

**Über eine Möglichkeit zur Analyse der COVID-19-Proteine
durch BSM-SG-Atommodelle
mit dem Ziel der Modifikation durch geeignete Medikamente**

Prof. Dr. Stoyan Sarg Sargoytchev

York University, Toronto, Kanada (em. 2012)

Wissenschaftlicher Berater am World Institute for Scientific Exploration

Zusammenfassung

Die BSM-SG-Modelle der Atome könnten nützlich sein, um COVID-19 und andere Viren mit dem Ziel der Modifikation der an der Kanalaktivität beteiligten Proteine zu verstehen. Die BSM-SG-Modelle unterscheiden sich von den quantenmechanischen Modellen, besitzen aber einige Vorteile. Dazu gehören die Möglichkeit, mit realen physikalischen Dimensionen im sub-nanometrischen Bereich zu arbeiten, die Visualisierung der Richtungen der chemischen Bindungen in Molekülen, die Magnetfeldwechselwirkungen zwischen den umlaufenden Elektronen und die magnetischen Kernmomente. Diese Eigenschaften bieten eine neue Möglichkeit zur Analyse und Modellierung von einfachen und komplexen Molekülen. Bei Proteinen mit bekannter Form erlauben sie ein Verständnis der zugrunde liegenden Physik hinter ihrer komplexen dreidimensionalen Form und deren Stabilität. Dies könnte die Modifikation ihrer Form und Eigenschaften durch den Einsatz geeigneter chemischer Verbindungen als Medikamente ermöglichen.

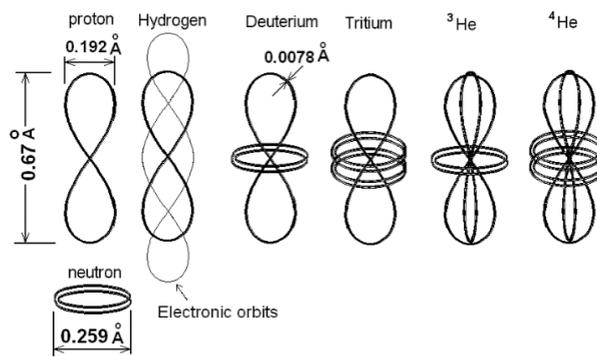


Abb. 1
Erste Atomstrukturen der Periodentafel

Im Fernfeld werden die Coulomb-Felder von Protonen als Punktquelle detektiert, aber im Nahfeld folgen sie der Form der Protonen und Neutronen, so dass sie die Flugbahnen der umlaufenden Elektronen definieren. Das Coulomb-Nahfeld der ersten Atome des Periodensystems ist in Abb. 2 dargestellt.

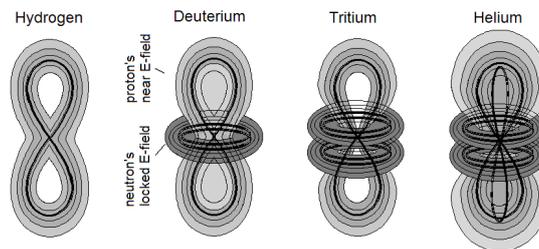


Abb. 2
Coulomb-Feld in der Nähe des Kerns

Die abgeleiteten Kernstrukturen der stabilen Elemente bis zur Zahl $z = 102$ sind im Atlas der Atomkernstrukturen (ANS) angegeben, der in der BSM-SG-Abhandlung enthalten ist und separat oder als Anhänge in anderen Büchern veröffentlicht wird [1,2,3,13]. Im Atlas der ANS werden die Protonen und Neutronen, die die Kernstrukturen bilden, durch vereinfachte Symbole dargestellt. Aus ihnen lassen sich leicht die Projektionsansichten der Atomkerne erstellen. Dies ist in Abb. 3 für einige ausgewählte Atome dargestellt.

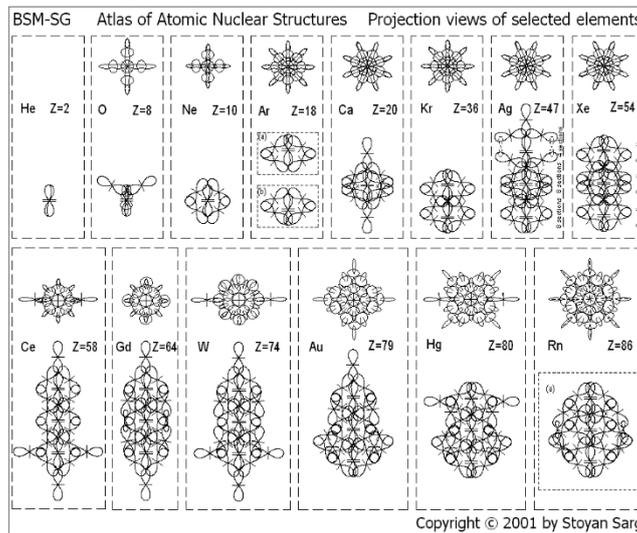


Abb. 3

Projektionsansichten von einigen ausgewählten Atomen

1. Über eine Möglichkeit zur Analyse einiger Proteine in COVID-19

Für viele Viren sind die Kanalproteine essentiell [14]. Die bekannten Kanalproteine sollen etwa 100 Aminosäuren lang sein. Durch seine Kanalaktivität interagiert das E-Protein mit Wirtsproteinen der Zelle und hilft dem S-Protein-Spike, sich an menschliche Zellen anzuheften [15]. Das koronavirale Genom kodiert für vier Hauptstrukturproteine: das Spike-Protein (S), das Nukleokapsid-Protein (N), das Membran-Protein (M) und das Hüllprotein (E) [15]. Das E-Protein ist das kleinste davon. Nach Angaben von US-Forschern [15,16] binden die Spikes des E-Proteins von COVID-19 10- bis 20-mal häufiger an menschliche Zellen als die Spikes des SARS-Coronavirus von 2002. Das E-Protein spielt wahrscheinlich eine wesentliche Rolle. Dies soll dazu führen, dass sich COVID-19 leichter von Mensch zu Mensch verbreitet als das frühere Virus. Die Form des COVID-19 ist in Abb. 4 dargestellt [15]. (Die Illustration wurde von den Centers for Disease Control and Prevention (CDC) im Januar 2020 zur Verfügung gestellt und zeigt das 2019 Novel Coronavirus (2019-nCoV), (CDC via AP, Datei)). Die Strukturen der E-Proteine sind in Abb. 5 dargestellt. [17].

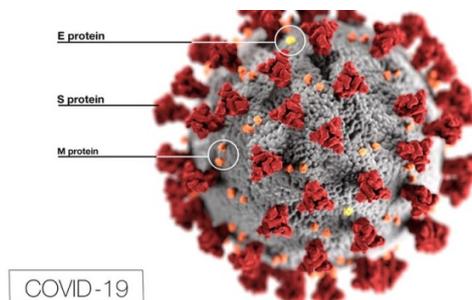


Abb. 4

Form von COVID-19 (Public Domain) [15]

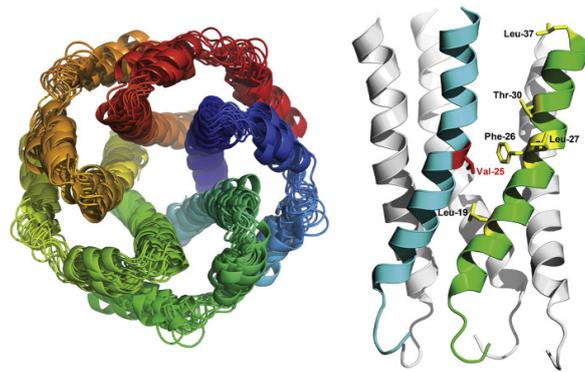


Abb. 5
Dreidimensionale Form des E-Proteins [17] (auch Public Domain)

2. Analyse von Nanostrukturen und Molekülen mit den BSM-SG-Atommodellen

Mit Hilfe der BSM-SG-Atommodelle sind die Richtungen der chemischen Bindungen der Elemente für Moleküle mit bekannter Form leicht zu erkennen. In Abb. 6 ist die Form einiger einfacher Moleküle dargestellt. Die Berechnungen der chemischen Bindungslänge einfacher Moleküle sind in Kapitel 9, Moleküle der BSM-SG, Abschnitt 9.15.2 Gleichung (9.56) angegeben

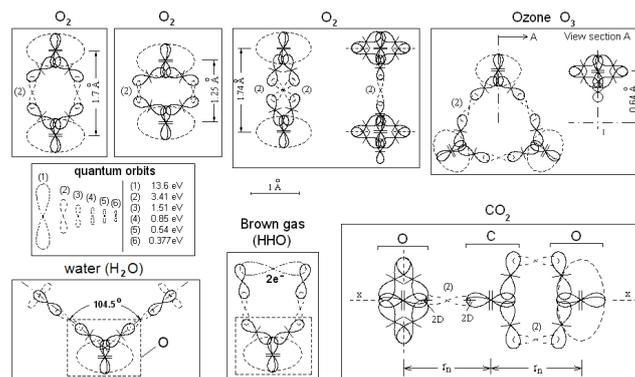


Abb. 6
Form einiger einfacher Moleküle

Die BSM-SG-Modelle erlauben die Darstellung der Magnetfelder in Atomen und Molekülen. Die Energieeigenwerte von z. B. Wasserstoff (Ein-Elektronen-Atom) werden stark durch die Hauptquantenzahl n und weniger durch den Drehimpuls l bestimmt. Bei Vielelektronen-Atomen hängen jedoch einige Energieniveaus stärker von l als von n ab. Dies ist für das Beryllium-Atom in Abb. 7 veranschaulicht, wo die von umlaufenden Elektronen erzeugten Magnetfeldlinien dargestellt sind.

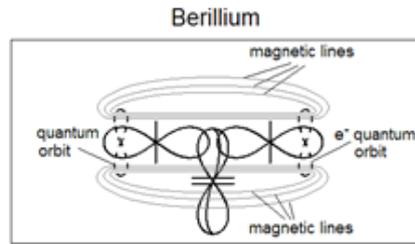


Abb. 7

Berillium-Atom mit Darstellung der Lage der elektronischen Bahnen und der erzeugten Magnetfelder

Die magnetischen Wechselwirkungen zwischen den umlaufenden Elektronen spielen eine wichtige Rolle für die Stabilität des Moleküls. Abb. 8 zeigt die Struktur des Ozonmoleküls mit der Lage der Magnetfelder, die durch die drei chemischen Bindungen entstehen.

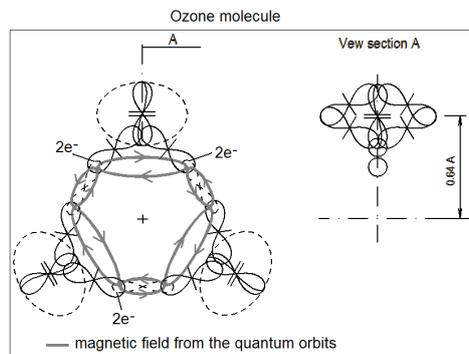


Abb. 8

Struktur des Ozonmoleküls mit der Position der Magnetfelder, die durch die drei chemischen Bindungen erzeugt werden

Es gibt viele Bestätigungen für die Realität der BSM-SG-Atommodelle. Abb. 9a zeigt das TEAM-Mikroskopbild einer einzelnen Kohlenstoffplatte (aus einer Public Domain), während Abb. 9b das gleiche Bild mit einer richtig eingestellten Gammakorrektur der Anzeige zeigt [18].

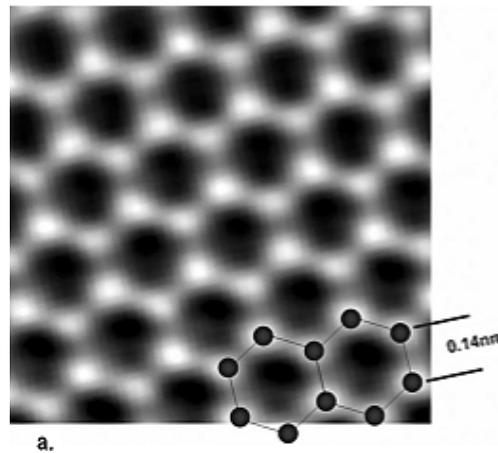


Abb. 9a
Originalbild

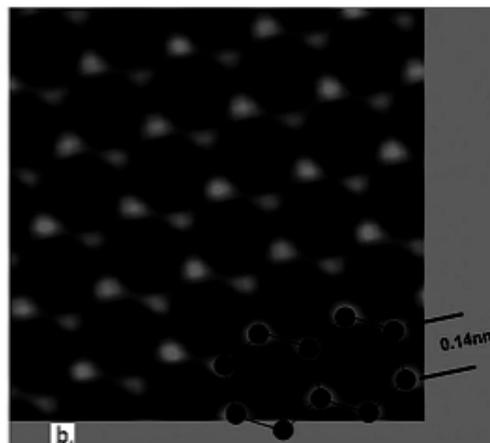


Abb. 9b
eingestellte Gammakorrektur

Aus dem gammakorrigierten Bild ist ersichtlich, dass jedes benachbarte Atom eine leicht unterschiedliche Helligkeit aufweist. Die hellen Stellen nach den BSM-SG-Modellen stammen von den Elektronen, die an den Bindungen zwischen den Atomen in der Graphenschicht beteiligt sind. Abb. 10.c zeigt die Graphenstruktur anhand der BSM-SG-Atommodelle. Die beiden Paare P1 und P2 in Abb. 10.b definieren die Valenzrichtungen. Sie stehen nach den BSM-SG-Modellen senkrecht zueinander.

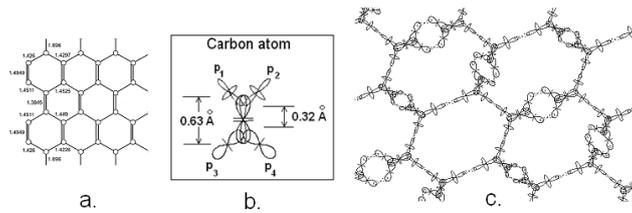


Abb. 10

Graphenstruktur

a - durch Strukturchemie

b - ein einzelnes Kohlenstoffatom mit zwei Bindungspaaren in senkrechten Ebenen

c - eine Graphenstruktur durch BSM-SG-Atommodelle

Auf der elektronenmikroskopischen Aufnahme eines Kohlenstoff-Nanoröhrchens in Abb. 11 ist zu erkennen, dass die Ausrichtung benachbarter Kohlenstoffatome nicht parallel zur Achse des Nanoröhrchens erfolgt. Stattdessen sind sie in Helixen mit einer großen Steigung ausgerichtet. Dies deutet darauf hin, dass die beiden Valenzbindungspaare eines Kohlenstoff-Nanoröhrchens, wie in Abb. 10.b gezeigt, nicht exakt senkrecht zueinander stehen, sondern leicht um 90 Grad voneinander abweichen. Der Grund dafür ist, dass die Protonenform ein verdrehter Torus ist, wie in Abb. 1 dargestellt.

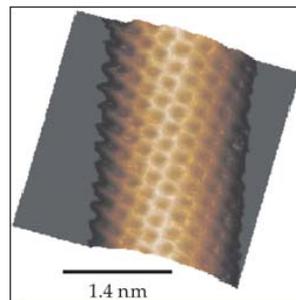


Abb. 11

Die schraubenförmige Anordnung der Kohlenstoffatome
ist ein Hinweis auf die verdrehte Form der Protonen

Die verdrehte Form der Protonen bewirkt bei allen Elementen eine Verdrehung der Atomkerne. Diese Eigenschaft spielt eine Rolle für die Broglie-Wellenlänge. Die BSM-SG-Atommodelle könnten die 3-D-Konfiguration für beliebige chemische Verbindungen liefern, von einfachen anorganischen bis zu komplexen organischen Molekülen und Aminosäuren. Die 3-D-Form eines einfachen Moleküls wie dem Aspirin, das durch das PDB-Modell bekannt ist, wird in Abb. 12 gezeigt. Abb. 13 zeigt das gleiche Molekül anhand der BSM-SG-Atommodelle.

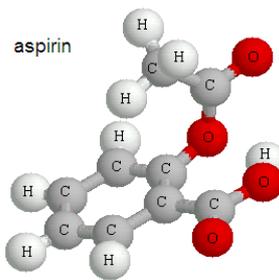


Abb. 12
 Dreidimensionale Struktur des Aspirin-Moleküls
 (PDB-Datei Aspirin visualisiert durch Chime-Software)

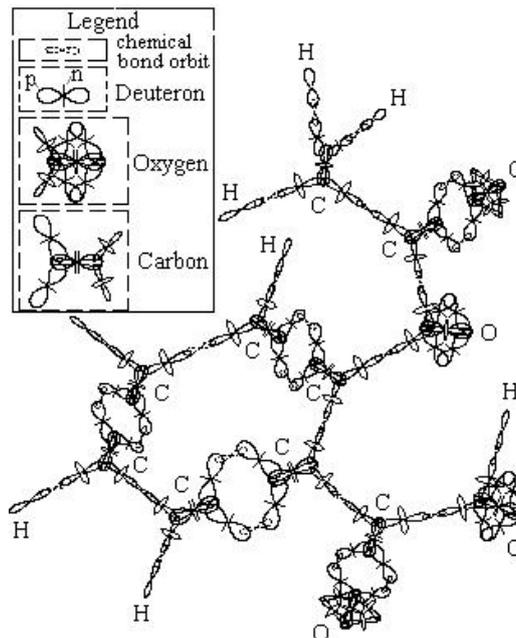


Abb. 13
 Dreidimensionale Struktur von Aspirin unter Verwendung der BSM-SG-Atommodelle –
 Elektronische Orbits der chemischen Bindungen sind durch gestrichelte Linien dargestellt

Mehrere Beispiele der Verwendung von BSM-SG-Modellen zeigen eine recht gute Übereinstimmung der Abstände zwischen den Atomen mit den bekannten innerkernigen Abständen der chemischen Verbindungen. Die Schlussfolgerung ist, dass die 3-dimensionale Form der Proteine auch durch die Winkelbeschränkungen der chemischen Bindungen und die Orientierung der kernmagnetischen Momente der Atome definiert ist [15]. Erstens definieren die BSM-SG-Modelle die 3-dimensionalen Formen der Aminosäuren. Das kernmagnetische Moment hat eine größere Reichweite als die chemischen Bindungen und ist daher wichtig für die komplexen Formen der Proteine. Abb. 14. zeigt die Konfiguration der schwachen H-Bindung in einem Ausschnitt aus einem DNA-Molekül.

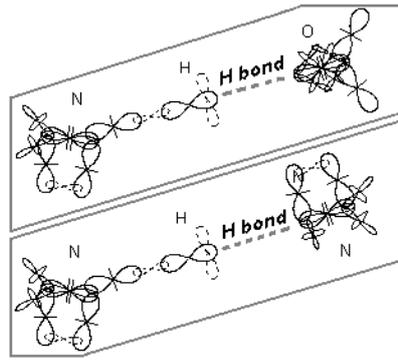


Abb. 14

Zwei Arten von Wasserstoffbrückenbindungen, dargestellt durch gerade gestrichelte Linien. Elektronische Bahnen, die an den magnetischen Wechselwirkungen beteiligt sind, sind Kurven, die durch gestrichelte Linien dargestellt sind

Durch die Verwendung der BSM-SG-Modelle wird eine zusätzliche Eigenschaft der ringförmigen Atomstruktur enthüllt. Eine bestimmte gleiche Anregungsenergie kann in der Ringstruktur unendlich lange rotieren, ohne Photonen zu emittieren, bis eine äußere Störung auftritt. Dies ist eine Art Energiespeichermechanismus auf quantenmechanischer Ebene [21]. Es gibt eine enorme Anzahl von atomaren Ringstrukturen in Proteinen und DNA, die diese Eigenschaft aufweisen können. Abb. 15 zeigt die Positionen solcher Strukturen im DNA-Strang, während Abb. 16 eine einzelne Ringstruktur durch BSM-SG-Atommodelle zeigt.

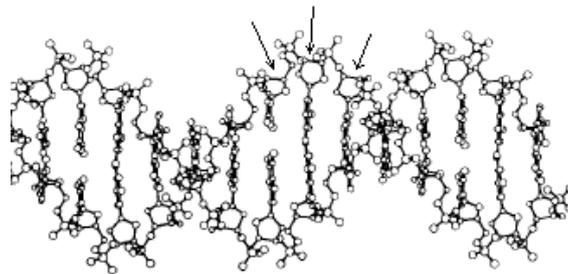


Abb. 15

Teil der DNA-Struktur, der die Positionen einiger (O+4C) Atomringe zeigt

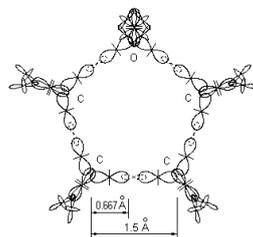


Abb. 16

Atomare Ringstruktur aus dem Desoxyribose-Molekül, das am DNA-Strang beteiligt ist

Obwohl diese Ringe nicht aus den gleichen Atomen wie im Aspirin gebildet werden, sind einige gemeinsame Energieniveaus möglich, die am Energiespeichermechanismus teilnehmen.

Die BSM-SG-Modelle konnten für alle Aminosäuren, die die Proteine aufbauen, angewendet werden. Ihre Konfiguration ist gut bekannt und in Abb. 17 dargestellt. Mit Hilfe der Chime-Software könnte zunächst das PDB-Modell der jeweiligen Aminosäure verwendet werden, um ihre dreidimensionale Form zu erhalten, wie im Fall von Aspirin in Abb. 12 dargestellt. Dann konnte mit Hilfe von Atlas ANS das zugrundeliegende hochauflösende Grafikmodell wie in Abb. 13 für Aspirin erhalten werden. Nach Ansicht des Autors wird die komplexe Form der Proteine durch die folgenden Merkmale der BSM-SG-Atommodelle unterstützt: (a) die Winkelfreiheit der interatomaren Bindungen; (b) der kernmagnetische Zustand der Atome; (c) die im Protein eingebetteten Atomringe als Energiequelle und (d) die schwachen H-Bindungen. Die verdrehte Form der Atomkerne und die große Reichweite der kernmagnetischen Spins könnten die helikalen Formabschnitte der Proteine definieren. Eine solche Form ist in vielen Proteinen weit verbreitet, wie die Form des E-Proteins in Abb. 5 zeigt. Die Bedeutung des kernmagnetischen Spins steht in guter Übereinstimmung mit der Untersuchung der Proteindynamik durch eine auf der kernmagnetischen Resonanz basierende Methode [20]. Weitere Details über die Nützlichkeit der Verwendung von BSM-SG-Modellen für die Analyse von Biomolekülen sind in [12] beschrieben.

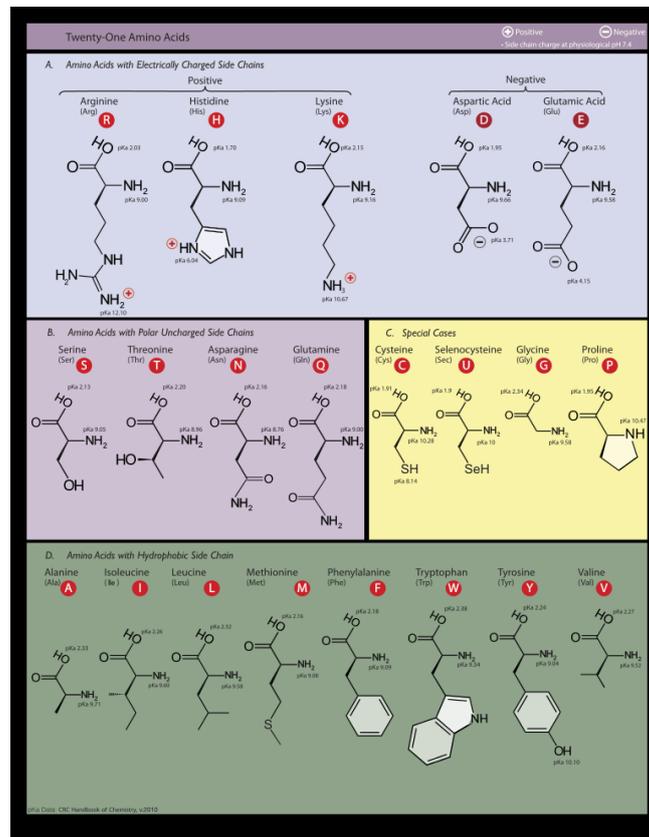


Abb. 17

Strukturelle Zusammensetzung aller 21 Aminosäuren (Public Domain) [22].

3. Schlussfolgerungen

Das E-Protein von SARS-CoV nach [15] enthält 76 Aminosäuren. Die Anzahl der Atome in den Aminosäuren ist gut bekannt. Mit Hilfe der BSM-SG-Modelle konnte die bekannte 3-D-Form dieses E-Proteins mit sub-nanometrischer Auflösung erhalten und die schwachen Abschnitte identifiziert werden. Sie konnten durch eine richtig gewählte chemische Verbindung, die eine bekannte 3-D-Form hat, angegriffen werden. Selbst eine partielle Modifikation der 3-D-Form des E-Proteins könnte seine Fähigkeit zur Bildung eines in die Zellen eindringenden Ionenkanals verringern.

Die BSM-SG-Theorie und der Atlas der Atomkernstrukturen für atomare z-Zahlen von 1 bis 102 sind zunächst in der National Library of Canada archiviert [1,2] und in Büchern veröffentlicht [3,13]

4. Literaturhinweise

1. S. Sarg ©2001, *Basic Structures of Matter*, (First edition, ISBN 0973051507, 2002; Second edition, ISBN 0973051558, 2005), (AMICUS No. 27105955), LC Class no.: QC794.6*; Dewey: 530.14/2 21
2. S. Sarg © 2001, *Atlas of Atomic Nuclear Structures*, ISBN 0973051515, (April, 2002), (AMICUS No. 27106037); Canadiana: 2002007655X, LC Class: QC794.6*; Dewey: 530.14/2 21
3. Stoyan Sarg, *Basic Structures of Matter –Supergravitation Unified Theory*, Trafford Publishing, 2006, ISBN 1412083877
4. S. Sarg, A Physical Model of the Electron according to the Basic Structures of Matter Hypothesis, *Physics Essays*, vol. 16 No. 2, 180-195, (2003).
5. Stoyan Sarg Sargoytchev, [Graphical 3D modeling of molecules and nanostructures in sub-nanometer scale with the BSM-SG atomic models, Nanotek-2013, Las Vegas, USA](#)
6. Stoyan Sarg Sargoytchev, [Physics of Cold Fusion With the BSM-SG Atomic Models, General Science Journal, \(2013\)](#)
7. Stoyan Sarg Sargoytchev, [Graphical 3D Modeling and Analysis of Molecules and Nanostructures with the BSM-SG Atomic Models, General Science Journal, Nov 3, 2014](#)
8. Stoyan Sarg Sargoytchev, [Nickel-Hydrogen Cold Fusion by Intermediate Rydberg State of Hydrogen: Selection of the isotopes for Energy optimization and radioactive Waste Minimization, General Science Journal, 2014](#)
9. Stoyan Sarg Sargoytchev, [A New Theoretical Approach to LENR Using the BSM-SG Atomic Models, Proceedings of NWC-2016, Boston, p. S20](#)
10. Stoyan Sarg Sargoytchev, [Atlas of Atomic Nuclear Structures according to the BSM-Supergravitation unified theory, Medical nanotechnology, 18-19 Oct, 2017, Osaka, Japan.](#)
11. Stoyan Sarg, Gravito-inertial Propulsion Effect Predicted by the BSM - Supergravitation Unified Theory, SSE Annual meeting, 2008
<https://www.youtube.com/watch?v=s5ypGrw5q1w>
12. Stoyan Sarg Sargoytchev, [A New Method for Analysis of Biomolecules Using the BSM-SG Atomic Models, Journal of biometrics and biostatistics, DOI: 10.4172/2155-680,1000339.](#)
13. Stoyan Sarg, *Structural physics of nuclear fusion with BSM-SG atomic models*, 2013, ISBN 9781482620030, amazon.com
14. R & D systems. Home » Resources » Articles » ACE-2: The Receptor for SARS-CoV-2
<https://www.rndsystems.com/resources/articles/ace-2-sars-receptor-identified>

15. <https://www.ctvnews.ca/health/coronavirus/what-does-covid-19-look-like-a-closer-look-at-the-grey-and-red-image-that-symbolizes-a-pandemic-1.4895669>
16. Kai Wang, Shiqi Xie, BingSun, Viral proteins function as ion channels. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA) – Biomembranes*. V. 1808, Issue 2, Feb 2011, Pages 510-515
<https://doi.org/10.1016/j.bbamem.2010.05.006>
17. Wahyu Surya, Yan Li, and Jaume Torres, [Structural model of the SARS coronavirus E channel in LMPG micelles](#), *Biochim. Biophys. Acta Biomembr.* 2018 Jun; 1860(6): 1309–1317. Public domain:
18. Image of carbon sheet, Popular Science, <http://www.popsci.com/gadgets/article/2010-01/graphene-breakthrough-could-usher-future-electronics>
19. Nanotube, Courtesy of A. Javey et al. *Nano Lett.*, 4, 1319, (2004)
20. Protein dynamics, https://en.wikipedia.org/wiki/Nuclear_magnetic_resonance_spectroscopy_of_proteins
21. Stoyan Sarg Sargoytchev [viXra:1411.0004](https://doi.org/10.26434/chemrxiv-2014-1411) (2014) Graphical 3D Modeling and Analysis of Molecules and Nanostructures with the BSM-SG Atomic Models
22. https://en.wikipedia.org/wiki/Proteinogenic_amino_acid