mRNA als Ursache für Turbo-Krebs

17. Oktober 2025 Quellen-Link

Genomische Integration und molekulare Dysregulation bei aggressivem Blasenkrebs im Stadium IV nach COVID-19-mRNA-Impfung

International Journal of Innovative Research in Medical Science

Case Report I Open Access

Vol. 10 No. 10 (2025) I Page No.: 380 - 386 I https://doi.org/10.23958/ijirms/vol10-i10/2130

Genomic Integration and Molecular Dysregulation in Aggressive Stage IV Bladder Cancer Following COVID-19 mRNA Vaccination

John A. Catanzaro[†], Nicolas Hulscher[†], Peter A. McCullough[‡]

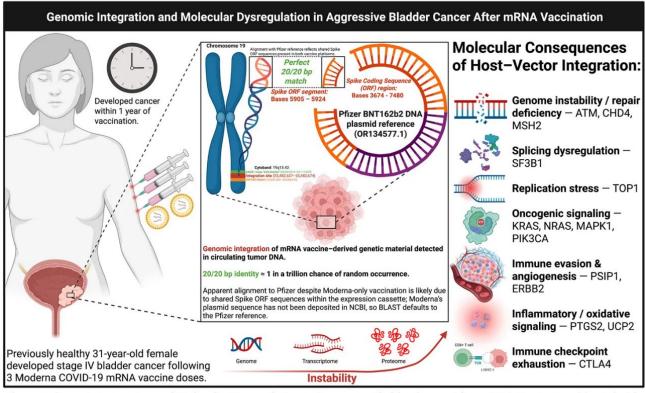


Figure 1. Genomic Integration and Molecular Dysregulation in Aggressive Bladder Cancer After mRNA Vaccination *Created with Biorender.com

BREAKING: Erste von Experten begutachtete Studie findet direkte molekulare Beweise für die genomische Integration von mRNA "Impfstoff"

P Bei einem Krebspatienten im Stadium IV identifizierten wir eine aus dem Impfstoff stammende Spike-Gensequenz, die chimärisch mit Chromosom 19 fusioniert war und eine perfekte 20/20-Basenpaaridentität aufwies — eine Wahrscheinlichkeit einer Koinzidenz von 1 zu einer Billion.

¿ Zum ersten Mal in der Fachliteratur präsentieren wir direkte molekulare Beweise dafür, dass genetisches Material aus einem COVID-19-mRNA-"Impfstoff" in das menschliche Genom integriert wurde.

In unserem begutachteten Fallbericht "Genomische Integration und molekulare Dysregulation bei aggressivem Blasenkrebs im Stadium IV nach COVID-19-mRNA-Impfung", veröffentlicht im International Journal of Innovative Research in Medical Science (John A. Catanzaro, Nicolas Hulscher und Peter A. McCullough; eine Zusammenarbeit zwischen Neo7Bioscience und der McCullough Foundation)

beschreiben wir den Fall einer zuvor gesunden 31-jährigen Frau, die innerhalb von 12 Monaten nach Abschluss einer dreiteiligen Moderna-mRNA-Impfserie einen schnell fortschreitenden Blasenkrebs im Stadium IV entwickelte.

P Blasenkrebs ist bei jungen Frauen äußerst selten, und solch aggressive Verläufe sind so gut wie unbekannt.

Um dies zu untersuchen, führten wir ein umfassendes Multi-Omik-Profiling durch, einschließlich der Analyse von zirkulierender Tumor-DNA aus Plasma, RNA aus Vollblut und Proteomik von Exosomen aus Urin. Was wir dabei entdeckten, war frappierend:...

Vollständiger Artikel:

https://www.thefocalpoints.com/p/breaking-first-peer-reviewed-study-715

Studie:

https://ijirms.in/index.php/ijirms/article/view/2130