

Kurzfassung einer 46-seitigen Übersicht über 192 wissenschaftliche Publikationen  
exzerpiert am 16.6.21 durch Dr. Karl Braun-von Gladiß

## 192 Wissenschaftlergruppen legen mRNA-Impfrisiken offen

– ein Beitrag von Stephanie Senfe (1) und Greg Night (2)  
inoffizielle Übersetzung erschienen bei Dr. Wolfgang Wodarg

Eine Zusammenfassung von 192 wissenschaftlichen Publikationen aus Grundlagenforschung der  
letzten Jahre und auch etlichen aus 2020 und 2021

Erschienen (10. Mai 2021) in: International Journal of Vaccine Theory, Practice, and Research2(1)

### Inhalt

Einmaligkeit	1
Impfstoffentwicklung	2
Wirksamkeit	2
Gentechnische Besonderheiten der Impf-mRNA	2
PEG	3
ADE	4
Pathogenes Priming	4
Kreuz-Reaktivität	4
Autoimmunerkrankungen	5
Multisystem-Entzündung	6
Faltungstörung	6
Impfstoff-Ausscheidung (shedding)	7
Immun-Escape und Mutationen	7
Genomveränderung	8
Super-Spreader-Produktion	9
Nachtrag zu Resilienz	10

### Einmaligkeit

Experimentelle mRNA-Impfstoffe wurden als potenziell sehr vorteilhaft angepriesen, aber sie bergen auch die Möglichkeit von potenziell tragischen und sogar katastrophalen unvorhergesehenen Folgen.... Wir haben hier einige, aber nicht alle dieser Bedenken aufgegriffen und möchten betonen, dass diese Bedenken potenziell schwerwiegend sind und sich möglicherweise erst nach Jahren oder sogar generationenübergreifend zeigen werden.

Es handelt sich um den ersten Impfstoff, der keine eindeutigen Aussagen über die Reduzierung von Infektionen, Übertragbarkeit oder Todesfällen macht.

Es handelt sich um die erste Injektion von genetisch veränderten Polynukleotiden in die allgemeine Bevölkerung.

## Impfstoffentwicklung

Bisher dauerte die Entwicklung noch nie dagewesener Impfstoffe 12,5 Jahre. Die Chance, es durch die Phase-II-Studien (Bewertung der Wirksamkeit) zu schaffen beträgt 5 %. Von diesen 5 % gibt es eine Chance von 40 %, es durch die Phase-III-Studien (Bewertung des Nutzens für die Bevölkerung) zu schaffen. Mit anderen Worten: Einem noch nie dagewesenen Impfstoff wurde bislang normalerweise eine Erfolgswahrscheinlichkeit von 2 % im Stadium einer klinischen Studie der Phase III vorhergesagt.

## Wirksamkeit

Vor diesem Hintergrund ist es bemerkenswert, dass wir zwei Jahre später einen noch nie dagewesenen Impfstoff mit Berichten über 90-95% Wirksamkeit haben (Baden et al. 2020). Tatsächlich sind diese Berichte über die Wirksamkeit die Hauptmotivation für die öffentliche Unterstützung der Einführung von Impfungen (U.S. Department of Health and Human Services, 2020). Eine solche Wirksamkeit widerspricht nicht nur den Vorhersagen, sondern auch den Erwartungen.

Die vorläufige Wirksamkeitsschätzung von ca. 95 % für die neuen Impfstoffe ist sehr suspekt. Eine neuere Analyse hat sich speziell mit der Frage der relativen (Labornachweis von AK) vs. absoluten (Krankheitsschutz des Individuums) Risikoreduktion beschäftigt. Während die hohen Schätzungen der Risikoreduktion auf relativen Risiken beruhen, ist die absolute Risikoreduktion ein geeigneterer Maßstab für die Allgemeinheit, um festzustellen, ob eine Impfung persönlich eine sinnvolle Risikoreduktion bietet. In dieser Analyse, die sich auf Daten stützt, die die FDA von den Impfstoffherstellern zur Verfügung gestellt wurden, zeigte der Moderna-Impfstoff zum Zeitpunkt der Zwischenanalyse eine absolute Risikoreduktion von 1,1 % ( $p=0,004$ ), während die absolute Risikoreduktion des Pfizer-Impfstoffs 0,7 % betrug ( $p<0,000$ ) (Brown 2021).

## Gentechnische Besonderheiten der Impf-mRNA

Es hat sich gezeigt, dass Plasmid-DNA der Vektortechnik bis zu sechs Monate im Muskel verbleibt, während mRNA mit ziemlicher Sicherheit viel früher verschwindet.

Es gab eine lange Zeit, in der verschiedene Ideen für den Biontech Typ erforscht wurden, um zu verhindern, dass die mRNA abgebaut wird, bevor sie Protein produzieren kann. Ein großer Fortschritt war die Erkenntnis, dass die Ersetzung aller Uridin-Nukleotide durch Methyl-Pseudouridin die RNA gegen den Abbau stabilisieren würde, so dass sie lange genug überleben könnte, um ausreichende Mengen an Protein-Antigen zu produzieren die für die Immunogenese benötigt werden (Liu, 2019).

Diese Form der im Impfstoff gelieferten mRNA kommt in der Natur nicht vor und birgt daher das Potenzial für unbekanntes Folgen.

Die Manipulation des Codes des Lebens könnte zu völlig unerwarteten negativen Auswirkungen führen, möglicherweise langfristig oder sogar dauerhaft.

Normalerweise kippt das Spike-Protein sehr leicht von einer Prä-Fusionskonfiguration in eine Post-Fusionskonfiguration. Das Spike-Protein, das in diesen Impfstoffen enthalten ist, wurde so verändert, dass es eine stabile Konfiguration im Präfusionszustand bevorzugt, da dieser Zustand eine stärkere Immunantwort hervorruft (Jackson et al., 2020). Dies wurde durch eine "genetische Mutation" erreicht, indem ein kritisches Segment mit zwei Rückständen durch zwei Prolinreste an den Positionen 986 und 987, am oberen Ende der zentralen Helix der S2- Untereinheit, ersetzt wurde (Wrapp et al., 2020). Prolin ist eine sehr unflexible Aminosäure, so dass sie den Übergang in den Fusionszustand stört. Diese Modifikation bietet Antikörpern einen viel besseren Zugang zu der kritischen Stelle, die die Fusion und die anschließende zelluläre Aufnahme unterstützt. Aber könnte dies auch bedeuten, dass die genetisch veränderte Version des Spike-Proteins, die von der menschlichen Wirtszelle auf Anweisung der Impfstoff-mRNA produziert wird, aufgrund der beeinträchtigten Fusionsfähigkeit in der Plasmamembran gebunden an ACE2-Rezeptoren verweilt? Was könnte die Folge davon sein? Wir wissen es nicht.

Eine weitere kuriose Modifikation im RNA-Code ist, dass die Entwickler die Sequenz mit Cytosinen und Guaninen (Cs und Gs) auf Kosten von Adeninen und Uracil (As und Us) angereichert haben. Sie haben darauf geachtet, nur die dritte Position im Codon auf diese Weise zu ersetzen, und auch nur dann, wenn dadurch die Aminosäurekarte nicht verändert wird (Hubert, 2020). Es wurde experimentell nachgewiesen, dass GC-reiche mRNA-Sequenzen bis zu 100-mal effizienter exprimiert (in Protein übersetzt) werden als GC-arme Sequenzen (Kudla et al., 2006). Dies scheint also eine weitere Modifikation zu sein, um die Synthese von reichlich vorhandenen Kopien des Spike-Proteins zu gewährleisten. Wir kennen die unbeabsichtigten Folgen dieses Manövers nicht.

## PEG

Die Lipid-Nanopartikel (LNPs) in diesen Impfstoffen bestehen aus ionisierbaren kationischen Lipiden, Phospholipiden, Cholesterin und Polyethylen-Glykol (PEG). ... große Injektionsdosen von PEG paradoxerweise keine offensichtliche allergische Reaktion hervorrufen. Kleine Dosen können jedoch zu einer dramatischen pathologischen Immunaktivierung führen. Impfstoffe, die mit PEGylierung arbeiten, verwenden mikromolare Mengen dieser Lipide, die diese potentiell immunogene Niedrigdosis-Exposition darstellen.

... wichtig zu beachten, dass der anaphylaktoide Schock bei Schweinen nicht nach der ersten Injektion, sondern nach der zweiten Injektion auftrat (Kozma et al., 2019).

Das Vorhandensein von Antikörpern gegen PEG ist in der Bevölkerung weit verbreitet (Zhou et al., 2020). Yang und Lai (2015) fanden heraus, dass etwa 42 % der untersuchten Blutproben Anti-PEG-Antikörper enthielten, und sie warnen, dass dies wichtige Konsequenzen für alle eingeführten PEG-basierten Therapeutika haben könnte. Hong et. al. (2020) fanden Anti-PEG-Antikörper mit einer Prävalenz von bis zu 72 % in Populationen ohne vorherige Exposition ....

...das Vorhandensein solcher Anti-PEG-Antikörper eng mit einer Beeinträchtigung der therapeutischen Wirksamkeit in Verbindung mit der Entwicklung schwerer unerwünschter Wirkungen in mehreren klinischen Situationen, in denen PEGylierte-basierte Therapeutika eingesetzt wurden, korreliert wurde.

Tatsächlich wurde bereits nachgewiesen, dass vorbestehende Antikörper gegen PEG mit häufigeren und schwereren Reaktionen bei erneuter Exposition verbunden sind (Ganson et al., 2016). ...2,1 % der Probanden akute allergische Reaktionen zeigten. Eine extremere Reaktion mit Anaphylaxie trat mit einer Rate von 247 pro Million Impfungen auf (Blumenthal et al., 2021). Das sind mehr als 21 Mal so viele, wie ursprünglich von der CDC berichtet wurden. Die zweite Injektionsexposition wird wahrscheinlich eine noch größere Anzahl an anaphylaktischen Reaktionen verursachen.

## ADE

ADE (Antikörper-bedingte Infektverstärkung) ist ein immunologisches Phänomen, das erstmals 1964 beschrieben wurde (Hawkes et al., 1964).

ADE ist ein Spezialfall dessen, was passieren kann, wenn zum Zeitpunkt der Infektion niedrige, nicht-neutralisierende Spiegel von entweder spezifischen oder kreuzreaktiven Antikörpern gegen ein Virus vorhanden sind. ... nicht-neutralisierende Antikörper Immunkomplexe mit viralen Antigenen bilden, um eine übermäßige Sekretion von pro-inflammatorischen Zytokinen und im Extremfall einen Zytokinsturm zu provozieren,... Derzeit gibt es keine bekannten klinischen Befunde, immunologischen Tests oder Biomarker, die eine schwere Virusinfektion von einer immunverstärkten Erkrankung unterscheiden können,

.... Mit zig Millionen junger Erwachsener und sogar Kindern, die jetzt impfstoffinduzierte Coronavirus-Spike-Protein-Antikörper haben, besteht die Möglichkeit, dass ADE entweder im Zusammenhang mit einer zukünftigen SARS-CoV-2-Infektion oder einer Auffrischungsimpfung unter dieser jüngeren Bevölkerung ausgelöst werden. Die Zeit wird es zeigen.

Die mRNA-Impfstoffe liefern letztlich das hochantigene Spike-Protein an Antigen-präsentierende Zellen. Als solches sind monoklonale Antikörper gegen das Spike-Protein das erwartete Ergebnis der derzeit eingesetzten mRNA-Impfstoffe. Es wurde festgestellt, dass menschliche monoklonale Spike-Protein-Antikörper hohe Mengen an kreuzreaktiven Antikörpern gegen endogene menschliche Proteine produzieren (Vojdani et. al., 2021; ausführlicher unten). In Anbetracht der hier nur teilweise geprüften Nachweise gibt es genügend Grund zu der Vermutung, dass Antikörper gegen das Spike-Protein zu ADE beitragen, die durch eine vorherige SARS-CoV-2-Infektion oder Impfung ausgelöst werden und sich entweder als akute oder chronische Autoimmun- und Entzündungszustände manifestieren können. Wir haben oben festgestellt, dass es nicht möglich ist, eine ADE-Manifestation der Krankheit von einer echten, nicht-ADE-Virusinfektion zu unterscheiden.

## Pathogenes Priming

Pathogenes Priming ist ein Konzept, das im Ergebnis ähnlich ist wie ADE, sich aber im zugrunde liegenden Mechanismus unterscheidet. Wir diskutieren es hier als einen einzigartigen Mechanismus, durch den die mRNA-Impfstoffe assoziierte Pathologien provozieren könnten.

Im April 2020 wurde eine wichtige Arbeit veröffentlicht, die sich mit dem Potenzial für die Bildung selbstreaktiver Antikörper nach Exposition gegenüber dem Spike-Protein und anderen antigenen Epitopen, die über die Länge von SARS-CoV-2 verteilt sind, befasst. Lyons-Weiler (2020) prägte den Begriff "Pathogen Priming", weil er der Meinung war, dass der häufig verwendete Begriff "Immun Enhancement" die Schwere der Erkrankung und ihrer Folgen nicht erfasst.

## Kreuz-Reaktivität

Autoantikörper werden bei COVID-19-Patienten sehr häufig gefunden, darunter auch Antikörper im Blut (Vlachoyiannopoulos et. al., 2020) und im Liquor (Franke et. al., 2021). Obwohl SARS-CoV-2 nicht im Liquor gefunden wird, wird vermutet, dass die Autoantikörper, die als Reaktion auf die SARS-CoV-2-Exposition gebildet werden, zumindest einen Teil der neurologischen Komplikationen, ... Plasmamembran von Hepatozyten und Magenzellen ... Kreuzreaktivität mit Proteinen im Liquor

"Das Sars-CoV-2-Spike-Protein ist ein potenzielles epitopisches Ziel für biomimikry-induzierte autoimmunologische Prozesse [25]. Daher halten wir es für äußerst wichtig, zu untersuchen, ob GPCR-fAABs auch nach einer Immunisierung durch eine Impfung gegen das Virus nachweisbar sind. "

Wir haben hier die Beweise überprüft, dass das Spike-Protein von SARS-CoV-2 eine weitreichende Sequenzhomologie mit mehreren endogenen menschlichen Proteinen aufweist und das Immunsystem auf die Entwicklung von sowohl autoinflammatorischen als auch autoimmunen Erkrankungen vorbereiten könnte. Dies ist besonders besorgniserregend, wenn man bedenkt, dass das Protein mit zwei zusätzlichen Prolin-Resten umgestaltet wurde, um möglicherweise seine Clearance aus dem Kreislauf durch Membranfusion zu behindern.

.... nach Homologie zwischen diesen Epitopen und endogenen menschlichen Proteinen. Von den 37 analysierten SARS-CoV-2-Proteinen wiesen 29 antigene Regionen auf. Alle bis auf eines dieser 29 wiesen eine Homologie mit menschlichen Proteinen auf (putative Selbstantigene) und wurden als autoreaktogen vorhergesagt. Die größte Anzahl von Homologien wurde mit dem Spike (S)-Protein und dem NS3-Protein assoziiert, die beide 6 homologe menschliche Proteine aufwiesen.

...eine frühere Virusexposition oder eine frühere Impfung, die beide die Produktion von Antikörpern auslösen könnten, die sich gegen diese endogenen Proteine richten, eine Rolle bei der Entwicklung einer schwereren Erkrankung vor allem bei älteren Menschen spielen könnten. In diesem Fall unterdrücken die bereits vorhandenen Antikörper das adaptive Immunsystem und führen zu einer schwereren Erkrankung.

... Sie identifizierten 26 Heptapeptide, die beim Menschen und im Spike-Protein vorkommen. Interessant ist, dass 2 der 26 überlappenden Heptapeptide sequenziell gefunden wurden, eine auffallend lange Kette von identischen Peptiden, die zwischen endogenen menschlichen Proteinen und dem Spike-Protein zu finden ist. Zu den überlappenden Peptiden, die sie entdeckt hatten, und dem Potenzial, dass dies viele Arten von Autoimmunität gleichzeitig auslösen kann, kommentieren sie: "Das klinische Szenario, das sich daraus ergibt, ist erschütternd." In der Tat, das ist es.

## Autoimmunerkrankungen

Im Mai 2020 wurde eine weitere wichtige Arbeit in dieser Hinsicht von Vojdani und Kharrazian (2020) veröffentlicht. Die Autoren verwendeten sowohl Maus- als auch Kaninchen-monoklonale Antikörper gegen das SARS-Spike-Protein aus dem Jahr 2003, um die Reaktivität nicht nur gegen das Spike-Protein von SARS-CoV-2, sondern auch gegen mehrere endogene menschliche Proteine zu testen. Sie entdeckten, dass es ein hohes Maß an Bindung nicht nur mit dem SARS-CoV-2-Spike-Protein, sondern gegen eine Vielzahl endogener Proteine gab, besonders solche aus Leber, Muskeln, Nerven, Schilddrüse, Gelenke, Haut.

Autoimmunität wird immer mehr als Folge von COVID-19 erkannt, ...idiopathische thrombozytopenische Purpura, Guillain-Barré-Syndrom und autoimmune hämolytische Anämie, systemischen Lupus erythematosus (SLE) mit kutanen Manifestationen

Diese wichtigen Erkenntnisse müssen hervorgehoben werden. Antikörper mit einer hohen Bindungsaffinität zu SARS-CoV-2-Spike und anderen Proteinen haben auch eine hohe Bindungsaffinität zu tTG (assoziiert mit Zöliakie), TPO (Hashimoto-Thyreoiditis), Myelin-Basisprotein (Multiple Sklerose) und mehreren endogenen Proteinen. Im Gegensatz zum Autoimmunprozess, der mit dem Pathogenpriming verbunden ist, dauert es bei diesen Autoimmunerkrankungen typischerweise Jahre, bis sich die Symptome manifestieren.

Die von Lyons-Weiler (2020) vorhergesagten und oben beschriebenen Autoantikörper, die durch das Spike-Protein generiert werden, wurden in einer kürzlich veröffentlichten in vitro Studie bestätigt. In dieser Folgearbeit untersuchten Vojdani et. al. (2021) erneut die Frage der Kreuzreaktivität von Antikörpern, diesmal unter Verwendung humaner monoklonaler Antikörper (mAbs) gegen das SARS-CoV-2-Spike-Protein anstelle von Maus- und Kaninchen-mAbs. Ihre Ergebnisse bestätigten und

erweiterten ihre früheren Erkenntnisse. "Bei einem Cutoff von 0,32 OD [optische Dichte] reagierte der SARS-CoV-2- Membranprotein-Antikörper mit 18 der 55 getesteten Antigene." Diese 18 endogenen Antigene umfassen die Reaktivität auf Gewebe in der Leber, den Mitochondrien, dem Nerven- und Verdauungssystem, der Bauchspeicheldrüse und an anderen Stellen im Körper.

## Multisystem-Entzündung

Multisystem-Inflammationssyndrom MIS-C wird allgemein als Beispiel für ein Immunpriming durch eine vorherige Exposition gegenüber SARS-CoV-2 oder anderen Coronaviren spekuliert. ...Die Autoren schreiben: "Wir können spekulieren, dass die mehrfache Exposition von Kindern gegenüber SARS-CoV-2 bei Eltern mit COVID-19 wie ein Priming des Immunsystems wirken kann, wie es bei einer GAS-Infektion geschieht und bei genetisch prädisponierten Kindern zur Entwicklung von [MIS-C] führt.

... Diejenigen, die unempfindlich gegenüber COVID-19 sind, haben wahrscheinlich ein sehr starkes angeborenes Immunsystem. Die Neutrophilen und Makrophagen der gesunden Schleimhautbarriere beseitigen die Viren schnell, oft ohne dass das adaptive System Antikörper bilden muss. Der Impfstoff umgeht jedoch absichtlich das Schleimhaut-Immunsystem vollständig, sowohl durch seine Injektion an der natürlichen Schleimhautbarriere vorbei als auch durch seine künstliche Konfiguration als RNA-haltiges Nanopartikel. Wie Carsetti (2020) anmerkt, verläuft bei Menschen mit einer starken angeborenen Immunantwort die Infektion fast immer asymptomatisch oder die COVID-19-Erkrankung nur leicht. Nichtsdestotrotz kann es bei ihnen zu einer chronischen Autoimmunerkrankung kommen, wie zuvor beschrieben, als Folge einer übermäßigen Antikörperproduktion als Reaktion auf den Impfstoff, die gar nicht nötig gewesen wäre.

...Beunruhigenderweise gelangt die mRNA auch in das Gehirn, wenn auch in viel geringeren Mengen (Bahl et al., 2017). Der Bewertungsbericht der Europäischen Arzneimittelagentur für den Moderna-Impfstoff stellte ebenfalls fest, dass mRNA im Gehirn nach intramuskulärer Verabreichung in etwa 2 % der im Plasma gefundenen Menge nachgewiesen werden konnte (European Medicines Agency, 2021).

## Faltungstörung

Lehren aus der Parkinson-Krankheit (auffallende Parallele zur Pathophysiologie des Parkinson): Die Parkinson-Krankheit ist eine neurodegenerative Erkrankung, die mit Lewy-Körper-Ablagerungen im Gehirn verbunden ist, und das Hauptprotein, das in diesen Lewy-Körpern gefunden wird, ist  $\alpha$ -Synuclein. Dieses Protein,  $\alpha$ -Synuclein, ist sicherlich insofern prionenähnlich, als es unter bestimmten Bedingungen zu toxischen löslichen Oligomeren und Fibrillen aggregiert (Lema Tomé et al., 2013). Forschungen haben gezeigt, dass sich fehlgefaltetes  $\alpha$ -Synuclein zunächst im Darm bilden kann und dann von dort entlang des Vagusnervs ins Gehirn gelangt, wahrscheinlich in Form von Exosomen, die von sterbenden Zellen freigesetzt werden, aus denen das fehlgefaltete Protein stammt (Kakarla et al., 2020; Steiner et al., 2011). Zu den zellulären Bedingungen, die die Fehlfaltung begünstigen, gehören sowohl ein saurer pH-Wert als auch eine hohe Expression von inflammatorischen Zytokinen. Es ist klar, dass der Vagusnerv für die Weiterleitung von fehlgefalteten Proteinen zum Gehirn entscheidend ist, denn die Durchtrennung des Vagusnervs schützt vor Parkinson. Die Atrophie des Vagusnervs in Verbindung mit der Parkinson-Krankheit liefert einen weiteren Beweis für die Beteiligung des Vagusnervs am Transport von fehlgefalteten  $\alpha$ -Synuclein-Oligomeren vom Darm zum Gehirn (Walter et al., 2018). Ein weiterer Transportweg führt über den Geruchsnerve, und der Verlust des Geruchssinns ist ein frühes Anzeichen der Parkinson-Krankheit. Ominöserweise ist die Verminderung oder der Verlust des Geruchssinns auch ein häufiges Symptom einer SARS-CoV-2-Infektion. Es gibt viele Parallelen zwischen  $\alpha$ -Synuclein und dem Spike-Protein, was die Möglichkeit einer prionenähnlichen Erkrankung nach einer Impfung nahelegt. Wir haben bereits gezeigt, dass die mRNA im Impfstoff in hohen Konzentrationen in Leber und Milz landet, zwei Organen, die gut mit

dem Vagusnerv verbunden sind. Die kationischen Lipide im Impfstoff erzeugen einen sauren pH-Wert, der die Fehlfaltung begünstigt, und sie induzieren außerdem eine starke Entzündungsreaktion, eine weitere prädisponierende Bedingung. Keimzentren sind Strukturen in der Milz und anderen sekundären lymphatischen Organen, in denen follikuläre dendritische Zellen den B-Zellen Antigene präsentieren, die wiederum ihre Antikörperantwort perfektionieren. Forscher haben gezeigt, dass mRNA-Impfstoffe im Gegensatz zu rekombinanten Proteinimpfstoffen eine robuste Entwicklung von neutralisierenden Antikörpern an diesen Keimzentren in der Milz hervorrufen (Lederer et al., 2020). Das bedeutet aber auch, dass mRNA-Impfstoffe eine ideale Situation für die Prionenbildung aus dem Spike-Protein und dessen Transport über Exosomen entlang des Vagusnervs zum Gehirn induzieren. Studien haben gezeigt, dass die Ausbreitung von Prionen von einem Tier zum anderen zuerst in den lymphoiden Geweben, insbesondere in der Milz, stattfindet. Differenzierte follikuläre dendritische Zellen spielen bei diesem Prozess eine zentrale Rolle, da sie fehlgefaltete Prionproteine akkumulieren (Al-Dybiat et al., 2019). Eine entzündliche Reaktion upreguliert die Synthese von  $\alpha$ -Synuclein in diesen dendritischen Zellen, was das Risiko der Prionenbildung erhöht. Prionen, die sich im Zytoplasma ansammeln, werden in Lipidkörper verpackt, die als Exosomen freigesetzt werden (Liu et al., 2017). Diese Exosomen wandern schließlich zum Gehirn und verursachen dort Krankheiten.

## Impfstoff-Ausscheidung (shedding)

Im Internet wird viel über die Möglichkeit diskutiert, dass geimpfte Menschen in unmittelbarer Nähe zu ungeimpften Menschen Krankheiten auslösen können. Obwohl dies schwer zu glauben scheint, gibt es einen plausiblen Prozess, durch den dies geschehen könnte, und zwar durch die Freisetzung von Exosomen aus dendritischen Zellen in der Milz, die fehlgefaltete Spike-Proteine im Komplex mit anderen, von Prionen rekonstituierten Proteinen enthalten. Diese Exosomen können zu weit entfernten Orten reisen. Es ist nicht unmöglich, sich vorzustellen, dass sie aus der Lunge freigesetzt werden und von einer Person in der Nähe eingeatmet werden. Extrazelluläre Vesikel, einschließlich Exosomen, wurden in Sputum, Schleim, Epithelschleimhautflüssigkeit und bronchoalveolärer Lavageflüssigkeit in Verbindung mit Atemwegserkrankungen nachgewiesen (Lucchetti et al., 2021).

Dass die durch die mRNA Impfung induzierten Spike Proteine via nicht-neutralisierende, sondern nur an IgG Proteine gebundene AK im ganzen Körper zirkulieren (und dementsprechend natürlich auch über die entsprechenden Expressionswege ausgeschieden werden) zeigt folgender Fall, der am 16.4.21 publiziert wurde (Int J Infect Dis. 2021 Jun; 107: 172–175. Published online 2021 Apr 16. doi: 10.1016/j.ijid.2021.04.053): „Ein zuvor symptomloser 86-jähriger Mann erhielt die erste Dosis des BNT162b2 mRNA COVID-19-Impfstoffs. Er starb 4 Wochen später an akutem Nieren- und Atemwegsversagen. Obwohl er keine COVID-19-spezifischen Symptome aufwies, wurde er vor seinem Tod positiv auf SARS-CoV-2 getestet. Die Antigenbindung an das Spike-Protein (S1) zeigte signifikante Werte für Immunglobulin (Ig) G, während Nukleokapsid-IgG/IgM nicht ausgelöst wurde. Bei der Autopsie wurden eine akute Bronchopneumonie und ein tubuläres Versagen als Todesursache festgestellt; wir konnten jedoch keine charakteristischen morphologischen Merkmale von COVID-19 beobachten. Die postmortale molekulare Kartierung mittels Real-Time-Polymerase-Kettenreaktion ergab relevante SARS-CoV-2-Zyklus-Schwellenwerte in allen untersuchten Organen (Oropharynx, Riechschleimhaut, Trachea, Lunge, Herz, Niere und Großhirn) mit Ausnahme der Leber und des Riechkolbens. Diese Ergebnisse könnten darauf hindeuten, dass die erste Impfung Immunogenität, aber keine sterile Immunität induziert.

## Immun-Escape und Mutationen

... Fall von schwerer COVID-19-Erkrankung bei einem Krebspatienten beschrieb, der immunsupprimierende Krebs-Chemotherapeutika einnahm (Kemp et al., 2021).... wurde der Patient mit zwei Runden antikörperhaltigem Plasma von Personen behandelt, die sich von COVID-19 erholt hatten (Genesungsplasma). Erst nach den Plasmabehandlungen begann das Virus rasch zu mutieren,

und es entstand schließlich ein dominanter neuer Stamm, .... dass die verabreichten Antikörper die Mutationsrate im Virus tatsächlich beschleunigt hatten, .... Die anhaltende Virusreplikation bei diesem Patienten führte zu einem "viralen Immun-Escape", und ähnliche resistente Stämme könnten sich möglicherweise sehr schnell innerhalb einer exponierten Population ausbreiten (Kemp et al., 2021).

Die NZZ v. 12.6.21 schreibt über mutierte Virusvarianten: „Aus Laborexperimenten gibt es zudem Hinweise, dass die Mutations-Variante B.1.617.2 einigen Antikörpern ausweichen kann, die eine Impfung oder eine Infektion mit vorher zirkulierenden Sars-CoV-2 generiert hat. Inwiefern sich dies in der Realität auswirkt, ist allerdings noch nicht ganz klar.“

In der Tat ist es plausibel, dass ein ähnlicher Prozess am Werk ist, um die hochansteckenden neuen Stämme zu produzieren, die jetzt in Großbritannien, Südafrika und Brasilien auftauchen. .... durch die fortgesetzte Infektion von immungeschwächten Patienten mit dem Auftreten weiterer neuer Stämme zu rechnen ist, die gegen die durch den Impfstoff induzierten Antikörper resistent sind, so dass der Impfstoff schnell veraltet sein könnte und die Bevölkerung möglicherweise zu einer weiteren Massenimpfung gezwungen wird. ... Die zweite, bedrohlichere Überlegung ist die, was mit einem immungeschwächten Patienten nach der Impfung passiert. Es ist denkbar, dass sie auf den Impfstoff mit der Bildung von Antikörpern reagieren, diese Antikörper aber nicht in der Lage sind, die Krankheit nach der Exposition gegenüber COVID-19 einzudämmen, weil die Funktion der zytotoxischen T-Zellen beeinträchtigt ist. Dieses Szenario unterscheidet sich nicht wesentlich von der Verabreichung von Rekonvaleszenzplasma an immungeschwächte Patienten und könnte daher die Entwicklung von Antikörper-resistenten Stämmen auf die gleiche Weise hervorrufen, nur in einem viel größeren Ausmaß. Diese Möglichkeit wird sicherlich als Argument für wiederholte Impfstoffrunden alle paar Monate genutzt werden, wobei immer mehr virale Varianten in die Impfstoffe kodiert werden. Dies ist ein Wettrennen, das wir wahrscheinlich verlieren werden.

## Genomveränderung

Thema ist hier der potenzielle dauerhafte Einbau des Spike-Protein-Gens in die menschliche DNA, nämlich die permanente DNA-Integration von exogenen Retrovirusgenen, von denen bereits und hinlänglich im Labor in Tierversuchversuchen klar demonstriert wurde, dass sie in endogene Viren umgewandelt werden können und dies auch spontan erfolgt.

Das klassische Modell von DNA → RNA → Protein ist inzwischen als falsch bekannt. Es ist inzwischen unbestritten, dass es eine große Klasse von Viren gibt, die Retroviren genannt werden und Gene tragen, die RNA revers in komplementäre DNA (cDNA) zurücktranskribieren. 1975 teilten sich Howard Temin, Renato Dulbecco und David Baltimore den Nobelpreis für Physiologie oder Medizin für ihre Entdeckung der reversen Transkriptase und deren Synthese durch Retroviren (wie das humane Immundefizienz-Virus (HIV)), um DNA aus RNA abzuleiten (Temin und Mizutani, 1970, Baltimore, 1970). Viel später wurde entdeckt, dass die reverse Transkriptase nicht nur bei Retroviren vorkommt. Mehr als ein Drittel des menschlichen Genoms ist geheimnisvollen mobilen DNA-Elementen gewidmet, die SINEs und LINEs genannt werden (short bzw. long interspersed nuclear elements). LINEs bieten reverse Transkriptase-Fähigkeiten, um RNA in DNA umzuwandeln, und SINEs bieten Unterstützung für die Integration der DNA in das Genom. Somit stellen diese Elemente die Werkzeuge zur Verfügung, die benötigt werden, um RNA in DNA umzuwandeln und in das Genom einzubauen, um das neue Gen über zukünftige Generationen zu erhalten (Weiner, 2002). SINEs und LINEs sind Mitglieder einer größeren Klasse von genetischen Elementen, die Retrotransposons genannt werden. Retrotransposons können ihre DNA über eine RNA kopieren und an einer neuen Stelle im Genom einfügen, intermediär kopieren und dabei möglicherweise genetische Veränderungen einführen (Pray, 2008). Retrotransposons, auch bekannt als "springende Gene", wurden erstmals vor über 50 Jahren von der Genetikerin Barbara McClintock vom ColdSpring Harbor



Laboratory in New York identifiziert (McClintock, 1965). Viel später, im Jahr 1983, wurde sie für diese Arbeit mit einem Nobelpreis ausgezeichnet. Bemerkenswert ist, dass Retrotransposons in der Lage zu sein scheinen, ihre Domäne von Generation zu Generation zu erweitern. LINEs und SINEs arbeiten zusammen, um in neue genomische Bereiche einzudringen, indem sie ihre DNA in RNA und zurück in eine frische Kopie der DNA übersetzen, die dann an einer AT-reichen Region des Genoms eingefügt wird. Diese LINEs und SINEs wurden lange Zeit als "Junk"-DNA betrachtet, eine absurde Vorstellung, die jetzt ausgeräumt wurde, da das Bewusstsein für ihre kritischen Funktionen gewachsen ist. Insbesondere ist jetzt klar geworden, dass sie auch RNA aus einer exogenen Quelle in die DNA eines Säugetierwirts importieren können. Es wurde gezeigt, dass retroviral-ähnliche Repeat-Elemente im Mausgenom, sogenannte Intracisternal A-Partikel (IAPs), in der Lage sind, virale RNA in das Mausgenom einzubauen. Die Rekombination zwischen einem exogenen nicht-retroviralen RNA-Virus und einem IAP-Retrotransposon führte zu einer reversen Transkription der viralen RNA und zur Integration in das Genom des Wirts (Geuking et al., 2009). Wie wir später sehen werden, könnte die mRNA in den neuen SARS-CoV-2-Impfstoffen auch von Generation zu Generation weitergegeben werden, und zwar mit Hilfe von LINEs, die in Spermien exprimiert werden, und von in Plasmiden eingekapselter viraler cDNA. Die Implikationen dieses vorhersehbaren Phänomens sind unklar, aber potenziell weitreichend.

LINE-1 ist weit verbreitet. Allein die LINEs machen über 20% des menschlichen Genoms aus. Die häufigste LINE ist LINE-1, die für eine reverse Transkriptase kodiert, die grundlegende biologische Prozesse reguliert. LINE-1 wird in vielen Zelltypen exprimiert, aber in besonders hoher Konzentration in Spermien. Spermazellen können als Vektoren sowohl für exogene DNA- als auch für exogene RNA-Moleküle durch spermienvermittelte Gentransfer-Assays verwendet werden. Spermien können exogene RNA direkt in cDNA revers transkribieren und können Plasmide, die diese cDNA verpacken, an die befruchtete Eizelle abgeben. Diese Plasmide sind in der Lage, sich im sich entwickelnden Embryo zu vermehren und viele Gewebe im Fötus zu besiedeln. Sie überleben sogar bis ins Erwachsenenalter als extrachromosomale Strukturen und können an die Nachkommenschaft weitergegeben werden. Diese Plasmide sind transkriptionskompetent, d.h. sie können zur Synthese von Proteinen verwendet werden, die von der in ihnen enthaltenen DNA kodiert werden (Pittoggi et al., 2006). Neben den Spermien exprimieren auch Embryonen vor der Implantation die reverse Transkriptase, deren Hemmung einen Entwicklungsstillstand bewirkt. LINE-1 wird auch von Krebszellen exprimiert, und RNA-Interferenz-vermittelte Silencing von humanem LINE-1 induziert die Differenzierung in vielen Krebszelllinien. Die Reverse-Transkriptase-Maschinerie ist an der Entstehung neuer genetischer Information beteiligt, sowohl in Krebszellen als auch in Keimzellen.

Forscher vom MIT und Harvard veröffentlichten 2021 eine beunruhigende Arbeit, in der sie starke Beweise dafür lieferten, dass die SARS-CoV-2-RNA in die DNA revers transkribiert und in die menschliche DNA integriert werden kann (Zhang et al., 2021). Sie wurden dazu veranlasst, diese Idee zu untersuchen, nachdem sie beobachtet hatten, dass viele Patienten weiterhin positiv auf COVID-19 getestet wurden, nachdem das Virus bereits aus ihrem Körper entfernt worden war.

Da COVID-19 in schweren Fällen oft einen Zytokinsturm auslöst, bestätigten sie die Möglichkeit einer erhöhten Reversen Transkriptase-Aktivität durch eine in vitro-Studie mit zytokinhaltigen konditionierten Medien in Zellkulturen. Sie fanden eine 2-3-fache Hochregulierung der endogenen LINE-1-Expression als Reaktion auf Zytokine. Die exogene RNA des Virus, die in die menschliche DNA inkorporiert wurde, könnte Fragmente viraler Proteine auf unbestimmte Zeit produzieren, nachdem die Infektion abgeklungen ist, was zu einem falsch-positiven Ergebnis bei einem PCR-Test führt.

## Super-Spreader-Produktion

Es scheint plausibel, dass in der Zukunft eine gefährliche Situation entstehen könnte, in der eine Frau einen mRNA-Impfstoff gegen SARS-CoV-2 erhält und dann kurz darauf ein Kind empfängt. Die

Spermien könnten RNA-umhüllte Liposomen aus dem Impfstoff aufnehmen und sie mit Hilfe von LINE-1 in DNA umwandeln. Sie würden dann Plasmide produzieren, die den Code für das Spike-Protein enthalten, das durch den oben beschriebenen Prozess von der befruchteten Eizelle aufgenommen wird. Der Säugling, der geboren wird, ist dann möglicherweise nicht in der Lage, Antikörper gegen das Spike-Protein zu bilden, weil sein Immunsystem es als "selbst" betrachtet. Sollte der Säugling zu irgendeinem Zeitpunkt seines Lebens mit SARS-CoV-2 infiziert werden, würde sein Immunsystem keine Abwehr gegen das Virus aufbauen, und das Virus könnte sich vermutlich ungehindert im Körper des Säuglings vermehren. Der Säugling würde in einer solchen Situation logischerweise zu einem Super-Spreader werden. Zugegeben, das ist derzeit noch Spekulation, aber das, was wir über Retrotransposons, Spermien, Befruchtung, das Immunsystem und Viren wissen, deutet darauf hin, dass ein solches Szenario nicht auszuschließen ist. In Mausexperimenten wurde bereits gezeigt, dass die genetischen Elemente in DNA-Vektor-Impfstoffen, die im Wesentlichen Plasmide sind, in das Wirtsgenom integrieren können (Wang et al., 2004).

Tatsächlich wurde ein solcher Prozess als Grundlage für die lamarcksche Evolution vorgeschlagen, die als Vererbung erworbener Merkmale definiert ist (Steele, 1980). Die Erkenntnis, dass das, was früher als "Junk-DNA" bezeichnet wurde, kein Junk ist, ist nur eines der Ergebnisse des neuen philosophischen Paradigmas in der menschlichen Sprache, Biologie und Genetik, das auf der fraktalen Genomik basiert (Pellionisz, 2012) – ein Paradigma, das Pellionisz mit der Beteiligung "wahrer narrativer Repräsentationen" (TNRs; Oller, 2010) in Verbindung gebracht hat, die als "Iterationen einer fraktalen Vorlage" in den hochgradig repetitiven Prozessen der normalen Entwicklung der vielen verzweigten Strukturen des menschlichen Körpers realisiert werden. Diese Prozesse finden sich zahlreich in der Lunge, den Nieren, den Venen und Arterien und vor allem im Gehirn. Die mRNA-Vakzine sind eine experimentelle Gentherapie mit dem Potenzial, den Code für das SARS-CoV-2-Spike-Protein in die menschliche DNA einzubauen. Dieser DNA-Code könnte die Synthese einer großen Anzahl von Kopien der proteinartigen infektiösen Partikel anweisen, und dies hat das Potenzial, mehrere falsche Signale in die sich entfaltende Geschichte einzufügen, was zu unvorhersehbaren Ergebnissen führt.

## Nachtrag zu Resilienz

Resilienz – das Wissen darüber verkümmert derzeit wie Blume ohne Wasser im Hochsommer. Ein Dokument für die Prävalenz neutralisierender Antikörper dank eines gesunden Immunsystems auf der Basis resilienter Lebensweise ist der Artikel „Den 100-jährigen Sarden kann das Virus nichts anhaben“ vom 11.6.21 in der NZZ:

... unter den knapp 500 Personen, welche auf der italienischen Insel die Schallgrenze von 100 Jahren überschritten haben, sind sogar kaum Infektionen verzeichnet worden. Bekannt ist ein Fall aus der Hauptstadt Cagliari: Eine Seniorin hatte sich vergangenen März kurz vor ihrem 100. Geburtstag mit dem Coronavirus infiziert. Was sie dann aber nicht stärker traf als eine schwache Grippe. Die Frau konnte ihren grossen Tag schliesslich in guter Gesundheit feiern..... Das Schlüsselwort sei «equilibrio», Gleichgewicht, sagt Pili. Und zwar in verschiedener Hinsicht... Für die Hundertjährigen sei die Pandemie denn auch kein Grund gewesen, sich zu fürchten. ... Es sei aber nicht so, dass die Hundertjährigen keine stürmischen Momente in ihrem Leben gehabt hätten, im Gegenteil. Gerade deswegen seien sie heute so stark. Neben der mentalen Stabilität betrifft das vor allem auch das Immunsystem: «Diese Leute sind vor der Zeit aufgewachsen, als wegen jeder Kleinigkeit Antibiotika genommen wurden.» ... Ihr Immunsystem sei darum trotz dem hohen Alter ausserordentlich resistent.