

**Dr. Wolfgang Mückstein**  
Bundesminister

Herrn  
Mag. Wolfgang Sobotka  
Präsident des Nationalrates  
Parlament  
1017 Wien

Geschäftszahl: 2021-0.330.439

Wien, 4.6.2021

Sehr geehrter Herr Präsident!

Ich beantworte die an meinen Amtsvorgänger gerichtete schriftliche parlamentarische **Anfrage Nr. 6267/J der Abgeordneten Belakowitsch, Wurm betreffend WHO-Bericht zur „Laborthese“** wie folgt:

**Frage 1:** *Liegt Ihnen der Bericht der WHO zur „Laborthese“ vor?*

Ja. Der Bericht zur „WHO-convened Global Study of Origins of SARS-CoV-2: China Part“ liegt meinem Ressort vor.

**Frage 2:** *Wenn ja, seit welchem Zeitpunkt?*

Der Bericht zur „WHO-convened Global Study of Origins of SARS-CoV-2: China Part“ wurde am 30.03.2021 auf der Website der WHO veröffentlicht.

**Frage 3:** *Wie interpretieren Sie die Ergebnisse der WHO zur „Laborthese“?*

Die drei Labore in Wuhan, die entweder mit der Diagnostik und/oder der Isolierung von Coronaviren sowie in der Impfstoffentwicklung arbeiten, verfügten alle über Einrichtungen der höchsten Biosicherheitsstufen (BSL3 oder 4), die gut verwaltet wurden. Sie verfügten

über Gesundheitsüberwachungsprogramme für das Personal, die keine Meldung einer COVID-19-kompatiblen Atemwegserkrankung in den Wochen und Monaten vor Dezember 2019 aufwiesen. Auch wurde kein serologischer Nachweis einer Infektion bei Mitarbeitern durch ein SARS-CoV-2-spezifisches Serologie-Screening aufgedeckt. Jenes CDC-Labor in Wuhan, das am 2. Dezember 2019 umgezogen ist, meldete keine Störungen oder Vorfälle, die durch den Umzug verursacht wurden. Sie berichteten auch keine Lager- oder Laboraktivitäten im Zusammenhang mit Coronaviren oder anderen Fledermausviren vor dem Ausbruch.

**Frage 4:** *Welche Wissenschaftler, Forschungsinstitutionen und Einrichtungen der Europäischen Union waren in die Faktenprüfung und die Berichterstellung der WHO zur „Laborthese“ eingebunden?*

Das internationale Team der WHO bestand aus 10 Expertinnen und Experten aus Australien, Dänemark, Deutschland, Japan, den Niederlanden, der Russischen Föderation, Sudan, dem Vereinigten Königreich, Vietnam sowie den Vereinigten Staaten. Die Vertreterinnen und Vertreter aus Mitgliedstaaten der Europäischen Union waren:

Prof. Dr. Thea Fisher, MD, DMSc(PhD) (Nordsjællands Hospital, Dänemark)

Prof. Dr. Marion Koopmans, DVM PhD (Erasmus MC, Niederlande)

PD. Dr. med. vet. Fabian Leendertz (Robert Koch-Institut, Deutschland)

**Frage 5:** *Welche Wissenschaftler, Forschungsinstitutionen und Einrichtungen Österreichs waren in die Faktenprüfung und die Berichterstellung der WHO zur „Laborthese“ eingebunden?*

Im internationalen Team der WHO waren keine österreichischen Forscherinnen und Forscher oder Forschungsinstitutionen vertreten.

**Frage 6:** *Auf welche Erkenntnisse stützt sich insbesondere das Ergebnis des Berichts, dass das Corona-Virus von einer Fledermaus auf ein „Zwischentier“ und dann auf den Menschen überggesprungen sei?*

Die meisten neu auftauchenden Viren haben ihren Ursprung in tierischen Organismen. Auch bei SARS-CoV-2 wird davon ausgegangen, dass dieser Virus tierischen Ursprungs ist. Nach erfolgter Genomsequenzierung von SARS-CoV-2 konnte eine Übereinstimmung von 96,2% mit einem SARS-Virus nachgewiesen werden, dessen natürliches Reservoir Fledermäuse sind. Untersuchungen von Fledermäusen in Kambodscha (Rhinolophus

shameli) wiesen SARS-CoV-2-verwandte Coronaviren (RaTG13) nach, die eine nukleotide Übereinstimmung von 96,2% mit SARS-CoV-2 aufweisen. Eine Untersuchung in Thailand konnte in fünf Tieren (*Rhinolophus acuminatus*) derselben Kolonie nahezu identische Viren nachweisen, welche hinsichtlich der Furin-Spaltstelle große Ähnlichkeit zu SARS-CoV-2 aufweisen. Dagegen weist SARS-CoV-2 eine Übereinstimmung von rund 79% mit SARS-CoV und nur eine Übereinstimmung von rund 50% mit MERS-CoV auf.

Im Zuge von Schmuggelbekämpfungsmaßnahmen wurden chinesische (*Manis pentadactyla*) und malaysische (*M. javanica*) Schuppentiere in China im März und August 2019 beschlagnahmt und in Folge untersucht. Die Tiere trugen Viren in sich, die zu 90,1% mit dem Genom von SARS-CoV-2 übereinstimmen. Die Pangolin-CoV-GDC-Viren weisen hohe Übereinstimmungen hinsichtlich der Aminosäuren-Identitäten mit SARS-CoV-2 in mehreren Proteinen auf:

| Protein | Übereinstimmung mit SARS-CoV-2 in % |
|---------|-------------------------------------|
| E       | 100%                                |
| M       | 98,6%                               |
| N       | 97,8                                |
| S       | 90,7                                |

Aufgrund der oben beschriebenen Erkenntnisse gehen einige Mitglieder der WHO-Gruppe davon aus, dass diese Ähnlichkeiten zu SARS-CoV-2 durch die Rekombination eines Virus ähnlich Pangolin-CoV-GDC mit einem Virus ähnlich RaTG13 entstanden sind, während andere Mitglieder der WHO-Gruppe davon ausgehen, dass die Ähnlichkeiten aufgrund zufällig konvergenter Evolution entstanden. Im Verlaufe der Hof-zu-Hof-Übertragung auf Nerzfarmen in den Niederlanden konnte eine Mutation beobachtet werden, die in Populationen von Fledermäusen und Schuppentieren verbreitet ist, aber nur selten im Menschen befallenden SARS-CoV-2 aufgefunden wird, was für eine Anpassung des Virus auf die Wirtspopulation spricht.

Eine zweite Linie von Pangolin-CoV mit dem Namen Pangolin-CoV-GXC wurde aus 18 malaysischen Schuppentieren isoliert. In einer Studie wurden sechs vollständige oder nahezu vollständige Genomsequenzen gewonnen, die zu über 99% miteinander übereinstimmen und zu über 85% mit dem Genom von SARS-CoV-2 übereinstimmen.

Zusammenfassend hält das Team fest, dass Viren von Fällen, die im Zusammenhang mit Märkten in der Provinz Huanan stehen, identisch waren, was für einen Spreading Event spricht. Die Genomanalyse von frühen Fällen zeigt Diversität im Genom, was für eine unerkannte Zirkulation spricht. Literatur, Analyse und Re-Analyse sowie Schätzungen der Zeit bis zum jüngsten gemeinsamen Vorfahren deuten darauf hin, dass der Zeitpunkt der Virusübertragung oder -zirkulation jüngerem Datums sein könnte. Die bis dato am engsten verwandten Genomsequenzen wurden in Fledermäusen gefunden.

**Frage 7:** *Um welches „Zwischentier“ könnte es sich dabei handeln?*

Aufgrund der oben beschriebenen Erkenntnisse geht das WHO-Team davon aus, dass SARS-CoV-2 von einer als natürliches Reservoir dienenden, tierischen Wirts-Population auf einen tierischen Zwischenwirt übertragen wurde, sich in diesem Organismus vermehren konnte und schließlich auf den Menschen übertragen wurde. Die Passage des Virus durch den Zwischenwirt kann dabei mit oder ohne Adaption des Virus erfolgen. Aufgrund der oben dargestellten Ähnlichkeiten zwischen SARS-CoV-2 und in unterschiedlichen Fledermaus- und Schuppentier-Populationen vorhandenen Coronaviren bestand die ursprüngliche Wirtspopulation wahrscheinlich aus Fledermäusen, der Zwischenwirt war wahrscheinlich ein Schuppentier.

**Frage 8:** *Gibt es diesbezüglich im Zusammenhang auf dieses „Zwischentier“ in der WHO eine gesicherte These in Hinblick auf Art bzw. Gattung?*

Aufgrund der in der Beantwortung der Fragen 6 und 7 dargestellten Erkenntnisse der WHO-Untersuchung ist es wahrscheinlich, dass Exemplare der Familie der Schuppentiere als Zwischenwirt agierten.

**Frage 9:** *Wenn ja, was besagt diese These zum „Zwischentier“?*

Siehe Beantwortung der Frage 8.

**Frage 10:** *Gibt es diesbezüglich im Zusammenhang auf dieses „Zwischentier“ in der EU eine gesicherte These in Hinblick auf Art bzw. Gattung?*

Die WHO ist eine international anerkannte Organisation, die unter Beiziehung eines internationalen Forschungsteams intensive Recherche sowie Untersuchungen vor Ort in Wuhan betrieb. Teil des Teams waren auch Forscherinnen und Forscher aus Mitgliedstaaten der Europäischen Union. Es ist keine von den Erkenntnissen der WHO

abweichende These von europäischen epidemiologischen oder veterinärmedizinischen Institutionen bekannt.

**Frage 11:** *Wenn ja, was besagt diese These zum „Zwischentier“?*

Siehe Beantwortung der Fragen 8 und 10.

**Frage 12:** *Gibt es diesbezüglich im Zusammenhang auf dieses „Zwischentier“ in Österreich eine gesicherte These in Hinblick auf Art bzw. Gattung?*

Die WHO ist eine international anerkannte Organisation, die unter Beiziehung eines internationalen Forschungsteams intensive Recherche sowie Untersuchungen vor Ort in Wuhan betrieb. Teil des Teams waren auch Forscherinnen und Forscher aus Mitgliedstaaten der Europäischen Union. Es ist keine von den Erkenntnissen der WHO abweichende These von österreichischen epidemiologischen oder veterinärmedizinischen Institutionen bekannt.

**Frage 13:** *Wenn ja, was besagt diese These zum „Zwischentier“?*

Siehe Beantwortung der Fragen 8 und 10.

**Fragen 14 bis 16:**

- *Wie viele Forschungsaufträge bei der WHO beschäftigen sich mit der Herkunft des Corona-Virus?*
- *Was umfassen diese Forschungsaufträge im Einzelnen nach Titel und Inhalt bei der WHO im Zusammenhang mit der Herkunft des Corona-Virus?*
- *An welchen dieser Forschungsaufträge ist Österreich beteiligt?*

Die WHO betreibt normalerweise keine Forschung, hat aber bezüglich der Ursprünge des Virus eine Reihe von Projekten im Rahmen des WHO COVID-19 Forschungs- und Entwicklungsplans unterstützt und koordiniert. Diese umfassten Studien zur Persistenz des Virus unter Kühl- und Gefriertemperaturen, Übertragung durch orale Aufnahme, Anfälligkeit einer Reihe von Tierarten gegenüber dem Virus und zum Vorhandensein des Virus in Genbankproben von Menschen und Tieren in Südostasien. Diese Studien standen zwar nicht direkt mit der Herkunft des Virus in Zusammenhang, aber unterstützten die entsprechenden Arbeiten. Österreichische Forschungseinrichtungen waren laut WHO daran nicht beteiligt.

**Fragen 17 bis 19:**

- *Wie viele Forschungsaufträge bei der EU beschäftigen sich mit der Herkunft des Corona-Virus?*
- *Was umfassen diese Forschungsaufträge im Einzelnen nach Titel und Inhalt bei der EU im Zusammenhang mit der Herkunft des Corona-Virus?*
- *An welchen dieser Forschungsaufträge ist Österreich beteiligt?*

Diese Fragen sind an die Europäische Union zu richten.

**Fragen 20 bis 22:**

- *Wie viele Forschungsaufträge in Österreich beschäftigen sich mit der Herkunft des Corona-Virus?*
- *Was umfassen diese Forschungsaufträge im Einzelnen nach Titel und Inhalt in Österreich im Zusammenhang mit der Herkunft des Corona-Virus?*
- *An welchen dieser Forschungsaufträge ist das Gesundheitsministerium beteiligt?*

Das Gesundheitsministerium ist an keinen derartigen Forschungsaufträgen beteiligt. Im Übrigen sind diese Fragen an das Bundesministerium für Bildung, Wissenschaft und Forschung zu richten.

Mit freundlichen Grüßen

Dr. Wolfgang Mückstein



