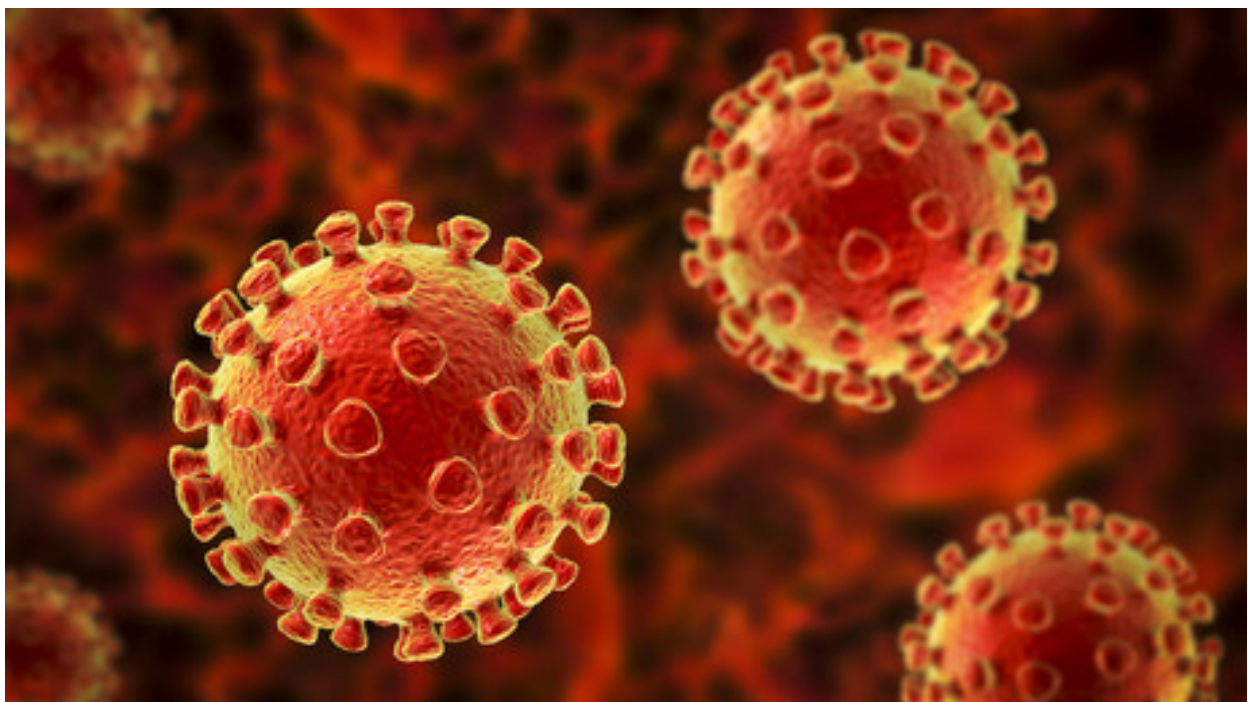


Neue Studie nährt brisanten Verdacht: Stammen alle Corona-Varianten aus dem Labor?

8 Sep. 2023 07:00 Uhr

Japanische Forscher haben die Entwicklung der Omikron-Varianten nachvollzogen. Mit brisantem Ergebnis: Wichtige evolutionäre Zwischenschritte, die für einen natürlichen Prozess typisch wären, fehlten. Demnach könnten alle Erreger von Alpha bis Omikron im Labor entstanden sein.



Quelle: Legion-media.ru © Science Photo Library
Symbolbild

Von Susan Bonath

Dass ein künstlich manipuliertes Virus für die Corona-Pandemie verantwortlich ist, halten renommierte Wissenschaftler seit Längerem für wahrscheinlich. Doch möglicherweise stammt nicht nur der ursprüngliche Virustyp, der zuerst Ende 2019 aus der chinesischen Stadt Wuhan gemeldet wurde, aus einem Labor, sondern auch nachfolgende Corona-Varianten.

So haben japanische Virologen von den Universitäten Osaka und Kyoto bei den verschiedenen Virustypen, die sich im Laufe der Zeit teils weltweit verbreitet hatten, ungewöhnliche Mutationen entdeckt, die nach ihrer Einschätzung nicht auf einen natürlichen Ursprung der Erreger zurückgeführt werden können. Ihre Forschungsergebnisse stellten Atsushi Tanaka und Takayuki Miyazawa in einer noch nicht von der Fachwelt begutachteten [Studie](#) Anfang August vor.

Die Virologen hatten versucht, die Entstehung der Omikron-Varianten anhand von Virussequenzen in den Datenbanken nachzuvollziehen. Dabei stießen sie auf Ungereimtheiten bei der Art der Mutationen und der Chronologie ihrer Verbreitung.

Wichtige Entwicklungsschritte fehlen

Demnach fanden die Forscher bei Dutzenden Omikron-Varianten derart ungewöhnliche genetische Veränderungen, dass sie daraus schlussfolgerten, "dass keine dieser Mutationen das Ergebnis zufälliger Versuch-Irrtum-Entwicklungen in der Natur war". Weiter führen sie aus:

"Unsere Analyse kommt zu dem Schluss, dass die Omikron-Varianten durch einen völlig neuen Mechanismus gebildet wurden, der mit bisheriger Kenntnis der Biologie nicht erklärt werden kann."

Die Forscher untermauern ihre Erkenntnis vor allem mit dem Fehlen wichtiger, evolutionärer Zwischenschritte, ohne die eine Entstehung der sich vom Ursprungstyp massiv unterscheidenden Omikron-Varianten, aber auch von dessen Vorgängertypen Alpha, Beta und Delta nicht erklärbar sei.

So vermehren sich Viren durch das Duplizieren des genetischen Codes mithilfe der Wirtszellen, in die sie eindringen. Dabei treten immer wieder spontane Veränderungen auf, die sich im Laufe der Zeit häufen, aber nur äußerst selten einen Einfluss auf die Protein-Sequenz des Virus selbst haben, sondern vielmehr lediglich der Anpassung an den Wirt dienen. Und auch die seltenen, das Virus verändernden Mutationen sind dem Erreger oft nicht nützlich und verschwinden deshalb wieder.

Zu wenige "stille Mutationen"

Diese für das Virusprotein belanglosen genetischen Veränderungen bezeichnen die Forscher als "stille" oder "synonyme Mutationen". Sehr viele davon seien nötig, um eine tatsächlich bleibende Protein-Veränderung zu erzeugen, wie sie bei den einzelnen Corona-Varianten aufgetreten war, erklären die Forscher in der Studie.

Doch genau diese synonymen Mutationen fehlten weitgehend in der Evolutionskette von SARS-CoV-2 bis hin zu den verschiedenen Omikron-Varianten, die das Team um Tanaka und Miyazawa nachvollziehen konnte.

Die Autoren hatten die öffentlichen Datenbanken für Virussequenzen durchforstet, um die Evolutionsgeschichte der merkwürdig vielen, nämlich 37 Mutationen nachzuvollziehen, die das Spikeprotein von Omikron BA1 verändert hatten. Dieses Protein findet sich an der Hülle des Virus und wird von Wissenschaftlern für schwerwiegende Krankheitsfolgen verantwortlich gemacht. Bis auf eine waren demnach alle Veränderungen vollständig neu. Es sei "unmöglich", dass derart viele Mutationen in einem Virusstamm auf natürliche Weise entstehen können, berichten die Forscher.

Dass sich Omikron aus der Delta- oder anderen Vorgänger-Varianten gebildet haben könnte, sei aufgrund fehlender Zwischenschritte "unvorstellbar", so die Autoren.

Omikron zirkulierte bereits 2020 in den USA

Zudem stießen die Forscher auf chronologische Merkwürdigkeiten, die ihre Laborthese zu stützen scheinen. Offiziell **tauchte** die erste Omikron-Variante im November 2021 in Botswana auf und verbreitete sich anschließend massiv in Südafrika. Dort habe sie die sogenannte Delta-Variante innerhalb von nicht einmal einem Monat nahezu verdrängt. Wenig später tauchte sie in anderen Teilen der Welt mit ähnlichen Folgen auf.

Die Wissenschaftler fanden nun in den Datenbanken allerdings Belege, wonach Omikron bereits im Jahr 2020 zirkulierte, und dies ausgerechnet auf dem Gebiet der USA. Sie schreiben:

"Demnach waren in Puerto Rico im Jahr 2020 bereits 204 Abstammungslinien [Anmerkung: von Omikron] verbreitet, wobei 15 Isolate die vollständige Omikron BA-Genetik aufwiesen."

Weitere Virus-Isolate hätten perfekt mit anderen, offiziell noch später aufgetauchten Omikron-Varianten übereingestimmt. Das Fazit der Studienautoren ist bemerkenswert:

"Das Vorhandensein dieser Isolate widerlegt die Etablierung von Omikron-Stämmen durch einen kontinuierlichen Evolutionsprozess durch Anhäufung von Mutationen. ... Die Isolate BA. 1, BA. 1.1. und BA. 2 waren keine Produkte einer Genomentwicklung, wie sie in der Natur beobachtet wird."

Starke Indizien für Labor-Ursprung aller Varianten

Schließlich stellen die Forscher zu Diskussion, ob der wahrscheinlich unnatürliche Ursprung der Omikron-Varianten nicht auch den Blick auf die Vorgänger-Virustypen von Alpha bis Delta schärfen müsse. Auch bei diesen Viren spreche viel für eine künstliche Erzeugung. Dazu gehörten beispielsweise Merkwürdigkeiten im Zusammenhang mit der sogenannten Furin-Spaltstelle, mit der der Erreger an die menschliche Zelle andockt.

So seien auch die früheren Corona-Varianten bereits bei ihrem Auftauchen ungewöhnlich infektiös gewesen, ohne dass der dafür notwendige Evolutionsweg nachvollziehbar sei. Die anschließend aufgetauchten Mutationen zeigten eine Art umgekehrte genetische Entwicklung im Vergleich dazu, wie sie in der Natur zu erwarten gewesen wären. Viren derart zu verändern, sei in der Virusforschung üblich. Es sei wahrscheinlich, so die Autoren, dass das Spikeprotein im Labor verändert wurde. Die Forscher schreiben weiter:

"Das stützt die Hypothese, dass jede Virus-Variante künstlich synthetisiert wurde. ... Die Art und Weise der SARS-CoV-2-Mutationen muss zu einer Neubewertung der Pandemie führen."

Hinweise seit Beginn der Pandemie

Dass das neue Corona-Virus ein Produkt genetischer Labor-Experimente sein könnte, vermuteten einige renommierte Wissenschaftler schon kurz nach der Ausrufung der Pandemie durch die WHO. Der Anfang 2022 verstorbene Entdecker des HIV-Erregers, Luc Montagnier, meldete sich bereits im April 2020 zu Wort. Er erklärte damals, dass der Erreger Sequenzen enthalte, die nicht natürlich in Corona-Viren vorkämen. Darüber **berichtete** der Autor Mathias Bröckers im Online-Portal *Telepolis*. Montagnier war nicht der Erste, der Auffälligkeiten dieser Art feststellte.

Zuvor hatten indische Forscher eine ähnliche Entdeckung gemacht: Sie fanden für Corona-Viren unübliche Gensequenzen im Spikeprotein, die eher denen in HI-Viren ähnelten. Ihre [Studie](#) hatten sie bereits am 2. Februar 2020 veröffentlicht, das Papier dann aber zurückgezogen, nachdem sie anscheinend unter Druck geraten waren.

Fast genau ein Jahr später, im Februar 2021, sorgte der Hamburger Nanowissenschaftler Roland Wiesendanger für Aufsehen: Alle Hinweise und Indizien deuteten seiner Einschätzung nach auf einen Labor-Ursprung des Virus hin, wie auf der [Webseite](#) der Universität Hamburg nachzulesen ist. Ein weiteres Jahr darauf zeigte sich Wiesendanger laut [Infosperber](#) noch überzeugter: Demnach erklärte er der *Neuen Zürcher Zeitung* Anfang 2022:

"SARS-CoV-2 stammt mit an Sicherheit grenzender Wahrscheinlichkeit aus einem Labor in Wuhan – und zwar keinem der höchsten Sicherheitsstufe. Es gibt zudem Hinweise, dass auch die Omikron-Variante in einem Labor erzeugt wurde."

Somit kommen die neuen Ergebnisse der japanischen Virologen nicht völlig unerwartet. Allerdings muss ihre Studie noch von Forscher-Kollegen im sogenannten Peer-Review-Verfahren begutachtet werden. Sollte sie diesen akademischen Prüfungen auch nur in Teilen standhalten, wäre dies ein erster Beleg für ungeheuerliche Machenschaften hinter den verschlossenen Türen biologischer Forschungseinrichtungen.

RT DE bemüht sich um ein breites Meinungsspektrum. Gastbeiträge und Meinungsartikel müssen nicht die Sichtweise der Redaktion widerspiegeln.