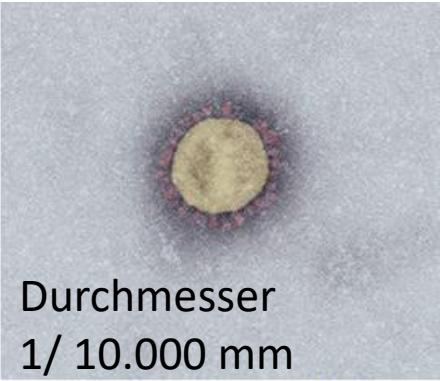
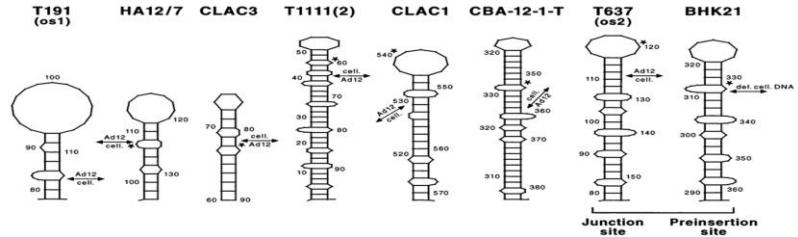
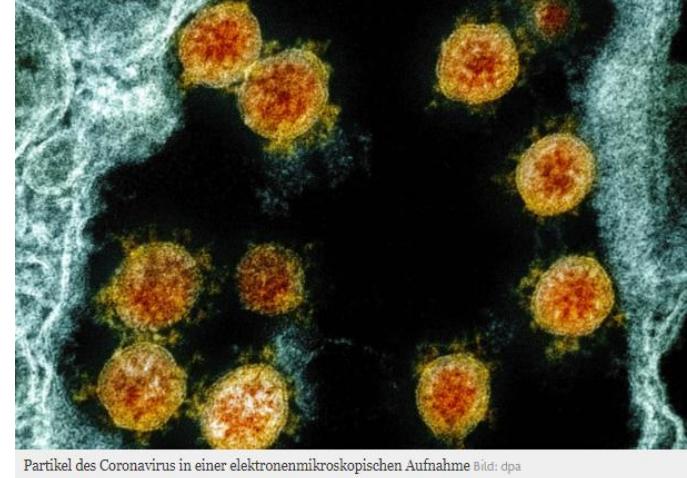


# Martin-Luther-Kirche Erlangen - Büchenbach

## Donnerstag 12. Januar 2023



## Aktuelles zu SARS-CoV-2 und Covid-19

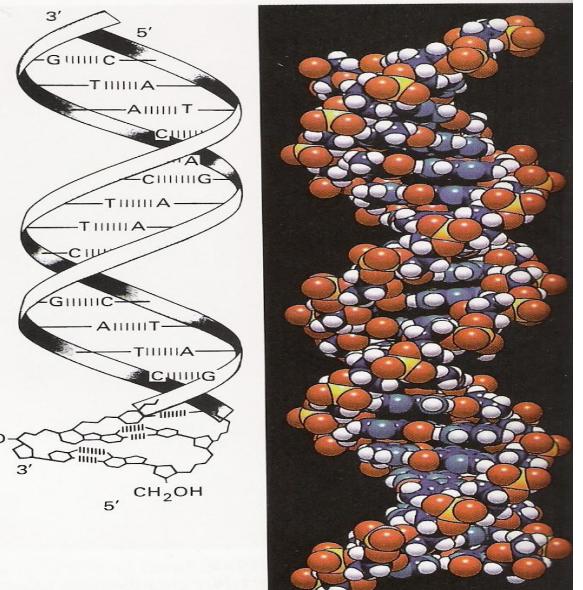


Walter Doerfler

Virologisches Institut FAU Erlangen und Institut für Genetik Köln

Kommentare von  
Hans G. Ulrich

Ethik und systematische Theologie FAU Erlangen



Project Edit View Align Analyses Assemble Tools Window Help									
SARS-CoV 2 NCBI Reference Sequence NC_045512.2	28840	28840	28850	28860	28870	28880	28890		
SARS-CoV 2 2020-01-21 USA:IL MN988713	28840	TAATGTCGACACAGTTT	AGAAATT	AACCTCCAGCGCAGCAGTAA	TAA	TTCCTCTCGC	TAA		
SARS-CoV 2 2020-01-28 USA:IL MT044257	28840	TAATGTCGACACAGTTT	AGAAATT	AACCTCCAGCGCAGCAGTAA	TAA	TTCCTCTCGC	TAA		
SARS-CoV 2 2020-02-01 Spain:Valencia MT29482	28786	TAATGTCGACACAGTTT	AGAAATT	AACCTCCAGCGCAGCAGTAA	TAA	TTCCTCTCGC	TAA		
SARS-CoV 2 2020-02-01 USA:IL MT294841	28840	TAATGTCGACACAGTTT	AGAAATT	AACCTCCAGCGCAGCAGTAA	TAA	TTCCTCTCGC	TAA		
SARS-CoV 2 2020-03-13 USA:IL MT263429	28827	TAATGTCGACACAGTTT	AGAAATT	AACCTCCAGCGCAGCAGTAA	TAA	TTCCTCTCGC	TAA		
SARS-CoV 2 2020-03-13 USA:IL MT263428	28716	TAATGTCGACACAGTTT	AGAAATT	AACCTCCAGCGCAGCAGTAA	TAA	TTCCTCTCGC	TAA		
SARS-CoV 2 2020-03-13 USA:IL MT263433	28809	TAATGTCGACACAGTTT	AGAAATT	AACCTCCAGCGCAGCAGTAA	TAA	TTCCTCTCGC	TAA		
SARS-CoV 2 2020-03-02 USA:IL MT04486	28840	TAATGTCGACACAGTTT	AGAAATT	AACCTCCAGCGCAGCAGTAA	TAA	TTCCTCTCGC	TAA		
SARS-CoV 2 2020-02-27 Spain:Valencia MT294827	28740	TAATGTCGACACAGTTT	AGAAATT	AACCTCCAGCGCAGCAGTAA	TAA	TTCCTCTCGC	TAA		
SARS-CoV 2 2020-03-02 Spain:Valencia MT294828	28786	TAATGTCGACACAGTTT	AGAAATT	AACCTCCAGCGCAGCAGTAA	TAA	TTCCTCTCGC	TAA		
SARS-CoV 2 2020-03-09 Spain:Valencia MT292574	28786	TAATGTCGACACAGTTT	AGAAATT	AACCTCCAGCGCAGCAGTAA	TAA	TTCCTCTCGC	TAA		
SARS-CoV 2 2020-03-09 Spain:Valencia MT292569	28786	TAATGTCGACACAGTTT	AGAAATT	AACCTCCAGCGCAGCAGTAA	TAA	TTCCTCTCGC	TAA		
SARS-CoV 2 2020-03-09 Spain:Valencia MT292571	28786	TAATGTCGACACAGTTT	AGAAATT	AACCTCCAGCGCAGCAGTAA	TAA	TTCCTCTCGC	TAA		
SARS-CoV 2 2020-03-10 Spain:Valencia MT292573	28786	TAATGTCGACACAGTTT	AGAAATT	AACCTCCAGCGCAGCAGTAA	TAA	TTCCTCTCGC	TAA		
SARS-CoV 2 2020-03-10 Spain:Valencia MT292572	28786	TAATGTCGACACAGTTT	AGAAATT	AACCTCCAGCGCAGCAGTAA	TAA	TTCCTCTCGC	TAA		
SARS-CoV 2 2020-03-10 Spain:Valencia MT292570	28786	TAATGTCGACACAGTTT	AGAAATT	AACCTCCAGCGCAGCAGTAA	TAA	TTCCTCTCGC	TAA		
SARS-CoV 2 2020-03-10 Spain:Valencia MT292569	28786	TAATGTCGACACAGTTT	AGAAATT	AACCTCCAGCGCAGCAGTAA	TAA	TTCCTCTCGC	TAA		
SARS-CoV 2 2020-03-15 Spain:Valencia MT294865	28827	TAATGTCGACACAGTTT	AGAAATT	AACCTCCAGCGCAGCAGTAA	TAA	TTCCTCTCGC	TAA		
SARS-CoV 2 2020-03-15 Spain:Valencia MT294866	28830	TAATGTCGACACAGTTT	AGAAATT	AACCTCCAGCGCAGCAGTAA	TAA	TTCCTCTCGC	TAA		
SARS-CoV 2 2020-01-30 Italy MT066156	28840	TAATGTCGACACAGTTT	AGAAATT	AACCTCCAGCGCAGCAGTAA	TAA	TTCCTCTCGC	TAA		
SARS-CoV 2 2020-02-01 France MT280371	28840	TAATGTCGACACAGTTT	AGAAATT	AACCTCCAGCGCAGCAGTAA	TAA	TTCCTCTCGC	TAA		
SARS-CoV 2 2020-02-01 France MT280370	28840	TAATGTCGACACAGTTT	AGAAATT	AACCTCCAGCGCAGCAGTAA	TAA	TTCCTCTCGC	TAA		
SARS-CoV 2 2020-03-03 France MT280369	28840	TAATGTCGACACAGTTT	AGAAATT	AACCTCCAGCGCAGCAGTAA	TAA	TTCCTCTCGC	TAA		
SARS-CoV 2 2020-04-24 Netherlands/Hilversum MT296266	28830	TAATGTCGACACAGTTT	AGAAATT	AACCTCCAGCGCAGCAGTAA	TAA	TTCCTCTCGC	TAA		
SARS-CoV 2 2020-03-17 Czech Republic MT271573	28732	TAATGTCGACACAGTTT	AGAAATT	AACCTCCAGCGCAGCAGTAA	TAA	TTCCTCTCGC	TAA		
SARS-CoV 2 2020-03-18 Czech Republic MT271574	28732	TAATGTCGACACAGTTT	AGAAATT	AACCTCCAGCGCAGCAGTAA	TAA	TTCCTCTCGC	TAA		
SARS-CoV 2 2020-03-17 Czech Republic MT271571	28732	TAATGTCGACACAGTTT	AGAAATT	AACCTCCAGCGCAGCAGTAA	TAA	TTCCTCTCGC	TAA		
SARS-CoV 2 2020-03-19 Czech Republic MT271569	28766	TAATGTCGACACAGTTT	AGAAATT	AACCTCCAGCGCAGCAGTAA	TAA	TTCCTCTCGC	TAA		
SARS-CoV 2 2020-03-19 Czech Republic MT271570	28732	TAATGTCGACACAGTTT	AGAAATT	AACCTCCAGCGCAGCAGTAA	TAA	TTCCTCTCGC	TAA		
SARS-CoV 2 2020-03-21 Czech Republic MT271570	28732	TAATGTCGACACAGTTT	AGAAATT	AACCTCCAGCGCAGCAGTAA	TAA	TTCCTCTCGC	TAA		
SARS-CoV 2 2020-03-22 Czech Republic MT271568	28716	TAATGTCGACACAGTTT	AGAAATT	AACCTCCAGCGCAGCAGTAA	TAA	TTCCTCTCGC	TAA		
SARS-CoV 2 2020-03-18 Greece MT28033	28840	TAATGTCGACACAGTTT	AGAAATT	AACCTCCAGCGCAGCAGTAA	TAA	TTCCTCTCGC	TAA		
SARS-CoV 2 2020-03-18 Greece MT28034	28840	TAATGTCGACACAGTTT	AGAAATT	AACCTCCAGCGCAGCAGTAA	TAA	TTCCTCTCGC	TAA		

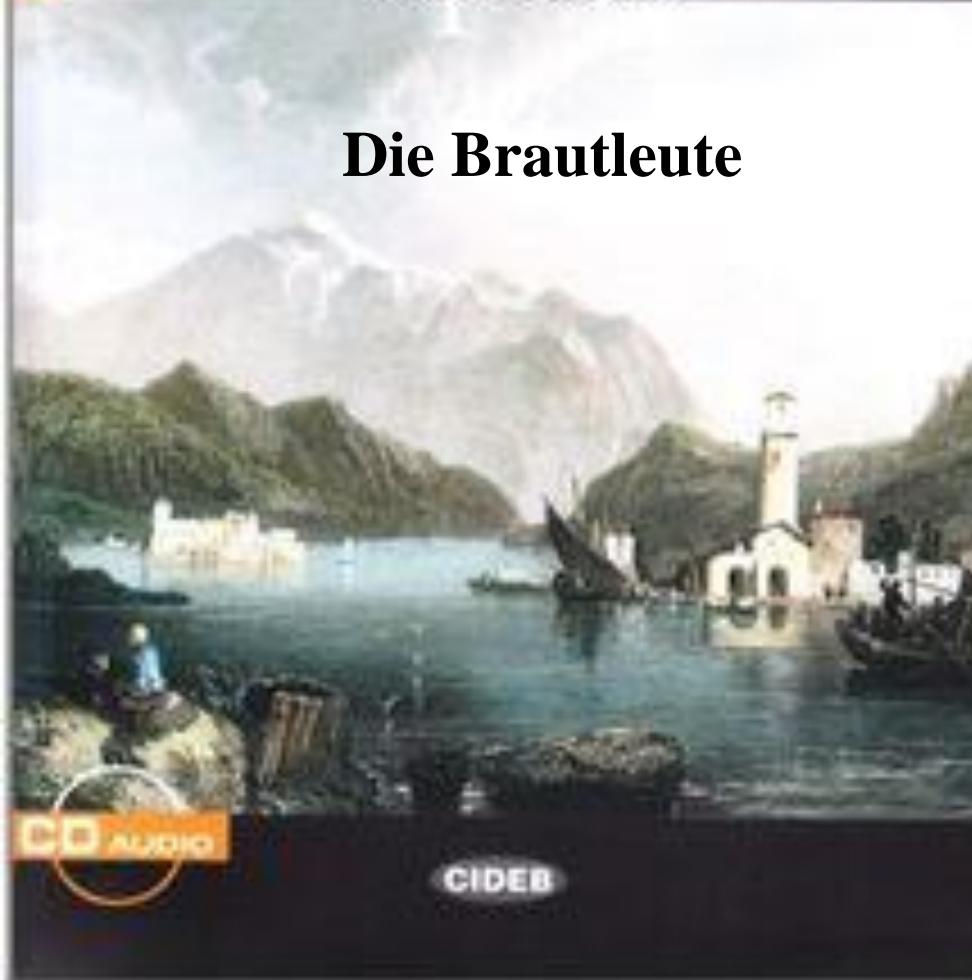
- World - Total cases January 11, 2023 - **669,599,563** Deaths: **6,718,464 (1.0%)**
- In Germany, from **3 January 2020** to **4:25pm CET, 10 January 2023**, there have been **37.540.072** confirmed cases of COVID-19 with **162.975** deaths (**0.43%**), reported to WHO. As of **11 December 2022**, a total of **192.337.174** vaccine doses have been administered.
- In the EU, total cases **271.698.504**, total deaths **2.169.903 (0.8%)**
- In the United States of America, from **3 January 2020** to **4:25pm CET, 10 January 2023**, there have been **99.888.608** confirmed cases of COVID-19 with **1.084.932** deaths (**1.1%**), reported to WHO. As of **16 December 2022**, a total of **652.464.668** vaccine doses have been administered.
- In China, from **3 January 2020** to **4:25pm CET, 10 January 2023**, there have been **10.776.430** confirmed cases of COVID-19 with **33.343** deaths (**0.31%**), reported to WHO. As of **29 November 2022**, a total of **3.465.113.661** vaccine doses have been administered.
- **Last week:**
  - US: **63,982** – Todesfälle **580 (0.9%)**
  - Welt **474.718, -** Todesfälle **2654 (0.56%)**
  - Germany **452,347** - Currently Infected Patients **451,066 (99.7%)** in Mild Condition
  - Serious or Critical - **1,281 (0.3%)**

IMPARARE LEGGENDO

Alessandro Manzoni

# I Promessi Sposi

Die Brautleute



**Alessandro Manzoni (1785-1873) –  
Milano/ Mailand**

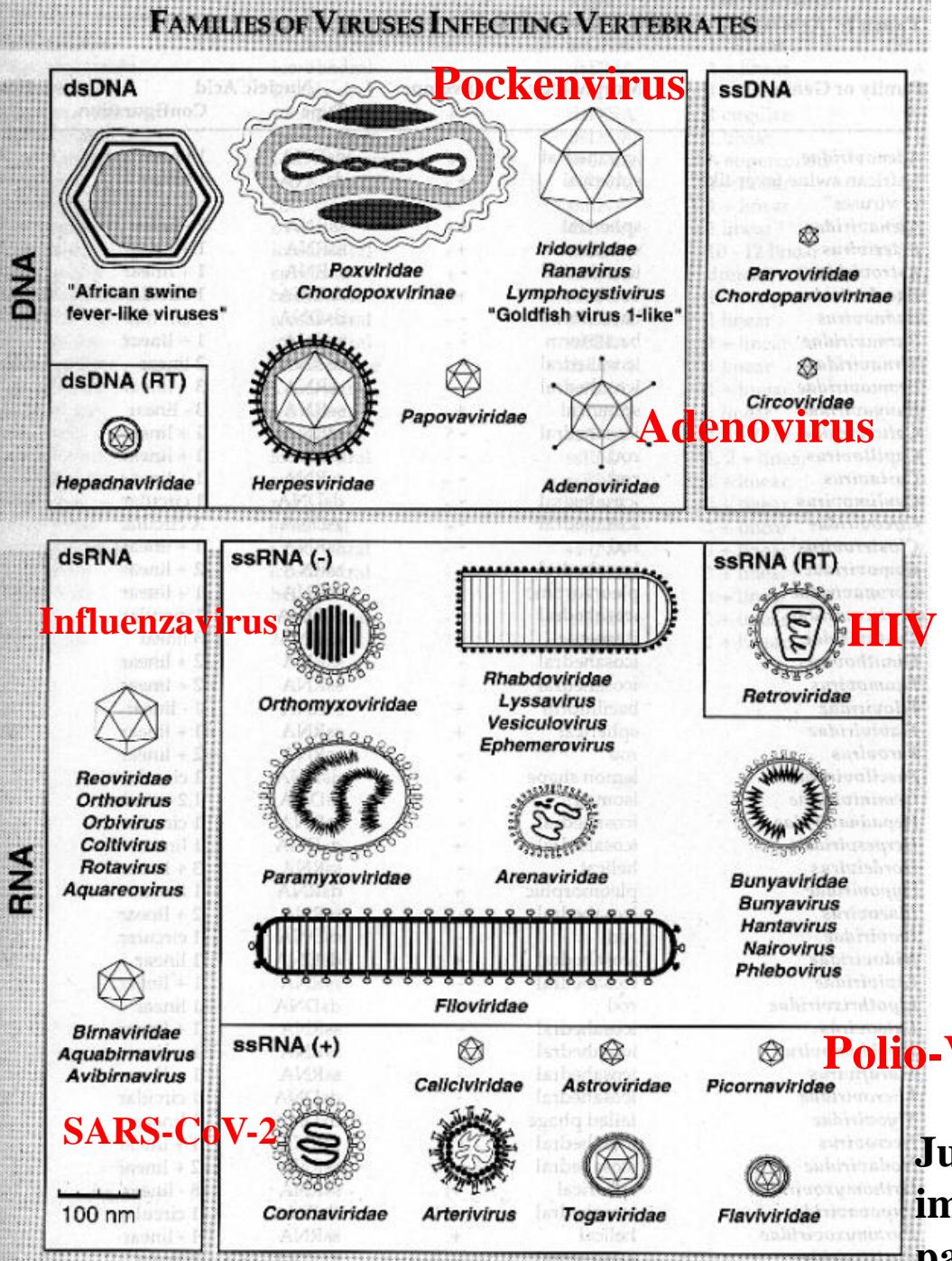
**Die Pest in Mailand 1630:  
46% der Infektionen verliefen tödlich**

**Covid-19 weltweit etwa 1% Todesfälle**



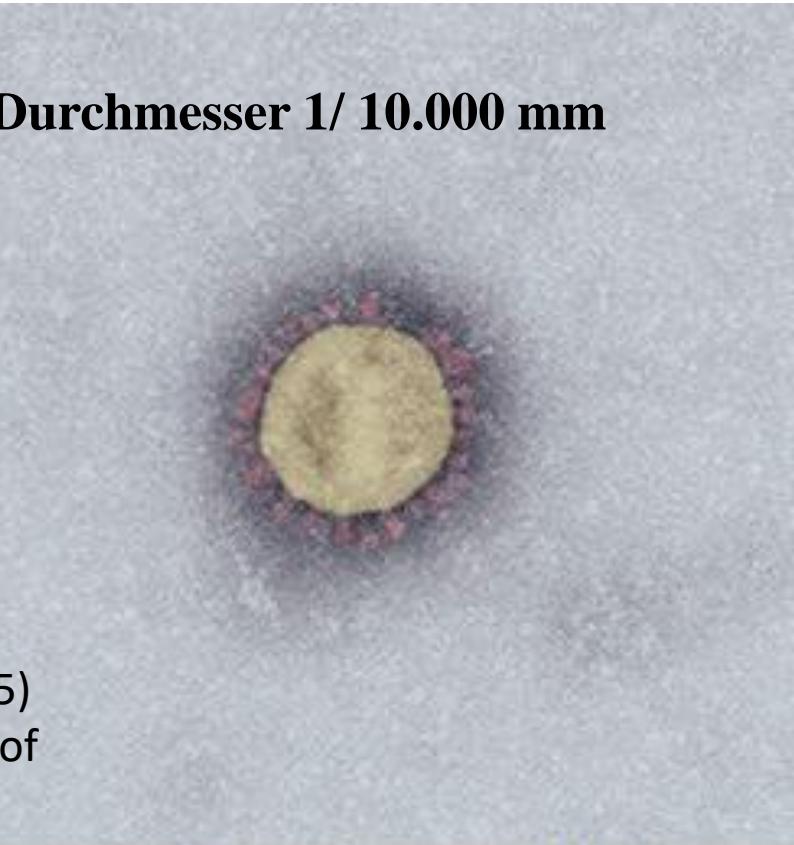
**Federico Borromeo  
(1564-1631) Erzbischof  
von Mailand**

# **Hintergrund Information: Genetik und Virologie**



Viren sind Nukleoproteinkomplexe (manchmal in Membranen verpackt) mit Jahrmillion(-ard?)-en-langer biologisch-evolutionärer Erfahrung

Mehr als 10.400 verschiedene Viren sind charakterisiert, Gesamtzahl - Millionen



\*John Tyrrell (1925 – 2005)  
British [virologist](#), director of  
[Common Cold Unit](#)

Polio-Virus



SARS-CoV-2 (SARS-CoV-2, Isolat SARS-CoV-2/Italy-INMI1). Elektronenmikroskopie, Negativkontrastierung (PTA). Maßstab: 100 nm.  
Quelle: Robert Koch-Institut

June Dalziel Almeida - a school dropout from Scotland - mastered immune electron microscopy and discovered coronaviruses. Her paper was rejected by “reputed journals”.

# Codierungs-Systeme

1. Informationstechnologie, Summe der Informationen der Menschen – 0 und 1:  
**Zwei** Buchstaben Code: Elektrische Ladung = 1, keine Ladung = 0
2. Alles Leben auf der Erde, auch Viren – A, C, G, T (5m-C) : **Vier (fünf)** Buchstaben Code
3. Musik – C bis H – **Zwölf** Buchstaben Code
4. Menschliche Sprachen – von **11 bis > 50.000** Symbol Code
5. Ägyptische Hieroglyphen – **700 bis 7.000** Zeichen (JEAN-FRANÇOIS CHAMPOLLION (1790–1832) **1822** – Rosetta Stone (Hieroglyphen, Demotisch, Altgriechisch))

# SARS-CoV-2 RNA Molekül mit 29.903 Nucleotiden – A, C, G, U/T

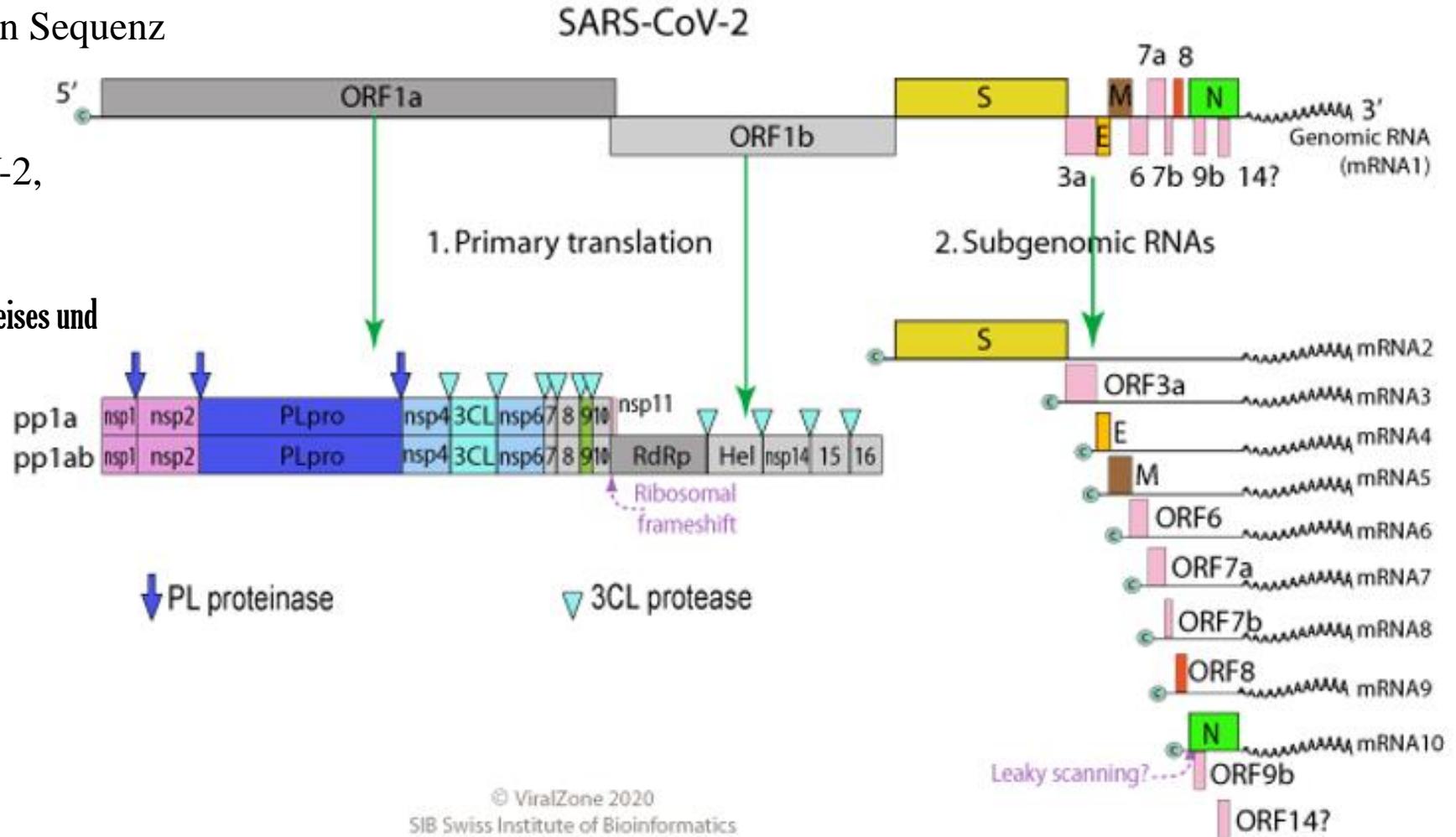
## Genkarte von SARS-CoV-2

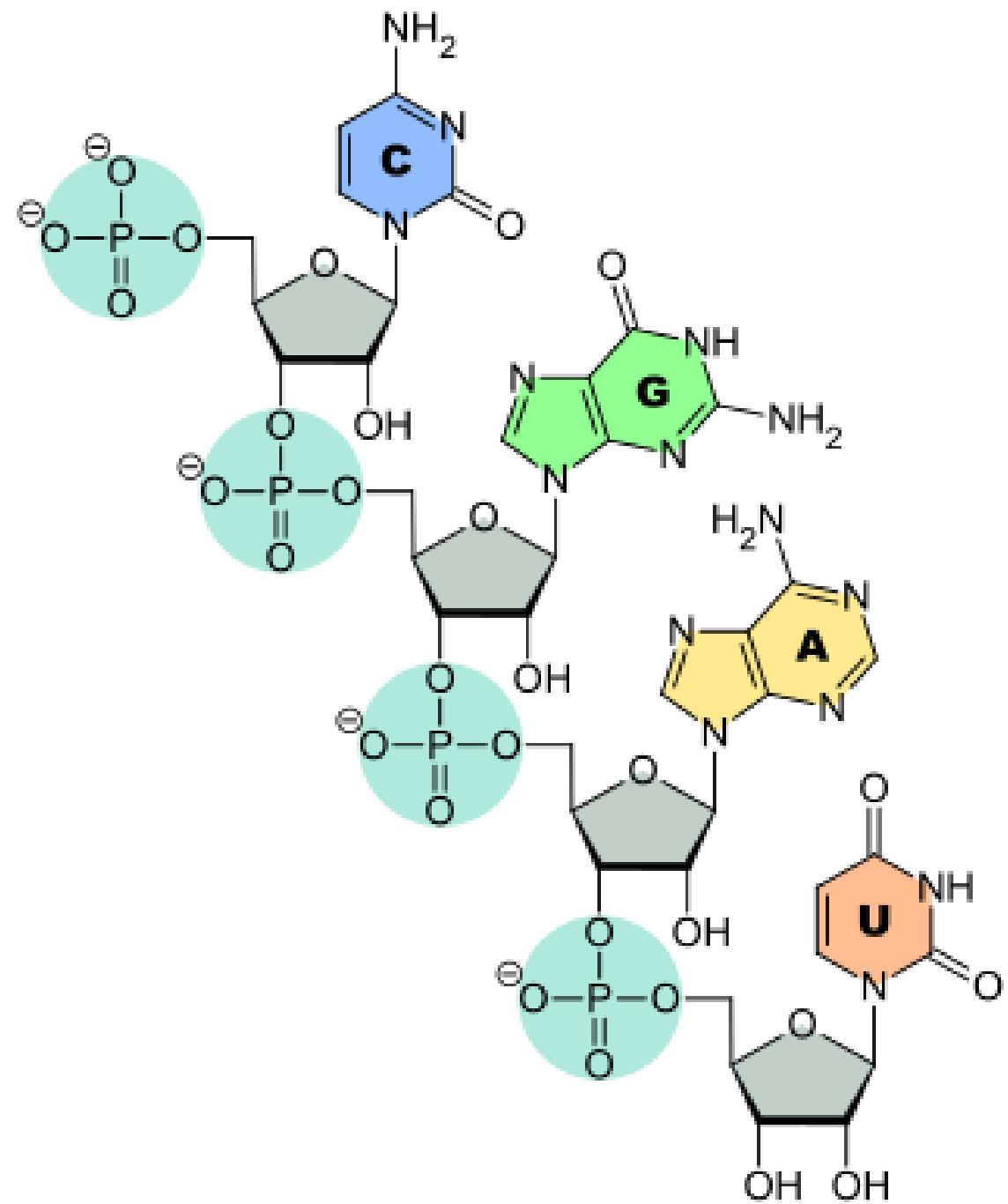
Nr. 1 5'-AUUAAGGUUUAUACCUCCAGGU - - -// - - GGAGAAUGACAAAAAAA  
Nr.29.903

SARS-CoV-2 NC\_045512.2, Wuhan Sequenz  
[Alle Sequenzen – GISAID, Flu!]

Man weiß Einiges über SARS-CoV-2,  
aber **wir verstehen es nicht**:

\*Salomos Traum: „Gott schenke mir ein weises und  
verstehendes Herz“ (1. Könige, 3)



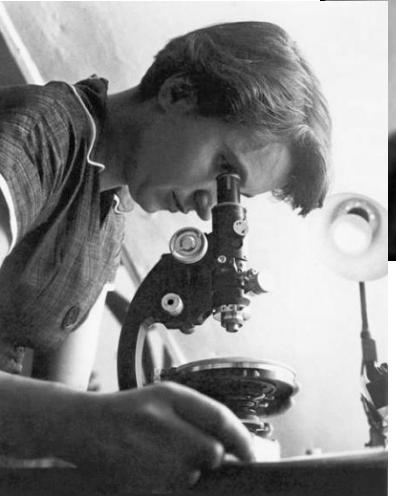




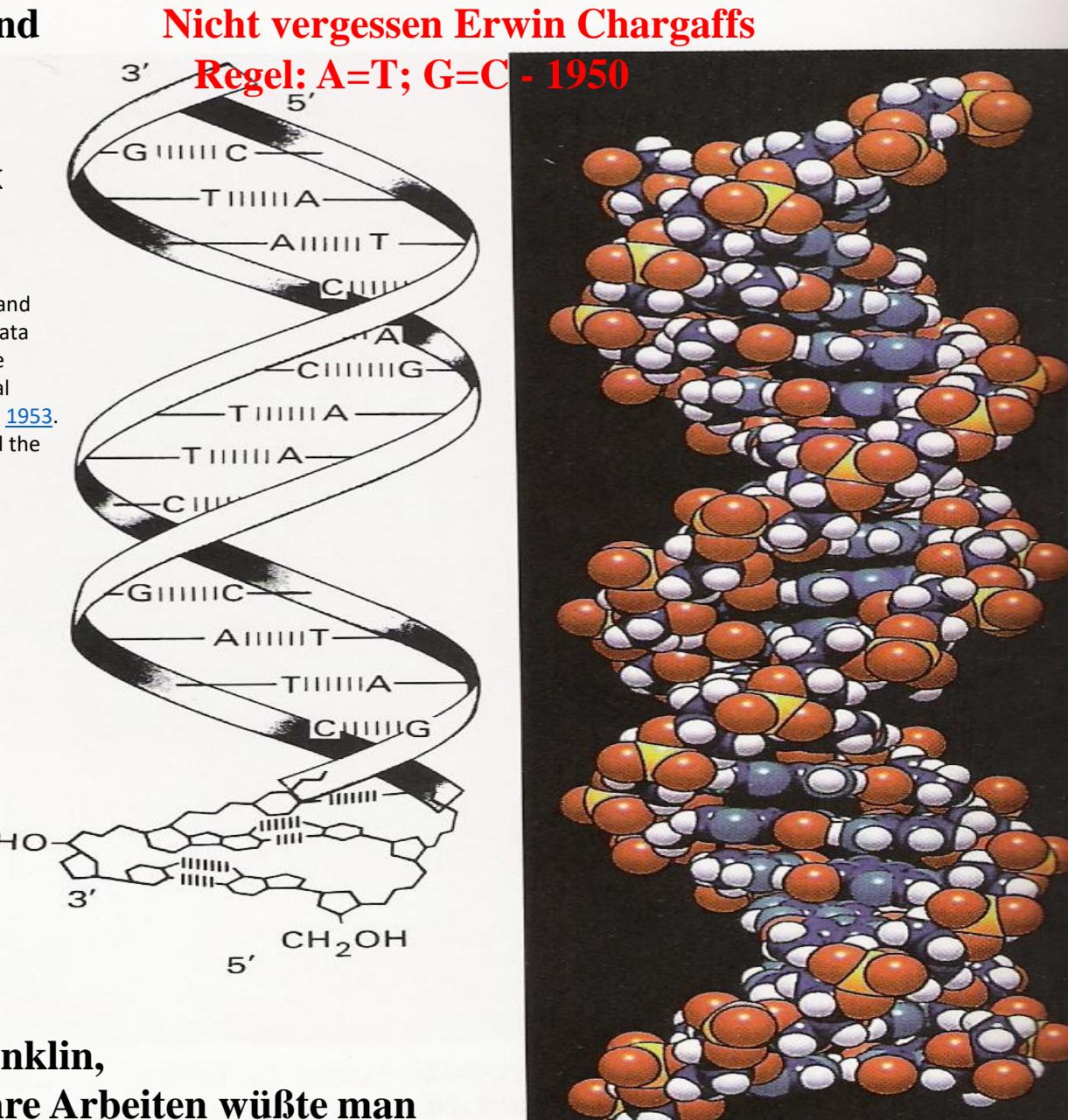
**James Watson and  
Francis Crick,  
Nature, 1953  
The double helix**



Raymond  
Gosling



**Rosalind Elsie Franklin,  
1920-1958, ohne ihre Arbeiten wüßte man  
vielleicht nichts von der Doppelhelix.  
NATURE 1953**



**Liverpool Street  
Station “Austerlitz”  
Roman von  
Winfried Sebald**

# **SARS-CoV-2 Mutanten und Varianten**

# Zusammenarbeiten mit .....



**Christina Ramirez-Kitchen,**  
Professor Bioinformatics,  
**UCLA, Los Angeles, CA**



**Harold Burger** (1970-1976, Rockefeller University, NYC + Institut für Genetik, Univ. zu Köln), **Barbara Weiser** (visitors in Köln & Weißenburg), **Kimdar Kemal**, Harold und Barbara Professores Emeriti, UC Davies, Sacramento, CA, now living and **working in Los Angeles, CA**

Von rechts: **Indrikis Muiznieks**, Rektor Latvias Universitate, Riga, Lettland; **Stefanie Weber**, Norbert Hochstein (Qiagen), **Anja Naumann (Gymnasiallehrerin)**, W.D.  
Am Eingang zum **Instituts für Virologie**, FAU Erlangen-Nürnberg – Seit 2002 Gaststatus unserer *Epigenetics Group* – Dank an Prof. Bernhard Fleckenstein († 2021) und Prof. Klaus Überla.



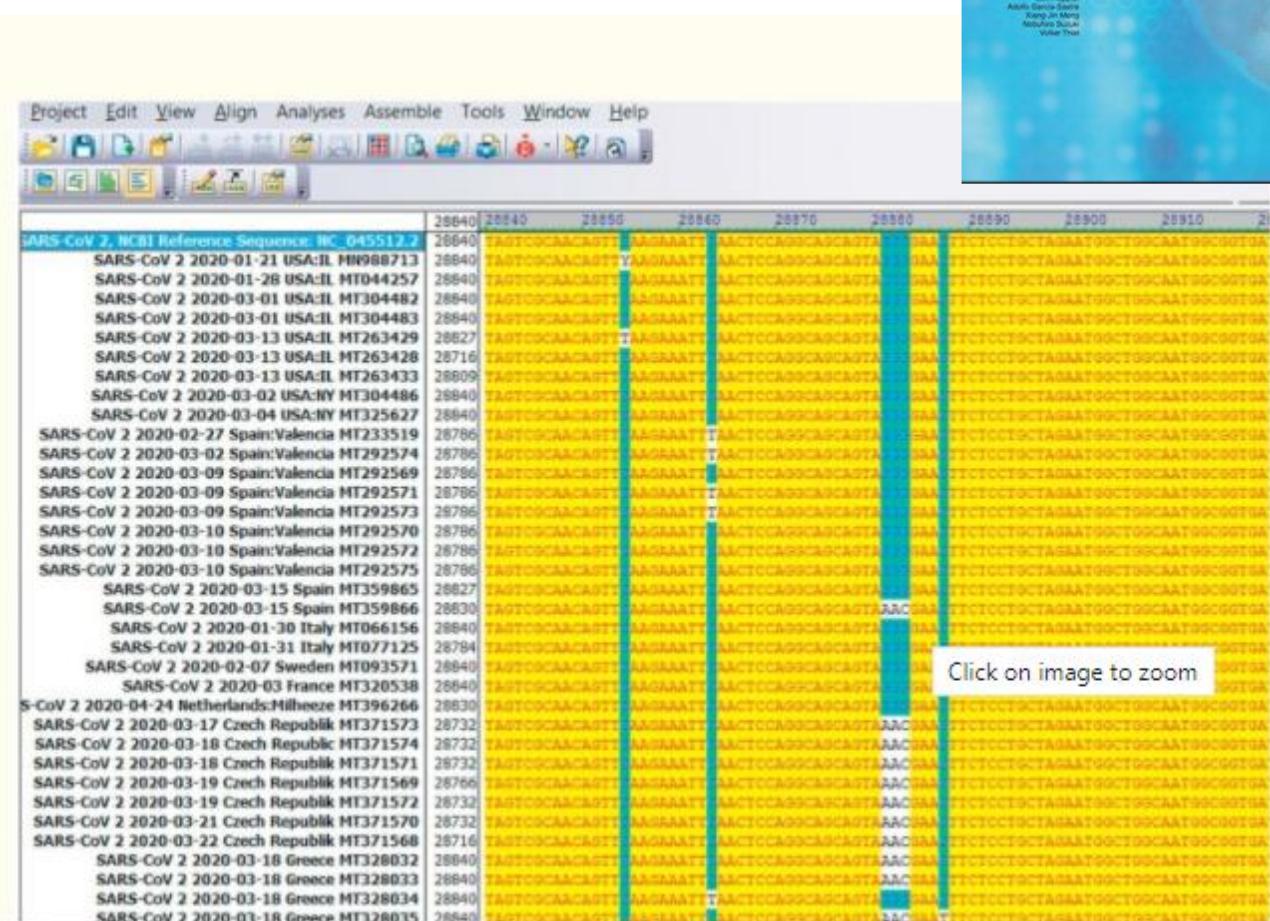
Signal hotspot mutations in SARS-CoV-2 genomes evolve as the virus spreads and actively replicates in different parts of the world

Stefanie Weber<sup>a</sup>, Christina Ramirez<sup>b</sup>, Walter Doerfler<sup>a,c,\*</sup>

<sup>a</sup> Institute for Clinical and Molecular Virology, Friedrich-Alexander University (FAU) Erlangen-Nürnberg, 91054, Erlangen, Germany

<sup>b</sup> Department of Biostatistics, UCLA School of Public Health, Los Angeles, CA, 90095-1772, USA

<sup>c</sup> Institute of Genetics, University of Cologne, 50674, Cologne, Germany



Virus Res. 2020 Nov;289:198170.  
doi:10.1016/j.virusres.2020.198170.  
Epub 2020 Sep 24.



C to T 58% - T to C 2.8%

Table 1  
Synopsis of Data.

## 19 Mutationen im Mai 2020

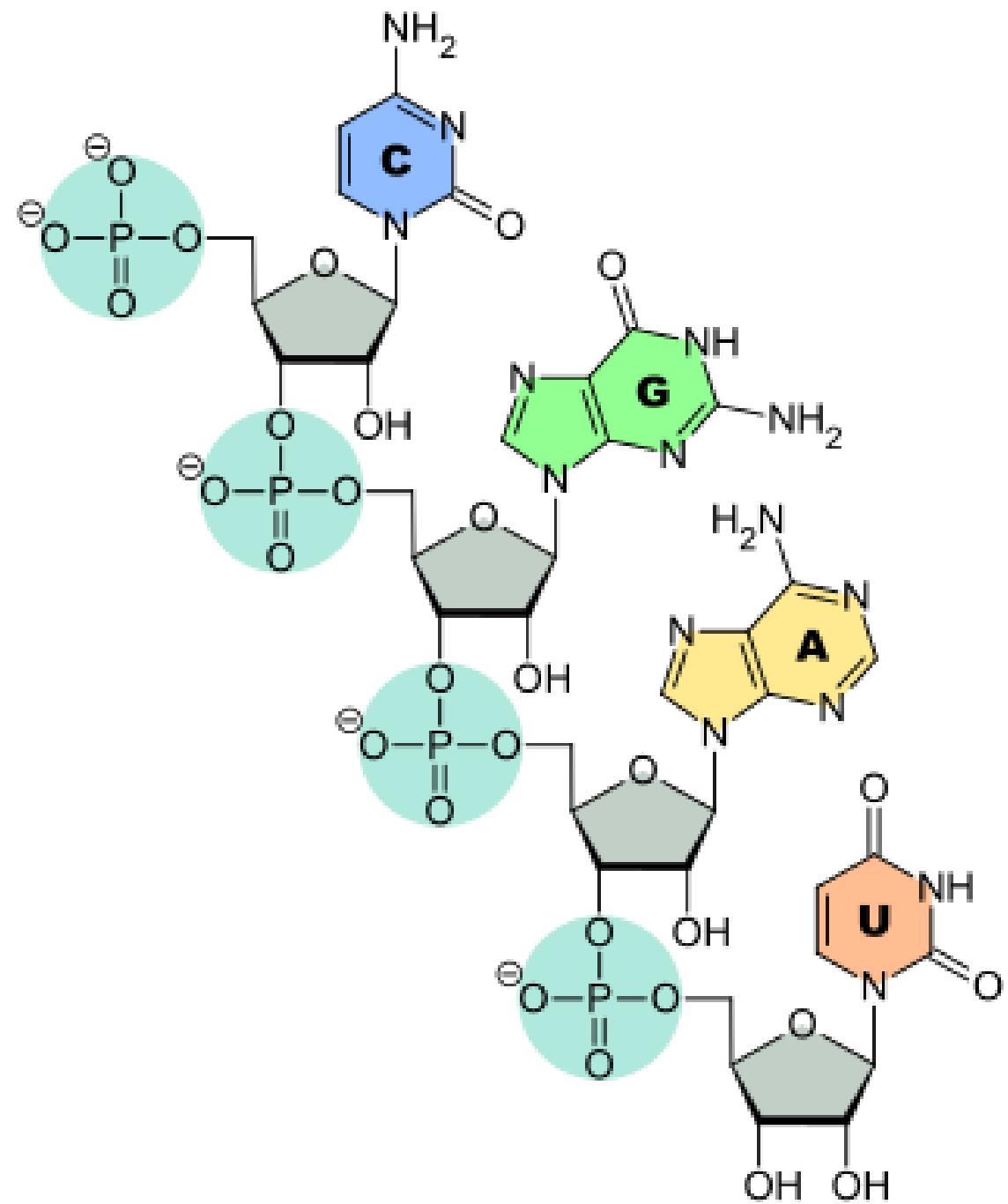
Genome Position	Mutation	China	Europe	Germany	Munich*	USA I	USA II	India
241nt	CG → TG	0/98	80/99	4/62	14/14	76/111	74/96	82/99
1,059nt	CC → TC	0/99	5/99	21/62	0/14	42/111	45/97	0/99
1,440nt	GC → AC	0/99	0/99	15/62	0/14	3/112	0/97	0/99
1,917 nt	CT → TT	0/99	0/99	0/62	0/14	0/112	11/97	0/99
2,891nt	GC → AC	0/99	0/99	15/62	0/14	3/112	0/97	0/99
3,037nt	CT → TT	2/99	80/99	41/62	14/14	75/111	72/97	81/99
6,446nt	GT → AT	0/99	0/99	0/62	10/14	0/112	1/97	0/99
8,782nt	CC → TC	29/99	5/99	1/62	0/14	15/112	15/97	7/99
14,408nt	CT → TT	2/99	81/99	39/62	0/14	78/112	71/97	80/99
17,747nt	CT → TT	0/99	0/99	0/62	0/14	8/112	12/97	0/99
17,858nt	AT → GT	0/99	0/99	0/62	0/14	8/112	12/97	0/99
18,060nt	CT → TT	0/99	0/99	0/62	0/14	9/112	11/97	0/99
22,444nt	CC → TC	0/99	0/99	0/62	0/14	0/112	1/97	26/99
23,403nt	AT → GT	0/99	81/99	1/62	14/14	77/112	72/97	80/99
25,563nt	GA → TA	0/99	7/99	21/62	0/14	65/112	54/97	43/99
26,735nt	CA → TA	0/99	1/99	0/62	0/14	0/112	1/97	39/99
28,144nt	TA → CA	29/99	5/99	1/62	0/14	15/112	15/97	7/99
28,854nt	CA → TA	2/99	0/99	1/62	0/14	3/112	3/97	29/99
28,881nt	GGG → AAC	2/99	35/99	9/62	0/14	3/112	6/97	2/99

Survey of all sequence comparisons of hotspot mutations. Synopsis of the most frequent SARS-CoV-2 mutations collected from 570 nucleotide sequences of NCBI GenBank sequences from China, Europe, Germany, \*Munich, the US (I and II), and India. Hotspot mutations (highlighted by enhanced print) arose, as SARS-CoV-2 expanded from China to different countries and populations. The \* relates to the work by Böhmer et al., 2020 who followed 16 COVID-19 patients from the Munich, Germany area, but SARS-CoV-2 sequence data were published for only 14. CORRECTION: Please use enhanced print of numbers as used in Table 1 of the original manuscript. Many thanks.

Sample collection and sequencing December 2019 to April/ May 2020

1. Mit Hilfe des Spike Glycoproteins (**S-Glycoprotein**) verankert sich das Coronavirus SARS-CoV-2 über das zelluläre Rezeptorprotein **Angiotensin-converting enzyme 2 (ACE2)** an der Zelloberfläche und gelangt so in das Zytoplasma der Zelle.
2. Die sehr häufige **Cytidin-zu-Uridin (C → U, T Mutation)** erfolgt über das zelluläre Protein **APOBEC (apolipoprotein B mRNA editing enzyme)**, eine **Cytidin Deaminase – Oxidative Deaminierung**.  
Ein Abwehr Mechanismus der Zelle – direkter Angriff auf das virale Genom.

Die APOBEC Familie der Cytidin Deaminasen ist sonst im Fettstoffwechsel der Zelle tätig und spielt auch bei der Antikörperbildung eine Rolle. Weiterhin hemmt APOBEC Retrotransposons, Retroviren, und manche DNA Viren.

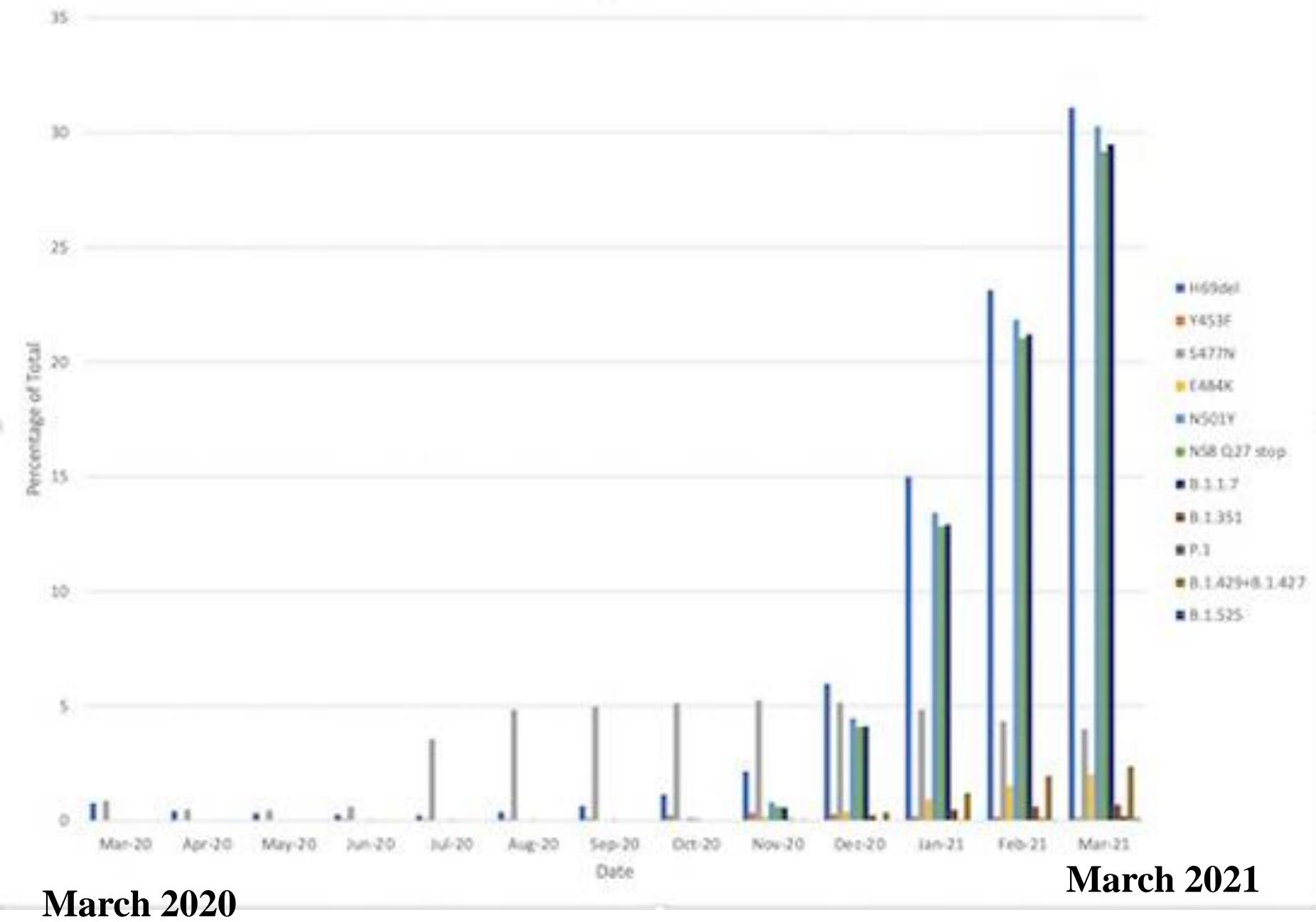


# SARS-CoV-2 worldwide replication drives rapid rise and selection of mutations across the viral genome: a time-course study – potential challenge for vaccines and therapies

Stefanie Weber<sup>1,†</sup>, Christina M Ramirez<sup>2,†</sup>, Barbara Weiser<sup>3</sup>, Harold Burger<sup>3</sup> & Walter Doerfler<sup>1,4,\*</sup> 

**S. Weber, C.M.Ramirez, B. Weiser, H. Burger & W. Doerfler** EMBO Molecular Medicine e14062 | 2021 - EMBO Mol Med (2021) e14062

### Mutations/Variants Over Time



# Survey of Mutations arising between July/August 2020 and January 2021

Country	Total number mutations	Novel Unique mutations	Novel Shared mutations	Sum novel mutations	Prevalent mutations	C to T transitions [in % of mutants]	RNA replication	Spike glycoprotein	Nucleocapsid phosphoprotein	Covid-19 cases	Covid-19 deaths
United Kingdom	43	20	18	38 (88.4%)	5	44.2	8	6	4	3,772,813	104,371 (2.77%)
South Africa	28	9	12	21 (75%)	7	46.4	4	7	3	1,443,939	43,633 (3.02%)
USA	39	17	13	30 (76.9%)	7	59	13	3	7	26,514,275	447,490 (1.69%)
India	23	9	9	18 (78.3%)	5	69.6	6	4	2	10,740,309	154,202 (1.44%)
Brazil	9	2	2	4 (44.4%)	5	44.4	1	2	2	9,119,477	222,775 (2.44%)
Russia	10	3	1	4 (40%)	6	50	2	1	1	3,832,080	72,697 (1.90%)
France	27	0	20	20 (74.1%)	7	40.7	7	2	5	3,153,487	75,620 (2.40%)
Spain	20	6	10	16 (80%)	4	50	3	4	3	2,830,478	58,319 (2.06%)
Germany	33	11	15	26 (78.8%)	7	51.5	5	5	5	2,209,057	57,150 (2.59%)

**Resumée**

**Fragen – Kommentare**

**Danach:**

**Micro-modulare Homologien zwischen allen Genomen: Ursache und biologische Bedeutung**

**Statistik und Biologie**

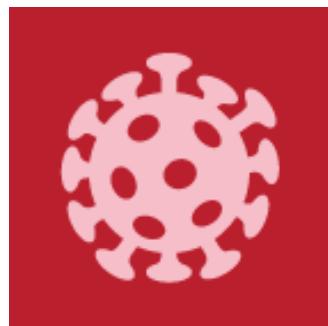
# Ubiquitous Micro-Modular Homologies among Genomes from Viruses to Bacteria to Human (Mitochondrial) DNA: Platforms for Recombination during Evolution?

Stefanie Weber,<sup>1</sup> Christina M. Ramirez and Walter Doerfler

Institute for Clinical and Molecular Virology, FAU Erlangen-Nürnberg, Department of Biostatistics, UCLA School of Public Health, Los Angeles, USA, Institute of Genetics, University of Cologne, Cologne, Germany

*Viruses* 2022, 14(5), 885; <https://doi.org/10.3390/v14050885>

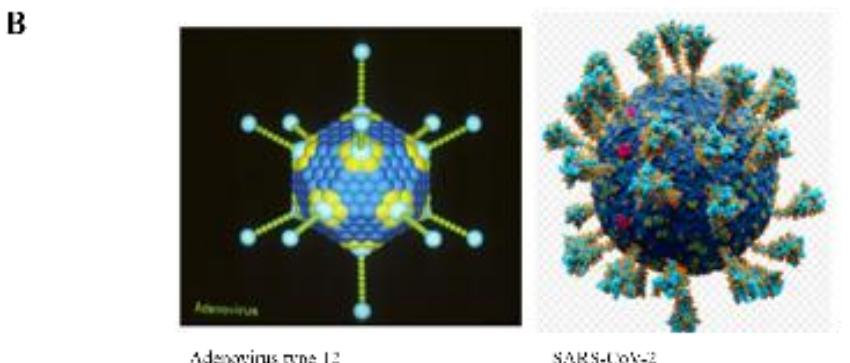
Received: 25 February 2022, Published: 24 April 2022



*viruses*

**A**

Adenovirus type 1 SARS-CoV-2 Spike orthogonal SARS-CoV-2 Spike delta	31123 31130 31140 31150 31160 31170 31180 31190 31200 31213	Section 343
Adenovirus type 1 SARS-CoV-2 Spike orthogonal SARS-CoV-2 Spike delta	31214 31220 31230 31240 31250 31260 31270 31280 31290 31294	Section 344
Adenovirus type 1 SARS-CoV-2 Spike orthogonal SARS-CoV-2 Spike delta	31300 31310 31320 31330 31340 31350 31360 31370 31380 31390	Section 345
Adenovirus type 2 SARS-CoV-2 Spike orthogonal SARS-CoV-2 Spike delta	31396 31410 31420 31430 31440 31450 31460 31470 31480	Section 346
Adenovirus type 2 SARS-CoV-2 Spike orthogonal SARS-CoV-2 Spike delta	31487 31500 31510 31520 31530 31540 31550 31560 31577	Section 347
Adenovirus type 2 SARS-CoV-2 Spike orthogonal SARS-CoV-2 Spike delta	31578 31590 31600 31610 31620 31630 31640 31650 31668	Section 348



**C**

Adenovirus type 12 SARS-CoV-2	6112 6120 6130 6140 6150 6160 6170 6180 6190 6208	Section 64
Adenovirus type 12 SARS-CoV-2	6209 6220 6230 6240 6250 6260 6270 6280 6290 6305	Section 65
Adenovirus type 12 SARS-CoV-2	6308 6320 6330 6340 6350 6360 6370 6380 6390 6402	Section 66
Adenovirus type 12 SARS-CoV-2	6403 6410 6420 6430 6440 6450 6460 6470 6480 6489	Section 67
Adenovirus type 12 SARS-CoV-2	6490 6510 6520 6530 6540 6550 6560 6570 6580 6595	Section 68
Adenovirus type 12 SARS-CoV-2	6597 6610 6620 6630 6640 6650 6660 6670 6680 6685	Section 69
Adenovirus type 12 SARS-CoV-2	6694 6700 6710 6720 6730 6740 6750 6760 6770 6780 6790	Section 70
Adenovirus type 12 SARS-CoV-2	6791 6800 6810 6820 6830 6840 6850 6860 6870 6880 6890	Section 71

## Probakterien vs. SARS-CoV-2

<b>A</b>	<i>Ca. C. ruddii</i> strain BT Ca. <i>C. ruddii</i> strain 135,557 - 167,442 nt SARS-CoV-2	159853    159863    159874    159885    159896    159907    159918    159929	Section 2077
	<i>Ca. C. ruddii</i> strain BT Ca. <i>C. ruddii</i> strain 135,557 - 167,442 nt SARS-CoV-2	159930    159940    159951    159962    159973    159984    159995    160006	Section 2078
	<i>Ca. C. ruddii</i> strain BT Ca. <i>C. ruddii</i> strain 135,557 - 167,442 nt SARS-CoV-2	160007    160017    160028    160039    160050    160061    160072    160083	Section 2079
	<i>Ca. C. ruddii</i> strain BT Ca. <i>C. ruddii</i> strain 135,557 - 167,442 nt SARS-CoV-2	160084    160094    160105    160116    160127    160138    160149    160160	Section 2080
	<i>Ca. C. ruddii</i> strain BT Ca. <i>C. ruddii</i> strain 135,557 - 167,442 nt SARS-CoV-2	160161    160171    160182    160193    160204    160215    160226    160237	Section 2081
	<i>Ca. C. ruddii</i> strain BT Ca. <i>C. ruddii</i> strain 135,557 - 167,442 nt SARS-CoV-2	160238    160248    160259    160270    160281    160292    160303    160314	Section 2082
<b>B</b>	SARS-CoV-2 <i>E. coli</i> K12 1 - 200,000 nt	153833    153846    153857    153868    153879    153890    153901    153914	Section 1877
	SARS-CoV-2 <i>E. coli</i> K12 1 - 200,000 nt	153915    153923    153934    153945    153956    153967    153978    153996	Section 1878
	SARS-CoV-2 <i>E. coli</i> K12 1 - 200,000 nt	153997    154011    154022    154033    154044    154055    154066    154078	Section 1880
	SARS-CoV-2 <i>E. coli</i> K12 1 - 200,000 nt	154079    154088    154099    154110    154121    154132    154143    154160	Section 1881
	SARS-CoV-2 <i>E. coli</i> K12 1 - 200,000 nt	154161    154176    154187    154198    154209    154220    154231    154242	Section 1882
	SARS-CoV-2 <i>E. coli</i> K12 1 - 200,000 nt	154243    154253    154264    154275    154286    154297    154308    154324	Section 1883
	SARS-CoV-2 <i>E. coli</i> K12 1 - 200,000 nt	154325 154330    154341    154352    154363    154374    154385    154406	Section 176
<b>C</b>	SARS-CoV-2 11,168 - 29,055 nt <i>H. sapiens</i> mitochondrion	14876    14890    14900    14910    14920    14930    14940    14950    14960	Section 177
	SARS-CoV-2 11,168 - 29,055 nt <i>H. sapiens</i> mitochondrion	14961    14970    14980    14990    15000    15010    15020    15030    15045	Section 178
	SARS-CoV-2 11,168 - 29,055 nt <i>H. sapiens</i> mitochondrion	15046    15060    15070    15080    15090    15100    15110    15120    15130	Section 179
	SARS-CoV-2 11,168 - 29,055 nt <i>H. sapiens</i> mitochondrion	15131    15140    15150    15160    15170    15180    15190    15200    15215	Section 180
	SARS-CoV-2 11,168 - 29,055 nt <i>H. sapiens</i> mitochondrion	15216    15230    15240    15250    15260    15270    15280    15290    15300	Section 181
	SARS-CoV-2 11,168 - 29,055 nt <i>H. sapiens</i> mitochondrion	15301    15310    15320    15330    15340    15350    15360    15370    15385	Section 182
	SARS-CoV-2 11,168 - 29,055 nt <i>H. sapiens</i> mitochondrion	15386    15400    15410    15420    15430    15440    15450    15460    15470	Section 183

## Escherichia coli = Darmbakterium vs. SARS-CoV-2

## Mensch (Mitochondrien) vs. SARS-CoV-2

## Random DNA 29.903nt 09.09.2021 &amp; SARS-CoV-2.apr

	21659	21670	21680	21690	21700	21710	21720	21730	21749	Section 239
SARS-CoV-2 NC_045512.2 (20774)	GCATAATGATGATGTCGGC	AATAATATACTCAACTGTG	CAATATTA	AAACATTAACATTTA	ACATTTAGCGTGTACCC	TTAAAT-----	ATGAGA-GTC			
Random DNA 29.903nt 09.09.2021 (20635)	G---TGCCTTAAATGCC	TAAATGACGCGA	GGGC	GGGACGCC	TAACCTCTA-C	TTAAAGAACGCGC	GGG	GGGCC	CAGTAGACGTT	
	21750	21760	21770	21780	21790	21800	21810	21820	21830	21840
SARS-CoV-2 NC_045512.2 (20840)	ATACATTTGGTGCTGG	TCTG----	TAATGGAGT	GCACCGAGTAC	CTGTTT	AGACAGTGGT	GCCTACG	--GGTAC	CTGCTT	
Random DNA 29.903nt 09.09.2021 (20720)	ATTECGGGGACCCAA	TGACGACALG	AAAAGCT	CGCACCGGG	---AGGC	AAACGAC	AGATAAAG	ATGACGATTG	GGGCGG	
	21841	21850	21860	21870	21880	21890	21900	21910	21920	21931
SARS-CoV-2 NC_045512.2 (20945)	TGATTTCAGATC	TAATGAC	TTTGCTCTG	ATGCA	ATTCAC	TTGATGGTGA	TGCAAC	TTACATACAGC	TAATAAA	-GGGATC
Random DNA 29.903nt 09.09.2021 (20806)	--GATTTGTCCG	GT	ACCACTACATCTCAG	-CCAGCTGT	--GGGG	GTG	--AAGGGAGT	GTGAGCT	CCCGC	AAATCTGTCGATGC
	21932	21940	21950	21960	21970	21980	21990	22000	22010	22022
SARS-CoV-2 NC_045512.2 (21035)	CCA--TATTAGTGA	--TATG	TACGACCC	TAAGACT	AAAATG	TTACAA	AAAGA	AAATGACT	TTAAAGA	GGGT
Random DNA 29.903nt 09.09.2021 (20892)	TGACCG	TACCA	CGAGGTAGTT	TGGTACT	--GC	TTAATAC	CCCTG	ACCCACG	TTTC	CGCTTG
	22023	22030	22040	22050	22060	22070	22080	22090	22100	22113
SARS-CoV-2 NC_045512.2 (21122)	GGTTTATA	CAACAA	AAAGC	TAGC	CITGAGGG	TC	GGGCTATAAAGA	TAAC	AGACAT	CTGGAA
Random DNA 29.903nt 09.09.2021 (20980)	CCCCAT	AAATTG	TAGAG	GTACT	ATCGT	CA	GGCATGAA	TAGCGTC	AGTGGAGAA	-AC
	22114	22120	22130	22140	22150	22160	22170	22180	22190	22204
SARS-CoV-2 NC_045512.2 (21213)	ACACCTCG	-CATGG	GGGACAGC	CTTGT	TTACTA	ATGAA	TGCGTC	ATCAT	CTGAAAG	CATT
Random DNA 29.903nt 09.09.2021 (21070)	TGCT	GGTCC	A	ATGAA	TGAC	ATGCT	CCC	GGGCG	--TCCCC	CGAC
	22205	22210	22220	22230	22240	22250	22260	22270	22280	22295
SARS-CoV-2 NC_045512.2 (21300)	ACCACCG	CGARCAA	--ATAGATG	TTAAGTC	ATGCA	TTACAT	TTA	TGGAGGG	ATXCARA	CCATT
Random DNA 29.903nt 09.09.2021 (21159)	AGCTG	GGT	CA	GGTCC	GGGC	TTAAGT	GC	--TGC	ACGGATA	ACGTT

Im Sequenz Vergleich: SARS-CoV-2 und im Computer generierte Zufalls DNA Sequenz

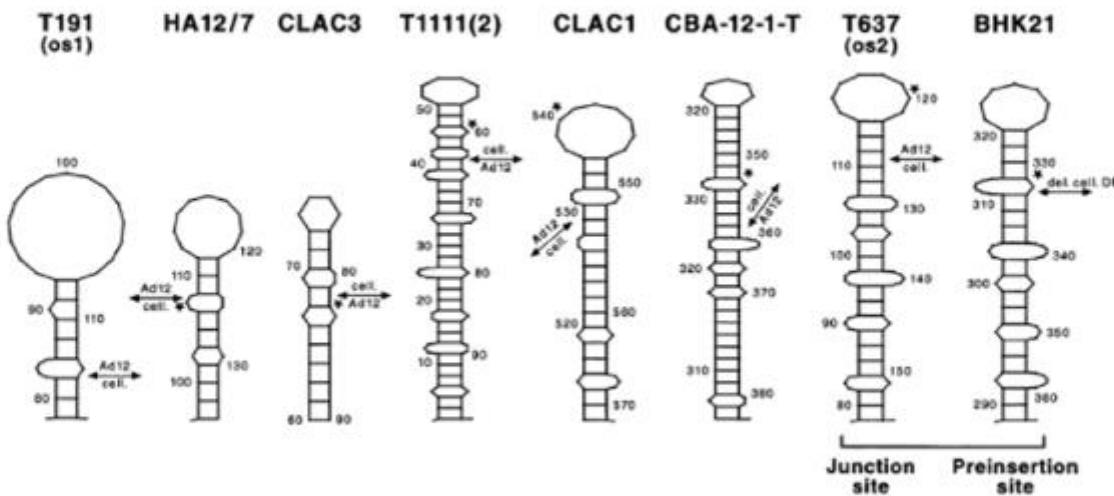
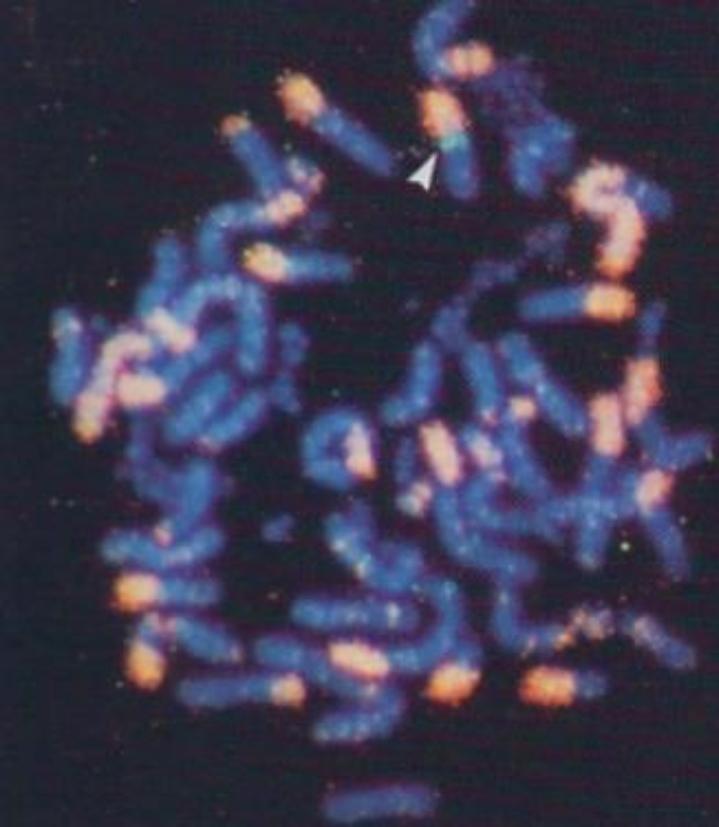


FIG. 7. Stem-loop structures at the sites of linkage between Ad12 DNA and cellular DNA from several Ad12-transformed hamster cell lines and Ad12-induced hamster or mouse tumors or tumor cell lines. A stem-loop structure at the preinsertion site in BHK21 cells was also shown. Details are described in the text. Double-headed arrows, Ad12 DNA-cell DNA junction sites; asterisks, topoisomerase I recognition sites.

Heller H, Kämmer C, Wilgenbus P, Doerfler W. Chromosomal insertion of foreign (adenovirus type 12, plasmid, or bacteriophage lambda) DNA is associated with enhanced methylation of cellular DNA segments. Proc Natl Acad Sci U S A. 1995 Jun 6;92(12):5515-9. doi: 10.1073/pnas.92.12.5515.

Knoblauch M, Schröer J, Schmitz B, Doerfler W. The structure of adenovirus type 12 DNA integration sites in the hamster cell genome. J Virol. 1996 Jun;70:3788-96. doi: 10.1128/JVI.70.6.3788-3796.1996

## **Fragen – Kommentare**

**Danach:**

**Ubiquitäre Sequenz Homologien zwischen SARS-CoV-2 und menschlichen Genomabschnitten**

**Frage: Sequenzaustausche zwischen SARS-CoV-2 und menschlichen Genomabschnitten als Mitursache für die Schnelligkeit und Häufigkeit des Auftauchens neuer Varianten von SARS-CoV-2?**

# SARS-CoV-2 Wuhan 2019 versus omicron BA.4

Position	Mutation	Distance in nucleotides to previous position	Position	Mutation	Distance in nucleotides to previous mutation
240nt§	C → T		25,000nt	C → T	531
2,790nt	C → T	2,550	25,417nt	C → T	417
3,796nt	C → T	1,006	25,584nt	C → T	167
3,927nt	C → T	131	26,060nt	C → T	76
4,184nt	G → A	257	26,275nt	A → G	215
4,321nt	C → T	137	26,577nt	C → G	302
4,586nt	C → T	265	26,709nt	G → A	132
5,183nt	C → T	597	26,859nt	C → T	150
9,344nt	C → T	4,161	27,259nt	A → C	400
9,424nt	A → G	80	<b>27,382-84nt</b>	<b>GAT → CTC</b>	<b>123</b>
9,534nt	C → T	110	27,807nt	C → T	423
9,866nt	C → T	332	28,271nt	A → T	464
10,029nt	C → T	63	28,311nt	C → T	40
10,198nt	C → T	169	<b>28,362-70nt</b>	<b>GAGAACGCA deletion</b>	
<b>10,447nt</b>	<b>G → A</b>	<b>249</b>	<b>28,881-83nt§</b>	<b>GGG → AAC</b>	<b>511</b>
<b>10,449nt</b>	<b>C → A</b>	<b>2</b>	29,510nt	A → C	627
12,444nt	G → A	1,195	29,843-903nt	deletion	333
12,880nt	C → T	436			
14,408nt§	C → T	1,528			
15,451nt	G → A	1,043			
15,714nt	C → T	263			
17,410nt	C → T	1,696			
18,163nt	A → G	753			
19,955nt	C → T	1,792			
21,618nt	C → T	1,663			
21,977nt	G → A	359			
22,001nt	A → G	24			
22,016nt	T → C	25			
22,033nt	C → A	17			
22,190nt	A → G	157			
22,200nt	T → G	10			
22,331nt	G → A	131			
<b>22,577-78nt</b>	<b>GG → CA</b>	<b>246</b>			
22,674nt	C → T	96			
22,679nt	T → C	5			
22,686nt	C → T	7			
22,688nt	A → G	2			
22,775nt	G → A	89			
22,786nt	A → C	11			
22,813nt	G → T	27			
22,882nt	T → G	69			
22,898nt	G → A	16			
22,992nt	G → A	94			
22,995nt	C → A	3			
23,013nt	A → C	18			
23,403nt§	A → G	390			
23,525nt	C → T	122			
23,599nt	T → G	74			
23,604nt	C → A	5			
23,854nt	C → A	250			
23,948nt	G → T	94			
24,424nt	A → T	476			
24,469nt	T → A	45			

**SARS-CoV-2  
Wuhan 2019  
versus omicron  
BA.2.75**

Position	Mutation	Distance in nucleotides to previous position	Position	Mutation	Distance in nucleotides to previous position
241nt§	C → T		25,708nt	T → C	124
670nt	G → T	429	26,060nt	T → C	352
686nt	G → A	16	26,681nt	T → C	621
2,790nt	T → C	2,104	26,708nt	A → G	27
3,037nt§	T → C	257	26,858nt	T → C	150
4,321nt	T → C	1,284	27,259nt	C → A	401
9,343nt	T → C	5,022	<b>27,382-84nt</b>	<b>CTC → GAT</b>	<b>123</b>
9,424nt	G → A	81	27,788nt	T → G	404
9,534nt	T → C	110	27,807nt	T → C	19
10,029nt	T → C	495	28,271nt	T → A	464
10,198nt	T → C	169	28,311nt	T → C	40
10,447nt	A → G	249	<b>28,362-70nt</b>	<b>GAGAACGCA deletion</b>	<b>51</b>
10,449nt	A → C	2	28,724nt	T → C	354
11,296nt	G → T	847	<b>28,821-23nt</b>	<b>AAC → GGG</b>	<b>97</b>
12,160nt	A → G	864	29,510nt	C → A	687
12,880nt	T → C	720	29,804nt	major deletion	
14,408nt§	T → C	1,528			
15,714nt	T → C	1,304	21,766nt	ACATG deletion	correction
17,410nt	T → C	1,696			
18,163nt	G → A	753	21,633nt	TACCCCCTG deletion	correction
19,655nt	G → A	1,492			
19,955nt	T → C	300			
21,618nt	T → C	1,663			
21,641nt	T → G	23			
21,766nt	C → A	125			
21,987nt	A → G	221			
22,578nt	A → G	591			
22,674nt	T → C	96			
22,679nt	C → T	5			
22,686nt	T → C	5			
22,688nt	G → A	2			
22,775nt	A → G	87			
22,813nt	T → G	38			
22,882nt	G → T	69			
22,917nt	G → T	35			
22,992nt	A → G	75			
22,995nt	A → C	3			
23,013nt	C → A	18			
23,018nt	G → T	5			
23,055nt	G → A	37			
23,063nt	T → A	8			
23,075nt	C → T	12			
23,403nt§	G → A	328			
23,525nt	T → C	122			
23,535nt	G → A	10			
23,599nt	G → T	64			
23,604nt	A → C	5			
23,854nt	A → C	250			
23,948nt	T → G	94			
24,424nt	T → A	524			
24,469nt	A → T	45			
25,000nt	T → C	531			
25,584nt	T → C	584			

§ Mutations described in Weber & Doerfler, Virus Res. 2020: Table 4 – SARS-CoV-2 Wuhan vs. BA.2.75

§ mutations already described in Weber & Doerfler, Virus Res. 2020



Position	Mutation	Distance in nucleotides to previous position	Position	Mutation	Distance in nucleotides to previous mutation
240nt\$	C → T		25,000nt	C → T	531
2,790nt	C → T	2,550	25,417nt	C → T	417
3,796nt	C → T	1,006	25,584nt	C → T	167
3,927nt	C → T	131	26,060nt	C → T	76
4,184nt	G → A	257	26,275nt	A → G	215
4,321nt	C → T	137	26,577nt	C → G	302
4,586nt	C → T	265	26,709nt	G → A	132
5,183nt	C → T	597	26,859nt	C → T	150
9,344nt	C → T	4,161	27,259nt	A → C	400
9,424nt	A → G	80	27,382-84nt	GAT → CTC	123
9,534nt	C → T	110	27,807nt	C → T	423
9,866nt	C → T	332	28,271nt	A → T	464
10,029nt	C → T	63	28,311nt	C → T	40
10,198nt	C → T	169	28,362-70nt	GAGAACGCA deletion	
10,447nt	G → A	249	28,881-83nt\$	GGG → AAC	511
10,449nt	C → A	2	29,510nt	A → C	627
12,444nt	G → A	1,195	29,843-903nt	deletion	333
12,880nt	C → T	436			
14,408nt\$	C → T	1,528			
15,451nt	G → A	1,043			
15,714nt	C → T	263			
17,410nt	C → T	1,696			
18,163nt	A → G	753			
19,955nt	C → T	1,792			
21,618nt	C → T	1,663			
21,977nt	G → A	359			
22,001nt	A → G	24			
22,016nt	T → C	25			
22,033nt	C → A	17			
22,190nt	A → G	157			
22,200nt	T → G	10			
22,331nt	G → A	131			
22,577-78nt	GG → CA	246			
22,674nt	C → T	96			
22,679nt	T → C	5			
22,686nt	C → T	7			
22,688nt	A → G	2			
22,775nt	G → A	89			
22,786nt	A → C	11			
22,813nt	G → T	27			
22,882nt	T → G	69			
22,898nt	G → A	16			
22,992nt	G → A	94			
22,995nt	C → A	3			
23,013nt	A → C	18			
23,403nt\$	A → G	390			
23,525nt	C → T	122			
23,599nt	T → G	74			
23,604nt	C → A	5			
23,854nt	C → A	250			
23,948nt	G → T	94			
24,424nt	A → T	476			
24,469nt	T → A	45			

## Sequenzvergleich Wuhan 2019 mit Omicron BA.2.75

## • Informationen zur XBB.1.5 Variante

Laut WHO ist sie die bislang **ansteckendste Subvariante des Coronavirus**. Besonders in den USA hat der **Omkron-Subtyp XBB.1.5 schnell bisher vorherrschende Corona-Varianten verdrängt**: Seit November verdoppelte sich der Anteil an Neuinfektionen mit XBB.1.5 dort wöchentlich, gleichzeitig steigen auch die absoluten Infektionszahlen wieder. Die [US-Gesundheitsbehörde CDC](#) hatte den Anteil der Variante XBB.1.5 zum Jahreswechsel zunächst anhand von Modellierungen auf **40,5 Prozent geschätzt**. **Mittlerweile hat sie die Zahl auf 27,6 Prozent korrigiert**, geht aber weiter von einem starken Wachstum aus. Auch in Großbritannien steigen die XBB.1.5 Fallzahlen Medienberichten zufolge.

In Deutschland ist der Virus-Subtyp ebenfalls nachgewiesen worden. Aktuelle Zahlen des Robert Koch-Instituts zum XBB.1.5-Anteil in Deutschland gibt es noch nicht - der nächste Wochenbericht mit neuen Daten erscheint am 12. Januar.

Die **neue Subvariante ist zwar ansteckender**, bislang gebe es jedoch keine Hinweise darauf, dass sie auch zu schwereren Krankheitsverläufen führe, gibt die WHO bekannt. Eine genaue Risikoabschätzung stellt die WHO für die nächsten Tage in Aussicht.

## VERGLEICH - XBB.1.5 (2022/3) mit SARS-CoV-2 Wuhan (2019)

C<sub>+</sub>4T, C241T, A405G, T670G, C2790T, C3037T, G4184A, C4321T,  
C5770T, C9344T, A9424G, C9534T, C9866T, C10029T, C10198T,  
T10204C, \*G10447A, C10449A (GCC – ACA), **<sup>o</sup>del (9) 11288-11296**, C12880T, C14408T, C15279T, G15451A,  
C15714T, C15738T, T15939C, T16342C, T17124C, C17410T, T17859C, A18163G, A19326G, C19955T, A20055G,  
✳C21618T, T21633C, **<sup>o</sup>del (9) 21635-21643**, T21810C, G21987A, **<sup>o</sup>del (3) 21992-21994**, C22000A, C22109G, T22200A  
G22317T, \*G22577C, G22578A (GG – CA), G22599C, C22664A, C22674T, T22679C, C22686T, A22688G, G22775A,  
A22786C, G22813T, T22882G, **<sup>o</sup>G22895C, T22896C (GT – CC)**, G22898A, T22942G, G22992A, C22995A, A23013C,  
**<sup>o</sup>T23018C, T23019C (TT to CC)**, T23031C, A23055G, A23063T, T23075C, A23403G, C23525T, T23599G, C23604A,  
C23854A, G23948T, A24424T, T24469A, C25000T, ✳C25416T, C25584T, C26060T, C26270T, A26275G, C26577G,  
G26709A, C26858T, A27259C, \*G27382C, A27383T, T27384C (GAT – CTC), C27807T, G27915T, A28271T,  
C28311T, A28363T, \*del (9) 28364-28372, \*G28881A, G28882A, G28883C (GGG – AAC), A29510C,  
del29734\_29759

**30 C – T ;    12 T – C in XBB.1.5**

**\* and <sup>o</sup> Comparisons to BA.2.75**

**Point mutations in XBB, but not in BA.2.75 – 29, i.e. new ones in XBB,**

**Point mutations in XBB, but not in original WUHAN - 86**

**Spike protein – nt. 21563 to nt. 25384 ✳ to ✳ Mutations in spike protein gene - 41**

<u>C15738T,</u>				21
<u>T15939C,</u>				65
<u>T16342C,</u>				10
<u>T17124C,</u>				5
C17410T,				7
<u>T17859C,</u>				2
A18163G,				87
<u>A19326G,</u>				11
C19955T,				27
29				69
<u>A20055G,</u>				13
100				2
C21618T,	1563	✿	<u>T22942G,</u>	44
<u>T21633C,</u>	15		G22992A,	50
<u>o del (9)21635-21643,</u>	2		C22995A,	3
T21810C,	167		A23013C,	18
G21987A,	177		<u>o T23018C, T23019C (TT to CC),</u>	5
<u>o del (3) 21992-21994,</u>	5		<u>T23031C,</u>	12
C22000A,	6		<u>A23055G,</u>	24
<u>C22109G,</u>	109		<u>A23063T,</u>	8
T22200A,	91		<u>T23075C,</u>	12
G22317T	117			

- Unter den SARS-CoV-2 Mutanten und Varianten finden sich 40 bis 50% C zu T Veränderungen.
- Frage: Wie kann der hohe CG “Verlust “ ausgeglichen werden?
- In der Omikron Variante BA.4 finden sich 65% Punkt-Mutationen, davon sind 25 (38.5%) T to C und nur 3 (4.6%) C to T Änderungen.
- Könnte das bedeuten, dass sich die BA.4 Variante gerade wieder erholt hat und jetzt wieder gut gerüstet ist?

**In Science, hypotheses assume a dual role.**

**On the one hand, they are still far from established facts.**

**On the other hand, without hypothesis-driven research, science might run dry and become stale.**

**Only rarely, do hypotheses prove true at first presentation.**

**But after intense criticism, doubt and doubt again, usually by pure chance (e.g. splitting the atom), the kernel of truth becomes apparent. Perseverance is of the essence.**

**Ausdauer ist auch in der Wissenschaft überlebenswichtig**

**ALSO läuft das so ab. Die Kritiker:**

- 1. Jahr – Das ist total verrücktes Zeug, ist der Autor vielleicht schon senil?**
- 2. Jahr – Sehr unwahrscheinlich (über die Hypothese) – ich glaube kein Wort**
- 3. Jahr – Ja, vielleicht in seltenen Fällen.**
- 4. Jahr – Das habe ich schon immer gesagt.**

**Resumée**

**Fragen – Kommentare, danach**

**Einschätzung W.D. gegenwärtige Situation**

- World - Total cases January 11, 2023 - **669,599,563** Deaths: **6,718,464 (1.0%)**
- In Germany, from **3 January 2020** to **4:25pm CET, 10 January 2023**, there have been **37.540.072** confirmed cases of COVID-19 with **162.975** deaths (**0.43%**), reported to WHO. As of **11 December 2022**, a total of **192.337.174** vaccine doses have been administered.
- In the EU, total cases **271.698.504**, total deaths **2.169.903 (0.8%)**
- In the United States of America, from **3 January 2020** to **4:25pm CET, 10 January 2023**, there have been **99.888.608** confirmed cases of COVID-19 with **1.084.932** deaths (**1.1%**), reported to WHO. As of **16 December 2022**, a total of **652.464.668** vaccine doses have been administered.
- In China, from **3 January 2020** to **4:25pm CET, 10 January 2023**, there have been **10.776.430** confirmed cases of COVID-19 with **33.343** deaths (**0.31%**), reported to WHO. As of **29 November 2022**, a total of **3.465.113.661** vaccine doses have been administered.
- **Last week:**
  - US: 63,982 – Todesfälle 580 (**0.9%**)
  - Welt 474.718, - Todesfälle 2654 (**0.56%**)
  - Germany 452,347 - Currently Infected Patients 451,066 (99.7%) in Mild Condition
  - Serious or Critical - 1,281 (**0.3%**)

## Mein Caveat bei der Beurteilung der gegenwärtigen Situation:

- Natürlich ist es verständlich, dass man medizinisch, persönlich, politisch und rechtlich **hofft, dass die Pandemie vorbei** sein könnte.
- Es ist argumentiert worden, dass **in Deutschland viele Menschen eine gute Abwehr** gegen SARS-CoV-2 entwickelt haben könnten. Das könnte richtig sein, aber .....
- Wie steht es mit dem **Auftauchen neuer Varianten?** Schwer zu beurteilen.
- Sie wissen, in **China ist die Pandemie** in vollem Gang und offenbar gibt es sehr viele Tote.
- Auch bei **uns und in den USA** gibt es viele ernsthaft **Erkrankte**, in den USA relativ viele Tote.
- Meine Empfehlung: Da noch **erhebliche Unsicherheiten** über die weitere Entwicklung der Pandemie bestehen
  - (i) **Impfen lassen**
  - (ii) **Maske tragen**, wenn man vielen Menschen (Supermarkt, öffentliche Verkehrsmittel, Krankenhäuser, Altenheime etc.) begegnet.
  - (iii) Carneval/ Fasching meiden – oder das **Risiko in Kauf nehmen**: Eigentlich nicht ratsam.
    - **W.D. wir hätten nicht auf die Weißenburger Kirchweih gehen sollen**
  - (iv) Politiker/ Virologen Ankündigungen (TV) mit Zurückhaltung aufnehmen. Niemand kann vorhersagen, wie sich die Pandemie weiter entwickeln wird.

# Zusammenfassung

- 1. Dynamik der Mutanten und Varianten Entwicklung**
- 2. Genetische Verwandtschaft von SARS-CoV-2 mit anderen biologischen Systemen**
- 3. Sequenzidentitäten von 40 bis 50 % offenbar in der Genetik unter allen Lebewesen**
- 4. Patch Homologien – Fleckenartige Identitäten**
- 5. Evolutionärer Hintergrund**
- 6. Argumente von Gutachtern**
- 7. Bedeutung für die Entstehung und Variabilität des SARS-CoV-2 Genoms**
- 8. Können Viren Sequenzelemente díhrer Wirtszellen „stehlen“?**
- 9. Schwierigkeiten bei der Vorhersage der weiteren Entwicklung der Covid-19 Pandemie**

## **Fragen - Kommentare**

**Zum Schluß:**

**Danke für Ihr Interesse und  
Guten Abend**

