

MDR Aktuell – Kekulé's Corona-Kompass

Donnerstag, 21.01.2021
#141: Virus befällt auch das Gehirn

Camillo Schumann, Redakteur, 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:

LongCovid Selbsthilfegruppe (21.01.2021)

<https://www.nakos.de/data/Online-Publikationen/2021/NAKOS-Corona-Selbsthilfegruppen.pdf>

Südafrikanische Studie zur Mutation –
Blutplasma-Untersuchung (19.01.)

<https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2021.01.18.427166v1>

Südafrikanische Studie zur Mutation –
Antikörper-Untersuchung (19.01.)

<https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2021.01.15.426911v1>

Müdigkeit, Schlafstörungen, Depression:
Chinesische Studie zu LongCovid (08.01.)

[https://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736\(20\)32656-8/fulltext](https://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736(20)32656-8/fulltext)

Camillo Schumann:

Donnerstag, 21. Januar 2021.

Spürbar weniger Neuinfektionen. Die 7-Tage-
Inzidenz auf dem niedrigsten Wert seit
zweieinhalb Monaten. Fast 2.000 weniger

Patienten auf Intensivstationen. Sind wir über
den Berg?

Dann: in Baden-Württemberg ist ein Mann
nach einer erneuten Sars-CoV-2-Infektion
gestorben. Was weiß man darüber?

Außerdem: Antikörper sind bei Virus-Variante
aus Südafrika offenbar weniger wirksam. Was
bedeuten diese neuen Studienergebnisse?

Zudem: Müdigkeit, Schlafstörungen,
Depressionen – aktuelle Erkenntnisse zu
„Long-Covid“.

Wir wollen Orientierung g. Mein Name ist
Camillo Schumann. Ich bin Redakteur,
Moderator bei MDR Aktuell, das
Nachrichtenradio. Jeden Dienstag, Donnerstag
und Samstag haben wir einen Blick auf die
aktuellen Entwicklungen rund um das
Coronavirus. Und wir beantworten Ihre Fragen.
Das tun wir mit dem Virologen und
Epidemiologen Professor Alexander Kekulé.

Ich grüße Sie, Herr Kekulé.

Alexander Kekulé:

Hallo, Herr Schumann.

Camillo Schumann:

Zu Beginn der aktuelle Blick auf die Zahlen. Die
machen doch ein wenig Mut. Binnen eines
Tages wurden zwar immer noch über 20.000
Neuinfektionen – Stand heute – gemeldet. Vor
genau einer Woche waren es aber 25.000, also
5.000 mehr. Und diese Daten sind nach
Weihnachten und Jahreswechsel nun auch
belastbar, sagt das Robert-Koch-Institut. Die 7-
Tage-Inzidenz wird mit 119 angegeben. Das ist
der niedrigste Wert seit dem 1. November
2020. Spürbar gute Nachrichten, oder?

Alexander Kekulé:

Das würde ich auch so sehen. Der Lockdown
hat seine Wirkung, und das wird jetzt in der
nächsten Zeit auch so weitergehen. Das ist
vorherzusehen gewesen. Man muss sich jetzt
noch einmal fragen, warum jetzt der Lockdown
von vornherein bis Mitte Februar noch einmal
verlängert wurde, bevor man diese
Entwicklung abgewartet hatte. Aber wie
gesagt, das ist wahrscheinlich eine eher

politische und psychologische Entscheidung gewesen.

Camillo Schumann:

Und setzt sich dieser Trend fort, dürfte der Plan der Politik, bis Mitte Februar bei einer 50er-Inzidenz zu landen, aufgehen. Oder grätscht uns da die Mutation dazwischen?

Alexander Kekulé:

Wenn wir uns an die Regeln halten, die sowieso notwendig sind, die Lücken schließt und das macht, was sowieso notwendig ist, auch mit der vorherigen Variante. Da grätscht uns die Mutation nicht dazwischen, auch keine weitere, sondern das ist das gleiche Virus. Das ist die gleiche Pandemie, das ist eine kleine Veränderung, ja, das ist unangenehm. Man wird jetzt nicht sofort in dem Moment, wo die aufgetaucht ist, von der Bremse gehen, sondern sich das erst mal anschauen. Aber viel gefährlicher als die neuen Varianten sind die Lücken, die wir sowieso schon hatten in Deutschland.

Camillo Schumann:

Kleine Veränderungen, sagen Sie. Die Kanzlerin hat heute bei der Bundespressekonferenz das Bild ein wenig düsterer gezeichnet. Wir hören mal kurz rein:

„Auf der anderen Seite haben wir es nämlich mit erschreckend hohen Todeszahlen zu tun. Das ist furchtbar, allein heute sind es wieder über tausend Menschen. Und auch darüber hinaus haben wir gegenwärtig damit zu kämpfen, dass all unsere Bemühungen gegen das Virus eine Gefahr trotzdem nicht außer Acht lassen können. Unseren Bemühungen droht eine Gefahr, und wir sehen diese Gefahr heute etwas klarer als zu Jahresbeginn. Und das ist die Mutation des Virus, wie sie vor allem in Großbritannien und Irland, aber auch in den Niederlanden, in Dänemark und anderen Ländern nachgewiesen ist. Auch bei uns ist dieses mutierte Virus, wie gesagt, schon nachgewiesen. Aber es ist nicht dominant, jedenfalls bis jetzt nicht. Und trotzdem müssen wir die von dieser Mutation ausgehende Gefahr sehr ernst nehmen. Das kann ich jedenfalls uns allen nur raten.“

Camillo Schumann:

Sie sagen: kleine Gefahr. Die Kanzlerin, die sieht das noch wesentlich schärfer. Wie können Sie die Differenz erklären?

Alexander Kekulé:

Ich habe ja nicht „kleine Gefahr“ gesagt, sondern „kleine Veränderung“. Wie gefährlich das ist, muss man sehen. Aber ich warne davor, alarmistisch zu sein. Wir haben eine höhere Verbreitungsgeschwindigkeit des Virus, bei dieser Variante aus Großbritannien B1.1.7. Aber insgesamt gesehen ist es so: Wir haben nicht nur diese eine Variante, sondern da zirkulären viele. Das sind auch keine Informationen, die wir jetzt so im engeren Sinne erst seit Januar völlig überraschend haben, sondern das war völlig klar. Von Anfang an ist ja auch von einigen Virologen schon vorher vorhergesagt worden, dass das Virus sich anpasst in der Weise, dass es ansteckender wird. Ob diese Variante ansteckender ist, ist aber eine Vermutung. Dafür gibt es deutliche Hinweise. Aber wie wir am Dienstag ausführlich besprochen haben, ist es so, dass die schnellere Verbreitung in England und damit einer wahrscheinlich höheren Infektiosität, also eine leichtere Bindung an den Rezeptor, könnte auch dazu beigetragen haben, das mehr asymptomatische Verläufe, insbesondere bei Kindern sind und/oder dass die Erkrankung über längere Zeit hinweg möglicherweise ansteckend ist bei den Patienten. Es gibt, will ich damit sagen, oft mehrere Faktoren, die dazu führen, dass man in der Epidemiologie im Ergebnis sieht, dass es sich schneller verbreitet. Und einer dieser Faktoren ist möglicherweise eine etwas geringere Infektionsdosis, die man braucht, um jemanden anzustecken. Das heißt aber nicht, dass man z.B. deshalb unbedingt auf FFP-2 umsteigen müsste oder deshalb 2,50 m Abstand statt 2 m machen sollte, sondern der Abstand, der vorher gut war, war richtig. Viel gefährlicher als die Varianten sind die Lücken, die wir jetzt immer noch in der Verteidigung haben. Und damit meine ich ausdrücklich nicht die Bundeskanzlerin. Aber im Ausland gibt es Politiker, die jetzt ständig auf diese Varianten zeigen und damit offensichtlich die Diskussion ablenken wollen

von den Dingen, die noch offen sind auf der To-do-Liste. In Deutschland stehen die Altenheime, das berufliche Umfeld, Infektionen zu Hause und die zunehmende Non-Compliance, also dass die Leute nicht mehr mitmachen wollen bei den Corona-Maßnahmen. Das sind unsere vier Probleme. Und auf die sollten wir uns stark konzentrieren, wissend, dass ein sich schneller verbreiten des Virus diese Aufgabe noch dringender macht. So kann man das schon formulieren. Aber ich habe immer so ein bisschen Angst davor, wenn da so Panik verbreitet wird.

Camillo Schumann:

Haben Sie den Eindruck?

Alexander Kekulé:

Es gibt so einen Satz, den ich überhaupt nicht ausstehen kann es: Wenn Leute sagen: kein Grund zur Panik. Das ist so ein dummer Satz, weil Panik definitionsgemäß unbegründete Angst ist. Jetzt ist mir das kürzlich in einem Radiointerview genauso rausgerutscht und ich bin auch munter zitiert worden. Ich habe hinterher überlegt, warum mir das passiert. Das war so ein kurzes Interview, sodass ich es auch nicht mehr einfangen konnte. Der Grund ist der, weil ich den Eindruck habe, dass andere jetzt Panik haben. Deshalb sage ich: kein Grund zur Panik. Kein Grund zu dieser Panik, die ich da beobachte: Wenn man so sagt, das ist eine Pandemie in der Pandemie. Ich erinnere noch mal daran: Die G-Variante in Norditalien war im Grunde genommen genau das Gleiche, was wir jetzt beobachten. Das war eine Variante, die sich schneller ausbreitet. Damals gab es wenige Leute – zu denen habe ich gehört, die gesagt haben, wir müssen was tun, weil das noch am Anfang ist. Und wir müssen jetzt versuchen, das so lange wie möglich unter Kontrolle zu halten. Sie erinnern sich, dass die große Mehrheit – auch der Fachleute – gesagt hat, nein, das ist nicht nötig. Mit dem bekannten Ergebnis, dass sich die G-Variante weltweit verbreitet hat. Jetzt wird sich möglicherweise B1.1.7 weltweit verbreiten, vielleicht aber auch etwas anderes. Wir werden die nächsten Monate mit vielen neuen Varianten konfrontiert werden. Und da empfehle ich doch nicht jedes Mal, den

Blutdruck steigen zu lassen, sondern zu fragen: Habe ich meine Hausaufgaben gemacht, wo sind in meine Lücken? Und wenn das Haus dicht ist, ist das Haus dicht. Egal, welche Variante da an der Tür anklopft.

Camillo Schumann:

Wir haben die Verlängerung des harten Lockdowns bis Mitte Februar mit teilweise verschärften Maßnahmen und jetzt die Angst vor den Mutationen. Ist denn Mitte Februar klar, wie die Lage der Mutationen in Deutschland sein wird?

Alexander Kekulé:

Sie können aber gemeine Fragen stellen, Herr Schumann. Das ist genau der Punkt. Die Frage ist doch immer bei so etwas: Was ist mein Exit-Szenario? Das weiß jeder General spätestens seit dem Desaster in Afghanistan, wo sich erst Russland oder die Sowjetunion und dann die USA verbrannt haben, weil sie kein Exit-Szenario hatten, (das) weiß man, wenn ich in eine Schlacht gehen oder wenn ich etwas Dramatisches anordnen will –, das gilt genauso für Epidemiologie –, muss ich wissen, wo will ich hin, wie mache ich weiter? Gut, die Bundesregierung sagt, wir wollen auf Inzidenz 50. Da sage ich, ja, das kann schon sein, dass der deutsche Mittelwert in diesem Bereich sinkt für einen Moment. Aber was machen Sie, wenn Sie von der Bremse runtergehen? Die Situation haben wir ja in England und in Irland, übrigens auch in Portugal und in Tschechien – dann gehen die Fallzahlen wieder dramatisch hoch. Dann haben Sie das Gleiche wie vorher. Das ist jetzt die Variante. Aber das ist egal. Es war das Runtergehen von der Bremse. Das heißt, wir brauchen ein kontinuierliches Konzept, mit dem wir, wenn wir irgendwo zwischen 50- und 100-Inzidenz gelandet sind, weitermachen, bis wir alle immun sind. Halbwegs immun mit Blick auf die Varianten, die diese Immunität auch durchbrechen können. Und dieses Konzept kann auch ein anderes sein. Aber wir brauchen so ein Konzept, sonst sind wir immer am Gas geben und bremsen. Und das wird nicht funktionieren.

Camillo Schumann:

Noch mal ein paar Zahlen: Besonders deutlich

wirkt sich der harte Lockdown in den Krankenhäusern aus. Laut Divi-Intensivregister werden stand heute 4.782 Menschen intensivmedizinisch versorgt. Zum Vergleich Ende vergangenen Jahres waren es 6.648, also grob 2.000 Patienten mehr. Bis auf Bremen, Mecklenburg-Vorpommern, Hamburg und das Saarland gehen die Intensivpatienten deutlich zurück, fast 2.000 Patienten weniger innerhalb von 20 Tagen. Das ist doch schon mal eine Aussage und ein Hinweis darauf, dass die Mutation bisher nicht dafür gesorgt hat, dass die Krankenhäuser voll werden, oder doch?

Alexander Kekulé:

Das hat ja auch niemand behauptet. Ich glaube, das steht überhaupt nicht im Raum, dass diese Mutationen irgendwie gefährlicher werden, sondern sie haben eine schnellere Ausbreitung und sind zugleich ungefährlicher. Das wäre sozusagen das Standardprogramm für so ein Virus. Und man könnte sogar sagen, vielleicht passiert es gerade, denn wir haben in England ja gesehen, dass diese Variante B1.1.7 auftritt, sie besonders häufig asymptomatisch verläuft. Und die asymptomatischen sind ja die ungefährlichste oder symptomärmste Variante, die man sich vorstellen kann. Und falls sich das statistisch bewahrheiten sollte, das sind erst einmal so anekdotische Beobachtungen, da muss man eine gute Statistik machen, um zu sehen, ob das signifikant ist – die haben wir noch nicht – aber falls sich das bewahrheitet, könnte es sein, dass vielleicht mehr jüngere Leute betroffen sind oder das aus irgendwelchen Gründen nicht so viele schwerkrank werden. Zugleich ist aber eine schnellere Verbreitung quasi lehrbuchhaft. Und wenn jetzt die Sterblichkeit im Krankenhaus oder auch die Belegung der Intensivstationen nicht so hoch ist – vielleicht hängt es damit zusammen, dass diese Variante überhaupt jetzt schon eine Rolle spielt, das wissen wir ja gar nicht. Ich glaube, ehrlich gesagt auch, wie die Kanzlerin das auch sagt: Die ist wohl nicht dominant in Deutschland, obwohl wir nur schlechte und kleine Stichproben bis jetzt haben. Wenn man auf die Intensivstation schaut – ich habe das auch genau in dem Zitat gerade gehört, dass man sagt, ja, wir haben immer noch so viele Patienten in den Intensivstationen – dieser

Effekt schleppt sich ja – über den Daumen gepeilt – nach den Infektionen drei bis vier Wochen hinterher. Die Intensivbelegungen sind deutlich nachgelagert. Und deshalb ist das, was wir auf den Intensivstationen jetzt sehen, das Ergebnis unserer Bemühungen von vor drei bis vier Wochen.

Camillo Schumann:

Und das wäre der Jahreswechsel, also Ende letzten Jahres.

Alexander Kekulé:

Man kann vielleicht sogar sagen, wenn man jetzt auf der Suche nach Bildern ist, kann man sagen, zumindest bezüglich der Belegung der Intensivstationen und der Sterblichkeit, da hat Weihnachten keine dramatische Verschlechterung gebracht. Das würde ich jetzt schon mal wagen zu sagen. Das heißt also – anders als Thanksgiving in USA – ist es uns gelungen, auch durch die ziemlich restriktiven Maßnahmen, einen Anstieg zu verhindern. Ich glaube, die Menschen waren vernünftig an den Feiertagen. Was der Einzelne macht, was das Individuum macht, ist das Entscheidende.

Camillo Schumann:

Bei aller vorsichtigen Freude über diesen positiven Trend bei den Zahlen müssen wir über eine Meldung sprechen, die doch für einiges Aufsehen sorgte. In Baden-Württemberg nämlich ist zum ersten Mal ein Mann nach einer erneuten Infektion mit dem Coronavirus gestorben. Das hat das Landesgesundheitsamt Stuttgart auf Anfrage von *WDR*, *NDR* und *Süddeutscher Zeitung* bestätigt. Es handelt sich um einen 73 Jahre alten Mann. Er hatte Herz-Kreislauf-Erkrankungen. Der Mann hatte sich im April vergangenen Jahres erstmals mit Sars-CoV-2 infiziert, im Dezember erneut und am 11. Januar starb er an einer Lungenentzündung und Sepsis mit Multiorganversagen. Wie bewerten Sie diesen Fall?

Alexander Kekulé:

Das ist schwer zu sagen, ohne die Patientenakte jetzt im Detail zu kennen, weil Lungenentzündung und Sepsis synonym für eine bakterielle Infektion sind. Das heißt, er hat offensichtlich auf die virale Infektion

obendrauf noch eine bakterielle Superinfektion bekommen, wie wir sagen. Und ob die das war, die tödlich war, oder nicht, das kann man aus der Beschreibung nicht ableiten.

Grundsätzlich ist es so – da haben wir ja schon öfters drüber gesprochen – es gibt definitiv Neuinfektionen. Menschen, die sich in der ersten Welle angesteckt haben, können sich jetzt noch mal anstecken. Wir haben für Europa noch nicht gezeigt, ob das eine andere Variante ist, die da zuständig ist. Es wäre aber, sag ich mal plausibel, dass es häufiger durch eine neue Variante ausgelöst wird. Und es wäre plausibel, dass das in der überwiegenden Mehrzahl der Fälle weniger schwere Infektionen sind beim zweiten Mal. Das muss man klar sagen, auch wenn einzelne Menschen sterben. In diesem Fall war das ja ein älterer Herr mit schweren Vorerkrankungen. Und es war eine bakterielle Infektion, die eine Rolle gespielt hat. Und deshalb kann es gut sein, dass das Fass schon voll war und ein weiterer Tropfen es zum Überlaufen gebracht hat. Das wäre wahrscheinlich auch durch eine Influenza-Infektion, also durch die Grippe, passiert, sodass es jetzt kein typisches Covid-19-Problem ist in dieser Situation. Aber ja, man kann Covid-19 zweimal bekommen, das wissen die Hörer dieses Podcasts schon seit einer Weile. Das ist inzwischen eindeutig. Vor allem in der zweiten Welle kann man es noch einmal kriegen, wenn man es in der ersten Welle gekriegt hat. Und ich hoffe sehr, dass diese Infektionen deutlich schwächer, weniger gefährlich verlaufen als beim ersten Mal.

Camillo Schumann:

Bisher gibt es nur drei bis vier weltweit nachgewiesene Fälle einer Re-Infektion. Das ist, wenn ich Ihnen so zuhöre, absolut unrealistisch, es wird deutlich verbreiteter sein.

Alexander Kekulé:

Ja, das sind drei bis vier Fälle, eine Handvoll, wo das wissenschaftlich akribisch bewiesen wurde. Die waren ja auch schon im Sommer da. Und Hinweise gab es ja in Südkorea schon auf wesentlich mehr Fälle, wo das nicht so sauber akribisch nachgewiesen wurde. Die Gesundheitsämter verfolgen das und die da

arbeiten, die wissen, dass es Menschen gibt, die ziemlich eindeutig im Frühjahr Covid-19 hatten und jetzt wieder positiv getestet werden. Ich gehe davon aus, dass dieses Phänomen existiert. Das passt ja auch in das Bild der Coronaviren. Wir wissen, dass sich die Coronaviren typischerweise so nach ein bis zwei Jahren – in diesem Fall schon schneller, weil es eine massive weltweite Pandemie ist –, so verändern, dass sie dem Immunsystem von jemandem, der das schon mal durchgemacht hat, entkommen können. Und diese anderen Coronaviren, die das machen, machen das so, dass man eine schwächere Krankheit kriegt. Das sind ja bekanntlich nur Erkältungen. Und meine Prognose für die mittlere Zukunft ist, dass wir mit diesem Virus und seinen Varianten auch in dieser Weise leben müssen, dass das wie eine schwere Grippe gelegentlich mal Todesfälle verursacht. Aber bei vielen Menschen, die entweder geimpft sind oder es schon mal hatten, in der Regel höchstens mittelschwere Verläufe bringt.

Camillo Schumann:

Kommen wir noch mal kurz auf diesen Fall zurück. Ob sich der Mann jetzt beim zweiten Mal mit dem gleichen Virus oder einer motivierten Form infiziert habe, könne man nicht sagen, weil man die Probe der Erstinfektion vom April nicht mehr habe, also auch nicht analysieren könne, so zumindest das Landesgesundheitsamt. Und nach Ansicht dieses Gesundheitsamtes gibt es aber keine epidemiologischen Hinweise, dass der Verstorbene mit dieser Mutation in Berührung kam. Deshalb wurde vom örtlichen Gesundheitsamt auch keine genaue Virus-Analyse, eine sogenannte Genomsequenzierung, in Auftrag gegeben. Nur bei den Fällen, bei denen eine Reiseverbindung nach Großbritannien, Südafrika oder Irland besteht, würden wir dem Gesundheitsamt Bescheid geben, eine Sequenzierung zu veranlassen. Eine Genomsequenzierung erst bei einer Reiseverbindung? Ist das nicht gerade die Info, die man braucht, ob die Mutation jetzt schon unter uns ist und bei dem Herrn zugeschlagen hat?

Alexander Kekulé:

Als wir Ende September oder Anfang Oktober darüber gesprochen haben, mag es vielleicht neu gewesen sein für den einen oder anderen, der auch im Gesundheitsdienst arbeitet. Aber nachdem sogar der Bundesgesundheitsminister jetzt im Januar quasi die Parole ausgegeben hat, wir müssen feststellen, welche Genome im Umlauf sind, welche Varianten das sind, weil das nicht geht, dass wir dermaßen hinter Großbritannien und Dänemark und anderen Ländern hinterherhinken, in dieser Phase kann man nicht mehr sagen, ich habe es ja nicht gewusst. Es ist vollkommen klar, dass wir einen Fehler machen, wenn wir sagen, nur die, die aus Großbritannien kommen und eine Reiseanamnese haben, vielleicht auch nur die Grafschaften, wo das B1.1.7 besonders intensiv unterwegs ist, im Südosten der Insel, dass das ein Riesenfehler ist, den wir wiederholen würden. Noch einmal zur Erinnerung: Es war so, dass das Robert-Koch-Institut beim Ausbruch der sogenannten G-Variante in Norditalien genau den gleichen Fehler gemacht hat. Da haben Sie gesagt, jetzt ist erst mal nur Codogno betroffen, diese eine Ortschaft und ein paar Dörfer außenherum. Die haben die sogenannten Risikogebiete erweitert und waren allen Ernstes der Meinung, ein Virus, das in Norditalien weit verbreitet ist, würde in Tirol oder in anderen Teilen Österreichs nicht auftauchen. Und das ist ja schon damals völlig realitätsfern gewesen. Und es gilt jetzt auch. Wir müssen damit rechnen, dass dieses Virus in Deutschland ist. Und deshalb muss jeder, der eine Zweitinfektion hat – dazu kann ich nur aufrufen an dieser Stelle – und sei es auch nur ein Verdacht, weil die erste vielleicht nicht sauber bestätigt wurde – jetzt sequenziert werden. Man kann das neuerdings für 220 Euro selber machen im Labor. Oder man kann es für 20 Euro Portogebühren einschicken ans Referenzlabor. Aber zu sagen, nö, wir machen das nicht, weil der gesagt hat, er war nicht in England, das ist zu diesem Zeitpunkt nicht adäquat.

Camillo Schumann:

Um mal das Robert-Koch-Institut ein wenig in Schutz zu nehmen: Das Gesundheitsamt

könnte ja selber auf die Idee kommen, das proaktiv mal zu machen, weil ja aufgefordert wurde, grundsätzlich fünf Prozent aller positiv Getesteten auch zu sequenzieren.

Alexander Kekulé:

Das war aber jetzt gerade nicht gegen das Robert-Koch-Institut gerichtet. Damals bei der G-Variante in Norditalien haben Sie es verbasselt. Das kann man nicht anders sagen. Jetzt ruft das RKI ja klar dazu auf, diese Sequenzierungen zu machen. Und die Frage ist, warum das Gesundheitsamt, was da zuständig ist, so schematisch denkt. Ich weiß nicht, ob es irgendeine Vorlage dazu gibt. Keine Ahnung. Aber wie gesagt, das Virus ist wahrscheinlich im Land. Möglicherweise macht es auch schon einen erheblichen Teil unserer Fälle aus. Vielleicht hat es auch schon vor Weihnachten einen gewissen Effekt gemacht. Deshalb ist es notwendig zu sequenzieren, wenn man eine Infektion hat.

Camillo Schumann:

Bleiben wir bei der Mutation. In Ausgabe 137 haben wir über die britische, südafrikanische und auch die brasilianische Variante gesprochen. Nun gibt es detailliertere Informationen zur Variante, die in Südafrika unterwegs ist. Da hatten sie ja schon Informationen, die Sie im Podcast auch genannt haben. Nun wurden die Daten veröffentlicht. Mal wieder ein Preprint, muss man dazusagen. Demnach sind Antikörper gegen diese Virus-Variante aus Südafrika weniger wirksam. Und dadurch könnte auch der Impfstoff weniger wirksam sein. Sie haben die Studie gelesen. Gibt es neue Erkenntnisse, die Sie daraus ziehen?

Alexander Kekulé:

Ja, das sind zwei Studien. Die eine ist, glaube ich, schon in so einer Vorabversion mal im Netz gewesen. Zumindest hatte ich die schon gelesen vor ein paar Tagen. Die andere ist in der Version, in der sie jetzt existiert, am Dienstagabend online gestellt worden. Die eine der beiden, aus Johannesburg in Südafrika, die hat sich angeguckt, wie ist es mit Blutspender-Plasma, wenn da neutralisierende Antikörper drinnen sind gegen das Sars-CoV-2, die eigentlich dieses Virus normalerweise

neutralisieren würden, also inaktivieren würden? Wie ist es mit den Varianten oder dieser speziellen Variante? Die heißt da 501 Y Version 2. Gibt es dort eine Neutralisierung, also wirkt es da noch?

Die andere Studie, das ist die von der Rockefeller-Universität in New York. Die haben jetzt konkret geguckt bei Menschen, die quasi freiwillig immunisiert wurden mit den zwei RNA-Impfstoffen von Moderna und von Biontech, und haben geguckt, wie ist es bei deren Antikörpern im Hinblick auf die neuen Varianten. Und bei beiden Studien ist unterm Strich rausgekommen: Es bleibt dabei, wie wir es auch schon mal besprochen haben, das E484K, das ist also diese eine Mutation, die offensichtlich einen Immun-Escape machen kann, da haben wir Daten aus Brasilien und Südafrika. Und bei dieser einen Mutation ist es so, dass Antikörper von jemandem, der die Krankheit durchgemacht hat oder auch Antikörper von jemandem, der geimpft wurde, offensichtlich weniger gut wirken. Und zwar im Sinne von Virus-Neutralisation, also Virus-Eliminierung. Das ist ein schlechtes Zeichen. Das heißt, wir sehen, das zumindest diese eine Mutation, dazu führen kann, dass Impfstoffe nicht mehr so gut wirken oder auch Menschen sich zweimal infizieren können. Bei der anderen Mutation, die eher in England eine große Rolle spielt – die heißt, N501 Y - das ist diese Mutationen, die auf der B1.1.7. -Variante drauf ist – jetzt wird es hier kompliziert im Podcast – und diese andere englische Mutation ist jetzt für mich neu, nachdem ich es jetzt schwarz auf weiß gelesen habe. Vorher war das in den Subkonferenzen nicht so deutlich gesagt worden. Die eine der beiden Studien sagt, auch da gibt es eine gewisse Reduktion der Wirksamkeit der Antikörper. Jetzt muss man aber sagen, wie so etwas gemacht wird: Man nimmt von Patienten, die das Sars-CoV-2 durchgemacht haben die Lymphozyten raus, die weißen Blutzellen, die die Antikörper produzieren, und isoliert sie. Dann macht man daraus sogenannte Klone, das heißt, man sucht solche Zellen, die genau eine Sorte von Antikörpern herstellen. Und wenn man Antikörper gegen das Sars-CoV-2 findet, macht man das so, dass man die nimmt. Die Zellen, die der den stärksten den besten Antikörper herstellen. Da haben die 17

verschiedene rausgesucht von diesem Patienten, die möglichst gute neutralisierende Antikörper gegen das Coronavirus machen. Und mit denen guckt man auf die Varianten und auf den Wildtyp, auf den vorherigen Typ. Das Problem dabei ist, wenn man das mit 17 Klonen macht, ist es trotzdem nur eine Auswahl. Das ist sozusagen wie bei einer riesigen Armee, das Immunsystem. Das ist quasi eine Armee mit vielen Waffengattungen. Da gehen Sie hin und sagen, jetzt nehme ich mal drei Panzer, drei Flugzeuge und zehn Soldaten. Und die gucke ich mal im Vergleich an, wie gut die wirken gegen einen bestimmten Gegner. Das ist nicht repräsentativ. Das heißt, es kann ohne Weiteres sein, dass trotz dieses aktuellen Befundes, dass die 501er-Mutation angeblich zu einer Abschwächung der Immunantwort führt, spielt bei dem Patienten im realen Leben keine Rolle.

Camillo Schumann:

Das ist also ein Hinweis. Man kann jetzt nicht daraus schlussfolgern, die Impfstoffe wirken nicht mehr so wie in den Studien nachgewiesen wurde.

Alexander Kekulé:

Genauso ist es. Vor allem ist es ja so: Pfizer hat genau dieses gleiche Experiment Anfang Januar veröffentlicht. Das waren ähnliche Daten. Und die kam zu dem Schluss, dass es eigentlich eine vergleichbare Schutzwirkung hat. Das ist auch groß durch die Presse gegangen. Ich würde jetzt mal sagen, es ist ein bisschen pari pari. Die von Pfizer sagen, diese britische Mutation wird voll erfasst. Jetzt gibt es eine Studie, die sagt na ja, das ist nicht so. Wir haben das mit einer Universität in Texas zusammen gemacht. Ich glaube nicht, dass sie bei so einer Sache, wo sie dermaßen unter Beobachtung stehen, schummeln würden. Außerdem: AstraZeneca hat schon mal versucht, irgendetwas geradezubiegen in der Kommunikation und ist damit richtig auf die Nase gefallen. Das heißt, ich glaube, die sind da schon offen. Das würde ich schon dringend annehmen. Aber es ist so, das es nicht so leicht festzustellen ist, wenn Sie nur so eine Stichprobe von den Antikörpern haben, wie das im echten Leben wirkt, weil sie da mehr

Faktoren haben, die zusammenwirken. Wir haben auch – das kann ich vielleicht für die, die jetzt am Detail Spaß haben noch sagen – verschiedene Arten von Klassen, von Epitopen, wie wir sagen, also vom Bindungsstellen für Antikörper auf diesem S-Protein drauf. Dieser Spike hat verschiedene typische Bindungsstellen, wo die Antikörper besonders gerne hingehen. Und da gibt es, je nachdem, ob das schon angedockt hat oder nicht angedockt hat, (...) diese Stelle, die da bindet, an das Ziel, (die klappt) so raus. Ich hab das schon mal mit so einer Art Schirm verglichen. Und bei diesem Schnappmechanismus gibt es ein Vorher und ein Nachher. Das eine heißt Up- und das andere heißt Down-Konfiguration, und die Antikörper binden da unterschiedlich. An diesem kleinen Beispiel – das ist nur eins von vielen –, merkt man schon, das ist sehr komplex. Und wenn man da mal 17 Antikörper rauszieht und guckt, wie gut sind die gegen das Original und gegen die Variante, ist das ein Hinweis, aber kein Beweis, dass es zu einem echten Immun-Escape kommt.

Camillo Schumann:

Das war jetzt etwas für Feinschmecker, vielen Dank. Und auch vielleicht noch einmal als Zusammenfassung: Man darf sich nicht von jeder Studie verrückt machen lassen.

Alexander Kekulé:

Das ist ein guter Satz, das sehe ich genauso. Man darf sich auch nicht von jeder neuen Variante verrückt machen lassen, denn weltweit ist es ja nicht nur Herr Spahn, der sagt, wir müssen das jetzt mal machen, sondern viele in der Welt fangen jetzt an, diese Sequenzierungen zu machen. Und ich muss davor warnen, jetzt alle drei Tage wieder fette Schlagzeilen zu produzieren, dass da wieder eine neue Variante kommt. Wie gesagt, den größten Fehler haben wir schon gemacht mit der G-Variante aus Italien. Und seitdem ist das Virus weltweit verbreitet, erfolgreich. Und ob sich da jetzt noch ein bisschen die Farbe ändert oder noch ein bisschen schneller ausbreitet, ist das nicht so schlimm. Solange es nicht gefährlicher wird – und dafür gibt es nicht nur keine Hinweise darauf, sondern sogar die Hoffnung, dass es sich eher abschwächt von der Gefährlichkeit her. Solange es nicht

gefährlicher wird, ist es für mich kein Grund, irgendwie die Maßnahmen zu ändern.

Camillo Schumann:

Heute wird es ja noch eine Telefonkonferenz der EU-Staats und Regierungschefs geben. Und die Kanzlerin hat heute auf der Bundespressekonferenz gesagt, dass man sich europaweit auf diese fünf Prozent Sequenzierungsquote einigen möchte. Das wäre aber trotzdem erst mal ein guter Schritt, um überhaupt erst mal zu wissen, wie diese einzelnen Mutationen in Deutschland unterwegs sind, oder nicht?

Alexander Kekulé:

Sie müssen ja beobachten, was los ist. Das ist wie bei einer Schlacht. Da brauchen Sie erst mal am Anfang einen Lagebericht. Das ist ja eines unserer großen Probleme in Deutschland, dass z.B. die Fragen: Wie viel Zweitinfektion gibt es überhaupt in Deutschland? Wie häufig ist das? Wie viele Infektionen sind bei älteren Menschen in Heimen? Wie viele sind im Zusammenhang mit beruflicher Infektion stattgefunden? Gab es überhaupt Infektionen in den öffentlichen Verkehrsmitteln, wo jetzt die FFP2-Maske getragen wird? Das sind ja alles nur Fragezeichen. Und wenn man jetzt wenigstens bei dieser molekularen Surveillance ein bisschen mehr Klarheit hätte, wäre zumindest ein Stein in diesem Puzzlespiel sichtbar – oder in diesem Memory-Spiel-Bild: man könnte eine Karte so umgedreht, dass man sieht, was drauf ist. Da die anderen Dinge offensichtlich nicht beizubringen sind – das ist in Deutschland eigentlich überraschend, dass man diese Daten nach einem Jahr immer noch nicht hinkriegt – ist es gut, dass man wenigstens diese epidemiologische Surveillance hinbekommt. Aber ich will nun noch mal sagen, das kommt zu spät, um die Entscheidungen zu treffen, die die Kanzlerin und die Ministerpräsidenten sich jetzt für Mitte Februar vorgenommen haben.

Camillo Schumann:

Wir haben über die Re-Infektion gesprochen, über Mutationen gerade. Da ist man schnell bei Langzeitfolgen der Viruserkrankung. Darüber wollen wir jetzt mal ein bisschen vertiefender sprechen.

Es gründen sich in Deutschland immer mehr Selbsthilfegruppen für Menschen mit Corona-Langzeitfolgen, u.a. auch in Leipzig und Umgebung: www.selbsthilfe-leipzig.de, wer sich da melden möchte. Deutschlandweit gibt es auch im Internetportal, Nakos heißt das. Mittlerweile gibt es sehr viele Studien und Erlebnisberichte. Was schätzen Sie, Herr Kekulé, wie viel Prozent aller an Covid-19-Erkrankten müssen damit rechnen, dass sie diese Krankheit jetzt länger beeinträchtigen wird?

Alexander Kekulé:

Und das ist schwierig. Wir haben da – wie immer bei solchen Sachen – so einen Untersuchungs-bias, so nennt man das also, wenn man anfängt, etwas zu untersuchen und die Menschen darauf aufmerksam gemacht sind. Und ich glaube, es gibt auf der Welt niemanden, der nicht auf die Covid-Pandemie aufmerksam gemacht wurde, dann finden die damit scheinbar zusammenhängende Symptome schneller.

Camillo Schumann:

Um „Bias“ noch mal zu erklären: Man macht die Krankheit durch und hört ein bisschen intensiver in sich rein und vermutet, dass das eine oder andere damit in Zusammenhang zu bringen ist.

Alexander Kekulé:

Genau, Bias ist quasi eine Verfälschung der Daten durch meistens subjektive Faktoren. Das gilt aber nicht nur für die Patienten, sondern auch für die Untersucher. Die können jetzt schöne Doktorarbeiten zu diesem Thema schreiben. Und wenn man etwas findet, kann man so was publizieren? Wenn man nichts findet, wird es meistens keiner schreiben. Und deshalb wird da intensiv gesucht nach den Langzeitfolgen. Aber deshalb war ich auch selber immer so ein bisschen skeptisch. Da wurde ja schon im Mai gesagt, es gibt diese Long-Covid-Leute. Inzwischen sieht es so aus, als wäre das ein hartes Phänomen. Es wurde bestimmt bis vor zwei Monaten noch diskutiert, ob das Bias ist durch die Art der Untersuchung quasi ein Scheinphänomen ist. Oder auch subjektiv, dass Menschen, die sehr viele Einschränkungen haben – zum Teil waren

sie auf den Intensivstationen und Ähnliches. Aber inzwischen ist relativ klar, dass es ein Long-Covid-Krankheitsbild im engeren Sinne gibt. Wie viel Prozent jetzt dieses Krankheitsbild im engeren Sinne hat, kann ich jetzt nicht direkt sagen. Aber ich würde mal schätzen: 25 Prozent ungefähr von denen, die überhaupt die Krankheit durchgemacht haben, sind jetzt unmittelbar danach nicht vollkommen gesund. Anders als bei einer Erkältung oder bei einer leichten Grippe.

Camillo Schumann:

Und Long-Covid heißt eigentlich: über den Zeitraum danach. Was schätzen Sie: vier, sechs, acht, zwölf, 16 Wochen danach?

Alexander Kekulé:

Das Problem ist, dass wir die Beobachtungszeit gerade bis zu einem knappen Jahr haben im Moment. Aber es ist so, dass die ersten Studien jetzt vorliegen. Die sind sauber gemacht worden. Nach sechs Monaten ist es eindeutig, wenn man solche Symptome hat – darüber müssen wir vielleicht gleich im Detail reden. Die meisten Studien enden damit, dass sie sagen, wir werden das jetzt weiter fortsetzen. Die sagen immer, okay, das war der erste Zwischenbericht, Fortsetzung folgt nach neun Monaten, nach zwölf Monaten usw.

Camillo Schumann:

Es gibt eine aktuelle chinesische Studie vom 8. Januar im *Lancet* erschienen, da wurde genau dieser Zeitraum sechs Monate betrachtet. 1.733 Covid-Patienten wurden untersucht. Das war eine ambidirektionale Kohortenstudie. Das bedeutet erst einmal was?

Alexander Kekulé:

Also „ambidirektional“ und „Kohortenstudie“, okay. Wenn man so eine epidemiologische Studie macht, gibt es ja Beobachtungsstudien oder Interventionsstudien. Und die Interventionsstudien sind das, was man auch „experimentnah“ nennen würde. Wenn man den Impfstoff testet (macht), macht man eine Intervention. Das andere ist die Beobachtungsstudie. Da schaut man eigentlich nur, was passiert ohne aktiv einzugreifen. Und das kann man entweder mit dem sogenannten Querschnitt machen, das heißt, zu einem

Zeitpunkt X nehme ich mir viele Leute und schau mal, wie viele von denen, die früher geraucht haben, haben jetzt Krebs oder Ähnliches oder haben Krebs entwickelt. Das wäre eine Querschnittsstudie. Und eine Kohortenstudie funktioniert klassisch so, dass man sagt, ich beobachte eine bestimmte Kohorte von Personen über einen längeren Zeitraum, habe die quasi registriert. Und ich greife nicht ein. Aber ich habe eine Kontrollgruppe. Das heißt z.B. in dem Fall Leute, die die Kurve durchgemacht haben und Leute, die eine andere Virusinfektion durchgemacht haben. Da hätten wir eine gute Kontrollgruppe, vielleicht auch aus der gleichen Gegend. Die chinesische Studie wurde ja mit Patienten in Wuhan gemacht, die also am Anfang, im Zeitraum Januar bis Mai 2020 in Wuhan aus dem Krankenhaus entlassen worden sind. Und dann kann man die weiter beobachten. Jetzt kann man diese Kohorte entweder so machen, dass man das bei Null startet, also nach dem Motto, okay, heute ist Entlassungstag aus dem Krankenhaus, jetzt fangen wir an mit der Kohorte. Oder man kann am Schluss starten, dass man sagt, ich schaue mir mal an, wie viele von denen, die jetzt da sind, wurden damals entlassen. Das eine wäre prospektiv des andere wäre retrospektiv. Und die dritte Variante ist die bidirektionale – auf Englisch sagt man auch ambidirektionale. Die funktioniert so, dass ich sowohl nach hinten gucke als auch nach vorne, meistens mit unterschiedlichen Kriterien. Das heißt also, da guckt man z.B. nach hinten, retrospektiv: Wie war in dieser Kohorte der Verlauf im Krankenhaus? Wie schwer sind die krank geworden oder Ähnliches? Und dann sagt man ab einem bestimmten Stichtag, jetzt prospektiv weiter, das heißt, der weitere Verlauf: Wie melden die sich zurück nach dem Zeitraum. Wenn man das an der Uni lernt, gibt es eine berühmte Studie. Das war diese gruselige Aktion: das Agent Orange, dieses Entlaubungsmittel, ist ja da im Vietnamkrieg ausgebracht worden von den Soldaten. Und das hat bekanntlich bei den neugeborenen Kindern Schäden verursacht. Aber war auch klar, dass die Soldaten Ausschlag kriegen auf der Haut und so. Und da hat man retrospektiv geguckt, wie viel Prozent der Soldaten hat einen Hautausschlag und prospektiv, wie viele

kriegen später Krebs? Das ist der Klassiker von so einer bidirektionalen Studie.

Camillo Schumann:

Ich hab ja schon gesagt: 1.733 Covid-Patienten wurden in dieser Kohortenstudie über diesen langen Zeitraum untersucht. Das Ergebnis fasse ich mal kurz zusammen: Müdigkeit, Muskelschwäche, Schlafstörung, auch Depression. Wie hat sich das verteilt? Also wie signifikant war das?

Alexander Kekulé:

Das ist ein dem Fall eindeutig. Die Hinweise gab es ja schon immer, wie Sie richtig auch gesagt haben. Es gibt ja schon riesige Selbsthilfegruppen im Internet. Hier ist es klar gezeigt worden: Also Nummer eins, das Wichtigste: Müdigkeit und Muskelschwäche. Und das muss ich sagen, beobachte ich bei unseren Patienten in Deutschland auch am häufigsten, wird hier berichtet mit 63 Prozent derjenigen, die untersucht wurden. Das ist also schon relativ hohe Zahl. Das heißt also, mit anderen Worten: Über die Hälfte hatten nach sechs Monaten noch was. Müdigkeit und Muskelschwäche ist also etwas Neurologisches. Ein Viertel ungefähr hat gesagt, sie hätten Schlafschwierigkeiten und ein bisschen weniger, auf Platz vier, waren die Depressionen mit 23 Prozent. Das scheint mir ein bisschen viel zu sein. Man muss auch ein bisschen aufpassen. Der Lockdown in Wuhan war da ja richtig massiv. Und die staatlichen Repressalien sind in China ja überhaupt nicht zu vergleichen mit dem, was bei uns passiert. Das ist in China schon etwas anders gewesen. Deshalb würde ich sagen, die Depressionen können auch ein Nebeneffekt der Gesamtsituation gewesen sein.

Camillo Schumann:

Müdigkeit und Muskelschwäche sind sozusagen neurologische Komplikationen. Und man hört ja immer wieder, dass Sars-CoV-2 in das zentrale Nervensystem im Gehirn quasi eingreift. Wie genau macht das Virus das?

Alexander Kekulé:

Das wissen das nicht genau. Aber es verdichten sich inzwischen die Hinweise, dass das Virus neurotrop ist, das heißt, dass es direkt die

Nerven selber befällt. Das war ja immer so eine Diskussion: Ist es jetzt so, dass vielleicht dieses neurologische Phänomen, was man sieht, so ein Nebeneffekt ist? Wir sagen dann eine parainfektiose Erscheinung, also quasi als Nebeneffekt der Infektion, meistens vermittelt durch eine Immunantwort oder Ähnliches. Die Zytokine, über die wir oft gesprochen haben, können so etwas machen, dass man so einen Nebel im Kopf hat und Ähnliches. Oder ist es so, dass dieses Virus echt Nervenzellen befällt? Und Letzteres ist nach meiner Überzeugung inzwischen belegt. Da sind inzwischen die Daten so viele, dass man nicht mehr sagen kann, das ist ein indirekter Effekt.

Und dann muss man überlegen, was ist das für ein Syndrom? Das ist wichtig. Und man muss sagen, wir haben in Deutschland ja auch viele Covid-Kranke. Das ist nicht assoziiert mit den schweren Krankheitsverläufen. Bei schweren Krankheitsverläufen kommt es häufiger vor. Je schwerer die Krankheit, desto häufiger sind solche Long-Covid-Erscheinungen. Aber es ist so, dass das auch bei Leuten, die zu Hause gewesen sind und einen relativ milden Verlauf hatten, die Krankheit nicht mehr aufhören will. Ein Kardinalsymptom, was immer wieder berichtet wird und was vielleicht auch für die Hörer interessant ist, wenn sie jemanden kennen, der so etwas hat, ist Folgendes: Wenn man sich besonders anstrengt, sei es geistige Anstrengung oder körperliche Anstrengung, und eigentlich denkt, ich bin doch wieder fit, merkt man, diese Anstrengung macht mich vielmehr fertig als sonst. Also nach der Anstrengung hat man sozusagen eine überproportionale Erschöpfung. Wir nennen das auf Englisch postexertionelle Malaise, also eine Nachanstrengungserkrankung. Und das ist wiederum ein Symptom, was bekannt ist von einer Krankheit, die es schon länger gibt. Das ist so eine besondere Variante des chronischen Müdigkeitssyndroms. Es gibt ja Leute, die immer müde sind, Studenten und Schüler haben das, klar. Aber diese chronische Müdigkeit ist verbunden mit einer diffusen Hirnentzündung, in dem Fall also der myalgische Enzephalomyelitis. Und das ist dieses Krankheitsbild, das ist bekannt. Und das hat genau dieses Symptom mit dieser Erschöpfung nach Belastung mentaler oder körperlicher Art bei vielen von diesen Leuten.

Die haben so eine Müdigkeit, die selbst durch Ausruhen nicht weggeht. Die können sich zwei Stunden aufs Sofa legen und sind immer noch nicht fit hinterher. Es gibt Schlafstörungen. Manche bleiben auch immer im Bett. Und es sieht so aus, als werde das möglicherweise beim Teil der Patienten sozusagen das neurologische Korrelat ist.

Camillo Schumann:

Ist das vergleichbar mit anderen Viruserkrankungen?

Alexander Kekulé:

Ja, bei anderen Virusinfektionen gibt es verschiedene Situationen. Das eine ist z.B. ein neurotropes Virus, was vielleicht einige noch kennen, was gerade gut untersucht wurde, das Zika-Virus. Das war ja das, was da in Südamerika/Brasilien grassierte, was auch bei Neugeborenen zum Teil Schäden gemacht hat. Und da wissen wir, dass das aufs Gehirn gegangen ist, aufs Nervensystem gegangen ist. Aber da war es so, dass es hinterher dieses Syndrom nicht gab, sondern die Leute sind danach komplett wieder gesund geworden. Dann haben wir aber auch Viren, wie z.B. das Epstein-Barr-Virus, was vielleicht manche kennen. Das ist verantwortlich für Lymphknotenschwellung und Halsschmerzen bei jungen Leuten, eigentlich typischerweise so bei Schülern oder Studenten. Und da gibt es einige, die nach so einer Epstein-Barr-Virus-Infektion chronische Verläufe haben, die genau dieses Krankheitsbild dieser myalgisch-enzephalomyelitischen chronischen Müdigkeit haben. Aber dieses Krankheitsbild, was der Neurologe kennt, das ist eins, was wie die Faust aufs Auge zu diesen Long-Covid passt. Und das wird jetzt intensiv untersucht. Es ist noch nicht bewiesen, dass es das ist. Das wäre nicht so toll, wenn dieses Virus jetzt so eine klassische chronische Erkrankung auch nach sich ziehen könnte.

Camillo Schumann:

Ich habe so das Gefühl, dass dieses Virus das Allerschlechtesten in sich vereint und den Menschen umhaut.

Alexander Kekulé:

Das sehe ich gar nicht mal so. Es ist es ein

neues Virus. Es hätte viel schlimmer kommen können. Also die Pandemien, die wir früher (gesehen) haben, die waren viel fürchterlicher. Das ist jetzt eigentlich für das, was theoretisch noch als nächstes irgendwo aus einer Fledermaus oder einem anderen Wildtier kommen könnte, eher eine Art Generalprobe. Stellen wir uns mal vor, dass wären 20 Prozent, die chronische Erscheinungen haben für sechs bis acht Monate. Klar, ich bin sicher, dass das am Schluss bei fast allen wieder weggeht. Auch diese Lungenerkrankungen, die man gesehen hat, die gehen meistens weg. Aber wenn es so wäre, dass da so eine Art chronische Phase hinterherkommen kann bei einem Teil der Patienten, muss man sagen, für die Volksgesundheit, für die Gesundheit der Weltbevölkerung ist es fürchterlich. Und gerade wenn dieser Corona-Fork, von dem gesprochen wird, dieses Gefühl, sich nicht konzentrieren zu können, so leicht umnebelt zu sein, nicht mehr so leistungsfähig. Ich ziehe jetzt mal die ab, die das so projizieren, sondern ich meine jetzt die, die das ernsthaft haben. Das hätte enorme Konsequenzen. Rechnen Sie mal aus, wie viele Nobelpreisträger wir dabei verlieren und Ähnliches. Andere sagen, es ist gar nicht so gut, so intelligent zu sein. Aber das ist insgesamt, wenn die ganze Menschheit von so etwas betroffen wird, in der Bilanz fürchterlich.

Camillo Schumann:

Von mir an dieser Stelle der Hinweis: Herr Kekulé wollte gerade lustig sein. Nicht, dass ich E-Mails beantworten muss.

Alexander Kekulé:

Wegen dem „nicht so gut, intelligent zu sein“? Das diskutieren wir nochmal separat. Ich wollte eigentlich nicht lustig sein. Nein, es ist manchmal für Kinder, wenn sie mal an Kinder denken, in bestimmten Entwicklungsstadien diese superintelligenten Kinder mit einem IQ 140-plus, die haben es zum Teil nicht leicht.

Wir vergaloppieren uns und kommen zu den Hörerfragen. Dieser Herr hat angerufen und folgende Frage:

„Durch eine Impfung werden ja Fragmente des Virus im Körper produziert. Meine Frage ist:

Sind diese ausreichend, um bei einer PCR oder einem Antigen-Schnelltest für ein positives Resultat zu sorgen? Viele Grüße.“

Camillo Schumann:

Kurze Frage, kurze Antwort!

Alexander Kekulé:

Bei einem Antigentest wird kein falsch-positives Resultat erzeugt. Was sein kann, ist, dass beim Antikörpertest, also wenn man später Blut abnimmt, man nicht sauber unterscheiden kann, ist das jetzt ein Geimpfter oder jemand, der die Krankheit durchgemacht hat? Da könnte es schwieriger werden. Aber der Antigen-Tests schlägt nicht an.

Camillo Schumann:

Damit sind wir am Ende von Ausgabe 141. Vielen Dank, Herr Kekulé. Wir hören uns am Samstag wieder, zu einem Hörerfragen SPEZIAL. Bis dahin.

Alexander Kekulé:

Gerne, bis dahin, Herr Schumann.

Camillo Schumann:

Sie haben auch eine Frage, schreiben Sie uns an mdraktuell-podcast@mdr.de oder rufen Sie uns auch an, kostenlos unter 0800 300 22 00.

Kekulé's Corona-Kompass als ausführlicher Podcast auf mdraktuell.de, in der ARD-Audiothek, bei YouTube und überall, wo es Podcasts gibt.

Wer das ein oder andere Thema noch einmal vertiefen will, alle wichtigen Links zur Sendung und alle Folgen als Textversion zum Nachlesen unter jeder Folge auf mdraktuell.de.

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