



Lebensmittel- und chemische Toxikologie

Band 164 , Juni 2022 , 113008

Angeborene Immunsuppression durch SARS-CoV-2-mRNA-Impfungen: Die Rolle von G-Quadruplexen, Exosomen und MicroRNAs

Stephanie Seneff ^a✉, Greg Nigh ^b✉, Anthony M. Kyriakopoulos ^c✉, Peter A. McCullough ^d✉

Zeig mehr ▾

Umriss | Teilen | Zitieren

<https://doi.org/10.1016/j.fct.2022.113008>

Unter einer Creative Commons -Lizenz

Erhalten Sie Rechte und Inhalte

Uneingeschränkter Zugang

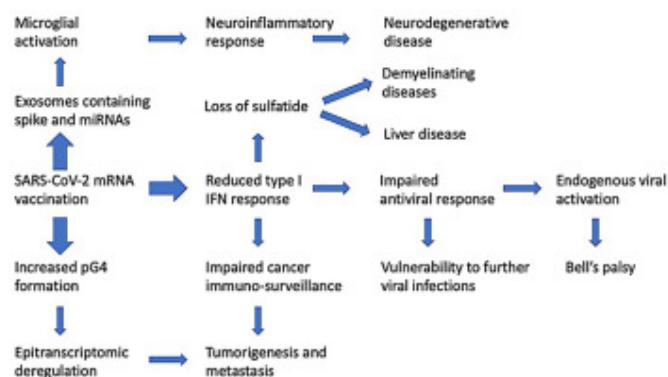
Höhepunkte

- mRNA-Impfstoffe fördern die nachhaltige Synthese des SARS-CoV-2-Spike-Proteins.
- Das Spike-Protein ist neurotoxisch und beeinträchtigt DNA-Reparaturmechanismen.
- Die Unterdrückung von Interferonreaktionen vom Typ I führt zu einer Beeinträchtigung der angeborenen Immunität.
- Die mRNA-Impfstoffe verursachen möglicherweise ein erhöhtes Risiko für Infektionskrankheiten und Krebs.
- Die Codon-Optimierung führt zu G-reicher mRNA, die unvorhersehbare komplexe Wirkungen hat.

Abstrakt

Die mRNA SARS-CoV-2-Impfstoffe wurden als Reaktion auf die Krise der öffentlichen Gesundheit von Covid-19 auf den Markt gebracht. Die Verwendung von mRNA-Impfstoffen im Zusammenhang mit Infektionskrankheiten hat keinen Präzedenzfall. Die vielen Veränderungen in der Impfstoff-mRNA verbergen die mRNA vor der zellulären Abwehr und fördern eine längere biologische Halbwertszeit und eine hohe Produktion von Spike-Protein. Die Immunantwort auf den Impfstoff unterscheidet sich jedoch stark von der auf eine SARS-CoV-2-Infektion. In diesem Artikel legen wir Beweise dafür vor, dass eine Impfung eine tiefgreifende Beeinträchtigung der Typ-I - Interferon - Signalübertragung hervorruft, die verschiedene nachteilige Folgen für die menschliche Gesundheit hat. Immunzellen, die die Mikro-RNAs der Impfstoff Nanopartikel aufgenommen haben aufgenommen haben, setzen eine große Anzahl von Exosomen in Umlauf, die Spike-Protein und kritisches Protein enthalten microRNAs, die eine Signalantwort in Empfängerzellen an entfernten Stellen induzieren. Wir identifizieren auch potenzielle tiefgreifende Störungen in der regulatorischen Kontrolle der Proteinsynthese und der Krebsüberwachung. Diese Störungen haben möglicherweise einen kausalen Zusammenhang mit neurodegenerativen Erkrankungen, Myokarditis, Immunthrombozytopenie, Bell-Lähmung, Lebererkrankungen, beeinträchtigter adaptiver Immunität, beeinträchtigter Reaktion auf DNA-Schäden und Tumorentstehung. Wir zeigen Beweise aus der VAERS-Datenbank, die unsere Hypothese stützen. Wir glauben, dass eine umfassende Risiko-Nutzen-Bewertung der mRNA-Impfstoffe sie als positiven Beitrag zur öffentlichen Gesundheit in Frage stellt.

Grafische Zusammenfassung



[Herunterladen : Hochauflösendes Bild herunterladen \(229 KB\)](#)

[Herunterladen : Bild in voller Größe herunterladen](#)



Vorheriger



Nächster

Schlüsselwörter

SARS-CoV-2-mRNA-Impfstoffe; Typ-I-Interferon-Antwort; Exosomen; G-Quadruplex; microRNAs; Krebs

1 . Einführung

Die Impfung ist ein Versuch, nicht-pathogenes Material zu verwenden, um die immunologische Reaktion einer natürlichen Infektion nachzuahmen, wodurch Immunität im Falle einer Pathogenexposition verliehen wird. Dieses Ziel wurde hauptsächlich durch die Verwendung von Impfstoffen sowohl mit ganzen Organismen als auch mit attenuierten Viren verfolgt. Die Verwendung von Virusfragmenten oder ihren Proteinprodukten, die als „Subunit-Impfstoffe“ bezeichnet werden, war technisch anspruchsvoller ([Bhurani et al., 2018](#)). In jedem Fall ist eine implizite Annahme hinter der Durchführung einer Impfkampagne, dass der Impfstoff die Auswirkungen einer „gutartigen Infektion“ verleiht, das Immunsystem gegen eine zukünftige Exposition aktiviert und gleichzeitig die gesundheitlichen Auswirkungen einer tatsächlichen Infektion vermeidet.

Ein Großteil der Literatur zu diesem Thema im Zusammenhang mit COVID-19 legt nahe, dass die Immunantwort auf eine mRNA-basierte Impfung einer natürlichen Infektion ähnelt. Eine Preprint-Studie ergab „eine hohe Immunogenität des BNT162b2-Impfstoffs im Vergleich zu einer natürlichen Infektion“. Die Autoren stellten fest, dass es trotz quantitativer Unterschiede viele qualitative Ähnlichkeiten gibt ([Psichogiou et al., 2021a](#)). [Jhaveri \(2021\)](#) schlägt vor, dass mRNA-Impfstoffe das tun, was eine Infektion mit dem Virus bewirkt: „Das Protein wird genauso produziert und präsentiert wie eine natürliche Infektion.“ Die [USADie Centers for Disease Control and Prevention \(CDC\)](#) argumentieren auf der Grundlage von Antikörpertitern, die durch eine vorherige Infektion im Vergleich zu einer Impfung erzeugt wurden, zusätzlich zur Produktion von Gedächtnis-B-Zellen, um zu argumentieren, dass die Immunantwort auf eine Impfung analog zu der Reaktion auf eine natürliche Infektion ist ([Centers for Disease Control and Prevention, 2021a](#)). Es ist diese Ähnlichkeit in der humoralen Immunantwort auf eine Impfung gegenüber einer natürlichen Infektion, gepaart mit Studien- und Beobachtungsdaten, die ein verringertes Infektionsrisiko nach einer Impfung zeigen, die als Rechtfertigung für die Massenimpfkampagne steht.

Unser Artikel fasst die aktuelle Literatur zu mRNA und ihren Auswirkungen auf die Molekularbiologie in menschlichen Zellen zusammen. Wir erkennen an, dass es in dieser aufstrebenden Phase der mRNA-Technologie ein breites Spektrum an Meinungen gibt. Angesichts ihres weit verbreiteten Einsatzes vor der grundlegenden Arbeit an so vielen der hier diskutierten Mechanismen glauben wir, dass unsere Arbeit wichtig ist, um ein breites Verständnis gegenwärtiger und zukünftiger Übersichtsarbeiten zu vermitteln, die sich auf die aufkeimende präklinische molekulare Arbeit beziehen, die auf diesem Gebiet geleistet wird.

In diesem Artikel untersuchen wir die wissenschaftliche Literatur, die darauf hindeutet, dass die Impfung mit einem mRNA-Impfstoff eine Reihe biologischer Ereignisse auslöst, die sich nicht nur von denen unterscheiden, die durch eine Infektion induziert werden, sondern in mehrfacher Hinsicht nachweislich kontraproduktiv sowohl für die kurz- als auch für die langfristige Immunkompetenz sind normale Zellfunktion. Es wurde nun gezeigt, dass diese Impfungen kritische Wege im Zusammenhang mit der Krebsüberwachung, der Infektionskontrolle und der zellulären Homöostase herunterregulieren. Sie schleusen stark verändertes genetisches Material in den Körper ein. Ein Preprint hat einen bemerkenswerten Unterschied zwischen den Eigenschaften der Immunantwort auf eine Infektion mit SARS-CoV-2 im Vergleich zur Immunantwort auf einen mRNA-Impfstoff gegen COVID-19 offenbart ([Ianova et al., 2021](#)). Differentielle Genexpressionsanalysen von peripheren dendritischen Zellen zeigten eine dramatische

Hochregulation sowohl von Typ I als auch Typ II Interferonen(IFNs) bei COVID-19-Patienten, aber nicht bei Impflingen. Eine bemerkenswerte Beobachtung, die sie machten, war, dass es bei COVID-19-Patienten zu einer Expansion zirkulierender hämatopoetischer Stamm- und Vorläuferzellen (HSPCs) kam, diese Expansion jedoch nach der Impfung insbesondere ausblieb. Eine auffällige Zunahme zirkulierender Plasmablasten, die bei COVID-19-Patienten beobachtet wurde, wurde bei den Geimpften ebenfalls nicht beobachtet. Alle diese Beobachtungen stimmen mit der Idee überein, dass die Anti-COVID-19-Impfstoffe die Typ-I-IFN-Signalübertragung aktiv unterdrücken, wie wir weiter unten diskutieren werden. In diesem Artikel konzentrieren wir uns ausführlich, wenn auch nicht ausschließlich, auf die durch Impfung induzierte Typ-I-IFN-Suppression und die unzähligen nachgeschalteten Auswirkungen, die dies auf die damit verbundene Signalkaskade hat.

Da langfristige präklinische und Phase-I-Sicherheitsstudien mit Phase-II-Studien kombiniert wurden, wurden Phase-II- und -III-Studien kombiniert ([Kwok, 2021](#)); und da sogar diese vorzeitig beendet wurden und Placebo-Arme die Injektionen erhielten, suchen wir im Pharmakoüberwachungssystem und in veröffentlichten Berichten nach Sicherheitssignalen. Dabei stellen wir fest, dass diese Beweise nicht ermutigend sind. Die biologische Antwort auf die mRNA-Vakzinierung, wie sie derzeit angewendet wird, ist nachweislich *nicht* ähnlich einer natürlichen Infektion. In diesem Artikel werden wir diese Unterschiede veranschaulichen und die immunologischen und pathologischen Prozesse beschreiben, von denen wir erwarten, dass sie durch die mRNA-Impfung ausgelöst werden. Wir werden diese zugrunde liegenden physiologischen Effekte verbinden mit sowohl realisierten als auch noch zu beobachtenden Morbiditäten. Wir gehen davon aus, dass die Einführung von Auffrischungsimpfungen in großem Maßstab all diese Probleme verstärken wird.

Die von Pfizer/BioNTech und Moderna hergestellten mRNA-Impfstoffe wurden als wesentlicher Aspekt unserer Bemühungen zur Eindämmung der Ausbreitung von COVID-19 angesehen. Länder auf der ganzen Welt haben aggressiv massive Impfprogramme gefördert, in der Hoffnung, dass solche Bemühungen die anhaltende Pandemie endlich eindämmen und die Normalität wiederherstellen könnten. Die Regierungen zögern, die Möglichkeit in Betracht zu ziehen, dass diese Injektionen auf unerwartete Weise Schäden verursachen könnten, und insbesondere, dass solche Schäden sogar den Nutzen übertreffen könnten, der beim Schutz vor schweren Krankheiten erreicht wird. Es ist jetzt klar, dass die durch die Impfstoffe induzierten Antikörper bereits 3–10 Wochen nach der zweiten Dosis verblassen ([Shrotri et al., 2021](#)), so dass den Menschen empfohlen wird, sich in regelmäßigen Abständen Auffrischungsimpfungen zu besorgen ([Centers for Disease Control and Prevention, 2021b](#)). Es hat sich auch gezeigt, dass schnell aufkommende Varianten wie der Delta- und jetzt der Omicron-Stamm durch Mutationen im Spike-Protein Resistenz gegen die durch die Impfstoffe induzierten Antikörper zeigen ([Yahi et al., 2021](#)). Darüber hinaus ist deutlich geworden, dass die Impfungen die Übertragung der Krankheit nicht verhindern, sondern lediglich eine Reduzierung der Symptomschwere behauptet werden kann ([Kampf, 2021a](#)). Eine Studie, die Anfang September 2021 die Impfraten mit den COVID-19-Infektionsraten in 68 Ländern und 2947 Bezirken in den Vereinigten Staaten verglich, fand keine Korrelation zwischen den beiden, was darauf hindeutet, dass diese Impfstoffe nicht vor der Ausbreitung der Krankheit schützen ([Subramanian und Kumar, 2021](#)). In Bezug auf die Symptomschwere wird selbst dieser Aspekt zunehmend zweifelhaft, wie ein Ausbruch in einem israelischen Krankenhaus zeigt, der zum Tod von fünf vollständig geimpften Krankenhauspatienten führte ([Shitrit et al., 2021](#)). In ähnlicher Weise haben [Brosh-Nissimov et al. \(2021\)](#) berichtet, dass 34/152 (22 %) der vollständig geimpften Patienten in 17 israelischen Krankenhäusern an COVID-19 starben.

Die zunehmenden Beweise dafür, dass die Impfstoffe wenig dazu beitragen, die Ausbreitung von Krankheiten einzudämmen, und dass ihre Wirksamkeit mit der Zeit nachlässt, machen es noch wichtiger, das Ausmaß zu bewerten, in dem die Impfstoffe Schaden anrichten könnten. Dass SARS-CoV-2-modifizierte Spike-Protein-mRNA-Impfstoffe biologische Auswirkungen haben, steht außer Frage. Hier versuchen wir, diese Auswirkungen von natürlichen Infektionen zu unterscheiden und einen mechanistischen Rahmen zu schaffen, der diese einzigartigen biologischen Auswirkungen mit Pathologien verbindet, die jetzt mit Impfungen in Verbindung gebracht werden. Wir erkennen an, dass die kausalen Zusammenhänge zwischen den durch die mRNA-Impfung ausgelösten biologischen Wirkungen und den unerwünschten Folgen in der großen Mehrheit der Fälle nicht nachgewiesen wurden.

2 . Interferone: ein Überblick mit Blick auf die Krebsüberwachung

Das 1957 entdeckte Interferon (IFN) verdiente seinen Namen mit der Erkenntnis, dass Zellen, die durch abgeschwächtes Influenza-A-Virus herausgefordert wurden, eine Substanz erzeugten, die eine nachfolgende Infektion durch ein lebendes Virus „interferierte“ ([Lindenmann, 1982](#)). Es wird nun verstanden, dass IFN eine sehr große Familie von immunmodulierenden Proteinen darstellt, die in drei Typen unterteilt sind, die basierend auf den Rezeptoren, mit denen jedes IFN interagiert, als Typ I, II und III bezeichnet werden. IFN vom Typ I umfasst sowohl IFN- α als auch IFN- β , und dieser Typ ist der vielfältigste und wird weiter in siebzehn Subtypen unterteilt. Allein für IFN- α gibt es derzeit dreizehn Subtypen, von denen jeder weiter in mehrere Kategorien unterteilt ist ([Wang et al., 2017a](#)). Typ-I-IFNs spielen eine starke Rolle bei der Immunantwort auf mehrere Stressoren. Tatsächlich genießen sie einen klinischen therapeutischen Wert als Behandlungsoption für eine Vielzahl von Krankheiten und Zuständen, darunter Virusinfektionen, solide Tumore , myeloproliferative Erkrankungen , hämatopoetische Neoplasmen und Autoimmunerkrankungen wie Multiple Sklerose ([Passegu und Ernst, 2009](#)).

Als Gruppe spielen IFNs äußerst komplizierte und pleiotrope Rollen, die durch die Aktivität der Familie der IFN-Regulationsfaktoren oder IRFs koordiniert und reguliert werden ([Kaur und Fang, 2020](#)). IRF9 ist am unmittelbarsten an der antiviralen sowie der antitumorale Immunität und genetischen Regulation beteiligt ([Alsamman und El-Masry, 2018](#) ; [Huang et al., 2019](#) ; [Zitvogel et al., 2015](#)).

Eng damit verwandt sind plasmzytoiden dendritischen Zellen (pDCs), eine seltene Art von Immunzellen, die im Blut zirkulieren, aber während einer Virusinfektion zu peripheren lymphatischen Organen wandern. Sie reagieren auf eine Virusinfektion, indem sie die Produktion von Typ-I-IFNs stark hochregulieren. Das in den Lymphknoten freigesetzte IFN- α veranlasst B-Zellen, sich zu Plasmablasten zu differenzieren. Anschließend induziert Interleukin-6 (IL-6) Plasmablasten, sich zu Antikörper sezernierenden Plasmazellen zu entwickeln ([Jego et al., 2003](#)). Daher spielen IFNs eine entscheidende Rolle sowohl bei der Kontrolle der viralen Proliferation als auch bei der Induktion der Antikörperproduktion. IFN- α ist sowohl für die antivirale als auch für die Antikrebs-Immunität von zentraler Bedeutung und wird von Makrophagen und Lymphozyten produziert, wenn sie entweder einer viralen oder bakteriellen Infektion ausgesetzt sind oder auf Tumorzellen treffen ([De Andrea et al., 2002](#)). Seine Rolle als potente antivirale Therapie wurde bei der Behandlung von Hepatitis-C-Virus- Komplikationen ([Feng et al., 2012](#)), Cytomegalovirus-

Infektion ([Delannoy et al., 1999](#)) und chronisch aktiver Ebola- Virusinfektion ([Sakai et al., 1998](#) anerkannt), entzündliche Darmerkrankung in Verbindung mit einer Herpesvirusinfektion ([Ruther et al., 1998](#)) und andere.

Eine beeinträchtigte Typ-I-IFN-Signalübertragung ist mit vielen Krankheitsrisiken verbunden, insbesondere Krebs, da die Typ-I-IFN-Signalübertragung die Proliferation sowohl von Viren als auch von Krebszellen unterdrückt, indem sie den Zellzyklus anhält, teilweise durch Hochregulierung von p53, einem Tumorsuppressorgen, und verschiedenen Cyclinen -abhängige Kinase-Inhibitoren ([Musella et al., 2017](#) ; [Matsuoka et al., 1998](#)). IFN- α induziert auch eine Major Histocompatibility (MHC)-Klasse-1-Antigenpräsentation durch Tumorzellen, wodurch sie vom Krebsüberwachungssystem leichter erkannt werden ([Heise et al., 2016](#) ; [Sundstedt et al., 2008](#)). Die Bandbreite der durch IFN- α -Expression ausgelösten Antikrebswirkungen ist erstaunlich und tritt sowohl über direkte als auch indirekte Mechanismen auf. Zu den direkten Wirkungen gehören Zellzyklusstillstand, Induktion der Zelldifferenzierung, Einleitung der Apoptose, Aktivierung natürlicher Killer- und CD8⁺-T-Zellen und andere ([Schneider et al., 2014](#)).

Die indirekten Antikrebswirkungen werden hauptsächlich durch die Aktivierung der Gentranskription des Janus-Kinase-Signaltransducers und -Aktivators des Transkriptionswegs (JAK/STAT) bewirkt. Die IFN- α -Bindung an der Zelloberfläche initiiert JAK, eine Tyrosinkinase, um STAT1 und STAT2 zu phosphorylieren ([Asmana Ningrum, 2014](#)). Einmal phosphoryliert, bilden diese STATs einen Komplex mit IRF9, einem aus einer Familie von IRFs, die eine breite Palette von Rollen bei der Onkogenregulation und anderen Zellfunktionen spielen ([Takaoka et al., 2008](#)). Es ist dieser Komplex namens IFN-stimulierter Genfaktor 3 (ISGF3), der in den Zellkern wandert, um die Expression von mindestens 150 Genen zu verstärken ([Schneider et al., 2014](#)). Es wurde vorgeschlagen, dass IRF9 das primäre Mitglied der IRF-Familie von Proteinen ist, die für die Aktivierung der antiproliferativen Wirkungen von IFN- α verantwortlich sind, und dies scheint durch seine Bindung an den Tumor-Nekrose-Faktor-bezogenen Apoptose-induzierenden Liganden (TRAIL)-Rezeptor 1 zu erfolgen und 2 (TRAIL-R1/2) ([Tsuno et al., 2009](#)). IRF7 ist ein weiteres wichtiges Mitglied der IRF-Familie von Proteinen, die früh an der Reaktion auf eine Virusinfektion beteiligt sind. Es wird normalerweise in geringen Mengen exprimiert, aber stark durch ISGF3 induziert. IRF7 wird außerdem einer Serin-Phosphorylierung und Kerntranslokation unterzogen, um die Immunantwort weiter zu aktivieren. IRF7 hat eine sehr kurze Halbwertszeit, daher ist sein Geninduktionsprozess vorübergehend, vielleicht um eine Überexpression von IFNs zu vermeiden ([Honda et al., 2006](#)).

Sobald TRAIL von IRF9 gebunden wird, ist es dann in der Lage, als Ligand für Todesrezeptor 4 (DR4) oder DR5 zu fungieren, eine Kaskade von Ereignissen einzuleiten, die die Produktion von Caspase 8 und Caspase 3 beinhalten, und schließlich Apoptose auszulösen ([Sayers, 2011](#)). Eine Fehlregulation dieses Signalwegs durch Unterdrückung von entweder IFN- α oder IRF9 und das daraus resultierende Versagen der Bindung von TRAIL-R wurde mit mehreren hämatologischen Malignomen in Verbindung gebracht ([Testa, 2010](#)) und es wurde gezeigt, dass sie das Metastasierungspotenzial in Tiermodellen von Melanomen erhöht, Darmkrebs und Lymphom ([Finnberg und El-Deiry, 2008](#)).

IFN- α initiiert und orchestriert eine Vielzahl von krebsunterdrückenden Funktionen. [Dunnet al. \(2005\)](#) zeigten, dass IFN- α eine aktive Rolle bei der Immuneditierung von Krebs spielt, wobei sein Wirkungsort hämatopoetische Zellen sind, die über die IFN- α -Bindung für die Tumorüberwachung „programmiert“ werden. Über die äußerst komplexen Wechselwirkungen zwischen Typ-I-IFNs und

insbesondere IRF7 und IRF9 werden viele antiproliferative Wirkungen ausgeübt. Dies wird durch die große Anzahl von Studien belegt, die ein erhöhtes Tumorwachstum und/oder Metastasen im Zusammenhang mit einer Vielzahl von Krebsarten zeigen.

Bidwell *et al.* (2012) fanden heraus, dass unter über 800 Brustkrebspatientinnen diejenigen mit einer hohen Expression von IRF7-regulierten Genen signifikant weniger Knochenmetastasen aufwiesen, und sie schlagen vor, diese IRF7-bezogenen Gensignaturen zu bewerten, um die am stärksten gefährdeten Patienten vorherzusagen. Es wurde auch gezeigt, dass die Verwendung von microRNA zur gezielten IRF7-Expression die Proliferation und Invasion von *Brustkrebszellen* *in vitro* verstärkt (Li *et al.*, 2015). Zhao *et al.* (2017) fanden eine ähnliche Rolle für IRF7 in Bezug auf Knochenmetastasen in einem Mausmodell von Prostatakrebs. In Bezug auf den Anti-Krebs-Mechanismus hinter der IRF7-Expression, Soliset *et al.* (2006) fanden heraus, dass IRF7 die Transkription mehrerer Gene und die Translation ihrer nachgeschalteten Proteinprodukte, einschließlich TRAIL, IL-15, ISG-56 und CD80, mit den erwähnten therapeutischen Implikationen induziert.

Auch IRF9 spielt eine zentrale Rolle in der Krebsüberwachung und -prävention. Erbet *et al.* (2013) zeigten, dass IRF9 der Mediator ist, durch den IL-6 die Antiproliferationswirkung von IFN- α gegen Prostatakrebszellen verstärkt. Tian *et al.* (2018) stellten fest, dass IRF9 ein wichtiger negativer Regulator der Zellproliferation bei akuter myeloischer Leukämie und der Umgehung der Apoptose ist. Dies geschieht zumindest teilweise durch Acetylierung des Master- Regulatorproteins p53.

Sowohl IFN- α als auch IRF9 sind offenbar auch für die krebspräventiven Eigenschaften eines voll funktionsfähigen BRCA2-Gens notwendig. In einer Studie, die als Abstract auf der First AACR International Conference on Frontiers in Basic Cancer Research vorgestellt wurde, beschreiben Mittal und Chaudhuri (2009) eine Reihe von Experimenten, die zum ersten Mal zeigen, dass die BRCA2-Expression zu einer erhöhten IFN- α -Produktion führt und die Signaltransduktionsweg, der zur zuvor beschriebenen Komplexierung von IRF9, STAT1 und STAT2 führt. Zwei Jahre zuvor hatten Buckley *et al.* (2007) festgestellt, dass BRCA1 in Kombination mit IFN- γ Typ-I-IFNs und die nachfolgende Produktion von IRF7, STAT1 und STAT2 fördert. Daher verlassen sich die überaus wichtigen krebsregulierenden Gene BRCA1 und BRCA2 auf IRF7 bzw. IRF9, um ihre schützenden Wirkungen auszuüben. Rasmussen *et al.* (2021) überprüften zwingende Beweise dafür, dass ein Mangel an entweder IRF7 oder IRF9 zu einem signifikant höheren Risiko einer schweren COVID-19-Erkrankung führt. Wichtig ist, dass sie auch darauf hinweisen, dass IFNs vom Typ I eine außerordentlich wichtige Rolle bei der schützenden Immunität gegen die COVID-19-Krankheit spielen, eine Rolle, die von mehreren Zytokinen bei den meisten anderen Viruserkrankungen, einschließlich Influenza, geteilt wird.

Wie nachstehend ausführlicher erörtert wird, modifiziert das SARS-CoV-2-Spike- Glykoprotein die Exosomenproduktion der Wirtszelle. Die Transfektion von Zellen mit dem Gen des Spike-Proteins und die anschließende Produktion des Spike-Proteins von SARS-CoV-2 führt dazu, dass diese Zellen Exosomen erzeugen, die microRNAs enthalten, die die IRF9-Produktion unterdrücken und gleichzeitig eine Reihe von entzündungsfördernden Gentranskripten aktivieren (Mishra und Banerjea, 2021). Da diese Impfstoffe speziell darauf ausgelegt sind, eine hohe und kontinuierliche Produktion von SARS-CoV-2-Spike-Glykoproteinen zu induzieren, sind die Auswirkungen bedrohlich. Wie oben beschrieben, unterdrückt die Hemmung von IRF9 TRAIL und alle seine regulatorischen und nachgeschalteten Apoptose-induzierenden Wirkungen. Es ist auch zu erwarten, dass die IRF9-Suppression über exosomal Mikro-RNA die krebsschützenden Wirkungen der

BRCA2-Genaktivität beeinträchtigt, deren Aktivität wie oben beschrieben von diesem Molekül abhängt. BRCA2-assoziierte Krebsarten umfassen Brust-, Eileiter- und Eierstockkrebs bei Frauen, Prostata- und Brustkrebs bei Männern, akute myeloische Leukämie bei Kindern und andere ([National Cancer Institute, 2021](#)).

Es wurde auch gezeigt, dass die Impfung sowohl IRF7 als auch STAT2 unterdrückt ([Liu et al., 2021](#)). Es ist zu erwarten, dass dies die krebsschützenden Wirkungen von BRCA1 wie oben beschrieben stört. Zu den Krebsarten, die mit einer beeinträchtigten BRCA1-Aktivität in Verbindung gebracht werden, gehören Brust-, Gebärmutter- und Eierstockkrebs bei Frauen; Prostata- und Brustkrebs bei Männern; und ein bescheidener Anstieg von Bauchspeicheldrüsenkrebs bei Männern und Frauen ([Cancer risk and BRCA1 gene, 2021](#)).

Eine reduzierte BRCA1-Expression ist sowohl mit Krebs als auch mit Neurodegeneration verbunden . BRCA1 ist ein bekanntes Brustkrebs -Anfälligkeitsgen . BRCA1 hemmt die Proliferation von Brustkrebszellen durch die Aktivierung von SIRT1 und die anschließende Unterdrückung des Androgenrezeptors ([Zhang et al., 2016](#)). In einer Studie von [Suberbille et al. \(2015\)](#) wurden reduzierte BRCA1-Spiegel im Gehirn von Alzheimer-Patienten gefunden. Darüber hinaus zeigten Experimente mit dem Ausschalten des neuronalen BRCA1 im Gyrus dentatus von Mäusen, dass DNA-Doppelstrangbrüche zusammen mit neuronaler Schrumpfung und Beeinträchtigungen der synaptischen Plastizität, des Lernens und des Gedächtnisses vermehrt auftraten.

Die Analyse, die in einer kürzlich durchgeföhrten Fallstudie zu einem Patienten durchgeföhrte wurde, bei dem eine seltene Form von Lymphom namens angioimmunoblastisches T-Zell-Lymphom diagnostiziert wurde, lieferte starke Hinweise auf ein unerwartet schnelles Fortschreiten lymphomatöser Läsionen nach Verabreichung der BNT162b2-mRNA-Auffrischimpfung ([Goldman et al., 2021](#)). Vergleiche detaillierter Messwerte für hypermetabolische Läsionen, die unmittelbar vor und 21 Tage nach der Auffrischimpfung durchgeföhrten wurden, zeigten einen fünffachen Anstieg nach der Auffrischimpfung, wobei der Post-Booster-Test ein zweifach höheres Aktivitätsniveau in der rechten Achselhöhle im Vergleich zur linken zeigte . Der Impfstoff war auf der rechten Seite injiziert worden. In diesem Zusammenhang muss darauf hingewiesen werden, dass lymphatische Malignome mit einer Unterdrückung von TRAIL-R1 in Verbindung gebracht wurden ([MacFarlane et al., 2005](#)).

Angesichts der allgemein anerkannten Bedeutung eines optimal funktionierenden BRCA1/2 für die Krebsprävention und angesichts der zentralen Rolle des TRAIL-Signaltransduktionswegs für die zusätzliche Krebsüberwachung ist die Unterdrückung von IRF7 und IRF9 durch Impfung und anschließende Produktion von SARS-CoV-2-Spike-Glykoproteinen extrem zur langfristigen Krebsbekämpfung in Populationen, denen genetische SARS-CoV-2-mRNA-Impfstoffe injiziert wurden.

3 . Überlegungen zum Design von mRNA-Impfstoffen

In den letzten drei Jahrzehnten soll die mRNA-Technologieplattform, die darauf abzielt, wirksame und sichere therapeutische Instrumente für Nukleinsäuren zu entwickeln , ernsthafte Hindernisse in Bezug auf die Instabilität des codierten Produkts, die überwältigende angeborene Immunogenität und die Verabreichungsmethoden überwunden haben ([Pardi et al., 2018](#)). Eine der größten Erfolgsgeschichten der Verwendung von mRNA als genetisches Impfwerkzeug ist die Einführung einer robusten Immunität gegen Krebs ([Van Lint et al., 2015](#)). Darüber hinaus bietet das Potenzial

von mRNAs zur Wiederherstellung oder zum Ersatz verschiedener Arten von Proteinen bei seltenen genetischen Stoffwechselstörungen wie Morbus Fabry große potenzielle therapeutische Alternativen, bei denen sich kein anderes Medikament als erfolgreich erwiesen hat ([Martini und Guey, 2019](#)). Im Fall der Verwendung von mRNA als genetische Vakzine gegen Infektionskrankheiten schienen die vorläufigen Sicherheitsuntersuchungen jedoch für einen weltweiten Einsatz in der Allgemeinbevölkerung verfrüht ([Pardi et al., 2018](#); [Doulberis et al., 2021](#)).

Obwohl es essentielle Epitope auf anderen SARS-CoV-2-Proteinen gibt, bei denen eine Antikörperantwort eine essentielle Immunogenität hätte bereitstellen können, die von SARS-CoV-1 bekannt ist ([Gordon et al., 2020](#)), war das primäre Ziel der Entwickler des SARS-CoV-2-mRNA-Impfstoffe bestand darin, einen Impfstoff zu entwickeln, der eine robuste Antikörperantwort ausschließlich gegen das Spike-Glykoprotein induzieren kann. Solche Antikörper, insbesondere IgA im Nasopharynx, sollen dazu führen, dass die eindringenden Viren schnell beseitigt werden, bevor sie in Wirtszellen eindringen können, und so den Krankheitsprozess frühzeitig stoppen. Wie [Kaczmarek et al. \(2021\)](#):

„Der Grundgedanke hinter der Impfung ist es, jeder geimpften Person einen Schutz gegen das SARS-CoV-2-Virus zu bieten. Dieser Schutz wird erreicht, indem das Immunsystem dazu angeregt wird, Antikörper gegen das Virus zu produzieren und Lymphozyten zu entwickeln, die das Gedächtnis und die Fähigkeit behalten, das Virus für lange Zeit abzuwehren.“ Da die Impfung jedoch parenteral verabreicht wird, ist IgG die wichtigste Antikörperklasse, die gegen das SARS-CoV-2-Spike-Glykoprotein gezüchtet wird, nicht IgA ([Wisnewski et al., 2021](#)).

Impfstoffe hängen im Allgemeinen von Adjuvantien wie Aluminium und Squalen ab, um Immunzellen dazu zu bringen, unmittelbar nach der Impfung an die Injektionsstelle zu wandern. In der Geschichte der Entwicklung von mRNA-Impfstoffen hoffte man zunächst, dass die mRNA selbst als ihr eigenes Adjuvans dienen könnte. Dies liegt daran, dass menschliche Zellen virale RNA als fremd erkennen und dies zu einer Hochregulierung von Typ-I -IFNs führt, die über Toll-like-Rezeptoren wie TLR3, TLR7 und TLR8 vermittelt wird ([Karikó et al., 2005](#)).

Mit der Zeit wurde jedoch klar, dass dieser Ansatz Probleme aufwies, sowohl weil die heftige Reaktion grippeähnliche Symptome hervorrufen könnte, als auch weil IFN- α eine Kaskadenantwort auslösen könnte, die zum Abbau der mRNA führen würde, bevor sie ausreichend produzieren könnte Mengen an SARS-CoV-2-Spike-Glykoprotein, um eine Immunantwort zu induzieren ([de Beuckelaer et al., 2016](#)). Ein Durchbruch gelang, als experimentell entdeckt wurde, dass die für das Spike-Protein kodierende mRNA auf spezifische Weise modifiziert werden kann, die die menschlichen Zellen im Wesentlichen dazu bringen würde, sie als harmlose menschliche RNA zu erkennen. Eine wegweisende Arbeit von [Karikó et al. \(2005\)](#) demonstrierten durch eine Reihe von *In-vitro*-Experimenten, dass eine einfache Modifikation der mRNA derart, dass alle Uridine entstehend durch Pseudouridin ersetzt wurden, konnte die angeborene Immunaktivierung gegen exogene mRNA drastisch reduzieren. [Andries et al. \(2015\)](#) entdeckten später, dass 1-Methylpseudouridin als Ersatz für Uridin noch wirksamer war als Pseudouridin und die TLR-Antwort auf die mRNA im Wesentlichen aufheben konnte, wodurch die Aktivierung von aus dem Blut stammenden dendritischen Zellen verhindert wurde. Diese Modifikation wird in beiden mRNA-Impfstoffen auf dem Markt angewendet ([Park et al., 2021](#)).

Eher prophetisch hat der umfangreiche Review von [Forni und Mantovani \(2021\)](#) ernsthafte Fragen zur Entwicklung der angeborenen Immunität durch die mRNA SARS-CoV-2 genetischen Impfungen

aufgeworfen. Wie die Autoren erklärten: „Aufgrund der kurzen Entwicklungszeit und der Neuheit der verwendeten Technologien werden diese Impfstoffe mit mehreren ungelösten Problemen eingesetzt, die nur im Laufe der Zeit geklärt werden können.“ Anschließend empfahlen die Autoren, bestimmte Moleküle wie das lange Pentraxin PTX3 als repräsentative humorale Immunitätsmarker aufzunehmen, um die frühe Aktivierung angeborener Immunmechanismen und die zugrunde liegende Reaktogenität im Rahmen der Protokolle des BIOVACSAFE-Konsortiums zu bewerten ([Forni und Mantovani, 2021](#) ; [Weiner et al., 2019](#)). Nach unserem besten Wissen wurden diese Sicherheitsprotokolle jedoch nicht in die Bewertung der induzierten angeborenen Immunität durch die genetischen SARS-CoV-2-mRNA-Impfstoffe einbezogen ([Mulligan et al., 2020](#)).

In dieser Hinsicht entwickelten im Fall des SARS-CoV-2-BNT162b2-mRNA-Impfstoffs im Gegensatz zu der durch eine natürliche SARS-CoV-2-Infektion induzierten Immunantwort, bei der eine robuste Interferonantwort beobachtet wird, diejenigen, die mit BNT162b2-mRNA-Impfstoffen geimpft wurden, ein robustes adaptives Immunsystem Antwort, die nur auf Gedächtniszellen beschränkt war, d. h. ein alternativer Weg der Immunantwort, der die IFN-vermittelten Wege umging ([Mulligan et al., 2020](#)). Darüber hinaus kommt es aufgrund nachfolgender Mutationen im SARS-CoV-2-Spike-Protein zu einem erheblichen Verlust an neutralisierenden Antikörpern, die durch den BNT162b2-mRNA-Impfstoff induziert werden, im Vergleich zu denen, die durch die SARS-CoV-2-Mutanten allein übertragen werden ([Collier et al., 2021](#)). Wie Impfstoffentwickler in dieser Hinsicht zugeben: „Die RNA des Impfstoffs kann durch den Einbau von 1-Methylpseudouridin modifiziert werden, das die angeborene Immunwahrnehmung dämpft und die mRNA-Translation *in vivo* erhöht.“ ([Mulligan et al., 2020](#) ; [Katalin Karikó et al., 2008](#)). Unter Berücksichtigung der multiplen Mutationen, die SARS-CoV-2 entwickelt, wie zum Beispiel bei den Ausbrüchen in Brasilien ([Timmers et al., 2021](#)) beinhaltet eine wirksame Immunantwort, die die Ausbreitung von SARS-CoV2-Mutanten verhindert, notwendigerweise die Entwicklung einer robusten IFN-I-Antwort als Teil des angeborenen Immunsystems. Diese Antwort erfordert auch die Beteiligung einer funktionellen NF-κB-Antwort. Leider baut die Spike-Glykoprotein-Überexpression die Reaktionen des NF-κB-Signalwegs ab, und dieses molekulare Ereignis kann durch Spike-Protein-kodierende mRNAs verstärkt werden ([Kyriakopoulos und McCullough, 2021](#) ; [Jiang und Mei, 2021](#)).

Für ein erfolgreiches mRNA-Impfstoffdesign muss die mRNA in sorgfältig konstruierte Partikel eingekapselt werden, die die RNA vor dem Abbau durch RNA-Depolymerasen schützen können. Die mRNA-Impfstoffe sind als Lipid- Nanopartikel formuliert, die Cholesterin und Phospholipide enthalten, wobei die modifizierte mRNA mit einem stark modifizierten Polyethylenglykol (PEG)-Lipidrückgrat komplexiert ist, um ihre frühe Freisetzung aus dem Endosom zu fördern und sie weiter vor Abbau zu schützen ([Hou et al., 2021](#)). Die vorhandene biologische Maschinerie der Wirtszelle wird kooptiert, um die natürliche Produktion von Protein aus der mRNA durch endosomale Aufnahme eines Lipidpartikels zu erleichtern ([Hou et al., 2021](#)). Ein synthetisches kationisches Lipid wird ebenfalls hinzugefügt, da experimentell gezeigt wurde, dass es als Adjuvans wirkt, um Immunzellen an die Injektionsstelle zu ziehen und das Entweichen von Endosomen zu erleichtern. [de Beuckelaer et al. \(2016\)](#) beobachteten, dass „das Kondensieren von mRNA zu kationischen Lipoplexen die Potenz der durch den mRNA-Impfstoff hervorgerufenen T-Zell-Antwort um mehrere Größenordnungen erhöht“. Eine weitere wichtige Modifikation besteht darin, dass sie den Code für zwei benachbarte Aminosäuren im Genom durch Codes für Prolin ersetzt haben, wodurch das Spike-Glykoprotein in einer vorfusionsstabilisierten Form verbleibt ([Wrapp et al., 2020](#)).

Die SARS-CoV-2-Spike-Glykoprotein-mRNA wird weiter „humanisiert“, indem eine Guanin-methylierte Kappe, 3'- und 5'-untranslatierte Regionen (UTRs), die von denen menschlicher Proteine kopiert wurden, und schließlich ein langer Poly(A)-Schwanz hinzugefügt werden um die RNA weiter zu stabilisieren ([Kyriakopoulos und McCullough, 2021](#)). Insbesondere haben die Forscher die 3'UTR aus Globinen, die in großen Mengen von Erythrozyten produziert werden, geschickt ausgewählt, da sie die mRNA sehr effektiv vor Abbau schützt und die Proteinproduktion nachhaltig aufrechterhält ([Orlandini von Niessen et al., 2019](#)). Dies ist zu erwarten, da Erythrozyten keinen Zellkern haben und daher die zerstörten mRNAs nicht ersetzen können. Sowohl der Moderna- als auch der Pfizer-Impfstoff haben eine 3'UTR von Globinen übernommen, und der Pfizer-Impfstoff verwendet auch eine leicht modifizierte Globin-5'UTR ([Xia, 2021](#)). [de Beuckelaer et al. \(2016\)](#) fassten die Folgen solcher Modifikationen treffend wie folgt zusammen: „In den letzten Jahren wurden technische Verbesserungen in der Art und Weise, wie IVT [*in vitro* transkribierte] mRNAs hergestellt werden (5'-Cap-Modifikationen, optimierter GC-Gehalt, verbesserte PolyA-Schwänze, stabilisierende UTRs) haben die Stabilität von IVT-mRNAs in einem solchen Ausmaß erhöht, dass die Proteinexpression nun tagelang nach direkter *in vivo* - Verabreichung der mRNA erreicht werden kann.“

Die optimierte analoge Cap-Bildung synthetischer mRNAs zwingt die Empfängerzellen jedoch unweigerlich zu einer Cap-abhängigen verlängerten Translation, wobei die homöostatischen Anforderungen der Zellphysiologie ignoriert werden ([Kyriakopoulos und McCullough, 2021](#)). Die durch die Cap-2'-O- Methyltransferase (CMTR1) durchgeführte Cap-2'-O- Methylierung dient als Motiv, das die mRNA als "selbst" markiert, um die Erkennung durch IFN-induzierte RNA-bindende Proteine zu verhindern ([Williams et al., 2020](#)). So entzieht sich die mit dem Cap-2'-O-Methylierungsmotiv ausgestattete mRNA in den Impfstoffen dem Nachweis als Virusinvasion. Darüber hinaus ist der überwältigende Impuls für Zellen, einen einzigen und künstlichen Ansatz zur Translation gemäß dem robusten Capping und den synthetischen Methylierungen von mRNAs in Impfstoffen durchzuführen, grundsätzlich mit dem Fortschreiten der Krankheit aufgrund einer differentiellen statt einer normalen Signalübertragung von Mustererkennungsrezeptoren (PRRs) verbunden ([Leung und Amarasinghe, 2016](#)).

Der regulatorische Prozess, der die mRNA-Translation steuert, ist äußerst komplex und wird im Zusammenhang mit mRNA-Impfstoffen stark gestört ([Kyriakopoulos und McCullough, 2021](#) ; [Leung und Amarasinghe, 2016](#)). Kurz gesagt besteht die Idee darin, dass mRNA-Impfstoffe das beabsichtigte Ziel (dh die Produktion des modifizierten Spike-Proteins) durch eine Stealth-Strategie erreichen, die die natürliche immunologische Reaktion auf eine Virusinfektion vom RNA-Typ umgeht. Injizierte Lipid-Nanopartikel, die mRNA enthalten, werden durch Endozytose in das Zellinnere gebracht. Die mRNA entweicht ihrem Lipidträger und wandert zum Ribosom, wo sie nach einem optimierten Programm zur Produktion großer Mengen eines spezifischen Proteins über einen längeren Zeitraum reichlich in ihr endgültiges Proteinprodukt übersetzt wird. Diese modifizierten SARS-CoV-2-Spike-Glykoproteine folgen dann einem von drei Hauptwegen. Einige werden proteolytisch abgebaut und Fragmente werden durch MHC-Klasse-I-Moleküle zur Oberflächenpräsentation an zytotoxische T-Zellen gebunden. Auf einem zweiten Weg binden dieselben Spike-Glykoproteinfragmente MHC-Klasse-II-Moleküle, bewegen sich an die Zelloberfläche und aktivieren T-Helferzellen. Bei einem letzten Weg werden lösliche Spike-Glykoproteine aus der Zelle in Exosomen extrudiert, wo sie von B-Zellen-aktivierten Spike-Glykoprotein-spezifischen Antikörpern erkannt werden können ([Chaudhary et al., 2021](#)).

Eine kürzlich durchgeführte Studie mit vorzeitiger Freisetzung hat ergeben, dass die mRNA in den COVID-19-Impfstoffen noch lange nach der Verabreichung des Impfstoffs in Keimzentren im sekundären Lymphgewebe vorhanden ist und dass sie bis mindestens 60 Tage nach der Impfung weiterhin Spike-Glycoprotein synthetisiert ([Röltgen et al., 2022](#)). Dies deutet darauf hin, dass Immunzellen, die die mRNA im Armmuskel aufnehmen, in das Lymphsystem zu den Lymphknoten wandern, vermutlich um B-Zellen und T-Zellen dem toxischen Antigen auszusetzen. Die Persistenz der mRNA in den Lymphknoten und ihre anhaltende Synthese von SARS-CoV-2-Spike-Glycoprotein spiegeln die clevere Technik wider, die mit der mRNA-Technologie verbunden ist, wie oben beschrieben.

Letztendlich wird die normale Immunantwort auf exogene RNA durch die Verwendung von Nanolipiden und ausgefeilter mRNA-Technologie umgangen, um eine starke Antikörperantwort gegen ein exogenes RNA-Virus zu erzeugen.

4 . GC-Anreicherung und potenzielle G4 (pG4)-Strukturen in Impfstoff-mRNAs

Kürzlich untersuchten Mitglieder unseres Teams mögliche Veränderungen der Sekundärstruktur von mRNAs in SARS-CoV-2-Impfstoffen aufgrund der Codon-Optimierung synthetischer mRNA-Transkripte ([McKernan et al., 2021](#)). Diese Studie hat gezeigt, dass der GC-Gehalt in mRNAs in Impfstoffen (53 % in BNT162b2 und 61 % in Moderna mRNA-1273) im Vergleich zur nativen SARS-CoV-2-mRNA (36 %) signifikant angereichert ist. Der angereicherte GC-Gehalt von mRNAs ist das Ergebnis einer Codon-Optimierung, die während der Entwicklung der in SARS-CoV-2-Impfstoffen verwendeten mRNAs durchgeführt wurde, offenbar ohne die Wirkung auf Sekundärstrukturen, insbesondere die Guanin-Quadruplex (G-Quadruplex)-Bildung, zu bestimmen ([McKernan et al., 2021](#)).

Codon-Optimierung beschreibt die Herstellung von synthetischen, Codon-optimierten Polypeptiden und Proteinen, die in biotechnologischen Therapeutika verwendet werden (wie die synthetischen mRNAs, die für die SARS-CoV-2-Impfung verwendet werden). Die veränderten Codonzuweisungen innerhalb der mRNA-Matrize erhöhen die Menge der produzierten Polypeptide und/oder Proteine dramatisch ([Mauro und Chappell, 2014](#)). Ein synwymer Codon-Austausch führt auch zu einer Änderung der multifunktionalen regulatorischen und strukturellen Rolle der resultierenden Proteine ([Shabalina et al., 2013](#)). Aus diesem Grund wurde vor der Codon-Optimierung gewarnt, da ihre daraus resultierenden Änderungen eine Störung der sekundären Konformation von Proteinprodukten mit möglicherweise verheerenden Auswirkungen auf ihre resultierende Immunogenität, Wirksamkeit und Funktion verursachen ([Zhou et al., 2013](#) ; [Agashe et al., 2013](#)). Insbesondere sind verschiedene menschliche Krankheiten das Ergebnis synwymer Nukleotidpolymorphismen ([McCarthy et al., 2017](#)).

In einem Experiment, in dem GC-reiche und GC-arme Versionen von mRNA-Transkripten für das Hitzeschockprotein 70 im Zusammenhang mit identischen Promotoren und UTR-Sequenzen konfiguriert wurden, wurde festgestellt, dass GC-reiche Gene mehrfach bis über hundertfach exprimiert wurden, falten sich effizienter als ihre GC-armen Gegenstücke ([Kudla et al., 2006](#)). Dies liegt teilweise daran, dass alle bevorzugten Säugercodons G- oder C-Nukleotide in der dritten Position aufweisen. Es ist auch gut dokumentiert, dass AU-reiche Elemente in den 3'-UTRs mRNA

destabilisieren können ([Otsuka et al., 2019](#)). Was besonders besorgniserregend sein könnte, ist die Tatsache, dass der GC-Anreicherungsgehalt in Impfstoff-mRNAs zu einer erhöhten Fähigkeit zur potenziellen Bildung von G-Quadruplex (pG4) in diesen Strukturen führt, und dies könnte den Beginn von neurologische Erkrankung ([Wang et al., 2021](#)). Bemerkenswerterweise enthält die genetische Sequenz des menschlichen Prionproteins (PrP) mehrere G4-bildende Motive, und ihre Anwesenheit kann das fehlende Glied bei der anfänglichen Umwandlung von PrP in die fehlgefaltete Form PrPsc bilden ([Olsthoorn, 2014](#)). Die Bindung von PrP an seine eigene mRNA kann der Keim sein, der eine Fehlfaltung des Proteins verursacht. Diese Beobachtung ist besonders besorgniserregend angesichts der Tatsache, dass das Spike- Glykoprotein von SARS-CoV-2 Prionen-ähnliche Eigenschaften aufweist ([Tetz und Tetz, 2022](#)).

Einerseits spielt der GC-Gehalt eine Schlüsselrolle bei der Modulation der Translationseffizienz und Kontrolle der mRNA-Expression in Säugetieren ([Babendure et al., 2006](#)). Insbesondere während der Translationsinitiation orchestriert der GC-Gehalt, der als cis-wirkendes mRNA-Element agiert, die Anheftung des 43S-ribosomalen Präinitialisationskomplexes und danach den Zusammenbau des eukaryotischen Translationsinitiationsfaktor -4F(eIF4F)-Komplexes. Ein repräsentatives Beispiel dieses Systems in Aktion ist die Regulation der α- und β-Globin -mRNA-Expression durch ihre 5'-untranslatierten Regionen (5'UTRs) ([Babendure et al., 2006](#)).

Andererseits wird das Vorhandensein von pG4s in RNAs in der Krebsbiologie als Schlüsseldeterminanten für die Regulation von G4 -RNA- bindenden Proteinen wie Helicase in Frage gestellt ([Herdy et al., 2018](#)). Im Allgemeinen spielen die G-Quadruplexe in RNAs eine wesentliche Rolle bei a) der Regulation der Genexpression, b) der Lokalisierung von ribonukleären Proteinen , c) der mRNA-Lokalisation und d) der Regulation der Proto-Onkogen-Expression ([Fay et al., 2017](#)).

In Bezug auf SARS-CoV-2 zeigen relevante Studien überwältigende Ähnlichkeiten zwischen SARS-CoV-2-pG4s, einschließlich der RNA, die für das SARS-CoV-2-Spike-Glykoprotein kodiert, und denjenigen, die im menschlichen Transkriptom sequenziert wurden ([Zhang et al., 2020](#)). Daraus kann gefolgert werden, dass synthetische mRNAs in Impfstoffen, die mehr pG4-Strukturen in ihrer codierenden Sequenz für SARS-CoV-2-Spike-Glykoprotein enthalten, die potenzielle posttranskriptionelle Desorganisation aufgrund von G4-angereicherter RNA während des natürlichen SARS-CoV-2 amplifizieren und verschlimmern Infektion. Darüber hinaus ist das zelluläre Nukleinsäure- bindende Protein (CNBP), das das wichtigste zelluläre Protein ist, das in humaninfizierten Zellen an das SARS-CoV-2-RNA-Genom bindet ([Schmidt et al., 2021](#)), bindet an und fördert die Entfaltung von SARS-CoV-2 G4s, die sowohl von positiven als auch von negativen Sense-Matrizensträngen des SARS-CoV-2-RNA-Genoms gebildet werden. Eine ähnliche Modulation von CNBP auf Impfstoff-mRNA-G4s und die Förderung des G4-Gleichgewichts in Richtung ungefalteter Konformationen schaffen günstige Bedingungen für die miRNA -Bindung, und dies wird einen direkten Einfluss auf die miRNA-abhängige Regulation der Genexpression haben ([Rouleau et al., 2017](#)).

Die Negativ-Sense-RNAs sind Zwischenmoleküle, die vom Replikase- Transkriptase - Komplex (RTC) produziert werden, der von den Nichtstrukturproteinen von Coronaviren (einschließlich SARS-CoV-2) gebildet wird, um eine Effizienz bei der Replikation und Transkription bereitzustellen ([Bezzi et al., 2021](#) ; [Sola et al., 2015](#)). Dies führt jedoch zu einer weiteren potenziell schwerwiegenden Komplikation, die mit der Impfung verbunden ist. Co-Infektion mit anderen Negativ-Sense-RNA-

Viren wie Hepatitis C ([Jaubert et al., 2018](#)) oder eine Infektion durch andere Coronaviren gleichzeitig mit Impfperioden würde die notwendige RTC-Maschinerie bereitstellen, um negative Sense-Zwischenprodukte aus synthetischen mRNAs zu reproduzieren und daher das Vorhandensein von pG4s durch negative Sense-Matrizen zu verstärken. Dies würde zu einer weiteren epitranskriptomischen Dysregulation führen ([Spiegel et al., 2020](#)).

Um das Thema an dieser Stelle zusammenzufassen, wird die Anreicherung des GC-Gehalts in der Impfstoff-mRNA unweigerlich zu einer Erhöhung des pG4-Gehalts der Impfstoffe führen. Dies wiederum wird zu einer Dysregulation des G4-RNA-Protein-Bindungssystems und einer Vielzahl potenzieller krankheitsassozierter zellulärer Pathologien führen, darunter die Unterdrückung der angeborenen Immunität, Neurodegeneration und maligne Transformation ([Herdy et al., 2018](#)).

In Bezug auf die posttranskriptionale Dysregulation aufgrund der Entstehung neuer G4-Strukturen, die durch Impfung eingeführt wurden, ergibt sich ein weiteres wichtiges Problem im Zusammenhang mit der miRNA-Regulierung und pG4s. In miRNA-Strukturen werden Hunderte von pG4-Sequenzen identifiziert ([Rouleau et al., 2018](#)). In ihrer ungefalteten Konformation, wie während der Bindung an ihre jeweiligen Ziele in 3'- bis 5'-Sequenzen von mRNAs, schalten miRNAs die Translation ihrer jeweiligen Ziel-mRNA aus. Alternativ wird in Gegenwart eines G4-Liganden die Translation ihrer Ziel-mRNAs gefördert ([Chan et al., 2018](#)). Darüber hinaus überlappt eine große Anzahl mutmaßlicher miRNA-Bindungsstellen mit G4s in 3'-UTRs von mRNAs, da es mindestens 521 spezifische miRNAs gibt, von denen vorhergesagt wird, dass sie an mindestens eines dieser G4s binden. Insgesamt wurden 44.294 potenzielle G4-miRNA-Bindungsstellen nachverfolgt, die mutmaßlich überlappende G4s beim Menschen besitzen ([Rouleau et al., 2017](#)).

Wie an anderer Stelle beschrieben, wird es während der zellulären Translation von Impfstoff-mRNAs zu einem erhöhten Zusammenbau einer Reihe von RNA-bindenden Proteinhelicasen kommen, wie z. B. eIF4A, das an eIF4G gebunden ist ([Kyriakopoulos und McCullough, 2021](#)). Das Vorhandensein von erhöhten pG4s in synthetischen mRNAs kann möglicherweise die Bindung von RNA-bindenden Proteinen und miRNAs verstärken. Diese Form der molekularen Anhäufung von Proteinkomponenten (Helikasen) mit großer Affinität zur G4-Bindung ([Rouleau et al., 2017](#)) verringert die Anzahl der RNA-bindenden Proteine, die G4s binden, die normalerweise für die miRNA-Regulierung verfügbar sind. Dieser Verlust an RNA-bindenden Proteinen sowie die miRNA-Verfügbarkeit für die Regulation durch Bindung an G4s kann die Translationsregulation von in Zellen vorhandenen miRNAs dramatisch verändern und dadurch die wesentliche Regulation der Onkogenexpression stören. Ein Beispiel ist die p16-abhängige Regulation des Tumorsuppressorproteins p53 ([Rouleau et al., 2017](#); [Al-Khalaf und Aboussekra, 2018](#)).

Dieser Vorgang ist äußerst kompliziert, kommt aber einer zellulären Homöostase gleich. Es verdient also noch einmal eine Zusammenfassung. Wenn pG4s akkumulieren, wie es bei einer erhöhten Menge an GC-Gehalt in der Impfstoff-mRNA zu erwarten wäre, würde dies die Auswirkung haben, dass die potenziellen G4-Strukturen, die während Translationsereignissen verfügbar sind, erhöht werden, und dies kann die posttranskriptionelle Regulierung der miRNA beeinträchtigen. Dies wiederum würde entweder eine stärkere Expression der Onkogene im Zusammenhang mit einer Reihe von Krebsarten begünstigen oder Zellen in Richtung Apoptose und Zelltod treiben ([Weldon et al., 2018](#)). Die weiter oben in diesem Artikel beschriebene Fallstudie unterstützt nachdrücklich die Hypothese, dass diese Injektionen eine beschleunigte Lymphomprogression in follikulären B-Zellen induzieren ([Goldman et al., 2021](#)).

miRNA-Bindungserkennungsmuster sind unvollkommen komplementär zu ihren Zielregionen und werden aus diesem Grund als „Hauptregulatoren“ bezeichnet, da eine miRNA eine Vielzahl verschiedener Ziele beeinflusst ([Rouleau et al., 2018](#)). Die Vielzahl von pG4s in der mRNA des Impfstoffs würde vorhersehbar als Köder wirken und miRNAs von ihrer normalen Funktion bei der Regulierung der menschlichen Proteinexpression ablenken. Die Zunahme der G4-Targets aufgrund des Impfstoffs würde die Verfügbarkeit von miRNAs verringern, um auf vom Menschen exprimierte G4s zur Regulation der Genexpression abzuzielen. Dies kann zu einer Herunterregulierung der miRNA-Expression führen, die mit kardiovaskulärer Pathologie ([Small und Olson, 2011](#)), dem Beginn der Neurodegeneration ([Abe und Bonini, 2013](#)) und/oder dem Fortschreiten von Krebs ([Farazi et al., 2013](#)).

Innerhalb der epitranskriptomischen Maschinerie sind miRNAs in vielerlei Hinsicht an der Translationsrepression beteiligt. Ein Beispiel, das für die zelluläre normale Haushaltsführung von entscheidender Bedeutung ist, ist das Maus-Doppelminuten-2-Homolog (MDM2), ein physisch negatives regulatorisches Protein von p53. P53 selbst gilt als Hauptregulator des zellulären Tumorunterdrückungsnetzwerks von Genen. P16 kontrolliert die Expression vieler miRNAs und induziert über die Bindung von miR-141 und miR-146b-5p an MDM2-mRNA die negative Regulation von MDM2, wodurch die Ubiquitinierung von p53 und die Förderung des Zellüberlebens bei DNA-Schäden ermöglicht werden ([Al-Khalaf und Aboussekhra, 2018](#)). Eine Dysregulation von miRNAs, die die MDM2-Unterdrückung von p53 kontrollieren, würde vorhersehbar zu einem erhöhten Risiko für eine Reihe von Krebsarten führen ([Ozaki und Nakagawara, 2011](#)).

5 . Typ I IFNs und COVID-19

Typ-I-IFNs spielen eine wesentliche Rolle bei der Bekämpfung von Virusinfektionen, und Mängel in der Typ-I-IFN-Signalübertragung wurden in mehreren Studien mit schlechten Ergebnissen von COVID-19 in Verbindung gebracht. Diese Fälle sind häufig mit Autoantikörpern gegen Typ-I-IFNs assoziiert. Wie unten besprochen, wurden Typ-I-IFNs mit einem Erfolg bei der Behandlung von schwerem COVID-19 eingesetzt, insbesondere wenn sie sehr früh im Krankheitsverlauf verabreicht wurden. Wenn, wie oben argumentiert, die mRNA-Impfstoffe die Typ-I-IFN-Signalübertragung beeinträchtigen, könnte dies in den zwei Wochen nach der ersten Impfung zu einer erhöhten Anfälligkeit für COVID-19 führen, bevor eine Antikörperreaktion eingeleitet wurde.

Mit einem Virus infizierte Zellen erkennen das Vorhandensein einer Virusreplikation durch eine Reihe von Mustererkennungsrezeptoren (PRRs), die als Wächter dienen, die abweichende RNA-Strukturen erkennen, die sich häufig während der Virusreplikation bilden. Diese Rezeptoren reagieren durch Oligomerisierung und anschließende Induktion von Typ-I-IFNs, wodurch letztendlich eine große Anzahl von Proteinen hochreguliert wird, die an der Unterdrückung der viralen Proliferation beteiligt sind ([Janeway und Medzhitov, 2002](#)).

Eine Multi-Autoren-Studie von Forschern in Paris, Frankreich, an einer Kohorte von 50 COVID-19-Patienten mit unterschiedlichem Schweregrad der Erkrankung ergab, dass Patienten mit schwerer Erkrankung durch eine stark beeinträchtigte Typ-I-IFN-Reaktion gekennzeichnet waren ([Hadadj et al., 2020](#)). Diese Patienten hatten im Wesentlichen kein IFN- β und eine niedrige IFN- α -Produktion und -Aktivität. Dies war mit einer anhaltenden Viruslast im Blut und einer verschlimmerten Entzündungsreaktion verbunden, die durch hohe Spiegel des Tumornekrosefaktors α gekennzeichnet war (TNF- α) und IL-6. Die Autoren schlugen eine Typ-I-IFN-

Therapie als mögliche Behandlungsoption vor. Ein Artikel mehrerer Forscher in den Vereinigten Staaten identifizierte auch eine einzigartige und unangemessene Entzündungsreaktion bei schweren COVID-19-Patienten, die durch niedrige IFN-Spiegel sowohl vom Typ I als auch vom Typ III zusammen mit erhöhten Chemokinen und erhöhter Expression von IL-6 ([Blanco- Melo et al., 2020](#)).

IFNs vom Typ I wurden sogar als Behandlungsoption für schweres COVID-19 vorgeschlagen. In einem Hamstermodell setzten Forscher Hamster SARS-CoV-2 aus und induzierten eine Entzündungsreaktion in der Lunge und eine systemische Entzündung in distalen Geweben. Sie fanden heraus, dass die intranasale Verabreichung von rekombinantem IFN- α zu einer verringerten Viruslast und einer Linderung der Symptome führte ([Hoagland et al., 2021](#)). Eine retrospektive Kohortenstudie mit 446 COVID-19-Patienten ergab, dass eine frühe Verabreichung von IFN- α 2b mit einer verringerten Krankenhaussterblichkeit verbunden war. Eine späte IFN-Therapie erhöhte jedoch die Mortalität und verzögerte die Genesung, was zeigt, dass eine frühzeitige Verabreichung einer Interferontherapie für ein günstiges Ansprechen unerlässlich ist ([Wang et al., 2020a](#)).

Eine überraschende Anzahl von Menschen hat neutralisierende Autoantikörper gegen Typ-I-IFNs, obwohl die zugrunde liegende Ätiologie dieses Phänomens nicht verstanden wird. Eine Studie unter Verwendung von Längsprofilen von über 600.000 peripheren mononukleären Blutzellen und Transkriptomsequenzierung von 54 Patienten mit COVID-19 und 26 Kontrollen ergab einen bemerkenswerten Mangel an Typ-I-IFN-stimulierten Genantworten in myeloiden Zellen von Patienten mit kritischer Erkrankung ([van der Wijst et al., 2021](#)). Neutralisierende Autoantikörper gegen Typ-I-IFNs wurden bei 19 % der Patienten mit kritischer Erkrankung, 6 % der Patienten mit schwerer Erkrankung und 0 % der Patienten mit mittelschwerer Erkrankung gefunden. Eine andere in Madrid, Spanien, durchgeführte Studie ergab, dass 10 % der Patienten mit schwerer COVID-19-Erkrankung Autoimmunantikörper gegen Typ-I-IFNs aufwiesen ([Troya et al., 2021](#)). Eine in Frankreich durchgeführte Multi-Autoren-Studie ergab, dass die COVID-19-Mortalität bei Patienten mit neutralisierenden Autoantikörpern gegen Typ-I-Interferon signifikant häufiger war als bei Patienten ohne neutralisierende Antikörper (55 % vs. 23 %) ([Chauvineau - Grenier et al., 2022](#)). Schließlich stellen [Stertz und Hale \(2021\)](#) fest, dass Mängel in der Interferonproduktion mit bis zu 15 % aller lebensbedrohlichen COVID-19-Fälle verbunden sind, sei es aufgrund von Autoantikörpern oder vielleicht Funktionsverlustpolymorphismen im Zusammenhang mit Genen des Interferonsystems .

6 . Werden die Methylierungsstrategien für die zelluläre Haushaltsführung von Impfstoff-mRNAs generell weggelassen?

Die Methylierung von mRNAs wurde evolutionär entwickelt, um die Translation von Transkripten und damit die Expression von Genen durch eine komplexe Kaskade von Methylator- (Schreiber), De-Methylator- (Löscher) und Leseproteinen zu kontrollieren. Die Adenosinmethylierung ist die häufigste epitranskriptomische mRNA-Modifikation und tritt an mehreren Stellen im mRNA-Molekül auf([Zackara et al., 2019](#)). Eine Schlüsselmethylierung von Adenosin „N6-Methyladenosin (m6A“ speziell in der 5'-UTR von mRNAs reguliert die normale Zellphysiologie , die Entzündungsreaktion und das Fortschreiten von Krebs. Die Rolle und Mechanismen von m6A bei Erkrankungen des Menschen sind umfangreich und werden in anderen umfassenden Übersichten hervorragend behandelt ([Yang et al., 2020](#) ; [Knuckles und Bühler, 2018](#)). Vor allem die molekulare

Vakzinierung gegen SARS-CoV-2 induziert Zellstresszustände, wie sie durch die erhöhte NF-κB-Signalisierung nach der Vakzinierung beschrieben wird ([Liu et al., 2021](#) ; [Koo et al., 2010](#)).

Unter Bedingungen von zellulärem Stress, der durch eine virale Infektion oder Krankheitszustände wie Krebs induziert werden kann, vermittelt m6A mRNAs dazu, bevorzugt eine Translation auf Cap-unabhängige Weise zu durchlaufen ([Meyer et al., 2015](#)). Wie bereits erwähnt, steht dies im Gegensatz zu den Auswirkungen der mRNA-SARS-CoV-2-Impfung, die Zellen zu einer *Cap-abhängigen* Translation treibt. Darüber hinaus gibt es unter verschiedenen Bedingungen von zellulärem Stress eine überwältigende Induktion der transkriptomweiten Zugabe von m6A, die dazu führt, dass eine erhöhte Anzahl von mRNAs 5'UTRs besitzt, die mit m6A angereichert sind ([Meyer et al., 2015](#)).

Der eukaryotische Translationsinitiationsfaktor 4E (eIF4E) ist das anfängliche mRNA-Cap-bindende Protein, das Ribosomen zur Cap-Struktur von mRNAs dirigiert, um die Translation in ein Protein zu initiieren. Die Abhängigkeit von der Cap-abhängigen Translation von Impfstoff-mRNAs wird einen Überschuss an eIF4E-Verfügbarkeit verbrauchen, der benötigt wird, um eine unnatürlich hohe Anzahl synthetischer mRNAs zu translatieren. Allerdings findet eine Cap-unabhängige Übersetzung statt, ohne dass eIF4E an eIF4F gebunden werden muss. Die Konkurrenz um Ribosomen wird sich in Richtung der cap-unabhängigen Translation von Transkripten verschieben, da die cap-unabhängig translatierten mRNAs neben internen Ribosomeneintrittsstellen (IRES) mit speziellen Bindungsmotiven ausgestattet sind, die an Faktoren binden, die aktiv mRNAs an die rekrutierenden Ribosomen-Cap-unabhängige Translations-Enhancer (CITEs) ([Shatsky et al., 2018](#)).

Darüber hinaus bedeutet dies auch, dass eIF4E, das ein starker Onkogenregulator und Zellproliferationsmodulator ist, seine Aktivitäten durch diese Konkurrenz über einen unnatürlich langen Zeitraum aufrechterhalten wird und versucht, die Konkurrenz zwischen robust gekappten mRNAs in Impfstoffen und IRES-enthaltenden RNAs auszugleichen mRNAs ([Kyriakopoulos und McCullough, 2021](#) ; [Svitkin et al., 2005](#)). Diese Art von Erkrankung führt zu einer Dysregulation von cotranskriptionellen m6A-mRNA-Modifikationen und ernsthaften Verbindungen zu molekularen Progressionen verschiedener Krebsarten ([Han und Choe, 2020](#)) sowie zur Schaffung prädisponierender Bedingungen für nachfolgende Virusinfektionen ([Svitkin et al., 2005](#)).

Als nächstes betrachten wir die Auswirkungen des aus der mRNA-Impfung stammenden SARS-CoV-2-Spike- Glykoproteins auf das zelluläre IFN -System durch massive Exosomenproduktion.

7 . Exosomen und MicroRNAs

Ein wichtiges Kommunikationsnetzwerk zwischen Zellen besteht aus extrazellulären Vesikeln (EVs), die ständig von einer Zelle freigesetzt und später von einer anderen Zelle aufgenommen werden, die sich in einem entfernten Organ befinden könnte. Kleine Vesikel, bekannt als Exosomen, die innerhalb von Endosomen gebildet werden, haben eine ähnliche Größe wie Viren und werden durch Exozytose in den extrazellulären Raum freigesetzt, um anschließend im ganzen Körper zu zirkulieren ([Yoshikawa et al., 2019](#)). Exosomen können eine vielfältige Sammlung biologisch aktiver Moleküle liefern, darunter mRNA, microRNAs (miRNAs), Proteine und Lipide ([Ratajczak und Ratajczak, 2016](#)). Während einer Virusinfektion scheiden infizierte Zellen große Mengen an Exosomen aus, die als Kommunikationsnetzwerk zwischen den Zellen fungieren, um die Reaktion auf die Infektion zu koordinieren ([Chahar et al., 2015](#)).

In einer gemeinsamen Anstrengung eines Forscherteams aus Arizona und Connecticut wurde festgestellt, dass Menschen, die mit den mRNA-Impfstoffen geimpft wurden, bis zum 14). Sie fanden auch heraus, dass vierzehn Tage nach der ersten Impfung keine Antikörper gegen das Spike-Glykoprotein zirkulierten. Nach der zweiten Impfung stieg die Zahl der zirkulierenden Spike-Glykoprotein-haltigen Exosomen jedoch bis zu einem Faktor von 12 an. Darüber hinaus traten erstmals am 14. Tag Antikörper auf. Die Exosomen präsentierten Spike-Glykoprotein auf ihrer Oberfläche, was die Autoren argumentierten: erleichtert die Antikörperproduktion. Wenn Mäuse Exosomen ausgesetzt wurden, die von geimpften Menschen stammten, entwickelten sie Antikörper gegen das Spike-Glykoprotein. Interessanterweise nahm nach der Spaltenexpression die Anzahl der zirkulierenden Spike-Glykoprotein-enthaltenden Exosomen im Laufe der Zeit ab, im Gleichschritt mit der Abnahme der Menge an Antikörpern gegen das Spike-Glykoprotein.

Exosomen existieren als Teil des mRNA-Zerfallsmechanismus in enger Verbindung unter Stressbedingungen mit Stressgranula (SGs) und P-Bodies (PBs) ([Decker und Parker, 2012](#); [Kothandan et al., 2020](#)). Unter den Bedingungen einer durch Impfstoff-mRNA induzierten Translation, die als „übermäßige Abhängigkeit von Cap-abhängiger Translation“ bezeichnet werden könnte, gibt es einen offensichtlichen Widerstand gegen die Förderung und den Zusammenbau des großen Decapping-Komplexes ([Kyriakopoulos und McCullough, 2021](#)) und daher einen Widerstand dagegen physiologische mRNA-Zerfallsprozesse ([Decker und Parker, 2012](#)). Dies würde bedeuten, dass das Schicksal bestimmter synthetischer mRNAs, das ansonsten durch die gemeinsame zelluläre Strategie für den mRNA-Turnover unter Einbeziehung von Boten-Ribonukleinproteinen (mRNPs) bestimmt würde, wegfallt ([Borbolis und Syntichaki, 2015](#)).

Darüber hinaus werden unter Bedingungen einer übermäßigen Abhängigkeit von der Cap-abhängigen Translation durch die synthetischen mRNAs in SARS-CoV-2-Impfstoffen ([Kyriakopoulos und McCullough, 2021](#)) viele native mRNAs, die beträchtliche IRES und spezifische Methylierungen (m6A) in ihrer Struktur enthalten, günstig ausgewählt Cap-unabhängige Translation, die stark mit Qualitätskontrollmechanismen des mRNA-Zerfalls verbunden ist ([Han und Choe, 2020](#)). In diesem Sinne sind beträchtliche deadenylierte mRNA-Produkte sowie Produkte, die aus dem mRNA-Metabolismus (Zerfall) stammen, direkt mit Exosom-Frachten verbunden ([Borbolis und Syntichaki, 2015](#)).

Ein Beispiel für die Abhängigkeit von Cap-abhängiger Translation ist bei akuter lymphoblastischer T-Zell-Leukämie (T-ALL) beschrieben. Aufgrund der Überfunktion des mechanistischen Ziels von Rapamycin C (mTORC)-1 in T-ALL werden die Zellen vollständig in Richtung der Cap-abhängigen Translation getrieben ([Girardi und De Keersmaecker, 2015](#)). Ein analoger Zustand wird von [Kyriakopoulos und McCullough \(2021\)](#) beschrieben. Selbst in diesem hochaggressiven Krebszustand kommt es während der Hemmung der Cap-abhängigen Translation in T-ALL-Zellen zu einer schnellen Rückkehr zur Cap-unabhängigen Translation ([Girardi und De Keersmaecker, 2015](#)). Ebenso eine Picornavirus-Infektion ([Jang et al., 1990](#)) treibt Zellen aufgrund der Hemmung von Komponenten des eIF4F- Komplexes und des Pluralismus von IRES in viraler RNA zu einer Cap-unabhängigen Translation .

Beim Menschen gibt es eine Fülle von meist asymptomatischen Picornavirus-Infektionen wie dem Safford-Virus mit einer Seroprävalenz von über 90 % bei Kleinkindern und Erwachsenen ([Zoll et al., 2009](#)). In jedem Fall, sei es ein apoptotisches Ereignis aufgrund eines stressähnlichen Zustands ([Rusk, 2008](#)) oder ein mRNA-Cap-getriebener karzinomatöser Effekt ([De Paolis et al., 2021](#)), werden

die miRNA-Spiegel aufgrund von erhöht erhöhte epitranskriptomische Funktion und verstärkter mRNA-Zerfall. Aufgrund der hohen Nachfrage nach Genexpression wird erwartet, dass große Mengen bestimmter miRNAs über P-Körperchen in Exosomen enthalten sind ([Yu et al., 2016](#)).

Außerdem wäre unter den Bedingungen einer überwältigenden Produktion von SARS-CoV-2-Spike-Glykoprotein aufgrund der molekularen SARS-CoV-2-Impfung natürlich zu erwarten, dass ein erheblicher Anteil der überreichlich vorhandenen intrazellulären Spike-Glykoproteine auch über Exosomen-Frachten exportiert würde ([Wei et al., 2021](#)).

[Mishra und Banerjea \(2021\)](#) untersuchten die Rolle von Exosomen bei der zellulären Antwort von SARS-CoV-2-Spike-transfizierten Zellen. Sie schrieben in der Zusammenfassung:

„Wir schlagen vor, dass das SARS-CoV-2-Genprodukt Spike in der Lage ist, die exosomale Fracht des Wirts zu modifizieren, die zu entfernten, nicht infizierten Geweben und Organen transportiert wird, und eine katastrophale Immunkaskade im Zentralnervensystem (ZNS) auslösen kann.“

Ihre Experimente umfassten die Züchtung menschlicher HEK293T-Zellen in Kultur und deren Exposition gegenüber SARS-CoV-2-Spike-Genplasmiden, die die Synthese von Spike-Glykoprotein in den Zellen induzierten. Sie fanden experimentell heraus, dass diese Zellen reichlich Exosomen freisetzen, die Spike-Glykoprotein zusammen mit spezifischen microRNAs enthielten. Anschließend entnahmen sie die Exosomen und überführten sie in eine Zellkultur menschlicher Mikroglia (die im Gehirn ansässigen Immunzellen). Sie zeigten, dass die Mikroglia die Exosomen bereitwillig aufnahm und auf die microRNAs reagierte, indem sie eine akute Entzündungsreaktion auslöste. Die Rolle von Mikroglia bei der Verursachung von Neuroinflammation bei verschiedenen Viruserkrankungen wie dem Human Immunodeficiency Virus (HIV), dem Japanese Encephalitis Virus (JEV) und Dengue, ist gut etabliert. Sie schlugen vor, dass die Zell-Zell-Fernkommunikation über Exosomen der Mechanismus sein könnte, durch den sich neurologische Symptome in schweren Fällen von COVID-19 manifestieren.

In weiteren Untersuchungen identifizierten die Autoren zwei microRNAs, die in hohen Konzentrationen in den Exosomen vorhanden waren: miR-148a und miR-590. Sie schlugen einen spezifischen Mechanismus vor, durch den diese beiden microRNAs spezifisch die Typ-I - Interferon-Signalgebung durch Unterdrückung von zwei kritischen Proteinen stören würden, die den Signalweg kontrollieren: Ubiquitin-spezifische Peptidase 33 (USP33) und IRF9. Phosphorylierte STAT1- und STAT2- Heterodimere benötigen IRF9, um IFN-stimulierte Response-Elemente zu binden, und daher spielt IRF9 eine wesentliche Rolle bei der Signalantwort. Die Autoren zeigten experimentell, dass Mikroglia, die den aus der HEK293-Kultur extrahierten Exosomen ausgesetzt waren, eine 50-prozentige Abnahme der zellulären Expression von USP33 und eine 60-prozentige Abnahme von IRF9 aufwiesen. Sie fanden weiter heraus, dass miR-148a spezifisch USP33 blockiert und miR-590 spezifisch IRF9 blockiert. USP33 entfernt Ubiquitin aus IRF9 und schützt es so vor Abbau. Somit verschwören sich die beiden microRNAs zusammen, um IRF9 zu stören, wodurch die Rezeptorantwort auf Typ-I-Interferone blockiert wird.

Eine Studie von [de Gonzalo-Calvo et al. \(2021\)](#) untersuchten das microRNA-Profil im Blut von COVID-19-Patienten und ihre quantitative Varianz basierend auf der Schwere der Erkrankung. Es wurde festgestellt, dass mehrere miRNAs hoch- und herunterreguliert sind. Darunter war miR-148a-3p, der Vorläufer des Führungsstrangs von miR-148a. MiR-148a selbst gehörte jedoch nicht zu den microRNAs, die in ihrer Studie als übermäßig oder mangelhaft katalogisiert wurden, ebenso wenig wie miR-590. Aus diesen Ergebnissen geht hervor, dass miR148a und miR-590 und ihre

entzündlichen Wirkungen einzigartig für die durch Impfung induzierte SARS-CoV-2-Spike-Glykoproteinproduktion sind.

Tracer-Studien haben gezeigt, dass die mRNA in mRNA-Impfstoffen nach Injektion in den Armmuskel von Immunzellen in das Lymphsystem getragen wird und sich schließlich in hoher Konzentration in der Milz anreichert ([Bahl et al., 2017](#)). Andere Studien haben gezeigt, dass gestresste Immunzellen in Keimzentren in der Milz große Mengen an Exosomen freisetzen, die entlang des Vagusnervs zu den Hirnstammkernen wandern (wie in [Seneff und Nigh \(2021\) besprochen](#)). Der Vagusnerv ist der 10. Hirnnerv und tritt in der Nähe des Kehlkopfes in den Hirnstamm ein. Die oberen und wiederkehrenden Kehlkopfnerven sind Äste des Vagus, die Strukturen innervieren, die am Schlucken und Sprechen beteiligt sind. Läsionen in diesen Nerven verursachen eine Stimmbandlähmung verbunden mit Schluckbeschwerden (Dysphagie), Sprechschwierigkeiten (Dysphonie) und/oder Kurzatmigkeit (Dyspnoe) ([Gould et al., 2019](#) ; [Erman et al., 2009](#)). Wir werden auf diese spezifischen Pathologien in unserer Überprüfung der VAERS-Daten unten zurückkommen.

HEK293-Zellen wurden ursprünglich aus Kulturen gewonnen, die vor mehreren Jahrzehnten aus der Niere eines menschlichen Fötus entnommen und durch Infektion mit Adenovirus- DNA unsterblich gemacht wurden. Obwohl sie aus der Niere extrahiert wurden, zeigen die Zellen durch ihr Proteinexpressionsprofil, dass sie wahrscheinlich neuronalen Ursprungs sind ([Shaw et al., 2002](#)). Dies deutet darauf hin, dass Neuronen im Vagusnerv ähnlich auf das SARS-CoV-2-Spike-Glykoprotein reagieren würden. Daher deuten die verfügbaren Beweise stark darauf hin, dass endogen produziertes SARS-CoV-2-Spike-Glykoprotein ein anderes Mikro-RNA-Profil erzeugt als eine natürliche Infektion mit SARS-CoV-2, und diese Unterschiede zu einer potenziell breiten Palette schädlicher Wirkungen führen.

Ein zentraler Punkt unserer nachstehenden Analyse ist die wichtige Unterscheidung zwischen der Auswirkung einer Impfung gegenüber einer natürlichen Infektion auf Typ-I-IFN. Während die Impfung seine Produktion aktiv unterdrückt, fördert die natürliche Infektion die Typ-I-IFN-Produktion sehr früh im Krankheitszyklus. Personen mit Vorerkrankungen weisen häufig eine beeinträchtigte IFN-Signalübertragung vom Typ I auf, was zu schwererem, kritischem und sogar tödlichem COVID-19 führt. Wenn die durch den Impfstoff induzierte Beeinträchtigung aufrechterhalten wird, während die Antikörperspiegel im Laufe der Zeit abnehmen, könnte dies zu einer Situation führen, in der der Impfstoff eine schwerere Krankheitsausprägung verursacht, als dies ohne den Impfstoff der Fall gewesen wäre.

Eine weitere erwartete Folge der Unterdrückung von Typ-I-IFN wäre die Reaktivierung von vorbestehenden, chronischen Virusinfektionen, wie in Abschnitt 9 beschrieben .

8 . Beeinträchtigte DNA-Reparatur und adaptive Immunität

Das Immunsystem und das DNA-Reparatursystem sind die beiden Hauptsysteme, auf die sich höhere Organismen zur Abwehr verschiedener Bedrohungen verlassen, und sie haben gemeinsame Elemente. Der Funktionsverlust wichtiger DNA-Reparaturproteine führt zu Reparaturdefekten, die die Produktion funktionsfähiger B- und T-Zellen hemmen, was zu einer Immunschwäche führt. Die nicht-homologe Endverbindungsreparatur (NHEJ) spielt eine entscheidende Rolle bei der lymphozytenspezifischen V(D)J-Rekombination, die für die Produktion des äußerst vielfältigen

Repertoires von B-Zell-Antikörpern als Reaktion auf Antigenexposition unerlässlich ist ([Jiang und Mei, 2021](#)).. Eine beeinträchtigte DNA-Reparatur ist auch ein direkter Weg zu Krebs.

In einer 2021 von Liu et al. veröffentlichten Arbeit wurden mehrere Parameter im Zusammenhang mit der Immunfunktion in einer Patientenkohorte überwacht, indem eine Einzelzell-mRNA-Sequenzierung von peripheren mononukleären Blutzellen (PBMCs) durchgeführt wurde, die den Patienten vor und 28 Tage nach der ersten Injektion entnommen wurden eines COVID-19-Impfstoffs, der auf einer abgeschwächten Version des Virus basiert ([Liu et al., 2021](#)). Obwohl sich diese Impfstoffe von den mRNA-Impfstoffen unterscheiden, wirken sie auch, indem sie den Inhalt des Impfstoffs in den Deltamuskel injizieren und dabei die Schleimhaut- und Gefäßbarrieren umgehen. Die Autoren fanden eine konsistente Veränderung der Genexpression nach der Impfung in vielen verschiedenen Immunzelltypen. Beobachtete Zunahmen der NF-κB-Signalgebung und reduziertes Typ-I- IFNdie Antworten wurden weiter durch biologische Assays bestätigt. In Übereinstimmung mit anderen Studien fanden sie heraus, dass STAT2 und IRF7 28 Tage nach der Impfung signifikant herunterreguliert waren, was auf eine beeinträchtigte IFN-Reaktion vom Typ I hinweist. Sie schrieben: „Zusammen deuten diese Daten darauf hin, dass nach der Impfung, zumindest bis zum 28. Tag, das Immunsystem der Menschen, abgesehen von der Bildung neutralisierender Antikörper, vielleicht in einem anfälligeren Zustand war, einschließlich der Lymphozyten und Monozyten.“ ([Liu et al., 2021](#)).

Diese Autoren identifizierten auch störende Veränderungen in der Genexpression, die auf eine beeinträchtigte Fähigkeit zur DNA-Reparatur hindeuten würden. Bis zu 60 % der gesamten Transkriptionsaktivität in wachsenden Zellen beinhaltet die Transkription von ribosomaler DNA (rDNA), um ribosomale RNA (rRNA) zu produzieren. Das Enzym, das ribosomale DNA in RNA umschreibt, ist die RNA-Polymerase I (Pol I). Pol I überwacht auch die rDNA-Integrität und beeinflusst das Zellüberleben ([Kakarougkas et al., 2013](#)). Während der Transkription scannen RNA-Polymerasen (RNAPs) aktiv die DNA, um sperrige Läsionen (Doppelstrangbrüche) zu finden und ihre Reparatur auszulösen. In wachsenden eukaryotischen Zellen beinhaltet die meiste Transkription die Synthese von ribosomaler RNA durch Pol I. Somit fördert Pol I das Überleben nach DNA-Schäden ([Kakarougkas et al., 2013](#)). Viele der herunterregulierten Gene, die von [Liu et al. \(2021\)](#) wurden mit dem Zellzyklus, der Erhaltung der Telomere und sowohl der Promotoröffnung als auch der Transkription von POL I in Verbindung gebracht, was auf beeinträchtigte DNA-Reparaturprozesse hinweist.

Einer der unterdrückten Gensätze war auf die „Ablagerung von neuem CENPA [centromere protein A] enthaltenden Nukleosomen am Zentromer“ zurückzuführen. Neu synthetisiertes CENPA wird während der späten Telophase/frühen G1-Phase des Zellzyklus in Nukleosomen am Zentromer abgelagert. Dies deutet auf einen Stillstand des Zellzyklus in der G1-Phase als charakteristisches Merkmal der Reaktion auf den inaktivierten SARS-CoV-2-Impfstoff hin. Der Stillstand pluripotenter embryonalen Stammzellen in der G1-Phase (vor Beginn der Replikation) würde zu einer beeinträchtigten Selbsterneuerung und Aufrechterhaltung der Pluripotenz führen ([Choi et al., 2013](#)).

Zwei Checkpoint-Proteine, die entscheidend an der DNA-Reparatur und der adaptiven Immunität beteiligt sind, sind BRCA1 und 53BP1, die sowohl die homologe Rekombination (HR) als auch NHEJ, die beiden primären Reparaturprozesse, erleichtern ([Zhang und Powell, 2005](#); [Panier und Boulton, 2014](#)). In einem *In-vitro*-Experiment an menschlichen Zellen wurde spezifisch gezeigt, dass das SARS-CoV-2

Spike- Glykoprotein in voller Länge in den Zellkern eindringt und die Rekrutierung dieser beiden Reparaturproteine an der Stelle eines Doppelstrangbruchs behindert ([Jiang und Mei, 2021](#)). Die Autoren fassten ihre Ergebnisse wie folgt zusammen: „Mechanistisch gesehen haben wir festgestellt, dass sich das Spike-Protein im Zellkern ansammelt und die Reparatur von DNA-Schäden hemmt, indem es die Rekrutierung der Schlüssel-DNA-Reparaturproteine BRCA1 und 53BP1 an der Schadensstelle behindert.“

Ein weiterer Mechanismus, durch den die mRNA-Impfstoffe die DNA-Reparatur stören könnten, ist miR-148. Es wurde gezeigt, dass diese microRNA die HR in der G1-Phase des Zellzyklus herunterreguliert ([Choi et al., 2014](#)). Wie bereits in diesem Artikel erwähnt, war dies eine der beiden microRNAs, die in Exosomen gefunden wurden, die von menschlichen Zellen nach der SARS-CoV-2-Spike-Glykoproteinsynthese in den Experimenten von [Mishra und Banerjea \(2021\)](#) freigesetzt wurden .

9 . Reaktivierung von Varicella-Zoster

Die Typ-I - IFN -Rezeptorsignalisierung in CD8⁺-T-Zellen ist entscheidend für die Bildung von Effektor- und Gedächtniszellen als Reaktion auf eine Virusinfektion ([Kolumam et al., 2005](#)). CD8⁺-T-Zellen können die Reaktivierung einer latenten Herpesinfektion in sensorischen Neuronen blockieren ([Liu et al., 2000](#)). Wenn die Typ-I-IFN-Signalübertragung beeinträchtigt ist, wie dies nach einer Impfung, aber nicht nach einer natürlichen Infektion mit SARS-CoV-2 der Fall ist, wäre auch die Fähigkeit der CD8⁺-T-Zellen, Herpes in Schach zu halten, beeinträchtigt. Könnte dies der Mechanismus sein, der als Reaktion auf die Impfstoffe wirkt?

Gürtelrose ist eine immer häufiger auftretende Erkrankung, die durch die Reaktivierung von latenten Herpes-Zoster-Viren (HZV) verursacht wird, die auch Windpocken im Kindesalter verursachen. In einem systematischen Review haben [Katsikas Triantafyllidis et al. \(2021\)](#) identifizierten 91 Fälle von Herpes zoster, die durchschnittlich 5,8 Tage nach der mRNA-Impfung auftraten. Obwohl anerkannt wird, dass die Kausalität noch nicht bestätigt ist, „ist Herpes zoster möglicherweise eine Erkrankung, die Ärzte und andere Angehörige der Gesundheitsberufe bei Patienten erwarten können, die COVID-19-Impfstoffe erhalten“ ([Katsikas Triantafyllidis et al., 2021](#)). In einem am 2. September 2021 veröffentlichten Leserbrief schlagen [Fathy et al. \(2022\)](#) berichteten über 672 Fälle von Hautreaktionen die vermutlich impfstoffbedingt waren, darunter 40 Fälle von Herpes zoster und/oder Herpes-simplex-Reaktivierung. Diese Fälle waren dem COVID-19-Dermatologieregister der American Academy of Dermatology und der International League of Dermatologic Societies gemeldet worden, das speziell zur Verfolgung dermatologischer Folgen der Impfstoffe eingerichtet wurde. In der Literatur gibt es mehrere zusätzliche Fallberichte über eine Herpes-Zoster-Reaktivierung nach einer COVID-19-Impfung ([Psichogiou et al., 2021b](#) ; [Iwanaga et al., 2021](#)). [Lladó et al. \(2021\)](#)stellten fest, dass 51 von 52 Berichten über reaktivierte Herpes-Zoster-Infektionen nach mRNA-Impfung auftraten. Herpes zoster selbst stört auch die IFN- α -Signalübertragung in infizierten Zellen, sowohl durch Störung der STAT2-Phosphorylierung als auch durch Erleichterung des IRF9- Abbaus ([Verweij et al., 2015](#)).

Bemerkenswert ist auch ein weiterer Fall einer viralen Reaktivierung. Es handelte sich um eine 82-jährige Frau, die sich 2007 eine Hepatitis-C-Virusinfektion (HCV) zugezogen hatte. Einige Tage nach der Impfung mit einem mRNA-Impfstoff von Pfizer/BioNTech trat ein starker Anstieg der HCV-Last

auf, zusammen mit dem Auftreten von Gelbsucht. Sie starb drei Wochen nach der Impfung an Leberversagen ([Lensen et al., 2021](#)).

10 . Immunthrombozytopenie

Immunthrombozytopenie ist eine Autoimmunerkrankung, bei der das Immunsystem zirkulierende Blutplättchen angreift. Immunthrombozytopenische Purpura (ITP) wurde mit mehreren Impfungen in Verbindung gebracht, darunter Masern, Mumps, Röteln (MMR), Hepatitis A, Windpocken, Diphtherie, Tetanus, Pertussis (DPT), oraler Polio und Influenza ([Perricone et al., 2014](#)). Obwohl ein breites Bewusstsein dafür besteht, dass die auf Adenovirus-DNA basierenden Impfstoffe eine impfstoffinduzierte immunthrombotische Thrombozytopenie (VITT) verursachen können ([Kelton et al., 2021](#)), sind die mRNA-Impfstoffe nicht ohne Risiko für VITT, da Fallstudien veröffentlicht wurden, die solche Vorkommnisse dokumentieren, einschließlich lebensbedrohlicher und tödlicher zerebraler venöser Sinusthrombosen ([Lee et al., 2021](#) ; [Akiyama et al., 2021](#) ; [Atoui et al., 2022](#) ; [Zakaria et al., 2021](#)). Es wird angenommen, dass der Mechanismus VITT-Antikörper umfasst, die an den Blutplättchenfaktor 4 (PF4) binden und Immunkomplexe bilden, die die Blutplättchenaktivierung induzieren. Nachfolgende Gerinnungskaskaden verursachen die Bildung von diffusen Mikrogerinnseln in Gehirn, Lunge, Leber, Beinen und anderswo, verbunden mit einem dramatischen Abfall der Blutplättchenzahl ([Kelton et al., 2021](#)). Die Reaktion auf den Impfstoff wurde als der heparininduzierten Thrombozytopenie (HIT) sehr ähnlich beschrieben, außer dass die Heparinverabreichung insbesondere nicht beteiligt ist ([Cines und Bussel, 2021](#)).

Es wurde gezeigt, dass die mRNA-Impfstoffe in erster Linie eine Immunglobulin G (IgG)-Immunantwort hervorrufen, wobei geringere Mengen an IgA induziert werden ([Wisnewski et al., 2021](#)) und noch weniger IgM-Produktion ([Danese et al., 2021](#)). Die Menge an produzierten IgG-Antikörpern ist vergleichbar mit der Reaktion, die bei schweren Fällen von COVID-19 beobachtet wird. Es sind IgG-Antikörper im Komplex mit Heparin, die HIT induzieren. Man kann die Hypothese aufstellen, dass IgG im Komplex mit dem SARS-CoV-2-Spike-Glykoprotein und PF4 der Komplex ist, der VITT als Reaktion auf mRNA-Impfstoffe induziert. Tatsächlich wurde experimentell gezeigt, dass die Rezeptorbindungsdomäne (RBD) des Spike-Proteins an PF4 bindet ([Passariello et al., 2021](#)).

Der zugrunde liegende Mechanismus hinter HIT wurde gut untersucht, auch durch die Verwendung von humanisierten Mausmodellen. Interessanterweise exprimieren menschliche Thrombozyten, aber nicht Maus-Thrombozyten, den FcγRIIA-Rezeptor, der auf PF4/Heparin/IgG-Komplexe über eine Tyrosin-Phosphorylierungskaskade reagiert, um eine Thrombozytenaktivierung zu induzieren. Bei der Aktivierung setzen Blutplättchen Granulate frei und erzeugen prokoagulierende Mikropartikel. Sie nehmen auch Calcium auf, aktivieren die Proteinkinase C, verklumpen zu Mikrothromben und starten über Calpain eine Zelltodkaskade Aktivierung. Diese aktivierte Blutplättchen setzen PF4 in den extrazellulären Raum frei, was einen Teufelskreis unterstützt, da dieses zusätzliche PF4 auch an Heparin und IgG-Antikörper bindet, um die Blutplättchenaktivierung weiter zu fördern. Somit ist FcγRIIA zentral für den Krankheitsprozess ([Nevzorova et al., 2019](#)).

Studien an Mäusen, die gentechnisch verändert wurden, um den humanen FcγRIIA-Rezeptor zu exprimieren, haben gezeigt, dass diese transgenen Mäuse weitaus anfälliger für Thrombozytopenie sind als ihre Gegenstücke vom Wildtyp ([McKenzie et al., 1999](#)). Es wurde vorgeschlagen, dass Blutplättchen eine wichtige Rolle bei der Beseitigung von Antikörper-Antigen-Komplexen spielen

können, indem sie das Antigen in Thromben einfangen und/oder sie zur Entfernung durch Immunzellen in die Milz tragen. Offensichtlich werden dabei Blutplättchen schnell verbraucht, was dann zu niedrigen Blutplättchenzahlen (Thrombozytopenie) führt.

Blutplättchen zirkulieren normalerweise mit einer durchschnittlichen Lebensdauer von nur fünf bis neun Tagen, sodass sie ständig im Knochenmark synthetisiert und in der Milz abgebaut werden. Antikörpergebundene Blutplättchen wandern nach der Blutplättchenaktivierung über Fc γ -Rezeptoren in die Milz, wo sie eingefangen und durch Phagozytose durch Makrophagen entfernt werden ([Crow und Lazarus, 2003](#)). Vollständig ein Drittel der gesamten Blutplättchen des Körpers befinden sich in der Milz. Da die mRNA-Impfstoffe von Immunzellen in die Milz transportiert werden, die ursprünglich von der Injektionsstelle im Armmuskel angezogen wurden, besteht eine enorme Chance für die Freisetzung von Spike-Glykoprotein-enthaltenden Exosomen durch dendritische Zellen in der Milz, die Spike-Protein synthetisieren. Man kann spekulieren, dass die Thrombozytenaktivierung nach der Bildung eines P4F/IgG/Spike-Protein-Komplexes in der Milz Teil des Mechanismus ist, der versucht, das toxische Spike-Glykoprotein zu beseitigen.

Wir haben bereits erwähnt, dass eine der beiden microRNAs, die in Exosomen stark exprimiert werden, die von menschlichen Zellen freigesetzt werden, die dem SARS-CoV-2-Spike-Glykoprotein ausgesetzt sind, miR-148a war. Es wurde experimentell gezeigt, dass miR-148a die Expression eines Proteins unterdrückt, das eine zentrale Rolle bei der Regulierung der Fc γ RIIA-Expression auf Blutplättchen spielt. Dieses Protein, T-Zell-Ubiquitin-Ligand-2 (TULA-2) genannt, hemmt spezifisch die Aktivität des Blutplättchen-Fc γ -Rezeptors. miR-148a zielt auf TULA-2-mRNA ab und reguliert ihre Expression herunter. Somit wirkt miR-148a, das in Exosomen vorhanden ist, die von Makrophagen freigesetzt werden, die durch den Impfstoff gezwungen werden, SARS-CoV-2-Spike-Glykoprotein zu synthetisieren, als Reaktion auf Immunkomplexe, die aus Spike-Glykoprotein-Antigen und gegen produzierten IgG-Antikörpern gebildet werden, das Risiko einer Thrombozytopenie zu erhöhen das Spike-Glykoprotein.

11 . PPAR- α , Sulfatid und Lebererkrankung

Wie wir bereits festgestellt haben, zeigte ein Experiment von [Mishra und Banerjea \(2021\)](#), dass das SARS-CoV-2-Spike- Glykoprotein die Freisetzung von Exosomen induziert, die microRNAs enthalten, die spezifisch die IRF9- Synthese stören. In diesem Abschnitt werden wir zeigen, dass eine der Folgen der Unterdrückung von IRF9 eine verringerte Sulfatidsynthese in der Leber wäre, vermittelt durch den Kernrezeptor Peroxisom-Proliferator-aktivierter Rezeptor α (PPAR- α).

Sulfatide sind wichtige Serum -Sphingoglycolipide von Säugetieren , die hauptsächlich von der Leber synthetisiert und ausgeschieden werden ([Lu et al., 2019](#)). Sie sind die einzigen sulfonierten Sphingolipide im Körper. Sulfatide werden durch einen zweistufigen Prozess gebildet, der die Umwandlung von Ceramid in Galactocerebroside und dessen anschließende Sulfatierung umfasst . Sulfatid wird auf der Oberfläche von Blutplättchen, Erythrozyten und Lymphozyten exprimiert. Serumsulfatide üben sowohl Gerinnungshemmende als auch thrombozytenaktivierende Funktionen aus. Es wurde festgestellt, dass das Enzym in der Leber, das Sulfatid synthetisiert, Cerebrosid -Sulfotransferase , speziell durch die Aktivierung von PPAR- α in Mäusen induziert wird ([Kimura et al., 2012](#)). Daher führt eine reduzierte Expression von PPAR- α zu einem Sulfatidmangel.

PPAR- α -Liganden zeigen entzündungshemmende und antifibrotische Wirkungen, während ein PPAR- α -Mangel zu hepatischer Steatose, Steatohepatitis, Steatofibrose und Leberkrebs führt ([Wang et al., 2020b](#)). 2019 wurde von einem Forscherteam in Japan ein Experiment an Mäusen mit einem defekten Gen für PPAR- α durchgeführt ([Lu et al., 2019](#)). Wenn diese Mäuse mit einer cholesterinreichen Diät gefüttert wurden, waren sie anfällig für eine übermäßige Anhäufung von Triglyceriden und verschlimmerten Entzündungen und oxidativen Stress in der Leber, zusammen mit erhöhten Spiegeln von Gerinnungsfaktoren. Die Mäuse manifestierten sich auch mit verringerten Sulfatidspiegeln sowohl in der Leber als auch im Serum. Die Autoren stellten die Hypothese auf, dass eine Cholesterinüberladung ihre toxischen Wirkungen zum Teil durch eine Verstärkung der Thrombose nach einem anormalen hepatischen Lipidstoffwechsel und oxidativem Stress ausübt. Sie zeigten, dass PPAR- α diese toxischen Wirkungen durch transkriptionelle Regulierung von Gerinnungsfaktoren und Hochregulierung der Sulfatidsynthese zusätzlich zu seinen Wirkungen bei der Linderung von Lebererkrankungen abschwächen kann. Sie schlugen vor, dass Therapien wie Fibrate, die auf die Aktivierung von PPAR- α abzielen, durch eine cholesterinreiche Ernährung verursachte Herz-Kreislauf-Erkrankungen verhindern könnten.

Tracer-Studien haben gezeigt, dass die mRNA aus mRNA-Impfstoffen bevorzugt in Leber und Milz wandert und dort eine höhere Konzentration erreicht als in allen anderen Organen ([Bahl et al., 2017](#)). Somit besteht die Möglichkeit einer Suppression von IRF9 in der Leber durch den Impfstoff. IRF9 wird in Hepatozyten stark exprimiert, wo es mit PPAR- α interagiert und PPAR- α -Zielgene aktiviert. Eine Studie an IRF9-Knockout-Mäusen zeigte, dass diese Mäuse eine Steatose und eine hepatische Insulinresistenz entwickelten, wenn sie einer fettreichen Ernährung ausgesetzt wurden. Im Gegensatz dazu verbesserte die Adenovirus-vermittelte hepatische IRF9-Überexpression bei fettleibigen Mäusen die Insulinsensitivität und linderte Steatose und Entzündung ([Wang et al., 2013](#)).

Mehrere Fallberichte in der Forschungsliteratur beschreiben Leberschäden nach mRNA-Impfstoffen ([Zin Tun et al., 2021](#); [Dumortiera, 2022](#); [Mann et al., 2021](#)). Ein plausibler Faktor, der zu diesen Ergebnissen führt, ist die Unterdrückung von PPAR- α durch Herunterregulierung von IRF9 und die anschließend verringerte Sulfatidsynthese in der Leber.

12 . Guillain-Barré-Syndrom und neurologische Verletzungssyndrome

GBS ist eine akute entzündliche demyelinisierende Neuropathie, die mit lang anhaltender Morbidität und einem erheblichen Mortalitätsrisiko verbunden ist ([Créange, 2000](#)). Die Krankheit beinhaltet einen Autoimmunangriff auf die Nerven, der mit der Freisetzung von entzündungsfördernden Zytokinen verbunden ist.

GBS ist oft mit Autoantikörpern gegen Sulfatid und andere Sphingolipide assoziiert ([Ilyas et al., 1991](#)). Aktivierte T-Zellen produzieren Zytokine als Reaktion auf die Antigenpräsentation durch Makrophagen, und diese Zytokine können die Autoantikörperproduktion durch Epitopspreizung induzieren ([Vanderlugt und Miller, 2002](#)). Die Antikörper wiederum induzieren eine Komplementaktivierung, die eine Demyelinisierung und axonale Schäden verursacht, was zu einer schweren Schädigung peripherer Neuronen führt ([Kuwahara und Kusunoki, 2018](#)). Es wurde gezeigt, dass das SARS-CoV-2-Spike-Glykoprotein an Heparansulfat bindet, das ein sulfatierter

Aminozuckerkomplex ist, der dem sulfatierten ähnelt Galactose in Sulfatid ([Kalra und Kandimalla, 2021](#)). So ist es denkbar, dass das Spike-Glykoprotein auch an Sulfatid bindet, was eine Immunreaktion auf den Spike-Glykoprotein-Sulfatid-Komplex auslösen könnte.

Wie im vorherigen Abschnitt beschrieben, führt eine beeinträchtigte Sulfatidsynthese in der Leber aufgrund der Unterdrückung von IRF9 im Laufe der Zeit zu einem systemischen Sulfatidmangel. Sulfatidmangel kann große Auswirkungen auf das Gehirn und das Nervensystem haben. Zwanzig Prozent der in der Myelinscheide gefundenen Galactolipide sind Sulfatide. Sulfatid ist ein Hauptbestandteil des Nervensystems und kommt in besonders hohen Konzentrationen in der Myelinscheide sowohl im peripheren als auch im zentralen Nervensystem vor. Ein Mangel an Sulfatid kann zu Muskelschwäche, Zittern und Ataxie führen ([Honke, 2013](#)), die häufige Symptome von GBS sind. Chronische Neuroinflammation vermittelt durch Mikroglia und Astrozyten im Gehirn führt zu dramatischen Verlusten von Sulfatid im Gehirn, und Sulfatidmangel im Gehirn ist ein Hauptmerkmal der Alzheimer-Krankheit ([Qiu et al., 2021](#)). Mäuse mit einem Defekt in der Fähigkeit, Sulfatid aus Ceramid zu synthetisieren, zeigen mit zunehmendem Alter eine beeinträchtigte Fähigkeit, die Gesundheit von Axonen aufrechtzuerhalten. Im Laufe der Zeit entwickeln sie redundante, unverdichtete und degenerierende Myelinscheiden sowie eine sich verschlechternde Struktur an den Ranvier-Knoten in den Axonen, was zum Verlust einer funktionell kompetenten Axoglia-Verbindung führt ([Marcus et al., 2006](#)).

Angiotensin II (Ang II) spielt neben seinen tiefgreifenden Wirkungen auf Herz-Kreislauf-Erkrankungen auch eine Rolle bei Entzündungen im Gehirn, die zu neurodegenerativen Erkrankungen führen ([Lanz. et al., 2010](#)). Das SARS-CoV-2-Spike-Glykoprotein enthält eine einzigartige Furin - Spaltstelle, die bei SARS-CoV nicht vorkommt, die es dem extrazellulären Enzym Furin ermöglicht, das S1-Segment des Spike-Glykoproteins abzulösen und in den Kreislauf freizusetzen ([Letarov et al., 2021](#)). Es wurde gezeigt, dass S1 bei Mäusen die Blut-Hirn-Schranke überwindet ([Rhea et al., 2021](#)). S1 enthält die Rezeptorbindungsdomäne, die an ACE2-Rezeptoren bindet und diese deaktiviert. Wenn die ACE2-Rezeptorsignalisierung reduziert ist, wird die Ang II-Synthese erhöht. Neuronen im Gehirn besitzen ACE2-Rezeptoren, die anfällig für Störungen durch S1 wären, das von Spike-Glykoprotein-enthaltenden Exosomen oder Spike-Glykoprotein-produzierenden Zellen freigesetzt wird, die die Nanopartikel in den Impfstoffen aufgenommen haben. Ang II verstärkt die TLR4-vermittelte Signalübertragung in Mikroglia, induziert die Mikroglia-Aktivierung und erhöht die Produktion von reaktiven Sauerstoffspezies, die zu Gewebeschäden im paraventrikulären Kern im Gehirn führen ([Rodriguez-Perez et al., 2015](#)).

Erhöhte Ang II-Spiegel sind ein kausaler Faktor bei der Neurodegeneration des Sehnervs, was zu einer Optikusneuritis führt, die zu einem schweren irreversiblen Sehverlust führen kann ([Guo et al., 2017](#)). Mehrere Fallberichte haben Fälle von Optikusneuropathie beschrieben, die kurz nach der mRNA-Impfung gegen COVID-19 auftraten ([Maleki, 2021](#) ; [Barone et al., 2021](#)). Kurz nach der Impfung treten auch andere schwächende neurologische Erkrankungen auf, bei denen ein kausaler Zusammenhang vermutet wird. Eine in Europa angesiedelte Fallstudie zur Verfolgung neurologischer Symptome nach der COVID-19-Impfung wurden 21 Fälle identifiziert, die sich innerhalb von durchschnittlich 11 Tagen nach der Impfung entwickelten. Die Fälle hatten unterschiedliche Diagnosen, darunter zerebrale venöse Sinusthrombose, demyelinisierende Erkrankungen des Nervensystems, entzündliche periphere Neuropathien, Myositis, Myasthenie, limbische Enzephalitis und Riesenzellarteriitis ([Kaulen et al., 2021](#)). [Khayat-Khoei et al. \(2021\)](#) beschreiben eine Fallserie von 7 Patienten im Alter von 24 bis 64 Jahren, die innerhalb von 21

Tagen nach einer ersten oder zweiten mRNA-Impfung eine demyelinisierende Erkrankung aufwiesen. Vier hatten eine Vorgeschichte von (kontrollierter) MS, während drei zuvor gesund waren.

Hörverlust und Tinnitus sind ebenfalls bekannte Nebenwirkungen von COVID-19. Eine Fallstudie umfasste eine Reihe von zehn COVID-19-Patienten, die an audiovestibulären Symptomen wie Hörverlust, vestibulärer Dysfunktion und Tinnitus litten ([Jeong et al., 2021](#)). Die Autoren zeigten, dass menschliches Innenothrgewebe ACE2, Furin und die Transmembranprotease Serin 2 (TMPRSS2) exprimiert, die den Viruseintritt erleichtert. Sie zeigten auch, dass SARS-CoV-2 bestimmte Zelltypen des menschlichen Innenohrs infizieren kann.

Eine andere Studie, die das Infektionspotenzial des SARS-CoV-2-Virus für das Ohr untersuchte, untersuchte speziell die Expression des Rezeptors ACE2 und der Enzyme Furin und TM-PRSS2 verschiedener Zelltypen im Mittel- und Innenohr von Mäusen. Sie fanden heraus, dass ACE2 und Furin „diffus in der Eustachischen Röhre, im Mittelohr und in der Cochlea vorhanden waren, was darauf hindeutet, dass diese Gewebe anfällig für eine SARS-CoV-2-Infektion sind“ ([Uranaka et al., 2021](#)). Tinnitus ist positiv mit Bluthochdruck assoziiert, der durch erhöhte Ang II-Spiegel induziert wird ([Rodrigues Figueiredo et al., 2016](#)).

Kopfschmerzen sind eine sehr häufige Nebenwirkung der COVID-19-mRNA-Impfstoffe, insbesondere bei Menschen, die bereits anfällig für Kopfschmerzen sind. In einer auf einem Fragebogen basierenden Studie mit 171 Teilnehmern wurde festgestellt, dass die Inzidenz von Kopfschmerzen nach der ersten Impfung bei 20,5 % lag und nach der zweiten Impfung auf 45,6 % stieg ([Sekiguchi et al., 2021](#)). Eine Fallstudie beschrieb eine 37-jährige Frau, die nach dem zweiten mRNA-Impfstoff von Pfizer/BioNTech an einer schwächenenden Migräneattacke litt, die 11 Tage anhielt ([Consoli et al., 2021](#)).

Steroide werden häufig als Zusatztherapie zur Behandlung von Migräne eingesetzt ([Huang et al., 2013](#)). Dexamethason und andere Steroide stimulieren PPAR- α -Rezeptoren in der Leber durch den Steroidrezeptor und heben so die Wirkungen der IRF9-Suppression auf ([Lemberger et al., 1994](#)). Eine Theorie für die Ursprünge von Migräne beinhaltet eine veränderte Verarbeitung sensorischer Eingaben im Hirnstamm, hauptsächlich Trigeminusneuronen ([Dodick und Silberstein, 2006](#)). Der Trigeminusnerv befindet sich in unmittelbarer Nähe des Vagusnervs im Hirnstamm, sodass Spike-Glykoprotein-tragende Exosomen ihn leicht über den Vagusweg erreichen könnten.

Magnetresonanz Die Bildgebung hat gezeigt, dass strukturelle Veränderungen im Trigeminusnerv, die eine abweichende Mikrostruktur und Demyelinisierung widerspiegeln, ein charakteristisches Merkmal von Menschen sind, die häufig an Migräne leiden ([Mungoven et al., 2020](#)). Ein potenzieller Faktor, der entweder mit einer SARS-CoV-2-Infektion oder einer mRNA-Impfung in Verbindung gebracht wird, ist ein übermäßiger Ang II-Spiegel im Hirnstamm aufgrund der SARS-CoV-2-Spike-Glykoprotein-Hemmung von ACE2-Rezeptoren. ACE-Hemmer und Ang-II-Rezeptor-Antagonisten sind zu beliebten Arzneimitteln zur Off-Label-Behandlung von Migränekopfschmerzen geworden ([Tronvik et al., 2003](#); [Nandha und Singh, 2012](#)). Migränekopfschmerzen könnten daher sowohl durch die Störung der ACE2-Rezeptoren durch das Spike-Glykoprotein als auch durch die Zerstörung der Myelinscheide, die kritische Gesichtsnerven bedeckt, durch eine mikrogliale Entzündungsreaktion und den Verlust von Sulfatid entstehen. Die Quelle dieses Spike-Glykoproteins könnte entweder exogen oder endogen sein.

13 . Bells Lähmung

Die Bell-Lähmung ist eine häufige kraniale Neuropathie, die eine einseitige Gesichtslähmung verursacht. Selbst in den klinischen Phase-III-Studien stach die Bell-Lähmung hervor, wobei sieben Fälle im Behandlungsarm auftraten, verglichen mit nur einem Fall in der Placebogruppe ([FDA, 2021a](#) ; [FDA, 2021b](#)). Eine in der Literatur beschriebene Fallstudie betraf einen 36-jährigen Mann, der einen Tag nach der Impfung eine Schwäche im linken Arm entwickelte, die sich in den nächsten Tagen zu Taubheit und Kribbeln im Arm und anschließenden Symptomen einer Bell-Lähmung entwickelte. Eine häufige Ursache der Bell-Lähmung ist die Reaktivierung einer Herpes-simplex-Virusinfektion, die um das Ganglion geniculatum herum zentriert ist ([Eviston et al., 2015](#)). Dies wiederum kann durch eine Störung der Typ-I - IFN -Signalübertragung verursacht werden.

14 . Myokarditis

Der Tatsache, dass COVID-19-Impfstoffe Myokarditis und Perikarditis verursachen, mit einem erhöhten Risiko insbesondere für Männer unter 50 Jahren wurde in den Medien viel Aufmerksamkeit geschenkt ([Simone et al., 2021](#) ; [Jain et al., 2021](#)). Es wurde gezeigt, dass das SARS-CoV-2-Spike-Glykoprotein Herzperizyten schädigt, die die Kapillaren und die Kardiomyozyten unterstützen ([Avolio et al., 2020](#)). Myokarditis ist mit Blutplättchenaktivierung verbunden, daher könnte dies ein Faktor sein, der bei der Reaktion auf die Impfstoffe eine Rolle spielt ([Weikert. et al., 2002](#)). Ein weiterer Faktor könnte jedoch mit Exosomen zusammenhängen, die von Makrophagen freigesetzt werden, die die mRNA aufgenommen haben Nanopartikel und die spezifischen microRNAs, die in diesen Exosomen gefunden werden.

Eine Studie mit Patienten, die an einer schweren COVID-19-Erkrankung litten, untersuchte speziell die Expression zirkulierender microRNAs im Vergleich zu Patienten mit Influenza und gesunden Kontrollpersonen. Eine microRNA, die im Zusammenhang mit COVID-19 ständig hochreguliert wurde, war miR-155, und die Autoren schlugen vor, dass sie ein Prädiktor für chronische Myokardschäden und Entzündungen sein könnte. Im Gegensatz dazu war eine Influenza-Infektion nicht mit einer erhöhten miR-155-Expression verbunden. Sie kamen zu dem Schluss: „Unsere Studie identifizierte signifikant veränderte Spiegel von kardiovaskulären miRs [microRNAs] bei COVID-19-Patienten, was auf eine starke Assoziation von COVID-19 mit kardiovaskulären Erkrankungen und entsprechenden Biomarkern hinweist“ ([Garg et al., 2021](#)).

Eine Studie, in der 300 Patienten mit Herz-Kreislauf-Erkrankungen mit gesunden Kontrollpersonen verglichen wurden, zeigte einen statistisch signifikanten Anstieg der zirkulierenden miR-155-Spiegel bei den Patienten im Vergleich zu den Kontrollpersonen. Darüber hinaus hatten diejenigen mit stärker verengten Arterien (gemäß einem Gensini-Score) höhere Werte als diejenigen mit geringerer Erkrankung ([Qiu und Ma, 2018](#)).

Wichtig ist, dass Exosomen eine Rolle bei Entzündungen im Zusammenhang mit Herzerkrankungen spielen. Während eines Myokardinfarkts wird miR-155 in Makrophagen im Herzmuskel stark hochreguliert und innerhalb von Exosomen in das extrazelluläre Milieu freigesetzt. Diese Exosomen werden an Fibroblasten abgegeben, und miR-155 reguliert Proteine in den Fibroblasten herunter, die vor Entzündungen schützen und die Proliferation von Fibroblasten fördern. Die daraus resultierende Beeinträchtigung führt zur Herzruptur ([Wang et al., 2017b](#)).

Wir haben bereits diskutiert, wie das S1-Segment des SARS-CoV-2-Spike-Glycoproteins durch Furin gespalten und in den Kreislauf freigesetzt werden kann. Es bindet über seine Rezeptorbindungsdomäne (RBD) an ACE2-Rezeptoren, was deren Funktion hemmt. Da ACE2 Ang II abbaut, führt die Deaktivierung von ACE2 direkt zu einer Überexpression von Ang II, was das Risiko für Herz-Kreislauf-Erkrankungen weiter erhöht. Die AngII-induzierte Vasokonstriktion ist ein unabhängiger Mechanismus, um eine dauerhafte myokardiale Schädigung zu induzieren, selbst wenn keine koronare Obstruktion vorliegt. Wiederholte Episoden einer plötzlichen Verengung einer Herzarterie aufgrund von Ang II können schließlich zu Herzversagen oder plötzlichem Tod führen ([Gavras und Gavras, 2002](#)). Tödliche Fälle von COVID-19-Impfung wurden beschrieben ([Choi et al., 2021](#) ; [Verma et al., 2021](#)).

Die ACE2-Unterdrückung war bereits in Studien zum ursprünglichen SARS-CoV-Virus beobachtet worden. Eine Autopsiestudie an Patienten, die an SARS-CoV erkrankt waren, zeigte eine wichtige Rolle der ACE2-Hemmung bei der Förderung von Herzschäden. Virus- RNA von SARS-CoV wurde in 35 % von 20 autopsierten menschlichen Herzproben nachgewiesen, die verstorbenen Patienten entnommen wurden. Bei den Patienten, deren Herzen mit SARS-CoV infiziert waren, gab es einen deutlichen Anstieg der Makrophageninfiltration im Zusammenhang mit Myokardschäden. Wichtig ist, dass das Vorhandensein von SARS-CoV im Herzen mit einer deutlichen Verringerung der ACE2-Proteinexpression verbunden war ([Oudit et al., 2009](#)).

15 . Überlegungen zum Vaccine Adverse Event Reporting System (VAERS)

Das Vaccine Adverse Event Reporting System (VAERS) der Food and Drug Administration ist eine unvollkommene, aber wertvolle Ressource zur Identifizierung potenzieller Nebenwirkungen von Impfstoffen. VAERS wurde durch die Zusammenarbeit zwischen der CDC und der FDA eingerichtet und ist „ein nationales Frühwarnsystem zur Erkennung möglicher Sicherheitsprobleme bei in den USA zugelassenen Impfstoffen“. Laut CDC ist es „besonders nützlich, um ungewöhnliche oder unerwartete Muster der Meldung unerwünschter Ereignisse zu erkennen, die auf ein mögliches Sicherheitsproblem mit einem Impfstoff hinweisen könnten“. (<https://vaers.hhs.gov/about.html>) Sogar die CDC erkennt an, dass unerwünschte Ereignisse, die VAERS gemeldet werden, „nur einen kleinen Bruchteil der tatsächlichen unerwünschten Ereignisse“ darstellen ([Vaers Home, 2021](#)). Ein viel zitiertes Bericht stellt fest, dass weniger als 1 % aller impfstoffbedingten unerwünschten Ereignisse an VAERS gemeldet werden ([Lazarus et al., 2010](#)). Diese Behauptung hat jedoch kein Zitat, so dass die Grundlage für die Behauptung unklar ist. [Rose \(2021\)](#) veröffentlichte eine viel differenziertere Analyse von VAERS-Daten, um eine Schätzung der Untererfassung um den Faktor 31 anzubieten ([Rose, 2021](#)). Obwohl es unmöglich ist, Underreporting genau zu bestimmen, liegen die verfügbaren Beweise dafür vor, dass Underreporting die VAERS-Daten sehr stark charakterisiert. Die nachstehenden Informationen sind in diesem Licht zu verstehen.

Beim Durchsuchen von VAERS nach „Signalen“, die auf unerwünschte Reaktionen (AEs) auf mRNA-Impfungen hinweisen könnten, erkennen wir an, dass kein Bericht an VAERS einen kausalen Zusammenhang mit der Impfung herstellt. Allerdings wird die Möglichkeit eines kausalen Zusammenhangs sowohl durch die in diesem Artikel beschriebenen kausalen Wege als auch durch die starke zeitliche Assoziation zwischen Injektionen und gemeldeten UE verstärkt. Fast 60 % aller mRNA-Injektions-assoziierten UE traten innerhalb von 48 Stunden nach der Injektion auf (

<https://medalerts.org/vaersdb/findfield.php?TABLE=ON&GROUP1=ONS&EVENTS=ON&VAX=COVID19&VAXTYPES=COVID-19&STATE=NOTFR>.

Zwei wichtige Vorsichtsmaßnahmen bezüglich der Analyse von VAERS-Daten sollten beachtet werden. Die erste besteht darin, dass VAERS neben der Einreichung von Berichten durch Angehörige der Gesundheitsberufe auch für öffentliche Einreichungen offen ist. Angehörigen der Öffentlichkeit fehlen möglicherweise die notwendigen Fähigkeiten, um ein Symptom angemessen zu bewerten, um festzustellen, ob es einen VAERS-Eintrag verdient. Eine zweite Warnung ist, dass der öffentliche Zugang Impfgegnern auch die Möglichkeit gibt, VAERS mit falschen Berichten zu füllen, um den Anschein eines AE-Risikos zu übertreiben.

Eine zuvor zitierte Zwischenanalyse der Todesfälle ergab, dass Mitarbeiter des Gesundheitswesens die VAERS-Melder in 67 % der analysierten Berichte waren ([Nandha und Singh, 2012](#)), was darauf hindeutet, dass ein großer Teil der VAERS-Meldungen von medizinischem Fachpersonal und nicht von der Öffentlichkeit eingereicht wird. Dieser Befund widerlegt auch die Vorstellung, dass Aktivisten gegen Impfungen eine übermäßige Anzahl ungeheuerlicher Berichte über Impfverletzungen einreichen.

Alle in diesem Abschnitt gemeldeten Daten wurden durch Abfragen der Online-Ressource <http://wonder.cdc.gov/vaers.html> erhalten . In der 31-jährigen Geschichte von VAERS wurden bis zum 3. Februar 2022 insgesamt 10.321 Todesfälle als „Symptom“ im Zusammenhang mit einem Impfstoff gemeldet, und 8.241 (80 %) dieser Todesfälle standen in Verbindung mit COVID-19 Impfungen. Wichtig ist, dass bei nur 14 % der bis Juni 2021 gemeldeten Todesfälle durch COVID-19 VAERS eine Impfung als Ursache ausgeschlossen werden konnte ([McLachlan et al., 2021](#)). Dies deutet stark darauf hin, dass diese beispiellosen Impfstoffe ungewöhnliche Toxizitätsmechanismen aufweisen, die weit über das hinausgehen, was bei traditionelleren Impfstoffen beobachtet wird.

Wir entschieden, dass eine vernünftige Methode zur Charakterisierung der Bedeutung unerwünschter Ereignisse im Zusammenhang mit COVID-19-Impfstoffen darin besteht, sich auf Ereignisse zu konzentrieren, die im Jahr 2021 aufgetreten sind, und die Anzahl im Feld „SYMPTOM“ für die Ereignisse im Zusammenhang mit COVID-19-Impfstoffen zu vergleichen zu den Gesamtzahlen für dasselbe Symptom für alle Impfstoffe im selben Jahr. Insgesamt wurden in VAERS für COVID-19-Impfstoffe im Jahr 2021 737.689 Ereignisse gemeldet, was schockierend 93 % aller Fälle entspricht, die im selben Jahr für einen Impfstoff gemeldet wurden. Obwohl wir anerkennen, dass einige der COVID-19-Impfstoffe eher auf DNA-Vektortechnologie als auf mRNA-Technologie basieren, macht diese Klasse (dh der Johnson & Johnson-Impfstoff) weniger als 9 % der COVID-19-Berichte aus, und ihr Reaktionsprofil ist sicherlich viel ähnlicher zu dem der mRNA-Impfstoffe als zu dem aller anderen Impfstoffe.

Die Gesamtzahl der Berichte über unerwünschte Ereignisse für COVID-19-Injektionen ist weitaus größer als die kumulierte Anzahl der jährlichen Berichte über unerwünschte Ereignisse bei Impfstoffen in allen Vorjahren, wie von [Rose \(2021\) gezeigt](#) . Der Influenza-Impfstoff ist gut zum vergleichen. Angesichts der Tatsache, dass das Protokoll für die mRNA-Impfstoffe zwei Dosen erfordert und viele davon überzeugt wurden, auch eine Auffrischimpfung zu erhalten, ist klar, dass die schiere Anzahl der verabreichten COVID-19-Impfstoffe im Vergleich zu anderen Impfstoffen groß ist. Wir können tatsächlich abschätzen, wie viel Prozent der Nebenwirkungen im Jahr 2021 voraussichtlich mit COVID-19-Impfstoffen in Verbindung gebracht werden würden, wenn die

Wahrscheinlichkeit einer Nebenwirkung ähnlich der des Influenza-Impfstoffs wäre. Die CDC teilt uns mit, dass 52 % der US-Bevölkerung im Jahr 2021 eine Grippeimpfung erhalten haben. Die Website USAFacts stellt die Prozentsätze der US-Bevölkerung, die eine, zwei oder drei Dosen von COVID-19-Impfstoffen erhalten haben, als Funktion der Zeit bereit (siehe: <https://usafacts.org/visualizations/covid-vaccine-tracker-states/>). Die Zahlen, die sie für den 30. Dezember 2021 melden, sind 73 % Einzeldosis, 62 % vollständig geimpft und 21 % geboostert. Dies entspricht bis zu 156 % der Bevölkerung als Gesamtzahl der verabreichten COVID-19-Impfstoffe. Das sind genau dreimal so viele COVID-Impfstoffe wie Grippeschutzimpfungen.

Aus VAERS kann man leicht die Gesamtzahl der Nebenwirkungen im Zusammenhang mit COVID-19-Impfstoffen, die Gesamtzahl im Zusammenhang mit Grippeimpfstoffen und die Gesamtzahl im Zusammenhang mit allen Impfstoffen für die US-beschränkten VAERS-Daten aus dem Jahr 2021 erhalten. Diese kommen heraus wie: COVID-19: 737.587, GRIPPE: 9.124 und ALLE: 792.935. Erstens können wir feststellen, dass 93 % aller gemeldeten Ereignisse mit COVID-19-Impfstoffen in Verbindung standen. Wenn wir die Zählungen für COVID-19 entfernen und sie durch die dreifachen Zählungen für Grippe ersetzen (da COVID-19-Impfstoffe dreimal so oft verabreicht wurden), stellen wir fest, dass COVID-19 32,6 % aller Ereignisse hätte ausmachen müssen, was mit dem tatsächlichen Ergebnis verglichen werden kann, das 93 % beträgt. Wir können auch den Schluss ziehen, dass jedes Ereignis, das bei COVID-19-Impfstoffen zu mehr als 93 % so häufig auftritt wie bei allen anderen Impfstoffen, als potenzielle toxische Wirkung dieser Impfstoffe von besonderer Bedeutung ist. Schließlich stellen wir fest, dass es 27-mal so viele Berichte zu COVID-19-Impfstoffen gibt, wie zu erwarten wäre, wenn die Nebenwirkungen mit denen des Grippeimpfstoffs vergleichbar wären.

15.1 . VAERS-Daten weisen auf eine Nervenschädigung und eine Beteiligung des Vagusnervs hin

Tabelle 1 listet eine Reihe von Symptomen bei VAERS auf, die mit Entzündungen oder Schäden an verschiedenen Hauptnerven des Körpers, insbesondere denen im Kopf, in Verbindung gebracht werden können. Bemerkenswerterweise machten 96 bis 98 % der Meldungen im Jahr 2021 COVID-19-Impfstoffe aus, die sich auf jede dieser schwächenden Erkrankungen bezogen. Es gab fast 100.000 Fälle von Übelkeit oder Erbrechen, die häufige Symptome einer Vagusnervstimulation oder -schädigung sind ([Babic und Browning, 2014](#)). 14.701 Fälle von Synkopen im Zusammenhang mit COVID-19-Impfstoffen machten 96,3 % aller Fälle von Synkopen aus, ein bekanntes Merkmal der Vagusnervenfunktionsstörung ([Fenton et al., 2000](#)). Es gab 3.657 Fälle von Anosmie (Geruchsverlust), was deutlich zeigt, dass die SARS-CoV-2-SpitzeGlykoprotein aus der Injektion in den Arm erreichte den Geruchsnerv. Dyspnoe (Kurzatmigkeit) steht im Zusammenhang mit einer Beeinträchtigung des Vagusnervs in der Lunge, und im Jahr 2021 gab es 39.551 Fälle von Dyspnoe im Zusammenhang mit COVID-19-Impfstoffen.

Tabelle 1 . Anzahl der in VAERS gemeldeten Symptome, beschränkt auf die US-Bevölkerung, für das Jahr 2021 für verschiedene unerwünschte Wirkungen, die durch Entzündungen in verbundenen Hauptnerven verursacht werden könnten, mit Gesamtzahlen für COVID-19-Impfstoffe und für alle Impfstoffe.

Symptom	Entzündete Nerven	Covid-19 Impfungen	Alle Impfstoffe	Prozent COVID- 19
Anosmie	Geruchsnerv	3.657	3.677	99,5
Tinnitus	Vestibulo-Cochlea-Nerv	13.275	13.522	98,2
Taubheit	Schnecke	2.895	3.033	95,5
Bell-Lähmung/Gesichtslähmung	Gesichtsnerv	5.881	6.129	96,0
Schwindel	Vestibularnerv	7.638	7.819	97,7
Migräne	Trigeminus	8.872	9.059	97,9
Dysphonie	Nervus glossopharyngeus	1.692	1.751	96,6
Dysphagie	mehrere untere Hirnnerven	4.711	4.835	97,4
Brechreiz	Vagusnerv	69.121	71.275	97,0
Erbrechen	Vagusnerv	27.885	28.955	96,3
Dyspnoe	Vagusnerv	39.551	40.387	97,9
Synkope	Vagusnerv	14.701	15.268	96,3
Bradykardie	Vagusnerv	673	699	96,3
GESAMT	--	200.552	206.409	97,2

Insgesamt summieren sich diese Veranstaltungen auf über 200.000 Veranstaltungen, was 97,2 % aller Einträge im Zusammenhang mit einem Impfstoff im Jahr 2021 entspricht. Dies sind auch beträchtliche 27,2 % aller für 2021 aufgeführten Veranstaltungen im Zusammenhang mit COVID-19-Impfstoffen.

15.2 . VAERS-Daten zu Herz und Leber

In diesem Artikel haben wir sowohl das Herz als auch die Leber als Organe identifiziert, von denen erwartet werden kann, dass sie durch die mRNA-Impfstoffe beeinträchtigt werden. Die VAERS-Datenbank zeigt ein starkes Signal für beide Organe. [Tabelle 2](#) zeigt die Statistiken für 2021 zu schweren Herzerkrankungen, einschließlich Myokarditis, Herzstillstand (Herz-, Herz-Kreislauf- und Nebenhöhlenstillstand), Arrhythmie (einschließlich supraventrikulärer, nodaler, Sinus-, Tachyarrhythmie und ventrikulärer Arrhythmie), Myokardinfarkt (einschließlich akuter und stiller), und Herzinsuffizienz (einschließlich akut, chronisch und kongestiv). Insgesamt gab es im Jahr 2021 insgesamt 8.090 COVID-19-Ereignisse im Zusammenhang mit diesen Herzerkrankungen, was fast 98 % aller Ereignisse für alle Impfstoffe gegen diese Symptome entspricht.

Tabelle 2 . Anzahl der in VAERS gemeldeten Symptome, beschränkt auf die US-Bevölkerung, für das Jahr 2021, für verschiedene Erkrankungen des Herzens, die die Gesamtzahl für COVID-19-Impfstoffe und für alle Impfstoffe zeigt.

Symptom	Covid-19 Impfungen	Alle Impfstoffe	Prozent COVID-19
Myokarditis	2.322	2.361	98.3
Festnahme	1.319	1.371	96.2
Arrhythmie	1.069	1.087	98.3
Herzinfarkt	2.224	2.272	97.9
Herzversagen	1.156	1.190	97.1
GESAMT	8.090	8.281	97.7

Es ist schwierig, alle Symptome im Zusammenhang mit Leberschäden bei VAERS zu finden, aber wir haben eine Zahl ausgewählt, deren Anzahl hoch genug war, um von Interesse zu sein, und die eindeutig schwerwiegende Leberprobleme darstellt. Insgesamt gab es 731 Ereignisse in diesen Kategorien für COVID-19-Impfstoffe, wie in [Tabelle 3](#) gezeigt, was über 97 % aller Fälle entspricht, die diese Erkrankungen mit einem Impfstoff im Jahr 2021 in Verbindung brachten.

Tabelle 3 . Anzahl der in VAERS gemeldeten Symptome, beschränkt auf die US-Bevölkerung, für das Jahr 2021 für verschiedene Indikatoren für Lebererkrankungen, wobei die Gesamtzahl für COVID-19-Impfstoffe und für alle Impfstoffe angegeben ist.

Symptom	Covid-19 Impfungen	Alle Impfstoffe	Prozent COVID-19
Lebererkrankung	83	87	95.4
[Drogeninduzierte] Leberschädigung	65	65	100
[Akutes] Leberversagen	86	88	97.7
Leberkrebs [metastasiert]	12	12	100
Leberzirrhose	67	69	97.1
Leberzyste	33	34	97,0
Leberfunktionstest erhöht	238	245	97.1
Leberfunktionstest anormal	90	94	95.7
Leberfunktion anormal	34	34	100
Hämangiom der Leber	10	10	100
Leberabszess	7	7	100
Leber-Transplantation	6	6	100
GESAMT	731	751	97.3

15.3 . VAERS-Daten im Zusammenhang mit Thrombose

Es gab 78 eindeutige Symptome bei VAERS mit Thrombose, die verschiedene Arterien und Venen spezifizierten. **Tabelle 4** zeigt neun Symptome mit den höchsten Zählungen, insgesamt 7.356 Ereignisse. Wir haben das Zeitintervall für die drei dominanten (Thrombose, tiefe Venenthrombose und Lungenthrombose) untersucht und festgestellt, dass diese alle einen scharfen Höhepunkt im Bereich von 15 bis 30 Tagen für das Beginnintervall (Zeit nach der Impfung) aufweisen. Dies fällt mit einem scharfen Höhepunkt der Lungenembolie zusammen, ein lebensbedrohlicher Zustand, auch im Zeitintervall von 15–30 Tagen. Insgesamt würde für diese neun thrombotischen Symptome eine Stichprobe aus dem Jahr 2021 in 98,7 % der Fälle einen COVID-Impfstoff im Gegensatz zu jedem anderen Impfstoff ergeben. Lungenembolie, eine lebensbedrohliche Erkrankung, die durch ein Blutgerinnsel verursacht werden kann, das in die Lunge wandert, hat eine etwas höhere Wahrscheinlichkeit von 98,8 %, wobei 3.100 Fälle für COVID-19 aufgeführt sind.

Tabelle 4 . Anzahl der in VAERS gemeldeten Symptome, beschränkt auf die US-Bevölkerung, für das Jahr 2021, für verschiedene spezifische Arten von Thrombosen, die die Gesamtzahl für COVID-19-Impfstoffe und für alle Impfstoffe zeigt. Lungenembolie, ein hochgradig verwandtes Symptom, wird ebenfalls gezeigt.

Symptom	Covid-19 Impfungen	Alle Impfstoffe	Prozent COVID-19
Thrombose	3.899	3.951	98.7
Tiefe Venenthrombose	2.275	2.297	99,0
Lungenthrombose	631	646	97.7
Zerebrale Thrombose	211	215	98.1
Pfortaderthrombose	89	90	98.9
Oberflächliche Venenthrombose	81	81	100
Thrombose der peripheren Arterie	74	74	100
Mesenterialvenenthrombose	55	56	98.2
Venöse Thrombose	41	41	100
GESAMT	7.356	7.451	98.7
Lungenembolie	3.100	3.137	98.8

15.4 . VAERS-Daten im Zusammenhang mit neurodegenerativen Erkrankungen

Tabelle 5 listet Ergebnisse für mehrere Erkrankungen auf, die mit neurodegenerativen Erkrankungen in Verbindung stehen. Eine verminderte Mobilität kann durch die Parkinson-Krankheit verursacht werden, und es wurden bemerkenswerte 8.975 Fälle für 2021- und COVID-19-Impfstoffe aufgelistet. Alzheimer und Parkinson sind Krankheiten, die normalerweise Jahrzehnte

brauchen, um sich zu entwickeln, und normalerweise würde man annehmen, dass ein Impfstoff nichts damit zu tun hat. Obwohl die Zahlen gering sind, waren die meisten Fälle in VAERS mit COVID-19-Impfstoffen verbunden. Anosmie, die auch in der Tabelle zum Vagusnerv enthalten ist, ist besonders interessant, da sie ein bekanntes frühes Anzeichen der Parkinson-Krankheit und auch ein gut identifiziertes Merkmal einer SARS-CoV-2-Infektion ist. 99,5 % der Fälle mit Anosmie als Symptom waren mit COVID-19-Impfstoffen verbunden. Insgesamt waren die Symptome in dieser Tabelle in fast 95 % der Fälle mit COVID-19-Impfstoffen verbunden.

Tabelle 5 . Anzahl der in VAERS gemeldeten Symptome, beschränkt auf die US-Bevölkerung, für das Jahr 2021 für verschiedene Erkrankungen im Zusammenhang mit neurodegenerativen Erkrankungen, die die Gesamtzahl für COVID-19-Impfstoffe und für alle Impfstoffe zeigt.

Symptom	Covid-19 Impfungen	Alle Impfstoffe	Prozent COVID-19
Alzheimer Demenz	37	39	94.9
Parkinsonsche Symptome	83	89	93.3
Gedächtnisschwäche	1.681	1.720	97.7
Anosmie	3.657	3.677	99,5
Die Mobilität nahm ab	8.975	9.743	92.1
Kognitive Störung	779	815	92.1
GESAMT	15.212	16.083	94.6

15.5 . VAERS-Signal für Krebs

Krebs ist eine Krankheit, von der allgemein angenommen wird, dass sie Monate oder häufiger Jahre braucht, um von einer anfänglichen malignen Transformation in einer Zelle bis zur Entwicklung eines klinisch anerkannten Zustands fortzuschreiten. Da VAERS-Berichte über unerwünschte Ereignisse hauptsächlich innerhalb des ersten Monats oder sogar der ersten Tage nach der Impfung erfolgen ([Rose, 2021](#)), scheint es wahrscheinlich, dass die Beschleunigung des Krebsfortschritts nach Impfungen ein schwer zu erkennendes Signal wäre. Darüber hinaus erwarten die meisten Menschen nicht, dass Krebs ein unerwünschtes Ereignis ist, das durch einen Impfstoff verursacht werden könnte, und geben daher keinen Bericht ein, wenn sich Krebs kurz nach der Impfung entwickelt. Wie wir jedoch in unserem Artikel skizzieren haben, führen die mRNA-Impfungen zu einer weit verbreiteten Dysregulation des OnkogensKontrolle, Zellzyklusregulation und Apoptose, dann sollten VAERS-Berichte eine Zunahme von Krebsberichten im Vergleich zu den anderen Impfstoffen widerspiegeln, auch wenn die Zahlen gering sind. Das Experiment, das die Beeinträchtigung der DNA-Reparaturmechanismen durch SARS-CoV-2-Spike-Protein in einer *In-vitro* - Studie demonstriert, liefert überzeugende Beweise dafür, dass die Impfstoffe die Rate von DNA-Mutationen beschleunigen und das Krebsrisiko erhöhen könnten ([Jiang und Mei, 2021](#)).

Für unsere Analyse der Hinweise auf ein erhöhtes Krebsrisiko bei VAERS konzentrierten wir uns auf zwei etwas unterschiedliche Ansätze. Eine, dargestellt durch die Ergebnisse in [Tabelle 6](#), bestand darin, die Zählungen für alle Begriffe zu sammeln, die Schlüsselwörter enthielten, die eindeutig mit Krebs in Verbindung gebracht wurden, nämlich „Krebs“, „Lymphom“, „Leukämie“, „Metastase“, „Karzinom“ und „Neubildung.“ Insgesamt fanden wir 1.474 Einträge, die diese Begriffe mit COVID-19-Impfstoffen verknüpften, was 96 % aller Einträge für einen dieser Begriffe für einen beliebigen Impfstoff in diesem Jahr darstellt.

Tabelle 6 . Anzahl der in VAERS gemeldeten Symptome, beschränkt auf die US-Bevölkerung, für das Jahr 2021, für verschiedene krebsbezogene Begriffe, die die Gesamtzahl für COVID-19-Impfstoffe und für alle Impfstoffe zeigt.

Symptom	Zählt COVID-19-Impfstoffe	Zählt alle Impfstoffe	Prozent COVID-19
Krebs	396	403	98.3
Lymphom	144	153	94.1
Leukämie	155	161	96.3
Metastasen/Metastasen	175	179	97.8
Karzinom	176	187	94.1
Neubildung	428	452	94.7
GESAMT	1.474	1.535	96,0

Der komplementäre Ansatz bestand darin, Begriffe zu finden, die Krebs in bestimmten Organen betreffen, nämlich Brüste, Prostata, Blase, Dickdarm, Gehirn, Lunge, Bauchspeicheldrüse und Eierstöcke, wie in [Tabelle 7](#) gezeigt . Obwohl alle Zahlen klein sind, war die mit Abstand höchste Zahl für Brustkrebs (246 Fälle) mit fast viermal so vielen Treffern wie für Lungenkrebs, die zweithäufigste Form. Alle Fälle von Bauchspeicheldrüsen-, Eierstock- und Blasenkrebs wurden mit COVID-19-Impfstoffen in Verbindung gebracht, mit null Fällen für andere Impfstoffe. Insgesamt haben wir 534 Fälle von Krebs bestimmter Organe im Zusammenhang mit COVID-19-Impfstoffen tabelliert, was 97,3 % aller Fälle für einen Impfstoff im Jahr 2021 entspricht.

Tabelle 7 . Anzahl der in VAERS gemeldeten Symptome, beschränkt auf die US-Bevölkerung, für das Jahr 2021, für Krebs bestimmter Organe, mit Angabe der Gesamtzahl für COVID-19-Impfstoffe und für alle Impfstoffe.

Symptom	Zählt COVID-19-Impfstoffe	Zählt alle Impfstoffe	Prozent COVID-19
Brustkrebs	246	254	96.8
Prostatakrebs	50	52	96.2

Symptom	Zählt COVID-19-Impfstoffe	Zählt alle Impfstoffe	Prozent COVID-19
Blasenkrebs	30	30	100
Darmkrebs	40	41	97,6
Neoplasma des Gehirns	53	55	96,4
Lungenkrebs	64	66	97,0
Bauchspeicheldrüsenkrebs	24	24	100
Ovarialkarzinom	27	27	100
Gesamt	534	549	97,3

16 . Schlussfolgerungen

Es gab eine unerschütterliche Botschaft über die Sicherheit und Wirksamkeit von mRNA-Impfungen gegen SARS-CoV-2 vom öffentlichen Gesundheitsapparat in den USA und auf der ganzen Welt. Die Wirksamkeit wird zunehmend angezweifelt, wie ein aktueller Brief an das Lancet Regional Health von Günter Kampf (2021b) zeigt. . Kampf lieferte Daten, die zeigten, dass die Geimpften jetzt ebenso wahrscheinlich wie die Ungeimpften Krankheiten verbreiten. Er schloss: „Es erscheint grob fahrlässig, die geimpfte Bevölkerung als mögliche und relevante Übertragungsquelle bei der Entscheidung über Kontrollmaßnahmen im Bereich der öffentlichen Gesundheit zu ignorieren.“ Darüber hinaus kann die Unzulänglichkeit von Studien der Phasen I, II und III zur Bewertung mittelfristiger und langfristiger Nebenwirkungen von genetischen mRNA-Impfstoffen hinsichtlich ihrer unterdrückenden Wirkung auf die angeborene Immunität der Impflinge irreführend gewesen sein.

In diesem Papier lenken wir die Aufmerksamkeit auf drei sehr wichtige Aspekte des Sicherheitsprofils dieser Impfungen. Der erste ist die umfassend dokumentierte Subversion der angeborenen Immunität, hauptsächlich durch Unterdrückung von IFN- α und der damit verbundenen Signalkaskade. Diese Unterdrückung wird vielfältige Folgen haben, zu denen nicht zuletzt die Reaktivierung latenter Virusinfektionen und die verringerte Fähigkeit, zukünftige Infektionen wirksam zu bekämpfen, gehören. Zweitens ist die Dysregulation des Systems sowohl zur Verhinderung als auch zum Nachweis genetisch bedingter bösartiger Transformationen in Zellen und das daraus resultierende Potenzial für Impfungen zur Förderung dieser Transformationen. Drittens unterbricht die mRNA-Impfung möglicherweise die intrazelluläre Kommunikation, die von Exosomen durchgeführt wird, und induziert Zellen, die Spike -Glykoprotein aufnehmen mRNA, um große Mengen an Spike-Glykoprotein-tragenden Exosomen zu produzieren, mit möglicherweise schwerwiegenden entzündlichen Folgen. Sollte eines dieser Potenziale voll ausgeschöpft werden, könnten die Auswirkungen auf Milliarden von Menschen auf der ganzen Welt enorm sein und sowohl zur kurz- als auch zur langfristigen Krankheitsbelastung unseres Gesundheitssystems beitragen.

Angesichts des derzeit schnell wachsenden Bewusstseins für die vielfältigen Rollen von G4s bei der Regulation der mRNA-Translation und -Clearance durch Stressgranula hat die Zunahme von pG4s aufgrund der Anreicherung des GC-Gehalts als Folge der Codon-Optimierung unbekannte, aber

wahrscheinlich weitreichende Konsequenzen. Eine spezifische analytische Bewertung der Sicherheit dieser Konstrukte in Impfstoffen ist dringend erforderlich, einschließlich Massenspektrometrie zur Identifizierung kryptischer Expression und Immunpräzipitationsstudien zur Bewertung des Potenzials für Störungen oder Interferenzen mit den wesentlichen Aktivitäten von RNA- und DNA-Bindungsproteinen.

Es ist von wesentlicher Bedeutung, dass weitere Studien durchgeführt werden, um das Ausmaß der potenziellen pathologischen Folgen zu bestimmen, die in diesem Papier skizziert werden. Es ist nicht praktikabel, diese Impfungen als Teil einer öffentlichen Gesundheitskampagne zu betrachten, ohne eine detaillierte Analyse der Auswirkungen des potenziellen Kollateralschadens auf den Menschen durchzuführen. VAERS und andere Überwachungssysteme sollten optimiert werden, um Signale im Zusammenhang mit den gesundheitlichen Folgen der von uns skizzierten mRNA-Impfung zu erkennen. Wir glauben, dass das aktualisierte VAERS-Überwachungssystem, das in der Studie von Harvard Pilgrim Health Care, Inc. beschrieben, aber leider nicht von der CDC unterstützt wird, in dieser Hinsicht ein wertvoller Anfang wäre ([Lazarus et al., 2010](#)).

Angesichts der großen Anzahl von Personen, denen SARS-CoV-2-mRNA-Impfstoffe injiziert wurden, und des breiten Spektrums an unerwünschten Folgen, die wir beschrieben haben, sind letztendlich Milliarden von Leben potenziell gefährdet. Wir fordern die öffentlichen Gesundheitseinrichtungen auf, mit Beweisen darzulegen, warum die in diesem Papier diskutierten Themen für die öffentliche Gesundheit nicht relevant sind, oder anzuerkennen, dass dies der Fall ist, und entsprechend zu handeln. Darüber hinaus ermutigen wir alle Personen, ihre eigenen Gesundheitsentscheidungen zu treffen, wobei diese Informationen als beitragender Faktor bei diesen Entscheidungen berücksichtigt werden.

Autorenbeiträge

SS, GN und AK haben alle wesentlich zum Schreiben des ursprünglichen Entwurfs beigetragen. PM war am Prozess der redaktionellen Überarbeitung beteiligt.

Finanzierung

Diese Forschung wurde teilweise von Quanta Computers, Inc., Taipei, Taiwan, unter der Schirmherrschaft des Qmulus-Projekts finanziert.

Erklärung konkurrierender Interessen

Die Autoren erklären, dass ihnen keine konkurrierenden finanziellen Interessen oder persönlichen Beziehungen bekannt sind, die die in diesem Dokument beschriebene Arbeit beeinflusst haben könnten.

[empfohlene Artikel](#)

Verweise

[Abe und Bonini, 2013](#) M. Abe , NM Bonini

MicroRNAs und Neurodegeneration: Rolle und Auswirkung

Trends Zellbiol. , 23 (1) (2013) , S. 30 - 36 , [10.1016/j.tcb.2012.08.013](https://doi.org/10.1016/j.tcb.2012.08.013)

[Artikel](#)  [PDF Herunterladen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#)

[Google Scholar](#)

[Agashe et al., 2013](#) D. Agashe , NC Martinez-Gomez , DA Drummond , CJ Marx

Gute Codons, schlechtes Transkript: Starke Reduktionen der Genexpression und -fitness, die sich aus synonymen Mutationen in einem Schlüsselenzym ergeben

Mol. biol. Entwicklung , 30 (2013) , S. 549–560 , [10.1093/molbev/mss273](https://doi.org/10.1093/molbev/mss273)

 [PDF anzeigen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Akiyama et al., 2021](#) H. Akiyama , S. Kakiuchi , J. Rikitake , H. Matsuba , D.

Sekinada , Y. Kozuki , N. Iwata

Immunthrombozytopenie im Zusammenhang mit dem BNT162b2-mRNA-COVID-19-Impfstoff von Pfizer-BioNTech

IDCases , 25 (2021) , Artikel e01245 , [10.1016/j.idcr.2021.e01245](https://doi.org/10.1016/j.idcr.2021.e01245)

[Artikel](#)  [PDF Herunterladen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#)

[Google Scholar](#)

[Al-Khalaf und Aboussekhra, 2018](#) HH Al-Khalaf , A. Aboussekhra

p16 kontrolliert die p53-Proteinexpression durch miR-abhängige Destabilisierung von MDM2

Mol. Krebsres. , 16 (8) (2018) , S. 1299–1308 , [10.1158/1541-7786.MCR-18-0017](https://doi.org/10.1158/1541-7786.MCR-18-0017)

 [PDF anzeigen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Alsamman und El-Masry, 2018](#) K. Alsammann , OS El-Masry

Inaktivierung des regulatorischen Faktors 1 von Interferon bei menschlichem Krebs

Biosci. Rep. , 38 (3) (2018) , Artikel BSR20171672 , [10.1042/BSR20171672](https://doi.org/10.1042/BSR20171672) 2018

 [PDF anzeigen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Andries et al., 2015](#) O. Andries , S. Mc Cafferty , SC De Smedt , R. Weiss , NN Sanders , T. Kitada

N1-Methylpseudouridin-inkorporierte mRNA übertrifft Pseudouridin-inkorporierte mRNA, indem sie eine verbesserte Proteinexpression und

eine verringerte Immunogenität in Säugetierzelllinien und Mäusen bereitstellt

J. Contr. Release , 217 (2015) , S. 337–344 , 10.1016 / j.jconrel.2015.08.051
[Artikel](#)  [PDF Herunterladen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#)
[Google Scholar](#)

[Asmana Ningrum, 2014](#) R. Asmana Ningrum

Humanes Interferon α -2b: ein therapeutisches Protein zur Krebsbehandlung

Wissenschaft. Technik. Rep. (2014) , Artikel 970315 , [10.1155/2014/970315](#) 2014

 [PDF finden...](#) [Google Scholar](#)

[Atoui et al., 2022](#) A. Atoui , K. Jarrah , L. Al Mahmasani , R. Bou-Fakhredin , AT Taher

Tiefe Venenthrombose und Lungenembolie nach COVID-19-mRNA-Impfung

Ann. Hämatol. (2022) , S. 1 - 3 , [10.1007/s00277-021-04743-1](#)
 [Epub vor dem Druck]

 [PDF finden...](#) [Google Scholar](#)

[Avolio et al., 2020](#) E. Avolio , M. Gamez , K. Gupta , R. Foster , I. Berger , M. Caputo , A. Davidson , B. Hill , P. Madeddu

Das SARS-CoV-2-Spike-Protein stört die kooperative Funktion menschlicher Herzperizyten – Endothelzellen durch CD147-Rezeptor-vermittelte Signalübertragung: ein potenzieller nicht-infektiöser Mechanismus der mikrovaskulären COVID-19-Erkrankung

bioRxiv-Preprint (2020) , [10.1101/2020.12.21.423721](#)

21. Dezember

 [PDF finden...](#) [Google Scholar](#)

[Babendur et al., 2006](#) JR Babendure , JL Babendure , JH Ding , RY Tsien

Kontrolle der Säugertranslation durch mRNA-Struktur in der Nähe von Kappen

RNA , 12 (5) (2006) , S. 851–861 , 10.1261 / rna.2309906

 [PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Babic und Browning, 2014](#) T. Babic , KN Browning

Die Rolle vagaler Neuroschaltkreise bei der Regulation von Übelkeit und Erbrechen

EUR. J. Pharmacol. , 722 (2014) , S. 38–47 , 10.1016 / j.ejphar.2013.08.047

[Artikel](#)  [PDF Herunterladen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#)

[Google Scholar](#)

[Bahlet et al., 2017](#) K. Bahl , JJ Senn , O. Yuzhakov , A. Bulychev , LA Brito , KJ

Hassett , ME Laska , M. Smith , Ö. Almarsson , J. Thompson , *et al.*

Präklinische und klinische Demonstration der Immunogenität von mRNA-Impfstoffen gegen H10N8- und H7N9-Grippeviren

Mol. Ther. , 25 (6)(2017) , S. 1316 - 1327 , 10.1016/j.ymthe.2017.03.035

[Artikel](#)  [PDF Herunterladen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#)

[Google Scholar](#)

[Bansal et al., 2021](#) S. Bansal , S. Perincheri , T. Fleming , C. Poulson , B. Tiffany ,

RM Bremner , T. Mohanakumar

Modern: Zirkulierende Exosomen mit COVID-Spike-Protein werden vor der Entwicklung von Antikörpern durch BNT162b2 (PfizerBioN-Tech)-Impfung induziert: ein neuartiger Mechanismus zur Immunaktivierung durch mRNA-Impfstoffe

J. Immunol. , 207 (10)(2021) , S. 2405–2410 , 10.4049 / jimmunol.2100637

 [PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Barone et al., 2021](#) V. Barone , F. Camilli , M. Crisci , C. Scandellari , P. Barboni , A. Lugaresia

Entzündliche Optikusneuropathie nach SARS-CoV-2-mRNA-Impfstoff: Beschreibung von zwei Fällen

J. Neurol. Wissenschaft. , 429 (2021) , p. 118186 , 10.1016/j.jns.2021.118186

[Artikel](#)  [PDF Herunterladen](#) [Google Scholar](#)

[Bezzi et al., 2021](#) G. Bezzi , EJ Piga , A. Binolfi , P. Armas

CNBP bindet und entfaltet in vitro G-Quadruplexe, die in den SARS-CoV-2-positiven und -negativen Genomsträngen gebildet werden

Int. J. Mol. Wissenschaft. , 22 (5)(2021) , p. 2614 , 10.3390/ijms22052614

 [PDF finden...](#) [Google Scholar](#)

[Bhurani et al., 2018](#) V. Bhurani , A. Mohankrishnan , A. Morrot , SK Dalai

Entwicklung wirksamer Impfstoffe: Hinweise auf natürliche Infektionen

Int. Rev. Immunol. , 37 (5)(2018) , S. 249 - 265 ,

[10.1080/08830185.2018.1471479](https://doi.org/10.1080/08830185.2018.1471479)

 PDF finden... Datensatz in Scopus anzeigen Google Scholar

Bidwell et al., 2012 BN Bidwell , CY Slaney , NP Withana , S. Forster , Y. Cao , S. Loi , D. Andrews , T. Mikeska , NE Mangan , SA Samarajiwa , *et al.*

Die Stilllegung von Irf7-Wegen in Brustkrebszellen fördert die Knochenmetastasierung durch Immunflucht

Nat. Med. , 18 (8)(2012) , S. 1224–1231 , 10.1038 / nm.2830

 PDF anzeigen Datensatz in Scopus anzeigen Google Scholar

Blanco-Melo et al., 2020 D. Blanco-Melo , BE Nilsson-Payant , WC Liu , S. Uhl , D. Hoagland , R. Møller , TX Jordan , K. Oishi , M. Panis , D. Sachs , *et al.*

Eine unausgewogene Wirtsreaktion auf SARS-CoV-2 treibt die Entwicklung von COVID-19 voran

Cell , 181 (5)(2020) , S. 1036 - 1045 e9

Artikel  PDF Herunterladen Datensatz in Scopus anzeigen Google Scholar

Borbolis und Syntichaki, 2015 F. Borbolis , P. Syntichaki

Zytoplasmatischer mRNA-Umsatz und Alterung

Mech. Alternde Entwicklung , 152 (2015) , S. 32 - 42 ,

[10.1016/j.mad.2015.09.006](https://doi.org/10.1016/j.mad.2015.09.006)

Artikel  PDF Herunterladen Datensatz in Scopus anzeigen Google Scholar

Brosh-Nissimov et al., 2021 T. Brosh-Nissimov , E. Orenbuch-Harroch , M.

Chowers , M. Elbaz , L. Nesher , M. Stein , Y. Maor , R. Cohen , K. Hussein , M. Weinberger , *et al.*

Durchbruch des BNT162b2-Impfstoffs: klinische Merkmale von 152 vollständig geimpften COVID-19-Patienten im Krankenhaus in Israel

Klin. Mikrobiol. Infizieren. , 27 (11)(2021) , S. 1652 - 1657 ,

[10.1016/j.cmi.2021.06.036](https://doi.org/10.1016/j.cmi.2021.06.036)

Artikel  PDF Herunterladen Datensatz in Scopus anzeigen Google Scholar

Buckley et al., 2007 NE Buckley , AM Hosey , JJ Gorski , JW Purcell , JM Mulligan , DP Harkin , PB Mullan

BRCA1 reguliert die IFN- γ -Signalübertragung durch einen Mechanismus, an dem die Typ-I-IFNs beteiligt sind

Mol. Krebsres. , 5 (3) (2007) , S. 261–270 , [10.1158/1541-7786.MCR-06-0250](https://doi.org/10.1158/1541-7786.MCR-06-0250)

[PDF finden... Datensatz in Scopus anzeigen Google Scholar

Krebsrisiko und BRCA1-Gen, 2021 Krebsrisiko und BRCA1-Genmutationen

Verfügbar um:

<https://www.facingourrisk.org/info/hereditary-cancer-and-genetic-testing/hereditary-cancer-genes-and-risk/genes-by-name/brcal/cancer-risk> (2021) , Zugriff am 27.2021

[Google Scholar](#)

Zentren für die Kontrolle und Prävention von Krankheiten, 2021a Zentren für die Kontrolle und Prävention von Krankheiten

Coronavirus-Krankheit 2019 (COVID-19)
(2021)

[online] Verfügbar unter:

https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/science/science-briefs/vaccine-induced-immunity.html#anchor_1635540449320 , Zugriff am 28. November 2021

[Google Scholar](#)

Zentren für die Kontrolle und Prävention von Krankheiten, 2021b Zentren für die Kontrolle und Prävention von Krankheiten

COVID-19 Auffrischungsimpfung
(2021)

[online] Verfügbar unter:

<https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/vaccines/booster-shot.html> , Zugriff am 28. November 2021

[Google Scholar](#)

Chahar et al., 2015 HS Chahar , X. Bao , A. Casola

Exosomen und ihre Rolle im Lebenszyklus und der Pathogenese von RNA-Viren

Viren , 7 (2015) , S. 3204–3225 , [10.3390/v7062770](https://doi.org/10.3390/v7062770)



[PDF finden... Datensatz in Scopus anzeigen Google Scholar

Chan et al., 2018

KL Chan , B. Peng , MI Umar , CY Chan , AB Sahakyan , MTN Le , CK Kwok
Die Strukturanalyse zeigt die Bildung und Rolle von RNA-G-Quadruplex-Strukturen in humanen reifen microRNAs

Chem. Commun. , 54 (77) (2018) , S. 10878 - 10881 , [10.1039/c8cc04635b](https://doi.org/10.1039/c8cc04635b)

 [PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Chaudhary et al., 2021 N. Chaudhary , D. Weissman , KA Whitehead
mRNA-Impfstoffe für Infektionskrankheiten: Prinzipien, Verabreichung und klinische Übersetzung

Nat. Rev. Drug Discov. , 20 (2021) , S. 817–838 , [10.1038 / s41573-021-00283-5](https://doi.org/10.1038/s41573-021-00283-5)

 [PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Chauvineau – Grenier et al., 2022 A. Chauvineau-Grenier , P. Bastard , A. Servajean , A. Gervais , J. Rosain , E. Jouanguy , A. Cobat , J.-L. Casanova , B. Rossi

Autoantikörper, die Typ-I-Interferone bei 20 % der COVID-19-Todesfälle in einem französischen Krankenhaus neutralisieren

Januar

J. Clin. Immunol. , 27 (2022) , [10.1007/s10875-021-01203-3](https://doi.org/10.1007/s10875-021-01203-3)

[Epub vor dem Druck]

 [PDF anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Choi et al., 2013 HS Choi , HM Lee , Y.-J. Jang , C.-H. Kim , C. J. Ryua

Das heterogene nukleäre Ribonukleoprotein A2/B1 reguliert die Selbsterneuerung und Pluripotenz menschlicher embryonaler Stammzellen über die Kontrolle des G1/S-Übergangs

Stammzelle. , 31 (2013) , S. 2647–2658 , [10.1002 / stem.1366](https://doi.org/10.1002/stem.1366)

 [PDF anzeigen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Choi et al., 2014 YE Choi , Y. Pan , E. Park , P. Konstantinopoulos , S. De , A.

D'Andrea , D. Chowdhury

MicroRNAs regulieren die homologe Rekombination in der G1-Phase zyklischer Zellen herunter, um die genomische Stabilität aufrechtzuerhalten

Elife , 3 (2014) , Artikel e02445 , [10.7554/eLife.02445](https://doi.org/10.7554/eLife.02445)

 [PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Choi et al., 2021](#) S. Choi , S. Lee , J.-W. Seo , M.-J. Kim , YH Jeon , JH Park , JK

Lee , NS Yeo

Myokarditis-induzierter plötzlicher Tod nach BNT162b2-mRNA-COVID-19-Impfung in Korea: Fallbericht mit Schwerpunkt auf histopathologischen Befunden

J. Kor. Med. Wissenschaft. , 36 (40) (2021) , p. e286 ,

[10.3346/jkms.2021.36.e286](https://doi.org/10.3346/jkms.2021.36.e286)

 [PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Cines und Bussel, 2021](#) DB Cines , JB Bussel

SARS-CoV-2-Impfstoff-induzierte immunthrombotische Thrombozytopenie

N. Engl. J.Med. , 384 (2021) , S. 2254–2256 , 10.1056 / NEJMe2106315

 [PDF anzeigen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Collier et al., 2021](#) DA Collier , A. De Marco , IATM Ferreira , B. Meng , RP Datir , AC Walls , *et al.*

Empfindlichkeit von SARS-CoV-2 B.1.1.7 gegenüber durch mRNA-Impfstoff hervorgerufenen Antikörpern

Nature , 593 (2021) , S. 136–141 , 10.1038 / s41586-021-03412-7

 [PDF anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Consoli et al., 2021](#) S. Consoli , F. Dono , G. Evangelista , M. D'Apolito , D.

Travaglini , M. Onofrj , L. Bonanni

Status migrainosus: eine potenzielle Nebenwirkung des COVID-19-Impfstoffs von Comirnaty (BNT162b2, BioNtech/Pfizer) ein Fallbericht [Epub vor dem Druck]

Neurol. Wissenschaft. , 22 (2021) , S. 1–4 , 10.1007 / s10072-021-05741 - x

Nov

 [PDF finden...](#) [Google Scholar](#)

[Créange, 2000](#) A. Créange

Eine Rolle für Interferon-beta beim Guillain-Barré-Syndrom?

BioDrugs , 14 (1) (2000) , S. 1–11 , 10.2165 / 00063030-200014010-00001

 [PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Krähe und Lazarus, 2003](#) AR Crow , AH Lazarus

Rolle von Fcgamma-Rezeptoren bei der Pathogenese und Behandlung von idiopathischer thrombozytopenischer Purpura

J. Pediatr. Hämatol. Onk. , 25 (Suppl. 1) (2003) , p. S14S18 ,
[10.1097/00043426-200312001-00004](https://doi.org/10.1097/00043426-200312001-00004)

 PDF anzeigen Google Scholar

Danese et al., 2021 E. Danese , M. Montagnana , GL Salvagno , D. Peserico , L. Pighi , S. De Nitto , BM Henry , S. Porru , G. Lippi

Umfassende Bewertung der humoralen Reaktion nach Pfizer BNT162b2 mRNA Covid-19-Impfung: eine Drei-Fall-Serie

Klin. Chem. Labor. Med. , 59 (9) (2021) , S. 1585–1591 , [10.1515/cclm-2021-0339](https://doi.org/10.1515/cclm-2021-0339)

 PDF anzeigen Datensatz in Scopus anzeigen Google Scholar

DeAndrea et al., 2002 M. De Andrea , R. Ravera , D. Gioia , M. Gariglio , S. Landolfo

Das Interferon-System: ein Überblick

EUR. J. Paediatr. Neurol. , 6 (2002) , S. A41 – A46 , [10.1053/ejpn.2002.0573](https://doi.org/10.1053/ejpn.2002.0573)

Artikel  PDF Herunterladen Datensatz in Scopus anzeigen
 Google Scholar

de Beuckelaer et al., 2016 A. de Beuckelaer , C. Pollard , S. Van Lint , K. Roose , LV Van Hoecke , T. Naessens , VK Udhayakumar , M. Smet , N. Sanders , S. Lienenklaus , *et al.*

Interferone vom Typ I stören die Fähigkeit von mRNA-Lipoplex-Impfstoffen, zytolytische T-Zell-Antworten hervorzurufen

Mol. Ther. , 24 (11) (2016) , S. 2012–2020 , [10.1038/mt.2016.161](https://doi.org/10.1038/mt.2016.161)

Artikel  PDF Herunterladen Datensatz in Scopus anzeigen
 Google Scholar

de Gonzalo-Calvo et al., 2021 D. de Gonzalo-Calvo , ID Benítez , L. Pinilla , A. Carratalá , A. Moncusí-Moix , C. Gort-Paniello , M. Molinero , J. González , G. Torres , M. Bernal , *et al.*

Zirkulierende microRNA-Profile sagen den Schweregrad von COVID-19 bei Krankenhauspatienten voraus

Übers. Auflösung , 236 (2021) , S. 147 - 159 , [10.1016/j.trsl.2021.05.004](https://doi.org/10.1016/j.trsl.2021.05.004)

Artikel  PDF Herunterladen Google Scholar

De Paolis et al., 2021

V. De Paolis , E. Lorefice , E. Orecchini , C. Carissimi , I. Laudadio , V. Fulci
Epitranskriptomik: eine neue Ebene der microRNA-Regulation bei Krebs
Krebs , 13 (13) (2021) , p. 3372 , [10.3390/Krebs13133372](https://doi.org/10.3390/Krebs13133372)



[PDF anzeigen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Decker und Parker, 2012](#) CJ Decker , R. Parker

P-Körper und Stressgranula: mögliche Rollen bei der Kontrolle der Translation und des mRNA-Abbaus

Cold Spring Harbor-Perspektive. biol. , 4 (9) (2012) , p. a012286 ,
[10.1101/cshperspect.a012286](https://doi.org/10.1101/cshperspect.a012286)



[PDF anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Delannoyet al., 1999](#) AS Delannoy , D. Hober , A. Bouzidi , P. Wattre

Rolle von Interferon alpha (IFN- α) und Interferon gamma (IFN- γ) bei der Kontrolle der Infektion Monozyten-ähnlicher Zellen mit dem Humanen Zytomegalievirus (HCMV)

Mikrobiol. Immunol. , 43 (12) (1999) , S. 1087–1096 –



[PDF anzeigen](#) [Querverweis](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#)

[Google Scholar](#)

[Dodick und Silberstein, 2006](#) D. Dodick , S. Silberstein

Zentrale Sensibilisierungstheorie der Migräne: klinische Implikationen

Kopfschmerzen , 46 (Suppl. 4) (2006) , p. S18291 , [10.1111/j.1526-4610.2006.00602.x](https://doi.org/10.1111/j.1526-4610.2006.00602.x)

[PDF anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Doulberis et al., 2021](#) M. Doulberis , A. Papaefthymiou , G. Kotronis , D.

Gialamprinou , ES Soteriades , A. Kyriakopoulos , *et al.*

Rechtfertigt die COVID-19-Impfung das klassische Prinzip „ofelein i mi vlaptin

Medizin (Kaunas) , 57 (3) (2021) , p. 253 , [10.3390/medicina57030253](https://doi.org/10.3390/medicina57030253)



[PDF anzeigen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Dumortiera, 2022](#) J. Dumortiera

Leberschädigung nach mRNA-basierter SARS-CoV-2-Impfung bei einem Lebertransplantatempfänger

Klin. Auflösung Hepatol. Gastroenterol. , 46 (2022) , Artikel 101743 ,
[10.1016/j.clinre.2021.101743](https://doi.org/10.1016/j.clinre.2021.101743)



[PDF anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Dunn et al., 2005 GP Dunn , AT Bruce , KCF Sheehan , V. Shankaran , R. Uppaluri , JD Bui , MS Diamond , CM Koebel , C. Arthur , JM White , *et al.*
Eine entscheidende Funktion für Typ-I-Interferone bei der Immuneditierung von Krebs
 Nat. Immunol. , 6 (7) (2005) , S. 722–729 , 10.1038 / ni1213
[\[↗ PDF finden...\]](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Erb et al., 2013 HH Erb , RV Langlechner , PL Moser , F. Handle , T. Casneuf , K. Verstraeten , B. Schlick , G. Schäfer , B. Hall , K. Sasser , Z. Culig , FR Santer , *et al.*
IL6 sensibilisiert Prostatakrebs für die antiproliferative Wirkung von IFNa2 durch IRF9
 Endokrin. Bez. Krebs , 20 (5) (2013) , p. 677 , [10.1530/ERC-13-0222](#)
[\[↗ PDF finden...\]](#) [Google Scholar](#)

Ermann et al., 2009 AB Erman , AE Kejner , BS Norman , D. Hogikyan , EL Feldman
Erkrankungen der Hirnnerven IX und X
 Semin. Neurol. , 29 (1) (2009) , p. 8592 , [10.1055/s-0028-1124027](#)
[\[↗ PDF finden...\]](#) [Google Scholar](#)

Eviston et al., 2015 T. Eviston , GR Croxson , PGE Kennedy , T. Hadlock , AV Krishnan
Bell-Lähmung: Ätiologie, klinische Merkmale und multidisziplinäre Versorgung
 J. Neurol. Neurochirurgie. Psychiatrie , 86 (2015) , Artikel 13561361 , [10.1136/jnnp-2014-309563](#)
[\[↗ PDF finden...\]](#) [Google Scholar](#)

Faraziet al., 2013 TA Farazi , JI Hoell , P. Morozov , T. Tuschl
MicroRNAs in menschlichem Krebs
 Erw. Erw. Med. biol. , 774 (2013) , S. 1–20 , 10.1007 / 978-94-007-5590-1_1
[\[↗ PDF finden...\]](#) [Google Scholar](#)

Fathy et al., 2022 RA Fathy , DE McMahon , C. Lee , GC Chamberlin , M. Rosenbach , JB Lipoff , A. Tyagi , SR Desai , LE French , HW Lim , *et al.*

Varizella-Zoster- und Herpes-simplex-Virus-Reaktivierung nach der COVID-19-Impfung: eine Überprüfung von 40 Fällen in einem internationalen Dermatologieregister

JEADV , 36 (1) (2022) , S. e6 - e9 , [10.1111/jdv.17646](https://doi.org/10.1111/jdv.17646)



[PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Fayet al., 2017 MM Fay , SM Lyon , P. Ivanov

RNA-G-Quadruplexe in der Biologie: Prinzipien und molekulare Mechanismen

J.Mol. biol. , 429 (14) (2017) , S. 2127 - 2147 , [10.1016/j.jmb.2017.05.017](https://doi.org/10.1016/j.jmb.2017.05.017)

Artikel [PDF Herunterladen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#)

[Google Scholar](#)

FDA, 2021a FDA

Vaccines and Related Biological Products Advisory Committee 10.

Dezember 2020 Ankündigung der Sitzung (2021)

<https://www.fda.gov/advisory-committees/advisory-committee-calendar/vaccines-and-related-biological-products-advisory-committee-december-10-2020-meeting-announcement> , Zugriff am 29. März 2021

[Google Scholar](#)

FDA, 2021b FDA

Vaccines and Related Biological Products Advisory Committee 17.

Dezember 2020 Ankündigung der Sitzung (2021)

<https://www.fda.gov/advisory-committees/advisory-committee-calendar/vaccines-and-related-biological-products-advisory-committee-december-17-2020-meeting-announcement> , Zugriff am 29. März 2021

[Google Scholar](#)

Feng et al., 2012 B. Feng , G. Eknayan , ZS Guo , M. Jadoul , HY Rao , W. Zhang , L. Wei

Wirkung einer Interferon-alpha-basierten antiviralen Therapie auf Hepatitis-C-Virus-assoziierte Glomerulonephritis: eine Meta-Analyse

Nephrol. Wählen. Transplantation. , 27 (2) (2012) , S. 640 - 646

[PDF anzeigen](#) [Querverweis](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#)

[Google Scholar](#)

Fenton et al., 2000 AM Fenton , SC Hammill , RF Rea , PA Low , W.-K. Shen
Vasovagale Synkope

Ann. Intern. Med. , 133 (9)(2000), S. 714 - 725 , [10.7326/0003-4819-133-9-200011070-00014](https://doi.org/10.7326/0003-4819-133-9-200011070-00014)

 [PDF anzeigen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Finnberg und El-Deiry, 2008 NK Finnberg , WS El-Deiry

TRAIL-Todesrezeptoren als Tumorsuppressoren und Wirkstoffziele

Cell Cycle , 7 (11)(2008), S. 1525–1528 , [10.4161 / cc.7.11.5975](https://doi.org/10.4161/cc.7.11.5975)



[PDF anzeigen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Forni und Mantovani, 2021 G. Forni , A. Mantovani

COVID-19-Kommission der Accademia Nazionale dei Lincei, Rom.

COVID-19-Impfstoffe: wo wir stehen und welche Herausforderungen uns bevorstehen

Zelltod unterscheiden. , 28 (2)(2021), S. 626–639 , [10.1038 / s41418-020-00720-9](https://doi.org/10.1038/s41418-020-00720-9)



[PDF anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Garg et al., 2021 A. Garg , B. Seeliger , AA Derda , K. Xiao , A. Gietz , K. Scherf , K. Sonnenschein , I. Pink , MM Hooper , T. Welte , et al.

Zirkulierende kardiovaskuläre microRNAs bei kritisch kranken COVID-19-Patienten

EUR. J. Herzversagen. , 23 (3)(2021), S. 468 - 475 , [10.1002/ejhf.2096](https://doi.org/10.1002/ejhf.2096)



[PDF anzeigen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Gavras und Gavras, 2002 I. Gavras , H. Gavras

Angiotensin II als kardiovaskulärer Risikofaktor

J. Hum. Bluthochdruck. , 16 (Suppl. 2)(2002), S. S2 – S6 , [10.1038/sj.jhh.1001392](https://doi.org/10.1038/sj.jhh.1001392)

 [PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Girardi und De Keersmaecker, 2015 T. Girardi , K. De Keersmaecker

T-ALL: ALLES eine Frage der Übersetzung?

Haematologica , 100 (3)(2015), S. 293–295 , [10.3324 / haematol.2014.118562](https://doi.org/10.3324/haematol.2014.118562)

 [PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Goldmann et al., 2021 S. Goldman , D. Bron , T. Tousseyn , I. Vierasu , L. Dewispelaere , P. Heimann , E. Cogan , M. Goldman

Schnelles Fortschreiten des angioimmunoblastischen T-Zell-Lymphoms nach einer Auffrischimpfung mit BNT162b2-mRNA-Impfstoff: ein Fallbericht

Vorderseite. Med. , 8 (2021), Artikel 798095 , [10.3389/fmed.2021.798095](https://doi.org/10.3389/fmed.2021.798095)



[PDF anzeigen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Gordonet al., 2020 DE Gordon , J. Hiatt , M. Bouhaddou , VV Rezelj , S. Ulferts , H. Braberg , et al.

Vergleichende Wirt-Coronavirus-Protein-Interaktionsnetzwerke zeigen panvirale Krankheitsmechanismen auf

Science , 370 (6521)(2020), Artikel eabe9403 , [10.1126/science.abe9403](https://doi.org/10.1126/science.abe9403)



[PDF anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Gould et al., 2019 FDH Gould , AR Lammers , CJ Mayer , RZ Deutsch

Spezifische Vagusnervläsionen haben charakteristische physiologische Mechanismen der Dysphagie

Vorderseite. Neurol. , 10 (2019), p. 1301 , [10.3389/fneur.2019.01301](https://doi.org/10.3389/fneur.2019.01301)



[PDF anzeigen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Guo et al., 2017 X. Guo , K. Namekata , A. Kimura , C. Harada , T. Harada

Das Renin-Angiotensin-System reguliert die Neurodegeneration in einem Mausmodell der Optikusneuritis

Bin. J. Pathol. , 187 (12)(2017), S. 2876–2885 , [10.1016/j.jpathol.2017.08.012](https://doi.org/10.1016/j.jpathol.2017.08.012)

[Artikel](#) [PDF Herunterladen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#)

[Google Scholar](#)

Hadjadj et al., 2020 J. Hadjadj , N. Yatim , L. Barnabei , A. Corneau , J. Boussier ,

N. Smith , H. Péré , B. Charbit , V. Bondet , C. Chenevier-Gobeaux , et al.

Beeinträchtigte Typ-I-Interferon-Aktivität und Entzündungsreaktionen bei schweren COVID-19-Patienten

Science , 369 (6504)(2020), S. 718 - 724 , [10.1126/science.abb3000](https://doi.org/10.1126/science.abb3000)



[PDF finden...](#) [Google Scholar](#)

Han und Choe, 2020 SH Han , J. Choe

Diverse molekulare Funktionen der m6A-mRNA-Modifikation bei Krebs

Erw. Mol. Med. , 52 (5)(2020), S. 738–749 , [10.1038/s12276-020-0432-y](https://doi.org/10.1038/s12276-020-0432-y)



[PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Heise et al., 2016](#) R. Heise , PM Amann , S. Ensslen , Y. Marquardt , K. Czaja , S.

Joussen , D. Beer , R. Abele , G. Plewnia , R. Tampé , *et al.*

Interferon-Alpha-Signalisierung und ihre Relevanz für die hochregulierende Wirkung von Transporterproteinen, die mit der Antigenverarbeitung (TAP) bei Patienten mit malignem Melanom assoziiert sind

PLoS One , 11 (1)(2016), Artikel e0146325 , [10.1371/journal.pone.0146325](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0146325)



[PDF anzeigen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Herdy et al., 2018](#) B. Herdy , C. Mayer , D. Varshney , G. Marsico , P. Murat , C.

Taylor , C. D'Santos , D. Tannahill , S. Balasubramanian

Die Analyse von NRAS-RNA-G-Quadruplex-Bindungsproteinen offenbart DDX3X als einen neuartigen Interaktor von zellulären G-Quadruplex-enthaltenden Transkripten

Nukleinsäuren res. , 46 (21)(2018), S. 11592–11604 , [10.1093/nar/gky861](https://doi.org/10.1093/nar/gky861)



[PDF anzeigen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Hoagland et al., 2021](#) DA Hoagland , R. Møller , SA Uhl , K. Oishi , J. Frere , T.

Golynker , S. Horiuchi , M. Panis , D. Blanco-Melo , D. Sachs , *et al.*

Nutzung des antiviralen Typ-I-Interferonsystems als erste

Verteidigungslinie gegen die Pathogenität von SARS-CoV-2

Immunität , 54 (2021), Artikel 557570 , [10.1016/j.jimmuni.2021.01.017](https://doi.org/10.1016/j.jimmuni.2021.01.017)



[PDF anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Honda et al., 2006](#) K. Honda , A. Takaoka , T. Taniguchi

Typ-I-Interferon [korrigiert]-Geninduktion durch die Interferon-Regulationsfaktor-Familie von Transkriptionsfaktoren

Immunität , 25 (3)(2006), S. 349–360 , [10.1016/j.jimmuni.2006.08.009](https://doi.org/10.1016/j.jimmuni.2006.08.009)

Artikel [PDF Herunterladen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#)

[Google Scholar](#)

[Honke, 2013](#) K. Honke

Biosynthese und biologische Funktion von Sulfoglycolipiden

Proz. Jpn. Akad. Ser. B Phys. biol. Wissenschaft. , 89 (4)(2013), Artikel 129138 , [10.2183/pjab.89.129](https://doi.org/10.2183/pjab.89.129)



[PDF finden...](#) [Google Scholar](#)

[Hou et al., 2021](#) X. Hou , T. Zaks , R. Langer , Y. Dong

Lipid-Nanopartikel für den mRNA-Transport

Nat. Rev. Mater. , 6 (2021) , S. 1078–1094 , 10.1038 / s41578-021-00358-0



[PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Huaget al., 2013](#) Y. Huang , X. Cai , X. Song , H. Tang , Y. Huang , S. Xie , Y. Hu

**Steroide zur Verhinderung des Wiederauftretens akuter schwerer Migräne:
eine Metaanalyse**

EUR. J. Neurol. , 20 (8) (2013) , S. 1184–1190 , 10.1111 / ene.12155

[[PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Huaget al., 2019](#) FT Huang , J. Sun , L. Zhang , X. He , YH Zhu , HJ Dong , H.-Y.

Wang , L. Zhu , JW Zou Huang , et al.

Rolle von SIRT1 bei hämatologischen Malignomen

J. Zhejiang Univ. - Wissenschaft. B , 20 (5) (2019) , S. 391 - 398 ,

[10.1631/jzus.B1900148](#)

[[PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Ilyas et al., 1991](#) AA Ilyas , FA Mithen , MC Dalakas , M. Wargo , ZW Chen , L.

Bielory , SD Cook

Antikörper gegen sulfatierte Glykolipide beim Guillain-Barr-Syndrom

J. Neurol. Wissenschaft. , 105 (1) (1991) , S. 108-117 , 10.1016 / 0022-510x

(91) 90126 - r

[[PDF finden...](#) [Google Scholar](#)

[Ivanova et al., 2021](#) EN Ivanova , JC Devlin , TB Buus , A. Koide , A. Cornelius ,

MI Samanovic , A. Herrera , C. Zhang , L. Desvignes , N. Odum , R. Ulrich ,

MJ Mulligan , S. Koide , KV Ruggles , RS Herati , SB Koralov

**Diskrete Immunantwortsignatur auf SARS-CoV-2-mRNA-Impfung versus
Infektion**

medRxiv-Vorabdruck (2021) , [10.1101/2021.04.20.21255677](#)

21. April

[[PDF finden...](#) [Google Scholar](#)

[Iwanaga et al., 2021](#) J. Iwanaga , H. Fukuoka , N. Fukuoka , H. Yutori , S. Ibaragi ,

RS Tubbs

**Eine narrative Übersicht und klinische Anatomie einer Herpes-Zoster-
Infektion nach einer COVID-19-Impfung**

Klin. Anat. , 35 (1) (2021) , S. 45 - 51 , [10.1002/ca.23790](#)



[PDF finden...](#) [Google Scholar](#)

Jain et al., 2021 SS Jain , JM Steele , B. Fonseca , S. Huang , S. Shah , SA Maskatia , S. Buddhe , N. Misra , P. Ramachandran , L. Gaur , *et al.*

COVID-19-Impfung-assoziierte Myokarditis bei Jugendlichen

Pädiatrie , 148 (5) (2021) , Artikel e2021053427 , [10.1542/peds.2021-053427](https://doi.org/10.1542/peds.2021-053427)

 [PDF anzeigen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Janeway und Medzhitov, 2002 CA Janeway Jr. , R. Medzhitov

Angeborene Immunerkennung

Jährlich Rev. Immunol. , 20 (2002) , S. 197 -- 216 ,
[10.1146/annurev.immunol.20.083001.084359](https://doi.org/10.1146/annurev.immunol.20.083001.084359)

 [PDF anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Jang et al., 1990 SK Jang , TV Pestova , CUT Hellen , GW Witherell , E. Wimmer

Cap-unabhängige Translation von Picornavirus-RNAs: Struktur und Funktion der internen ribosomalen Eintrittsstelle Enzyme , 44 (1990) , S. 292–309 , [10.1159 / 000468766](https://doi.org/10.1159/000468766)

 [PDF anzeigen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Jaubert et al., 2018 C. Jaubert , A. Bedrat , L. Bartolucci , C. Di Primo , M. Ventura , J.-L. Mergny , S. Amrane , M.-L. Andreola

Die RNA-Synthese wird durch die Bildung von G-Quadruplexen im negativen RNA-Strang des Hepatitis-C-Virus moduliert

Wissenschaft. Rep. , 8 (2018) , p. 8120 , [10.1038/s41598-018-26582-3](https://doi.org/10.1038/s41598-018-26582-3)

 [PDF anzeigen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Jego et al., 2003 GA Jego , K. Palucka , J.-P. Blanck , C. Chalouni , V. Pascual , J. Banchereau

Plasmazytoide dendritische Zellen induzieren die Plasmazelldifferenzierung durch Typ-I-Interferon und Interleukin 6

Immunität , 19 (2003) , Artikel 225234 , [10.1016/s1074-7613\(03\)00208-5](https://doi.org/10.1016/s1074-7613(03)00208-5)

 [PDF anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Jeong et al., 2021 M. Jeong , KE Ocwieja , D. Han , PA Wackym , Y. Zhang , A. Brown , C. Moncada , A. Vambutas , T. Kanne , R. Crain , *et al.*

Eine direkte SARS-CoV-2-Infektion des menschlichen Innenohrs kann einer COVID-19-assoziierten audiovestibulären Dysfunktion zugrunde liegen

Kommun. Med. , 1 (2021) , p. 44 , [10.1038/s43856-021-00044-w](https://doi.org/10.1038/s43856-021-00044-w)

[PDF anzeigen](#)[Datensatz in Scopus anzeigen](#)[Google Scholar](#)

[Jhaveri, 2021](#) R. Jhaveri

Die COVID-19-mRNA-Impfstoffe und die Pandemie: Sind sie der Anfang vom Ende oder das Ende vom Anfang?

Klin. Therapeut. , 43 (3) (2021) , S. 549 - 556 ,

[10.1016/j.clinthera.2021.01.014](https://doi.org/10.1016/j.clinthera.2021.01.014)

Artikel [PDF Herunterladen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#)

[Google Scholar](#)

[Jiang und Mei, 2021](#) H. Jiang , Y.-F. Mei

SARS-CoV-2-Spike beeinträchtigt die Reparatur von DNA-Schäden und hemmt die V(D)J-Rekombination in vitro

Viren , 13 (2056) (2021) , [10.3390/v13102056](https://doi.org/10.3390/v13102056)



[PDF finden...](#) [Google Scholar](#)

[Kaczmarek et al., 2021](#) R. Kaczmarek , M. El Ekiaby , DP Hart , C. Hermans , M.

Makris , D. Noone , B. O'Mahony , D. Page , F. Peyvandi , SW Pipe , *et al.*

Impfung gegen COVID-19: Begründung, Modalitäten und

Vorsichtsmaßnahmen für Patienten mit Hämophilie und anderen erblichen Blutungsstörungen

Hämophilie , 27 (4) (2021) , S. 515–518 , [10.1111/hae.14271](https://doi.org/10.1111/hae.14271)



[PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Kakarougkas et al., 2013](#) A. Kakarougkas , A. Ismail , K. Klement , AA Goodarzi ,

S. Conrad , R. Freire , A. Shibata , M. Lobrich , PA Jeggo

Gegensätzliche Rollen für 53BP1 während der homologen Rekombination

Nukleinsäuren res. , 41 (21) (2013) , S. 9719 - 9731 , [10.1093/nar/gkt729](https://doi.org/10.1093/nar/gkt729)



[PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Kalra und Kandimalla, 2021](#) RS Kalra , R. Kandimalla

Angriff auf die Spikes: Heparansulfat erleichtert die Bindung des SARS-CoV-2-Spike-Proteins an ACE2 und potenziert die Virusinfektion

Signaltransdukt. Gezielte Ther. , 6 (2021) , p. 39 , [10.1038/s41392-021-00470-1](https://doi.org/10.1038/s41392-021-00470-1)



[PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Kampf, 2021a](#) G. Kampf

Die epidemiologische Relevanz der COVID-19-geimpften Bevölkerung nimmt zu

Lanzette. Reg.-Nr. Gesundheit – Europ. , 11 (2021) , Artikel 100272 , [10.1016/j.lanepe.2021.100272](https://doi.org/10.1016/j.lanepe.2021.100272)

Artikel  PDF Herunterladen Datensatz in Scopus anzeigen
Google Scholar

[Kampf, 2021b](#) G. Kampf

Die epidemiologische Relevanz der COVID-19-geimpften Bevölkerung nimmt zu

Lancet-Reg. Gesundheit - Europ. , 11 (2021) , Artikel 100272 , [10.1016/j.lanepe.2021.100272](https://doi.org/10.1016/j.lanepe.2021.100272)

Artikel  PDF Herunterladen Datensatz in Scopus anzeigen
Google Scholar

[Karikó et al., 2005](#) K. Karikó , M. Buckstein , H. Ni , D. Weissman

Unterdrückung der RNA-Erkennung durch Toll-like-Rezeptoren: der Einfluss der Nukleosidmodifikation und der evolutionäre Ursprung der RNA

Immunität , 23 (2005) , Artikel 165175 , [10.1016/j.jimmuni.2005.06.008](https://doi.org/10.1016/j.jimmuni.2005.06.008)

 PDF anzeigen Google Scholar

[Katalin Karikó et al., 2008](#) K. Katalin Karikó , H. Muramatsu , FA Welsh , J.

Ludwig , H. Kato , S. Akira , D. Weissman

Der Einbau von Pseudouridin in mRNA ergibt einen überlegenen nichtimmunogenen Vektor mit erhöhter Translationskapazität und biologischer Stabilität

Mol. Ther. , 16 (2008) , S. 1833 - 1840 , [10.1038/mt.2008.200](https://doi.org/10.1038/mt.2008.200)

 PDF anzeigen Google Scholar

[Katsikas Triantafyllidis et al., 2021](#) K. Katsikas Triantafyllidis , P. Giannos , IT

Mian , G. Kyrtsonis , KS Kechagias

Varizella-Zoster-Virus-Reaktivierung nach COVID-19-Impfung: eine systematische Überprüfung von Fallberichten

Impfstoffe , 9 (9) (2021) , p. 1013 , [10.3390/Impfstoffe9091013](https://doi.org/10.3390/Impfstoffe9091013)

 PDF finden... Google Scholar

[Kaulen et al., 2021](#) LD Kaulen , S. Doubrovinskaia , C. Moshage , B. Jordan , J. Purrucker , C. Haubner , C. Seliger , H.-M. Lorenz , S. Nagel , B.

Wildemann , M. Bendszus , W. Wick , S. Schönberger

Neurologische Autoimmunerkrankungen nach Impfungen gegen SARS-CoV-2: eine Fallserie

EUR. J. Neurol. (2021) , S. 1–9 , [10.1111/ene.15147](#)

[Epub vor dem Druck]



[PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Kaur und Fang, 2020 A. Kaur , CM Fang

Ein Überblick über das menschliche Immunsystem und die Rolle von Interferon-regulatorischen Faktoren (IRFs)

Prog. Mikrob. Mol. biol. , 3 (1)(2020) , [10.36877/pmmib.a0000129](#)

2020



[PDF finden...](#) [Google Scholar](#)

Kelton et al., 2021 JG Kelton , DM Arnold , I. Nazy

Lehren aus der impfstoffinduzierten immunthrombotischen Thrombozytopenie

Nat. Rev. Immunol. , 21 (12)(2021) , S. 753 - 755 , [10.1038/s41577-021-00642-8](#)



[PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Khayat-Khoei et al., 2021 M. Khayat-Khoei , S. Bhattacharyya , J. Katz , D.

Harrison , S. Tauhid , P. Bruso , MK Houtchens , KR Edwards , R. Bakshi

COVID-19-mRNA-Impfung, die zu einer ZNS-Entzündung führt: eine Fallserie

J. Neurol. (4. September 2021) , S. 1 - 14 , [10.1007/s00415-021-10780-7](#)

[Epub vor dem Druck]



[PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Kimura et al., 2012 T. Kimura , T. Nakajima , Y. Kamijo , N. Tanaka , L. Wang , A.

Hara , E. Sugiyama , E. Tanaka , FJ Gonzalez , T. Aoyama

Hepatische Cerebrosid-Sulfotransferase wird durch PPAR-Aktivierung in Mäusen induziert

PPAR-Res. (2012) , Artikel 174932 , [10.1155/2012/174932](#)

2012



[PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Knuckles and Bühler, 2018 P. Knuckles , M. Bühler

Adenosinmethylierung als molekularer Abdruck, der das Schicksal von RNA bestimmt

FEBS Lett. , 592 (17)(2018), S. 2845 - 2859 , [10.1002/1873-3468.13107](https://doi.org/10.1002/1873-3468.13107)



[PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Kolumam et al., 2005 GA Kolumam , S. Thomas , LJ Thompson , J. Sprent , K. Murali-Krishna

Typ-I-Interferone wirken direkt auf CD8-T-Zellen, um eine klonale Expansion und Gedächtnisbildung als Reaktion auf eine Virusinfektion zu ermöglichen

J. Exp. Med. , 202 (5)(2005), Artikel 637650 , [10.1084/jem.20050821](https://doi.org/10.1084/jem.20050821)



[PDF finden...](#) [Google Scholar](#)

Kooet al., 2010 JW Koo , SJ Russo , D. Ferguson , EJ Nestler , RS Duman

Kernfaktor-kappaB ist ein entscheidender Mediator von stressgestörter Neurogenese und depressivem Verhalten

Proz. Natl. Akad. Wissenschaft. USA , 107 (6)(2010), S. 2669–2674 , [10.1073/pnas.0910658107](https://doi.org/10.1073/pnas.0910658107)

[PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Kothandanet al., 2020 VK Kothandan , S. Kothandan , DH Kim , Y. Byun , Y.-K. Lee , I.-K. Park , SR Hwang

Crosstalk zwischen Stressgranula, Exosomen, Tumorantigenen und Immunzellen: Bedeutung für die Krebsimmunität

Impfstoffe , 8 (2)(2020), p. 172 , [10.3390/vaccines8020172](https://doi.org/10.3390/vaccines8020172)



[PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Kudla et al., 2006 G. Kudla , L. Lipinski , F. Caffin , A. Helwak , M. Zylicz
Ein hoher Guanin- und Cytosingeinhalt erhöht die mRNA-Spiegel in Säugetierzellen

PLoS-Biol. , 4 (6)(2006), Artikel e180 , [10.1371/journal.pbio.0040180](https://doi.org/10.1371/journal.pbio.0040180)



[PDF finden...](#) [Google Scholar](#)

Kuwahara und Kusunoki, 2018 M. Kuwahara , S. Kusunoki

Mechanismus und Spektrum der Anti-Glykolipid-Antikörper-vermittelten chronisch entzündlichen demyelinisierenden Polyneuropathie

Klin. Exper. Neuroimmunol. , 9 (1)(2018), S. 65 - 74 , [10.1111/cen.12452](https://doi.org/10.1111/cen.12452)



[PDF anzeigen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Kwok, 2021 HF Kwok](#)

Überprüfung der klinischen Studien zu COVID-19-Impfstoffen – Ein Puzzle mit fehlenden Teilen

Int. J. Biol. Wissenschaft., 7 (6) (2021), p. 1461



[PDF anzeigen](#)

[Querverweis](#)

[Datensatz in Scopus anzeigen](#)

[Google Scholar](#)

[Kyriakopoulos und McCullough, 2021](#) AM Kyriakopoulos , PA McCullough
Synthetische mRNAs; ihre analogen Obergrenzen und ihren Beitrag zur Krankheit

Krankheiten , 9 (3) (2021), p. 57 , [10.3390/Krankheiten9030057](#)

[\[?\] PDF finden...](#) [Google Scholar](#)

[Lanz. et al., 2010](#) TV Lanz , Z. Ding , PP Ho , J. Luo , AN Agrawal , H. Srinagesh , R. Axtell , H. Zhang , M. Platten , T. Wyss-Coray , L. Steinman
Angiotensin II unterstützt die Gehirnentzündung bei Mäusen über TGF-beta

J. Clin. Investieren. , 120 (8) (2010), S. 2782–2794 , [10.1172 / JCI41709](#)

[\[?\] PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Lazaruset al., 2010](#) R. Lazarus , M. Klompas , S. Bernstein
Elektronische Unterstützung für das Public Health-Vaccine Adverse Event Reporting System (ESP: VAERS). Gewähren. Abschlussbericht, Grant-ID: R18 HS

(2010), p. 17045

[Google Scholar](#)

[Lee et al., 2021](#) E.-J. Lee , DB Cines , T. Gernsheimer , C. Kessler , M. Michel , MD Tarantino , JW Semple , DM Arnold , B. Godeau , MP Lambert , JB Bussel

Thrombozytopenie nach Pfizer- und Moderna-SARS-CoV-2-Impfung

Bin. J. Hematol. , 96 (5) (2021), S. 534–537 , [10.1002 / ajh.26132](#)

[\[?\] PDF finden...](#) [Google Scholar](#)

[Lembergeret al., 1994](#) T. Lemberger , B. Staels , R. Saladin , B. Desvergne , J. Auwerx , W. Wahli
Regulierung des Peroxisom-Proliferator-aktivierten Rezeptor-Alpha-Gens durch Glukokortikoide

J.Biol. Chem. , 269 (40) (1994), S. 24527–24530 , [10.1093/toxsci / kfn260](#)

[Artikel](#)  [PDF Herunterladen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#)

[Google Scholar](#)

[Lensen et al., 2021](#) R. Lensen , MG Netea , FR Rosendaal

Hepatitis-C-Virus-Reaktivierung nach COVID-19-Impfung – Ein Fallbericht

Int. Med. Case Rep. J. , 14 (2021) , S. 573–575 , 10.2147 / IMCRJ.S328482

 [PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Letarov et al., 2021](#) AV Letarov , VV Babenko , EE Kulikov

Freie SARS-CoV-2-Spike-Protein-S1-Partikel könnten eine Rolle bei der Pathogenese der COVID-19-Infektion spielen

Biochemistry (Mosc.) , 86 (3) (2021) , S. 257–261 , 10.1134 /

S0006297921030032

 [PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Leung und Amarasinghe, 2016](#) DW Leung , GK Amarasinghe

Wenn Ihre Kappe zählt: strukturelle Einblicke in die Selbst- vs. Nicht-Selbsterkennung von 5'-RNA durch immunmodulatorische Wirtsproteine

akt. Meinung. Struktur. biol. , 36 (2016) , S. 133 - 141 ,
[10.1016/j.sbi.2016.02.001](#)

[Artikel](#)  [PDF Herunterladen](#) [Google Scholar](#)

[Liet al., 2015](#) Y. Li , R. Huang , L. Wang , J. Hao , Q. Zhang , R. Ling , J. Yun

Mikro-RNA-762 fördert die Proliferation und Invasion von Brustkrebszellen, indem sie auf die IRF7-Expression abzielt

Cell Prolif , 48 (6) (2015) , S. 643–649 , 10.1111 / cpr.12223

 [PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Lindenmann, 1982](#) J. Lindenmann

Von der Interferenz zum Interferon: eine kurze historische Einführung

Philos. Trans. R. Soc. Lang. B Biol. Wissenschaft. , 299 (1094) (1982) , S. 3–6 –

[Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Liu et al., 2000](#) T. Liu , KM Khanna , X. Chen , DJ Fink , RL Hendricks

CD8(+)-T-Zellen können die Reaktivierung des Herpes-simplex-Virus Typ 1 (HSV-1) durch Latenz in sensorischen Neuronen blockieren

J. Exp. Med. , 191 (9) (2000) , S. 1459 - 1466 , [10.1084/jem.191.9.1459](#)

[PDF finden...](#)[Datensatz in Scopus anzeigen](#)[Google Scholar](#)

Liu et al., 2021 J. Liu , J. Wang , J. Xu , H. Xia , Y. Wang , C. Zhang , W. Chen , H. Zhang , Q. Liu , R. Zhu , *et al.*

Umfassende Untersuchungen ergaben konsistente pathophysiologische Veränderungen nach der Impfung mit COVID-19-Impfstoffen

Cell Discov. , 7 (1) (2021) , p. 99 , [10.1038/s41421-021-00329-3](https://doi.org/10.1038/s41421-021-00329-3)

[Artikel](#) [PDF Herunterladen](#) [Google Scholar](#)

Lladó et al., 2021 I. Lladó , A. Fernández-Bernáldez , P. Rodríguez-Jiménez
Varizella-Zoster-Virus-Reaktivierung und mRNA-Impfstoffe als Auslöser.
JAAD

Case Rep. , 15 (2021) , S. 62-63 , [10.1016/j.jdcr.2021.07.011](https://doi.org/10.1016/j.jdcr.2021.07.011)

[Artikel](#) [PDF Herunterladen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#)
[Google Scholar](#)

Lu et al., 2019 Y. Lu , M. Harada , Y. Kamijo , T. Nakajima , N. Tanaka , E. Sugiyama , M. Kyogashima , FJ Gonzalez , T. Aoyama
Der Peroxisom-Proliferator-aktivierte Rezeptor schwächt die durch die Ernährung mit hohem Cholesterinspiegel induzierte Toxizität und die prothrombotischen Wirkungen bei Mäusen ab
Bogen. Giftig. , 93 (1) (2019) , Artikel 149161 , [10.1007/s00204-018-2335-4](https://doi.org/10.1007/s00204-018-2335-4)

[PDF finden...](#) [Google Scholar](#)

MacFarlane et al., 2005 M. MacFarlane , SL Kohlhaas , MJ Sutcliffe , MJ Dyer , GM Cohen
TRAIL-Rezeptor-selektive Mutanten signalisieren Apoptose über TRAIL-R1 bei primären lymphatischen Malignomen
Krebsres. , 65 (24) (2005) , S. 11265–11270 , [10.1158/0008-5472.CAN-05-2801](https://doi.org/10.1158/0008-5472.CAN-05-2801)

[PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Maleki, 2021 A. Maleki

COVID-19 rekombinante mRNA-Impfstoffe und schwerwiegende augenentzündungsbedingte Nebenwirkungen: echt oder Zufall?

J. Ophthalmic Vis. Auflösung , 16 (3) (2021) , Artikel 490501 ,
[10.18502/jovr.v16i3.9443](https://doi.org/10.18502/jovr.v16i3.9443)

[PDF finden...](#) [Google Scholar](#)

[Mannet al., 2021](#) R. Mann , S. Sekhon , S. Sekhon

Arzneimittelinduzierte Leberschädigung nach COVID-19-Impfung

Cureus , 13 (7)(2021), Artikel e16491 , [10.7759/cureus.16491](https://doi.org/10.7759/cureus.16491)



[PDF anzeigen](#)

[Datensatz in Scopus anzeigen](#)

[Google Scholar](#)

[Marcuset al., 2006](#) J. Marcus , S. Honigbaum , S. Shroff , K. Honke , J. Rosenbluth , JL Dupree

Sulfatid ist essentiell für die Aufrechterhaltung der ZNS-Myelin- und Axonstruktur

Glia , 53 (4)(2006) , S. 372 - 381 , [10.1002/glia.20292](https://doi.org/10.1002/glia.20292)

[PDF anzeigen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Martini und Guey, 2019](#) PGV Martini , LT Guey

Eine neue Ära für seltene genetische Erkrankungen: Boten-RNA-Therapie

Summen. Gene Ther. , 30 (10)(2019) , S. 1180 - 1189 ,

[10.1089/hum.2019.090](https://doi.org/10.1089/hum.2019.090)

[PDF anzeigen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Matsuokaet al., 1998](#) M. Matsuoka , K. Tani , S. Asano

Interferon-alpha-induzierter G1-Phasenstopp durch hochregulierte Expression von CDK-Inhibitoren, p19Ink4D und p21Cip1 in Maus-Makrophagen

Oncogene , 16 (1998) , S. 2075–2086 , [10.1038/sj.onc.1201745](https://doi.org/10.1038/sj.onc.1201745)

[PDF anzeigen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Mauro und Chappell, 2014](#) VP Mauro , SA Chappell

Eine kritische Analyse der Codon-Optimierung in Humantherapeutika

Trends Mol. Med. , 20 (11)(2014) , S. 604 - 613 ,

[10.1016/j.molmed.2014.09.003](https://doi.org/10.1016/j.molmed.2014.09.003)

[Artikel](#) [PDF Herunterladen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#)

[Google Scholar](#)

[McCarthy et al., 2017](#) C. McCarthy , A. Carrea , L. Diambra

Bicodon-Bias kann die Rolle synonymer SNPs bei Erkrankungen des Menschen bestimmen

BMC-Genom. , 18 (1)(2017) , p. 227 , [10.1186/s12864-017-3609-6](https://doi.org/10.1186/s12864-017-3609-6)

[PDF anzeigen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[McKenzie et al., 1999](#)

SE McKenzie , SM Taylor , P. Malladi , H. Yuhua , DL Cassel , P. Chien , E.

Schwartz , AD Schreiber , S. Surrey , MP Reilly

Die Rolle des humanen Fc-Rezeptors FcRIIA bei der Immunclearance von Blutplättchen: ein transgenes Mausmodell

J. Immunol. , 162 (1999) , S. 4311–4318 _

<http://www.jimmunol.org/content/162/7/4311>

[Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[McKernan et al., 2021](#) K. McKernan , AM Kyriakopoulos , PA McCullough

Unterschiede in Impfstoff- und SARS-CoV-2-Replikations-abgeleiteter mRNA: Implikationen für die Zellbiologie und zukünftige Krankheiten

OSF-Vorpr. (2021) , 10.31219/osf.io/bcsa6

26.11

[PDF anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[McLachlan et al., 2021](#) S. McLachlan , M. Osman , K. Dube , P. Chiketero , Y. Choi

, N. Fenton

Analyse von COVID-19-Impftodesmeldungen aus der Datenbank des Meldesystems für unerwünschte Ereignisse bei Impfstoffen (VAERS).

Vordruck (2021) , 10.13140 /RG.2.2.26987.26402

[PDF finden...](#) [Google Scholar](#)

[Meyer et al., 2015](#) KD Meyer , DP Patil , J. Zhou , A. Sinowjew , MA Skabkin , O.

Elemento , TV Pestova , S.-B. Qian , SR Jaffrey

5' UTR m(6)A fördert die cap-unabhängige Translation

Cell , 163 (4) (2015) , S. 999–1010 , 10.1016 / j.cell.2015.10.012

Artikel [!\[\]\(76508e90132a431d97ab5d49bf4e5c74_img.jpg\) PDF Herunterladen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#)

[Google Scholar](#)

[Mishra und Banerjea, 2021](#) R. Mishra , AC Banerjea

SARS-CoV-2 Spike zielt über exosomalen miR-148a auf die USP33-IRF9-

Achse ab, um menschliche Mikroglia zu aktivieren

Vorderseite. Immunol. , 12 (2021) , Artikel 656700 ,

[10.3389/fimmu.2021.656700](https://doi.org/10.3389/fimmu.2021.656700)

[!\[\]\(7113a15b2afb014bfaa1957c8fe5c951_img.jpg\) PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Mittal und Chaudhuri, 2009](#) MK Mittal , G. Chaudhuri

Abstracts: Erste AACR International Conference on Frontiers in Basic

Cancer Research – 8.–11. Okt. 2009. Boston, MA (2009)

https://cancerres.aacrjournals.org/content/69/23_Supplement/A16.short

[Google Scholar](#)

Mulligan et al., 2020 MJ Mulligan , KE Lyke , N. Kitchin , J. Absalon , A. Gurtman , S. Lockhart , K. Neuzil , V. Raabe , R. Bailey , KA Swanson , P. Li , K. Koury , W. Kalina , D Cooper , C. Fontes- Garfias , P.-Y. Schi , Ö. KR Tompkins Türeci , , EE Walsh , R. Frenck , AR Falsey , PR Dormitzer , WC Gruber , U. Şahin , KU Jansen

Phase-I/II-Studie zum COVID-19-RNA-Impfstoff BNT162b1 bei Erwachsenen

Nature , 586 (7830)(2020) , S. 589–593 , 10.1038 / s41586-020-2639-4



[PDF finden...](#)

[Google Scholar](#)

Mungoven et al., 2020 TJ Mungoven , N. Meylakh , KK Marciszewski , VG Macefield , PM Macey , LA Henderson

Mikrostrukturelle Veränderungen des Trigeminusnervs von Patienten mit episodischer Migräne, beurteilt mittels Magnetresonanztomographie

J. Headache Pain , 21 (2020) , p. 59 , [10.1186/s10194-020-01126-1](https://doi.org/10.1186/s10194-020-01126-1)



[PDF anzeigen](#)

[Datensatz in Scopus anzeigen](#)

[Google Scholar](#)

Musellaet al., 2017 M. Musella , G. Manic , R. de Maria , I. Vitale , A. Sistigue

Typ-I-Interferone bei Infektionen und Krebs: unerwartete Dynamik mit therapeutischen Implikationen

OncoImmunology , 6 (5)(2017) , Artikel e1314424 ,

[10.1080/2162402X.2017.1314424](https://doi.org/10.1080/2162402X.2017.1314424)



[PDF anzeigen](#)

[Datensatz in Scopus anzeigen](#)

[Google Scholar](#)

Nandha und Singh, 2012 R. Nandha , H. Singh

Renin-Angiotensin-System: ein neuartiges Ziel für die Migräneprävention

Indian J. Pharmacol. , 44 (2)(2012) , Artikel 157160 , [10.4103/0253-7613.93840](https://doi.org/10.4103/0253-7613.93840)

[PDF finden...](#)

[Google Scholar](#)

Nationales Krebsinstitut, 2021 Nationales Krebs Institut

BRCA-Genmutationen: Krebsrisiko und Datenblatt zu Gentests

[online] Verfügbar unter:

<https://www.cancer.gov/about-cancer/causes-prevention/genetics/brca-factsheet#what-other-cancers-are-linked-to-harmful-variants-in-brca1-and-brca2> (2021) , Zugriff am 27. November 2021

[Google Scholar](#)

[Nevzorova et al., 2019](#) TA Nevzorova , ER Mordakhanova , AG Daminova , AA Ponomareva , IA Andrianova , GL Minh , L. Rauova , RL Litvinov , JW Weisel

Thrombozytenfaktor 4 enthaltende Immunkomplexe induzieren eine Thrombozytenaktivierung, gefolgt von einem Calpain-abhängigen Thrombozytentod

Zelltod Dis. , 5 (2019) , p. 106 , [10.1038/s41420-019-0188-0](https://doi.org/10.1038/s41420-019-0188-0)



[PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Olsthoorn, 2014](#) RC Olsthoorn

G-Quadruplexe in Prionen-mRNA: das fehlende Glied bei Prionenerkrankungen?

Nukleinsäuren res. , 42 (2014) , S. 9327 - 9333 , [10.1093/nar/gku559](https://doi.org/10.1093/nar/gku559)



[PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Orlandini von Niessen et al., 2019](#) AG Orlandini von Niessen , MA Poleganov , C. Rechner , A. Plaschke , LM Kranz , S. Fesser , M. Diken , M. Löwer , B. Vallazza , T. Beissert , *et al.*

Verbesserung der mRNA-basierten therapeutischen Genabgabe durch expressionssteigernde 3'-UTRs, die durch Screening von Zellbibliotheken identifiziert wurden

Mol. Ther. , 27 (4)(2019) , S. 824 - 836 , [10.1016/j.ymthe.2018.12.011](https://doi.org/10.1016/j.ymthe.2018.12.011)

Artikel [PDF Herunterladen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#)

[Google Scholar](#)

[Otsuka et al., 2019](#) H. Otsuka , A. Fukao , Y. Funakami , KE Duncan , T. Fujiwara
Neue Hinweise auf translationale Kontrolle durch AU-reiche elementbindende Proteine

Vorderseite. Genet. , 10 (2019) , p. 332 , [10.3389/fgene.2019.00332.g](https://doi.org/10.3389/fgene.2019.00332.g)

[PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Oudit et al., 2009](#) GY Oudit , Z. Kassiri , C. Jiang , PP Liu , SM Poutanen , JM Penninger , J. Butany

SARS-Coronavirus-Modulation der myokardialen ACE2-Expression und Entzündung bei Patienten mit SARS

EUR. J. Clin. Investieren. , 39 (7)(2009) , Artikel 618625 , [10.1111/j.1365-2362.2009.02153](https://doi.org/10.1111/j.1365-2362.2009.02153)

 [PDF finden...](#) [Google Scholar](#)

[Ozaki und Nakagawara, 2011](#) T. Ozaki , A. Nakagawara

Rolle von p53 beim Zelltod und menschlichen Krebserkrankungen

Cancers , 3 (1) (2011) , S. 994–1013 , 10.3390 / cancers3010994

 [PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Panier und Boulton, 2014](#) S. Panier , SJ Boulton

Reparatur von Doppelstrangbrüchen: 53BP1 rückt in den Fokus

Nat. Rev. , 15 (2014) , p. 9 , 10.1038/nrm3719

 [PDF finden...](#) [Google Scholar](#)

[Pardi et al., 2018](#) N. Pardi , MJ Hogan , FW Porter , D. Weissman

mRNA-Impfstoffe – eine neue Ära in der Vakzinologie

Nat. Rev. Drug Discov. , 17 (4) (2018) , S. 261 - 279 , 10.1038/Nr.2017.243

 [PDF anzeigen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Parket al., 2021](#) JW Park , P. Lagniton , Y. Liu , RH Xu

mRNA-Impfstoffe für COVID-19: was, warum und wie

Int. J.Biol. Wissenschaft. , 17 (6) (2021) , S. 1446–1460 , 10.7150 / ijbs.59233
2021

 [PDF anzeigen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Passariello et al., 2021](#) M. Passariello , C. Vetrei , F. Amato , C. De Lorenzo

Wechselwirkungen von Spike-RBD von SARS-CoV-2 und Thrombozytenfaktor 4: neue Erkenntnisse zur Ätiopathogenese von Thrombosen

Int. J.Mol. Wissenschaft. , 22 (2021) , p. 8562 , 10.3390/ijms22168562

 [PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Passegu und Ernst, 2009](#) E. Passegu , PA Ernst

IFN-alpha weckt schlafende hämatopoetische Stammzellen

Nat. Med. , 15 (6) (2009) , Artikel 612613 , 10.1038/nm0609-612

 [PDF anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Perricone et al., 2014](#) C. Perricone , F. Ceccarelli , G. Nesher , E. Borella , Q. Odeh

, F. Conti , Y. Shoenfeld , G. Valesini

Immunthrombozytopenische Purpura (ITP) im Zusammenhang mit Impfungen: eine Übersicht über gemeldete Fälle

[Immunol. Auflösung](#), 60 (2014), S. 226–235 , 10.1007/s12026-014-8597 - 

 [PDF anzeigen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Psichogiou et al., 2021a](#) M. Psichogiou , A. Karabinis , G. Poulakou , A.

Antoniadou , A. Kotanidou , D. Degiannis , ID Pavlopoulou , A.

Chaidaroglou , S. Roussos , E. Mastrogiovanni , *et al.*

Vergleichende Immunogenität des BNT162b2-mRNA-Impfstoffs mit einer natürlichen COVID-19-Infektion

[Vaccines \(Basel\)](#), 9 (9) (2021), p. 1017 , 10.3390/Impfstoffe9091017

 [PDF anzeigen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Psichogiou et al., 2021b](#) M. Psichogiou , M. Samarkos , N. Mikos , A. Hatzakis

Reaktivierung des Varizella-Zoster-Virus nach Impfung gegen SARS-CoV-2

[Impfstoffe](#), 9 (2021), p. 572 , 10.3390/vaccines9060572

 [PDF anzeigen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Qiu und Ma, 2018](#) X.-K. Qiu , J. Ma

Die Veränderung des microRNA-155-Spiegels entspricht dem Schweregrad der koronaren Herzkrankheit

[Scannen. J. Clin. Labor. Investieren.](#), 78 (3) (2018), S. 219 - 223 , 10.1080/00365513.2018.1435904

 [PDF anzeigen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Qiu et al., 2021](#) S. Qiu , JP Palavicini , J. Wang , NS Gonzalez , S. He , E. Dustin , C. Zou , L. Ding , A. Bhattacharjee , CE Van Skike , *et al.*

Ein im Erwachsenenalter auftretender ZNS-Myelinsulfatidmangel reicht aus, um eine der Alzheimer-Krankheit ähnliche Neuroinflammation und kognitive Beeinträchtigung zu verursachen

[Mol. Neurodegener.](#), 16 (2021), p. 64 , 10.1186/s13024-021-00488-7

 [PDF anzeigen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Röltgen et al., 2022](#) K. Röltgen , SCA Nielsen , O. Silva , SF Younes , M. Zaslavsky , C. Costales , F. Yang , OF Wirz , D. Solis , RA Hoh

Immunprägung, Breite der Variantenerkennung und Keimzentrumsreaktion bei humaner SARS-CoV-2-Infektion und -Impfung

[Zelle](#) (2022), 10.1016/j.cell.2022.01.018

25. Januar; S0092-8674(22)00076-9. [Epub vor dem Druck]



[PDF anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Rasmussen et al., 2021 SA Rasmussen , NS Abul-Husn , JL Casanova , MJ Daly , HL Rehm , MF Murray
Die Schnittmenge von Genetik und COVID-19 im Jahr 2021: Vorschau auf das Rodney Howell Symposium 2021
Genet. Med. , 23 (6) (2021) , S. 1001–1003 , 10.1038 / s41436-021-01113-0
[Artikel](#) [PDF Herunterladen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#)
[Google Scholar](#)

Ratajczak und Ratajczak, 2016 MZ Ratajczak , J. Ratajczak
Horizontaler Transfer von RNA und Proteinen zwischen Zellen durch extrazelluläre Mikrovesikel: 14 Jahre später
Klin. Übers. Med. , 5 (2016) , p. 7 , [10.1186/s40169-016-0087-4](#)
[PDF finden...](#) [Google Scholar](#)

Rhea et al., 2021 EM Rhea , AF Logsdon , KM Hanse , LM Williams , MJ Reed , KK Baumann , SJ Holden , J. Raber , WA Banks , MA Erickson
Das S1-Protein von SARS-CoV-2 überwindet bei Mäusen die Blut-Hirn-Schranke
Nat. Neurosci. , 24 (2021) , S. 368–378 , 10.1038 / s41593-020-00771-8
[PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Rodrigues Figueiredo et al., 2016 R. Rodrigues Figueiredo , A. Aparecida Azevedo , N. De Oliveira Penido
Positive Assoziation zwischen Tinnitus und arterieller Hypertonie
Vorderseite. Neurol. , 7 (2016) , p. 171 , [10.3389/fneur.2016.00171](#)
[PDF finden...](#) [Google Scholar](#)

Rodriguez-Perez et al., 2015 AI Rodriguez-Perez , A. Borrajo , J. Rodriguez-Pallares , MJ Guerra , JL Labandeira-Garcia
Wechselwirkung zwischen NADPH-Oxidase und Rho-Kinase bei Angiotensin-II-induzierter Mikroglia-Aktivierung
Glia , 63 (2015) , p. 466e482 , [10.1002/glia.22765](#)
[PDF finden...](#) [Google Scholar](#)

Rosa, 2021 J.Rose –

Kritische Würdigung der VAERS-Pharmakovigilanz: Ist das US-amerikanische Meldesystem für unerwünschte Ereignisse im Impfstoff (VAERS) ein funktionierendes Pharmakovigilanz-System?

Wissenschaft. Publ. Gesundheitspol. the Law , 3 (2021), S. 100 - 129

[Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Rouleau et al., 2017 S. Rouleau , JS Glouzon , A. Brumwell , M. Bisailon , JP

Perreault

3'-UTR-G-Quadruplexe regulieren die miRNA-Bindung

RNA , 23 (8)(2017) , S. 1172–1179 , 10.1261 / rna.060962.117

 [PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Rouleau et al., 2018 SG Rouleau , J.-M. Garant , F. Balduc , M. Bisailon , J.-P.

Perreault

G-Quadruplexe beeinflussen die pri-microRNA-Verarbeitung

RNA-Biol. , 15 (2)(2018) , S. 198–206 , 10.1080 / 15476286.2017.1405211

 [PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Russ, 2008 N. Zwieback

Wenn microRNAs die Translation aktivieren

Nat. Methods , 5 (2008) , S. 122 -- 123 , 10.1038/nmeth0208-122a

 [PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Ruther et al., 1998 U. Ruther , C. Nunnensiek , HA Müller , H. Bader , U. May , P.

Jipp

Therapie mit Interferon alpha (IFN alpha 2a) bei Herpesvirus-assoziierten entzündlichen Darmerkrankungen (Colitis ulcerosa und Morbus Crohn)

Hepato-Gastroenterology , 45 (21)(1998) , S. 691–699 , 10.1111 / j.1348-0421.1999.tb03365.x

 [PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Sakai et al., 1998 Y. Sakai , S. Ohga , Y. Tonegawa , H. Takada , F. Nakao , H.

Nakayama , T. Aoki , S. Yamamori , T. Hara

Interferon-Alpha-Therapie bei chronischer aktiver Epstein-Barr-Virusinfektion: mögliche Wirkung auf die Entwicklung einer T-lymphoproliferativen Erkrankung

J. Pediatr. Hämatol. Onk. , 20 (4)(1998) , S. 342–346 –

[Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Sayers, 2011 TJ Sayer

Ausrichtung auf den extrinsischen Apoptose-Signalweg für die Krebstherapie

Krebs-Immunol. Immunother. , 60 (8) (2011) , S. 1173 - 1180 ,
[10.1007/s00262-011-1008-4](https://doi.org/10.1007/s00262-011-1008-4)

 PDF anzeigen [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Schmidt et al., 2021 N. Schmidt , CA Lareau , H. Keshishian , S. Ganskikh , C. Schneider , T. Hennig , R. Melanson , S. Werner , Y. Wei , M. Zimmer , *et al.*
Das SARS-CoV-2-RNA-Protein-Interaktom in infizierten menschlichen Zellen

Nat. Mikrobiol. , 6 (3) (2021) , S. 339–353 , 10.1038 / s41564-020-00846 -z

 PDF anzeigen [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Schneideret al., 2014 WM Schneider , MD Chevillotte , CM Rice
Interferon-stimulierte Gene: ein komplexes Netz der Wirtsabwehr
 Annu. Rev. Immunol. , 32 (2014) , S. 513 - 545
 PDF anzeigen [Querverweis](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#)
[Google Scholar](#)

Sekiguchi et al., 2021 K. Sekiguchi , N. Watanabe , N. Miyazaki , K. Ishizuchi , C. Iba , Y. Tagashira , S. Uno , M. Shibata , N. Hasegawa , R. Takemura , *et al.*
Inzidenz von Kopfschmerzen nach COVID-19-Impfung bei Patienten mit Kopfschmerzen in der Vorgeschichte: eine Querschnittsstudie
 Kopfschmerz (2021) , Artikel 3331024211038654 ,
[10.1177/03331024211038654](https://doi.org/10.1177/03331024211038654)

[Epub vor dem Druck]

 PDF finden... [Google Scholar](#)

Seneff und Nigh, 2021 S. Seneff , G. Nigh
Schlimmer als die Krankheit? Überprüfung einiger möglicher unbeabsichtigter Folgen der mRNA-Impfstoffe gegen COVID-19
 IJVTPR , 2 (1) (2021) , S. 38-79 _
[Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Shabalina et al., 2013 SA Shabalina , NA Spiridonov , A. Kashina
Klänge der Stille: synonym Nukleotide als Schlüssel zur biologischen Regulation und Komplexität
 Nukleinsäuren res. , 41 (4) (2013) , S. 2073 - 2094 , [10.1093/nar/gks1205](https://doi.org/10.1093/nar/gks1205)

[PDF anzeigen](#)[Datensatz in Scopus anzeigen](#)[Google Scholar](#)

Shatsky et al., 2018 IN Shatsky , IM Terenin , VV Smirnova , DE Andreev

Cap-unabhängige Übersetzung: Was steckt in einem Namen?

Trends Biochem. Wissenschaft. , 43 (11) (2018) , S. 882 - 895 ,

[10.1016/j.tibs.2018.04.011](https://doi.org/10.1016/j.tibs.2018.04.011)

Artikel [PDF Herunterladen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Shaw et al., 2002 G. Shaw , S. Morse , M. Ararat , FL Graham

Bevorzugte Transformation menschlicher Nervenzellen durch humane Adenoviren und die Herkunft von HEK 293-Zellen

Faseb. J. , 16 (8) (2002) , S. 869 -- 871 , [10.1096/fj.01-0995fje](https://doi.org/10.1096/fj.01-0995fje)

[PDF anzeigen](#)[Datensatz in Scopus anzeigen](#)[Google Scholar](#)

Shitrit et al., 2021 P. Shitrit , NS Zuckerman , O. Mor , B.-S. Gottesman , M. Chowers

Nosokomieller Ausbruch, verursacht durch die SARS-CoV-2-Delta-Variante, in einer stark geimpften Bevölkerung, Israel, Juli 2021

Euro-Überwachung. , 26 (39) (2021) , Artikel 2100822 , [10.2807/1560-7917.ES.2021.26.39.2100822](https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2021.26.39.2100822)

[PDF finden...](#)[Google Scholar](#)

Shrotri et al., 2021 M. Shrotri , AM Navaratnam , V. Nguyen , T. Byrne , C. Geismar , E. Fragaszy , S. Beale , WLE Fong , P. Patel , J. Kovar , *et al.*

Nach der zweiten Dosis von BNT162b2 oder ChAdOx1 nimmt der Spike-Antikörper ab

Lancet , 398 (10298) (2021) , S. 385 - 387

Artikel [PDF Herunterladen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Simone et al., 2021 A. Simone , J. Herald , A. Chen

Akute Myokarditis nach COVID-19-mRNA-Impfung bei Erwachsenen ab 18 Jahren

JAMA-Praktikant. Med. , 181 (12) (2021) , S. 1668 - 1670 , [10.1001/jamainternmed.2021.5511](https://doi.org/10.1001/jamainternmed.2021.5511)

[PDF anzeigen](#)[Datensatz in Scopus anzeigen](#)[Google Scholar](#)

Klein und Olson, 2011 EM Klein , EN Olson

Allgegenwärtige Rolle von microRNAs in der kardiovaskulären Biologie

Nature , 469 (7330) (2011), S. 336 -- 342 , [10.1038/nature09783](https://doi.org/10.1038/nature09783)

 PDF anzeigen Datensatz in Scopus anzeigen Google Scholar

[Sola et al., 2015](#) I. Sola , F. Almazán , S. Zúñiga , L. Enjuanes

Kontinuierliche und diskontinuierliche RNA-Synthese in Coronaviren

Ann. Rev. Virol. , 2 (1) (2015) , S. 265–288 , [10.1146/annurev-virology-100114-055218](https://doi.org/10.1146/annurev-virology-100114-055218)



[PDF anzeigen](#) Datensatz in Scopus anzeigen Google Scholar

[Soliset al., 2006](#) M. Solis , D. Goubau , R. Romieu-Mourez , P. Genin , A. Civas , J. Hiscott

Unterschiedliche Funktionen von IRF-3 und IRF-7 bei der IFN-alpha-Genregulation und Kontrolle der Antitumoraktivität in primären Makrophagen

Biochem. Pharmakol. , 72 (11) (2006) , S. 1469 - 1476 , [10.1016/j.bcp.2006.06.002](https://doi.org/10.1016/j.bcp.2006.06.002)

Artikel  PDF Herunterladen Datensatz in Scopus anzeigen Google Scholar

[Spiegel et al., 2020](#) J. Spiegel , S. Adhikari , S. Balasubramanian

Die Struktur und Funktion von DNA-G-Quadruplexen

Trend. Chem. , 2 (2) (2020) , S. 123 - 136 , [10.1016/j.trechm.2019.07.002](https://doi.org/10.1016/j.trechm.2019.07.002)

Artikel  PDF Herunterladen Datensatz in Scopus anzeigen Google Scholar

[Stertz und Hale, 2021](#) S. Stertz , BG Hale

Mängel des Interferonsystems, die schwere pandemische Virusinfektionen verschlimmern

Trends Mikrobiol. , 29 (11) (2021) , S. 973 - 982 , [10.1016/j.tim.2021.03.001](https://doi.org/10.1016/j.tim.2021.03.001)

Artikel  PDF Herunterladen Datensatz in Scopus anzeigen Google Scholar

[Suberbielle et al., 2015](#) E. Suberbielle , B. Djukic , M. Evans , DH Kim , P. Taneja , X. Wang , M. Finucane , J. Knox , K. Ho , N. Devidze , *et al.*

Der Abbau des DNA-Reparaturfaktors BRCA1 tritt in Alzheimer-Gehirnen auf und beeinträchtigt die kognitive Funktion bei Mäusen

Nat. Commun. , 6 (2015) , p. 8897 , [10.1038/ncomms9897](https://doi.org/10.1038/ncomms9897)



[PDF anzeigen](#) Datensatz in Scopus anzeigen Google Scholar

[Subramanian und Kumar, 2947](#)

Subramanian, SV; Kumar, A. Anstiege von COVID-19 stehen in keinem Zusammenhang mit dem Impfniveau in 68 Ländern und 2947 Bezirken in den Vereinigten Staaten. *EUR. J. Epidemiol.* 2021, 1-4. doi: 10.1007/s10654-021-00808-7.
[Google Scholar](#)

[Sundstedt et al., 2008](#) A. Sundstedt , M. Celander , G. Hedlund

Die Kombination von tumorgerichteten Superantigenen mit Interferon-alpha führt zu synergistischen Antitumoreffekten

Int. Immunopharm. , 8 (3) (2008) , S. 442 - 452 ,

[10.1016/j.intimp.2007.11.006](#)

2008

[Artikel](#)  [PDF Herunterladen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#)

[Google Scholar](#)

[Svitkin et al., 2005](#) UV Svitkin , B. Herdy , M. Costa-Mattioli , A.-C. Gingras , B. Raught , N. Sonenberg

Die Verfügbarkeit des eukaryotischen Translationsinitiationsfaktors 4E steuert den Wechsel zwischen Cap-abhängiger und interner ribosomaler Eintrittsstellen-vermittelter Translation

Mol. Zellbiol. , 25 (23) (2005) , S. 10556–10565 , [10.1128/MCB.25.23.10556-10565.2005](#)

[MCB.25.23.10556-10565.2005](#)

 [PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Takaoka et al., 2008](#) A. Takaoka , T. Tamura , T. Taniguchi

Interferon-regulatorische Faktorfamilie von Transkriptionsfaktoren und Regulation der Onkogenese

Krebs Wissenschaft. , 99 (3) (2008) , S. 467–478 , [10.1111/j.1349-7006.2007.00720](#)

 [PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Testa, 2010](#) U. Testa

TRAIL/TRAIL-R bei hämatologischen Malignomen

J. Zelle. Biochem. , 110 (1) (2010) , S. 21–34 , [10.1002/jcb.22549](#)

 [PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Tetz und Tetz, 2022](#) G. Tetz , V. Tetz

Prion-ähnliche Domänen im Spike-Protein von SARS-CoV-2 unterscheiden sich zwischen seinen Varianten und ermöglichen

Änderungen der Affinität zu ACE2

Mikroorganismen , 10 (2022) , p. 280 , [10.3390/Mikroorganismen10020280](https://doi.org/10.3390/Mikroorganismen10020280)



[PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Tian et al., 2018 W.-L. Tian , R. Guo , F. Wang , Z.-X. Jiang , P. Tang , Y.-M. Huang , L. Sonne

Die IRF9-SIRT1-P53-Achse ist am Wachstum der humanen akuten myeloischen Leukämie beteiligt

Erw. Zellres. , 365 (2018) , S. 185 - 193 , [10.1016/j.yexcr.2018.02.036](https://doi.org/10.1016/j.yexcr.2018.02.036)

Artikel [PDF Herunterladen](#) [Google Scholar](#)

Timmers et al., 2021 LFSM Timmers , JV Peixoto , RG Ducati , JFR Bachega , L. de Mattos Pereira , RA Caceres , F. Majolo , GL da Silva , DB Anton , OA Dellagostin , JAP Henriques , LL Xavier , MI Goettert , S. Laufer

SARS-CoV-2-Mutationen in Brasilien: von der Genomik bis zu mutmaßlichen klinischen Zuständen

Wissenschaft. Rep. , 11 (2021) , p. 11998 , [10.1038/s41598-021-91585-6](https://doi.org/10.1038/s41598-021-91585-6)



[PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Tronvik et al., 2003 E. Tronvik , LJ Stovner , G. Helde , T. Sand , G. Bovim

Prophylaktische Behandlung von Migräne mit einem Angiotensin-II-Rezeptor-Blocker: eine randomisierte kontrollierte Studie

JAMA , 289 (1) (2003) , S. 65–69 , [10.1001/jama.289.1.65](https://doi.org/10.1001/jama.289.1.65)



[PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Troya et al., 2021 J. Troya , P. Bastard , L. Planas-Serra , P. Ryan , M. Ruiz , M. de Carranza , J. Torres , A. Martnez , L. Abel , J.-L. Casanova , A. Pujol

Neutralisierung von Autoantikörpern gegen Typ-I-IFNs bei > 10 % der Patienten mit schwerer COVID-19-Pneumonie, die in Madrid, Spanien, ins Krankenhaus eingeliefert wurden

J. Clin. Immunol. , 41 (2021) , Artikel 914922 , [10.1007/s10875-021-01036-0](https://doi.org/10.1007/s10875-021-01036-0)



[PDF anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Tsuno et al., 2009 T. Tsuno , J. Mejido , T. Zhao , A. Morrow , KC Zoon

IRF9 ist ein Schlüsselfaktor für die Auslösung der antiproliferativen Aktivität von IFN-α

J. Immunother. , 32 (8) (2009) , p. 803 , [10.1097/CJI.0b013e3181ad4092](https://doi.org/10.1097/CJI.0b013e3181ad4092)

[PDF anzeigen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Uranaka et al., 2021 T. Uranaka , A. Kashio , R. Ueha , T. Sato , H. Bing , G. Ying ,

M. Kinoshita , K. Kondo , T. Yamasoba

Expression von ACE2, TMPRSS2 und Furin in Ohrgewebe von Mäusen und die Auswirkungen auf eine SARS-CoV-2-Infektion

Laryngoskop , 131 (6) (2021) , S. E2013 - E2017 , [10.1002/lary.29324](https://doi.org/10.1002/lary.29324)



[PDF anzeigen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Vaers-Heim, 2021 Vaers-Heim

VAERS

nd). Abgerufen am 5. Dezember 2021 von

<https://vaers.hhs.gov/data/dataguide.html>

[Google Scholar](#)

van der Wijst et al., 2021 MGP van der Wijst , SE Vazquez , GC Hartouarios , P.

Bastard , T. Grant , R. Bueno , DS Lee , JR Greenland , Y. Sun , R. Perez , *et al.*

Typ-I-Interferon-Autoantikörper sind mit systemischen Immunveränderungen bei Patienten mit COVID-19 verbunden

Wissenschaft. Übers. Med. , 13 (612) (2021) , Artikel eabh2624 , [10.1126/scitranslmed.abh2624](https://doi.org/10.1126/scitranslmed.abh2624)

[PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Van Lint et al., 2015 S. Van Lint , D. Renmans , K. Broos , H. Dewitte , I.

Lentacker , C. Heirman , K. Breckpot , K. Thielemans

Die Renaissance der mRNA-basierten Krebstherapie

Expert Rev. Vaccines , 14 (2) (2015) , S. 235–251 , [10.1586/14760584.2015.957685](https://doi.org/10.1586/14760584.2015.957685)

[PDF anzeigen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Vanderlugt und Miller, 2002 CL Vanderlugt , SD Miller

Epitopverbreitung bei immunvermittelten Erkrankungen: Implikationen für die Immuntherapie

Nat. Rev. Immunol. , 2 (2002) , S. 85–95 , [10.1038/nri724](https://doi.org/10.1038/nri724)

[PDF anzeigen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Verma et al., 2021 AK Verma , KJ Lavine , C.-Y. Lin

Myokarditis nach Covid-19-mRNA-Impfung

NEJM , 385 (2021) , S. 1332–1334 , [10.1056/NEJMc2109975](https://doi.org/10.1056/NEJMc2109975)

 [PDF anzeigen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Verweij et al., 2015](#) MC Verweij , M. Wellish , T. Whitmer , D. Malouli , M. Revers , S. Jonjić , JG Haas , VR DeFilippis , R. Mahalingam , K. Früh
Varicella-Viren hemmen die Interferon-stimulierte JAK-STAT-Signalgebung durch mehrere Mechanismen
 PLoS-Pathog. , 11 (5) (2015) , Artikel e1004901 ,
[10.1371/journal.ppat.1004901](https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1004901)



[PDF anzeigen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Wanget al., 2013](#) X.-A. Wang , R. Zhang , D. Jiang , W. Deng , S. Zhang , S. Deng , J. Zhong , T. Wang , L.-H. Zhu , L. Yang , *et al.*
Interferon regulatorischer Faktor 9 schützt bei männlichen Mäusen vor hepatischer Insulinresistenz und Steatose
 Hepatology , 58 (2) (2013) , S. 603–616 , [10.1002/hep.26368](https://doi.org/10.1002/hep.26368)



[PDF anzeigen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Wang et al., 2017a](#) H. Wang , H. Hu , K. Zhang
Übersicht über Interferon: Eigenschaften, Signal- und Anti-Krebs-Wirkung
 Bogen. Biotechnologie. Biomed. , 1 (2017) , S. 1 - 16
[Google Scholar](#)

[Wang et al., 2017b](#) C. Wang , C. Zhang , L. Liu , X. A. , B. Chen , Y. Li , J. Du
Makrophagen-abgeleitete mir-155-haltige Exosomen unterdrücken die Fibroblasten-Proliferation und fördern die Fibroblasten-Entzündung während einer Herzverletzung
 Mol. Ther. , 25 (1) (2017) , S. 192 - 204 , [10.1016/j.ymthe.2016.09.001](https://doi.org/10.1016/j.ymthe.2016.09.001)
 Artikel  [PDF Herunterladen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#)
[Google Scholar](#)

[Wang et al., 2020a](#) N. Wang , Y. Zhan , L. Zhu , Z. Hou , F. Liu , P. Song , F. Qiu , X. Wang , X. Zou , D. Wan , *et al.*
Retrospektive multizentrische Kohortenstudie zeigt, dass eine frühzeitige Interferontherapie mit einem günstigen klinischen Ansprechen bei COVID-19-Patienten verbunden ist
 Cell Host Microbe , 28 (3) (2020) , S. 455–464 , [10.1016/j.chom.2020.07.005](https://doi.org/10.1016/j.chom.2020.07.005)
 e2



[PDF anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Wang et al., 2020b](#) Y. Wang , T. Nakajima , FJ Gonzalez , N. Tanaka

PPARs als Stoffwechselregulatoren in der Leber: Lehren aus leberspezifischen PPAR-Null-Mäusen

Int. J.Mol. Wissenschaft. , 21 (2020) , p. 2061 , [10.3390/ijms21062061](https://doi.org/10.3390/ijms21062061)



[PDF anzeigen](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Wang et al., 2021](#) E. Wang , R. Thombre , Y. Shah , R. Latanich , J. Wang

G-Quadruplexe als pathogene Treiber bei neurodegenerativen Erkrankungen

Nukleinsäuren res. , 49 (9)(2021) , S. 4816 - 4830 , [10.1093/nar/gkab164](https://doi.org/10.1093/nar/gkab164)



[PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Weiet al., 2021](#) H. Wei , Q. Chen , L. Lin , C. Sha , T. Li , Y. Liu , X. Yin , Y. Xu , L.

Chen , W. Gao , Y. Li , X. Zhu

Regulierung der Exosomenproduktion und Frachtsortierung

Int. J.Biol. Wissenschaft. , 17 (1)(2021) , S. 163–177 , [10.7150 / ijbs.53671](https://doi.org/10.7150/ijbs.53671)



[PDF finden...](#) [Google Scholar](#)

[Weikert . et al., 2002](#) U. Weikert , U. Kühl , H.-P. Schultheiss , U. Rauch

Die Thrombozytenaktivierung ist bei Patienten mit Kardiomyopathie erhöht: Myokardentzündung und Thrombozytenreaktivität

Platelets , 13 (8)(2002) , S. 487 -- 491 , [10.1080/0953710021000057857](https://doi.org/10.1080/0953710021000057857)

[PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Weiner et al., 2019](#) J. Weiner , D. Lewis , J. Maertzdorf , H. Mollenkopf , C.

Bodinham , K. Pizzoferro , C. Linley , A. Greenwood , A. Mantovani , B.

Bottazzi , P. Denoel , G. Leroux-Roels , K. Kester , I. Jónsdóttir , RA van den Berg , S. Kaufmann , G. Del Giudice

Charakterisierung potenzieller Biomarker der Reaktogenität zugelassener antiviraler Impfstoffe: randomisierte kontrollierte klinische Studien, die vom BIOVACSAFE-Konsortium durchgeführt wurden

Wissenschaft. Rep. , 9 (1)(2019) , p. 20362 , [10.1038/s41598-019-56994-8](https://doi.org/10.1038/s41598-019-56994-8)



[PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Weldon et al., 2018](#) C. Weldon , JG Dacanay , V. Gokhale , PVL Boddupally , I.

Behm-Ansmant , GA Burley , C. Branlant , LM Hurley , C. Dominguez , IC Eperon

Spezifische G-Quadruplex-Liganden modulieren das alternative Spleißen von Bcl-X

Nukleinsäuren res. , 46 (2) (2018) , S. 886–896 , 10.1093 /nar/ gkx1122



[PDF anzeigen](#)

[Datensatz in Scopus anzeigen](#)

[Google Scholar](#)

[Williamset al., 2020](#) GD Williams , NS Gokhale , DL Snider , SM Horner

Die mRNA-Cap 2'-O-Methyltransferase CMTR1 reguliert die Expression bestimmter Interferon-stimulierter Gene

mSphere , 5 (3) (2020) , [10.1128/mSphere.00202-20](#)

e00202-e00220



[PDF anzeigen](#)

[Google Scholar](#)

[Wisnewskiet al., 2021](#) AV Wisnewski , J. Campillo Luna , CA Redlich

Menschliche IgG- und IgA-Antworten auf COVID-19-mRNA-Impfstoffe

PLoS One , 16 (6) (2021) , Artikel e0249499 , [10.1371/journal.pone.0249499](#)



[PDF finden...](#)

[Datensatz in Scopus anzeigen](#)

[Google Scholar](#)

[Wrapp et al., 2020](#) D. Wrapp , N. Wang , KS Corbett , JA Goldsmith , CL Hsieh ,

O. Abiona , BS Graham , JS McLellan

Kryo-EM-Struktur des 2019-nCoV-Spikes in der Präfusionskonformation

Science , 367 (6483) (2020) , S. 1260–1263 , [10.1126 / science.abb2507](#)

[] [PDF finden...](#)

[Google Scholar](#)

[Xi, 2021](#) X. Xia

Detaillierte Analyse und kritische Bewertung der mRNA-Impfstoffe von Pfizer/BioNTech und Moderna

Impfstoffe , 9 (2021) , p. 734 , [10.3390/Impfstoffe9070734](#)



[PDF finden...](#)

[Datensatz in Scopus anzeigen](#)

[Google Scholar](#)

[Yahiet al., 2021](#) N. Yahi , H. Chahinian , J. Fantini

Infektionsfördernde Anti-SARS-CoV-2-Antikörper erkennen sowohl den ursprünglichen Wuhan/D614G-Stamm als auch Delta-Varianten. Ein potenzielles Risiko für Massenimpfungen?

J. Infizieren. , 83 (5) (2021) , S. 607 - 635 , [10.1016/j.jinf.2021.08.010](#)

Artikel [] [PDF Herunterladen](#)

[Datensatz in Scopus anzeigen](#)

[Google Scholar](#)

[Yanget al., 2020](#) C. Yang , Y. Hu , B. Zhou , Y. Bao , Z. Li , C. Gong , H. Yang , S. Wang , Y. Xiao

Die Rolle der m6A-Modifikation in Physiologie und Krankheit

Zelltod Dis. , 11 (2020) , p. 960 , [10.1038/s41419-020-03143-z](https://doi.org/10.1038/s41419-020-03143-z)

 [PDF finden...](#) [Google Scholar](#)

Yoshikawa et al., 2019 FS Yoshikawa , FM Teixeira , MN Sato , LM Oliveira

Transport von microRNAs durch extrazelluläre Vesikel bei Virusinfektionen: Könnte die Neuigkeit verpackt werden?

Zellen , 8 (6) (2019) , p. 611 , [10.3390/cells8060611](https://doi.org/10.3390/cells8060611)

 [PDF finden...](#) [Google Scholar](#)

Yuet al., 2016 X. Yu , M. Odenthal , JWU Fries

Exosomen als miRNA-Träger: Entstehung – Funktion – Zukunft

Int. J.Mol. Wissenschaft. , 17 (2016) , p. 2028 , [10.3390/ijms17122028](https://doi.org/10.3390/ijms17122028)

 [PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Zaccara et al., 2019 S. Zaccara , RJ Ries , SR Jaffrey

Lesen, Schreiben und Löschen von mRNA-Methylierung

Nat. Rev. , 20 (2019) , S. 608–624 , [10.1038/s41580-019-0168-5](https://doi.org/10.1038/s41580-019-0168-5)

 [PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Zakaria et al., 2021 Z. Zakaria , NA Sapiai , AR Izaini Ghani

Zerebrale venöse Sinusthrombose 2 Wochen nach der ersten Dosis des mRNA-SARS-CoV-2-Impfstoffs

Acta Neurochir. , 163 (8) (2021) , S. 2359 - 2362 , [10.1007/s00701-021-04860-w](https://doi.org/10.1007/s00701-021-04860-w)

 [PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Zhang und Powell, 2005 J. Zhang , SN Powell

Die Rolle des BRCA1-Tumorsuppressors bei der Reparatur von DNA-Doppelstrangbrüchen

Mol. Krebsres. , 3 (10) (2005) , S. 531–539 , [10.1158/1541-7786.MCR-05-0192](https://doi.org/10.1158/1541-7786.MCR-05-0192)

 [PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

Zhanget al., 2016 W. Zhang , J. Luo , F. Yang , Y. Wang , Y. Yin , A. Strom , J.A.

Gustafsson , X. Guan

BRCA1 hemmt die AR-vermittelte Proliferation von Brustkrebszellen durch die Aktivierung von SIRT1

Wissenschaft. Rep. , 6 (2016) , p. 22034 , [10.1038/srep22034](https://doi.org/10.1038/srep22034)

[PDF anzeigen](#)[Datensatz in Scopus anzeigen](#)[Google Scholar](#)

[Zhang et al., 2020](#) R. Zhang , K. Xiao , Y. Gu , H. Liu , X. Sun

Identifizierung des gesamten Genoms potenzieller G-Quadruplexe und

Analyse der G-Quadruplex-Bindungsdomäne für SARS-CoV-2

Vorderseite. Genet. , 11 (2020) , Artikel 587829 , [10.3389/fgene.2020.587829](https://doi.org/10.3389/fgene.2020.587829)

[PDF anzeigen](#)[Datensatz in Scopus anzeigen](#)[Google Scholar](#)

[Zhao et al., 2017](#) Y. Zhao , W. Chen , W. Zhu , H. Meng , J. Chen , J. Zhang

Die Überexpression des Interferon-Regulationsfaktors 7 (IRF7) reduziert

die Knochenmetastasierung von Prostatakrebszellen bei Mäusen

Onk. Auflösung , 25 (4) (2017) , p. 511 ,

[10.3727/096504016X14756226781802](https://doi.org/10.3727/096504016X14756226781802)

[PDF finden...](#) [Google Scholar](#)

[Zhou et al., 2013](#) M. Zhou , J. Guo , J. Cha , M. Chae , S. Chen , JM Barral , MS

Sachs , Y. Liu

Eine nicht optimale Codon-Nutzung beeinflusst die Expression, Struktur und Funktion des Uhrenproteins FRQ

Nature , 495 (7439) (2013) , S. 111–115 , [10.1038/nature11833](https://doi.org/10.1038/nature11833)

[PDF finden...](#) [Google Scholar](#)

[Zin Tun et al., 2021](#) GS Zin Tun , D. Gleeson , A. Al-Joudeh , A. Dube

Immunvermittelte Hepatitis mit dem Moderna-Impfstoff, kein Zufall mehr, sondern bestätigt

J. Hepatol. (2021) , [10.1016/j.jhep.2021.09.031](https://doi.org/10.1016/j.jhep.2021.09.031)

5. Okt. [Epub vor dem Druck]

[PDF finden...](#) [Google Scholar](#)

[Zitvogel et al., 2015](#) L. Zitvogel , L. Galluzzi , O. Kepp , MJ Smyth , G. Kroemer

Typ-I-Interferone bei der Krebsimmunität

Nat. Rev. Immunol. , 15 (7) (2015) , S. 405 - 414 , [10.1038/nri3845](https://doi.org/10.1038/nri3845)

[PDF finden...](#) [Datensatz in Scopus anzeigen](#) [Google Scholar](#)

[Zoll et al., 2009](#) J. Zoll , S. Erkens Hulshof , K. Lanke , F. Verduyn Lunel , WJ

Melchers , E. Schoondermark-van de Ven , M. Roivainen , JM Galama , FJ

van Kuppeveld

Das Saffold-Virus, ein menschliches Theiler-ähnliches Kardiovirus, ist allgegenwärtig und verursacht schon früh im Leben eine Infektion

PLoS Pathog., 5(5)(2009), Artikel e1000416,

10.1371/journal.ppat.1000416



PDF finden...

Datensatz in Scopus anzeigen

Google Scholar

Zitiert von (0)

© 2022 Die Autoren. Herausgegeben von Elsevier Ltd.



Copyright © 2022 Elsevier BV oder seine Lizenzgeber oder Mitwirkenden.
ScienceDirect® ist eine eingetragene Marke von Elsevier BV

 RELX™