

SARS-CoV-2: Real oder Mythos?

Die Weltgesundheitsorganisation (WHO) stufte COVID-19 am 30. Januar 2020 als „gesundheitliche Notlage von internationaler Tragweite“ ein und klassifizierte das Auftreten der Erkrankung auf Grund der weltweiten Ausbreitung am 11. März 2020 als Pandemie (<https://de.wikipedia.org/wiki/SARS-CoV-2>).

Auf der Internetseite der WHO findet man folgende Aussagen (<https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2020-DON229>):

1. Am 31. Dezember 2019 wurde das China-Länderbüro der WHO über Fälle von Lungenentzündung unbekannter Ätiologie (unbekannte Ursache) informiert, die in der Stadt Wuhan in der chinesischen Provinz Hubei entdeckt wurden.

(Original: On 31 December 2019, the WHO China Country Office was informed of cases of pneumonia of unknown etiology (unknown cause) detected in Wuhan City, Hubei Province of China.)

2. Die klinischen Anzeichen und Symptome sind hauptsächlich Fieber, wobei einige Patienten Atembeschwerden haben und Röntgenaufnahmen des Brustkorbs zeigen invasive Läsionen beider Lungen.

(Original: The clinical signs and symptoms are mainly fever, with a few patients having difficulty in breathing, and chest radiographs showing invasive lesions of both lungs.)

Folgend zwei wesentliche Anmerkungen:

- Wie kann man auf Grund von Fieber, Atembeschwerden und invasive Läsionen schließen, dass es sich um eine Lungenentzündung unbekannter Ursache handelt?
- Fieber, Atembeschwerden und invasive Läsionen können vielseitige Ursachen haben!

Das Genom von SARS-CoV-2 ist über 29,7 Kilobasenpaar (kp) groß und damit eines der umfangreichsten unter den RNA-Viren (<https://de.wikipedia.org/wiki/SARS-CoV-2>).

Die erste Publikation zum Genom von SARS-CoV-2 wurde am 07.01.2020 in der Zeitschrift Nature eingereicht (A new coronavirus associated with human respiratory disease in China, <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2008-3>).

Das Genom wurde anhand einer Patientenprobe erstellt. Ein Patient mit Fieber von über 37,5 °C, Husten und Engegefühl in der Brust war im Krankenhaus Wuhan in Wuhan, China. Es wurde dem Patienten BALF (bronchoalveolar lavage fluid: Schleim aus der Lunge) entnommen und bei –80 °C gelagert bis zur weiteren Bearbeitung.

Die Gesamt-RNA wurde aus der BALF-Probe extrahiert und die ribosomalen RNA (https://de.wikipedia.org/wiki/Ribosomale_RNA) entfernt. Dann erfolgte die Umwandlung der RNA zu DNA mit Hilfe eines Enzyms (https://de.wikipedia.org/wiki/Reverse_Transkriptase).

Abschließend erfolgte die Sequenzierung (<https://de.wikipedia.org/wiki/RNA-Sequenzierung>), d.h. die Nukleotidabfolge der DNA wurde bestimmt.

Ergebnis nach der Sequenzierung waren **56.565.928** Nukleotidabfolge mit je 150 Basen:

1 Nukleotidabfolge TTAAG..... (150 Basen)
2 Nukleotidabfolge GGCCT..... (150 Basen)

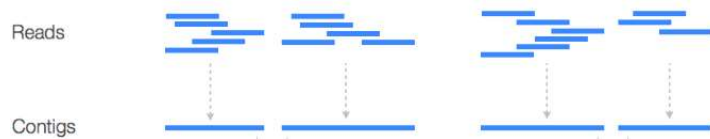
...
...
...

56.565.928 Nukleotidabfolge TTAAA..... (150 Basen)

Eine Nukleotidabfolge mit je 150 Basen entspricht somit einem DNA-Stück mit 150 Basen. DNA-Stück mit 150 Basen nennt man auch Reads.

Nach der Sequenzierung erfolgte ein Datenbankabgleich, um humane Gensequenzen zu entfernen, so dass noch **23.712.657** DNA-Stücke mit je 150 Basen vorlagen.

Dann wurden zwei Programme „Megahit“ und „Trinity“ eingesetzt, um aus diesen **23.712.657** DNA-Stücken mit je 150 Basen Contigs zu erstellen (Assembly= Contig-Erstellung). Ein Contig ist ein Satz überlappender DNA-Stücke (<https://de.wikipedia.org/wiki/Contig>).



Ergebnis:

Programme	Anzahl Contigs	Kürzeste Contigs	Längste Contigs
Megahit	384.096	200 Basen	30.474 Basen
Trinity	1.329.960	201 Basen	11.760 Basen

Erhaltene Contigs (Sequenzen) wurden in Datenbanken mit bekannten Genomsequenzen verglichen (Alignment) und die längsten Contigs (Megahit=30.474 Basen und Trinity=11.760 Basen) zeigten beide eine hohe Ähnlichkeit mit dem Fledermaus-SARS-ähnlichen Coro-Navirus-Isolat SL-CoVZC45 (Megahit 89.113 % Übereinstimmung und Trinity 90.415 % Übereinstimmung). Somit wurde behauptet es ist ein neues Coronavirus.

Folgend wesentliche Anmerkungen/Fragen:

1. Wie kann man auf Grund von Fieber, Husten und Engegefühl in der Brust schließen, dass es sich um eine Erkrankung handelt, welche durch einen neuartigen Erreger verursacht werden soll?
2. Die ribosomalen RNA wurde aus der Patientenprobe entfernt. Der Testhersteller beschreibt, dass nicht 100% ribosomale RNA entfernt werden.
3. Während der Probenaufbereitung wird die RNA in DNA umgewandelt. Keiner weiß, wie hoch die Fehlerquelle nach der Umwandlung ist hinsichtlich fehlerhafter Nukleotidabfolgen der DNA.
4. Während der Probenaufbereitung wird die DNA in kleine Fragmente von 300 Basen - 500 Basen zerstückelt und dann vervielfältigt. Keiner weiß, wie hoch die Fehlerquelle nach der Vervielfältigung ist hinsichtlich fehlerhafter Nukleotidabfolgen der DNA-Stücke.
5. Mittels Datenbankabgleich erfolgt die Entfernung humaner Sequenzen. Wie hoch ist die Fehlerquelle, dass nicht alle humane Sequenzen entfernt werden?
6. Programme Megahit und Trinity erstellen Contigs. Warum erzeugen die Programme unterschiedliche Ergebnisse?
7. Es wurde nicht die neuste Version von Megahit verwendet. Warum?
8. Es wurden die Standardeinstellungen von Megahit und Trinity verwendet. Was für Ergebnisse erhält man, wenn man nicht die Standardeinstellungen verwendet?
9. Warum hat man sich für das längste Contig mit 30.474 Basen entschieden?
10. Warum ist das SARS-CoV-2 Genom in der Datenbank mit 29.903 Basen kleiner als das längste Contig mit 30.474 Basen von Megahit?
11. Schimpanse und Mensch stimmen in 98,7 Prozent des Erbguts überein.

(https://www.google.de/search?q=%C3%BCbereinstimmung+genom+mensch+schwein&source=hp&ei=yCrSZN_NlpWbkdUPs4eGqAM&iflsig=AD69kcEAAAAAZNI42ITM8f0LgSb4cGjXEnI_NMiOh5vs&og=%C3%BCbereinstimmung+genom+&gs_lp=Egdnd3Mtd2l6IhfDvGJlc_mVpbnN0aW1tdW5nIGdlbm9tIiCoCCAAYBhAAGBYHjIGEAAYFhgeMgYQABgWGB5I4m1QAFj2UHAAeACQAQCYAZIBoAHFDaoBBDiXLiG4AQHIAQD4AQHCAGQQABiBBRixAxiDARhDwgILEAAyGAYsQMYgwhCAgUQABiABMICDRAAGIAEGLEDGIMBGArCAgoQABiABBhGGPkbWgIKEAAyAQYRrhj_AQ&scient=gws-wiz)

Wie kann man dann schlussfolgern, dass bei einer Übereinstimmung von nur 89.113 % bzw. 90.415 % ein neues Coronavirus vorliegt?

12. wichtige Kontrollversuche fehlen:

- die Patientenprobe in ein anderes Labor, um das gleiche Genom zu bestätigen
- die Patientenprobe mit anderen Protokollen/Kits
- weitere kranke Personen mit und ohne COVID-19
- andere Personen mit Lungenerkrankungen
- gesunde Personen
- Rückstellproben von kranken Personen (alte Proben z.B. aus dem Jahr 2018)
- Verwendung von anderen Einstellungen in den Programmen Megahit und Trinity

Bemerkung:

Der hier dargestellte Ablauf der Genomkonstruktion ist nur eine beschränkte Darstellung mit dem Fokus auf relevante Faktoren und nicht vollständig. Somit könnte man die Liste der Anmerkungen mit den Fehlerquellen und Fragen noch erweitern.

Fazit:

Es wurde kein Virus isoliert und biochemisch charakterisiert.

Laut den Regeln der DFG (Deutsche Forschungsgemeinschaft) sind Kontrollversuche vorgeschrieben, um wissenschaftliches Arbeiten sicherzustellen. Jedoch wurden diese Kontrollversuche nicht durchgeführt.

SARS-CoV-2 Genom ist eine willkürlich mathematische Modellierung und existiert real nicht!