

71063 Sindelfingen

E-Mail:

Tel.: 07031

12.04.2021

Landratsamt Böblingen

Gesundheitsamt

z. Hd. Frau Dr.

Parkstraße 4

71034 Böblingen

Aufhebung sämtlicher Corona-Schutzmaßnahmen für mich, meine Familie und alle Bürgerinnen und Bürger im Landkreis Böblingen

Sehr geehrte Frau Dr. Lehrer,

im vorliegenden Schreiben möchte ich Ihnen ausführlich und nachvollziehbar darlegen warum ich Sie höflich bitte, sämtliche Corona-Schutzmaßnahmen für mich, meine Familie und alle Bürgerinnen und Bürger des Landkreises Böblingen mit sofortiger Wirkung aufzuheben. Weiterhin bitte ich Sie alle Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter des Gesundheits- sowie des zuständigen Ordnungsamtes hinsichtlich des Wegfalls der Corona-Schutzmaßnahmen möglichst schnell zu unterrichten.

Alle Corona-Schutzmaßnahmen basieren, wie Sie wissen, auf dem Infektionsschutzgesetz (IfSG) in der Fassung vom 21.12.2020. **§1 IfSG unterwirft alle Beteiligten der Wissenschaftlichkeit.** Da die Wissenschaftlichkeit als Voraussetzung für die Corona-Schutzmaßnahmen nicht gegeben ist und bisher kein wissenschaftlicher Nachweis über die Existenz des vermuteten neuartigen Coronavirus SARS-CoV-2 erbracht wurde, verlieren alle Corona-Schutzmaßnahmen ihre Gültigkeit und Rechtfertigung und sind daher unverzüglich aufzuheben.

Am 03.02.2020 wurde die für das angebliche neuartige Coronavirus SARS-CoV-2 (damals 2019-nCoV) maßgebliche Publikation „**A new coronavirus associated with human respiratory disease in China**“ [1] elektronisch veröffentlicht. In der referenzierten Publikation wurde das Gesamtgenom der Variante WH-Human 1 (SARS-CoV-2) erstmalig gedanklich konstruiert. Hierbei wurden die guten wissenschaftlichen Sitten nicht eingehalten und keine Kontrollexperimente dokumentiert. Zur Verifikation genügt es den kurzen Methodenteil zu studieren. Untersucht wurde ein 41-jähriger Patient (Temperatur über 37,5 °C) der sich mit Husten und Engegefühl in der Brust im Zentralkrankenhaus von Wuhan vorstellte. Bei diesem Patienten wurde eine Bronchiallavage durchgeführt und die gesamte daraus gewonnene RNA zur Konstruktion des „Virusgenoms“ verwendet. Dabei ist a Priori jedoch völlig unklar, ob die vorliegende Erkrankung überhaupt viralen Ursprungs ist. Es wird dies einfach unterstellt, was nicht wissenschaftlich ist. Anhand von sehr kurzen Genabschnitten wurden mit den Computerprogrammen Megahit (v.1.1.3) und Trinity (v.2.5.1), **384.096** (Megahit) bzw. **1.329.960** (Trinity) Contigs konstruiert. Die längsten zusammenhängenden Contigs umfassten dabei 30.474

(Megahit) bzw. 11.760 (Trinity) Nukleotide und zeigten eine gute Übereinstimmung zum SARS ähnlichen „Fledermausvirus“ SL-CoVZC45 (89,1% Übereinstimmung). Bei der Konstruktion von WH-Human 1 wurde davon ausgegangen - ohne dies explizit zu benennen - dass die sehr kurzen verwendeten Sequenzen viralen Ursprungs sind, da bekannte menschliche Sequenzen zunächst eliminiert wurden. Hier ist jedoch zu bemerken, dass bei weitem nicht alle RNA- und DNA-Sequenzen bekannt sind. Es kann also sicher nicht davon ausgegangen werden, dass es sich bei der zur Konstruktion verwendeten RNA um virale RNA handelt.

Schlussendlich wurde ein Genom mit 29.903 Nukleotiden unter dem Namen WH-Human 1 in die Gendatenbank mit der ID MN908947 [2] eingestellt, welches auch unter dem Namen 2019-nCoV referenziert wurde und später als SARS-CoV-2 weltweite Bekanntheit erlangte. Was hätte sich wohl ergeben, wenn in der Datenbank SL-CoVZC45 nicht enthalten gewesen wäre? Wäre der Ursprung dann nicht die Fledermaus, sondern das Schwein, der Vogel oder die Schlange? Ich bitte an dieser Stelle meinen Zynismus zu entschuldigen.

Wie bereits erwähnt, wurden keine Kontrollexperimente durchgeführt, um beispielsweise auszuschließen,

- dass auch mit menschlicher/mikrobieller RNA aus einer Lungenspülung eines gesunden Menschen,
- dass mit der RNA aus einer Lungenspülung eines Menschen mit einer anderen Lungenerkrankung,
- dass mit der RNA aus einer Lungenspülung eines Menschen, der SARS-CoV-2-negativ getestet wurde,
- dass mit der RNA aus Rückstellungproben aus der Zeit, als das SARS-CoV-2-Virus noch nicht bekannt war,

genau die gleiche Ausrichtung eines Virus-Genoms aus kurzen RNA-Sequenzen möglich ist. Eine Methode wie hier das Alignment, um aus sehr kurzen Gensequenzen eine theoretisch lange zu errechnen, die nicht durch Kontrollversuche abgesichert ist, kann und darf nicht als wissenschaftlich bezeichnet werden. Hier wird Wissenschaftlichkeit vorgegeben, die jedoch offensichtlich, nachvollziehbar und für jeden überprüfbar keinesfalls vorliegt.

Für das angebliche Masernvirus wurden Kontrollversuche durchgeführt, die am 10.02.2016 im Masernvirus-Prozess eingereicht wurden.

In der „**STELLUNGNAHME zur Nukleinsäuresequenz des „Maservirus“**“ [6] heißt es „Die Ergebnisse der nachfolgend aufgeführten Untersuchungen widerlegen alle Existenz-Behauptungen zum behaupteten Masern-Virus. Die Vergleiche der sog. genetischen Sequenz des angenommenen Masern-Virus mit den ganz normalen Sequenzen der Zellen haben eindeutig ergeben, dass die sog. Erbsubstanz des behaupteten Masern-Virus in Wirklichkeit aneinander gereihete, typische Stückchen an Molekülen sind, wie sie in allen Zellen vorkommen. Weil ein „Masern-Virus“ niemals in einem Menschen oder Tier gefunden, isoliert und biochemisch charakterisiert wurde, werden immer nur Zellen benützt, um das „Masern-Virus“ angeblich zu vermehren. Mit diesen Untersuchungen ist bewiesen, dass es keinen Masern-Virus gibt und zelleigene Moleküle als Bestandteil des vermuteten Virus fehlgedeutet wurden und leider immer noch fehlgedeutet werden.“

Fazit: In der maßgeblichen Publikation zum „Virus“ SARS-CoV-2 wurde nicht der Nachweis der Existenz eines neuartigen und krankmachenden Erregers erbracht. Siehe auch die Argumente Nr. 2, 3 und 4 in der Anlage „Die sieben Argumente zur Widerlegung der gesamten Virologie“, die hier anwendbar sind.

Nun möchte ich noch auf die zweite wichtige Publikation mit dem Titel „**A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019**“ [3] eingehen. In der vorliegenden Arbeit wurden drei Patienten betrachtet. Zwei zeigten eine Temperatur zwischen 37°C und 38°C, Husten und Unwohlsein in der Brustregion. Es wurde die Ausrichtung (engl. Alignment) der ersten Publikation wiederholt. Überraschenderweise verwendeten die Autoren den exakt gleichen „Fledermausvirus“ zur Ausrichtung und hinterfragten damit nicht das Vorgehen ihrer Kollegen, zumal die Erkenntnisse der ersten Arbeit lediglich auf einen einzelnen Probanden fußen. Die verwendete RNA stammte ebenfalls aus der Lunge (Bronchiallavage) sowie aus Zellkulturmaterial. Anders als in der ersten Publikation wurden die gewonnenen Flüssigkeiten zunächst zentrifugiert und mit dem gewonnenen Überstand wurden Zellkulturen inokuliert. Die Zellkulturen wurden regelmäßig mit einem Lichtmikroskop auf das Vorliegen des zytopathischen Effekts hin überprüft, welcher nicht spezifisch für eine Infektion mit einem Virus ist.

Seit 1954 wird dieser Vorgang mit der Isolation des Erregers und der Infektion der Zellkultur gleichgesetzt, was der elementaren Logik widerspricht.

*Der zytopathische Effekt wurde erstmals in der maßgeblichen Publikation „**Propagation in tissue cultures of cytopathogenic agents from patients with measles**“ [4] zum Masernvirus von Enders & Peebles aus dem Jahre 1954 beschrieben. Vier Jahre später wiederholten die Wissenschaftler Bech & von Magnus die Versuche mit angeblichen Masernviren und dokumentierten ihre Ergebnisse in der Arbeit „**Studies on measles virus in monkey kidney tissue cultures**“ [5]. Bemerkenswert war die Feststellung der Autoren, dass der zytopathische Effekt auch in nicht beimpften Zellkulturen auftrat. Dies zeigt, dass die verwendete Methode nicht für den Nachweis und die Isolation eines möglichen Virus geeignet ist.*

*In dem Artikel „**Den Experimenten von Enders auf der Spur – zytopathischer Effekt in Affenzellen ist nicht masernvirusspezifisch**“ [7] wird die Durchführung von Kontrollexperimenten beschrieben, nach denen die Zellverschmelzung mit anschließendem Zelltod in Zellkulturen (zytopathischer Effekt) nicht virenspezifisch ist, sondern allein durch Laborbedingungen verursacht wird.*

Die Autoren sedimentierten auch Zellkulturmaterial und fertigten elektronenmikroskopische Bilder von angeblichen Viruspartikeln an. Diese wurden jedoch nicht, wie beispielsweise in der Phagenforschung üblich, isoliert und biochemisch charakterisiert. Ebenfalls wurden aus gewonnenen Material keine Nukleinsäuren zur Bestimmung des Genoms gewonnen. Den Bildern kann leicht entnommen werden, dass keine gereinigten Viruspartikel vorlagen.

Fazit: Auch in der wichtigen Folgepublikation wurde kein krankmachendes Virus nachgewiesen. Dies räumten die Autoren sogar selbst ein: „**Although our study does not fulfill Koch's postulates, our analyses provide evidence implicating 2019-nCoV in the Wuhan outbreak.**“ Vergleiche auch die Argumente Nr. 1,2,3,4,5 und 6 Anlage „Die sieben Argumente zur Widerlegung der gesamten Virologie“.

Die Sterbeanalyse der Jahre 2016 bis 2020, welche in der Anlage dargestellt ist, stützt ebenfalls **nicht** die These eines neuartigen und krankmachenden Erregers.

Abschließend bitte ich Sie um eine schriftliche Stellungnahme bis zum 21.04.2021, gerne per E-Mail oder per Brief. Entschuldigen Sie die relativ kurze Frist, aber mein Anliegen ist dringlich und von großer Relevanz. Ich bin davon überzeugt, dass für Sie und Ihre wissenschaftlich ausgebildeten Mitarbeiter die Überprüfung der von mir dargelegten Fakten anhand der maßgeblichen Publikationen leicht durchzuführen ist und Sie und Ihr Team zu dem Schluss kommen, dass die Behauptung eines neuartigen Erregers, welcher kausal für die Erkrankung COVID 19 zu erachten ist, aus wissenschaftlichen Gründen nicht weiter aufrechterhalten werden kann. Damit entfällt im gleichen Augenblick die rechtliche Grundlage aller Corona-Schutzmaßnahmen, welche daher umgehend aufzuheben sind.

Aufgrund der schwerwiegenden Grundrechtseinschränkungen aller Bürgerinnen und Bürger bitte ich Sie um schnellstmögliche Unterstützung. Sollte ich bis zur oben genannten Fristsetzung keine Antwort von Ihnen erhalten, muss ich dies als Beweis für die Richtigkeit aller in diesem Schreiben getätigten Aussagen werten. In diesem Falle werde ich ab diesem Zeitpunkt von der Unrechtmäßigkeit aller Corona-Schutzmaßnahmen und den damit in Zusammenhang stehenden Verordnungen ausgehen und diese für meine Familie und mich als nicht mehr bindend ansehen.

Ich habe Ihnen ein frankierten Rückumschlag beigefügt.

Mit freundlichen Grüßen,

A redacted signature area consisting of four thick, horizontal black bars of varying lengths, completely obscuring the text underneath.

Anlagen:

Die sieben Argumente zur Widerlegung der gesamten Virologie
Sterbeanalyse der Jahre 2016 bis 2020
Quellenverzeichnis

Die sieben Argumente zur Widerlegung der gesamten Virologie

1. Virologen deuten das Sterben von Zellen im Labor als viral bedingt. Sie übersehen aufgrund fehlender Kontrollversuche, dass sie die Zellen im Labor selbst und unbeabsichtigt, durch Verhungern und Vergiften töten. Dieser Fehldeutung liegt eine einzige Publikation von John Franklin Enders und einem Kollegen vom 01.06.1954 zugrunde. Über diese Publikation wurde im Masern-Virus-Prozess höchststrichterlich entschieden, dass darin keine Beweise für ein Virus enthalten sind. Diese Publikation wurde zur exklusiven Grundlage nicht nur der Masern-Virologie, sondern der gesamten Virologie seit 1954 und der Corona-Hysterie.
2. Virologen setzen gedanklich kürzeste Stückchen an sog. Erbinformationen absterbender Zellen gedanklich/rechnerisch zu einem sehr langen Erbgutstrang zusammen, den sie als den Erbgutstrang eines Virus ausgeben. Dieser gedanklich/ rechnerische Vorgang wird als Alignment bezeichnet. Dabei haben sie die Kontrollversuche nicht getätigt, den Versuch, auch aus kurzen Stückchen sog. Erbinformation nicht-infizierter Quellen, den erwünschten Erbgutstrang gedanklich/rechnerisch zu konstruieren.
3. Virologen benötigen für das Alignment eines Virus immer einen vorgegebenen Erbgutstrang eines Virus. Sie benutzen aber hierzu immer einen auch nur gedanklich/rechnerisch erzeugten Erbgutstrang und niemals einen echten, einen in der Realität gefundenen. Sie tätigen dabei niemals die Kontrollversuche, ob aus dem vorhandenen Datensatz sog. Erbinformationen auch „virale“ Erbsubstanzstränge ganz anderer Viren konstruiert werden könnten oder nicht.
4. Virologen haben „Viren“ niemals in Menschen, Tieren, Pflanzen und deren Flüssigkeiten gesehen oder daraus isoliert. Sie haben das nur scheinbar, indirekt und immer nur mittels ganz spezieller und künstlicher Zellsysteme im Labor getan. Sie haben niemals die Kontrollversuche erwähnt oder dokumentiert, ob ihnen die Darstellung und die Isolation von Viren auch in und aus Menschen, Tieren, Pflanzen oder deren Flüssigkeiten gelungen ist.
5. Virologen haben diejenigen vermeintlichen Viren, die sie mittels elektronenmikroskopischer Aufnahmen fotografieren, niemals isoliert, biochemisch charakterisiert oder daraus ihre vermeintliche Erbsubstanz gewonnen. Sie haben niemals Kontrollexperimente getätigt oder veröffentlicht, ob nach der Isolation dieser Strukturen auch tatsächlich „virale“ Eiweiße (der Hülle des Virus) und vor allem der virale Erbgutstrang nachgewiesen werden konnte, der ja das zentrale Bestandteil und Charakteristikum eines Virus darstellen soll.
6. Virologen geben typische Artefakte sterbender Gewebe/Zellen und typische Strukturen, die beim Verwirbeln zelleigener Bestandteile wie Eiweiße, Fette und den verwendeten Lösungsmitteln entstehen, als Viren oder als virale Bestandteile aus. Auch hier fehlen die Kontrollversuche mit nicht infizierten, aber ebenso behandelten Zellen/Geweben.
7. Die sog. Übertragungsversuche, die Virologen tätigen, um die Übertragbarkeit und Krankheitserregung der vermuteten Viren zu beweisen, widerlegen die gesamte Virologie. Es sind ganz offensichtlich die Versuche selbst, die die Symptome auslösen, die im Tierversuch als Beweis für die Existenz und die Wirkung der vermuteten Viren ausgegeben werden. Auch hier fehlen jegliche Kontrollversuche, bei denen exakt das Gleiche gemacht wird, bloß mit nicht-infizierten oder sterilisierten Materialien.

Sterbeanalyse der Jahre 2016 bis 2020

Die nachfolgende Sterbeanalyse der Jahre 2016 bis 2020 basiert auf Daten des Statistischen Bundesamtes [8], [9].

Die nachfolgenden Tabellen zeigen die Sterbefälle der Jahre 2016 bis 2020, die Bevölkerungsstände zum Ende der Jahre 2015 bis 2020 sowie die abgeleiteten Sterberaten für die Jahre 2016 bis 2020 nach Jahren und Altersgruppe mit Stand vom 30. März 2021.

Stand 30. März 2021					
Sterbefälle der Jahre 2016 - 2020 nach Jahr und Altersgruppe					
Altersgruppe	2016	2017	2018	2019	2020
0 - 14	3.797	3.573	3.613	3.556	3.421
15 - 29	4.372	4.155	4.202	3.969	3.866
30 - 34	2.690	2.713	2.637	2.635	2.679
35 - 39	3.717	3.752	3.833	3.899	4.146
40 - 44	5.852	5.314	5.547	5.435	5.897
45 - 49	12.792	11.752	11.060	10.140	9.784
50 - 54	23.592	22.882	22.654	21.415	20.908
55 - 59	35.433	35.073	36.452	35.552	36.646
60 - 64	47.458	47.691	49.584	48.966	50.941
65 - 69	60.803	62.730	65.660	65.504	67.526
70 - 74	78.466	75.588	75.437	73.890	78.593
75 - 79	138.767	139.232	137.300	129.065	123.131
80 - 84	155.872	165.342	176.688	181.439	194.678
85 - 89	171.109	173.844	174.068	168.926	183.608
90 - xx	166.179	178.522	186.139	185.129	199.711
Gesamt	910.899	932.263	954.874	939.520	985.535

Bevölkerungsstand Ende 2015 - 2019 nach Jahr und Altersgruppe					
Altersgruppe	31.12.2015	31.12.2016	31.12.2017	31.12.2018	31.12.2019
0 - 14	10.881.126	11.048.568	11.171.759	11.290.815	11.391.259
15 - 29	14.165.523	14.113.856	13.981.161	13.804.084	13.622.145
30 - 34	5.167.860	5.221.075	5.290.252	5.409.029	5.495.720
35 - 39	4.951.744	5.058.038	5.163.210	5.237.416	5.289.210
40 - 44	4.990.088	4.821.986	4.788.357	4.841.738	4.909.026
45 - 49	6.523.704	6.259.912	5.943.287	5.584.519	5.273.358
50 - 54	6.954.785	6.984.307	6.968.045	6.875.948	6.710.235
55 - 59	6.038.640	6.223.126	6.401.516	6.598.218	6.737.305
60 - 64	5.202.056	5.281.280	5.375.053	5.493.914	5.647.771
65 - 69	4.331.884	4.563.301	4.711.894	4.808.497	4.859.032
70 - 74	3.969.193	3.654.937	3.611.909	3.596.545	3.674.095
75 - 79	4.269.898	4.349.557	4.235.423	4.089.384	3.876.420
80 - 84	2.524.412	2.694.971	2.885.212	3.111.597	3.294.281
85 - 89	1.486.700	1.497.342	1.495.440	1.482.566	1.563.807
90 - xx	718.091	749.597	770.033	794.943	823.047
Gesamt	82.175.684	82.521.653	82.792.351	83.019.213	83.166.711

Sterberate der Jahre 2016 - 2020 nach Jahr und Altersgruppe					
Altersgruppe	2016	2017	2018	2019	2020
0 - 14	0,03%	0,03%	0,03%	0,03%	0,03%
15 - 29	0,03%	0,03%	0,03%	0,03%	0,03%
30 - 34	0,05%	0,05%	0,05%	0,05%	0,05%
35 - 39	0,08%	0,07%	0,07%	0,07%	0,08%
40 - 44	0,12%	0,11%	0,12%	0,11%	0,12%
45 - 49	0,20%	0,19%	0,19%	0,18%	0,19%
50 - 54	0,34%	0,33%	0,33%	0,31%	0,31%
55 - 59	0,59%	0,56%	0,57%	0,54%	0,54%
60 - 64	0,91%	0,90%	0,92%	0,89%	0,90%
65 - 69	1,40%	1,37%	1,39%	1,36%	1,39%
70 - 74	1,98%	2,07%	2,09%	2,05%	2,14%
75 - 79	3,25%	3,20%	3,24%	3,16%	3,18%
80 - 84	6,17%	6,14%	6,12%	5,83%	5,91%
85 - 89	11,51%	11,62%	11,64%	11,39%	11,74%
90 - xx	23,14%	23,82%	24,17%	23,29%	24,26%
Gesamt	1,108%	1,130%	1,153%	1,132%	1,185%
Äquivalent*	1,185%	1,187%	1,196%	1,158%	1,185%
Äquivalent über 80 Jahre**	10,101%	10,206%	10,257%	9,891%	10,174%
Äquivalent über 85 Jahre***	15,520%	15,823%	15,962%	15,496%	16,060%

* Gesamtsterberate bezogen auf den Bevölkerungsstand zum 31.12.2019
 * Sterberate der über 80-Jährigen bezogen auf den Bevölkerungsstand zum 31.12.2019
 * Sterberate der über 85-Jährigen bezogen auf den Bevölkerungsstand zum 31.12.2019

Die absolute Sterbezahl war im Jahr 2020 sowohl in der Gesamtschau als auch in einigen Altersgruppen im Vergleich zu den Vorjahren am höchsten. Diese Betrachtung alleine ist jedoch nicht aussagekräftig. So lässt sich zum Beispiel erkennen, dass gerade in den vulnerablen Altersgruppen der Bevölkerungsstand zum Ende des Jahres 2019 im Vergleich zu den Vorjahren stark zugenommen hat.

Betrachtet man zunächst die Sterberaten nach Altersgruppen, so zeigte sich in 2020 kein auffällig hohes Sterbegeschehen. Zum besseren Vergleich habe ich das Gesamtäquivalent und die Äquivalente der über 80- bzw. der über 85-Jährigen bezogen auf den Bevölkerungsstand zum 31.12.2019 dargestellt. So zeigt sich, dass nur im Jahr 2019 die Sterblichkeit noch geringer als im Jahr 2020 ausfiel (1,158% versus 1,185%). Die Sterblichkeit der über 80-Jährigen im Jahr 2020 lag unter der Sterblichkeit der Jahre 2017 und 2018. Auch die Sterblichkeit der über 85-Jährigen zeigte in 2020 keine besondere Auffälligkeit, wenn man die Schwankungsbreite der Vorjahreswerte betrachtet. Diese bewegte sich auf dem Niveau der Jahre 2017 und 2018.

Quellenverzeichnis

- [1] A new coronavirus associated with human respiratory disease in China. *Nature* 579, 265–269 (2020). <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2008-3>, <https://www.nature.com/articles/s41586-020-2008-3>
- [2] Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 isolate Wuhan-Hu-1, complete genome, <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MN908947>
- [3] A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019. *N Engl J Med* 2020; 382: 727-33. DOI: 10.1056/NEJ-Moa2001017, <https://www.nejm.org/doi/full/10.1056/nejmoa2001017>
- [4] Enders, J.F. & Peebles, T.C. (1954) Propagation in tissue cultures of cytopathogenic agents from patients with measles. *Proceedings of the Society for Experimental Biology and Medicine*, 86 (2): 277–286, <https://pubmedinfo.files.wordpress.com/2017/01/propagation-in-tissue-cultures-of-cytopathogenic-agents-from-patients-with-measles.pdf>
- [5] Bech, V. & von Magnus, P (1958) Studies on measles virus in monkey kidney tissue cultures. *Acta Pathologica Microbiologica Scandinavica* 42 (1): 75–85.
- [6] Lanka, Stefan. „Stellungnahme zur Nukleinsäuresequenz des „Masernvirus““. In: WISSENSCHAFTPLUS - Das Magazin 2/2017, S. 21 - 23.
- [7] Lanka, Stefan. „Den Experimenten von Enders auf der Spur – zytopathischer Effekt in Affennierenzellen ist nicht maserviruspezifisch“. In: WISSENSCHAFTPLUS - Das Magazin 4/2017, S. 13 - 17.
- [8] Destatis, Statistisches Bundesamt, Sterbefälle - Fallzahlen nach Tagen, Wochen, Monaten, Altersgruppen, Geschlecht und Bundesländern für Deutschland 2016 – 2021, <https://www.destatis.de/DE/Themen/Gesellschaft-Umwelt/Bevoelkerung/Sterbefaelle-Lebenserwartung/Tabellen/sonderauswertung-sterbefaelle.html?nn=209016>
- [9] Destatis, Statistisches Bundesamt, 12411-0012: Bevölkerung: Bundesländer, Stichtag, Altersjahre, <https://www-genesis.destatis.de/genesis//online?operation=table&code=12411-0012&bypass=true&levelindex=0&levelid=1609935241828%23abreadcrumb#abreadcrumb>

