



Freitag, 03. April 2020, 20:00 Uhr
~10 Minuten Lesezeit

Fragwürdige Theorien

Die Wissenschaft agiert in der COVID-19-Krise bisher weitgehend mit Vermutungen – politische Entscheidungen leitet man dennoch daraus ab.

von Johannes Kreis
Foto: Lightspring/Shutterstock.com

Inzwischen ist hinreichend bekannt, dass erhebliche Zweifel an der COVID-19-Statistik angebracht sind. Die wissenschaftlichen Annahmen, die COVID-19 zugrunde liegen, bleiben in der Berichterstattung

jedoch weiterhin außen vor. Das ist für unsere wissenschaftlich geprägte Gesellschaft zu wenig.

Das Swiss Propaganda Research-Projekt hat dankenswerterweise auf seiner Homepage, wichtige Links zu der COVID-19-Krise zusammengefasst (1).

Es ist auffallend, dass es nur außerhalb des Mainstreams möglich zu sein scheint, unabhängige und kritische Informationen zu COVID-19 zu sammeln. Die sonstige Berichterstattung bewegt sich auf dem Niveau von *Ippen Digital Media*.

Für eine so wissenschaftlich geprägte Gesellschaft wie die unsere ist das deutlich zu wenig. Die *Neue Zürcher Zeitung* bringt inzwischen US-amerikanische Geheimdienste ins Spiel, die beobachtet haben wollen, wie sich Urnen vor chinesischen Krematorien „türmen“ (2). Dabei wird außer Acht gelassen, dass die amerikanischen Geheimdienste gar nicht nach China schauen müssen. Es reicht der Blick nach Süd-Korea – dort sind die US-Geheimdienste ausreichend präsent.

In Süd-Korea liegt nach 6 Wochen Krise die Roh-Sterberate mit SARS-CoV-2-Nachweis laut Johns Hopkins-CSSE-Dashboard (3) bei 1,7 Prozent und 169 COVID-19 zugerechneten Toten, Stand 2. April 2020. Süd-Korea ist in der COVID-19-Krise 2 Wochen vor Deutschland und der Wert für Deutschland liegt derzeit bei 1,2 Prozent. Bei aller Kritik an der zugrundeliegenden Zählweise und der Berechnung dieses Wertes:

Die tatsächliche Sterberate ist vermutlich viel niedriger (4).

In Island gibt es laut dem Dashboard derzeit 4 Tote bei 1.319 Infizierten nach circa 4 Wochen Krise, Stand 2. April 2020. Alle diese Roh-Sterberaten liegen weiterhin deutlich unter den Werten von China.

Psychiater als Experten

Man kann auch ohne Rückgriff auf US-Geheimdienste die Lage recht gut einschätzen. Aber Plausibilitätsbetrachtungen dieser Art sind selbst von der NZZ nicht mehr zu erwarten. Die ARD lässt inzwischen einen Psychiater zu Wort kommen, der erklärt die Uneinigkeit der Experten sei nur scheinbar, in Wirklichkeit seien sich alle einig. Anlass genug, die Verhältnisse in der Psychiatrie zu hinterfragen (5).

Die Schneise der Verwüstung, die die Virologie quer durch das Land, durch die Gesellschaft und die Wirtschaft gezogen hat, wird von den politisch Verantwortlichen zu reparieren sein. Das sollte nicht davon ablenken, wo diese Krise ihren Ursprung genommen hat.

MERS, SARS1, SARS2, Vogelgrippe, Schweinegrippe, BSE – seit Jahrzehnten propagieren die Virologie und verwandte Bereiche wie die Mikrobiologie, Molekularbiologie oder Genetik, dass der Mensch permanent von neuen Erregern zoonotischen Ursprungs bedroht sei. Also Erreger, die von einem tierischen Wirt neu auf den Menschen wechseln und sich dort weiter verbreiten.

Der Mensch, so die Annahme, sei nicht durch die Evolution an den neuen Erreger adaptiert und deshalb würden Infizierte, also positiv Getestete, im Verhältnis zu bekannten menschlichen Pathogenen überproportional krank werden oder auch sterben.

Im Rückblick hätte im Schnitt alle 5 bis 10 Jahre ein solches Ereignis stattgefunden. Jedes Mal begleitet von enormem Medienecho. Bei BSE, Schweinegrippe und Vogelgrippe lagen die Fallzahlen zu Schwerkranken oder Verstorbenen weit unter jeder Prognose und dasselbe zeichnet sich bei SARS2 ab.

Rückblickend muss man bei MERS und SARS1 hinterfragen, wie hoch die Anzahl der Todesfälle wirklich gewesen ist, die allein ursächlich auf einen neuen Virus zurückzuführen waren. Kritische Stimmen hat es zu diesen Zahlen schon immer gegeben, allein es wollte sie keiner hören (6). Das Handelsblatt beispielsweise berichtete seinerzeit, dass in der BSE-Panik mehr Bauern durch Selbstmord starben als an dem mutmaßlich neuen Erreger (7).

Reine Vermutung

Für die Zoonose-Hypothese fehlt in diesen Fällen, wie bei SARS-CoV-2 und die damit unterstellte erhöhte Pathogenität, jeder Beweis. Diese Vermutung basiert auf dem genetischen Abstand der Gensequenzen von Viren, wie sie bei Tieren und beim Menschen gefunden werden.

Zu SARS-CoV-2 wird anhand der genetischen Abstände der Gensequenzen auch diskutiert, ob es sich bei SARS-CoV-2 um eine Rekombination von Coronaviren von Fledermäusen und chinesischen Schuppentieren handeln könnte. Letztere ernähren sich vorwiegend von Ameisen. Dieser neu-rekombinierte Erreger hätte dann, über einen Fischmarkt in Wuhan, seinen Weg zu den Menschen gefunden. Wie wahrscheinlich soll das sein?

Es wird nicht betrachtet, dass, wenn der Mensch alle 5 bis 10 Jahre solchen Zoonosen ausgesetzt ist, dies schon seit Millionen von Jahren im Rahmen der Evolution so gewesen ist. Das heißt, der

Mensch und seine Vorfahren wären schon sehr lange diesem Selektionsdruck ausgesetzt gewesen, unter ganz anderen hygienischen Bedingungen als heute. Und im Tierreich wäre es genauso – und noch wesentlich länger.

Daneben ist vollkommen unklar, welche Bedeutung der genetische Abstand zweier Virenstämme hat. SARS-CoV und SARS-CoV-2 sind bezüglich ihrer Gensequenz zu 82 Prozent identisch (8). Das ist ungefähr der genetische Abstand von Mensch und Kuh. Was bedeutet das bei Viren?

Bakterien und Viren bilden den Ursprung der Evolution und es wäre sehr überraschend, wenn die Natur erst um 1890 herum auf die Idee gekommen wäre, den menschlichen Coronaviren-Stamm HCoV-OC43 zu erschaffen, wie Vijgen et al. vermuten (9).

Diese Arbeit wurde 94 Mal zitiert, zuletzt in einer Arbeit vom 14. März 2020 (18), und bislang gibt es keinen Konsens zu der Frage, wie alt das HCoV-OC43-Virus ist. Arbeiten von 2013 datieren das HCoV-OC43-Virus einige Millionen Jahre älter (10). Aber das ist der Stand der Wissenschaft zu Coronaviren, ohne SARS-CoV-2.

Diese Vermutungen sind Teil der Grundlagen für weitreichende politische Entscheidungen.

Wenig gesichertes Wissen

In den letzten Jahrzehnten sind technische Apparaturen und Maschinen entwickelt worden, die es gestatten, in Ausschnitten zelluläre und subzelluläre Strukturen zu betrachten. Mit Hilfe dieser Maschinen kann man genetische Informationen entschlüsseln und versuchen, daraus Rückschlüsse auf die Pathogenität eines Erregers zu ziehen.

Es sind dazu im Laufe der letzten Jahrzehnte immer neue Methoden und Techniken ersonnen worden, häufig auch geleitet von dem Bestreben, mutmaßliche Erkenntnisse möglichst schnell zu kommerzialisieren, besonders in den USA. Die mutmaßliche Bedrohungslage und das entsprechende Medienecho haben für ausreichende Fördermittel für die Forschung gesorgt. Die Kritik an den Methoden ist der Öffentlichkeit weitgehend verborgen geblieben (11):

He et al., „While it is not deliberate, much of today's biomedical research contains logical and technical flaws, showing a need for corrective action“, Int. J. Med. Sci. 2018 Jan 19;15(4):309-322,
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/29511367>
(https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/29511367)

Das Bild des Menschen, der sich die Natur zu Nutze macht und mit den Methoden der Natur selbige kontrolliert, ist wohl zu verführerisch. Es beschert den Wissenschaftlern großes Ansehen und häufig auch einen gewissen Reichtum. Seit Jahren liest man in den Wissensseiten der Presse von den Erfolgen der Wissenschaft. Und nur ganz selten hört man leise Kritik.

Übersehen wird dabei, wie winzig klein der Ausschnitt der Natur ist, den man betrachtet und wie wenig gesichertes Wissen es gibt. Das hindert nicht daran, weitreichende Schlüsse zu ziehen.

Mit PCR und New-Generation Sequencing glaubt man auf der molekularen Ebene die Objektivierung der medizinischen Diagnose gefunden zu haben. Dabei sind viele Menschen mit positivem SARS-CoV-2-PCR-Test symptomlos oder zeigen nur milde Symptome, bei offenen Fragen zur Spezifität dieser Tests (12).

Angesichts des hohen Alters und der vielfachen Multimorbidität vieler Verstorbener (13), sowie der unspezifischen Symptome, stellt

sich nach wie vor die Frage der Kausalität eines SARS-CoV-2-Nachweises und COVID-19. Jedoch hunderte von wissenschaftlichen Veröffentlichungen fangen derzeit schon mit dem Satz an „SARS-CoV-2 ist die Ursache von COVID-19“.

Und die Virologen halten einzelne Gensequenzen hoch und versuchen, aus dem genetischen Abstand zweier Gensequenzen Rückschlüsse auf die Gefährlichkeit eines Erregers zu ziehen. Doch wie viele Gensequenzen der Natur kennt man im Verhältnis zu der Gesamtmenge? Das nicht-menschliche bakterielle und virale Genom im menschlichen Körper beträgt ein Vielfaches des menschlichen Genoms (14) und es sieht in jedem Menschen anders aus.

Der Stichprobenraum, wie er in den Gen-Datenbanken abgelegt ist, ist im Verhältnis zur Natur denkbar klein. Und doch dienen diese Datenbanken dazu, die Spezifität von PCR-Tests zu prüfen. Angesichts der hohen Mutationsrate von Viren und ihrer enormen Verbreitung ist die Aussagekraft dieser theoretischen Prüfungen vermutlich sehr, sehr begrenzt.

Möglicherweise entstehen jedes Jahr neue Virenstämme, die größtenteils wieder verschwinden, bevor man sie bemerkt. Wer wäre in der Lage, eine solche Hypothese zu widerlegen? Welche Aussagekraft hätten dann phylogenetische Analysen zum Stammbaum von Viren?

Schon jetzt, drei Monate nachdem die ersten Gensequenzen zu SARS-CoV-2 veröffentlicht worden sind, sind hunderte nicht-synonymer (19), also Aminosäure-verändernder Veränderungen gegenüber der SARS-CoV-2-Referenzsequenz bei den in den Datenbanken hinterlegten Gensequenzen von SARS-CoV-2 bekannt. Dazu kommen Insertions und Deletions (15).

Winziger Ausschnitt der Natur

Die Anzahl abweichender Gen-Sequenzen ist so groß, dass es einer Referenz-Gensequenz bedarf, damit man sich überhaupt über diese Sequenzen unterhalten kann.

Es ist ein winziger Ausschnitt der Natur, der betrachtet wird. Einer Natur, die sich zudem permanent in Evolution befindet. Und es enthält die unausgesprochene Annahme, dass jede Gen-Sequenz dasselbe Pathogen beschreibt.

COVID-19 und seine Folgen sind auch ein Ausdruck des Nicht-Wissens der Wissenschaften und eines Umgangs mit dem Nicht-Wissen, der bar jeder Bescheidenheit scheint. Das, was der Öffentlichkeit, unter anderem in Talkshows, Fernsehdiskussionen oder auf Videoplattformen von der Wissenschaft präsentiert wird, basiert regelmäßig auf weitreichenden Annahmen und Vermutungen, die unerwähnt bleiben. Dazu präsentiert man 3D-Computergraphiken, wie es auf der molekularen Ebene aussähe.

Der soziale Prozess der Meinungsbildung generiert eine wissenschaftliche Mehrheitsmeinung und die Konsens-Vermutung ersetzt häufig genug den wissenschaftlichen Beweis. Um diesen Prozess herum manifestieren sich frühzeitig industrielle Interessen. Alles scheint möglich, außer dass die Wissenschaft etwas nicht weiß. Und das bildet die Grundlage sehr weitreichender politischer Entscheidungen.

Wie wird COVID-19 weitergehen? Die Wissenschaft vermutet weiter, denn mehr bleibt derzeit nicht übrig, und die Maßnahmen der Regierung waren erfolgreich. Was sonst? Angesichts des Ansehens und der Bedeutung der Wissenschaft in der modernen Gesellschaft wäre alles andere noch schmerzhafter, als die Krise schon ist. Wer, wenn nicht die Wissenschaft soll die Menschheit aus

der Krise leiten? Vielleicht der gesunde Menschenverstand? Oder kritische Berichterstattung? Von wem?

Mit Sorge ist in die USA zu schauen. Dort sind vorschnell und ohne ausreichende Tests Medikamente zur COVID-19-Behandlung von der FDA freigegeben worden. Es steht zu befürchten, dass sich dies in der Sterberate zeigen wird.

Jedoch manchmal heilt sich das Krankensystem der US-Amerikaner auch selbst, wenn die Menschen mit dem Job auch die Krankenversicherung verlieren. „Wenn ich meinen Job nicht verloren hätte und damit meine Krankenversicherung, wäre ich jetzt nicht mehr am Leben“, diese Aussage stammt von einem Opfer der US-Opioide-Krise (16, 17).

Quellen und Anmerkungen:

(1) Swiss Propaganda Research, „Fakten zu Covid-19“,

<https://swprs.org/covid-19-hinweis-ii/>

[\(https://swprs.org/covid-19-hinweis-ii/\)](https://swprs.org/covid-19-hinweis-ii/)

(2) <https://www.nzz.ch/international/coronavirus-weltweit-die-neusten-entwicklungen-nzz-ld.1534367>

<https://www.nzz.ch/international/coronavirus-weltweit-die-neusten-entwicklungen-nzz-ld.1534367>

<https://www.nzz.ch/international/coronavirus-weltweit-die-neusten-entwicklungen-nzz-ld.1534367>

(3) Coronavirus COVID-19 Global Cases by Johns Hopkins CSSE,

<https://gisanddata.maps.arcgis.com/apps/opsdashboard/index.html#/bda7594740fd40299423467b48e9ecf6>

<https://gisanddata.maps.arcgis.com/apps/opsdashboard/index.html#/bda7594740fd40299423467b48e9ecf6>

<https://gisanddata.maps.arcgis.com/apps/opsdashboard/index.html#/bda7594740fd40299423467b48e9ecf6>

(4) John Ioannidis, „Perspectives on the Pandemic“, Stanford

University, (in Englisch), <https://www.youtube.com/watch?v=9DwzJyfXWuU>

v=d6MZY-2fcBw (<https://www.youtube.com/watch?v=d6MZY-2fcBw>)

(5) tagesschau 20:00 Uhr, 1. April 2020, Borwin Bandelow, Psychiater am Univerisätsklinikum Göttingen, ab 7:43 min,

<https://www.youtube.com/watch?v=bNBoyGVXSe0>
(<https://www.youtube.com/watch?v=bNBoyGVXSe0>)

(6) Raoult et al., „From the Hajj: it's the flu, idiot.”, Clin. Microbiol. Infect. 2014 Jan;20(1):O1,

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/24256052>
(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/24256052>)

(7) „EHEC, H1N1, SARS - Tod durch Hysterie“, Handelsblatt, 3. Juni 2011, https://www.handelsblatt.com/arts_und_style/aus-aller-welt/ehec-h1n1-sars-tod-durch-hysterie/4249034-all.html
(https://www.handelsblatt.com/arts_und_style/aus-aller-welt/ehec-h1n1-sars-tod-durch-hysterie/4249034-all.html)

(8) Chan et al., “Genomic characterization of the 2019 novel human-pathogenic coronavirus isolated from a patient with atypical pneumonia after visiting Wuhan.”, Emerg Microbes Infect. 2020 Dec;9(1):221-236,

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/31987001>
(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/31987001>)

(9) Vijgen et al., “Complete genomic sequence of human coronavirus OC43: molecular clock analysis suggests a relatively recent zoonotic coronavirus transmission event.”, J. Virol. 2005 Feb;79(3):1595-604,

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/15650185>
(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/15650185>)

(10) Wertheim et al., “A case for the ancient origin of coronaviruses.”, J. Virol. 2013 Jun;87(12):7039-45,

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/23596293>
(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/23596293>)

(11) He et al., “While it is not deliberate, much of today's biomedical research contains logical and technical flaws, showing a need for corrective action.”, Int. J. Med. Sci. 2018 Jan 19;15(4):309-322,

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/29511367>
(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/29511367>)

(12) Li et al., “Stability Issues of RT-PCR Testing of SARS-CoV-2 for Hospitalized Patients Clinically Diagnosed with COVID-19.”, J. Med. Virol. 2020 Mar 26. doi: 10.1002/jmv.25786,

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/32219885>

(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/32219885>)

(13) ECDC, “Coronavirus disease 2019 (COVID-19) pandemic: increased transmission in the EU/EEA and the UK –seventh update”, 25 March 2020,

<https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/RR-A-seventh-update-Outbreak-of-coronavirus-disease-COVID-19.pdf>

(<https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/RR-A-seventh-update-Outbreak-of-coronavirus-disease-COVID-19.pdf>)

(14) García-López et al., “Beyond cells - The virome in the human holobiont.”, Microb Cell. 2019 Jul 1;6(9):373-396,

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/31528630>

(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/31528630>)

(15) CoV-Glue, „ Amino acid analysis for the SARS-CoV-2 pandemic“,

<http://cov-glue.cvr.gla.ac.uk/#/home> (<http://cov-glue.cvr.gla.ac.uk/#/home>)

(16) PBS, “Understanding the Opioid Epidemic 2018”, Jan 17, 2018,

https://www.youtube.com/watch?v=xdCCqg1e_SQ

(https://www.youtube.com/watch?v=xdCCqg1e_SQ)

(17) CDC, „ Prescription Opioids“,

<https://www.cdc.gov/drugoverdose/opioids/prescribed.html>

(<https://www.cdc.gov/drugoverdose/opioids/prescribed.html>)

(18) Quelle: NCBI Pubmed

(19) Das Erbgut von Viren unterliegt von Generation zu Generation permanenten Veränderungen, sogenannten Mutationen. Nicht-synonyme Veränderungen haben im Gegensatz zu synonymen Veränderungen zur Folge, dass die aus den Genen des Virus erzeugten Proteine andere chemische Eigenschaften haben.



Johannes Kreis schrieb eigentlich gar nicht für **Rubikon**, machte von dieser Regel aber gelegentlich eine Ausnahme. Sein Motto lautet: Es kommt nicht darauf an, wer etwas sagt, sondern was gesagt wird.

Dieses Werk ist unter einer **Creative Commons-Lizenz (Namensnennung - Nicht kommerziell - Keine Bearbeitungen 4.0 International)** (<https://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/deed.de>) lizenziert. Unter Einhaltung der Lizenzbedingungen dürfen Sie es verbreiten und vervielfältigen.