

Medienmitteilung, 31. Januar 2020

Coronavirus: Berner Forscher berechnen die Ausbreitung

Epidemiologen der Universität Bern benutzten Computer-Simulationen, um die Ausbreitung des in China neu aufgetretenen Coronavirus zu beschreiben. Sie haben herausgefunden, dass eine mit dem Virus infizierte Person im Schnitt zwei weitere Personen infiziert. Das bedeutet, dass es ohne starke Kontrollmassnahmen zu einer weltweiten Pandemie kommen kann.

Seit Dezember 2019 breitet sich in China ein neues Coronavirus rasant aus. Das Virus verursacht Atemwegserkrankungen und kann in manchen Fällen zu starken Lungenentzündungen und bis zum Tod führen. Bis zum 29. Januar 2020 wurden innerhalb Chinas bisher 5'997 Krankheitsfälle bestätigt, mit weiteren 68 Fällen in anderen Ländern. Der Ursprung der Epidemie lässt sich vermutlich auf einen sogenannten «wet market» zurückführen – einen der traditionellen Märkte in China, die lebendige sowie kurz vor dem Verkauf geschlachtete Tiere anbieten. An einem solchen Ort könnte es zu einer Übertragung des Virus von einem Tier zu Menschen gekommen sein. Forscher des Instituts für Sozial- und Präventivmedizin (ISPM) der Universität Bern haben nun berechnet, wie gut sich das Virus von Mensch zu Mensch ausbreiten kann. Ihre Ergebnisse wurden im Fachjournal *Eurosurveillance* des Europäischen Zentrums für die Prävention und die Kontrolle von Krankheiten (ECDC) veröffentlicht.

Reproduktionszahl des Virus als Grundlage

Um die Gefahr einer weiteren Ausbreitung des Virus zu verstehen, müssen Forschende herausfinden, wie viele Personen eine infizierte Person im Schnitt ansteckt. Epidemiologinnen und Epidemiologen sprechen von der sogenannten Basis-Reproduktionszahl R_0 . Ist diese Zahl grösser als eins, kann sich das Virus weiter von Mensch zu Mensch ausbreiten. In diesem Fall ist es nötig, die Reproduktionszahl mittels Kontrollmassnahmen zu senken. Zu diesen Massnahmen gehören etwa die rasche Erkennung von infizierten Personen, deren Isolation, und dem Auffinden der Kontakte einer Person. Nur wenn die Reproduktionszahl unter eins fällt, kann sich das Virus nicht mehr weiter ausbreiten, und wird langsam verschwinden.

Simulationen auf Hochleistungsrechner der Universität Bern

Julien Riou, Postdoktorand am Institut für Sozial- und Präventivmedizin, benutzte den Hochleistungsrechner der Universität Bern, um Millionen von verschiedenen Verläufen der Epidemie in China zu simulieren. Das Virus hatte in jeder dieser Simulationen unterschiedliche

Eigenschaften, und diejenigen Verläufe, welche mit den bisherigen epidemiologischen Daten übereinstimmten, wurden herausgefiltert. «Daraus lassen sich Rückschlüsse über die tatsächlichen Eigenschaften des neuen Coronavirus ziehen», sagt Julien Riou.

Zusammen mit dem Forschungsgruppenleiter am ISPM, dem Epidemiologen Christian Althaus, hat er herausgefunden, dass eine mit dem Virus infizierte Person im Schnitt ungefähr zwei weitere Personen infiziert. «Wir können mit grosser Sicherheit sagen, dass die Basis-Reproduktionszahl zu Beginn der Epidemie in China zwischen 1.4 und 3.8 lag», so Althaus. «Solange dieser Wert über 1 liegt, besteht das Risiko einer weltweiten Ausbreitung des Coronavirus, also einer Pandemie.»

Ausbreitung des Virus ähnelt SARS und Influenza

Die Eigenschaften, wie sich das Virus ausbreitet, ähneln dem im Jahr 2003 aufgetretenen SARS-assoziierten Coronavirus, welches mit dem derzeit zirkulierenden Virus genetisch verwandt ist. Auch ähnelt das aktuelle Virus einer pandemischen Influenza. «Falls es sich bestätigt, dass sich das neue Coronavirus wie SARS verhält, muss man mit dem Auftreten von sogenanntem Superspreading rechnen», erklärt Althaus. Das würde bedeuten, dass in seltenen Fällen einzelne Personen eine sehr hohe Anzahl Neuansteckungen verursachen. Auf der anderen Seite würden jedoch die meisten infizierten Personen gar keine weiteren Personen infizieren, womit es leichter wäre, neue Epidemieherde einzudämmen.

Sollte sich aber herausstellen, dass sich das Virus ähnlich einer pandemischen Influenza, wie beispielsweise den Grippepandemien im Jahr 1918 oder 2009, verhält, wäre es viel schwieriger, eine weitere Ausbreitung zu verhindern. In diesem Fall stecken infizierte Personen immer etwa gleich viele Personen an, was zu gleichmässigen Übertragungsketten führt, welche sehr schwierig einzudämmen sind.

Gefahr einer Pandemie besteht weiterhin

«Im Moment ist es deshalb zentral zu verhindern, dass sich neue Übertragungsketten in Ländern ausserhalb Chinas bilden können», sagt Althaus. Sobald sich das Virus in einem weiteren Land festsetzen würde, sei es sehr schwierig, eine globale Ausbreitung zu verhindern. «Die strengen Massnahmen, welche in China getroffen wurden, um eine weitere Ausbreitung zu verhindern, haben die Reproduktionszahl höchstwahrscheinlich gedrückt. Ob diese Massnahmen ausreichen, um eine weltweite Pandemie zu verhindern werden die folgenden Wochen zeigen», so Althaus. Die Resultate der Berner Studie bieten nun den nationalen und internationalen Behörden eine wichtige Grundlage, um das Risiko der weiteren Verbreitung des Coronavirus abzuschätzen.

Angaben zu den Publikationen und Kontaktpersonen sehen Sie auf der nächsten Seite.

Publikationsangaben:

Riou Julien, Althaus Christian L.. *Pattern of early human-to-human transmission of Wuhan 2019 novel coronavirus (2019-nCoV)*, December 2019 to January 2020. Euro Surveillance 2020;25(4). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.4.2000058>

Kontaktpersonen:

PD Dr. Christian Althaus

Institut für Sozial- und Präventivmedizin, Universität Bern
christian.althaus@ispm.unibe.ch / Tel: +41 31 631 56 97

Dr. Julien Riou

Institut für Sozial- und Präventivmedizin, Universität Bern
julien.riou@ispm.unibe.ch / Tel: +41 31 631 56 97