 2020)***

**Drei Menschen. Zwei gesundet. Einer tot. Kein Beweis. Kein Virus. Kein Aufschrei. Dieses Dossier ist den Stimmen gewidmet, die nie gehört wurden – und der Frage, warum ein globaler Ausnahmezustand auf solch fragwürdiger Grundlage begann.**

Dieses Dokument enthält die E-Mail-Anfrage sowie Erläuterungen zum Thema



# Inhaltsverzeichnis



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

Editorial: Warum dieses Dossier notwendig ist	3
Schreiben an NEJM - Deutsch	4
Schreiben an NEJM - Englisch	6
Analyse der Studie: Zentrale Kritikpunkte	8
Kapitel 1: Fehlende Datenlage bei den Patienten	8
Kapitel 2: Lückenhafte Methodik bei Sequenzierung und Isolierung	10
Kapitel 3: Genomsequenzierung mittels GAP-Filling	12
Kapitel 4: Keine Transparenz zu Peer-Review oder Rohdaten	14
Kontext: Globale Auswirkungen der Studie	16
Ethische Bewertung	17
Fragen, die gestellt werden müssen	18
Unsere Forderung	20

# Editorial: Warum dieses Dossier notwendig ist

## Für die Genesenen. Für den Verstorbenen.

Die Studie von **Zhu et al. (NEJM, 2020)** wurde zur weltweiten Referenz – doch sie beruhte auf **nur drei Patienten**. Zwei davon überlebten, einer starb nach einer **intensivmedizinischen Behandlung**, über deren Indikation bis heute Zweifel bestehen.

Wir fragen uns:

### **Was wurde aus den Genesenen gelernt?**

Warum wurde ihre mögliche natürliche Immunität **nicht untersucht**?

Warum wurden keine **anonymisierten Patientenakten**, keine **Behandlungsprotokolle**, keine **Langzeitdaten** veröffentlicht?

Statt Erkenntnisse aus der Genesung zu gewinnen, **fokussierte man auf den Tod** – als emotionales Argument für eine neue Pandemie, ohne fundierte wissenschaftliche Grundlage.

## Der Verstorbene – ein Symbol für viele

Der Mann, der nach einer **intubierten Behandlung** verstarb, steht für viele:  
Für Menschen, deren Atemwege zu früh, zu aggressiv und **gegen medizinischen Rat** behandelt wurden.

Studien zeigten, dass bis zu **92 % der intubierten Patienten starben** – doch statt Vorsicht folgte weltweit ein Behandlungsregime, das Leben kostete. Auch das war Teil dieser Geschichte.

## Unser Anspruch: Hinschauen, was andere ausblendeten

Die Zhu-Studie wird als wissenschaftlicher Durchbruch behandelt.  
Unsere Analyse zeigt: Sie ist **medizinisch lückenhaft**, **methodisch intransparent** und **ethisch nicht vertretbar**.

Dieses Dossier dokumentiert nicht nur wissenschaftliche Unschärfen – es stellt die Frage:

**Warum hat niemand genauer hingesehen?**

# Schreiben an NEJM - Deutsch

## Vereinigung Bürger fragen nach

buerger.fragen.nach@gmail.com

www.vbfn.ch

[https://t.me/Buerger\\_fragen\\_nach](https://t.me/Buerger_fragen_nach)

22.04.2025



E-Mail an: **Editor-in-Chief: Dr. Eric J. Rubin, M.D., Ph.D.**  
([editorial@nejm.org](mailto:editorial@nejm.org) / [comments@nejm.org](mailto:comments@nejm.org))  
NEJM Editorial Team

## Betreff: Wissenschaftliche Rückfragen zur Veröffentlichung «Zhu et al., NEJM 2020»

Sehr geehrter Herr Rubin,  
Sehr geehrtes NEJM-Team,  
sehr geehrte Herausgeberschaft,

wir wenden uns mit einigen gezielten wissenschaftlichen Rückfragen zur Studie

**Zhu N, Zhang D, Wang W, et al. A novel coronavirus from patients with pneumonia in China, 2019. NEJM 2020;382:727–33.**

<https://www.nejm.org/doi/full/10.1056/nejmoa2001017>

an Sie.

Im Rahmen unserer detaillierten Analyse (medizinisch, wissenschaftlich, ethisch) sind uns **mehrere gravierende Unklarheiten** aufgefallen, die wir – auch im Hinblick auf die enorme weltweite Wirkung der Veröffentlichung – gerne zur Diskussion stellen möchten:

### Zentrale Rückfragen zur Methodik und Datenlage:

1. **Patient 2:** Es wird kein Fieberwert, keine Laborparameter, keine klinische Begründung für die Intubation genannt.
  - Warum wurde keine Obduktion oder Biopsie vorgenommen, um die Todesursache zu klären?
  - Haben die Peer-Reviewer hierzu keine Nachfragen gestellt?

**Patient 3:** Es liegen **keinerlei klinische Informationen** vor – dennoch zählt dieser Fall zu den „belegenden Hauptfällen“ der Studie.

→ Welche Kriterien führten zur Aufnahme dieses Patienten in die Studie?

2. **Keine Koch'schen Postulate erfüllt** – dennoch wird in der Einleitung von einem „neuartigen Virus“ gesprochen.

→ Auf welcher wissenschaftlichen Grundlage erfolgte diese Schlussfolgerung?

3. **Keine vollständigen Sequenzdaten und kein Originalnachweis im Gewebe** – stattdessen Genomrekonstruktion via GAP-Filling.

→ Ist dies ausreichend für eine pathogene Zuordnung?

#### **Rückverweis auf Folgeprobleme:**

Studien wie **Yang et al., Critical Care 2020** zeigten eine **Sterblichkeit von 92 % bei invasiv beatmeten Patienten** in Wuhan.

<https://ccforum.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13054-020-03044-9>

→ Hätte eine andere Bewertung der klinischen Daten – z. B. bei Patient 2 – nicht auch zu einer kritischen Diskussion über therapeutisches Vorgehen führen müssen?

#### **Unsere Bitte:**

- Teilen Sie uns bitte mit, **wer den Peer-Review verantwortet hat** – oder ob Sie zu diesem Zeitpunkt von einer Open Review-Struktur abgewichen sind.
- Klären Sie bitte, ob **Rohdaten oder Zusatzinformationen** im Reviewprozess vorlagen, die in der finalen Veröffentlichung nicht enthalten waren.

Wir danken Ihnen für Ihre Arbeit und Ihre Bereitschaft zur Aufarbeitung – auch im Sinne einer lernenden, transparenten Wissenschaftskultur.

Mit freundlichen Grüßen  
Vereinigung Bürger fragen nach



# Schreiben an NEJM - Englisch

## Vereinigung Bürger fragen nach

buerger.fragen.nach@gmail.com

www.vbfn.ch

[https://t.me/Buerger\\_fragen\\_nach](https://t.me/Buerger_fragen_nach)

22.04.2025



**E-Mail to :** **Editor-in-Chief:** Dr. Eric J. Rubin, M.D., Ph.D.  
([editorial@nejm.org](mailto:editorial@nejm.org) / [comments@nejm.org](mailto:comments@nejm.org))  
NEJM Editorial Team

**Subject: Scientific Inquiry Regarding the Publication « Zhu et al., NEJM 2020 »**

Dear Mister Rubin,  
Dear NEJM Editorial Team,  
Dear Editors,

We are reaching out with several targeted scientific questions concerning the article:

***Zhu N, Zhang D, Wang W, et al. A novel coronavirus from patients with pneumonia in China, 2019. NEJM 2020;382:727–733.***

<https://www.nejm.org/doi/full/10.1056/nejmoa2001017>

In the course of our in-depth analysis (medical, scientific, ethical), we have identified a number of significant ambiguities and inconsistencies. Given the global impact of this publication, we would like to raise the following points for clarification:

### **Key Questions Regarding Methodology and Data Transparency:**

1. **Patient 2:** No fever data, laboratory parameters, or clinical justification for intubation are provided.

→ Why was no autopsy or biopsy performed to determine the cause of death?

→ Did peer reviewers raise any questions on this issue?

2. **Patient 3:** There is no clinical information available at all, yet this case is listed among the core patients supporting the existence of the “novel coronavirus.”

→ What criteria were used for including this patient in the study?

3. **Lack of fulfillment of Koch’s postulates**, yet the introduction refers to a “novel virus.”

→ On what scientific basis was this conclusion made?

4. **No full sequencing data and no original viral identification in patient tissue** – instead, the genome was reconstructed using **GAP-filling methods**.

→ Is this approach sufficient to claim pathogenic causality?

### Reference to Subsequent Clinical Findings:

Studies such as **Yang et al., Critical Care 2020** reported a **92% mortality rate among invasively ventilated COVID-19 patients** in Wuhan.

<https://ccforum.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13054-020-03044-9>

→ Would a more critical assessment of clinical management, particularly in the case of Patient 2, not have warranted discussion – especially in light of potential iatrogenic complications from early intubation practices?

### Our Request:

- Could you please clarify who served as the peer reviewers for this paper, or whether an open review structure was applied in this case?
- Were any raw datasets or supplemental materials submitted during peer review that were not included in the final publication?

We thank you for your attention and for your commitment to transparent, evidence-based science – particularly given the historical impact of this publication.

Sincerely,  
Association “Bürger fragen nach”



# Analyse der Studie: Zentrale Kritikpunkte

## Kapitel 1: Fehlende Datenlage bei den Patienten

### Patient 1:

- 49-jährige Frau mit 37–38 °C Temperatur → medizinisch nur "erhöhte Temperatur", kein hohes Fieber
- Husten, Brustschmerzen, CT zeigt Infiltrate
- Keine Angabe zu Laborwerten (z. B. CRP, Leukozyten)
- Nach ca. 20 Tagen vollständig genesen – spricht eher für eine milde, bekannte Atemwegserkrankung (z. B. Influenza, RSV), nicht für eine neue, tödliche Virusinfektion

### Patient 2:

- 61-jähriger Mann, häufiger auf dem Fischmarkt
- Fieber und Husten ab 20.12.2019, ab Tag 7 Atemnot, ab Tag 9 Intubation
- Am 9.1.2020 verstorben
-  Keine Angabe zu Fieberhöhe, keine Laborwerte, kein CT-Befund, keine Biopsie, kein mikrobiologischer Nachweis
-  **Intubation möglicherweise Todesursache** – Studien zeigten bis zu 92 % Sterblichkeit bei invasiver Beatmung (z. B. Yang et al., 2020)  
<https://ccforum.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13054-020-03044-9>

### Patient 3:

- 32-jähriger Mann – keine weiteren Informationen, keine Symptome, keine Befunde
- Lediglich erwähnt, dass er entlassen wurde
-  Kein medizinischer Grund für die Aufnahme in die Studie nachvollziehbar

### **1. Nur 3 Patienten mit „schwerer Lungenentzündung“**

- Extrem geringe Fallzahl, keine statistische Aussagekraft
- Nur zwei mit klinischen Profilen, einer völlig ohne Daten

### **2. Keine Biopsieproben entnommen**

- Keine histologische oder pathologische Bestätigung einer Virusinfektion
- Kein Virusnachweis im Gewebe

### **3. Klassische Atemwegssymptome**

- Fieber 37–38 °C, Husten, Infiltrate im CT – entspricht grippalen Infekten oder atypischer Pneumonie
- Kein Hinweis auf neue Symptomatik

### **4. Digitales Genom ohne realen Bezug**

- Keine Isolierung des Virus, nur GAP-Filling-basierte Rekonstruktion
- Keine Replikationsversuche, keine serologische Verbindung

### **5. Keine Differentialdiagnostik dokumentiert**

- PCR auf andere Erreger (z. B. Influenza, Mycoplasma) wurde zwar durchgeführt, aber ohne Ct-Werte oder genaue Nachweise
- Keine Kontextinformationen über ähnliche Fälle

#### **→ Fazit:**

Der klinische Teil der Zhu-Studie ist medizinisch und wissenschaftlich unzureichend dokumentiert. Es fehlt jeder Nachweis für eine Kausalität zwischen der Erkrankung der Patienten und dem postulierten SARS-CoV-2.

---

## Kapitel 2: Lückenhafte Methodik bei Sequenzierung und Isolierung

Welche zentralen Auffälligkeiten beschäftigen uns in diesem Kapitel?

- Kein Virusnachweis im Gewebe
- Keine reproduzierbaren Infektionsversuche
- Keine Kontrolle der Übertragbarkeit auf gesunde Organismen

Im Detail bedeutet dies:

### 1. Kein Beweis nach Koch'schen Postulaten

„Obwohl unsere Studie Kochs Postulate nicht erfüllt...“

- ◆ Zentrales Eingeständnis: Kein Nachweis der Ursächlichkeit, keine Reinfektion oder Reproduktion der Symptome – das sollte zu Zurückhaltung führen, nicht zu globalem Alarmismus.

### 2. "Hinweise" statt Beweise

„Hinweise auf das Vorhandensein dieses Virus umfassen...“ „...wahrscheinlich die Ursache...“

- ◆ Formulierungen wie "Hinweise", "wahrscheinlich" und "möglicherweise" ersetzen Beweise durch Hypothesen.

### 3. Next-Generation-Sequencing (NGS) ohne Klarheit über Methodik

„Unvoreingenommene Hochdurchsatzsequenzierung...“

- ◆ Keine Angaben zu "de novo assembly", GAP-Filling, Contigs oder Read-Coverage
- ◆ Der Eindruck entsteht: Computergeneriertes Genom statt empirisch belegter Sequenz

### 4. Testdesign auf Basis von drei Genomen

„Basierend auf der Analyse dreier Genome... wurden PCR-Tests entwickelt...“

- ◆ Hochproblematisch: Globaler PCR-Test auf Grundlage von digital rekonstruierten Fragmenten ohne reproduzierbaren Bezug zur klinischen Erkrankung

## 5. Kein Wort zu GAP-Filling oder Sequenzlücken

- ◆ Begriffe wie "GAP", "contig", "assembly" oder "coverage" tauchen nicht auf
- ◆ Das spricht für das bewusste Auslassen wesentlicher Informationen zur Sequenzierung

## 6. Virusnachweis nur in Zellkultur?

„Unsere Studie hat gezeigt, dass [...] Epithelzellkulturen [...] genutzt wurden...“

- ◆ Keine Reinkulturen, keine Klonierung, keine plaque-purification
- ◆ EM-Bildgebung ist nicht spezifisch – sie beweist keine SARS-CoV-2-Präsenz

---

### Fazit Kapitel 2: Methodisch unausgewogen

Die Zhu et al.-Studie suggeriert eine Entdeckung „eines neuen Virus“, lässt jedoch zentrale Informationen zur Sequenzierung, Isolierung und Verifikation aus. Die Sprache bleibt vage („Hinweise“), der technische Ablauf wird nicht offen dargelegt (kein Wort zu GAP-Filling), und die Testentwicklung basiert auf einer methodisch unsauberer Grundlage.

 Die wissenschaftliche Seriosität dieser Studie ist angesichts der globalen Tragweite **nicht gegeben**.

---

## Kapitel 3: Genomsequenzierung mittels GAP-Filling

Welche zentralen Auffälligkeiten beschäftigen uns in diesem Kapitel?

- Keine direkte Sequenzierung des Virus, sondern rekonstruiertes Genom
- Lücken wurden mit PCR-Fragmenten und RACE-Techniken geschlossen
- Kein vollständiger genetischer Nachweis des Erregers

Im Detail bedeutet dies:

### 1. Drei zentrale Studien, drei unterschiedliche Sequenzen

- **Wu et al.** (*eingereicht 10.01.2020*, publiziert am *03.02.2020*): nur 1 Patientenprobe, digital rekonstruierte Sequenz, GISAID-Eintrag als "WIV04"
- **Zhou et al.** (*eingereicht 12.01.2020*, Preprint am *23.01.2020*, peer-reviewed am *03.02.2020*): 7 Proben, ebenfalls GAP-Filling nachgewiesen
- **Zhu et al.** (*eingereicht 10.01.2020*, publiziert am *24.01.2020*): 3 Patienten, auch hier Kombination aus Illumina, Nanopore, Sanger und RACE

→ Trotz ähnlichem Zeitraum und geografischer Nähe unterscheiden sich die Sequenzen

→ Kein Konsens, keine Reproduzierbarkeit, keine Validierung

### 2. GAP-Filling bei allen drei Studien

- In keiner Studie wurde das Virus vollständig durchgängig ausgelesen
- Es wurden Contigs zusammengesetzt, Lücken durch Primer-Design geschlossen
- Die Methode der Rekonstruktion wurde nicht in GISAID-Daten offen gelegt

### 3. Fehlende Replikation und Bestätigung

- Es wurde keine Bestätigung der Sequenzen durch unabhängige Labore dokumentiert
- Kein Hinweis auf Validierung durch andere Proben oder Kontrollstudien

#### 4. WHO und Drosten wählten nur Wu et al.

- Obwohl Zhu und Zhou fast zeitgleich publizierten, wählte die WHO für PCR-Tests ausschliesslich die Sequenz von Wu et al.
- Diese basierte auf nur **einer Patientenprobe**
- Keine offizielle Begründung für die Bevorzugung

#### 5. Keine Diskussion über Sequenzdifferenzen

- Keine der Studien ging auf die Diskrepanzen zur jeweils anderen ein
  - Die wissenschaftlich erforderliche Auseinandersetzung über Sequenzabweichungen fand nicht statt
- 

#### **Fazit Kapitel 3: Kein gesichertes Erregermodell**

Alle drei Studien arbeiteten mit GAP-Filling und liefern unterschiedliche SARS-CoV-2-Sequenzen auf Basis weniger Patientenproben.

Die Wahl einer einzigen davon (Wu et al.) als Grundlage für globale Teststrategien ist wissenschaftlich nicht tragbar.

 Die Existenz *eines* spezifischen Virus-Erregers, wie es in der öffentlichen Kommunikation dargestellt wurde, ist damit **nicht belegbar**.

## Kapitel 4: Keine Transparenz zu Peer-Review oder Rohdaten

Welche zentralen Auffälligkeiten beschäftigen uns in diesem Kapitel?

- Wer hat die Studie begutachtet?
- Welche Rohdaten lagen vor?
- Warum wurden diese nicht publiziert?

Im Detail bedeutet dies:

### 1. Kein Hinweis auf die Peer-Reviewer oder deren Fachbereiche

- Die Studie wurde ohne Angabe der Reviewer oder deren Fachqualifikation veröffentlicht
- Bei einem medizinisch so sensiblen Thema ist das besonders problematisch

→ Bei einem Artikel mit globaler Tragweite ist diese Intransparenz inakzeptabel

### 2. Keine Zugänglichkeit der zugrundeliegenden Daten

- Weder Rohdaten der CT-Bilder, noch vollständige Virus-Reads, Coverage Maps oder RACE-Analysen verfügbar
- Auch keine vollständigen Auswertungen zur angeblich verwendeten Serologie oder zu Zytopathieeffekten
- Es ist unklar, wie viele Reads tatsächlich zum SARS-CoV-2-Genom beitrugen und wie hoch die Abdeckung war
- Eine unabhängige Nachprüfung der Ergebnisse ist damit ausgeschlossen

→ Für eine wissenschaftliche Publikation mit angeblicher Erstbeschreibung eines neuen Erregers ist das ein gravierendes Defizit

### 3. Widerspruch zu den NEJM-Transparenzrichtlinien

- Das New England Journal of Medicine verpflichtet Autorentams zur Offenlegung von Methodik, Rohdaten und Interessenkonflikten
- Die vorliegende Studie erfüllt diese Anforderungen nicht vollständig
- Eine unabhängige Prüfung durch externe Fachpersonen (z. B. Pathologen, Virologen, Bioinformatiker) war auf dieser Basis **nicht möglich**

➔ Der Eindruck entsteht, dass die Studie aufgrund der politischen und medialen Dringlichkeit **durchgewunken** wurde – ohne echte Qualitätssicherung oder Transparenzpflicht gegenüber der Fachöffentlichkeit.

---

### Fazit Kapitel 4: Fehlende Transparenz auf ganzer Linie

Weder Reviewer noch Rohdaten wurden offengelegt.

Der Peer-Review-Prozess bleibt im Dunkeln, und die Nachvollziehbarkeit der Ergebnisse ist ausgeschlossen.

Für eine Publikation, die massgeblich zur globalen „Pandemie-Erzählung“ beitrug, ist diese Intransparenz nicht akzeptabel.

➔ Es bleibt der Eindruck: Die Glaubwürdigkeit wurde nicht verdient – sondern vorausgesetzt.

## Kontext: Globale Auswirkungen der Studie

- Verwendung der Genomdaten für die **WHO-PCR-Protokolle**
- Einfluss auf **Regierungsentscheidungen weltweit** (Lockdowns, Testpflicht, Impfstrategien)
- Grundlage für die **Narrativbildung eines "neuen Virus"**, obwohl mindestens zwei weitere Studien (Wu et al., Zhou et al.) **abweichende Sequenzen** berichteten

## Ethische Bewertung

Die Veröffentlichung von Zhu et al. wurde zum „Startschuss“ für Massnahmen, die weltweit Menschenleben, Grundrechte und psychische Gesundheit beeinträchtigten.

Dass eine derart zentrale Publikation **ohne nachvollziehbare klinische Daten, ohne Gewebenachweise und ohne Peer-Review-Transparenz** auskommt, ist nicht nur ein wissenschaftliches Versäumnis – **sondern ein ethischer Skandal.**

## Fragen, die gestellt werden müssen

### 1. Wie kann ein globaler PCR-Test auf einem Genom basieren, das nie vollständig veröffentlicht wurde?

→ Eine valide Diagnostik setzt vollständige, reproduzierbare Referenzdaten voraus. Das war hier nicht der Fall.

### 2. Warum wurde der Peer-Review-Prozess nicht offengelegt – obwohl die Studie globale Konsequenzen hatte?

→ Transparenz über Reviewer ist bei risikobehafteten Studien essenziell. Ihre Abwesenheit wirft Fragen zur Qualitätssicherung auf.

### 3. Wurden unabhängige Labore je gebeten, die Virusnachweise der Zhu-Studie zu reproduzieren?

→ Es gibt keine Hinweise auf unabhängige Replikationsstudien oder Cross-Validierungen – ein grundlegendes wissenschaftliches Versäumnis.

### 4. Wie glaubwürdig ist eine Publikation, die keine Zugangsdaten zu Rohsequenzen, CT-Befunden oder Zelleffekten bietet – und dennoch eine bedrohliche neue Krankheit suggeriert, ohne sie wissenschaftlich zu belegen?

→ Die Zhu-Studie erwähnt nur drei Patienten – zwei davon genasen, der dritte verstarb vermutlich infolge einer überzogenen Intubation.

Dabei erfüllt die Studie zentrale wissenschaftliche Mindeststandards nicht:

- 👉 Keine Biopsien
- 👉 Keine Reproduzierbarkeit
- 👉 Keine belastbare Beweiskette

Statt wissenschaftlicher Sorgfalt wurde mit vagen Formulierungen, selektiven CT-Bildern und fehlenden Rohdaten ein Pandemie-Narrativ aufgebaut – basierend auf einer winzigen und methodisch fragwürdigen Fallzahl.

Dass bekannte Behandlungsmöglichkeiten ignoriert und Hochrisikointerventionen wie die Intubation nicht hinterfragt wurden, verstärkt den Vorwurf einer verantwortungslosen wissenschaftlichen Kommunikation.

## **5. Warum wurde diese Studie vom NEJM angenommen – trotz unvollständiger Methodik und fehlender Biopsienachweise?**

→ Der Verdacht liegt nahe, dass politische Dringlichkeit die wissenschaftliche Sorgfalt überlagert hat.

# Unsere Forderung

## Wir fordern vom NEJM:

- Offenlegung der Reviewer
- Prüfung der wissenschaftlichen Grundlagen im Nachhinein
- Stellungnahme zur ethischen Verantwortung für die globale Wirkung der Publikation

**Wissenschaft lebt vom Diskurs – nicht von Dogmen.**

---

***„Zu sagen, was ist, bleibt die revolutionärste Tat.“ – Rosa Luxemburg***