

Und es ist doch nicht natürlich...

Bis vor ein paar Wochen war die Behandlung von Patienten mit COVID 19 das tägliche Brot vieler Hausärzte, nicht nur in den sogenannten Infektionspraxen. Gäbe es aber zur Zeit keine von der Bundesregierung und den Gesundheitsämtern angeordneten restriktiven oder schützenden Maßnahmen, sowie eine Kette der Sendungen mit Corona-Thematik in Dauerschleife, fiel es uns nicht schwer im Alltagsleben an das Corona-Virus wenigstens kurzfristig nicht zu denken. Diese Erfahrung werden mit Sicherheit auch viele meiner niedergelassenen Kollegen bestätigen.

von Dr. med. Boris Borsuk

Wären nicht die wiederholten Ankündigungen einer zweiten Welle, könnte der Eindruck gewonnen werden, die unmittelbare Corona-Bedrohung ist zumindest vorübergehend vorbei. Wieso dann diese Zurückhaltung der Lockerungsmaßnahmen trotz eines wachsenden Widerstandes in der Bevölkerung? Man muss nicht über außergewöhnliche analytische Fähigkeiten verfügen, um den Verdacht der selektiven Information der Öffentlichkeit zu schöpfen.

Beim Versuch die Antworten in verschiedenen Fachpublikationen zu finden, ergibt die Suche leider keine zufriedenstellenden Ergebnisse. Mehr Licht ins Dunkel bringt erst eine Analyse der renommierten tschechischen Molekularbiologin, Virologin, Epidemiologin und Gerichtsmedizinerin im Bereich der Molekulargenetik, Molekular- und Mikrobiologie, Dr. Soňa Peková Phd, derzeit Leiterin der Tilia La-

boratories MU. Ihre Aussagen basieren auf der Untersuchung von mehr als 5000 Proben von verschiedenen Patientengruppen und sind nicht aus anderen Publikationen abgeleitet.

Die Feststellungen von MU Dr. Peková beinhalten eine zentrale These: SARS-COV2 ist nicht vollständig eines natürlichen Ursprungs. Zu diesem Ergebnis kam sie nach der Analyse des Virusgenoms, vor allem seiner sogenannten „leader sequence“. Die „leader sequence“ wird nicht wie die anderen Teile des Genoms überschrieben, sie bleibt „untranscribed oder UTR, hier 5'UTR“. Sie kodiert keine Proteine, keine Spikes. Gleichzeitig ist diese Sequenz von enormer Bedeutung für die Virusvermehrung in der Zelle, da sie die Replikation des Virus in der Zelle auslöst und weiter steuert. Eine intakte und fehlerfreie Anordnung der einzelnen Bausteine, der Nukleotiden, ist unabdingbar. Je-

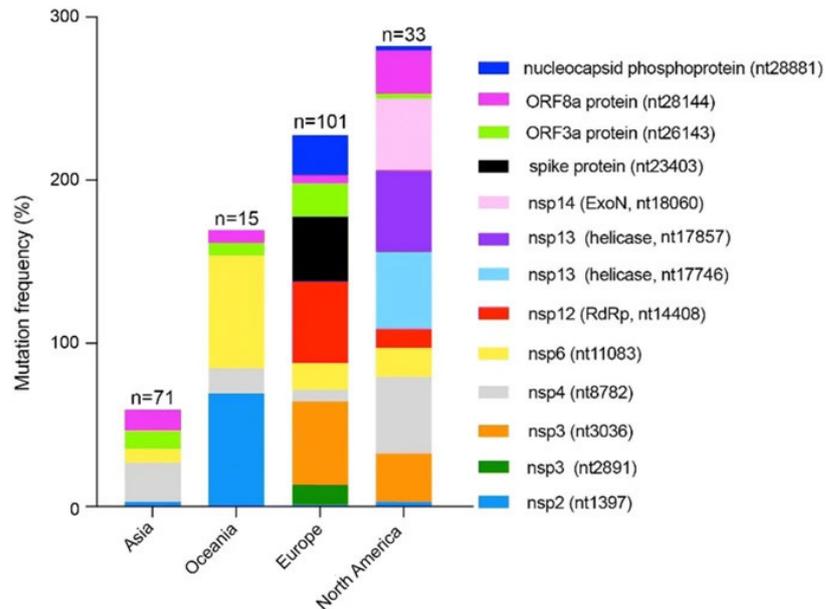
der Fehler in dieser Sequenz bedeutet eine potenzielle Bedrohung der gesamten Virusexistenz. Um so erstaunlicher ist, dass sich in der 5'UTR-Sequenz von SARS-COV2 derartige Mengen an Genmutationen (Deletionen, Insertionen, Punktmutationen usw.) befinden, die in den natürlich entstandenen Virusgenomen seinesgleichen sucht. Dieses Ergebnis widerspricht somit nicht der vor Monaten publizierten, eine natürliche Genese der einzelnen Genomanteile bestätigenden, in Nature medicine veröffentlichten Studie, in welcher sich der Fokus hauptsächlich auf die Proteine kodierenden Gensequenzen richtete.

Wo kommt diese Anzahl der Mutationen her? Laut MU Dr. Peková: von der Geschwindigkeit, mit welcher sich dieses Virus vermehrt (oder auch Replikationsgeschwindigkeit). Diese beträgt ungefähr das 270-fache der Replikationsgeschwindigkeit seines Fledermausverwandten bzw. der anderen Coronaviren. Dieser Prozess könnte mit dem Maschinenschreiben verglichen werden. Bei gewisser Schreibgeschwindigkeit entsteht eine bestimmte Anzahl von Fehlern. Sollte aber jemand gezwungen werden schneller und schneller zu schreiben, wäre die Fehlerquote deutlich größer. Es muss nicht lange überlegt werden, wo diese Geschwindigkeiten der Virusreplikation von Nutzen sind, in welchem Bereich in kurzer Zeit viele Viruspartikel, zum Beispiel im Rahmen der Entwicklung von Vakzinen benötigt werden...

Das biologische Korrelat dieser enormen und für Coronaviren nicht natürlichen Replikationsgeschwindigkeit ist die Anzahl der verschiedenen Virusmutationen.

Es existieren bereits hunderte von SARS-COV2-Stämmen, die unterschiedlich gefährlich sind. Auch daher kommen die Unterschiede von Virulenz also der pathogenen Potenz des SARS-COV2 in verschiedenen Ländern und Regionen.

Es kommt aber noch besser. Das Virus, mit dem sich ein Patient infiziert, ist aufgrund der fehlerhaften Replikation häufig nicht das gleiche Virus, das an andere weitergegeben wird! Es kann also im Rahmen eines Organismus aus einem Lamm ein Wolf entstehen, der die ande-



SARS-COV2 Mutationshäufigkeit in verschiedenen Weltregionen. Die Grafik zeigt die kumulative Mutationshäufigkeit aller vorhandenen Mutationen in den Regionen. Die Genome von europäischen und nordamerikanischen Patienten weisen eine erhöhte Mutationshäufigkeit im Vergleich zu Asien auf und zeigen ein anderes Mutationsmuster. Veröffentlicht: 22.04.20 (Grafik: Pachetti, M., Marini, B., Benedetti, F. / translational-medicine.biomedcentral.com / CC-BY-4.0)

ren Patienten wortwörtlich am Leben bedroht oder sogar tötet.

Dieses Argument scheint allen Vermutungen nach der wahre Grund der Regierungen für die Aufrechterhaltung der initial beschlossenen Maßnahmen zu sein. Die Wahrscheinlichkeit für die Entstehung eines ungewöhnlichen Killers ist zur Zeit zwar gering aber real, und es zwingt die Zuständigen zu handeln. Sie waren dafür bereit Teile der Wirtschaft und des Schulwesens gegen die Wand zu fahren. An dieser Stelle muss eine Polemik erlaubt sein, ob eine klare Bekennung der Farbe, im Sinne einer Veröffentlichung solcher Feststellungen auch zum Preis der möglichen Restriktionen für biotechnologische Konzerne, nicht die breite Akzeptanz der Regierungsmaßnahmen erhöhen würde. Oder ob die Kenntnis von etwas unnatürlichem nicht einen noch größeren Respekt erwecken würde, auch ohne dass die unnötige und häufig übertriebene Panik verbreitet werden müsste.

Aufgrund seines Ursprungs respektiert SARS-COV2 laut MU Dr. Peková keine Saisonalität, Winter- oder Sommermonate haben auf seine Aktivität keinen Einfluss. Auch eine Bezeichnung „der Welle“ ist nicht korrekt, geschweige von einer „Zweiten“. Die zweite Welle ist ein Nonsens. Es werden immer wieder kleine Infektionsherde entstehen. Wichtig ist, dass diese schnell eingedämmt werden. Es existiert allerdings die Hoffnung, dass

dieses Virus irgendwann im Laufe des Jahres an seiner Replikationsfehlerquote stirbt, genauso wie seine Corona-Verwandten, die durch menschlichen Eingriff modifizierte SARS und MERS.

Das heutzutage wichtigste Thema, dass nicht nur die breite Bevölkerung sondern auch die Mediziner und Wissenschaftler spaltet, ist der Impfstoff gegen SARS-COV2 und die damit verbundenen kommenden gesetzlichen Verpflichtungen. Die Wahrscheinlichkeit der Entwicklung eines wirksamen RNA-Impfstoffes ist bei oben beschriebener Mutationsrate und Variabilität von diesem Virus wenig realistisch bis utopisch und das Streben danach beinahe unprofessionell. Die einzig reale Möglichkeit eines wirksamen Schutzes wäre laut MU Dr. Peková die Entwicklung einer Vakzine auf dem Prinzip von RNA-Silencing, wobei es in der Zelle zu einer Produktion von small interfering-RNA-Ketten kommt. Diese führen dann zu einer Hemmung der Translation von fremdem Virusgenom. Aber SARS-COV2 scheint auch diesen Mechanismen in der Zelle entgegen zu wirken...



<<http://www.free21.org/?p=33875>>