

Johannes Rauch
Bundesminister

Herrn
Mag. Wolfgang Sobotka
Präsident des Nationalrates
Parlament
1017 Wien

Geschäftszahl: 2022-0.151.452

Wien, 7.4.2022

Sehr geehrter Herr Präsident!

Ich beantworte die an meinen Amtsvorgänger gerichtete schriftliche parlamentarische **Anfrage Nr. 9730/J des Abgeordneten Wurm betreffend Ursprung der Corona-Pandemie** wie folgt:

Fragen 1 und 2:

- *Welche Sektion, Gruppe oder Fachabteilung im BMSGPK ist mit der Aufklärung des Ursprungs der Corona-Pandemie beschäftigt?*
- *Welche österreichischen Vertreter bei der Weltgesundheitsbehörde (WHO) sind mit der Aufklärung des Ursprungs der Corona-Pandemie beschäftigt?*

Derzeit werden Ressourcen des gesamten Ressorts für die Bewältigung der Pandemie eingesetzt, um die Bevölkerung bestmöglich zu schützen.

Frage 3:

- *Welche genauen Kenntnisse hat das österreichische Gesundheitsministerium betreffend den Ursprung der Corona-Pandemie?*

Die meisten neu auftauchenden Viren haben ihren Ursprung in tierischen Organismen. Auch bei SARS-CoV-2 wird davon ausgegangen, dass dieses 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.

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 übereinstimmten und zu über 85 % mit dem Genom von SARS-CoV-2 übereinstimmten.

Zusammenfassend hält das Team fest, dass jene Viren der Fälle, 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 4:

- *Auf welche Grundlagen stützt sich das österreichische Gesundheitsministerium bei den Kenntnissen betreffend den Ursprung der Corona-Pandemie?*

Das BMSGPK stützt sich in seinen Einschätzungen in Bezug auf SARS-CoV-2, auch hinsichtlich des Ursprungs der Corona-Pandemie, auf breit anerkannte wissenschaftliche Erkenntnisse der einschlägigen Fachdisziplinen sowie die diesbezüglichen Veröffentlichungen und Aussagen der WHO, ECDC und vergleichbarer anerkannter internationaler Agenturen.

Fragen 5 bis 11:

- *Kennen Sie den Artikel bzw. das Interview in der Neuen Züricher Zeitung (NZZ) vom 3. Februar 2022 mit Herrn Univ.-Prof. Dr. Roland Wiesendanger betreffend Ursprung der Corona-Pandemie?*
- *Wie beurteilen Sie das Faktum, dass am 12. September 2019 am Institut für Virologie in Wuhan die weltweit größte Datenbank für Coronaviren vom Netz genommen worden ist?*
- *Können Sie ausschließen, dass dies einen Zusammenhang mit dem Ursprung der Corona-Pandemie hat?*
- *Wie beurteilen Sie die virtuelle Telefonkonferenz vom 1. Februar 2020 betreffend die Corona-Pandemie, an der mit Anthony Fauci und Francis Collins zwei Verantwortliche der US-Gesundheitsbehörde (NIH) teilgenommen hatten, und deren Ergebnis ein Zustimmungsverhältnis von 70:30 bzw. 60:40 zu Gunsten eines Ursprungs der Corona-Pandemie aus einem Forschungslabor gewesen war?*
- *Wie beurteilen Sie die Rolle von Peter Daszak und seiner Eco Health Alliance im Zusammenhang mit dem Ursprung der Corona-Pandemie?*
- *Wie beurteilen Sie die Rolle der US-Gesundheitsbehörden, die das Institut für Virologie in Wuhan viele Jahre lang finanziell unterstützt hatten im Zusammenhang mit dem Ursprung der Corona-Pandemie?*

- *Wie beurteilen Sie die Forschungsexperimente im Zusammenhang mit der Furin-Spaltstelle und dem Sars-Virus im Institut für Virologie in Wuhan und dem Ursprung der Corona-Pandemie?*

Meinungen und Einschätzung sind nicht Teil des Interpellationsrechts.

Frage 12:

- *Können Sie es ausschließen, dass Versuchstiere aus dem Institut für Virologie in Wuhan von Mitarbeitern bzw. dritter Seite entwendet worden sind, um auf dem Markt von Wuhan verkauft zu werden, und so der Ursprung der Corona Pandemie befördert wurde?*

Hierzu kann seitens des BMSGPK keine Aussage getroffen werden.

Mit freundlichen Grüßen

Johannes Rauch

