

Vaccino Covid-19: The Worst Case Scenario

Dr. Kira Smith

Clinical and Experimental Medicine
Novara (NO) – Italy

kira-smith@cyber-zone.it

Received xxxxxx

Accepted for publication xxxxxx

Published xxxxxx

Astratto

Il **vaccino BioNTech/Pfizer BNT162b2** è composto da un **RNA** avente **4284 nucleotidi**, suddivisi in 6 sezioni, che portano le **informazioni** per creare una **fabbrica di proteine S Spike**, quelle usate dal **Sars-CoV-2 (Covid-19)** per **infettare** il soggetto. Dopodiché, queste proteine vengono **dirette al di fuori della cellula**, facendo scattare la **reazione immunitaria** e la produzione di **anticorpi**.

Il problema è la **pesante alterazione dell'mRNA**: l'**Uracile** viene **sostituito** per **ingannare il sistema immunitario**, le lettere di **tutte le triplette** di codoni vengono **sostituite** da una **C** o una **G**, per **aumentare la velocità di produzione delle proteine all'estremo**, sostituzione di alcuni aminoacidi con la **Prolina**, l'**aggiunta** di una **sequenza misteriosa (3'-UTR)**, unito allo **splicing alternativo**, ovvero possibilità di **errori di traduzione della sequenza e sintesi delle proteine**; esse non vengono prodotte uguali, ma leggermente **diverse**. Tutto ciò può essere causa di molte **malattie ereditarie** e vari tipi di **tumore**, dalla nascita alla loro crescita, fino alla responsabilità delle **metastasi**.

In sostanza, ciò che verrà creato è **tutt'altro che ben definito** come proteina S Spike: basta un **errore di trascrizione**, produzione errata di aminoacidi, quindi di proteine, per provocare **gravi danni a lungo termine** alla salute umana, nonostante **il DNA non venga modificato**, essendo invece nel **nucleo cellulare** e **non nel citoplasma**, ove arriva l'mRNA modificato.

Tuttavia, in questo caso, la **correlazione** tra **velocità di sintesi ed espressione proteica**, oltre al **meccanismo** che potrebbe **inficiare la traduzione della sequenza** restano **oscuri**, in quanto molti **trials** sono **proprietary** di **BioNTech/Pfizer**.

Keywords: Covid-19, Coronavirus replication, SIRT1 inhibitors, ACE2, p53, HIF, autophagy, lysosomal

1. Introduzione

Cenni sul funzionamento

Il vaccino contro il Sars-CoV-2 (Covid-19) di **BioNTec/Pfizer** denominato **BNT162b2**, ma denominato anche *Tozinameran*, o *Comirnaty*, contiene circa **30 mcg di RNA**¹, che viene iniettato in una sfera di **lipidi** dentro il corpo umano, in particolare dentro al **citoplasma** delle cellule, ma **al di fuori del nucleo** (dove vi è il **DNA**); tale RNA possiede informazione genetica modificata (da qua **modRNA**), ovvero un **mRNA** (RNA messaggero) contenente le **istruzioni** per mettere in moto una fabbrica di **proteine**, cloni della **proteina S Spike**, ovvero la proteina (e solo la proteina, non tutto il virus) **utilizzata dal Covid-19 per entrare nell'ospite** e infettarlo. Una volta che esse vengono prodotte in serie ad opera dei **ribosomi**, vengono trasportate all'**esterno** della cellula, oltre il rivestimento lipidico; in questo modo il **sistema immunitario** individua queste proteine come **invasori** delle cellule e le **attacca**, tramite la **produzione di anticorpi**. Ecco perché **non è ipotizzabile** che il vaccino **induca la malattia**, oppure che **modifichi il DNA** umano.

Analisi della sequenza genetica

Il vaccino è composto da **4284 nucleotidi**, suddivisi in **6 sezioni**: **cap** è l'**inizio** della sequenza, che si apre con i due nucleotidi **GA**, indicanti falsamente che **l'mRNA proviene dalla cellula umana** ed essere quindi accettato²; **5'** indica la **direzione** da seguire per la traduzione, mentre **UTR** indica la **zona** dove il **ribosoma** deve **posarsi** per poter fabbricare le proteine e in questa sezione è stata **sostituita** la **U** di **Uracile** con una molecola di **1-metil-3'-pseudouridina**, indicata con il carattere **Ψ**, per **bypassare il sistema immunitario** e impedire che venga così degradato l'RNA appena entrato; questo è però un fattore che può portare ad **errori nella produzione di proteine**. Vi è poi la sezione **sig**, denominata **sequenza di avvio estesa del peptide di segnalazione della glicoproteina S**, la cui informazione è necessaria per **guidare la proteina** appena formata, tramite il **reticolo endoplasmatico**, fuori dalla cellula; anche qua vengono messe in atto delle **modifiche alle triplette di nucleotidi** per far accettare l'RNA dal sistema

immunitario, **cambiando la posizione** di alcune **lettere** componenti l'informazione con altre (in genere in 3° posizione), apparentemente "sinonimi innocui" (prevalentemente **aumentando il numero di lettere C e G**, che codificano la **velocità di produzione delle proteine**). Se è vero che **3 lettere formano un codone e più di un codone codifica per lo stesso aminoacido**, è anche vero che **aumentando così sproporzionatamente la velocità di produzione delle proteine** e apportando **almeno una modifica a tutte le triplette**, si rischia di incorrere in **gravi errori di traduzione**.

Anche i caratteri che compongono la sequenza relativa alla **costruzione della proteina Spike** vera e propria **S protein_mut** sono stati **alterati** con più **C e G** che era possibile aggiungere, rispettando i **sinonimi in tabella di codice genetico standard**, con **sostituzione** degli aminoacidi **Lisina (AAA)** e **Valina (GUU)** con la **Prolina (CUU)**, per impedire che la proteina costruita collasi su se stessa. Alla **fine** di questa sequenza vi sono **2 codoni di Stop**. **Non** è del tutto **comprovato** che con tale sostituzione si andranno a **formare gli stessi elementi**.

3'-UTR (Regione Non Tradotta 3 Primo): dovrebbe indicare la **direzione di traduzione** della sequenza e migliorare la sintesi proteica, tuttavia rimangono **misteriose molte delle sue funzioni**; pertanto è **impossibile accertarne la sicurezza**. Ciò che si sa è affermato dal **WHO** ed è la frase seguente: "la **3' UTR** per il vaccino **BioNTech/Pfizer** è stata **prelevata da "the amino-terminal enhancer of split (AES) mRNA and the mitochondrial encoded 12S ribosomal RNA"**".

poly(A): arriviamo dunque alla **fine della sequenza** e incontriamo **30 A**, poi un **collegamento a 10 nucleotidi GCAUAGACU**, seguito da **altre 70 A**, poiché **ogni mRNA può essere riutilizzato dall'organismo più volte**.

Quando **terminano le A**, l'**mRNA** viene **degradato**.

Tutte queste sono **modifiche proprietarie** per aumentare **l'espressione proteica**, delle quali **non si sa nulla** circa la **traduzione effettiva** messa in atto dall'organismo.

2. Metodo di investigazione

Cenni sulla traduzione nella sintesi proteica

La **traduzione** viene divisa in genere in **tre fasi**: *inizio*, *allungamento* e *termine*.²

1. Il **ribosoma** si lega all'**mRNA** nel **codone di inizio**;
2. La **catena polipeptidica** si allunga in una **direzione del movimento del ribosoma**, per aggiunta successiva di aminoacidi;
3. Quando si trova un **codone di Stop**, il **polipeptide** viene rilasciato e il **ribosoma** si dissocia.

Splicing alternativo ed altri errori di traduzione

Un altro **problema correlato** consiste nel fatto che **uno stesso pre-mRNA** può dare origine a **mRNA maturi differenti**, quindi a **proteine leggermente diverse** tra loro (**splicing alternativo**). Un'alterazione nel **processo di sintesi delle proteine** si è scoperta essere proprio la **causa dello sviluppo e della crescita di alcuni tumori**, ed altre patologie, senza che venga in qualche modo **alterato il DNA**. In particolare, si implica la genesi di **200 malattie ereditarie** e **33 tipi di cancro**.

Tutti gli **eventi di splicing** individuati nei tre i geni della serie PHT comportano la **perdita della frame di lettura** della sequenza dei messaggeri, e l'**introduzione di un codone di stop prematuro (PTC, Premature Termination Codon)** sempre situato più di **50-55 nucleotidi a monte dell'ultima giunzione esone-esone**, il che rende i trascritti alternativi **bersagli del sistema di sorveglianza NMD (Nonsense-mediated mRNA Decay)**. Per *slc15a4/PHT1* di uomo e ratto, ciò è stato **dimostrato** mediante **esperimenti di inibizione del sistema NMD** in diverse linee cellulari, in cui l'espressione delle varianti alternative rispetto ai trascritti canonici è risultata sempre stabilizzata in seguito all'inibizione.³

3. Conclusioni

Evidenziazione dei possibili problemi a lungo termine sulla salute umana e riscontro finale

La **correlazione** tra **velocità di sintesi delle proteine**, aumentata del 100%, con gli **errori di traduzione della sequenza**, così come il **meccanismo che inficia la produzione di aminoacidi** restano in questo caso per ora **oscuri**, essendo molti **trials proprietari di BioNTech/Pfizer**.

In sostanza si può dire che il **codice della sequenza totale** sia **intrinsecamente alterato in modo sbilanciato**, troppo rispetto al corrispettivo naturale, e troppo per poter affermare che l'organismo umano **riproduca esattamente** le proteine **S Spike**, uguali una con l'altra, rischiando così apportare **gravi danni alla salute umana a lungo termine**.

Ciò che verrà prodotto da quella sequenza è **tutt'altro che ben definito**, ma è scritto **nei geni di ogni individuo** come verrà tradotto e cosa verrà prodotto, quindi i **benefici o danni** che si andranno a causare.

Referenze

¹ <https://berthub.eu/articles/posts/italian-reverse-engineering-source-code-of-the-biontech-pfizer-vaccine/>

² <http://dstunisannio.it/sites/default/files/2020-11/i%20ribosomi%20e%20la%20sintesi%20proteica.pdf>

³ Ghent University Faculty of Veterinary Medicine, "mRNA modification and delivery strategies towards the establishment of a platform for safe and effective gene therapy"