

MDR Aktuell – Kekulé's Corona-Kompass

Donnerstag, 23. März 2023
#344

Jan Kröger, Moderator

MDR Aktuell – Das Nachrichtenradio

Prof. Dr. med. Dr. rer. nat. Alexander S. Kekulé, Experte

Professor für Medizinische Mikrobiologie
Virologie an der Martin-Luther-Universität
Halle-Wittenberg sowie Direktor des Instituts
für Biologische Sicherheitsforschung in Halle

Links zur Sendung:

„Science“-Artikel: Marderhunde als Ursprung
der Pandemie? (16.03.2023)

<https://www.science.org/content/article/CO-VID-19-origins-missing-sequences>

Chinesischer Preprint vom 25.02.2022:

<https://www.researchsquare.com/article/rs-1370392/v1>

Statistik des schwedischen SCB zur Übersterblichkeit in Europa:

<https://www.europaportalen.se/2023/03/sverige-hade-lagsta-overdodligheten-under-coronapandemin-i-eu>

Französische Studie zur Hybridimmunität
(15.03.2023):

<https://www.science.org/doi/10.1126/scitranslmed.ade0550>

Donnerstag, 23. März 2023

- Die nächste Runde in der Diskussion über den Ursprung der Pandemie ist eröffnet. Dieses Mal geht es um einen natürlichen Ursprung: Marderhunde als Zwischenwirt für das Virus. Grund dafür sind neu aufgetauchte Daten vom berühmt-berüchtigten Wildtiermarkt in Wuhan. Was verraten sie und was bleibt weiterhin offen?
- Beim Infektionsgeschehen in Deutschland verzeichnet das Robert-Koch-Institut eine zweite Grippewelle. Was bedeuten die aktuellen Zahlen?
- Und: Wenn es um die Übersterblichkeit in der Corona-Pandemie im europäischen Vergleich geht, sieht sich nun

ausgerechnet Schweden, das Land des Sonderwegs, in der besten Situation. Wir schauen auf die Statistik, die zu dieser Einschätzung geführt hat.

Jan Kröger

Wir wollen Orientierung geben. Ich bin Jan Kröger, Reporter und Moderator im Nachrichtenradio MDR Aktuell. Jeden zweiten Donnerstag haben wir einen Blick auf die aktuellen Entwicklungen rund ums Coronavirus und wir beantworten Ihre Fragen. Das tun wir mit dem Virologen und Epidemiologen, Professor Alexander Kekulé. Hallo, Herr Kekulé.

Alexander Kekulé

Hallo, Herr Kröger.

Jan Kröger

Herr Kekulé, den Podcast mit Ihnen, den gibt es nun seit letzter Woche genau drei Jahre. Und wir haben viele Folgen in diesen drei Jahren eröffnet mit Statements von Gesundheitsministern oder Präsidenten des Robert-Koch-Instituts. Heute fangen wir mal mit einer etwas anderen Stimme an.

[Laute eines Marderhundes sind zu hören]

Jan Kröger

Und ich nehme an, Sie können sich schon ungefähr denken, was das war.

Alexander Kekulé

Ich kann es raten, weil es um Corona geht. Aber sonst muss ich sagen, ich kenne es tatsächlich nicht.

Jan Kröger

Es ist ein Marderhund. Der Marderhund wird heute eine zentrale Rolle in unserem Podcast spielen. Und zwar geht es da um neu aufgetauchte Daten vom Wildtiermarkt in Wuhan. Schauen wir jetzt als Allererstes einmal darauf. Was genau wurde dort denn gefunden? Es geht dabei um Daten, die mehr oder weniger plötzlich auf einer öffentlich einsehbaren Internet-Datenbank zur Verfügung standen.

Alexander Kekulé

Ja, das war im Grunde genommen eine ganz alte Debatte. Aus meiner Sicht sind es auch

nicht wirklich neue Daten. Sie sind jetzt nur überraschenderweise von den Chinesen veröffentlicht worden, bzw. kurzzeitig veröffentlicht worden. Und zwar muss man da so ein bisschen zurückerinnern an die Zeit – wir haben das ja im Podcast auch ein paarmal schon besprochen – als die Pandemie ausgebrochen ist. Da hat China ja sehr früh gesagt, es gibt diesen Markt in Wuhan, und dort ist die Pandemie entstanden. Und das ist offensichtlich schon wieder von Tieren auf den Menschen übergegangen, so wie man das 2003 von SARS schon kannte. Damals war es eine Schleichkatze, die möglicherweise das Virus übertragen hat, die quasi als lebendiges Lebensmittel auf einem Markt in Guangdong angeboten worden war. Und jetzt haben die Chinesen im Grunde genommen gesagt: „Na ja, das ist ja jetzt genauso wieder.“ Und damit eigentlich alle Weichen gestellt in eine Richtung, dass man davon ausgehen musste, dass man das Schema schon kennt. Das hatte Vor- und Nachteile aus der chinesischen Sicht. Der Nachteil war, dass natürlich viele gesagt haben: Moment mal, ihr habt doch eigentlich verboten, dass lebende Tiere verkauft werden seit 2003. Da hat sich natürlich wirklich in Wirklichkeit kein Schwein darangehalten. Zwei Jahre nach dem Ausbruch von 2003 waren lebende Tiere auf den chinesischen Märkten wieder vorhanden. Aber das war natürlich das kleinere Übel, als sagen zu müssen: „Wir haben gar keine Ahnung, wo es herkommt“, was wohl eher die Wahrheit war zu dem Zeitpunkt. In diesem Zusammenhang ist ja damals schon angekündigt worden, ich habe das im Podcast gesagt und auch in meinem Buch wirklich ausführlich beschrieben, dass man Hunderte von Proben genommen hätte auf dem Markt von Tieren, die dort waren, von Käfigen, von allem Möglichen und das jetzt analysieren würde und dann also ganz genau belegen könnte, woran es lag, bzw. in Klammern: Dann würden wir wirklich beweisen, dass es vom Markt kommt. Es war schon alles so ein bisschen tendenziös. Und das Merkwürdige war, dass diese Proben nie analysiert wurden. Die kamen nie. Es passierte nie irgendetwas bis zum Februar 2022, also letztes Jahr. Ich glaube, im Februar war es. Da hat das China CDC, damals noch der Gao Fu, also der der, oder George Gao nennt er sich auch, der sehr internationale, sehr anerkannte Chef vom

chinesischen CDC, von der chinesischen nationalen Gesundheitsbehörde. Der hat eben dann die Proben da veröffentlicht, ich glaube, fast 1400 Proben hatten die dort, davon ungefähr 800 vom Inneren des Marktes und haben die analysiert. Davon waren 64 COVID-positiv. Und da haben sie eben geguckt: Wo waren die, in welchen Käfigen waren da Abstriche von SARS-CoV-2 positiv und so weiter. Also diese Studie, da hat eigentlich... also ich jedenfalls habe absolut nicht daran geglaubt und meine Kollegen auch nicht so recht. Das war mitten in dieser Diskussion, ob es vielleicht aus dem Labor kommt. Und wie der Kai aus der Kiste kamen dann diese Daten, die also jetzt belegen sollten, dass es wirklich der Markt war als Ursprung der Pandemie. Einige amerikanische Fachleute, allen voran der inzwischen dadurch bekanntgewordene Michael Worobey – das ist eigentlich ein Evolutionsbiologe von der Universität Arizona – der hat dann im August 22 in Science einen Riesenartikel geschrieben mit vielen Kollegen zusammen, wo sie gesagt haben: Also jetzt ist alles klar, das kam von dem Markt. Die Labortheorie ist widerlegt und damit eigentlich mehr Gegner beschworen als, sage ich mal, die Diskussion beschwichtigt, weil eben die Daten, sage ich mal, kontrovers waren, ohne jetzt alles wieder anzufangen. Und alle haben sich natürlich gefragt... und das war eben bei der damaligen Studie, von dem George Gao aus dem Februar 22 schon das Komische. Der hat dann immer gesagt: Nee, also wir haben hier humane Sequenzen gefunden. Also die haben gesagt, dort, wo SARS-CoV-2 gefunden wurde, wurden auch genetische Informationen von Menschen gefunden, also DNA von Menschen zusätzlich zu dieser RNA von Viren. Und das war schon alles so ein bisschen an den Haaren herbeigezogen, weil er daraus geschlossen hat, dass es Mensch-zu-Mensch-Übertragungen gegeben haben muss. Aber das muss man sich so vorstellen: Wenn jetzt ein Mensch quasi das Virus an den Fingern hatte oder wenn es anderweitig an so einen Käfig zum Beispiel gekommen ist. Und dann wird er natürlich von irgendwelchen Menschen auch angefasst, so ein Käfig. Und in dem Moment hat man menschliche DNA dort. Und das komische war, dass sie gesagt haben in dieser damaligen Studie schon: Wir haben

überhaupt keine Assoziation mit Tier-DNA gefunden. Also nicht bei einem Tier, was wir untersucht haben, eine Assoziation gefunden. Nur mit Menschen haben sie so eine statistische Analyse gemacht. Wie häufig kam also die RNA des Virus zusammen mit der DNA des Menschen? Und dann gab es aber diese eine berühmte Abbildung, wo eben dann drauf war – das war eine sogenannte Spearman-Korrelationen, das ist so eine statistische Korrelation – und das waren ganz viele Datenpunkte drauf, wo es hieß: Other Spezies, also andere Spezies. Und wenn man also sagt: Okay, wir haben nur Menschen gefunden, und da sind aber diese Punkte von anderen Spezies, das können ja dann eigentlich nur Tiere sein logischerweise. Und deshalb wollten alle immer diese Daten haben. Die waren aber verschwunden. Und jetzt ist es eben – das hat jetzt die Debatte noch einmal hochgekocht – wohl so gewesen, dass eine französische Biologin durch Zufall in dieser weltweiten Datenbank, die es da gibt – GISAID heißt die – dass man da jetzt wohl diese Sequenzen gefunden hat, die all die Jahre vom George Gao, von den Chinesen nicht ausgegeben worden waren, und die wohl auch die Basis dieser Publikation damals waren. Und da hat man eben sehr wohl gefunden, dass da ziemlich viele andere Tiere noch waren und darunter eben auch dieser Marderhund.

08:24

Jan Kröger

Die damalige Publikation vom Februar 2022, die werden wir natürlich online stellen. Übrigens Abbildung vier ist die Abbildung, die letzten Endes die Debatte ausgelöst hat für alle, die sich da auch noch mal reinlesen wollen. Ja, nun kommen wir zu den Daten, die nun neu vorliegen, eben auch einer breiteren Öffentlichkeit, die in China eingeweihten Kreisen ja schon länger bekannt gewesen sein müssen. Wie genau lässt sich das denn jetzt eingrenzen, dieser Verdacht, den ich überall lesen kann, dass jetzt die Marderhunde der mögliche Auslöser der Pandemie oder der mögliche Überträger gewesen sind?

Alexander Kekulé

Also aus meiner Sicht wird es völlig überbewertet. Es ist so, dass The Atlantic – das ist eine sehr renommierte Zeitschrift, die übrigens

auch im Zusammenhang mit SARS-CoV-2 wirklich in der Vergangenheit hervorragende Analysen auch gemacht hat – die haben das zuerst publiziert, und die Überschrift heißt so sinngemäß: Das sei jetzt der stärkste Beweis dafür, dass es also auf diesem Markt von einem Tier auf den Menschen überggesprungen ist. Das kann ich überhaupt nicht unterschreiben und ich wundere mich auch sehr, dass einige Wissenschaftler, aber vor allem sehr viele Wissenschaftsredaktionen, da draufgesprungen sind und das quasi so abgeschrieben und dann auch so geschrieben haben. Also bisher hat man aus diesem Datensatz, der da kurzzeitig veröffentlicht war – der ist erstaunlicherweise gleich danach wieder zurückgezogen worden, da kann ich gleich noch mal etwas dazu sagen – da hat man eben fünf verschiedene Wildtiere identifiziert. Eins davon war der Marderhund, dann so malaiisches Schweinchen – gibt so kleine Schweine, so malaiische Zwergschweine – irgendwelche Igel und sonst was. Auch diese Larvenroller oder Verwandte dieser Larvenroller wurden gefunden. Und so eine sogenannte Bambusratte. Also lauter so kleine Tiere, die in China ja leider eingefangen werden, lebendig angeboten werden, damit man die dann entweder am Markt vom Verkäufer töten lässt oder lebendig mit nach Hause nimmt und zuhause schlachtet, damit man es frisch essen kann. Was bedeutet das, wenn man deren DNA findet in einer Probe, die COVID-positiv ist? Erstens: Man kann nicht im Geringsten darüber eine Aussage machen, ob das Virus jetzt tatsächlich von diesem Tier auf den Menschen überggesprungen ist oder gar auf diesen Markt dort überggesprungen ist, was ja letztlich die Schlussfolgerung ist. Die falsche Schlussfolgerung, die sehr viele jetzt daraus ziehen, weil alle Proben, die man überhaupt untersucht hat, also alle, die damals quasi weiterverwendet wurden, die waren ja COVID-positiv. Also man hat ja nur die Proben weiter untersucht, die Corona-positiv waren und entdeckt, dass einige von denen zusätzlich dann auch DNA enthalten. Also zusätzlich zur Virus-RNA auch andere Erbinformationen von irgendwelchen Menschen und Tieren, die in Berührung kamen mit den Wasserhähnen, die man geprüft hat, mit den Käfigen, mit dem Boden, den man untersucht hat und so weiter im Markt. Das ist ja überhaupt nicht verwunderlich. Ja, das weiß,

der irgendwie so Krimis anguckt. Das sind dann immer ganz oft Abdrücke von irgendwelchen Menschen, die am Tatort waren, ein halbes Jahr vorher vielleicht sogar. Und so ist es hier auch. Also wer auch immer da war, hinterlässt seine genetische Fußspur. Das einzige, sage ich mal, Besondere ist, dass sie bei den Marderhunden angeblich in sechs Proben aus zwei verschiedenen Stellen quasi einen Nachweis gefunden haben. Und da behaupten sie, das sei also jetzt häufiger als die anderen Tierarten. Aber das sagt eigentlich gar nichts. Vielleicht wurden die Marderhunde häufiger verkauft, oder vielleicht hat man nur so eine Stelle abgewischt. Das ist ja keine zufällige Probenahme gewesen. Und außerdem, wie gesagt, das waren alles sowieso positive Proben, SARS-CoV-2-positiv, sodass man diese Korrelation nicht machen kann. Dazu bräuchte man dann auch negative Proben, also SARS-CoV-2-negative. Die hat man aber angeblich nicht. Ich sag mal, was beweist es. Das beweist erstens: ja-wohl, da wurden definitiv diese sechs Tierarten, die man da gefunden hat, oder fünf Tierarten, die wurden da verkauft. Das ist auch schon länger vorher bekannt gewesen. Das haben die Chinesen ganz am Anfang kurzzeitig abgestritten oder zumindest bestritten, dass das häufig war. Dann tauchten Fotos auf, die eben auch dieser Michael Worobey da gesammelt hatte, aus Arizona, wo man gesehen hat, dass schon ein Jahr vorher oder so zufällig irgendwelche westlichen Besucher dort waren und Fotos gemacht haben von den Tieren, die da gehandelt werden. Und jeder, der sich ein bisschen auskennt, weiß, diese Pelztier, also Marderhunde sind ja – muss man sagen – sehen so ähnlich aus wie ein Waschbär mit zu langen Beinchen. Es hat so eine Figur wie ein Fuchs eigentlich, ist ein relativ zartes Tier. Wir wissen ja jetzt auch, was für ein Geräusch von sich gibt und ist eigentlich wie so ein bisschen misstratener Waschbär irgendwie von der ganzen Physiognomie her. Und die haben halt so ein ganz flauschiges Fell, mit langen schwarzen Haaren. Und das ist ein Pelztier. Ja, das wird nicht nur gegessen, sondern vor allem eben auch in der Pelzproduktion verwendet, die es da massenweise gibt. Also ich würde jetzt wahnsinnig gerne sagen „Voilà, es ist der Marderhund“ wie viele andere das auch gemacht haben, weil

das, glaube ich, bekannt ist – meine Lieblingshypothese ist: Das ist von einem Pelztier aus der Zucht und da könnte Marderhund in Frage kommen – weil eben bekannt war, dass die in kleinen Zuchten, die nicht überwacht werden, gerade rund um Wuhan, also in dieser entsprechenden Provinz in China, massenweise gezogen wurden. Und man wusste von 2003, dass die zu den Spezies gehören, die empfänglich sind für SARS-Cov-2. Aber ehrlich gesagt, es ist überhaupt nichts belegt damit. Ich sag mal was Anderes, es sagt der eigentlich Folgendes aus: China hat diese Daten die ganze Zeit gehabt, (verdammst noch mal) nicht herausgerückt, obwohl alle gesagt haben, die müssen das jetzt hergeben nach dieser Publikation damals. Sie haben es genau richtig gesagt: Diese eine Abbildung mit dem merkwürdigen Punkten, die auch dem Text nicht wieder nicht entsprach. Und dann haben sie es kurz eingestellt, und das ist so, wenn man jetzt von dieser GISAID-Datenbank, wenn man da Daten verwenden will und downloaden will – da haben die Franzosen zusammen mit vielen anderen ein internationales Team ja gemacht – dann ist so die Politik dort, dass man sagt, dass man das macht. Also man teilt es dem Autor mit. Da gibt es so einen Weg das zu machen, weil das ja sonst so ein bisschen hintenherum wäre, Daten zu analysieren, die jemand anders hochgeladen hat. Und das haben die gemacht, sagen sie zumindest. Ich habe keinen Grund zu zweifeln. Und daraufhin, zumindest zeitlich kurz danach, sind die wieder rausgenommen worden bei GISAID. Also könnte man sagen: Ja gut, die wollen vielleicht nicht, dass jemand anders ihre Daten jetzt auswertet und zuerst irgendetwas publiziert. Aber mit der ganzen Vorgeschichte stinkt es, ehrlich gesagt, zum Himmel. Und das ist für mich belegt, dass einfach – ich muss es so brutal sagen – dass China lügt, nicht einzelne Personen, also George Gao kenne ich persönlich, also Gao Fu heißt er, eigentlich ist der Vorname Fu gewesen. Er hat in Oxford studiert, bei David Bishop promoviert. Das ist ein ganz toller Mann, der auch für Pandemie-Vorbereitung sich seit langer Zeit vorher schon interessiert hat, viel, viel besser sozusagen da informiert war als so manche andere Chefs von ähnlichen Einrichtungen international. Dem würde ich das nicht unterstellen, aber offen-

sichtlich ist ihm da auf die Finger gehauen worden. Er ist jetzt auch nicht mehr Chef von China CDC seit letztem Jahr, Anfang letzten Jahres. Die haben einfach die Daten zurückgehalten, machen dann Versteckspiel und die lügen. Und das ist ganz offensichtlich. Und wenn ich das weiß, dann glaube ich gar nichts mehr. Dann sage ich, vielleicht haben sie das nur hochgeladen, um die Diskussion anzuschmeißen. Vielleicht haben sie absichtlich... weil ja... ich meine, das mit den Marderhunden ist nicht meine Privatidee, ja. Sondern da gibt es viele Kollegen, die der gleichen Meinung sind. Aber vielleicht haben sie gesagt: Da machen wir mal ein bisschen Marderhund, das ist so was, was die Wissenschaftler sofort fressen und sagen: Stimmt, wir haben es ja schon immer gesagt. Das heißt, es riecht irgendwie so bisschen nach gelegter Fährte, hätte ich fast gesagt. Und was man natürlich – abgesehen von diesem eventuell vorsätzlichen Problem – natürlich sagen muss, ist: Solche Sachen können natürlich auch immer sogenannte Kontaminationen sein. Das heißt, wenn ja: schnell schnell schnell. Das wurde ja hinterher alles vernichtet, desinfiziert, verbrannt. Die Spuren wurden komplett gelöscht im Januar 2020, sodass keine internationalen Teams irgendwie jemals was zu Gesicht bekamen von diesem Markt. Und wenn man das so schnell-schnell macht und dann noch ein paar Proben zieht – Tausende in dem Fall – da kommt schon mal was durcheinander. Da kann es schon mal sein, dass die Hand des Untersuchers mit dran war. Da kann es sein, dass man den Tupfer fallen lässt und dann doch was vom Boden statt vom Käfig mit dran ist. Also es kann sozusagen vorher eine Kontamination gewesen sein, auch in der Weise, dass eben ein Mensch zum Beispiel das Virus an den Käfig gebracht hat und der Marderhund vorher oder nachher dort war. Und es gibt aber auch solche Verunreinigungen, Kontaminationen dann im Labor, wenn man dann anfängt zu arbeiten bei dieser PCR, die man da machen muss, also bei dieser Methode, mit der man das Virus nachweist. Da ist es eben so, dass man die einzelnen RNA-Sequenzen, die man da findet, sehr stark amplifiziert, also verstärkt, vervielfältigt. Und wenn man da solche Massen sozusagen herstellt, dann kann das auch mal eine andere Probe verunreinigen.

Und daher würde ich jetzt mal insgesamt sagen: Das ist einfach extrem störanfällig.

Jan Kröger

Nun habe ich den Artikel im Atlantic natürlich auch gelesen und eine der skeptischeren Stimmen sozusagen, die da zu Wort kommt, die sich also sehr vorsichtig äußert, ist Maria Van Kerkhove, einer der Verantwortlichen bei der WHO für das COVID-19-Programm dort, die einfach sagt: Es ist ein Hinweis, dass da noch mehr Daten existieren in China. Und es wäre nun Chinas Aufgabe, das natürlich sofort verfügbar zu machen. Aber jetzt mal ganz optimistisch gesagt: Aus irgendeinem Grund, kommen die doch noch zur Veröffentlichung, welche Daten könnten uns da denn jetzt noch weiterhelfen?

18:42

Alexander Kekulé

Das einzige, was helfen würde, ist tatsächlich, wenn China die Tür aufmachen würde und sagen würde: Okay, wir zeigen euch die Proben. Da hat man auch dann gewisse Hinweise, ob so was aus Versehen mal kontaminiert wurde im Labor. Da kann man Hinweise darauf finden. Und man müsste wirklich eine unabhängige Zweitanalyse machen, weil was die ja quasi sequenziert haben, da glaube ich überhaupt nichts, was sie da hochgeladen haben. Ich meine, dass die WHO da genau das natürlich auch jetzt fordert. Die sind sehr genervt, Frau Van Kerkhove ist ja da Programmleiterin überhaupt für die Infektionskrankheiten, also nicht mehr für SARS-Cov-2. Und die ist, zu Recht, würde ich mal sagen, auch wenn sie politisch-diplomatisch antwortet hat, hat die einen dicken Hals. Das ist doch ganz klar, so wie wir alle, wenn man so etwas sieht nach dieser Vorgeschichte. Ich setze noch eins drauf. Also, das ist jetzt ein bisschen virologisch. Aber wenn man sich das anschaut: Die haben ja diese Tierarten identifiziert anhand der Mitochondrien-DNA. Also es ist so, jedes Tier hat ein bisschen andere Mitochondrien – also in den Eukaryonten, in den Tieren, die also einen richtigen Zellkern haben so wie wir – da sind so kleine Organellen drinnen, die heißen eben Mitochondrien und die sind zuständig für die, kann man so pauschal sagen, für die Energiegewinnung in der Zelle. Und anhand derer kann man sehr gut

die Spezies feststellen. Und die haben bei diesen veröffentlichten Sequenzen, die jetzt noch nicht alle ausgewertet sind – also die Franzosen haben sie angeblich downgeloadet, das heißt also man wird sie wohl auswerten können – aber da haben die eben zum Teil fast 100% erfolgreiche Sequenzierung der mitochondrialen DNA gehabt. Das ist ganz selten, dass man da so fast alles sequenziert, ja. Also gerade bei so einer Probe, die aus dem Dreck gewonnen ist, ist da normalerweise viel abgebaut. Und man kann froh sein, wenn man so 80% der Sequenz kriegt. Die waren aber fast zu 100% sequenziert. Und schon damals bei dem Gao-Paper aus dem Februar 22 ist einigen Leuten aufgefallen eben, die haben bei einigen Proben es sogar geschafft, das Virus anzuzüchten, also nicht nur RNA nachzuweisen – das können ja abgetötete Viren sein oder Fragmente von Viren – sondern auch lebendige Viren anzuzüchten. Und da muss man sagen, wenn man sich jetzt noch mal erinnert, wie das damals so zugegangen ist: Das ist schon eine Leistung, dass die da quasi von so einem Käfig irgendwie ein replikationsfähiges Virus noch isoliert haben. Das müssen sie entweder sofort, quasi in den gleichen Tagen gemacht haben, oder? Naja, also wie auch immer. Das war erstaunlich, dass dann manchmal die Qualität so super gut war und anderen Stellen nicht so gut. Und das würde ich jetzt als jemand, der auch durchaus öfters mal Gutachten für Gerichte schreiben durfte, würde ich jetzt mal sagen: Das könnte ein Hinweis darauf sein, dass da was gebastelt wurde, dass da was zusammengesetzt wurde, was vielleicht ursprünglich gar nicht so zusammen war. Das erkennen natürlich auch Leute von der WHO, auch wenn die da diplomatischer sein müssen als ich. Und deshalb hat diese Erkenntnis nicht gerade zur Befriedung beigetragen, sondern das Gegenteil eigentlich, dass man jetzt sicher ist, dass die Chinesen da nicht die Wahrheit sagen.

Jan Kröger

Dann können wir das Thema vielleicht für heute abschließen. Nun haben Sie selber gesagt, dass Sie natürlich diese These von Marderhunden oder, allgemeiner gesprochen, einem Säugetiers als Zwischenwirt für das Virus auch immer wieder als plausibel ins Spiel gebracht haben und damit natürlich nicht alleine

standen unter den Virologen. Es gibt ja auch prominente andere, die diese These immer wieder erklärt haben, was dafürspricht. Wie plausibel ist das weiterhin?

Alexander Kekulé

Naja, es ist so: Klar ist, es muss einen Zwischenwirt gegeben haben. Also das kann nicht anders sein aus meiner Sicht, ja. Es gibt auch ein paar Kollegen, die sagen, es geht anders. Aber das haben wir ganz am Anfang dieses Podcasts – interessant, dass das gerade drei Jahre her ist – haben wir die verschiedenen Theorien diskutiert. Es ist so, dass gerade bei dem Wuhan Institute of Virology gab es eine Arbeitsgruppe, die war der Meinung, es könnte auch direkt von der Fledermaus auf den Menschen sozusagen übergehen. Das ist aber eine Mindermeinung, die international jetzt nicht so geteilt wird. Aber, muss man einfach sagen: Es gibt Leute, die meinen, dass es so funktionieren könnte. Die allermeisten Fachleute, die sich mit so etwas auskennen jetzt und schon länger daran arbeiten, sagen: Da muss ein Zwischenwirt gewesen sein, irgendein Säugetier, was quasi immunologisch näher am Menschen dran ist als die Fledermaus. Der Marderhund speziell ist eben von einigen Fachleuten das Lieblingstier, es gibt aber auch ein paar andere, die in Frage kommen, wurden ja auch schon irgendwelche Schuppentiere in Betracht gezogen und sonst was. Die Frage ist nur aus meiner Sicht: Wo hat dieser Zwischenwirt gelebt? Ich habe ja schon mal darauf hingewiesen, dass ganz klar ist, dass man in dem Wuhan-Labor auch Marderhunde als Versuchstiere hatte, genau für solche SARS-Cov-2-Versuche. Und es ist natürlich nicht ausgeschlossen, dass diese Anpassung an den Menschen in einem Tier passiert ist, das im Labor gelebt hat. Dann wäre es sozusagen die Laborhypothese, aber nicht in dem Sinn, dass irgendwelche Dr.-Mabuse-Chinesen da absichtlich ein gefährliches Virus gebastelt haben, sondern das hätte sich quasi herausgemeldet bei deren Versuchen, das zum Beispiel an den Marderhund zu adaptieren. Daher würde ich sagen, dass es einen Zwischenwirt gab, ist klar. Aber das Entscheidende ist doch die Frage: Warum das überhaupt so diskutiert wird. War dieser Ausbruch auf dem Markt, der ja festgestellt wurde um Weihnachten 2019 und der vielleicht, sage ich

mal, 14 Tage vorher begonnen hatte in der Größenordnung – war das wirklich der Ursprung der Pandemie in dem Sinn, dass das Virus dort von einem Wildtier auf einen Menschen überggesprungen ist? Und da würde ich sagen, gibt es keine Belege dafür, im Gegenteil. Es gibt viele Hinweise darauf, dass das Virus schon vorher vorhanden war, schon einen Monat vorher auf jeden Fall, vielleicht sogar ein bisschen länger, und dass Menschen schon vorher infiziert waren. Und sehr wahrscheinlich ist es so, dass es – das ist nach wie vor meine Interpretation der Ereignisse – dass es auf diesem Markt einen Sekundärausbruch gegeben hat, insbesondere im Zusammenhang mit den Kühlanlagen. Es ist ja inzwischen längst bekannt, dass es in Kühlhäusern bei SARS-CoV-2 zu massiven Verbreitungen kommen kann. Und höchstwahrscheinlich ist so was passiert. Und dadurch hat es sicherlich auf diesem Markt viele Fälle gegeben. Es kann auch sein, dass Menschen dann wiederum Tiere infiziert haben. Und das war sicherlich, wenn man so will, die Initialzündung für das Ganze. Aber der Zünder war meines Erachtens woanders. Wo bei ich jetzt nicht das Labor andeuten will, sondern das kann auch ganz was Anderes gewesen sein. Aber es ist jedenfalls nicht dieses von den Chinesen quasi vom ersten Tag an ins Schaufenster gestellte angebliche Ereignis auf dem Markt in Wuhan.

25:45

Jan Kröger

Wir bleiben heute bei den großen Fragen, die diese Pandemie aufgeworfen hat. Die eine ist der Ursprung, die andere ist die Frage: Welche epidemiologische Politik ist im Nachhinein die richtige? Und im europäischen Zusammenhang wurde da häufig der Blick in Richtung Schweden gemacht. Vom schwedischen Sonderweg war zumindest im ersten Pandemie-Jahr 2020 die Rede, weil dort viele Maßnahmen nicht so streng galten wie zum Beispiel hier in Deutschland oder in anderen europäischen Ländern. Nun haben auch Sie immer gesagt, die entscheidende Kennziffer im Nachhinein oder eine der allerentscheidendsten jedenfalls, wird die Übersterblichkeit sein. Und ausgerechnet da liegt nun das schwedische Statistikbüro – also die dortige nationale Behörde sowie das Statistische Bundesamt hierzulande – Zahlen vor,

nach der Schweden im europäischen Vergleich tatsächlich die besten Werte bei der Übersterblichkeit hat. Wie lesen Sie diese Statistik?

Alexander Kekulé

Ja, also, ich war da, ehrlich gesagt schon ein bisschen überrascht. Aber das ist ja in diesem Svenska Dagbladet – habe es jetzt richtig ausgesprochen?

Jan Kröger

Ja, ja durchaus.

Alexander Kekulé

Sie sind ja des Schwedischen mächtig und kennen sich aus.

Jan Kröger

Halbwegs.

Alexander Kekulé

Und deshalb können Sie vielleicht etwas dazu sagen, das ist anscheinend eine seriöse Zeitung.

Jan Kröger

Eine von zwei großen überregionalen Tageszeitungen, die in Schweden erscheinen, also die nicht Boulevardzeitungen sind. Die andere Zeitung wäre Dagens Nyheter. Dazu gibt es natürlich auch in Schweden eine oder auch mehrere Boulevardzeitungen als Tageszeitungen.

Alexander Kekulé

Ja, und die schreiben eben, sie haben das Statistikbüro dort beauftragt, da mal eine Aufstellung zu machen. Und was die eben gemacht haben – das ist eine wirklich eindrucksvolle Grafik – ist, dass die verglichen haben die Übersterblichkeit von 2017 bis 2019, also für drei Jahre vor der Pandemie, mit 2020 bis 2022. Also in gewisser Weise das, wo wir immer darauf gewartet haben, weil ganz viele Leute... ich glaube, der Spruch ist sogar von Lauterbach aus der Zeit war noch kein Minister war, dass er einmal gesagt hat: Abgerechnet wird erst ganz am Schluss oder so ähnlich. Und das ist hier eben auch so. Warum ist das so wichtig? Weil diese Übersterblichkeit, die sagt letztlich, wieviel Menschen sind in den Phasen, wo die Pandemie als zusätzlicher Faktor für

Sterblichkeit dazugekommen ist, mehr gestorben, als man das sonst erwartet hätte. Da macht man nicht einfach nur eine Subtraktion, wenn man sich das vorstellen kann. Sondern man muss quasi die Dynamik ein bisschen vergleichen. Man muss das theoretisch, wenn man das optimal macht – das haben die dort aber nicht gemacht – noch nach Altersgruppen und Veränderungen der Population, ob also die Population zunimmt oder abnimmt oder Ähnliches, also Geburtenziffer, Sterbeziffer, allgemein muss man das noch berichtigen; nach Geschlecht und so was. Das ist jetzt hier nicht gemacht worden. Aber so ganz grob gesagt ist es doch so: Wenn jetzt irgendetwas gesagt hätte in der Zeit, wo mit der Pandemie zu tun haben, werden definitiv nicht mehr Menschen sterben als sonst. Dann hätten wir, glaube ich, uns den ganzen Aufwand kaum gemacht. Dann hätten wir viel selektiver gesagt: Na ja, lass uns mal überlegen, ob wir spezifische Bevölkerungsgruppen schützen können, die ein besonders hohes Risiko haben. Aber wir hätten nicht so einen nationalen oder gar globalen Notfall daraus gemacht und jetzt quasi alle anderen Dinge des Lebens hinten angestellt. Und diese Auswertung, die jetzt da gemacht wurde, heißt eben mal ganz grob gesagt: Sind jetzt mehr Menschen gestorben? Gab es eine Übersterblichkeit? Ja oder Nein? Und die Antwort ist: Ja. In Schweden gab es eine gewisse Übersterblichkeit, also in den drei Pandemie-Jahren sind, so steht es da jedenfalls, 4,4% mehr Menschen gestorben als in drei Jahren vorher, also 4,4% ist innerhalb des statistischen Hintergrundrauschens. Das ist jetzt nicht so, dass man sagen kann: Oh, das ist jetzt eine wahnsinnig harte Zahl, sondern irgendwo eine kleine Zahl. Aber das Interessante ist aus meiner Sicht, dass Länder, die ja eigentlich vergleichbar waren, die eine ähnliche, sage ich mal, grundsätzlich politische Orientierung haben, nämlich die anderen skandinavischen Länder. Wenn man Norwegen anschaut oder vielleicht auch Dänemark, dass die im gleichen Bereich waren, ein bisschen schlechter sogar als Schweden nach dieser Statistik. Aber da würde ich jetzt nicht viel darauf geben. Aber wichtig ist eben einfach, dieser bisschen grobe Blick zeigt keinen Unterschied zwischen Norwegen, die ziemlich strenge Maßnahmen hatten, und Dänemark, die am Anfang strenge Maßnahmen und dann

vor allem eine supergute Impfquote hatten. Schweden hat nach wie vor keine so tolle Impfquote. Ich meine, die liegen noch bei ca. 70% , also 77% oder sowas auf die Gesamtbevölkerung bezogen. Sind also auch schlechter als Deutschland bei der Gesamt-Impfquote. Und es ist ja bekannt, das sogenannte schwedische Modell, der schwedische Sonderweg, wie man das auch genannt hat, war ja so: Schulen blieben die ganze Zeit auf, Gaststätten und so weiter wurden kurzzeitig mal geschlossen, aber dann gleich wieder aufgemacht. Das ist sozusagen nicht der Rede wert. Das Geschäftsleben sah so aus, dass man eigentlich keine harten Restriktionen hatte, sondern nur die dringende Empfehlung, Homeoffice zu machen, was übrigens viele gemacht haben, und Masken gab es als dringende Empfehlung in geschlossenen Räumen, wurde auch viel gemacht. Ich war nicht in Schweden selber, aber ich kenne viele Bilder auch von Gaststätten, wo dann schon die Leute in Innenräumen sich Masken aufgesetzt haben oder auch in der Straßenbahn oder Ähnliches. Aber es gab halt also keinen Lockdown, kein Dran-Denken. Und insgesamt sind die Schweden so ein bisschen mit so einer Mia-San-Mia-Einstellung da durch nach dem Motto So einem richtigen Waräger kann das ja alles nichts anhaben. Jetzt natürlich Entschuldigung für das Klischee. Aber man hatte so das Gefühl, dass die sich irgendwie robuster fühlen als so mancher in anderen europäischen Ländern. Und für mich ist halt dann interessant, dass also Deutschland bei 8,6% liegt, also eine fast doppelt so hohe Übersterblichkeit hat in dieser Statistik. Und dass der Rest der Statistik eigentlich auch in das passt, was man sonst so gelesen hat. Das ist ja bekannt, dass die WHO schon mal so eine Auswertung gemacht hat. Dann gab es ein großes Lancet-Paper, wo das gemacht wurde. Da wurde da runddiskutiert, ob jetzt Deutschland da zu kurz gekommen ist. Wurde noch mal was nachgebessert aufgrund eines Rechenfehlers. Aber insgesamt grob gesagt ist es so, dass man schon sagen muss, also Frankreich ist etwas schlechter als Deutschland. Ungarn liegt bei 10% Übersterblichkeit, also nochmal deutlich schlechter. Das wäre auch das, was man erwarten würde. Griechenland, wo wir wissen, dass die also in der EU zumindest zu denen gehören, die also eine besonders hohe Übersterblichkeit hatten, weil

die ja auch eine sehr alte Bevölkerung haben. Die liegen bei 12%, Italien auch so bei 12,3%, und Bulgarien ist hat die höchste Übersterblichkeit gehabt nach dieser Statistik mit fast 20%. Das heißt irgendwie diese Reihenfolge passt zu allem, was wir bis jetzt gesehen haben, da ist nichts Überraschendes. Und ich habe ja immer gesagt: Schweden hat eigentlich so eine ähnliche Übersterblichkeit wie Deutschland. Und das ist jetzt also das Mindeste, was man sagen muss. Vielleicht ist die Übersterblichkeit sogar weniger groß als in Deutschland. Selbst wenn man diese ganze Ungenauigkeit, die diese Zahlen natürlich haben – ich habe ja die Faktoren gerade genannt – wenn man das alles dazu nimmt, würde man sagen: Bei so einer krass anderen Steuerung der Pandemie-Antwort, die der Herr Tegnell da – der dort letztlich verantwortlich ist, sag mal so der die Pandemie-Maßnahmen gesteuert hat, sich ausgedacht hat – bei so einer krass anderen Antwort würde man selbst bei dieser groben Beurteilung, die so eine Übersterblichkeit bietet, würde man sagen, da muss man irgendeinen Nachteil für Schweden sehen. Aber nein. Im Gegenteil, die schneiden hier besonders gut ab.

Jan Kröger

Vielleicht, um eine Sache noch zu erwähnen, auch das wird in dem angesprochenen Zeitungsartikel erwähnt, ist, dass am Anfang natürlich besonders die Region Stockholm sehr hart getroffen wurde mit vielen COVID 19 Toten. Ist da im Nachhinein vielleicht etwas zu bemängeln, dass Schweden da zu langsam gehandelt hat, ganz am Anfang der Pandemie?

34:04

Alexander Kekulé

Ja also, die... es gibt natürlich Kritik an der schwedischen Linie und ich glaube, es ist bekannt, dass ich einige Aspekte, die der Herr Tegnell da hatte, zu 100% geteilt habe. Er hat am Anfang aber etwas gemacht, was einfach verdammt danach aussieht, als wollte er einfach eine Durchseuchung herstellen. Das hat er hinterher bestritten. Aber es war so, dass an der Stelle ich definitiv anderer Meinung war, dass man keine natürliche Durchseuchung hier machen kann. Ich war auch nie der Meinung, dass die natürliche Durchseuchung sowas wie

Immunität bildete. Da gab es auch deutsche Fachleute, die gesagt haben: Wenn wir alle mal Bekanntschaft mit dem Virus gemacht haben, ist die Pandemie vorbei. Das war relativ abwegig für den Coronavirus und für einen Atemwegserreger, bei anderen Viren gibt es so was. Und auch die Idee, dass man sich aus der Pandemie rausimpfen kann, die dann so aus dieser Ecke kam, die habe ich nicht unterstützt, weil eben die Impfung auch da nie die hundertprozentige Immunität liefert. Ich habe so den Verdacht, dass Schweden, also Herr Tegnell am Anfang so ein bisschen auch diese Idee aufgesessen ist. Er hat es aber hinterher bestritten, muss man dazusagen. Hinterher ist ihm das ja zum Vorwurf gemacht worden. Und er hatte das bestritten, hat gesagt: Nee nee, das habe er nie gewollt. Aber es sah halt am Anfang so ein bisschen so aus, weil wie Sie richtig sagen, es eben dann, als die erste Welle da kam, hat man es erst mal laufen lassen. Mein größter Vorwurf ist, dass die Schweden nicht die Alten geschützt haben. Das haben sie viel zu spät erkannt, dass man da ganz selektiv wirklich was tun muss, und haben es dann auch gemacht. Und es hat ja letztlich auch den Effekt gehabt, dass die Übersterblichkeit nicht so hoch ist, aber eben zu spät. Also das ist der Hauptvorwurf, weil dort wie hier natürlich die Alten und vielleicht noch ein paar Risikopersonen, aber letztlich geht es um die ältere Bevölkerung, die sind die gefährdete Gruppe gewesen. Und wenn ich daran erinnern darf, dieses sogenannte SMART-Konzept, was ich ja sehr früh in der Pandemie aufgestellt habe, ungefähr zur gleichen Zeit, als die Schweden ihre Strategie veröffentlicht haben, das war es S der erste Buchstabe, das war ja „Schutz der Risikogruppen“, und das ist sozusagen das Wichtigste und Zentrale. Und das hat Schweden zu spät begonnen, sonst, meine ich, würden die quasi weltweit als Stars gefeiert werden. Und so ist da natürlich noch ein Wermutstropfen mit drinnen.

Jan Kröger

Wir schauen mal wieder auf das aktuelle Infektionsgeschehen in Deutschland, und da fällt ein Schlagwort ins Auge, das von der Auswertung des Robert-Koch-Instituts vom wöchentlichen Bericht dort der AG Influenza kommt, nämlich eine zweite Grippewelle in diesem Winter in

Deutschland. Wie besorgniserregend ist das denn jetzt?

Alexander Kekulé

Aus meiner Sicht gar nicht. Ich habe das gelesen ja, und mir dann die Daten noch mal angesehen. Das ist halt so: Es gibt eine gewisse Definition des Robert-Koch-Instituts. Die sagen dann an: Bei den Ereignissen sprechen wir von einer Welle. Wir haben ja häufig mal eine zweite Welle im Frühjahr. Bis jetzt ist sie noch nicht aufgetreten. Das hängt immer so ein bisschen mit dem Klima natürlich auch zusammen, auch mit den zirkulierenden Typen, Subtypen von Influenzaviren. Es ist so, dass man seit Anfang Februar sieht, dass die Influenza-Zahlen ein bisschen hochgehen, aber ganz langsam. Das ist so ein kleines schleichendes Ansteigen. Und ab einer bestimmten Zahl von Wochen, in denen es dann eben ununterbrochen hochgegangen ist, heißt es eben dann definitionsgemäß Welle. Das RKI schreibt selber, dass man da jetzt irgendwie nicht groß was draus machen soll. Eigentlich ist es vielleicht sogar eine gute Nachricht, dass andere Erkältungserreger jetzt bis zum Schluss, möglicherweise bis zum Schluss der kälteren Jahreszeit, dominieren. Weil solange die da sind, kann es eigentlich keine richtig dicke SARS-CoV-2-Welle geben. Also die SARS -Subvarianten, die da jetzt gerade in den Startlöchern sind, das sind ja tendenziell Subvarianten von BA.2, die da auftreten, wo wir ja eine relativ schlechte Immunität in Deutschland haben, weil bei uns die BA.2-Welle so schnell durchgerauscht ist, anders als zum Beispiel in Indien, wo es ganz viel Immunität gegen diesen Subtyp gibt letztlich. Da ist es so, dass wir befürchten müssen, wenn jetzt diese sehr jahreszeitlich, sehr saisonal eingeschwungenen Erkältungserreger und Köppe, wenn man das mal dazu nimmt, wenn die wieder zurückgehen, das dann vielleicht auch SARS-CoV-2 noch mal eine Welle machen könnte. Das hatte ich, glaube ich auch mal erklärt, dass das nicht auszuschließen ist. Und so gesehen, sage ich mal, ist mir also eine Welle mit den üblichen Verdächtigen eigentlich lieber als jetzt XBB.1.5 oder wie die dann jetzt heißen bei Omikron hier durchs Land geht und alle wieder nervös macht. Also Welle ja, definitionsgemäß ja, praktisch gesehen spielt es eigentlich keine Rolle.

Jan Kröger

Aber schauen wir noch mal auf eine Variante, die auch unsere Hörerin Monika von einem Schmidt ins Gespräch gebracht hat. Zumindest hat sie Fragen dazu XBB.1.16 oder auch – die hat mal wieder einen schönen Beinamen bekommen – nämlich Arcturus, lässt sich auch in manchen Berichten lesen. Sie hat uns geschrieben: „Bei einem Herrn Ralf Wittenbrink liest man auf Twitter die neueste Variante.“ Damit meint sie, XBB.1.16 könne das angeborene und das adaptive Immunsystem effektiv ausschalten, sodass der Interferonstartschuss nicht bei den Gedächtniszellen ankommt und die Immunabwehr nicht aktiviert würde. Man stünde wieder da, wo man vor den Impfungen gestanden hätte. Würden Sie das anders einschätzen, da der größte Teil der Bevölkerung eine Teilimmunität haben wird, sodass man das wie bereits gehabt als weiteren Schnupfen oder grippalen Infekt erleben wird?

Alexander Kekulé

Naja, ich würde mal sagen, also Twitter und andere soziale Medien können das angeborene Intelligenzsystem des Menschen relativ effektiv ausschalten. Das ist so mein Eindruck. Also dieses Geblöke auf Twitter mit diesen neuen Varianten, das wird langsam unheimlich. Also ich habe das ja schon öfters kommentiert. Es hat absolut nichts zu sagen, wenn jetzt Omikron weitere Untervarianten bildet, solange die nicht von der Krankheitslast her gefährlicher sind. Und zwar deshalb, weil es ja völlig klar ist. Also da dürfen wir uns keiner Illusion hingeben. Es wird neue Omikron-untervarianten geben, hoffentlich nur Omikron, und keine ganz neuen SARS-CoV-2-Varianten, die uns alle wieder anstecken. Das ist so bei den Atemwegserregern. Es wundert sich ja auch keiner, wenn er alle zwei Jahre wieder eine Grippe kriegt oder Ähnliches. Das wird hier auch so sein, außer wir finden einen genial guten Impfstoff, aber die verfügbaren sind dafür nicht geeignet. Und deshalb warne ich wirklich davor, und ich finde inzwischen auch, da machen sich Leute wichtig mit diesem Aufspüren neuer Varianten und Erklären von irgendwelchen Eigenschaften. Also mal ganz konkret: Dieses XBB.1.16, das ist in Indien auftaucht. Und es ist in der Tat so, dass man in Indien

jetzt sieht, dass zugleich mit diesem Auftauchen von XBB.1.16 – das ist eine quasi Vermischung von zwei verschiedenen SARS-CoV-2-Varianten, die da ihre Gene ausgetauscht haben – und zugleich mit diesem Auftauchen sieht man jetzt gerade im Ansteigen der Infektionen: Es ist erstens noch überhaupt nicht klar, ob dieses Ansteigen der Infektionen wirklich auf dieser Variante beruht, weil nämlich viel zu wenig sequenziert wurde dort. Das heißt also, die wissen gar nicht genau, ob jetzt die alle, die da jetzt plötzlich Sars-CoV-2 haben oder positiv geworden sind, ob die jetzt diese Variante haben. Und wenn es so ist, würde ich sagen: Ja, das hat mich eh schon gewundert, dass weder aus China noch aus Indien, wo ja die Gegenmaßnahmen schon lange eigentlich nicht funktionieren und es eigentlich keine Impfung gibt, sondern das Virus sich auf natürlichem Wege, wenn ich mal so sagen darf, weiter optimieren kann; dass wir da keine neuen Varianten bekommen von dort. Bisher nicht. Wenn jetzt XBB.1.16 das sein sollte, dann ist es halt das. Aber es wird auf jeden Fall irgendetwas spätestens im Herbst kommen, was uns auch in Deutschland wieder neue Coronavirus-Infektionen beschert. Und da kann man auf Holz klopfen, hoffentlich keine schwereren als bisher. Und für einige Teile der Bevölkerung wird eine Impfung einen Beitrag dazu leisten. Das ist Quatsch, sich da verrückt zu machen. Es ist nicht so, dass sowohl das adaptive als auch das angeborene Immunsystem hier effektiv ausgeschaltet wird, sondern mit dieser Fähigkeit, das Immunsystem auszutricksen, sage ich mal, sind ja ganz viele Viren beschert. Und das ist so, das SARS-CoV-2 in der Tat Möglichkeiten hat, zum Beispiel die Stärke der Interferonantwort über das angeborene Immunsystem runterzufahren. Also das ist einer der Gründe, warum es manchmal zumindest früher bei den Vor-Omikron-Varianten eben zu einem zu späten Start der Immunantwort kam, was wohl damit zusammenhängt, dass die Menschen dann schwerer krank geworden sind. Das können die, ja, aber das kann XBB.1.16 kein Stück besser oder schlechter als alle anderen. Das ist absolut kein Hinweis darauf, dass sich da etwas geändert hat. Und insbesondere das angeborene Immunsystem auszuschalten ist nicht einfach, weil das eben ein ganz primitives System

hat, Viren zu erkennen oder überhaupt Fremdkörper zu erkennen. Das ist so eine Art heuristische oder generische Erkenntnis, was irgendwie fremd ist, die es nicht so speziell gegen den einzelnen Erreger gerichtet. Und das adaptive, also das wirklich dann lernende Immunsystem – damit meinen wir eben die Antikörper und die zelluläre Immunantwort, die da speziell gegen einen Erreger gerichtet sind – das auszutricksen ist noch wie schwieriger. Da habe ich überhaupt noch nie gehört, dass es da Erreger gibt, die das komplett austricksen können, was natürlich der Fall ist, klar. Neue Erreger sind dem lernenden Immunsystem, dem dem Adaptiven Immunsystem nicht bekannt. Und deshalb kommt es überhaupt zur Zweitinfektion. Weil wenn sie Antikörper hätten, die geeignet sind und auf der Schleimhaut warten, dann kommt es eben nicht zur Zweitinfektion, zumindest zu keiner symptomatischen. Also das stimmt nicht. Die Warnung ist Unsinn, und das ist jetzt einfach nur eine neue Variante. Bei uns haben wir ja in Deutschland durchaus auch – das haben wir jetzt vorhin gar nicht beschwor gesprochen – bei uns gibt es ja auch XBB.1, sagt das RKI mit Sublinien, die fassen das schon einfach alles in einen Topf zusammen, die jetzt bei über 50% inzwischen angekommen sind. XBB.1.5 – das ist so etwas Ähnliches wie XBB.1.16 – liegt jetzt bei 40% in Deutschland. Man kann vielleicht aus diesen Erkenntnissen in Indien und dem immer wieder neuen Auftauchen von neuen Varianten... und ich bin auch sicher, dass wir aus China eine sehen werden, früher oder später. Die Frage ist, ob das die chinesischen Behörden zuerst melden oder die Leute, die das Abwasser von Flugzeugen aus China untersuchen. Wir werden neue Varianten sehen, und ich glaube, was wir schon machen müssen, ist in Deutschland mehr sequenzieren. Es geht doch letztlich darum: Dann kommt dann so jemand aus Indien, meinerwegen mit diesem XBB.1.16 daher und dann schleppt er das in irgendeinem kleinen bayerischen Dorf ein, weil er halt da wohnt und aus Indien zurückgekommen ist. Er steckt erst mal seine Familie an und seinen weiteren Freundeskreis. Alles nicht schlimm, kaum einer hat Symptome. Aber gerade deshalb merkt man es dann so spät, ja. Und dann haben Sie schon einen Riesenausbruch vielleicht mit Tausenden von Fällen von der neuen Variante.

Und dann ist da ein Altersheim nebenan. Und dann gibt es ein Ausbruch im Altersheim, da gibt es doch wieder Tote. Und dann muss man die Frage stellen: Warum haben wir es nicht gemerkt? Ja, weil wir nur so 3% sequenzieren. Das ist, so glaube ich, die Größenordnung, was bei uns gemacht wird und das halt gerade mal nicht dabei war. Deshalb würde ich dafür plädieren: Keine Panik, aber man sollte die, sage ich mal, Kontrolle erhöhen. Wir wollen hier keine kleinen Feuer übersehen und dann erst löschen müssen, wenn es zu einem Flächenbrand gekommen ist. Insbesondere müsse man die Gefährdungsanalyse immer haben, was eben die Risikogruppen betrifft, Altenheime und so weiter. Und wenn man in einer Region wirklich ein Ausbruch von dem neuen Typ hat, der Menschen, die geimpft und genesen sind, nochmal anstecken kann, dann muss man eben auch in Altenheimen wieder Sicherheitsmaßnahmen konsequenter betreiben.

Jan Kröger

Sie haben eben schon angesprochen, welche Rolle die Impfung auch weiterhin spielen muss, wenn wir zum Beispiel jetzt über das weitere Kalenderjahr schauen, auch wieder in Richtung Herbst dann irgendwann. Und da möchten wir auch heute noch auf eine Studie zu sprechen kommen, eine französische Studie. Und da spielt, wenn wir heute schon bei den viel diskutierten Begriffen sind, auch ein weiterer viel diskutierter Begriff eine große Rolle, nämlich der der Hybridimmunität. Was genau sagt denn die Studie aus?

46:53

Alexander Kekulé

Ja, also Hybrid Immunität... noch mal zur Erinnerung: Man weiß schon länger, dass Impfen alleine nicht so gut ist wie Impfen plus Infektion. Also bezüglich der Immunität also, dass Menschen, die eine Infektion hatten und danach geimpft wurden oder andersrum von der Reihenfolge erst geimpft und dann infiziert waren, dass die mit dieser gemischten Immunität besser fahren, sowohl bezüglich der Gefahr, nochmal infiziert zu werden, also überhaupt ihr Schutz vor Ansteckung als solcher, als auch der Schwere der Symptomatik, als auch natürlich der schwersten und tödlichen Verläufe

steht man besser da mit dieser gemischten Immunität. Das ist so ähnlich wie ja schon mal klar war, dass diese heterogene Impfung was bringt, dass man also, war ja damals so, BioNTech plus was anderes nehmen plus Moderna oder sogar ganz früher mal die Vektor-Impfstoffe dazu. Da wusste man schon, dass diese Kombination was bringt. Das kennt man übrigens auch von anderen Viren, dass das so ist. Je breiter man sich da aufstellt sozusagen immunologisch, desto besser ist es. Also, das heißt dann Hybridimmunität. Das ist besser als nur krank werden oder nur impfen. Die Frage ist jetzt nur, wenn man das so weiß, ist man immer noch nicht so schlau bei der Frage: Ja, wen soll ich denn jetzt dann boostern? Also ab wann hat es einen Sinn zu boostern? Muss ich jetzt alle Menschen einmal im Jahr boostern, jetzt, im nächsten Herbst noch mal, oder nicht? Ist es wichtig, Kinder zu boostern? In welchem Abstand? Und so weiter. Um das genauer zu untersuchen, hat diese Arbeitsgruppe aus Lyon sehr, sehr aufwendig über einen längeren Zeitraum Menschen, drei Gruppen quasi, verfolgt. Eine Gruppe, die eben nur geimpft waren, zweimal geimpft mit verschiedenen Impfstoffen, das haben die da einfach zusammengenommen an der Stelle, was glaube ich kein Nachteil war; dann solche, die nur infiziert wurden, die also einmal SARS-CoV-2 hatten, quasi eine einfache Immunität durch Rekonvaleszenz, und dann welche, die beides hatten. Und was hier natürlich klar rausgekommen ist – und das in allen Kategorien – wenn man beides hat, ist es am besten. Also die haben dort interessanterweise... bei denen war jetzt Hybridimmunität bei dieser Gruppe, die sie hatten so definiert, dass das Menschen waren, die zuerst die SARS-CoV-2-Infektion hatten, ausnahmslos, und danach geimpft wurden. Kleiner Nachteil für die Auswertbarkeit: Das waren alles Infektionen, die am Anfang der Pandemie waren. Also das war noch dieser B.1-Typ, der sich in Norditalien durchgesetzt hat. Das heißt also, das ist jetzt nicht unbedingt zu eins zu eins auf Omikron übertragbar. Aber was interessant ist, ist, wenn man das untersucht – und dort vor allem auf die zelluläre Immunantwort geht, von der wir wissen, dass sie ja auch dann schützt, wenn die Antikörper nicht mehr so vorhanden sind – also wenn die Antikörper wieder runtergehen nach ein paar

Monaten, schützt die zelluläre Immunantwort insbesondere gegen schwere Verläufe. Und die haben sie sich deshalb genauer angeschaut. Wir haben ja schon öfters mal gesprochen über verschiedene Immunzellen/lymphozyten, die jetzt diese zelluläre Immunantwort transportieren. Da haben wir gesprochen über die zytotoxischen T-Zellen, also T-Zellen, die in der Lage sind, festzustellen, wenn jetzt irgendeine Schleimhautzelle in der Lunge vom Virus befallen ist. Die merkt das von außen und macht dann die ganze Zelle tot, eliminiert die ganze Zelle. Und dann gibt es aber eben auch interessanterweise B-Zellen. Die produzieren im Prinzip Antikörper. Also die B-Zellen sind die Vorläufer der Antikörper produzierenden Zellen. Und von diesen B-Zellen gibt es eine Untereinheit, die wichtig ist, das sind Gedächtnis-B-Zellen, die gibt es auch. Es gibt Gedächtnis-T-Zellen und Gedächtnis-B-Zellen. Und das Interessante ist: Wenn man so eine Impfung oder eine Infektion hatte, dann reifen diese Gedächtniszellen. Das heißt also, am Anfang sind die Antikörper, die da so produziert werden, die binden nicht sehr gut und sind relativ ungenau. Und wenn der Organismus anfängt quasi dann das immunologische Gedächtnis zu bilden, dann ist er halt so ähnlich wie unser Kopf auch, der merkt sich nur, was wichtig war, also hoffentlich. Und es ist so, dass es hier so ist, dass er sich das merkt, welche Eigenschaften des Virus in dem Fall am leichtesten zu bekämpfen sind oder wo die Antikörper am besten dran binden. Und die Antikörper, die am allerbesten binden – oder genauer gesagt die B-Zellen, die die Antikörper herstellen können – die am besten binden, die werden aufgehoben. Der Rest wird wegschmissen, also wirklich getötet. Dann gibt es quasi ein munteres Sterben unter den Zellen, die Antikörper produzieren, und es werden dann, wenn der Erreger weg ist, für das nächste Mal nur die besten aufgehoben. Und diese Reifung, die eben quasi mit verbesserten B-Zellen zu tun hat, die haben die genauer untersucht. Warum haben Sie das gemacht? Weil man schon länger festgestellt hat, dass diese Gedächtnis-B-Zellen verantwortlich sind dafür, dass Menschen manchmal, wenn sie zum Beispiel früher eine Infektion mit der Delta-Variante hatten, später dann auch eine ganz gute Immunität gegen Omikron haben, also breit

neutralisierende Antikörper plötzlich produzieren. Das heißt also, die normalen Antikörper, die man quasi am Ende der Infektion im Blut hat, die passen eben am Ende einer Delta-Infektion nicht zu Omikron. Und wenn, dann aber zwei Jahre später Omikron kommt bei so einem Menschen, dann werden plötzlich Gedächtnis-B-Zellen rekrutiert. Die entwickeln sich weiter zu Antikörper produzierenden Zellen, die heißen dann auch Plasmazellen, und produzieren jetzt plötzlich so breit neutralisierende Antikörper, die auch gegen den neuen Erreger sind. Und dieses Phänomen, was also ein biologisches Phänomen ist, was uns wahrscheinlich davor rettet, ständig krank zu sein, ist, dass eben wir so eine Art Regenschirmeffekt haben, dass wir eben durch eine Infektion danach auch so ähnliche Viren wiedererkennen können. Die haben die genauer untersucht. Und da haben sie festgestellt – ohne jetzt die Details, die natürlich wie üblich, ein bisschen kompliziert sind, aufzumachen – dass diese breit neutralisierenden, also diese Gedächtnis-B-Zellen, die breit neutralisierende Antikörper machen können, dass die deutlich besser sind, wenn man zuerst die Infektion hatte und dann die Impfung. Also es gibt nicht, was so gut schützt sozusagen wie erst infiziert gewesen zu sein und sich dann zu impfen.

Jan Kröger

Und das impliziert natürlich jetzt etwas, was wir hier sicherlich nicht propagieren wollen. Was machen wir jetzt sozusagen aus diesem Ergebnis? Wie gehen wir richtig damit um? Denn wir können jetzt nicht einfach sagen: Infiziert euch alle erst mal schön und dann lasst euch impfen, dann seid ihr am besten geschützt. Das geht ja bei vielen dann doch nach hinten los.

Alexander Kekulé

Vielen Dank. Das muss man an der Stelle sagen: So einfach ist es eben nicht. Also was schließe ich daraus? Also erstens, wenn es jetzt eine Infektion mit einer SARS-CoV-2-Variante gäbe, von der ich einfach weiß, dass sie mir nichts tun kann, dann würde ich wahrscheinlich sagen: Lieber erst mal infizieren und dann später noch mal drauf impfen, damit es sozusagen dann doppelt festgenagelt ist, genietet und genagelt. Aber das gibt es halt irgendwie

nicht. Also selbst bei der Omikron-Infektion ist es so, dass viele Menschen oder einige Menschen schwer krank werden. Und es ist schwer zu sagen, wer das ist und ob man das dann empfehlen kann sozusagen allgemein. Das steht ein bisschen in den Sternen. Aber die Diskussion ist natürlich dann interessant, wenn man die Frage stellt: Was soll man eigentlich mit Kindern machen, die jetzt noch gar keinen Kontakt mit dem Virus oder mit einem Impfstoff hatten? Ist es für die Entwicklung des Immunsystems besser, zuerst einmal Kontakt mit dem echten Virus zu haben, wissend, dass wir im Moment eben Omikron-Varianten haben, die bei Kindern fast immer harmlos verlaufen? Nicht immer, aber fast immer. Die Fälle, die sozusagen ernstzunehmende Probleme machen, sind in einem Seltenheitswert, der schon in dem Bereich rankommt wie die seltenen Nebenwirkungen der Impfungen. Also, da sprechen wir eigentlich jetzt nicht von komplett anderen Größenordnungen. Das heißt, jetzt muss man überlegen: Wie ist es mit Kindern? Solange wir eben Omikron haben vielleicht, wenn man das erste Mal im Leben Kontakt mit diesem Virus oder eben einem Impfstoff hat, ist es vielleicht besser, das echte Virus zu erleben, dann insbesondere, wenn später andere Viren kommen. Es könnte ja auch mal sein, dass ein neues SARS-CoV-2-Virus kommt oder SARS-CoV-3 SARS-CoV-4. Wer weiß, was die Chinesen jetzt im Moment gerade für wilde Tiere verspeisen, wo dann wieder was überspringen könnte oder irgendwo anders auf der Welt. Entschuldigung, das soll jetzt nicht gegen China gehen. Dann ist die Frage: Ist vielleicht so eine Generation, die das erste Mal Kontakt mit dieser Art von Coronaviren hatte durch eine Impfung, ist die vielleicht vom immunologischen Gedächtnis – wir sagen ja auch Priming dazu – ist die vom Priming her besser oder schlechter aufgestellt, als die, die das Virus erlebt haben? Das ist eine Frage, die offen ist und diese arbeitet deutet darauf hin, dass – zumindest bei dieser Gruppe, die hier untersucht wurde in dem Zusammenhang, wie das untersucht wurde – die Hybridimmunität, wo eben das Virus der erste Kontakt war, besser war. Weil eben diese neutralisierenden Antikörper dann später eine höhere Avidität haben, wie wir sagen, also eine höhere Bindungskraft quasi an das Virus dann später haben. Weil wir vor allem... das ist ein

Aspekt, der mir eigentlich am wichtigsten war in dieser Arbeit: Die haben auch untersucht: Wo gehen diese Gedächtniszellen dann hin, also diese B-Gedächtniszellen? Die unterscheiden sich nochmal daran, dass die verschiedene Oberflächenstrukturen haben und je nachdem, was sie da an der Oberfläche haben wandern sie in verschiedene Bereiche des Körpers. Das ist ganz spannend. Wir haben das bei dem Gesundheitspodcast über AIDS mal besprochen, dass es Zellen gibt, die in den Darm wandern und dort dann die Immunabwehr übernehmen. Das gibt es bei diesen B-Zellen auch, also diese antikörperproduzierenden Gedächtniszellen, die dann später zu antikörperproduzierenden Zellen werden können. Da gibt es eben welche, solche Memory-Zellen, die haben eine Affinität in den Darm zu wandern, in die Lymphknoten, die im Darm sind, ins lymphatische Gewebe dort. Andere gehen in die normalen Lymphknoten, andere bleiben im Blut und so weiter. Also da gibt es wirklich eine Prädisposition, ganz wichtig auch. Bestimmte gehen in die Schleimhäute und in die Haut. Und da haben die diese Marker untersucht, die quasi, wenn ich mal so sagen darf, das Adressschild auf der B-Zelle sind. Wenn man sich das wie beim Postversand vorstellt, steht ja die Adresse drauf, und die Postboten wissen hoffentlich, wo es dann hingeschickt werden soll. Und so ähnlich sind diese Marker auf der Oberfläche der B-Zelle, dass die Zelle im Körper dann dahinwandert, wo sie ihre Arbeit verrichten soll. Und da wurde eben festgestellt – und es ist für mich das wichtigste Ergebnis – die B-Zellen, die einen Marker haben, an den Schleimhäuten tätig zu werden, also die in unseren Schleimhäuten dann später auch zum Beispiel IGA produzieren, also diese Antikörper, die auf der Schleimhaut eine Rolle spielen; die werden selektiv wesentlich besser gebildet, wenn eben zuerst eine natürliche Infektion da ist im Vergleich zur Impfung alleine. Das kann sein, dass das jetzt einen Befund ist, der in einem halben Jahr wieder vom Tisch ist, weil das nur so ein Anfangsbefund ist. Aber ich würde da mal ganz bewusst ein Fragezeichen dahinter machen und sagen: Okay, ich sehe daran, es ist noch viel komplizierter, als man sich das bisher ausgemalt hat. Diese immunologische Prägung ist extrem komplex. Man hat hier so einen Hinweis, dass die Schleimhautimmunität durch

eine anfängliche echte Infektion besser ist. Und wenn es so wäre, dass man jetzt epidemiologisch feststellt, dass so ein Atemwegsinfekt durch eine SARS-Cov-2-Untervariante wie Omikron zu vertreten ist, dann müsste man natürlich sagen: Okay, das ist auf der einen Seite der Waagschale. Und auf der anderen Seite ist die Frage: Was bringt es den Kindern dann, wenn sie geimpft werden? Weil die Impfung ja bekanntlich den Haupteffekt hat – die macht leider keine gute Schleimhautimmunität, das ist ja bekannt – die macht eine Immunität durch Antikörper und auch Zellen im Blut, die gegen das Virus kämpfen. Und das ist ja, wenn man so will, die zweite Verteidigungslinie, die man dann braucht, wenn es um schwerste und tödliche Verläufe geht. Und deshalb impfen wir ja auch. Deshalb war es ja auch dringend notwendig zu impfen. Es ist weiterhin notwendig, die Risikogruppen zu impfen. Nun gibt es aber diese schweren und tödlichen Verläufe bei Kindern, zumindest nicht im messbaren Maße. Also bei Kindern gibt es in keinem Land der Erde irgendwie eine Übersterblichkeit, die man messen könnte. Das heißt also, da muss man schon die Frage stellen: Wann ist es dann sinnvoll zu impfen und mit welchem Impfstoff? Und das liegt halt dann für mich in zwei Schalen der Waage, wo ich sagen muss, es schlägt für mich nicht eindeutig für die primäre Impfung von Kindern um im Moment. Es könnte sein, dass sich die Daten noch ändern. Aber im Moment, sage ich mal, bei der Abwägung der Gesamtumstände, kann ich nicht sagen, dass es eine harte Indikation gibt generell alle Kinder mit den jetzt verfügbaren Impfstoffen gegen die jetzt zirkulierenden Omikron-Varianten zu impfen – natürlich, wie Sie wissen, mit einem gewissen Fingerzeig Richtung STIKO, die in dieser Hinsicht immer noch nicht ihre Empfehlungen geändert hat.

1:00:19

Jan Kröger

Damit sind wir am Ende der 345. Ausgabe von „Kekulé's Corona-Kompass“. Vielen Dank, Herr Kekulé. Den nächsten Corona-Kompass, den gibt es in zwei Wochen zu hören. Am nächsten Donnerstag hören wir uns dann wieder zu „Kekulé's Gesundheits-Kompass“, dann mit einem politischen Thema, der gerade diskutierten

Krankenhausreform. Und einer großen Aufgabe, der wir uns dann stellen, ist dieses Thema so aufzubereiten, dass dann auch alle unsere Hörerinnen und Hörer da gut mitdiskutieren können. Also bis nächste Woche.

Alexander Kekulé

Gerne. Bis dahin, Herr Kröger. Tschüss.

Jan Kröger

Wenn Sie eine Frage haben, dann schreiben Sie uns. Die Adresse lautet mdraktuell-podcast@mdr.de oder rufen Sie uns an kostenlos unter 0800 300 22 00. „Kekulé's Corona-Kompass“ gibt es als ausführlichen Podcast unter *Audio & Radio* auf mdr.de, in der ARD-Audiothek, bei YouTube und überall, wo es Podcasts gibt. Und wer das ein oder andere Thema noch einmal vertiefen möchte: Alle wichtigen Links zur Sendung und alle Folgen zum Nachlesen finden Sie unter jeder Folge unter *Audio und Radio* auf mdr.de.

MDR Aktuell: „Kekulé's Corona-Kompass“
--