2020/13 Ausland

https://shop.jungle.world/artikel/2020/13/shi-zhengli-und-die-fledermaeuse

Zur Erforschung des neuartigen Coronavirus in China und den USA

Shi Zhengli und die Fledermäuse

Von **Detlef zum Winkel**

Über die Herkunft des Coronavirus kursieren verschiedene Gerüchte. Chinesische und US-amerikanische Wissenschaftler, die das Virus erforschen, kommen in ihren Studien jedoch zu ähnlichen Ergebnissen.

Nicht zum ersten Mal ist von China eine länderübergreifende Epidemie ausgegangen. Zum Jahreswechsel von 2002 auf 2003 brach in der südchinesischen Provinz Guangdong die Sars-Epidemie aus und verbreitete sich über Hongkong auf andere Kontinente. Unter anderem wegen dieser Vorgeschichte verfügt die Volksrepublik nunmehr über eine Reihe von Instituten für Epidemiologie, Mikrobiologie und Virenforschung.

Auch in Wuhan, der Hauptstadt der Provinz Hubei, gibt es ein Institut für Virologie. Dort, wo das neuartige Coronavirus sich Anfang Dezember zuerst verbreitete, waren Expertinnen und Experten praktischerweise vor Ort. In Rekordzeit entschlüsselten sie das Genom neuen Virus, am 13. Januar übermittelten sie der Weltgesundheitsorganisation (WHO) **die vollständige Sequenz**. So konnten Institute in verschiedenen Ländern umgehend beginnen, Nachweisverfahren und Testkits zu entwickeln. Die WHO taufte das Virus als Sars-CoV-2. In China hätte man eine andere Bezeichnung bevorzugt, um eine Verwechselung mit dem Sars-Erreger zu vermeiden. Dieses ältere Coronavirus heißt nun Sars-CoV-1.

> Ein Sprecher des chinesischen Außenministeriums verbreitete das Gerücht, US-amerikanische Militärangehörige könnten das Virus nach China gebracht haben.

Die in Wuhan tätigen Wissenschaftler hatten wichtige Beiträge zu dessen Erforschung geliefert. 2005 fanden sie heraus, dass der Erreger, der auf Menschen übergreifen konnte, zu einer Gruppe von Viren gehörte, die bei einer bestimmten Spezies von Fledermäusen, der chinesischen Hufeisennase, verbreitet war. Die Hufeisennase sei mit hoher Wahrscheinlichkeit **der natürliche Wirt** der Sars-Viren. 2013 gelang es den Wissenschaftlern erstmals, ein Virus des Wildtyps zu isolieren, der Hufeisennasen befällt. Seine spezielle Struktur erlaubte es diesem Virus, sich in den Zellen von Hufeisennasen,

Schleichkatzen und Menschen einzunisten.

In einem in der Fachzeitschrift ***Nature*** veröffentlichten Artikel fassten die Forscher ihre Erkenntnisse zusammen – weitsichtig, wie sich inzwischen gezeigt hat: Das Auftreten des Sars-Virus beim Menschen sei eines der folgenschwersten Ereignisse für die Weltgesundheit. Das ebenfalls zur Familie der Coronaviren gehörende Mers-Virus, das sich seit 2012 vor allem auf der Arabischen Halbinsel ausbreitete, lege nahe, dass diesem bedrohlichen Virentyp eine Schlüsselrolle zukomme und er weiter verbreitet sei als bisher angenommen. Denn das Mers-Virus gehe vermutlich ebenfalls auf Fledermausarten zurück. »Unsere Ergebnisse liefern den bisher stärksten Beweis dafür, dass chinesische Hufeisennasen natürliche Reservoire von Sars-CoV sind und dass Zwischenwirte für eine direkte Infektion des Menschen (…) möglicherweise nicht notwendig sind. Sie unterstreichen auch die Bedeutung von Programmen zur Entdeckung von Krankheitserregern bei Hochrisikogruppen von Wildtieren«, heißt es in dem Artikel.

Die prominenteste Forscherin des Wuhaner Teams ist die 55jährige Mikrobiologin Shi Zhengli, Mitglied in der chinesischen Akademie der Wissenschaften und Herausgeberin der Zeitschrift *Virologica Sinica*. Chinesische Medien berichten gerne, was Shi alles herausgefunden hat und welchen Respekt sie weltweit genießt. Sie beließ es nicht bei einer Empfehlung, Coronaviren bei Fledermäusen besser zu erforschen, sondern machte sich selbst auf den Weg. Jahrelang erkundete sie Gebirgshöhlen in ganz China. Dort nahm sie Proben von Fledermausexkrementen, um sie in Wuhan zu untersuchen und die gefundenen Coronaviren zu katalogisieren.

Als im Dezember die ersten Fälle einer atypischen Lungenentzündung in Wuhan auftraten, dürfte Shi geahnt haben, was sich da ereignete – und nicht nur sie. Am 30. Dezember warnte der Arzt Li Wenliang in chinesischen sozialen Medien seine Kolleginnen und Kollegen vor einer Sars-ähnlichen Infektion. Vier Tage später wurde er einem Bericht der BBC zufolge polizeilich vorgeladen. Li wurde beschuldigt, die öffentliche Sicherheit durch die Verbreitung von Gerüchten zu gefährden. Vier Wochen später war er selbst infiziert. Aus dem Krankenhaus hatte Li einen letzten Beitrag auf dem Microblogging-Dienst Sina Weibo gepostet: »Ich frage mich, warum die Offiziellen immer noch behaupten, es gebe keine Mensch-zu-Mensch-Übertragung und dass keine Menschen in der Pflege infiziert seien.« Nach Angaben chinesischer Medien verstarb der Arzt am 7. Februar an seiner Covid-19-Erkrankung. Durch die Missachtung und Unterdrückung von Lis Warnung haben die Verantwortlichen die für die Ausbreitung der Epidemie entscheidende Anfangsphase verstreichen lassen.

Zu dieser Zeit waren die ersten mikrobiologischen Analysen des neuen Virus schon ausgewertet. Da zu den mutmaßlich ersten Infizierten im Dezember sechs Händler des Huanan-Fischmarkts in Wuhan gehörten, wurden von den dort verkauften Waren Proben genommen, insbesondere von Wildtieren. Beim Schuppentier Pangolin, das in Asien ebenso wie in Afrika als Delikatesse gehandelt wird, fand man ein Coronavirus, dessen Genom zu 99 Prozent mit dem von Sars-CoV-2 übereinstimmte. Shi Zhengli entdeckte in ihrer Datenbank ein Fledermausvirus mit 96 Prozent Übereinstimmung, nachgewiesen bei einer Java-Hufeisennase in der südwestchinesischen Provinz Yunnan. Wahrscheinlich, so Shi, sei eine Übertragung von Fledermäusen über Schuppentiere zu Menschen. Andere

chinesische Forscher vertreten die Meinung, es habe bereits vor dem 8. Dezember an anderen Orte **Infektionen** gegeben. An diesem Tag wurden erstmals Symptome von Infektionen mit Sars-CoV-2 in Wuhan festgestellt.

Am 3. Februar publizierten Shi und andere Forscher die Ergebnisse ihrer Untersuchungen in ***Nature***. Das neue Virus gehöre zur Familie Sars-CoV und dringe auf gleiche Weise in menschliche Zellen ein. Man habe schon lange damit rechnen müssen, dass dieser Virentyp neue Krankheiten verursacht. Wichtige Fragen seien allerdings noch offen. So müsse der letzte Beweis noch erbracht werden, dass Sars-CoV-2 für die Lungenerkrankung Covid-19 verantwortlich sei. Der Übertragungsweg und mögliche Zwischenwirte stünden noch nicht fest. Dringend müsse untersucht werden, ob das Virus über eine Ausbreitung von Mensch zu Mensch zu noch aggressiveren Varianten mutiert.

Mit dieser Arbeit bestätigte Shi ihren Ruf als international führende Virenforscherin. Wie die in Hongkong erscheinende ***South China Morning Post*** berichtete, kam es in chinesischen sozialen Medien jedoch vermehrt zu feindseligen Äußerungen gegen Shi. Viele Nutzerinnen und Nutzer hätten ihr vorgeworfen, der neue Erreger sei aus dem Labor der Wissenschaftlerin in Wuhan entwichen. In der Stadt habe sich das Virus schließlich zuerst verbreitet. Über den Kurznachrichtendienst Wechat teilte Shi mit: »Ich schwöre bei meinem Leben, dass das Labor nichts damit zu tun hat.« Bei ihren Expeditionen habe sie stets Schutzanzüge, Handschuhe und Atemmasken getragen.

US-Medien behaupteten, Sars-CoV-2 könne ein Kollateralschaden chinesischer Biowaffenforschung sein. Der Verdacht beruhte darauf, dass das erste chinesische Hochsicherheitslabor der höchsten Schutzstufe (BSL-4) vor nicht allzu langer Zeit am Institut für Virologie in Wuhan angesiedelt wurde. In dem Labor werden auch Coronaviren erforscht. Die chinesische Regierung nimmt den Vorwurf mangelnder Sorgfalt beim Umgang mit gefährlichen Viren offenbar sehr ernst. Das Sicherheitsmanagement in Biolaboren müsse verschärft werden, ordnete die Regierung an. Ein Sprecher des chinesischen Außenministeriums verbreitete das Gerücht, US-amerikanische Militärangehörige könnten das Virus nach China gebracht haben.

Die Vermutung, das neue Virus sei menschengemacht, hat eine Forschergruppe um den Immunologen Kristian Andersen vom kalifornischen Scripps Research Institute inzwischen in einem in ***Nature*** veröffentlichten Artikel widerlegt. Das molekulare Gerüst von Sars-CoV-2 unterscheide sich deutlich von allen bislang bekannten Coronaviren. Bei gentechnischen Anwendungen experimentiere man nicht aufs Geratewohl, sondern arbeite mit bekannten Molekularstrukturen. Daher müsse das Virus durch natürliche Evolution entstanden sein.

Andersen und Kollegen gehen von zwei möglichen Szenarien aus. Dem ersten Szenario zufolge mutierten Coronaviren in tierischen Wirten wie Fledermäusen, Schleichkatzen, Pangolins oder Kamelen zu Krankheitserregern mit der Fähigkeit, in Humanzellen einzudringen. Diese seien von den Wirtstieren auf Menschen übertragen worden. Dem zweiten Szenario zufolge ist eine nichtpathogene Version des Coronavirus auf Menschen übergegangen und dann innerhalb der menschlichen Bevölkerung zu Sars-CoV-2 mutiert. Damit kommt die Forschergruppe zu ähnlichen Ergebnissen wie Shi und ihre Kollegen

2013.

Von einem Durchbruch sind die Wissenschaftler noch weit entfernt. Zudem spricht der tragische Fall von Li Wenliang nicht dafür, dass sie frei von Zensur und politischem Druck arbeiten können.

© Jungle World Verlags GmbH