

HEPATITIS C ist eine durch eine Infektion verursachte Leberentzündung. Früher sprach man von einer „non A non B“ weder A noch B Hepatitis, später kam die Bezeichnung Hepatitis C auf. Man sah die Infektion als unheilbar an. Seit ca. 2001 wird ein neues Testverfahren benutzt, auf der Basis der genetischen Struktur des Erregers, und seitdem ist die Angelegenheit noch komplizierter. Wir haben unsere Herangehensweise ebenfalls geändert und alle bisher identifizierten Unterarten mit hinein genommen, in der Hoffnung, dass trotz der neuen profitgetriebenen Testverfahren die betroffenen Menschen ein klares Testergebnis bekommen. Wir stellen fest, dass sich auch heute noch Menschen nach Einnahme des Mittels **HEP C** gesund fühlen, aber durch die Tests nach „Unterarten“ blieb oft ein positives Testergebnis auf Hepatitis C bestehen.

Bevor Hepatitis C identifiziert wurde, nannte man die Infektion nur „non A, non B“ Hepatitis. Das Genom ähnelt vom Aufbau her dem der Flavi- und Pestviren. HCV ist eine eigene Gattung innerhalb der Flaviridae Virenfamilie. Mindestens 6 eindeutige HCV Genotypen als auch Unterarten innerhalb der Erbmasse konnten durch nukleotide Sequenzierung identifiziert werden. Die Genotypen unterscheiden sich untereinander > 30 % in Sequenz Homologie. Die Abweichung von HCV, isoliert zwischen einem Genotyp oder Subtyp und innerhalb des gleichen Wirts, variiert unzureichend, um einen separaten Genotyp zu bestimmen. Diese Unterschiede werden als Quasi-Arten bezeichnet und unterscheiden sich in der Sequenzhomologie nur um ein paar Prozentpunkte. Die Genotypische und Quasi Arten Vielfalt von HCV, die aus seiner hohen Mutationsrate entspringt, behindern die effektive humorale Immunität. Lt. medizinischen Testverfahren hinterlässt jede Gattung eine Hep C Diagnose, aber diese Verfahren geben keine Hinweise auf die Unterarten, noch, wie das Ergebnis erstellt worden ist.

ZUSAMMENFASSUNG DER MITTEL

(mit ungefähre Anzahl der benötigten Megabottles)

HCV Infektion - 1 oder 2 Generation

HEPATITIS C	1-2
HEPATITIS C 1	1-2

HCV Infektion 3. Generation

(werden alle benötigt)

HEPATITIS C	1-2
HEPATITIS C 3	1-2
SEA HPC	2-4

Mögliche Komplikationen bei HCV Infektion- 3. Generation

HEPATITIS C 1	1-2
---------------	-----

Das Fortschreiten der HCV Infektionen:

Lt. jetzigen medizinischen Anschauungen entwickelt sich HCV durch 3 Generationen mit unterschiedlichen und identifizierbaren Virenproteinen in jeder Generation. Es dauert irgendwo zwischen 1 und 3 Monaten oder manchmal ein Jahr oder mehr, um sich durch die Generationen zu entwickeln. Wir richten unseren Fokus auf die dritte Generation. Beim Immuntest der 3. Generation, welcher Proteine für die NS5 Region einschließt, beginnt der Mutationsprozess. Die hohe Mutationsrate bei Virengenomvermehrung trägt maßgeblich zum Fortbestehen von Infektionen bei. Fortwährend werden mutierende Viren produziert, die die antigenen Determinanten, für die der Wirt eine effektive Immunantwort entwickelt hatte, verloren haben.

Unsere Strategie:

Prinzipiell ist als Erstes zu bestimmen, welcher Generation die HCV -Infektion angehört. Wenn die Infektion der 1. oder 2. Generation angehört, folge einfach der obigen Anleitung und finde heraus, ob nur das **HEP C** Mittel oder beide, **HEP C** und **HEP C 1** benötigt werden. Sollte es sich um eine HCV Infektion der 3. Generation handeln, werden alle nachfolgenden Mittel benötigt, **HEP C**, **HEP C 3** und **SEA HPC**. Hepatitis C 1 könnte eine mögliche Komplikation sein.

Mittelerklärungen:

HEPATITIS C

HEPATITIS C 3: wirkt am NS5 Protein, welches die Vermehrung des Virus stoppt sowie alle Mutationen und die Bildung von Quasi-Arten. **SEA HPC:** Die HVC Quasi-Arten sind zahlreich und schwer zu identifizieren. Anstatt jede Quasi-Art einzeln zu behandeln, was eine Herausforderung, teuer und zeitaufwendig wäre, haben wir eine Entdeckung über die Funktion der Milz gemacht. **SEA HPC** aktiviert ein Milz Enzym, welches alle Quasi Arten, egal ob aktiv oder latent vorhanden, attackiert.