

# COVID-19: News & Informationen

Beitrag von „Don Pedro“ vom 4. Januar 2020, 12:02

[Zitat von consuli](#)

an der genetischen Ähnlichkeit des Virus-Wirtstieres zum Menschen orientieren, oder muss ich eher schauen, ob es zu dem tierischen Virus eine verwandte Virusgattung beim Menschen gibt? So wie bei H1N1 Influenza Mensch und H1N5 Vogelgrippe?

Genau genommen weder noch.

Denn nur wenn das Schlüssel/Schloss Prinzip passt, dann kann ein Virus etwas tun. Wobei es hier um die Ähnlichkeit einzelner Bereiche geht, nicht um die gesamte Spezies. Ein Schimpanse und ein Mensch sind zu (glaube ich) 98% genetisch ähnlich, trotzdem sind sie ziemlich unterschiedlich. Eine Schnecke und ein Mensch haben (geraten) 64% Ähnlichkeit. Das sagt jetzt aber nichts über die Möglichkeit/Wahrscheinlichkeit aus das ein Virus von Schimpanse oder Schnecke zu einem Menschen "überspringt". Vielleicht ist ein "Schloss" bei den Leberzellen der Schnecke (ich weiß, Schnecken haben keine Leber) identisch mit dem Schloss bei den Muskelzellen des Menschen. Dann kann das Virus von der Schnecke zum Menschen wechseln.

Aber diese Wahrscheinlichkeit geht gegen Null. Warum? Menschen und Schnecken leben schon so lange zusammen, da wäre es schon längst passiert. Was wirkliche eine Gefahr sein könnte wären neue Tiere zum Essen oder in unserer Nähe. Und da denke ich an extreme Sachen, z.B. Tiefseefische im Aquarium oder Braunbärenmilz als Hauptmahlzeit. Aber das ist auch eher zu vernachlässigen.

Irgendwo gibt es immer Unterschiede. Nur wenn die durch eine Mutation verschwinden, dann kann es überspringen. Und das ist nur einer von vielen Faktoren. Denn außer das ein Virus bei uns Schaden anrichtet muss es sich (wie [JuGeWie](#) gesagt hat) auch vermehren können. Und dann kommen auch noch so Faktoren wie Art der Übertragung, Mortalitätsrate (Todesrate), Inkubationszeit, usw. ... dazu.