

„Theoretisch hätte uns die Aids-Pandemie erspart bleiben können“

Stand: 29.04.2020 | Lesedauer: 10 Minuten



Von **Pia Heinemann**
Ressortleiterin Wissen



Fabian Leendertz sucht unter anderem an der Elfenbeinküste nach Viren in Wildtieren

Quelle: Dr. Roman Wittig; KAMBOU SIA/AFP via Getty Images

Den Ursprung einer Epidemie zu finden ist nicht leicht, sagt Fabian Leendertz. Er jagt seit Jahrzehnten Erreger – und hat die Quelle für Ebola in Westafrika gefunden. Der Forscher erklärt, warum die Suche so schwierig ist und welche Rolle Affen dabei spielen.

Es ist ein sehr seltenes Ereignis, dass ein Virus von Tieren auf den Menschen überspringt und sich dann, wie das neue Coronavirus, von einem Menschen zum nächsten verbreitet. Aber wenn es passiert, kann das zur globalen Gesundheitsgefahr werden. Deshalb sind weltweit Wissenschaftler unterwegs, um im Urwald, in abgelegenen Dörfern und auf Tiermärkten nach potenziell gefährlichen Erregern zu suchen. Der Zoonoseforscher Fabian Leendertz erklärt, wie man die Krankheitserreger aufspürt – und dass eine solche Karte der potenziellen Pathogene nicht ausreicht, um Epidemien zu verhindern.

WELT: Sie arbeiten seit 20 Jahren im Tai-Nationalpark in der Elfenbeinküste und haben dort zu Schimpansen (<https://www.welt.de/themen/schimpansen/>) und Viren geforscht. Mittlerweile leiten Sie am Robert-Koch-Institut (<http://www.rki.de>) eine Arbeitsgruppe (<https://www.leendertz-lab.org/>), die sich mit der Epidemiologie von hochpathogenen Organismen wie Viren oder Bakterien beschäftigt. Dazu untersuchen Sie und Ihr Team in den entlegenen Gebieten West- und Zentralafrikas Wildtiere. Warum?

Fabian Leendertz: Kurz gesagt, wir wollen wissen, welche Viren es wo gibt – und ob sie für Menschen gefährlich sind. Die Welt der Mikroben ist enorm vielfältig, und weil Menschen immer stärker in bislang unberührte Lebensräume vordringen, müssen wir davon ausgehen, dass potenzielle Erreger, die bislang nur in Tieren kursieren, auf Menschen überspringen.

WELT: Als besonders beliebte Reservoir (</wissenschaft/plus207406433/Coronavirus-Welche-Rolle-Tiere-bei-der-Verbreitung-spielen.html>) für solche potenziell gefährlichen Erreger gelten Fledermäuse (<https://www.welt.de/themen/fledermaeuse/>) und Flughunde (<https://www.welt.de/themen/flughunde/>). Von ihnen stammen Erreger wie Sars, Mers, das neue Coronavirus – aber auch Hendra, Nipah, Ebola (<https://www.welt.de/themen/ebola-virus/>) und das Marburg-Virus.

Leendertz: Das stimmt. Aber auch andere Tiergruppen sind bekannte Virenreservoir. Für Menschen sind zum Beispiel auch Nagetiere und Arthropoden zu nennen.

WELT: Wie läuft eine Virensuche ab?

Leendertz: Typischerweise arbeiten in meinem Team Doktoranden daran – wir bemühen uns dabei, junge Wissenschaftler aus der jeweiligen Region, in der wir auf die Erregerjagd gehen, dafür zu gewinnen. Im ersten Schritt müssen sie erst einmal möglichst viele Proben und Daten gewinnen. Dazu stellen sie zum Beispiel in der

Steppe im Norden der Elfenbeinküste, im Buschland in der Mitte des Landes und im Regenwald systematisch Fallen entlang eines Gradienten auf: im Dorf, in den Feldern und im Umland. Das ist wichtig, damit wir – falls wir Viren finden – abschätzen können, wie hoch das Risiko für Dorfbewohner, Farmer oder Jäger ist, mit diesen Viren in Kontakt zu kommen.

WELT: Der Wissenschaftler geht dann jeden Tag die Fallen ab und entnimmt den gefangenen Tieren Blut?

Leendertz: Ja. Wenn es geht, werden von jedem Tier Blut, Urin, Kot und ein Rachenabstrich gesammelt. In einem Monat kommen 500 bis 600 Tiere zusammen. Je mehr, desto besser – damit wir auch statistische Auswertungen machen können. Im Partnerlabor vor Ort werden diese Proben auf die bekannten Virenfamilien hin untersucht.

WELT: Wie machen Sie das?

Leendertz: Meist mit einer normalen PCR (Polymerase-Kettenreaktion). Man geht erst einmal grob vor, sucht also nach bestimmten bekannten Gruppen und nach besonders wichtigen Erregern. Nur wenn es Auffälligkeiten gibt oder wir von besonderen Tierarten wie Primaten (<https://www.welt.de/themen/affen/>) Proben haben, analysieren wir feiner. Dann kommt die sogenannte Next-Generation-Sequenzierung-Methode (NGS) ins Spiel, eine moderne, aber auch etwas aufwendigere Methode. Letztlich wird hierbei das gesamte Erbgut in den Proben untersucht, also das Erbgut des Tieres selbst, aber auch das aller Bakterien und Viren, die es in sich trägt. Es entstehen so viele Daten, dass man sie nur noch bioinformatisch auswerten kann.

WELT: Dadurch erhalten Sie zwar eine recht genaue Karte davon, wo Erreger vorkommen – aber gewonnen ist damit noch nicht besonders viel, oder?

Leendertz: Es ist wichtig zu wissen, welche Erreger wo vorkommen. Sehr viele sehr gute Kollegen suchen nach Erregern an den Virenhotspots dieser Welt. Diese Daten

helfen beispielsweise auch Tropeninstituten, ihre Gesundheits- und Impfeempfehlungen für verschiedene Länder zu formulieren.

WELT: Diese Programme existieren seit Jahrzehnten. Langsam müsste man die Risikogebiete gut eingrenzen können...

Leendertz: Tja, das sagt sich so leicht, die Welt der Erreger ist enorm groß und vielfältig – wir kennen nur einen Bruchteil der Mikroben. Und was auch wichtig ist: Es können ja immer neue Varianten entstehen. Das ist auch ein Grund, warum wir uns in Westafrika nicht mit dem reinen Beschreiben der Viren begnügen. Denn tatsächlich bedeutet der Fund eines Erregers in einer Region ja noch lange nicht, dass auch Menschen durch ihn bedroht sind. Deshalb interessieren wir uns auch dafür, ob sich Menschen mit diesen bestimmten Erregern infizieren können und, wenn ja, wie stark sie erkranken.

WELT: Ein Beispiel?

Leendertz: Wir haben vor drei Jahren in der Elfenbeinküste das Lassa-Virus bei Mäusen nachgewiesen. Das war eine große Überraschung, weil niemand wusste, dass dieses Virus dort vorkommt, niemand hatte es in Tieren gefunden. Es gab nur den Fall einer Deutschen, die an dieser Krankheit gestorben ist, nachdem sie in Burkina Faso, der Elfenbeinküste und in Ghana unterwegs war. Diese Länder galten bis dahin als frei von Lassa. Wir haben das Virus dann in Mäusen im Norden der Elfenbeinküste gefunden – die Touristin, die 15 Jahre vorher genau in dieser Gegend unterwegs war, hat sich also möglicherweise dort angesteckt.

Die große Frage war nun, wie kommt es, dass sich dort eine Touristin ansteckt, aber keine Infektionen bei den Menschen vor Ort bekannt sind. Also haben wir gemeinsam mit der lokalen Bevölkerung eine Studie durchgeführt. Wir wollten wissen, ob das Virus auch tatsächlich in der Bevölkerung grassiert, ob es aber im Grundrauschen der vielen Infektionskrankheiten

(<https://www.welt.de/themen/infektionskrankheiten/>) bislang nur niemandem aufgefallen war. Wir haben nach Antikörpern im Blut der Menschen gesucht. Und

tatsächlich scheinen sich viele Menschen in dieser Gegend mit dem Virus anzustecken, ohne dass es auffällt. Momentan schauen wir, ob in der lokalen Klinik nicht doch unerkannte Fälle vorkommen. Solche Studien, in denen nicht nur Tiere, sondern auch die Menschen vor Ort untersucht werden, sind sehr aufwendig, man braucht gute lokale Partner, Kontakte zu den Behörden und das Vertrauen der Bevölkerung.

WELT: Sie untersuchen nicht nur kleine Säugetiere und Menschen, sondern auch Primaten. Sie selbst haben dazu einmal 14 Monate am Stück mit Schimpansen zusammengelebt. Warum sind die Menschenaffen wichtig für die Zoonoseforschung?

Leendertz: Wie gesagt, wir wollen ja nicht nur Viren und Erreger um des Kartierens willen sammeln, sondern wir wollen wissen, was relevant ist. Menschenaffen sind dazu prädestiniert, Sie sind unsere nächsten Verwandten – und wir können davon ausgehen, dass Erreger, die auf sie überspringen, auch für Menschen relevant sind.

WELT: Was bedeutet das?

Leendertz: Im Tai-Nationalpark kam es seit 2004 immer zu merkwürdigen Todesfällen unter Schimpansen. Die Tiere waren nicht lange krank, sondern fielen einfach tot um, ich habe das selbst gesehen. Die Obduktion der Tiere zeigte, dass sie an Milzbrand (<https://www.welt.de/themen/milzbrand-anthrax/>), also Anthrax (<https://www.welt.de/themen/milzbrand-anthrax/>), gestorben waren.

Interessanterweise haben wir in den toten Tieren jedoch nicht die Bakterien, die diese Erkrankung normalerweise hervorrufen, *Bacillus anthracis*, gefunden, sondern einen anderen Erreger identifiziert, der, was man vorher nicht wusste, ebenfalls Anthrax auslösen kann. Wir haben so also einen bisher unbekanntem durchaus gefährlichen Keim entdeckt.

Auch im Fall von HIV wären die Schimpansen übrigens ein guter Indikator gewesen. Wir wissen inzwischen, dass sie sich mit dem Virus bei anderen Affen angesteckt haben und daran erkranken können. Hätte man das frühzeitig bemerkt, wäre

deutlich geworden, wie hoch das Risiko ist, wenn man diese Tiere jagt und isst. Theoretisch hätte uns die Aids-Pandemie erspart bleiben können.

WELT: Es ist bei neu auftretenden Krankheiten immer eine gewisse Detektivarbeit notwendig, um herauszufinden, woher sie eigentlich kommen. Beim bislang größten Ausbruch von Ebola in Westafrika im Jahr 2014/2015 ist Ihnen das gelungen.

Leendertz: Es ist uns fast gelungen, würde ich sagen. Der letzte Beweis aber fehlt.

WELT: Wie sind Sie damals vorgegangen?

Leendertz: Wir hatten den Vorteil, dass wir schon lange in Westafrika arbeiten, wir hatten im südlichen Guinea, der vermuteten Ursprungsregion der Epidemie, viele Kontakte zu Artenschützern, wir hatten Autos und lokale Partner vor Ort. Wir sind mit 17 Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern und einer Anthropologin losgezogen und haben untersucht, ob es unnatürlich viele Todesfälle bei Menschenaffen gab. Wenn ein Jäger einen frisch verstorbenen Primaten im Wald findet, wird er ihn nicht liegen lassen. Er wird ihn mitnehmen, und Menschen werden das Fleisch essen. In Zentralafrika wurde Ebola vermutlich öfters so über Bushmeat auf den Menschen übertragen. Aber den Schimpansen im Südosten Guineas ging es gut.

WELT: Also konnten Sie Bushmeat ausschließen?

Leendertz: Ja. Außerdem sagten uns die Gesundheitsbehörden dann, dass sie sich nun sicher waren, dass die Seuche im Dorf Meliandou begonnen hatte. Sie konnten uns auch sagen, welche Familie wohl als erste an Ebola erkrankt war und dass es die Kinder waren, die als Erste gestorben waren, später starb dann die Mutter während der Geburt eines weiteren Kindes, eine Hebamme hatte das Virus dann weitergetragen. Wir sind dorthin und haben mit den Dorfbewohnern gesprochen. Hierbei waren die Anthropologin und unsere lokalen Mitarbeiter sehr wichtig.

WELT: Wie ging es in Meliandou weiter?

Leendertz: Wir haben diesen Indexfall untersucht und festgestellt, dass die kleinen Kinder meist mit ihren Müttern zum Waschen an einen kleinen Fluss gegangen sind. An dem Weg zu diesem Fluss stand ein Baum. Er war allerdings verkohlt. Aber bis vor Kurzem, erklärten uns die Dorfbewohner, hätten die Kinder gerne an diesem Baum gespielt. Es war ein perfekter Baum, mit großen Brettwurzeln, er war hohl, man konnte hineingehen und sogar durch ein kleines Loch an der anderen Seite wieder herauschauen. Ein perfekter Spielbaum. Die Leute sagten außerdem, dass in diesem Baum eine große Kolonie an Fledermäusen gelebt hatte.

Da der Baum abgebrannt war, konnten wir nur noch Erdproben nehmen und per DNA-Analyse feststellen, welche Art Fledermäuse in diesem Baum gelebt hatte: Es waren Bulldoggen-Fledermäuse, eine Art, die auch schon früher im Verdacht stand, Ebola-Viren zu übertragen. Der letzte Beweis, dass tatsächlich Ebola-positive Fledermäuse im Baum von Meliandou gelebt haben, fehlt aber – wir konnten nur Indizien sammeln. Den endgültigen virologischen Nachweis konnten wir nicht erbringen, der Baum war ja abgebrannt, wir konnten die Tiere nicht fangen und testen, die Tiere waren tot oder geflohen.

WELT: Ist das oft so, dass man die Quelle eines Ausbruchs nicht definitiv bestimmen kann?

Leendertz: Es ist leider oft so und nie einfach. Man muss schnell vor Ort sein, interdisziplinär herangehen und die Bevölkerung und die Behörden in die Suche mit einbeziehen.

WELT: Wie wahrscheinlich ist es, dass durch eine Zoonose eine Pandemie ausgelöst wird?

Leendertz: Es gibt einige Erreger, die von Tieren auf Menschen überspringen können. Nipah-Viren, Hendra-Viren, Hanta-Viren und auch Lyssa-Viren, zu denen der Tollwuterreger gehört, nur um ein paar zu nennen. Solle Übersprünge kommen wahrscheinlich relativ häufig vor. Aber die meisten lösen keine größere Epidemie aus, weil viele dieser Erreger nicht effizient von einem Menschen zum nächsten

weitergegeben werden können. Wenn man bedenkt, wie viel Mensch-Tier-Kontakte es täglich gibt, dann sind solche Ereignisse extrem selten, und es müssen viele unglückliche Umstände zusammenkommen, damit sich ein Virus über Kontinente oder die Welt verbreiten kann. Eine Pandemie, wie wir sie derzeit erleben, ist ein superseltenes Ereignis. Es gibt aber auch weitere Beispiele, eine der größte Pandemien, die auf dem Übersprung eines Virus von Tieren auf Menschen gründet, ist letztlich Aids. Die HI-Viren waren, nach der derzeit gültigen Theorie, durch den Verzehr von Menschenaffen-Bushmeat auf die Menschen übergegangen – und dann verbreitet worden.

WELT: Auch beim Corona spielt möglicherweise der Verzehr von exotischen Tieren eine Rolle.

Leendertz: Vieles spricht dafür, eindeutig nachgewiesen ist es bisher noch nicht. Aber in der Tat gelten die Wilderei exotischer Tiere und der Transport dieses Fleisches in alle möglichen Länder als Risikofaktor für Übersprünge. Man möchte es kaum glauben, aber der Markt für Bushmeat ist enorm groß, ein Kilogramm kostet auf dem Schwarzmarkt mehr als ein Filetsteak. Deshalb dringen die Wilderer immer weiter in Ökosysteme vor, in denen es nicht nur seltene Tiere, sondern auch viele Erreger gibt. Springt dann ein Virus über, kann das fatale Folgen haben. Das gab es wahrscheinlich schon immer, aber jetzt sind wir Menschen eine extrem große und weltweit verknüpfte Population. Ein Traum für jedes Virus.

Zur Person

Dr. Fabian Leendertz ist Veterinärmediziner und leitet am Robert-Koch-Institut eine Projektgruppe zur Epidemiologie hochpathogener Mikroben.

Die WELT als ePaper: Die vollständige Ausgabe steht Ihnen bereits am Vorabend zur Verfügung
– so sind Sie immer hochaktuell informiert. Weitere Informationen: <http://epaper.welt.de>

Der Kurz-Link dieses Artikels lautet: <https://www.welt.de/207599791>