

Corona-Impfpräparate

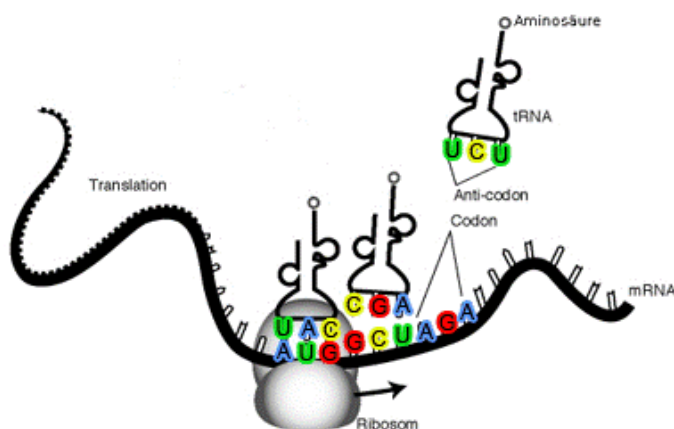
2 Corona-Impfpräparate sind momentan bei den Impfungen in Gebrauch: mRNA-1273 (Moderna), BNT162b2 (Pfizer, BioNTech). Der Impfstoff ChAd0x1 (Astra Zeneca) hat bis dato in der EU keine Zulassung.

Wie funktionieren diese Impfstoffe und welchen Wirkungsgrad besitzen sie?

Allgemeines:

Körpereigene mRNA wird täglich in unseren Körperzellen gebildet, wenn bestimmte Proteine gebraucht werden. Dabei wickelt sich die DNA an der Stelle auf, an der der Bauplan (Gen) für dieses Protein lokalisiert ist. Der Bauplan ist, je nach Protein, eine bestimmte Aneinanderreihung von Basen (Adenin, Thymin [in der RNA kommt statt Thymin Uracil vor], Cytosin, Guanin). Da man das Original (wie auch sonst) nicht aus der Hand gibt, schreibt die Zelle die Information einfach ab (Transkription). Die Information wird als mRNA bezeichnet. Die mRNA wandert daraufhin zu den Ribosomen, die die „Werkbank“ für die Herstellung von Proteinen sind. An den Ribosomen wird die mRNA abgelesen und ein passendes Gegenstück, das mit Hilfe von tRNA (transfer-RNA), geliefert wird, angefertigt. Diesen Vorgang bezeichnet man als Translation. Eine tRNA nach der anderen lagert sich so an der mRNA an und die Gegenstücke werden an den Ribosomen verknüpft, bis ein Stopp-Signal auftritt. Damit wäre das Protein dann fertig (siehe Bild).

Diesem Mechanismus bedient sich auch das Corona-Virus: nach dem Andocken an die Zelle entlässt es mehrere mRNA's mit den Bauplänen für die einzelnen Virusbestandteile für neue Viren und sichert so die Vervielfältigung des Virus.



Was macht der RNA-Impfstoff?

Die drei Impfstoffe liefern den Bauplan für EIN bestimmtes Protein in Form von mRNA (Messenger-Ribonukleinsäure), das von Lipid-Nanopartikeln („Fetttröpfchen“) umgeben ist und als Transportmittel dient. Nach dem Eintritt ins Zellinnere lösen sich die Lipid-Nanopartikel auf und die mRNA wird freigesetzt. In diesem Fall beinhaltet der Bauplan das Spike-Protein, das an der Oberfläche des Virus lokalisiert ist und für das Andocken und Eindringen in die Wirtszellen benötigt wird. Da die Impfstoffe nur eine Bauanleitung liefern, ist es auch NICHT möglich, mit den Impfstoffen neue, komplett funktionsfähige Viren herzustellen.

Sobald das Spike-Protein von unseren Zellen hergestellt wurde, wird es von zellinternen Viren-Abwehrmechanismen erkannt, verarbeitet, und an der Oberfläche unserer Zellen dem Immunsystem präsentiert. Dies geschieht auch bei anderen Viren, die täglich in unseren Körper eindringen.

Nachdem der Virusbestandteil von bestimmten Zellen des Immunsystems erkannt wurde, startet die Immunreaktion, die auch die Bildung von Antikörpern beinhaltet und so das Corona-Virus unschädlich macht.

Die 3 Impfstoffe im Detail:

mRNA-1273:

Hier werden auch Lipid-Nanopartikel und mRNA für den Bau des Spike-Proteins verwendet. Wirksamkeit des Impfstoffes ca. 95%.

BNT162b2:

Bei diesem Impfstoff wird kein Virus als Vektor verwendet, sondern Lipid-Nanopartikel, in denen die mRNA enthalten ist. Die Lipid-Nanopartikel werden von den Körperzellen aufgenommen und das Protein (=Antigen), welches auch das Spike-Protein ist, hergestellt, um anschließend präsentiert zu werden und eine Immunreaktion zu starten. Wirksamkeit des Impfstoffes ca. 90%.

ChAd0x1:

Dieser Impfstoff basiert auf einem Vektor (Transportmittel): chimpanzee adenovirus (ChAd)-vectored vaccine (Adenovirus von Schimpansen). Das Virus dient dabei als Transportmittel zu den Zielzellen und dem Einschleusen des Bauplans. Der Impfstoff

hat eine durchschnittliche Wirksamkeit von 62% (kleine Testgruppe) und 90% (große Testgruppe).

Viele Leute haben Bedenken gegenüber RNA-Impfstoffen geäußert und gefragt, ob dieser Impfstoff gefährlich ist und die eigene DNA verändert und zu Schäden oder Langzeitnebenwirkungen wie Krebs führt.

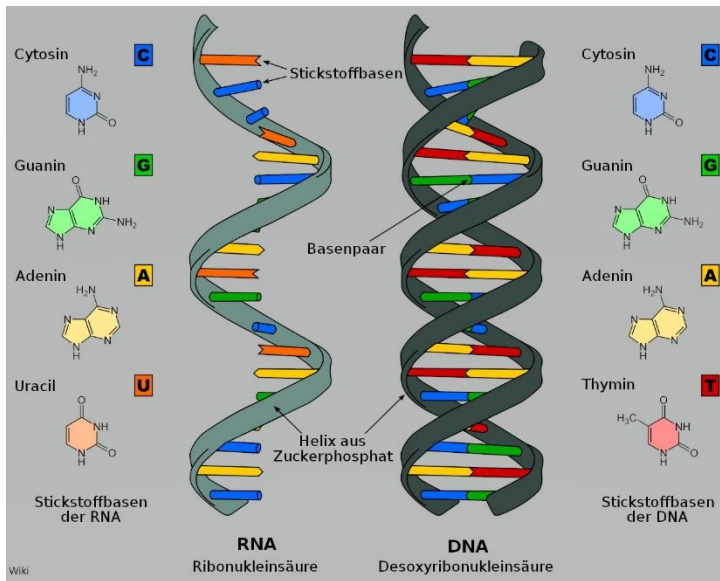
Dazu folgendes:

Der Unterschied zwischen RNA (diesem Fall mRNA) und DNA ist unter anderem, dass RNA einzelsträngig vorkommt und DNA doppelsträngig (siehe Bild). Zudem ist sie chemisch anders aufgebaut. Die mRNA müsste in DNA umgeschrieben werden, damit diese eingebaut werden kann. Dafür würde es eine Reverse Transkriptase und eine Integrase benötigen, welche in unseren Zellen nicht vorkommt. Die Reverse Transkriptase schreibt RNA in DNA um und die Integrase integriert diese dann in die menschliche DNA. Verschiedene RNA-Viren bedienen sich dieses Systems, wie zB HIV. Außerdem benötigt die Reverse Transkriptase eine Startsequenz (Primer), um sicher zu gehen, dass nur Viren-Erbgut vervielfältigt wird. Dieses kommt ebenfalls nicht in unseren Zellen vor und ist auch nicht Bestandteil des Impfstoffes.

Da man nur den Bauplan für einen! Viren-Bestandteil zur Verfügung stellt, können sich bei diesen Impfstoffen keine funktionsfähigen Viren bilden.

Langzeitfolgen:

Bei der Zulassung der Impfstoffe hat man auf eine Beobachtungszeit von 2 Monaten nach der Impfung bestanden. Tritt innerhalb von 2 Monaten keine Nebenwirkung ein, ist danach auch nicht mit einer Nebenwirkung zu rechnen. Es wird hier oft der Vergleich mit Contergan, das man damals Schwangeren zur Beruhigung und bei Übelkeit verabreichte und zu Missbildungen bei Neugeborenen führte, herangezogen. Anders als Contergan, wird die Impfung nur zweimal verabreicht und Contergan wurde von vielen regelmäßig eingenommen. Bei Contergan war das Problem, dass sich die chemische Struktur des Wirkstoffes veränderte. Dies ist bei der Impfung gar nicht möglich.



Erste Versuche des RNA-Impfstoffes gab es bereits bei Tollwut und Influenza, diese befinden sich noch im Anfangsstadium.

Quellenangaben:

<https://clinicaltrials.gov/ct2/show/NCT04470427>

<https://clinicaltrials.gov/ct2/show/NCT04368728>

<https://clinicaltrials.gov/ct2/show/NCT04516746>

Alberts et al., The Cell

Chung, Y. H., Beiss, V., Fiering, S. N., Steinmetz, N. F., 2020, COVID-19 Vaccine Frontrunners and their Nonotechnology Design, ACS Nano., 14(10), 12522-12537

Wikipedia

biologie-schule.de

Führt die Impfung gegen SARS-Cov-2 zur Sterilität bei Frauen?

Unter Impfskeptikern macht gerade ein Gerücht die Runde, dass der neue mRNA-Impfstoff zur Sterilität bei Frauen führe. Einen Beitrag dazu haben der ehemalige Leiter der Forschungsabteilung für Atemwegserkrankungen bei Pfizer Michael Yeadon und der ehemalige Leiter des Public Health-Departments Wolfgang Wodarg in „Health and Money“ veröffentlicht (siehe Link).

Diese Seite ist vorwiegend gegen Impfungen und liefert teilweise auch obskure Verschwörungstheorien.

In deren Beitrag wird behauptet, dass der Impfstoff ein Spike-Protein namens Syncytin-1 enthält. Im Menschen ist Syncytin-1 wichtig für den Aufbau der Plazenta. Die Autoren meinen, dass durch die Ähnlichkeit des Spike-Proteins des Virus Antikörper (kreuzreagierende Antikörper) produziert werden, die das menschliche Syncytin-1 angreifen und so die Formierung der Plazenta verhindern, was zu einem Absterben der Frucht führt.

Worauf begründet sich der Verdacht?

Michael Yeadon verglich die Aminosäuresequenzen des Spike-Proteins und von Syncytin-1 und fand eine sehr kurze Sequenzhomologie (Übereinstimmung). In SARS-CoV-2 findet sich die Aminosäuresequenz VVNQN und in Syncytin-1 VVLQN. Ein Buchstabe steht für eine Aminosäure (V = Valin, L = Leucin, Q = Glutamin, N = Asparagin). Mehrere Aminosäuren ergeben ein Protein. Im Anhang befindet sich eine komplette Liste (Bild 1).

Was ist an den Behauptungen dran?

Vorweg: Es wird kein Impfstoff verabreicht, der das Spike-Protein enthält. Es wird der BAUPLAN (mRNA) des Spike-Proteins geliefert, der von unseren Zellen umgesetzt wird. Vereinfacht gesagt, man ahmt den Weg des Virus in die Zelle und die Freisetzung der mRNA nach.

Vergleicht man die Sequenzen der beiden Proteine, gibt es tatsächlich bei 4 Aminosäuren eine Übereinstimmung.

Vergleichen wir mal die Sequenz des Spike-Proteins mit anderen menschlichen Proteinen, die häufig im Körper vorkommen: Aktin, Kollagen, Hämoglobin. Diese Vergleiche wurden ebenfalls vom Immunologen Andrew L. Croxford durchgeführt.

Mittels eines speziellen Programms (UniProt.org) kann man Aminosäuresequenzen zweier Proteine miteinander vergleichen.

Auf Bild 2 sehen wir die Sequenzen des Spike-Proteins und von Syncytin-1. Im schwarz umrandeten Bereich sieht man die zuvor schon erwähnten ähnlichen Sequenzen. Ein Stern zeigt an, dass ein identisches Protein vorliegt.

Auf Bild 3 wird Aktin mit dem Spike-Protein verglichen. Hier sehen wir 2 Bereiche, die nahezu identisch sind.

Bild 4 zeigt den Vergleich zwischen Kollagen und dem Spike-Protein. Hier gibt es ebenfalls einen Bereich mit hoher Ähnlichkeit.

Bild 5 vergleicht Hämoglobin mit dem Spike-Protein. 2 Bereiche weisen hohe Ähnlichkeiten auf.

Dieses Spiel kann man beliebig lange fortsetzen, man wird immer Ähnlichkeiten finden.

Warum gibt das uns Immunologen keinen Grund zur Sorge?

Wenn unser Immunsystem nicht in der Lage wäre, zwischen Proteinen/Homologien mit einem noch so kleinen Unterschied unterscheiden zu können, würden wir schon nach unserer Geburt aufgrund von Infektionen an Autoimmunkrankheiten leiden bzw. sterben.

Bildlich gesprochen: die Polizei sucht einen Verbrecher mit einem blauen Pullover mit einem bestimmten Muster. Würde das Immunsystem so arbeiten, wie es Yeadon und Wodarg sagen, müsste die Polizei jeden verhaften, der einen nahezu blauen Pullover mit einem ähnlichen oder keinem Muster trägt.

Weiters meinen Yeadon und Wodarg, dass das im Impfstoff enthaltene Polyethylenglycol (PEG) zu Allergien und bei 70% der Anwender zur Produktion von Antikörpern führt.

PEG wird schon seit sehr vielen Jahren in der Medizin (Darmreinigung, bei Verstopfung), der Pharmaindustrie (Tabletten und Dragees), der Kosmetikindustrie und in der Forschung benutzt (Krause und Bittner, 1990). Die von der WHO erlaubte Tagesdosis für PEG in Nahrungsmitteln beträgt 10 mg/kg Körpergewicht.

Bild 1

1-letter code	3-letter code	Amino acid	Possible codons
A	Ala	Alanine	GCA, GCC, GCG, GCT
B	Asx	Asparagine or Aspartic acid	AAC, AAT, GAC, GAT
C	Cys	Cysteine	TGC, TGT
D	Asp	Aspartic acid	GAC, GAT
E	Glu	Glutamic acid	GAA, GAG
F	Phe	Phenylalanine	TTC, TTT
G	Gly	Glycine	GGA, GGC, GGG, GGT
H	His	Histidine	CAC, CAT
I	Ile	Isoleucine	ATA, ATC, ATT
K	Lys	Lysine	AAA, AAG
L	Leu	Leucine	CTA, CTC, CTG, CTT, TTA, TTG
M	Met	Methionine	ATG
N	Asn	Asparagine	AAC, AAT
P	Pro	Proline	CCA, CCC, CCG, CCT
Q	Gln	Glutamine	CAA, CAG
R	Arg	Arginine	AGA, AGG, CGA, CGC, CGG, CGT
S	Ser	Serine	AGC, AGT, TCA, TCC, TCG, TCT
T	Thr	Threonine	ACA, ACC, ACG, ACT
V	Val	Valine	GTA, GTC, GTG, GTT
W	Trp	Tryptophan	TGG
X	X	Stop codon	TAA, TAG, TGA
Y	Tyr	Tyrosine	TAC, TAT
Z	Glx	Glutamine or Glutamic acid	CAA, CAG, GAA, GAG

Wordpress.com

Expasy

Sim

Results of SIM with:

Sequence 1: UserSeq1 (1273 residues)
Sequence 2: UserSeq2 (538 residues)

using the parameters:

Comparison matrix: BLOSUM62
Number of alignments computed: 20
Gap open penalty: 12
Gap extension penalty: 4

Bild 2

View these alignments graphically with the LALNVIEW program (mime-type *chemical/x-aln2*).
LALNVIEW screenshot / Download / documentation.

30.2% identity in 43 residues overlap; Score: 56.0; Gap frequency: 0.0%

```
UserSeq1 923 IANQFNSAIGKIQDLSSTASALGKLDVVNQNAALNLTVKQ
UserSeq2 350 LSQELNGDMERVADSLVTLQDLNSLAVVLQNRALDLLTAE
          *   ***   * *   **** * * *
```

20.4% identity in 54 residues overlap; Score: 39.0; Gap frequency: 1.9%

```
UserSeq1 1184 DRLNEVAKNLNESLIDLQELGKYEQYKWPWYIWLGFIAGLIAIVMVTIMLCCM
UserSeq2 416 EKVKEIRDRIQRAEELRNTGPGWLLSQWMPWI-LPFLGPLAAIILLLLFGPCI
          *   *   *   *   *   *   *   *   *   *
```

19.2% identity in 52 residues overlap; Score: 38.0; Gap frequency: 0.0%

```
UserSeq1 1141 LQPELDFKELDKYFKNHTSPVDLGDISGINASVVIQKEIDRLNEVAKN
UserSeq2 487 MEPKMQSKTIYRRPLDRPASPRSDVNDIKGTPPEISAAQLLRPSAGSS
          * *   *   *   *   *   *   *   *   *
```

32.4% identity in 34 residues overlap; Score: 38.0; Gap frequency: 0.0%

```
UserSeq1 1169 ISGINASVVIQKEIDRLNEVAKNLNESLIDLQE
UserSeq2 337 IGGITTTQFYFKLSQELNGDMERVADSLVTLQD
          * * * * * * * * * * * * * * *
```

41.2% identity in 17 residues overlap; Score: 37.0; Gap frequency: 0.0%

```
UserSeq1 662 CDIPIGAGICASYQTQT
UserSeq2 96 CPGGLGVTWCWYFTQT
          * * * * * * * * * * *
```

Expasy

Sim

Results of SIM with:

Sequence 1: UserSeq1 (1273 residues)
Sequence 2: UserSeq2 (375 residues)

using the parameters:

Comparison matrix: BLOSUM62
Number of alignments computed: 20
Gap open penalty: 12
Gap extension penalty: 4

View these alignments graphically with the LALNVIEW program (mime-type *chemical/x-aln2*).
LALNVIEW screenshot / Download / documentation.

24.1% identity in 29 residues overlap; Score: 36.0; Gap frequency: 0.0%

```
UserSeq1 598 ITPGINTSNQVAVLYQDWNCTEPVAIHA
UserSeq2 110 LNPKANREKNTQIMFETFTPAIVVAIQ
          * *   *   *   *   *   *   *   *   *
```

27.6% identity in 29 residues overlap; Score: 32.0; Gap frequency: 0.0%

```
UserSeq1 847 RDLICAQKFNGLTVLPLLDLDEMIAQYTS
UserSeq2 291 KDLYANTVLSGGTTHYPGIADRMOKKEITA
          **   * * * * * * * * * * *
```

26.1% identity in 23 residues overlap; Score: 31.0; Gap frequency: 0.0%

```
UserSeq1 405 DEVROIAPGQTGKIADNYKLPD
UserSeq2 222 DFEQEMATAASSSLEKSYELPD
          * *   *   *   *   *   *   *   *
```

28.0% identity in 25 residues overlap; Score: 29.0; Gap frequency: 0.0%

```
UserSeq1 649 CLIGAETHVNSYCDIPIGAGICAS
UserSeq2 272 CGIHETTFSIMKCDVIRKDLNLAN
          * *   *   *   *   *   *   *
```

50.0% identity in 16 residues overlap; Score: 29.0; Gap frequency: 0.0%

```
UserSeq1 221 SALEPLVDLPVIGINIT
UserSeq2 234 SSLKSYELPDGVQVIT
          * * * * * * * * * * *
```

31.8% identity in 22 residues overlap; Score: 28.0; Gap frequency: 0.0%

```
UserSeq1 1116 TTDNTFVSGNCDVVIWNTV
UserSeq2 277 TTFNSIMKCDVIRKDLNLAN
          * * * * * * * * * * *
```

31.2% identity in 16 residues overlap; Score: 28.0; Gap frequency: 0.0%

```
UserSeq1 667 GAGICASYQTQNSPR
UserSeq2 13 GSGMCKAGFAGDDAPR
          * * * * * * * * * * *
```

Expasy

Sim

Results of SIM with:

Sequence 1: UserSeq1 (1273 residues)
Sequence 2: UserSeq2 (1464 residues)

using the parameters:

Comparison matrix: BLOSUM62
Number of alignments computed: 20
Gap open penalty: 12
Gap extension penalty: 4

View these alignments graphically with the LALNVIEW program (mime-type *chemical/x-aln2*).
LALNVIEW screenshot / Download / documentation.

42.9% identity in 14 residues overlap; Score: 34.0; Gap frequency: 0.0%

```
UserSeq1 480 CNGVEGFNCFYPLQ
UserSeq2 1291 QMNETGETCVYPTQ
          ** * * * * *
```

26.1% identity in 23 residues overlap; Score: 33.0; Gap frequency: 0.0%

```
UserSeq1 738 CTMYICGDSSTECNLLQYGSFC
UserSeq2 70 CDDVICDETNCNCPGAEVPEGECC
          * * * * * * * * * * *
```

28.0% identity in 25 residues overlap; Score: 33.0; Gap frequency: 0.0%

```
UserSeq1 462 KPFERDISTEIQAGSTPCNGVEGF
UserSeq2 657 KPGEQGVPGDLGAPGSPGARGERGF
          * * * * * * * * * * *
```

50.0% identity in 12 residues overlap; Score: 32.0; Gap frequency: 0.0%

```
UserSeq1 1251 GSCCKFDEDDSE
UserSeq2 89 GECCVCPDQSE
          * * * * * * * * * * *
```

50.0% identity in 18 residues overlap; Score: 31.0; Gap frequency: 5.6%

```
UserSeq1 792 PPIKDGGPNFSGLPDP
UserSeq2 1188 PPGPPAGDFSLPQP
          * * * * * * * * * * *
```

31.2% identity in 16 residues overlap; Score: 31.0; Gap frequency: 0.0%

```
UserSeq1 438 SNNLDSKVGNNYLY
UserSeq2 1393 SNEIEIRAEGNSRFTY
          * * * * * * * * * * *
```

30.0% identity in 20 residues overlap; Score: 30.0; Gap frequency: 0.0%

```
UserSeq1 1144 ELDSFKEELDKYFNHHTSPD
UserSeq2 1230 EVDTLKLSQQIENIRSP
          * * * * * * * * * * *
```

Bild 3

Bild 4

Bild 5

36.4% identity in 11 residues overlap; Score: 26.0; Gap frequency: 0.0%

```
UserSeq1 346 RFASVYANRKR
UserSeq2 31 RLLVVPWTOR
* ** *
```

22.0% identity in 50 residues overlap; Score: 25.0; Gap frequency: 0.0%

```
UserSeq1 933 KIQDSLSTASALGKLDVVNQAALNTLVKQLSSNFGAISSVLNDILS
UserSeq2 67 KVLTSLGDAIKHLDDLKGTFAQLSELHCDKLHVDPENFKLLGNVLTVLA
* ** * * * * ** ** *
```

83.3% identity in 6 residues overlap; Score: 25.0; Gap frequency: 0.0%

```
UserSeq1 881 TITSGW
UserSeq2 11 TITSLW
**** *
```

35.0% identity in 20 residues overlap; Score: 25.0; Gap frequency: 0.0%

```
UserSeq1 938 LSSATASALGKLDVVNQAQ
UserSeq2 69 LTSLGDAIKHLDDLKGTFAQ
* * * * * **
```

62.5% identity in 8 residues overlap; Score: 25.0; Gap frequency: 0.0%

```
UserSeq1 98 ENQKLIIN
UserSeq2 102 ENFKLIIN
* * * * *
```

28.6% identity in 14 residues overlap; Score: 24.0; Gap frequency: 0.0%

```
UserSeq1 91 YFASTEKSNIIIRGW
UserSeq2 3 HFTTEEDKATITSLW
* * * * *
```

66.7% identity in 6 residues overlap; Score: 24.0; Gap frequency: 0.0%

```
UserSeq1 240 TLLALH
UserSeq2 113 TVLAIH
* * * *
```

Quellenangaben:

<http://healthandmoneynews.wordpress.com/.../head-of.../>
twitter.com/andrew_croxford/status/1334593631378960386
Uniprot.org

Krause, T. L., Bittner, G. D., Rapid morphological fusion of severed myelinated axons by polyethylene glycol, 1990, Proc. Natl., Acad, Sci U S A, 87(4): 1471-1475
wordpress.com

DGKP Christian Husch, BSc MSc MSc
Molekularbiologe, Krankenpfleger