



Schriftliche Anfrage

der Abgeordneten **Franz Bergmüller, Andreas Winhart, Markus Bayerbach, Ralf Stadler, Ulrich Singer, Josef Seidl, Jan Schiffers, Gerd Mannes, Stefan Löw** AfD
vom 29.01.2021

Das COVID-19-Virus – eine im Labor erstellte Fusion aus einem Fledermausvirus aus der SARS-Familie mit einem Schuppentiervirus aus der SARS-Familie, umfassend Genomsequenzen des HI-Virus (II)?

Gemessen an der Veröffentlichung von Rossana Segreto und Yuri Deigin vom 17.11.2020 <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1002/bies.202000240> dürfte die Antwort der Staatsregierung vom 12.12.2020 auf eine Anfrage vom 14.09.2020 – Drs. 18/10909 – nicht den Maßstäben entsprechen, die an eine Antwort anzulegen sind. Dies ergibt sich schon daraus, dass die Staatsregierung im Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit (LGL) Professoren und promovierte Wissenschaftler beschäftigt, denen die Kenntnis eines kompletten Fachgebiets zuzurechnen ist, und zwar völlig unabhängig von der Frage ihres tatsächlichen Kenntnisstands. Im Lichte der Arbeit von Rossana Segreto und Yuri Deigin, 17.11.2020, erscheint die einen Monat später in 3.1 der Drs. 18/10909 gegebene Antwort „Zu der Angabe, dass das SARS-CoV-2-Virus *„nicht komplett auf eigenevolutionärem Weg in der Natur entstanden sein kann“*, liegen keine wissenschaftlichen Daten vor“ unzutreffend. Außerdem dürfte dieser Hinweis irreführend sein, soweit damit intendiert ist, im Umkehrschluss das Bild aufzubauen, dass es wissenschaftlich belegt sei, dass COVID-19 auf natürlichem Weg entstanden sei. Wenn die Staatsregierung außerdem argumentiert, „Die Wissenschaft geht derzeit weit überwiegend von einer Übertragung von SARS-CoV-2 vom Tier auf den Menschen aus, wobei die genaue Quelle noch ungeklärt ist“, scheint sie beim Leser das irrierte Bild erzeugen zu wollen, dass Wissenschaft eine demokratische Einrichtung sei, ganz so, als ob man darüber abstimmen könnte, ob die Erde eine Scheibe ist oder eine Kugel. Diese Sichtweisen teilen die Fragesteller nicht und sie erbitten im Rahmen der Beantwortung dieser Anfrage auch eine Überprüfung der in Drs. 18/10909 gegebenen Antworten.

Seit der Veröffentlichung von Rossana Segreto und Yuri Deigin vom 17.11.2020 ist wissenschaftlich belegt, dass eine künstliche Erschaffung des COVID-19-Virus gerade keine „Verschwörungstheorie“ ist, sondern eine Option, der mit wissenschaftlicher Ernsthaftigkeit nachzugehen ist: *„Genomanalysen zeigen, dass SARS-CoV-2 wahrscheinlich chimär ist, wobei der größte Teil seiner Sequenz dem Fledermaus-CoV-RaTG13 am nächsten kommt, während seine Rezeptorbindungsdomäne (RBD) fast identisch mit der eines Pangolin-CoV ist. Chimäre Viren können durch natürliche Rekombination oder menschliches Eingreifen entstehen. Die Furin-Spaltstelle im Spike-Protein von SARS-CoV-2 verleiht dem Virus die Fähigkeit, Spezies und Gewebebarriere zu überwinden, war aber bei anderen SARS-ähnlichen CoVs bisher nicht sichtbar. Könnten genetische Manipulationen durchgeführt worden sein, um Pangoline als mögliche Zwischenwirte für von Fledermäusen abgeleitete CoVs zu bewerten, die ursprünglich nicht an menschliche Rezeptoren binden konnten? Sowohl die Spaltstelle als auch die spezifische RBD könnten aus einer ortsgerichteten Mutagenese resultieren, einem Verfahren, das keine Spuren hinterlässt ... Die überraschendste Beobachtung war die, dass RaTG13 im Gegensatz zu SARS-CoV-2 nicht in der Lage war, ACE2 in R. macrotis-Fledermäusen zu binden, einem nahen Verwandten von RaTG13s angeblichem Wirt R. affinis [59] (dessen ACE2-Rezeptor noch nicht getestet wurde). Gleichzeitig wurde beobachtet, dass RaTG13 hACE2 bindet, aber nicht so gut wie ACE2 von Ratten und Mäusen, an die SARS-CoV-2 überhaupt nicht bindet. Ist es also möglich,*

Hinweis des Landtagsamts: Zitate werden weder inhaltlich noch formal überprüft. Die korrekte Zitierweise liegt in der Verantwortung der Fragestellerin bzw. des Fragestellers sowie der Staatsregierung.

dass RaTG13 genau wie SARS-MA15 ein mausangepasster SARS-Stamm ist, tatsächlich eine mausangepasste Version eines aus der Mojiang-Höhle extrahierten CoV ist, und kein Stamm, der aus einem Fledermaus-Kotabstrich gewonnen wurde? ... Auf der Grundlage unserer Analyse ist ein künstlicher Ursprung von SARS-CoV-2 keine substanzlose Verschwörungstheorie, die verurteilt werden muss [66], und die Forscher haben die Verantwortung, alle möglichen Ursachen für die Entstehung von SARS-CoV-2 zu berücksichtigen. Die Insertion von an den Menschen angepasstem Pangolin-CoV-RBD, das durch serielle Passage von Zellen/Tieren und Furin-Spaltungsstelle erhalten wurde, könnte auch aus ortsgebundenen Mutagenese-Experimenten im Zusammenhang mit evolutionären Studien oder Entwicklung von Pan-CoV-Impfstoffen oder Medikamenten entstehen.“ (<https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1002/bies.202000240>)

Diese Arbeit bestätigt darüber die aus Insider-Wissen getätigten Aussagen z. B. des ehemaligen Präsidenten der Europäischen Gesellschaft für Virologie Prof. Giorgio Palù bzw. dem Präsidenten der „Weltakademie für Biotechnologie (WABT)“ Prof. Joseph Tritto, wie sie in Drs. 18/10909 vorgelegt und abgefragt wurden.

Auf die Inhalte des Vorspruchs aus Drs. 18/10909 wird ausdrücklich Bezug genommen. Darüber hinaus wird um eine Antwort innerhalb des vorschriftsgemäßen einmonatigen Antwortzeitraums gebeten.

Wir fragen die Staatsregierung:

1. COVID-19-Sequenzidentität von 96,2 Prozent mit RaTG13 (MN996532) und BtCoV/4991 (KP876546) 5
 - 1.1 Welche anderen Tatsachen liegen der Staatsregierung vor als die, dass COVID-19 mit 96,2 Prozent die bisher höchste bekannte Sequenzidentität mit RaTG13 (MN996532) aufweist (bitte begründen)? 5
 - 1.2 Welche anderen Tatsachen liegen der Staatsregierung vor als die, dass RaTG13 (MN996532) durch Mitarbeiter des Wuhan Institute of Virology (WIV) gesammelt und sequenziert wurde (bitte begründen)? 5
 - 1.3 Welche anderen Tatsachen liegen der Staatsregierung vor, die der Feststellung von Segreto/Deigin widersprechen „We discovered that the RdRp of RaTG13 has 100 % nucleotide identity with the sequence BtCoV/4991 (KP876546), which was identified by Ge et al. [5] in a Rhinolophus affinis bat in the Yunnan province in 2013, same location and year as RaTG13. BtCoV/4991 was collected in a mine colonized by bats near Tongguanzen, Mojiang, Yunnan.“ (bitte begründen)? 5

2. Verschweigen der Sequenzierung von RaTG13 (MN996532) alias BtCoV/4991 (KP876546) in 2018 im WIV 5
 - 2.1 Welche anderen Tatsachen liegen der Staatsregierung vor, die der Feststellung von Segreto/Deigin widersprechen „In late July 2020, Zhengli Shi, the leading CoV researcher from WIV, in an email interview [11] asserted the renaming of the RaTG13 sample and unexpectedly declared that the full sequencing of RaTG13 has been carried out as far back as in 2018 and not after the SARS-CoV-2 outbreak, as stated in Zhou et al.“ (bitte begründen)? 5
 - 2.2 Welche anderen Tatsachen liegen der Staatsregierung vor, die der Feststellung von Segreto/Deigin widersprechen „The reversal in WIV’s stance on when exactly RaTG13 was fully sequenced could have been due to the discovery by independent researchers into the origins of SARS-CoV-2 that the filenames of the raw sequencing reads deposited by WIV on May 19, 2020 seem to indicate that sequencing for RaTG13 was done in 2017 and 2018.“ (bitte begründen)? 5
 - 2.3 Entspricht es nach Ansicht der Staatsregierung den in der Wissenschaft üblichen Maßstäben, wenn die in 2.1 bzw. 2.2 abgefragten Fehler begangen wurden, hierüber ein „Erratum“ zu unterlassen (bitte begründen)? 5

3. CoV-Sequenz MP789 (MT084071) mit Nucleotididentität von 91,89 Prozent mit RaTG13 (MN996532) und BtCoV/4991 (KP876546) 5
 - 3.1 Welche anderen Tatsachen liegen der Staatsregierung vor, die der Feststellung von Segreto/Deigin widersprechen „The envelope protein of MP789 shows surprisingly 100 % aminoacidic identity with the corresponding protein in RaTG13, in bat-SL-CoVZXC21 (MG772934.1), in bat-SL-CoVZC45 (MG772933.1) and in some early SARS-CoV-2 isolates (e.g. YP_009724392).“ (bitte begründen)? 5

- 3.2 Welche anderen Tatsachen liegen der Staatsregierung vor, die der Feststellung von Segreto/Deigin widersprechen „The envelope protein of CoVs is involved in critical aspects of the viral lifecycle, such as viral entry, replication and pathogenesis.“ (bitte begründen)? 5
4. Hürden einer natürlichen Genese von COVID-19 mit Fledermaus- und Pangolin-Elementen 5
- 4.1 Welche anderen Tatsachen liegen der Staatsregierung vor, die dem Zitat von Segreto/Deigin widersprechen „Before the SARS-CoV-2 outbreak, pangolins were the only mammals other than bats documented to carry and be infected by SARS-CoV-2 related CoV“, wobei festhaltenswert ist, dass damit die gesamte Familie der Pangoline gemeint ist, umfassend also sowohl den chinesischen Pangolin als auch den aus Malaysia (bitte begründen)? 5
- 4.2 Wie wahrscheinlich erachtet die Staatsregierung – die ja offenkundig der Theorie eines natürlichen Ursprungs von COVID-19 anhängt – den Umstand einer natürlichen Bildung von COVID-19 angesichts der Tatsache, dass hierzu dann eine natürliche Interaktion zwischen einer Fledermaus aus einer Höhle in Yunnan und einem in China praktisch ausgestorbenen malaysischen Pangolin stattgefunden haben muss und dass dies dann auch noch in der von der Fledermaushöhle in Yunnan 1500 km entfernten Provinz Guangdong zwingend stattgefunden haben muss und dass dann diese SARS-infizierte Fledermaus nicht nur bei diesem Pangolin im 1500 km entfernten Guangdong anwesend gewesen sein muss, sondern der Pangolin auch noch mit SARS infiziert gewesen sein muss und dass dann diese beiden SARS-Viren auch noch dieselbe Zelle auf natürlichem Weg infiziert haben müssen und das auch noch gleichzeitig (bitte begründen)? 6
- 4.3 Wie erklärt sich die Staatsregierung – die ja offenkundig der Theorie eines natürlichen Ursprungs von COVID-19 anhängt – die empirisch bestätigte Erkenntnis „Moreover, receptor binding studies of reconstituted RaTG13 showed that it does not bind to pangolin ACE2“, was praktisch nur so verstanden werden kann, dass RaTG13 als COVID-19-Stamm mit dem ACE2-Rezeptor des Pangolin auf natürlichem Weg gar keine Bindung eingehen kann? 6
5. Historie der Schaffung von COVID-Chimären 6
- 5.1 Ist zutreffend, dass COVID-Chimären bereits 1999 durch die Forscher an der Universität Utrecht, 2007 durch die Forscher um Shi, 2008 durch die Forscher um Baric, 2015 durch die Forscher um Shi und Baric, 2017 durch die Forscher um Shi geschaffen wurden, wobei 2017 alleine acht Chimären geschaffen wurden (bitte jeweils beschreiben)? 6
- 5.2 Welche anderen Tatsachen liegen der Staatsregierung vor, die der Feststellung der chinesischen Forscherin Shi aus den Forschungen von 2007 widersprechen „It was concluded that a relatively short region (aa 310 to 518) of the spike protein ,was necessary and sufficient to convert Rp3-S into a huACE2-binding molecule,‘ that is to provide the bat CoV spike protein with a novel ability of binding to a human ACE2 receptor.“ (bitte begründen)? ... 6
- 5.3 Ist zutreffend, dass von den in 5.1 und/oder 5.2 abgefragten Experimenten aus 2017 zwei der acht Viren lebten und an menschlichen ACE2-Rezeptoren zu binden in der Lage waren (bitte begründen)? 6
6. Alleinstellungsmerkmale von COVID-19 6
- 6.1 Wie erklärt sich die Staatsregierung zu den in 5 abgefragten Hürden darüber hinaus auch noch das bei COVID-19 festgestellte Vorkommen, bei beta-CoVs bisher aber noch nie gesehene Alleinstellungsmerkmal „The most striking difference is the acquisition in the spike protein of SARS-CoV-2 of a cleavage site activated by a host-cell enzyme furin, previously not identified in other beta-CoVs of lineage b[36] and similar to that of Middle East respiratory syndrome (MERS) coronavirus.“ (bitte begründen)? 6

6.2	Wie erklärt sich die Staatsregierung zu den in 6.1 abgefragten Hürden das bei beta-CoVs darüber hinaus festgestellte Alleinstellungsmerkmal „The polybasic furin site in SARS-CoV-2 was created by a 12-nucleotide insert TCCTCGGCGGGC coding for a PRRA amino acid sequence at the S1/S2 junction, interestingly, the two joint arginines are coded by two CGGCGG codons, which are rare for these viruses: only 5 % of arginines are coded by CGG in SARS-CoV-2 or RaTG13, and CGGCGG in the new insert is the only doubled instance of this codon in SARS-CoV-2“ (bitte begründen)?	6
6.3	Welche der Staatsregierung bekannten Tatsachen sprechen gegen die von Segreto/Deigin auf Basis von 5 bis 6.2 vorgenommene Wertung „Therefore, SARS-CoV-2 remains unique among its beta CoV relatives not only due to a polybasic furin site at the S1/S2 junction, but also due to the four amino acid insert PRRA that had created it. The insertion causes a split in the original codon for serine (TCA) in MP789 or RaTG13 to give part of a new codon for serine (TCT) and part of the amino acid alanine (GCA) in SARS-CoV-2 (Figure 3).“ (bitte begründen) ?	6
7.1	Wertungen	7
7.1	Welche der Staatsregierung bekannten Tatsachen sprechen gegen die von Segreto/Deigin auf Basis von 1 bis 6.3 vorgenommene Argumentation „Due to the broad spectrum of research conducted over almost 20 years on bat SARS-CoVs justified by their potential to spill over from animal to human,[48] a possible synthetic origin by laboratory engineering of SARS-CoV-2 cannot be excluded.“ mit der Folge dass eine künstliche Erschaffung von COVID-19 mindestens möglich, wenn nicht sogar wahrscheinlich ist (bitte begründen)?	7
7.2	Welche der Staatsregierung bekannten Tatsachen sprechen gegen die von Segreto/Deigin auf Basis von 1 bis 6.3 vorgenommene Argumentation „The serendipitous location of the Faul site could allow using restriction fragment length polymorphism (RFLP) techniques [41] for cloning [42] or screening for mutations, [43] as the new furin site is prone to deletions in vitro [39, 44]“ mit der Folge, dass eine künstliche Erschaffung von COVID-19 mindestens möglich, wenn nicht sogar wahrscheinlich ist (bitte begründen)?	7
7.3	Wie erklärt sich die Staatsregierung – die ja offenkundig der Theorie eines natürlichen Ursprungs von COVID-19 anhängt – dann die empirisch bestätigte Erkenntnis „Moreover, receptor binding studies of reconstituted RaTG13 showed that it does not bind to pangolin ACE2“, was praktisch nur so verstanden werden kann, dass RaTG13 als COVID-19-Stamm mit dem ACE2-Rezeptor des Pangolin auf natürlichem Weg gar keine Bindung eingehen kann (bitte begründen)?	7
8.	Schlussfolgerungen	7
8.1	Ist die Staatsregierung im Besitz eines Downloads der in China gelöschten WIV-Datenbank, wie sie von Segreto/Deigin mit „Subsequently, the database page was taken down in its entirety but its snapshot is still available on Web Archive.xvii It is possible that other international CoV labs might have downloaded the SQL archive of the WIV database before it was taken down, in which case such groups should make those data publicly available.“ beschrieben wird, oder kennt jemanden, der im Besitz ist oder hilft bei der Suche durch eine Abfrage der bayerischen Forschungsstätten auf der Suche nach der in 8.1 abgefragten Datenbank (bitte begründen)?	7
8.2	Hat die Staatsregierung zum Forscherteam um Segreto/Deigin bereits Kontakt aufgenommen bzw. plant, einen derartigen Kontakt aufzunehmen (bitte begründen)?	8
8.3	Wie ändern sich die in Drs. 18/10909 gegebenen Antworten im Lichte der Arbeit von Segreto?	8

Antwort

des Staatsministeriums für Gesundheit und Pflege
vom 05.05.2021

1. COVID-19-Sequenzidentität von 96,2 Prozent mit RaTG13 (MN996532) und BtCoV/4991 (KP876546)
 - 1.1 Welche anderen Tatsachen liegen der Staatsregierung vor als die, dass COVID-19 mit 96,2 Prozent die bisher höchste bekannte Sequenzidentität mit RaTG13 (MN996532) aufweist (bitte begründen)?
 - 1.2 Welche anderen Tatsachen liegen der Staatsregierung vor als die, dass RaTG13 (MN996532) durch Mitarbeiter des Wuhan Institute of Virology (WIV) gesammelt und sequenziert wurde (bitte begründen)?
 - 1.3 Welche anderen Tatsachen liegen der Staatsregierung vor, die der Feststellung von Segreto/Deigin widersprechen „We discovered that the RdRp of RaTG13 has 100 % nucleotide identity with the sequence BtCoV/4991 (KP876546), which was identified by Ge et al. [5] in a Rhinolophus affinis bat in the Yunnan province in 2013, same location and year as RaTG13. BtCoV/4991 was collected in a mine colonized by bats near Tongguanzen, Mojiang, Yunnan.“ (bitte begründen)?
2. Verschweigen der Sequenzierung von RaTG13 (MN996532) alias BtCoV/4991 (KP876546) in 2018 im WIV
 - 2.1 Welche anderen Tatsachen liegen der Staatsregierung vor, die der Feststellung von Segreto/Deigin widersprechen „In late July 2020, Zhengli Shi, the leading CoV researcher from WIV, in an email interview [11] asserted the renaming of the RaTG13 sample and unexpectedly declared that the full sequencing of RaTG13 has been carried out as far back as in 2018 and not after the SARS-CoV-2 outbreak, as stated in Zhou et al.“ (bitte begründen)?
 - 2.2 Welche anderen Tatsachen liegen der Staatsregierung vor, die der Feststellung von Segreto/Deigin widersprechen „The reversal in WIV’s stance on when exactly RaTG13 was fully sequenced could have been due to the discovery by independent researchers into the origins of SARS-CoV-2 that the filenames of the raw sequencing reads deposited by WIV on May 19, 2020 seem to indicate that sequencing for RaTG13 was done in 2017 and 2018.“ (bitte begründen)?
 - 2.3 Entspricht es nach Ansicht der Staatsregierung den in der Wissenschaft üblichen Maßstäben, wenn die in 2.1 bzw. 2.2 abgefragten Fehler begangen wurden, hierüber ein „Erratum“ zu unterlassen (bitte begründen)?
3. CoV-Sequenz MP789 (MT084071) mit Nucleotididentität von 91,89 Prozent mit RaTG13 (MN996532) und BtCoV/4991 (KP876546)
 - 3.1 Welche anderen Tatsachen liegen der Staatsregierung vor, die der Feststellung von Segreto/Deigin widersprechen „The envelope protein of MP789 shows surprisingly 100 % aminoacidic identity with the corresponding protein in RaTG13, in bat-SL-CoVZXC21 (MG772934.1), in bat-SL-CoVZC45 (MG772933.1) and in some early SARS-CoV-2 isolates (e.g. YP_009724392).“ (bitte begründen)?
 - 3.2 Welche anderen Tatsachen liegen der Staatsregierung vor, die der Feststellung von Segreto/Deigin widersprechen „The envelope protein of CoVs is involved in critical aspects of the viral lifecycle, such as viral entry, replication and pathogenesis.“ (bitte begründen)?
4. Hürden einer natürlichen Genese von COVID-19 mit Fledermaus- und Pangolin-Elementen
 - 4.1 Welche anderen Tatsachen liegen der Staatsregierung vor, die dem Zitat von Segreto/Deigin widersprechen „Before the SARS-CoV-2 outbreak, pangolins were the only mammals other than bats documented to carry and be infected by SARS-CoV-2 related CoV“, wobei festhaltenswert ist, dass damit die gesamte Familie der Pangoline gemeint ist, umfassend also sowohl den chinesischen Pangolin als auch den aus Malaysia (bitte begründen)?

- 4.2 Wie wahrscheinlich erachtet die Staatsregierung – die ja offenkundig der Theorie eines natürlichen Ursprungs von COVID-19 anhängt – den Umstand einer natürlichen Bildung von COVID-19 angesichts der Tatsache, dass hierzu dann eine natürliche Interaktion zwischen einer Fledermaus aus einer Höhle in Yunnan und einem in China praktisch ausgestorbenen malaysischen Pangolin stattgefunden haben muss und dass dies dann auch noch in der von der Fledermaushöhle in Yunnan 1500 km entfernten Provinz Guangdong zwingend stattgefunden haben muss und dass dann diese SARS-infizierte Fledermaus nicht nur bei diesem Pangolin im 1500 km entfernten Guangdong anwesend gewesen sein muss, sondern der Pangolin auch noch mit SARS infiziert gewesen sein muss und dass dann diese beiden SARS-Viren auch noch dieselbe Zelle auf natürlichem Weg infiziert haben müssen und das auch noch gleichzeitig (bitte begründen)?
- 4.3 Wie erklärt sich die Staatsregierung – die ja offenkundig der Theorie eines natürlichen Ursprungs von COVID-19 anhängt – die empirisch bestätigte Erkenntnis „Moreover, receptor binding studies of reconstituted RaTG13 showed that it does not bind to pangolin ACE2“, was praktisch nur so verstanden werden kann, dass RaTG13 als COVID-19-Stamm mit dem ACE2-Rezeptor des Pangolin auf natürlichem Weg gar keine Bindung eingehen kann?
5. Historie der Schaffung von COVID-Chimären
- 5.1 Ist zutreffend, dass COVID-Chimären bereits 1999 durch die Forscher an der Universität Utrecht, 2007 durch die Forscher um Shi, 2008 durch die Forscher um Baric, 2015 durch die Forscher um Shi und Baric, 2017 durch die Forscher um Shi geschaffen wurden, wobei 2017 alleine acht Chimären geschaffen wurden (bitte jeweils beschreiben)?
- 5.2 Welche anderen Tatsachen liegen der Staatsregierung vor, die der Feststellung der chinesischen Forscherin Shi aus den Forschungen von 2007 widersprechen „It was concluded that a relatively short region (aa 310 to 518) of the spike protein ‚was necessary and sufficient to convert Rp3-S into a huACE2-binding molecule,‘ that is to provide the bat CoV spike protein with a novel ability of binding to a human ACE2 receptor.“ (bitte begründen)?
- 5.3 Ist zutreffend, dass von den in 5.1 und/oder 5.2 abgefragten Experimenten aus 2017 zwei der acht Viren lebten und an menschlichen ACE2-Rezeptoren zu binden in der Lage waren (bitte begründen)?
6. Alleinstellungsmerkmale von COVID-19
- 6.1 Wie erklärt sich die Staatsregierung zu den in 5 abgefragten Hürden darüber hinaus auch noch das bei COVID-19 festgestellte Vorkommen, bei beta-CoVs bisher aber noch nie gesehene Alleinstellungsmerkmal „The most striking difference is the acquisition in the spike protein of SARS-CoV-2 of a cleavage site activated by a host-cell enzyme furin, previously not identified in other beta-CoVs of lineage b[36] and similar to that of Middle East respiratory syndrome (MERS) coronavirus.“ (bitte begründen)?
- 6.2 Wie erklärt sich die Staatsregierung zu den in 6.1 abgefragten Hürden das bei beta-CoVs darüber hinaus festgestellte Alleinstellungsmerkmal „The polybasic furin site in SARS-CoV-2 was created by a 12-nucleotide insert TCCTCGGCGGGC coding for a PRRA amino acid sequence at the S1/S2 junction, interestingly, the two joint arginines are coded by two CGGCGG codons, which are rare for these viruses: only 5 % of arginines are coded by CGG in SARS-CoV-2 or RaTG13, and CGGCGG in the new insert is the only doubled instance of this codon in SARS-CoV-2“ (bitte begründen)?
- 6.3 Welche der Staatsregierung bekannten Tatsachen sprechen gegen die von Segreto/Deigin auf Basis von 5 bis 6.2 vorgenommene Wertung „Therefore, SARS-CoV-2 remains unique among its beta CoV relatives not only due to a polybasic furin site at the S1/S2 junction, but also due to the four amino acid insert PRRA that had created it. The insertion causes a split in the original codon for serine (TCA) in MP789 or RaTG13 to give part of a new codon for serine (TCT) and part of the amino acid alanine (GCA) in SARS-CoV-2 (Figure 3).“ (bitte begründen) ?

- 7.1 Wertungen**
- 7.1 Welche der Staatsregierung bekannten Tatsachen sprechen gegen die von Segreto/Deigin auf Basis von 1 bis 6.3 vorgenommene Argumentation „Due to the broad spectrum of research conducted over almost 20 years on bat SARS-CoVs justified by their potential to spill over from animal to human,[48] a possible synthetic origin by laboratory engineering of SARS-CoV-2 cannot be excluded.“ mit der Folge dass eine künstliche Erschaffung von COVID-19 mindestens möglich, wenn nicht sogar wahrscheinlich ist (bitte begründen)?**
- 7.2 Welche der Staatsregierung bekannten Tatsachen sprechen gegen die von Segreto/Deigin auf Basis von 1 bis 6.3 vorgenommene Argumentation „The serendipitous location of the Faul site could allow using restriction fragment length polymorphism (RFLP) techniques [41] for cloning [42] or screening for mutations, [43] as the new furin site is prone to deletions in vitro [39, 44]“ mit der Folge, dass eine künstliche Erschaffung von COVID-19 mindestens möglich, wenn nicht sogar wahrscheinlich ist (bitte begründen)?**
- 7.3 Wie erklärt sich die Staatsregierung – die ja offenkundig der Theorie eines natürlichen Ursprungs von COVID-19 anhängt – dann die empirisch bestätigte Erkenntnis „Moreover, receptor binding studies of reconstituted RaTG13 showed that it does not bind to pangolin ACE2“, was praktisch nur so verstanden werden kann, dass RaTG13 als COVID-19-Stamm mit dem ACE2-Rezeptor des Pangolin auf natürlichem Weg gar keine Bindung eingehen kann (bitte begründen)?**
- 8. Schlussfolgerungen**
- 8.1 Ist die Staatsregierung im Besitz eines Downloads der in China gelöschten WIV-Datenbank, wie sie von Segreto/Deigin mit „Subsequently, the database page was taken down in its entirety but its snapshot is still available on Web Archive.xvii It is possible that other international CoV labs might have downloaded the SQL archive of the WIV database before it was taken down, in which case such groups should make those data publicly available.“ beschrieben wird, oder kennt jemanden, der im Besitz ist oder hilft bei der Suche durch eine Abfrage der bayerischen Forschungsstätten auf der Suche nach der in 8.1 abgefragten Datenbank (bitte begründen)?**

Coronaviren sind unter Säugetieren und Vögeln weit verbreitet. Sie werden den Coronaviridae zugeordnet (Unterordnung: Coronovirineae, Ordnung: Nidovirales, Bereich: Riboviria), in der die große Unterfamilie Orthocoronavirinae vier Gattungen (Genera) umfasst: Alpha-, Beta-, Gamma-, und Deltacoronavirus (Coronaviridae Study Group of the International Committee on Taxonomy of Viruses, 2020). Aufgrund ihrer Fähigkeit zur homologen Rekombination können Coronaviren relativ leicht ihr Wirtsspektrum erweitern und die Artengrenze überspringen (Graham, R.L., and Baric, R.S. [2010]. Recombination, reservoirs, and the modular spike: mechanisms of coronavirus cross-species transmission. *J Virol* 84, 3134–3146). Die sieben bekannten humanpathogenen Coronavirus-Spezies (HCoV) fallen in zwei Genera: Alphacoronavirus (HCoV-229E, HCoV-NL63) und Betacoronavirus (HCoV-HKU1, HCoV-OC43, SARS-CoV, MERS-CoV, SARS-CoV-2). SARS-CoV, MERS-CoV und SARS-CoV-2 sind erst vor kurzer Zeit aus tierischen Reservoiren auf den Menschen übergetreten (Cui, J., Li, F., and Shi, Z.L. [2019]. Origin and evolution of pathogenic coronaviruses. *Nat Rev Microbiol* 17, 181–192.; https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Virologische_Basisdaten.html).

Zum natürlichen Ursprung des SARS-CoV-2 liegen zahlreiche Publikationen in der internationalen Fachliteratur vor, z.B. Andersen, K.G., Rambaut, A., Lipkin, W.I. et al. The proximal origin of SARS-CoV-2. *Nat Med* 26, 450–452 (2020). <https://doi.org/10.1038/s41591-020-0820-9>; oder Nakagawa S, Miyazawa T. Genome evolution of SARS-CoV-2 and its virological characteristics. *Inflamm Regen*. 2020 Aug 10;40:17.

Im Journal *BioEssays*, welches den Artikel von Segreto, R. und Deigin, Y. veröffentlichte, erschien auch eine Gegendarstellung von Tyshkovskiy, A. und Panchin, Y., welche Bezug auf die Untersuchung von Segreto, R. und Deigin, Y. nimmt und zu dem Schluss kommt, dass es keinen Hinweis darauf gibt, dass das Virus im Labor entstanden ist (<https://doi.org/10.1002/bies.202000325>).

Auch der im Auftrag der Weltgesundheitsorganisation (WHO) erstellte Bericht einer internationalen Expertenkommission kommt zum Schluss, dass ein Laborursprung von SARS-CoV-2 extrem unwahrscheinlich ist (vgl. WHO-convened global study of origins of SARS-CoV-2: China Part; Joint WHO-China study: 14 January - 10 February 2021;

vom 30.03.2021; vgl. www.who.int/publications/i/item/who-convened-global-study-of-origins-of-sars-cov-2-china-part).

8.2 Hat die Staatsregierung zum Forscherteam um Segreto/Deigin bereits Kontakt aufgenommen bzw. plant, einen derartigen Kontakt aufzunehmen (bitte begründen)?

Eine Kontaktaufnahme mit den Autoren ist nicht geplant. Bei der Erstautorin handelt es sich ausweislich ihrer Publikationen und der Homepage der Uni Innsbruck (www.uibk.ac.at/microbiology/team/rossana-segreto/index.html) um eine Mikrobiologin, die bislang auf dem Gebiet von Pilzerregern bei Pflanzen gearbeitet hat und keine wissenschaftlichen Vorarbeiten im Feld der Virologie aufweist.

8.3 Wie ändern sich die in Drs. 18/10909 gegebenen Antworten im Lichte der Arbeit von Segreto?

An den Antworten ergeben sich keine Änderungen.