

sciencefiles.org

Merkel-Groteske: Etwas, von dem in Deutschland nichts bekannt ist, bedroht die Bevölkerung

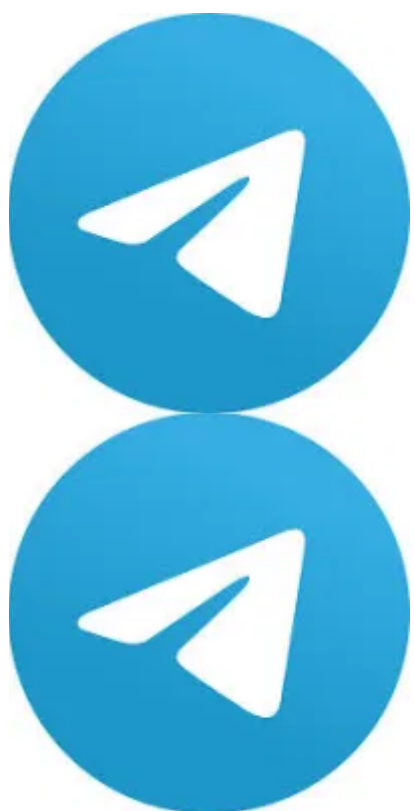
About The Author Michael Klein ... concerned with and about science

13-16 Minuten

Polit-Darsteller, manche davon erinnern zwischenzeitlich an Bots, die nichts anderes von sich geben können, als sie die letzten Monate und Jahre von sich gegeben haben, vielleicht, weil ihre Programmierung eine Anpassung an die sich verändernde Wirklichkeit nicht zulässt, sind im Hysterie-Modus. Es ist geradezu erschreckend zu sehen, dass Polit-Darsteller jedes noch so hanebüchene Argument ausweiden wollen, um ihre Lockdown-Manie weiter ausleben zu können, um weiter den Anschein aufrecht erhalten zu können, die derzeitigen Maßnahmen seien auch nur im Entferntesten angesichts der immensen Kosten, die sie verursachen, zu rechtfertigen.

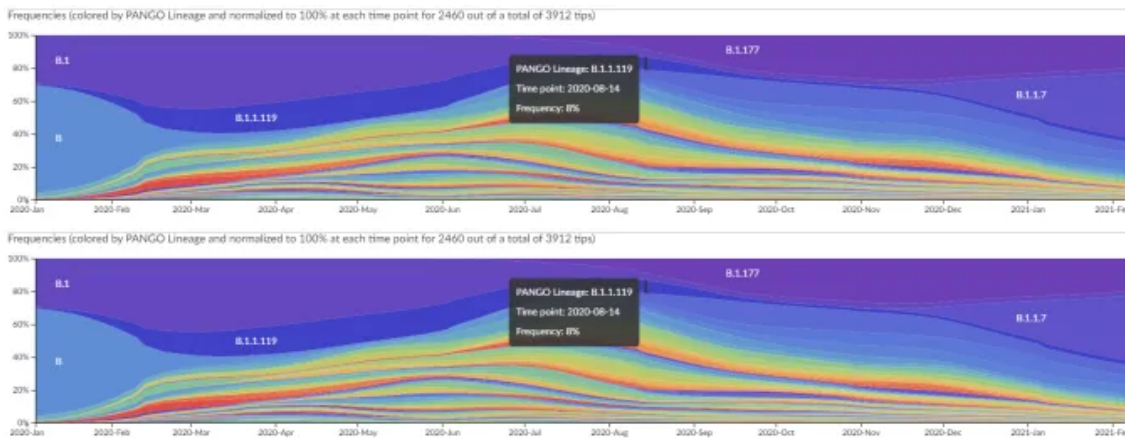
Der neueste Twist auf der indirekten Fahrt in den Wahnsinn besteht nun darin, dass sinkende Fallzahlen problematisiert werden, denn es gebe Mutationen. Es gibt die "britische Mutation" und die "südafrikanische Mutation" und zwei brasilianische Varianten, so lamentieren diejenigen, die sich lieber die Zunge abbeißen würden als vom CCP-Virus, dem China-Virus oder dem Wuhan-Virus zu sprechen, obwohl SARS-CoV-2 seinen Ursprung in China hat (und lassen Sie sich nicht von der neuesten Posse der WHO täuschen, der Anfang findet

sich mit hoher Wahrscheinlichkeit im Wuhan Institute of Virology – dazu bald mehr). Es gibt diese neuen Varianten, die Ansammlungen mehrerer Mutationen sind, nicht erst seit gestern. b.1.1.7, die britische Variante, sie gibt es seit Frühling 2020, sie wurde zuerst in Ägypten sequenziert. Wer nachlesen will, was es zu den SARS-CoV-2 Varianten b.1.1.7 (zuerst im UK entdeckt) und b.1.351 (zuerst in Südafrika entdeckt) zu wissen gibt, der kann das bei uns nachlesen:



Folgen Sie uns auf [TELEGRAM](#)

Um zusammenzufassen, was zu b.1.1.7 und b.1.351, die gemeinhin wegen der Mutation N501Y problematisiert werden, bekannt ist: Es gibt bestenfalls schwache, sehr schwache Hinweise darauf, dass b.1.351 leichter übertragbar sein könnte als die bisherigen Varianten von SARS-CoV-2, für die sich die Polit-Darsteller, vermutlich mangels Kenntnis zu keinem Zeitpunkt interessiert haben. Die folgende Abbildung vermittelt einen Eindruck von den verschiedenen Varianten, die in Europa vorherrschen. Wie man sieht ist b.1.1.7 eine unter mehreren.



[Nextstrain](#)

Die letzte Mutation, die den Weg in das Gehirn von Polit-Darstellern gefunden hat, ist E484K. E484K ist eine der Mutationen, die die Variante b.1.351 von SARS-CoV-2 auszeichnen, die in Südafrika gefundenen wurde und neben E484K noch 17 weitere Mutationen umfasst. E484K wurde nun auch im Vereinigten Königreich nachgewiesen, was kein Wunder ist, denn ein RNA-Virus mutiert ständig, es ist also nur eine Frage der Zeit, bis die Glutaminsäure (E) an Position 484 des Genoms von SARS-CoV-2 durch Lysin (K) ersetzt wird, bis E484K als Bestandteil von b.1.1.7 im UK gefunden wird. Indes haben die Wissenschaftler, die für die Sequenzierung und Analyse neuer Mutationen und Varianten von SARS-CoV-2 im Vereinigten Königreich verantwortlich sind, bereits [Entwarnung im Hinblick auf E484K gegeben](#):

“VOC202102/02 is a specific cluster characterised by the presence of the E484K spike protein mutation on the VOC202102/01 SARS-CoV-2 B.1.1.7 variant that was first detected in the UK at the end of 2020. Through genomic sequencing and enhanced contact tracing, PHE [Public Health England] have so far identified 21 cases of VOC202102/02 across the UK, predominantly centred upon an outbreak in the South West of England.

The E484K mutation is present on Variant of Concern first

detected in South Africa (VOC-202012/02), as well as a number of other variants sequenced globally. Although there is currently no evidence this mutation alone causes more severe illness or greater transmissibility, it is reported to result in weaker neutralisation by antibodies in laboratory experiments.”

Um sicher zu sein, dass eine solche Umschreibung eine Entwarnung darstellt, müssen Sie sich nur vorstellen, was die zuständigen Wissenschaftler geschrieben hätten, wenn sie auch nur wenige Belege dafür gehabt hätten, dass E484K SARS-CoV-2 leichter übertragbar und letaler macht. Oft ist das, was nicht geschrieben wird, die Nachricht. Das Antikörper, die als Reaktion auf alte Varianten von SARS-CoV-2 gebildet wurden, neue Mutationen oft nicht mit der selben Effizienz bekämpfen als die Varianten von SARS-CoV-2, gegen die sie gebildet wurde, ist auch nicht weiter verwunderlich und nicht weiter problematisch, denn – im Gegensatz zu einem Impfstoff, ist ein Immunsystem ein hoch adaptives System.

Ungeachtet der Tatsache, dass es kaum Belege dafür gibt, dass die neuen Varianten von SARS-CoV-2 transmissibler und gefährlicher sind als bisherige, schüren Polit-Darsteller weiter Angst. Dass Polit-Darsteller generell von Mutationen sprechen, zeigt, wie wenig Ahnung sie haben, denn hätten sie Angst vor Mutationen, sie müssten mittlerweile vor Angst wahnsinnig sein. Nach letzter Zählung wurden bislang 12.706 Mutationen identifiziert. E484K ist somit nichts anderes als ein Strohalm, an den sich verzweifelte Lockdown-Maniacs klammern, um ihren Wahn weiter ausleben zu können.

Nehmen wir zum Beispiel [den Beitrag im British Medical Journal](#), auf den sich Karl Lauterbach in seinem Tweet rechts bezieht. Darin wird folgendes behauptet:

“E484K is called an escape mutation because it helps the virus slip past the body’s immune defences. Ravindra Gupta at the University of Cambridge and colleagues have confirmed that the new B.1.1.7 plus E484K variant substantially increases the amount of serum antibody needed to prevent infection of cells.²

Beachten sie die Fussnote am Ende des Textes. Sie wird als Beleg für die gerade gemachte Behauptung, dass E484K die Fähigkeit hat, das Spike Protein an der Immunverteidigung des menschlichen Körpers vorbeizuschleusen, angeführt. Der Text, auf den die Fussnote verweist, ist dieser Text: [“SARS-CoV-2 B.1.1.7 escape from mRNA vaccine-elicited neutralizing antibodies”](#), verfasst von einer Vielzahl von Autoren, darunter auch die zitierte Ravindra Gupta. Nun ist der zitierte Text kein Text, der von Versuchen berichtet, die zeigen, wie E484K das menschliche Immunsystem umgeht, es ist vielmehr ein Text, der untersucht, wie ein menschliches Immunsystem NACHDEM eine Impfung mit dem Pfizer/BionTech Impfstoff BNT162b2 stattgefunden hat, auf die neue Mutation E484K reagiert.

“Here we assessed immune responses following vaccination with mRNA-based vaccine BNT162b2. (Collier et al. 2021)”

Ergebnis: Die Immunreaktion, die von BNT162b2 ausgelöst wird, ist gerade noch ausreichend, um E484K einzufangen, E484K ist also nicht der Escape Artist, als der er gerade aufgebaut werden soll:

“Introduction of the E484K mutation in a B.1.1.7 background led to a further loss of neutralizing activity by **vaccine-elicited antibodies** over that conferred by the B.1.1.7 mutations alone.”



Perfekte Krisenvorsorge
Gerhard Spannbauser
★★★★★ (50)

9,99 €** 1999 €

Sonderausgabe in anderer Ausstattung

Versandkostenfrei in Europa, inkl. MwSt.

Verlag: Kopp Verlag

Gebunden, 254 Seiten, zahlreiche Abbildungen

Lieferstatus: **sofort lieferbar**
Artikelnummer: 948000

Menge

1 [In den Warenkorb >>](#)

✓ Versandkostenfrei in Europa, inkl. MwSt.
✓ Kein Mindestbestellwert



Perfekte Krisenvorsorge
Gerhard Spannbauser
★★★★★ (50)

9,99 €** 1999 €

Sonderausgabe in anderer Ausstattung

Versandkostenfrei in Europa, inkl. MwSt.

Verlag: Kopp Verlag

Gebunden, 254 Seiten, zahlreiche Abbildungen

Lieferstatus: **sofort lieferbar**
Artikelnummer: 948000

Menge

1 [In den Warenkorb >>](#)

✓ Versandkostenfrei in Europa, inkl. MwSt.
✓ Kein Mindestbestellwert

Diese Ergebnisse von Collier et al. (2021) sind mehrfach verwertbar, je nach Kontext, in dem man die Ergebnisse gerade missbrauchen will. Geht es darum, die Furcht zu dämpfen, die Impfstoffe, die derzeit so flächendeckend verspritzt werden, seien gegen die neuen Varianten von SARS-CoV-2 gar nicht wirksam, dann kann man auf die Studie hinweisen und feststellen, dass die neue Mutation zwar einen Verlust der Effektivität von Antikörpern mit sich bringe, die durch BNT162b2 ausgelöste Immunreaktion aber immer noch ausreiche, um SARS-CoV-2 in Schach zu halten. Benötigt man gerade eine Studie, die genutzt werden kann, um Panik zu schüren, dann kann man abermals auf die von Collier et al. (2021) zurückgreifen und feststellen, dass Mutation E484K erschreckende (die Wertung darf man natürlich nicht vergessen) erhöhte Anforderungen an die Neutralisationsfähigkeit eines GEIMPFTEN Menschen stellt, weshalb man als Polit-Darsteller quasi dazu genötigt wird, den Lockdown ZUM SCHUTZ DER

MENSCHEN zu verlängern. Der SCHUTZ DER MENSCHEN kommt natürlich zu einem Preis, den Politdarsteller grundsätzlich ignorieren, sie sind mehr auf “Operation gelungen, Patient tot” aus. Die Schäden, die Lockdowns anrichten, sind zunehmend Gegenstand wissenschaftlicher Beiträge. Wir haben einige davon bereits besprochen:

1. [Folgen des Lockdown: sinkende Lebenserwartung und Übersterblichkeit auf Jahrzehnte hinaus vor allem für Männer \[neue Studie\]](#)
- [Mehr Selbstmorde wegen COVID-19-Maßnahmen! Die Zahl der Studien, die das belegen, wächst](#)
- [Ein Plus von 255 Millionen Erwerbslosen: Das ganze Ausmaß der Lockdown-Zerstörung in 2020](#)
- [Kollateralschäden des Lockdowns: Diskussion über False Positives bei PCR-Tests](#)
- [COVID-19-Übersterblichkeit gibt es in Statistiken, nicht in der Realität – dort sterben Menschen an Krebs, Herzinfarkt](#)
- [Schaden durch Lockdown mindestens um das Fünffache höher als sein Nutzen – Studienüberblick](#)

Was der ganzen Lockdown-Manie jedoch die Krone aufsetzt, ist das hier:



LIVEBLOG Coronavirus-Pandemie

++ "Mutationen können Erfolge zunichte machen" ++



LIVEBLOG Coronavirus-Pandemie

++ "Mutationen können Erfolge zunichte machen" ++

Die Tagesschau schreibt: "In ihrer Regierungserklärung hat Bundeskanzlerin Angela Merkel die Verlängerung des Lockdowns bis zum 7. März verteidigt. Deutschland befinde sich in einer schwierigen widersprüchlichen Lage: Zwar sinken die Infektionszahlen, die Trendumkehr sei gelungen – dennoch drohte aufgrund der Virusmutationen eine dritte Welle. Deshalb blieben Kontaktbeschränkungen das wichtigste Mittel. "Wir müssen ausdauernd sein", sagte sie im Bundestag. Das höchste Ziel bleibe aber die Aufhebung der Einschränkungen."

Sinkende Fallzahlen sind nunmehr problematisch, denn es gibt, Wunder oh Wunder, "Virusmutationen", wie gesagt, es gibt mehr

als 12.700 mittlerweile. Die Virusmutationen, die – wie Merkel behauptet – gefährlicher sein sollen, was, wie gesagt, weder belegt noch sehr wahrscheinlich ist, sie können schlimmstenfalls ein Problem für Impfstoffe darstellen, weil die meisten Impfstoffe die derzeitigen Varianten, die sich vornehmlich durch Mutationen auf dem Spike-Protein auszeichnen, noch nicht auf der Rechnung hatten, als sie entwickelt wurden.

Was dem ganzen aber die Krone aufsetzt, das ist die Frechheit, die Gefährlichkeit von SARS-CoV-2 Varianten zu behaupten, von denen man in Deutschland keine Ahnung hat, keine haben kann. Die Kombi-Mutation b.1.1.7 und E484K, die – abermals, wie schon b.1.1.7 im Vereinigten Königreich gefunden wurde, sie ist bislang 21 Mal sequenziert worden. Es ist nicht bekannt, dass in Deutschland auch nur eine Sequenz dieser neuen Hoffnung der Polit-Darsteller auf eine gefährlichere Variante von SARS-CoV-2 sequenziert wurde. Es wäre geradezu ein Wunder, wenn dem so sei, denn in Deutschland werden 1,9 Sequenzierungen auf 1000 positive Tests durchgeführt. Im Vereinigten Königreich sind es 49,5, die 26fache Menge. Es ist also kein Wunder, das neue Varianten im Vereinigten Königreich und nicht in Deutschland entdeckt werden. Deutschland konkurriert, was die Menge der Sequenzierungen angeht, derzeit mit Bangladesh, Uruguay, Kenia und Italien um einen der hinteren Plätze der Rangliste, die von Australien, Neuseeland, Dänemark, Island, Taiwan und dem Vereinigten Königreich angeführt wird. Mit anderen Worten, Merkel warnt von Mutationen, von denen sie keinerlei Ahnung hat, in welchem Ausmaß sie in Deutschland überhaupt vorhanden sind, sie warnt vor Mutationen, für die es weder einen Beleg gibt, dass sie letaler sind, noch einen, dass sie transmissibler sind, bestenfalls anekdotische Evidenz auf sehr dünnem Eis ist

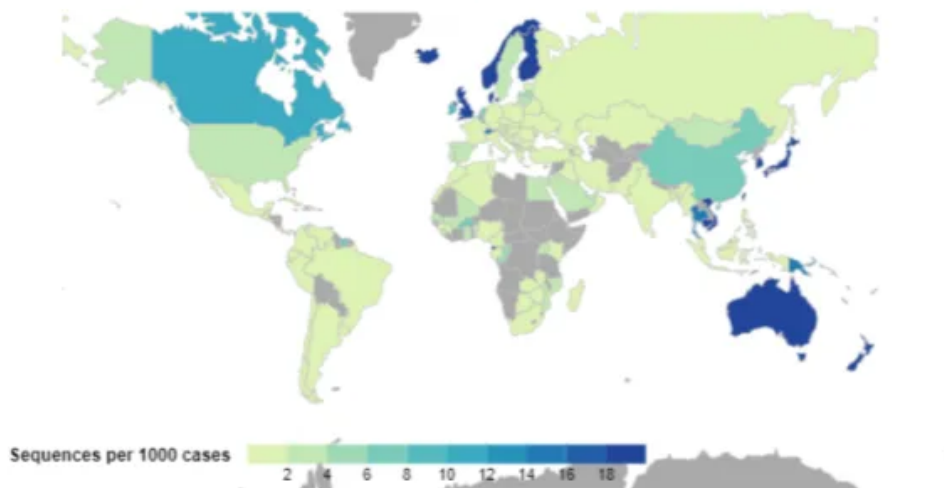
vorhanden, und sie warnt vor diesen Mutationen angesichts zurückgehender Fallzahlen.

Global sequencing coverage

The number of genomic sequence and associate data shared via the GISAID Initiative ([Elbe et al. 2017](#), [Wiley GI](#)) and case data is obtained from [JHU CSSE COVID-19 Data](#) ([Dong et al. 2020](#), [Lancet Inf Dis](#)). Regions v confirmed cases are excluded from the bar graphs below. Regions with >20 sequences per 1000 cases are color the left map.

**Please note that we are currently working on cleaning the metadata delineating territories and countries*

Click and drag to move the map. Scroll or use the mouse wheel to zoom in and out of the map.

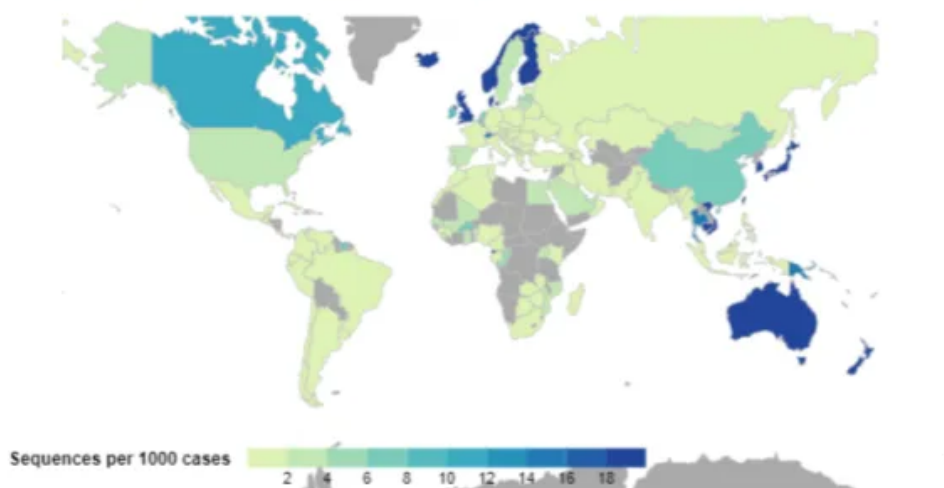


Global sequencing coverage

The number of genomic sequence and associate data shared via the GISAID Initiative ([Elbe et al. 2017](#), [Wiley GI](#)) and case data is obtained from [JHU CSSE COVID-19 Data](#) ([Dong et al. 2020](#), [Lancet Inf Dis](#)). Regions v confirmed cases are excluded from the bar graphs below. Regions with >20 sequences per 1000 cases are color the left map.

**Please note that we are currently working on cleaning the metadata delineating territories and countries*

Click and drag to move the map. Scroll or use the mouse wheel to zoom in and out of the map.



Quelle [COVID CG](#)

Das kann man nur als Griff nach dem Strohhalm bezeichnen, als Versuch, das Boot, das bis zum Oberdeck vollgelaufen ist, mit einer Tasse vor dem Untergang zu retten. Mal sehen, ob es klappt. Wie man derart an der Grenze zum Wahn angesiedelte

Verhaltensweisen erklärt, dafür haben wir gestern ein Beispiel geben. Philipp Bagus, José Antonio Pena-Ramos und Antonio Sánchez-Bayón haben sie als erklärt.

Seit Ende Januar 2020 besprechen wir Studien zu SARS-CoV-2. Damit gehören wir zu den wenigen, die das neue Coronavirus seit seinem Auftauchen verfolgt und den Niederschlag, den es in wissenschaftlichen Beiträgen gefunden hat, begleitet haben.

Eine Liste aller Texte, die wir zu SARS-CoV-2 veröffentlicht haben, finden [Sie hier](#).

Gutes, so hieß es früher, muss nicht teuer sein. Aber auch ein privates Blog muss von irgend etwas leben.

Deshalb unsere Bitte: Tragen Sie mit einer Spende dazu bei, dass wir als Freies Medium weiterbestehen.

Vielen Dank!

ScienceFiles-Spende/PAYPAL

1. [ScienceFiles-Spendenkonten](#)

- **Deutsche Bank**
- Michael Klein
- BIC: DEUTDE33HAN
- IBAN: DE18 8707 0024 0123 5191 00
- **Tescobank plc.**
- ScienceFiles / Michael Klein
- BIC: TPFGGB2EXXX
- IBAN: GB40 TPFG 4064 2010 5882 46

1. [Sponsern Sie ScienceFiles oder Artikel von ScienceFiles](#)
([einfach klicken](#))

Bleiben Sie mit uns in Kontakt.

Wenn Sie ScienceFiles abonnieren, erhalten Sie bei jeder Veröffentlichung eine Benachrichtigung in die Mailbox.

