

Das Virom des Menschen – Systembiologische Argumente gegen ein altes Feindbild

Billionen Viren bewohnen natürlicherweise unseren Organismus und je mehr die Kenntnisse über dieses Virom wachsen, umso unschärfer wird der traditionelle Begriff des *Krankheitserregers*. Seit zwei Jahren gerät die Welt durch das Narrativ eines Killervirus aus den Fugen. Die Menschheit könne nur durch eine globale Impfkampagne zur Normalität zurückfinden – so der verbreitete politische Tenor. Eine allgemeine Impfpflicht ist nicht nur aus ethischen und verfassungsrechtlichen Gründen nicht haltbar, wie eine große Gruppe von Hochschullehrern in einer aktuellen Stellungnahme dargestellt haben¹, sondern stellt auch aus Sicht der modernen Mikrobiom- bzw. Viromforschung langfristig eine ernste Gefährdung der Bevölkerung dar. Warum das so ist, wollen wir im Folgenden näher begründen.

„Wir hatten einige Halbwahrheiten akzeptiert und aufgehört, nach den ganzen Wahrheiten zu suchen. Die wichtigste Halbwahrheit war, dass die medizinische Forschung die großen ‚Killer‘ der Vergangenheit, also Tuberkulose, Diphtherie, Lungenentzündung, Wochenbettfieber usw. ausgerottet hätte. In Wahrheit aber zeigen die Daten zur Sterblichkeit bei Tuberkulose, dass diese seit Mitte des 19. Jahrhunderts stetig im Fallen begriffen war und auch bis 1970 nahezu linear zurückgegangen ist ... Doch der allgemeine Rückgang der Tuberkulose-todesfälle wurde durch die Entdeckung des Tuberkelbazillus nicht messbar beeinflusst und auch nicht durch den Tuberkulose-test, nicht durch die Einführung einer BCG-Impfung, nicht durch die großen Reihenuntersuchungen, nicht durch Anti-Tuberkulose-Kampagnen und auch nicht durch die Entdeckung von Streptomycin ... Und es sind ähnliche Trends in Bezug auf die Todesraten bei Krankheiten wie Diphtherie, Scharlach, rheumatisches Fieber, Keuchhusten, Masern und vielen anderen zu beobachten.“

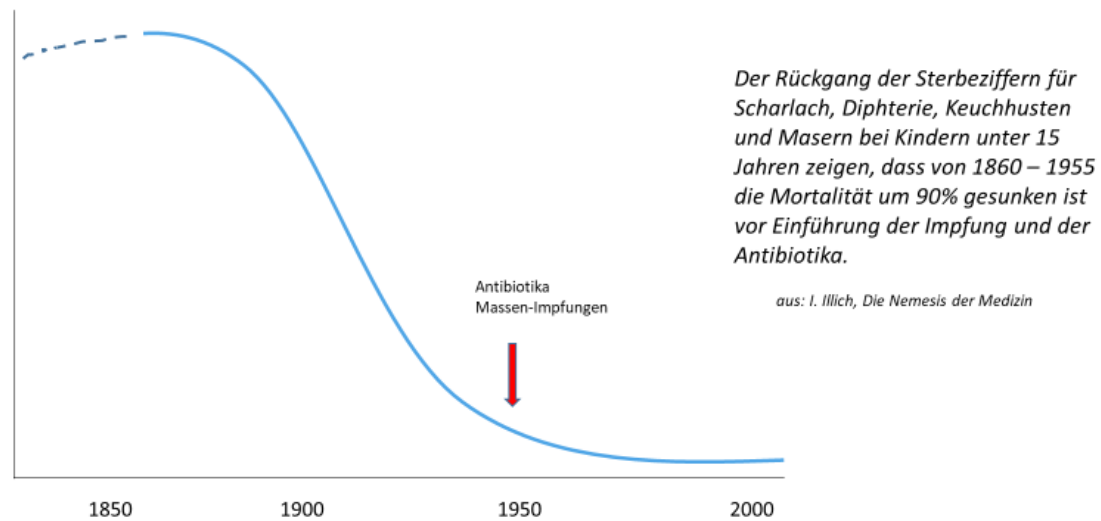
Edward H. Kess (1908 – 1990), President of the Infectious Disease Society of America ²

Betrachtet man die Sterblichkeitskurven für die einzelnen Infektions-Krankheiten seit 1850, dann zeigt sich: Mit der Verbesserung der Lebens- und Hygieneverhältnisse sind die Sterbe-Zahlen kontinuierlich zurückgegangen, die Einführung der Impfstoffe hat den Kurvenverlauf nicht wesentlich geändert.

¹ https://www.achgut.com/artikel/wissenschaftler_wehren_sich_gegen_impfpflicht_ein_zeitdokument

² Zitiert aus: Kess, E. H.: Infectious Disease and Social Change. The Journal of Infectious Diseases 1971; 123 (1). S. 110–114

Sterberaten an Tuberkulose, Diphtherie,
Keuchhusten, Masern, Lungenentzündung u.a.



Die Grafik gibt einen durchschnittlichen Verlauf der Sterbekurven für die jeweiligen Infektionserkrankungen an.

Soweit ein kurzer historischer Rückblick.

Die modernen Genom-Sequenzierungsverfahren haben in den letzten Jahren unser Wissen über die Viren und Bakterien revolutioniert. Allerdings sind diese Erkenntnisse noch nicht bis in das allgemeine Bewusstsein durchgedrungen, sodass unser Bild von den Viren noch immer durch alte psychologische Angst- und Feindbildmuster entstellt wird.

Wenn man sich vergegenwärtigt, dass die Viren in der genetischen Evolution des Lebens von Anfang an die entscheidende Rolle gespielt haben, dann überrascht die Tatsache nicht, dass alle Organismen der Biosphäre mehr oder weniger von Viren durchsetzt sind. In jedem Milliliter Meerwasser sind 10 Millionen Viren enthalten, mit jedem Salatblatt nehmen wir im Schnitt eine Milliarde Viren in uns auf und selbst im „sauberen“ Trinkwasser wimmelt es nur so von diesen Wesen. Die Viren sind die ältesten Bausteine des Lebens.

Die wohl revolutionärste Entdeckung des 21. Jahrhunderts liegt in der Erkenntnis, dass große Teile unseres Genoms aus Viren aufgebaut sind. Vieles deutet sogar darauf hin, dass letztlich alle unsere Gene von Viren abstammen.³ Die Viren sind die Elementarteilchen des Lebens, ohne sie gäbe es keine Evolution und keine Artenvielfalt.

Fragen wir uns: Wie viele Virenarten gibt es überhaupt? Bis vor 20 Jahren gingen die Schätzungen noch von 9000 verschiedenen Virenspezies auf Erden aus, heute haben wir im Grunde aufgehört zu zählen; allein die Virenarten auf unserer Haut oder auch in der Atmosphäre übersteigen unsere bisherigen Vorstellungen bei weitem, und das überraschendste Ergebnis bei all diesen Virom-Analysen ist, dass über 90 Prozent der gefundenen Viren *völlig neu* sind.

Unter Virom verstehen wir die Gesamtheit aller Viren, die den Menschen besiedeln und mit ihm in Symbiose leben. Das Virom ist integraler Bestandteil des Mikrobioms, welches bekanntlich eine Fülle

³ Mölling, K.: Supermacht des Lebens — Reisen in die erstaunliche Welt der Viren. C. H. Beck Verlag München 2015; S. 28 und 178-201.

von lebenswichtigen Funktionen im Organismus erfüllt, die wir hier nur stichpunktartig skizzieren wollen.⁴

- Entwicklung und Regulation/Stimulation des Immunsystems;

Man kann das Mikrobiom als Grundlage für die Aktivität und Vitalität des Immunsystems betrachten.

- Unterstützung der Verdauung durch Produktion zahlreicher Enzyme;

- Produktion von Vitaminen; (B1, B2, B6, B12, K, Nikotinsäure)

- **Hormonen;** Darmbakterien spielen bei der Synthese, Regulation, Sekretion und Hemmung zahlreicher Hormone eine Rolle.

- **Neurotransmittern** und anderen psychoaktiven Substanzen;

- **Kurzkettigen Fettsäuren** wie Ameisen-, Propion-, Essig- und Buttersäure:

Diese sind essentiell für zahlreiche Funktionen wie Hirnentwicklung, entzündungshemmende Wirkungen, psychische Funktionen.

- **Genmodulation;** Mikroorganismen schalten Gene an und aus und sind damit in elementare Steuerungsprozesse involviert.

- **Entgiftung;** (Umweltgifte, krebserregende Substanzen, toxische Medikamente);

- Schlüsselfunktionen in der Infektabwehr

- **u.v.m.**

Das Mikrobiom umfasst die Besiedlung des Mund-Magen-Darm-Kanals, des Respirationstraktes, der Haut und des Urogenital-Systems.

Wie die Viren in diese physiologischen Funktionen des Mikrobioms involviert sind, ist im Einzelnen noch weitgehend unerforscht, aber wir können grundsätzlich davon ausgehen, dass auf ein Bakterium etwa 10 Viren kommen; beide gehören zusammen wie Ei- und Samenzelle und sind daher funktionell nicht zu trennen. Viren dienen den Bakterien hauptsächlich zum Austausch genetischer Informationen im Sinne eines kommunikativen Netzwerks und sind damit essentielle System-Komponenten.

Im Folgenden zitieren wir (kursiv) aus einigen aktuellen Arbeiten zur Virom-Forschung.

„Es bleiben jedoch viele Hürden hinsichtlich unserer Möglichkeiten, das menschliche Virom zu katalogisieren. ... Die überwiegende Mehrzahl der Viren weist eine geringe bis keine Homologie mit bekannten Viren in Referenzdatenbanken auf.“ (Das heißt, die meisten Viren sind de facto *neu*. Vor diesem Hintergrund ist die Angst(mache) vor immer neuen „Killerviren“ nicht begründbar. Anm. T.H.)

...

Viren, die Tiere, Pflanzen, Pilze und Protozoen (kollektiv eukaryotische Viren) infizieren, zählen rund 100 Millionen Arten, während diejenigen, die Bakterien infizieren (Bakteriophagen), auf 10 Billionen geschätzt werden, der größte Teil ist also unbestimmt. Während das Virusportal des Nationalen

⁴ Eine ausführliche Darstellung findet sich bei: Hardtmuth, T.: Mikrobiom und Mensch. Die Bedeutung der Mikroorganismen und Viren in Medizin, Evolution und Ökologie – Wege zu einer systemischen Perspektive. Salumed-Verlag Berlin, Juni 2021

*Zentrums für Biotechnologische Informationen (NCBI) exponentiell über neue Arten berichtet, haben Virologen das Problem, klare Klassen und Reiche in der Virosphäre zu unterscheiden.*⁵

Nun kommen natürlich die allermeisten dieser Viren als „Krankheitserreger“ für den Menschen nicht in Frage, aber dennoch wird die Zahl der möglichen „Pathogene“ weit höher als bislang angenommen.

*Bis 2018 identifizierte das Global Virome Project (GVP) 111 Virenfamilien, von denen bei 25 vermutet wird, dass sie Menschen infizieren können. Von diesen 25 Familien existieren schätzungsweise 1,67 Millionen unbekannte Viren in Säugetieren und Vögeln, von denen etwa 631.000 bis 827.000 als potentielle Erreger für den Menschen infrage kommen.*⁶

Es wäre nun völlig illusorisch zu glauben, dass jedes dieser Viren eine bestimmte Krankheit auslösen würde; vielmehr geht unser heutiges Verständnis immer mehr dahin, dass wir die Viren nicht als Einzel-Agenten, sondern immer als Komponenten von hochkomplexen mikrobiellen Systemen begreifen müssen. Infektions-Krankheiten sind in diesem Sinne nicht durch ein einzelnes Virus verursacht, sondern gehen mit gewissen Verschiebungen innerhalb dieses äußerst komplexen Mikrobioms einher, was wir auch als Dysbiose (Fehl-Zusammensetzung) bezeichnen. Alle chronischen Erkrankungen (Krebs, Allergien, Autoimmunerkrankungen, Stoffwechselkrankheiten wie Diabetes, Arteriosklerose, aber auch psychische und neurodegenerative Erkrankungen wie Parkinson, Demenz, Depressionen, Angststörungen u.v.m.) sind mit mehr oder weniger spezifischen Veränderungen des Mikrobioms verbunden.

*Hochdurchsatz-Sequenzierungstechnologien⁷ haben die Art und Weise, wie wir über Viren denken, revolutioniert. Die Forschung kann nun über pathogene Viren hinausgehen und Zugang zu den Tausenden von Viren haben, die unseren Körper bewohnen, ohne klinische Symptome zu verursachen. Indem wir ihre Interaktionen miteinander, mit anderen Mikroben und mit der Wirtsgenetik und dem Immunsystem untersuchen, können wir lernen, wie sie Gesundheit und Krankheit beeinflussen.*⁸

Bei der Blut-Untersuchung von über 8000 gesunden Menschen konnte das Erbgut von 94 Virenarten identifiziert werden, wobei allein 19 davon bei 42% der Test-Personen nachweisbar waren, darunter:

*Anelloviren (200 verschiedene Arten), Pocken-Viren, Herpesviren (Gürtelrose, Lippenbläschen), HI-Viren (AIDS), Hepatitis B- und C-Viren, Papillomaviren (Gebärmutterhals-Krebs und andere Tumore), Picornaviren (bei Erkältung, Durchfallerkrankungen, Schleimhautentzündungen u.a.), Flaviviren (Gelbfieber, Dengue Fieber und Frühsommer-Meningoenzephalitis FSME) u.v.m.*⁹

Wichtig dabei ist zu betonen: Wir finden nur solche Viren, die wir auch kennen, d.h. deren Genome bekannt sind. Wir müssen davon ausgehen, dass mehr als 90% aller Viren unbekannt sind und wir sie deshalb gar nicht identifizieren können. Die Vielfalt der Viren in unserem Organismus und das Ausmaß ihrer physiologischen Funktionen müssen also weit umfangreicher angenommen werden. Haben die vermeintlich pathogenen Viren vielleicht eine physiologische Bedeutung für unseren Organismus, die wir nur nicht verstehen, weil unser Blick seit über hundert Jahren ausschließlich auf

⁵Adiliaghdam, F., Jeffrey, K.L.: Illuminating the human virome in health and disease. *Genome Medicine* 2020; 12. Artikelnr. 6

⁶Carroll, D., Daszak, P., Wolfe, N. D. et al.: The Global Virome Project. *Science* 2018; 359. S. 872–874.

⁷Wir haben heute Geräte, die eine Genanalyse innerhalb weniger Stunden durchführt, vor 20 Jahren dauerte das noch Monate.

⁸Rascovan, N., Duraisamy, R., Desnues C. Metagenomics and the Human Virome in Asymptomatic Individuals. *Annu Rev Microbiol.* 2016 Sep; 70(1): 125–41.

⁹Moustafa, A., Xie, C., Kirkness, E. et al. . The blood DNA virome in 8,000 humans. *Public Library of Science Pathogens* 2017; 13(3): e1006292.

die Pathogenität fixiert ist? Sind diese Viren unter Umständen Voraussetzung zur Aufrechterhaltung gesunder Immunfunktionen? Gilt vielleicht das alte Prinzip von Paracelsus: „*Alles ist Gift und Heilmittel zugleich, es kommt nur auf die Dosis an*“? Wir tragen ein ganzes Viren-Reich in uns in jeweils angemessenen, fein ausgewogenen Populationen-Größen. Was geschieht, wenn wir einzelne dieser Viren wegimpfen? Im Grunde fokussieren wir v.a. durch die neuen mRNA-Stoffe – wir sollten dabei eigentlich nicht von Impfstoffen, sondern von Gen-Therapeutika reden¹⁰ – das Immunsystem in einseitiger Weise auf ein einzelnes Detail (Spike Protein), wir hetzen es quasi gegen eine isolierte System-Komponente auf und wissen überhaupt nicht, in welchem komplexen Funktionsgefüge wir damit eingreifen – wie gesagt, *die Viren sind die Ur-Bausteine des Lebens!*

Solche Befunde geben zu ganz neuen Fragestellungen Anlass, d.h. wir brauchen einen systembiologischen Ansatz, um die Rolle der Viren in Gesundheit und Krankheit überhaupt richtig zu verstehen. Nach Ansicht von Elizabeth Costello, Abteilung für Mikrobiologie und Immunologie der Stanford University, sei es an der Zeit, die Erkenntnisse der Mikrobiomforschung für einen Paradigmenwechsel in der Medizin zu nutzen. Für die amerikanische Wissenschaftlerin lassen sich die von den Ökologen entwickelten Prinzipien zur Erforschung des Makrokosmos Erde auf den Mikrokosmos Mikrobiom übertragen.¹¹ Ein Beispiel zur Verdeutlichung: Auf einer überdüngten Wiese, auf der statt hundert verschiedener Blumen nur noch Löwenzahn gedeiht bzw. alles andere überwuchert, wäre es falsch, den Löwenzahn als „Pathogen“ zu bezeichnen, denn die eigentlichen Krankheitsfaktoren liegen in der Dysbiose infolge der Überdüngung und nicht in der daraus resultierenden Monokultur der Löwenzähne. Auf die Mikro-Ökologie übertragen bedeutet dies, dass das vermehrte Vorkommen von bestimmten Viren und Bakterien mehr ein *Symptom* eines gestörten Systems als dessen Ursache ist. Auf sauren Böden wächst gern Sauerampfer, aber der Boden ist nicht deshalb sauer, weil dort Sauerampfer wächst. Wie es also in der äußeren Flora, der Makro-Ökologie die sog. Zeigerpflanzen sind, die den Zustand des Systems anzeigen, so gibt uns die Zusammensetzung der Viren und Bakterien, die innere Flora, beim Menschen Auskunft über seinen Allgemeinzustand, der natürlich für jeden sehr individuell ist; daher sind ja auch die Mikrobiome der Menschen so hoch individuell.

*Obwohl wir weiterhin wichtige Forschungen über die pathogene Rolle von Viren durchführen und antivirale und Impfstoffe entwickeln, können wir die Möglichkeit nicht länger ignorieren, dass sie als Bestandteile des Mikrobioms fungieren. Wie bei Bakterien sind die Auswirkungen von Viren entscheidend von ihrer Gewebeposition, Mikroumgebung und ihrem Wirt abhängig. Diese Faktoren beeinflussen direkt, ob das Virus vorteilhaft oder schädlich wirkt oder für den Wirt neutral bleibt ... Das traditionelle Paradigma der Wirt-Pathogen-Wechselwirkungen, bei dem eine Infektion durch einen einzelnen Erreger direkt zu einer unmittelbaren Krankheit führt, kann unsere Beziehung zu vielen dieser Viren nicht vollständig erfassen.*¹²

Was die Autoren hier noch sehr vorsichtig formulieren, bedeutet im Grunde, dass wir dieses Paradigma *ein Virus – eine Krankheit* in dieser simplen Form nicht mehr länger werden aufrecht halten können.

Es leben ungefähr 40 Billionen Mikroben auf unseren inneren und äußeren Körper-Oberflächen, wozu noch etwa das Zehnfache an Viren hinzukommt. Die allermeisten Vorgänge und Wechselwirkungen in diesem äußerst komplexen Ökosystem verstehen wir noch nicht einmal in Ansätzen, aber eines können wir jetzt schon feststellen: Wir werden in den kommenden Jahren und

¹⁰ <https://multipolar-magazin.de/artikel/faktencheck-impfungen-oder-gentherapie>

¹¹ Costello, E. K., Stagaman, K., Dethlefsen, L. et al.: The Application of Ecological Theory Toward an Understanding of the Human Microbiome. *Science* 2012; 336 (6086). S. 1255–1262

¹² Neil, J.A., Cadwell, K.: The Intestinal Virome and Immunity. *Journal of Immunology* 2018; 201. S. 1615-1624

Jahrzehnten über diese Dinge ganz neu nachdenken müssen – in einem systembiologischen Ansatz – und dabei noch einige bislang nicht für möglich gehaltene Zusammenhänge aufdecken.

In jedem natürlichen Boden sind Milliarden von Mikroorganismen pro Gramm Humus enthalten, die je nach geografischer Lage und Standortbedingungen eine ganz eigene Zusammensetzung aufweisen. Wir sprechen auch von Homöostasen, wenn durch das mikrobielle Leben eine ganz bestimmte Milieustabilität und damit auch die Gesundheit von Ökosystemen (Flüsse, Wälder, Böden, Meere usw.) aufrechterhalten wird. Wir gehen heute davon aus, dass neben zahlreichen anderen Faktoren die Viren hauptsächlich an der Regulation der Populationsdynamik der Mikroorganismen beteiligt sind. Jedes Mikrobiom setzt sich aus tausenden unterschiedlichen Mikroben-Arten zusammen, deren proportionale Verteilung, neben anderen Faktoren, offenbar über die Viren reguliert wird.

Krankheiten, ob bei Mensch Tier, Pflanzen oder Ökosystemen, gehen immer mit einer Entdifferenzierung der mikrobiellen Besiedlung einher, die Vielfalt schwindet und es entsteht der Trend zu pathologischen Monokulturen. Wenn beispielsweise durch nitrathaltige Abwässer in den Flussmündungen im Meer riesige Algenteppiche entstehen, dann sind es bestimmte Viren, die dieses Übermaß wieder herunterregulieren und das natürliche Gleichgewicht wieder herstellen. Die äußerst komplexe und dynamische Komposition mariner Mikroorganismen und ihr unerschöpfliches Stoffwechsel-Repertoire beginnen wir in ihrer ökologischen Bedeutung erst ganz allmählich zu verstehen.

Gesundheit aus einer makro- und mikrobiologischen Gesamt-Perspektive bedeutet also, dass jeder Mensch an jeder Stelle seines Organismus ein ganz individuelles Mikrobiom beherbergt; *je höher die Biodiversität und je ausgeprägter die individuelle Struktur dieses Mikrobioms ist, umso robuster ist die Gesundheit des Menschen* – das können wir heute nach über 20.000 Mikrobiom-Studien als Grund-Regel formulieren. Bei einer jüngst publizierten Studie ergab die Mikrobiom-Analyse von über 9000 Personen im Alter zwischen 18 und 101 Jahren, dass diejenigen Männer und Frauen am gesündesten waren und die höhere Lebenserwartung hatten, deren Darmflora im Laufe der Jahre sich am stärksten gewandelt bzw. individualisiert hatte. Das Mikrobiom dieser Menschen zeigte sozusagen eine ganz persönliche Note.¹³

Entsprechend besteht der beste Schutz gegen Parasiten und andere Infektionserkrankungen in der individuellen Struktur unseres Mikrobioms. Wir sprechen von Kolonisations-Resistenz, wenn durch das ganz „eigene“ Mikrobiom eine Besiedlung durch fremde Keime verhindert wird. Auf die Makroökologie übertragen heißt das, dass ein natürliches Ökosystem mit hoher individueller Biodiversität, d.h. mit „eigenem Charakter“, viel gesünder und robuster gegen Pathogene ist, als beispielsweise eine 10 Hektar großes Maisfeld, auf dem sich Parasiten viel schneller verbreiten, weil überall die gleichen Bedingungen herrschen.

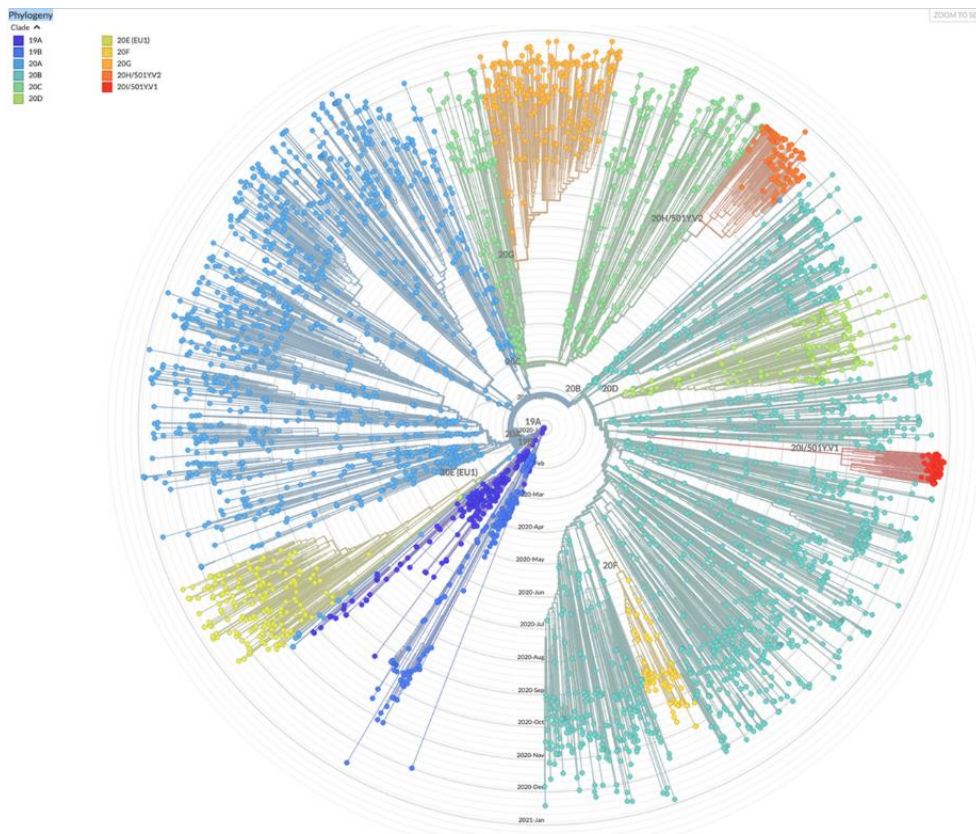
Wir individualisieren also ständig unser Mikrobiom, wobei sich dieser Vorgang nicht nur auf die individuelle Mikroben-Zusammensetzung erstreckt, sondern bis in die Genstrukturen jedes einzelnen Mikroorganismus hineinwirkt. Wie jüngste Untersuchungen zeigten, *„kann jede Spezies von Darmkeimen in subtil unterschiedlichen Stämmen vorkommen, die jeder Mensch in einer individuellen Kombination beheimatet. Und nun belegen neue Untersuchungen auch noch, was Mikrobiologen bisher nur vermutet haben: Die einzelnen Bakterien-Arten entwickeln sich im Darm ihres Menschen weiter und mutieren, wobei sie sich in typische Subpopulationen aufspalten.“*¹⁴ Es findet also im Darm

¹³ Wilmski, T., Diener, C., Rappaport, N. et al.: Gut microbiome pattern reflects healthy ageing and predicts survival in humans. *Nature Metabolism* 2021; 3 (2). S. 274–286. Siehe auch Zittlau, J.: Gut ist, was sich verändert. *Die Welt* vom 6. April 2021, S. 20.

¹⁴ <https://www.spektrum.de/news/darmbakterien-passen-sich-uns-an/1640522> Abfrage Nov. 2021

der Menschen eine ganz individuelle „adaptive Evolution“ der Mikrobiome statt.¹⁵ Die Viren und Bakterien erhalten in jedem menschlichen Organismus quasi eine Art individuelles Gepräge.

Was heißt das nun praktisch für die aktuelle Corona-Problematik? Die folgende Aufnahme stammt aus der Münchener Viren-Datenbank GISAID (Global Initiative on Sharing All Influenza Data) und zeigt etwa 4000 Mutanten des SARS-CoV-2-Virus, die im Zeitraum Dez. 2019 bis Dez. 2020 erfasst und hinterlegt wurden. Die wirkliche Zahl liegt natürlich weit höher, denn es wurden ja nicht alle Coronaviren bei jedem positiv Getesteten untersucht bzw. sequenziert. Von den SARS-Viren insgesamt wurden seit 2002 bei der GISAID-Datenbank 13 Millionen Mutanten erfasst.



Die Grafik zeigt die während des ersten Pandemie-Jahres (von Dez. 2019 bis Dez. 2020) dokumentierten Mutanten des erstmals in Wuhan (China) beschriebenen SARS-CoV-2-Virus. Der zentrale blaue Punkt auf der Grafik ist natürlich nicht das „Ursprungs-Virus“, denn könnten wir seine Mikroevolution weiter zurückverfolgen, dann wäre es auch nur ein Nachfahre von tausenden anderen Varianten. Man darf sich die Viren nicht vorstellen als stabile Organismen wie Käfer, Vögel oder Mäuse. Sie haben ein millionenfach höheres Evolutionstempo, d.h. sie verändern sich ständig, daher ihre enorme Vielfalt mit immer wieder neuen Gen-Strukturen.

Die Virenpopulationen sind also bei jedem Wirtsorganismus nicht nur höchst individuell, sondern auch hoch dynamisch in ihren das Mikrobiom regulierenden und genetisch modulierenden Eigenschaften.

Im offiziellen Sprachgebrauch gehen wir nun davon aus, dass es das Virus wäre, das hier mutiert; die Ursache für den Variantenreichtum wäre im Virus selbst zu verorten. Wie kommen wir dazu? Das

¹⁵ Zhao, S., Lieberman, T. D., Poyet, M. et al.: Adaptive Evolution within Gut Microbiomes of Healthy People. Cell Host Microbe 2019; 25 (5). S. 656–667.

Narrativ von den Gefahren eines „Killervirus“ lebt ja davon, dass wir unhinterfragt dem Virus ein böswillig handelndes Subjekt zuschreiben und gar nicht bemerken, wie wir uns dabei in den vom militaristischen Zeitgeist geprägten Denkmustern des 19. Jahrhunderts verstricken (die Charité war ein Militärkrankenhaus), aus denen ja das mittlerweile antiquierte „Feindbild“ der Mikroorganismen herkommt. Die Millionen verschiedenen Virusvarianten, von denen wir ständig umgeben sind, sind aber nicht das Ergebnis eines auf pandemische Verbreitung „programmierten“ Aggressors, sondern *das sind die unzähligen individuellen Signaturen, die jeder „infizierte“ Mensch seinen Viren mitgegeben hat*. Eine auf den ersten Blick sehr ungewohnte Sichtweise, die aber der Wirklichkeit viel näherkommt als all die Hypothesen von immer wieder neuen, tödlichen Varianten. Aufnahme, Modifikation und Weitergabe eines Virus sind wohl eine viel individuellere Angelegenheit, als es durch das generalisierende Ansteckungs- und Pandemie-Theorem vermittelt wird. Es ist im Wesentlichen der Organismus, der entscheidet, was aus einem Virus wird – er „bekämpft“ es nicht, sondern verarbeitet es im Sinne einer Aneignung, wie in einem Lernprozess, die im Immungedächtnis eine Spur hinterlässt. Die Vorstellung, dass wir bei jedem Gespräch mit dem individualisierten Mikrobiom unseres Mitmenschen kontaminiert werden, gibt unserem Immunsystem als „Biologischem Selbst“ eine sozial-sensible Komponente, die ganz neue Denk-Horizonte eröffnet.

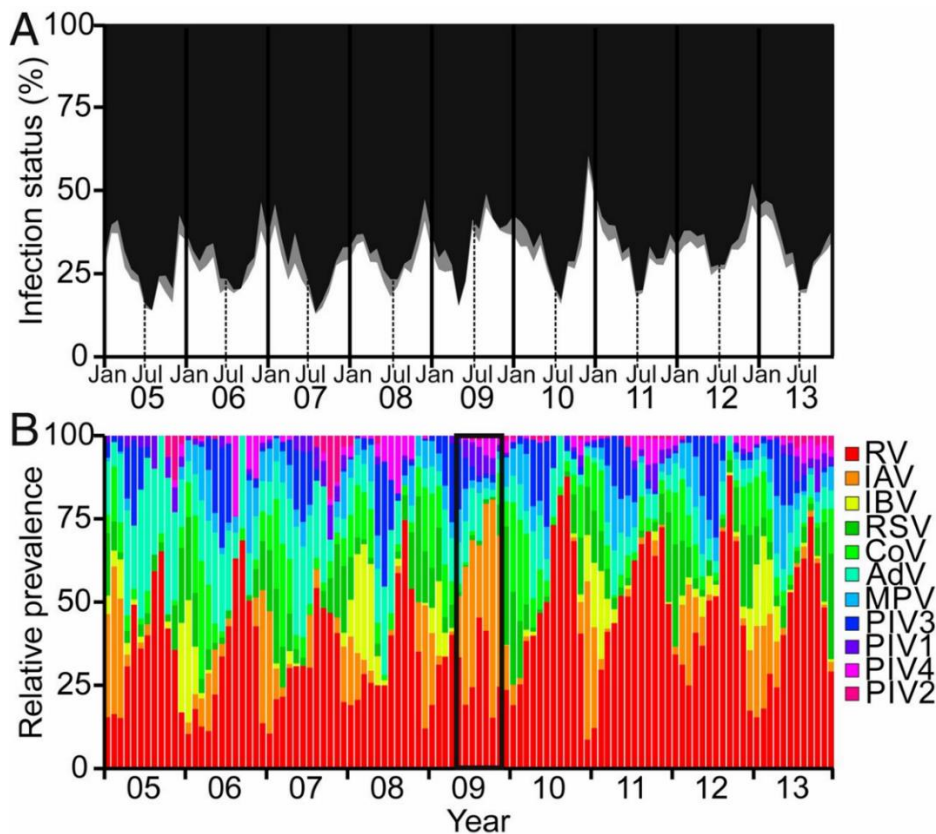
An der Universität Glasgow wurde in den Jahren 2005-2013 eine für unser Thema bemerkenswerte Studie durchgeführt.¹⁶ Dazu eine Vorbemerkung: Im Coronajahr 2020 wurde zum ersten Mal in der Geschichte der Medizin in den Nasen- und Rachenabstrichen von Milliarden Menschen nach einem einzelnen Virus gefahndet. Was diese Befunde wert sind, wird erst der langjährige Vergleich zeigen. Ohne gewisse Referenzgrößen machen solche Untersuchungen keinen Sinn. Der Nachweis von Coronaviren ist erst dann aussagekräftig, wenn Vergleichsdaten aus anderen Jahren vorliegen. Schon lange ist bekannt, dass es eine Vielzahl von sog. pathogenen Atemwegs-Viren gibt, auf die aber in der Regel nicht untersucht wurde, weil das viel zu aufwendig wäre. Stattdessen fasste man unter der Diagnose „Grippe“ all diese Viren zusammen, zumal die Bestimmung einzelner Viren bis dato keinerlei therapeutische Konsequenz hatte. Aber man stellte sich bis vor kurzem vor, dass es zwar eine ganze Reihe von verschiedenen Grippeviren gibt, im Einzelfall aber immer nur jeweils *ein* „Erreger“ verantwortlich ist. Das ändert sich momentan:

*Durch rasante technologische Entwicklungen im Bereich der Multiplex- und Sequenzierverfahren erweitert sich zunehmend das Spektrum potenziell relevanter Erreger und stellt bisherige Dogmen zur Virulenz und Pathogenität einzelner Erreger auf die Probe ... Das Verständnis potenzieller Erreger pulmonaler Infektionen beruhte bislang meist auf kulturellen Nachweismethoden bei Patienten, die sich mit einer respiratorischen Beschwerdesymptomatik präsentierten. Durch den dynamischen Fortschritt im Bereich molekularer Nachweisverfahren werden in epidemiologischen Studien zunehmend mehrere bakterielle und virale Erreger gleichzeitig erkannt.*¹⁷

Bei der Studie in Glasgow wurden 44.230 Fälle von Atemwegserkrankungen erfasst, die auf 11 verschiedene Gruppen von Atemwegsviren über 9 Jahre getestet wurden.

¹⁶ Nickbakhsh, S., Mair, C., Matthews, L. et al.: Virus–virus interactions impact the population dynamics of influenza and the common cold. PNAS December 26, 2019 116 (52) 27142-27150; first published December 16, 2019; <https://doi.org/10.1073/pnas.1911083116>

¹⁷ Hörster, R., Rupp, J.: Das neue Verständnis pulmonaler Infektionen. Pneumologie (Berl). 2020; 17(2): 1112. doi: 10.1007/s10405-019-00291-8



Die untere farbige Grafik zeigt die verschiedenen Virusarten, wie sie in den Jahren 2005-2013 jeden Monat in unterschiedlicher Häufigkeit in Glasgow gefunden wurden (RV = Rhinoviren, IAV = Influenza A Viren, IBV = Influenza B Viren, RSV = Respiratory Syncytial Virus, CoV = Coronaviren, AdV = Adenoviren, MPV = Metapneumoviren, PIV 1-4 = verschiedene Parainfluenza Viren). Man sieht also, dass jedes Jahr mehr oder weniger auch Coronaviren (hellgrün) bei den Infektionen dabei waren, sie aber in aller Regel nicht gemessen wurden. Die Behauptung, es würde sich bei dem SARS-CoV-2-Virus aus Wuhan um ein „neues und gefährliches“ Virus handeln, ist angesichts unserer bisherigen Feststellungen nicht nachvollziehbar.

Bedeutend für unseren Zusammenhang ist nun die obere Grafik in schwarz-weiß; das untere weiße Feld entspricht den Fällen, bei denen nur ein einzelnes Virus bei jeweils einer erkrankten Person nachweisbar war, die graue Fläche dahinter, die größer ist, aber von der weißen Fläche vorne zum großen Teil überdeckt wird, gibt die Menge an Fällen an, bei denen zwei oder mehr verschiedene Viren bei einer Person gefunden wurden. Es wurden also häufiger zwei oder mehr Viren als nur eines nachgewiesen. Und die schwarze Fläche entspricht der Menge der Proben, bei denen kein Virus nachgewiesen werden konnte. Das bedeutet aber nicht, dass hier keine Viren vorhanden waren – das sind sie grundsätzlich immer –, sondern dass diese Viren vom verwendeten Test nicht erfasst wurden. Der sog. Multiplex-PCR-Test, der hier zum Einsatz kam, war nur auf die 11 angegebenen Viren (rechts neben der farbigen Grafik) geeicht, bei allen anderen Viren reagierte er nicht. Das bedeutet also, dass bei der Mehrheit der Patienten mehrere oder unbekannte Viren vorlagen.

Auch bei völlig gesunden Menschen lassen sich verschiedene, vermeintlich pathogene Viren nachweisen.

Der PCR-Nachweis von respiratorischer Synzytialvirus-, humaner Metapneumovirus-, Parainfluenzavirus- oder Influenzavirus-RNA belegt meist eine akute Infektion durch diese Erreger und ist damit klinisch wegweisend. Nukleinsäuren von Adeno-, Boca-, Rhino- oder Coronaviren können hingegen auch bei asymptomatischen Menschen nachgewiesen werden, vermutlich infolge

zurückliegender oder subklinischer Infektionen sowie bei banalen Infektionen der oberen Luftwege. Insbesondere bei Kindern können wegen der Infekt-Häufigkeit in den Wintermonaten akute von zurückliegenden Infektionen nicht sicher unterschieden werden.¹⁸

Der Nachweis von Coronaviren mittels PCR-Test, auf dem ja die gesamte Corona-Epidemiologie bzw. die Infektionszahlen aufbauen, sagt über ein Krankheitsgeschehen und über Ansteckungsgefahren nicht viel aus.

Wir müssen es nochmals betonen: Das bisherige Paradigma *ein Virus – eine Krankheit – eine Therapie (Impfung)* ist angesichts der aktuellen Datenlage nicht mehr haltbar.

Mit dem Einzug molekularer Verfahren als Ergänzung zur bislang üblichen bakteriellen Erregerdiagnostik mittels kultureller Anzuchtverfahren hat sich das Spektrum der für eine respiratorische Infektsymptomatik in Frage kommenden Pathogene deutlich erweitert. Was für epidemiologische Betrachtungen zunächst einmal hoffnungsvoll erscheint, da durch eine vermehrte Sensitivität vermeintlich eine größere Anzahl von Erregern entdeckt werden können, bereitet häufig Schwierigkeiten in der Interpretation. So können z. B. einzelne Viren nicht eindeutig als Krankheitserreger klassifiziert werden, da die Pathogenität bislang wenig untersucht wurde bzw. auch Vergleichskollektive von Patienten ohne entsprechende Symptomatik fehlen. In gleicher Weise finden sich nun gehäuft Koinfektionen von mind. zwei Erregern, welche zuvor häufig auch mal übersehen werden konnten. (Quelle s. Lit.-Hinweis 11)

Es gibt mittlerweile auch zahlreiche Hinweise, dass vermeintlich pathogene Viren auch positive Eigenschaften haben; so können beispielsweise verschiedene Herpesviren vor anderen Infektionen (z.B. HIV) schützen oder das Immunsystem günstig stimulieren, sodass wir vor verschiedenen Krankheiten geschützt sind.¹⁹ Im Tierversuch konnte durch die Gabe von Noroviren, die bekanntlich für Durchfallerkrankungen verantwortlich gemacht werden, eine geschädigte Darmwand bei keimfreien Mäusen zur Abheilung gebracht werden.²⁰ Wichtig zu betonen bleibt: Die Pathogenität geht weniger von einzelnen Viren oder Bakterien aus, sondern von ihrer Zusammensetzung im Sinne eines dysbiotischen Systems.

Noch vor zehn Jahren war den Forschern kaum bewusst, dass das menschliche Virom überhaupt existiert. Heute sehen wir es als integralen Bestandteil des größeren menschlichen Mikrobioms: passive und aktive mikroskopische Organismen, die fast jeden Winkel von uns besetzen. Wir kartografieren das Virom seit zehn Jahren, und je genauer wir es untersuchen, desto mehr stellt sich heraus, dass wir mit ihm eine Partnerschaft eingegangen sind, die unser tägliches Leben sowohl positiv als auch negativ beeinflussen kann.²¹

Wir müssen also davon ausgehen, dass uns mit den Viren und Bakterien eine Jahrtausende lange gemeinsame Evolution verbindet und der Mensch aus dieser Perspektive letztlich ein Integral eines ursprünglich vielfältigen mikrobiellen Lebens darstellt, wie es der Mikrobiom-Forscher Thomas Bosch von der Universität Kiel in seinem Buch „Der Mensch als Holobiont“ ausführlich dargestellt hat.

„Alle vielzelligen Organismen von einfach gebauten Vielzellern bis zum Menschen setzen sich aus einer Vielzahl von mikrobiellen und eukaryotischen Arten zusammen, die sich während der

¹⁸ Krause, J.C., Panning, M., Hengel, H.: The role of multiplex PCR in respiratory tract infections in children. Deutsches Ärzteblatt Int 2014; 111: 639-645

¹⁹ Abade dos Santos, F.A., Portela, S.J., Nogueira, T. et. al.: Harmless or Threatening? Interpreting the Results of Molecular Diagnosis in the Context of Virus-Host Relationships. Front Microbiol. 2021; 12: 647730.

²⁰ Kernbauer, E., Ding, Y., Cadwell, K.: An enteric virus can replace the beneficial function of commensal bacteria. Nature 2014; 516. S. 94–98.

²¹ <https://www.spektrum.de/news/phagen-viren-koennen-nicht-nur-schaden-sondern-auch-helfen/1809707>

Stammesgeschichte sehr wahrscheinlich auch zusammen entwickelt haben. Ein Entfernen der Bakteriengemeinschaft, eine Reduktion der Vielfalt der Bakterien und auch jede Störung der Kommunikation zwischen dem Wirtsorganismus und den Bakterien (wozu auch die Viren als funktionelle Einheiten gehören, Anm. T.H.) wird für das rapide Ansteigen von einer Fülle von komplexen, meist chronisch entzündlichen Erkrankungen verantwortlich gemacht²²

Wir können die Tatsache also nicht länger ignorieren, dass wir mit antiviralen Impfstoffen möglicherweise in gesunde Prozesse der mikrobiellen und genetischen Regulation und damit in ein System eingreifen, das wir noch gar nicht verstanden haben. In den USA, wo seit vielen Jahren eine großzügige Impf-Politik herrscht, haben bereits 15.9% der Bevölkerung (41 Millionen Bürger) Antikörper gegen körpereigenes Gen-Material, sog. Antinukleäre Antikörper (ANA).²³ Daher leiden etwa 20-30 Millionen Amerikaner an einer oder mehreren Autoimmunerkrankungen (Typ 1 Diabetes, Multiple Sklerose, Rheuma entzündliche Darmerkrankungen u.v.m.) mit seit Jahren steigender Tendenz. Inwieweit es einen Zusammenhang zwischen Impfungen und Autoimmunerkrankungen gibt, ist zwar noch in der Diskussion, aber die vorliegenden Hinweise²⁴ müssen angesichts der hohen und immer noch steigenden Zahlen ernstgenommen und weiter geklärt werden.

Das (dysbiotische Anm. T.H.) Virom gilt als potenzieller Auslöser von Autoimmunerkrankungen. In einer Studie waren Veränderungen in Viruspopulationen sowohl direkt als auch umgekehrt mit der Entwicklung vom pädiatrischen Typ-1-Diabetes verbunden.²⁵

Das alte Feindbild der Viren ist mittlerweile für ein modernes, systembiologisches Verständnis untauglich geworden, denn mit den simplen Strategien der Elimination von Viren und Bakterien operieren wir an den eigentlichen Ursachen, den systemisch bedingten Dysbiosen vorbei, wobei es zweifellos auch Indikationen für solche Strategien gibt.

Seit Jahrzehnten verfolgen wir nicht nur ein dramatisches Artensterben in der äußeren Natur, beispielsweise den Verlust von Insekten in weiten Gebieten um 70-80%, sondern auch einen stetigen Rückgang der Diversität des menschlichen Mikrobioms, was wiederum mit dem Anstieg der modernen, immunbedingten Erkrankungen zusammenhängt: Allergien, Krebs, Autoimmunerkrankungen. Das ist der Preis, den wir für eine immer mehr naturferne Lebensweise in den Industrieländern bezahlen.

Eine der wichtigsten Erkenntnisse für unser Thema liegt nun darin, dass es einen evolutionsbiologisch uralt gewachsenen Zusammenhang des Mikrobioms mit dem Immunsystem gibt; unsere Immunfunktionen hängen entscheidend von der ständigen Stimulation durch ein reichhaltiges Angebot an Mikroorganismen ab. Eine mittlerweile unstrittige Tatsache ist, dass Kinder mit einem regen Kontakt zu Menschen, Tieren und der Natur, d.h. mit einer reichen Keim-Kontamination, ein viel robusteres Immunsystem entwickeln und damit wesentlich gesünder sind, als wenn wir sie durch ständig geschürte Infektions-Angst „in Watte packen“.²⁶ Seit Jahren gibt es Warnungen, dass wir durch leichtfertige Antibiotikagaben, Missbrauch von Desinfektionsmitteln und übertriebene

²² Bosch, T. C. G Der Mensch als Holobiont - Mikroben als Schlüssel zu einem neuen Verständnis von Leben und Gesundheit, Kiel 2017 S. 8

²³ Dinse, G.E., Parks, C.G., Weinberg, C.R. et al.: Increasing Prevalence of Antinuclear Antibodies in the United States. *Arthritis & Rheumatology* 2020 Jun;72(6):1026-1035. doi: 10.1002/art.41214.

²⁴ Toussiro, E., Bereau, M.: Vaccination and Induction of Autoimmune Diseases, *Inflamm Allergy Drug Targets* 2015;14(2):94-8. doi: 10.2174/1871528114666160105113046

²⁵ Liang, G., Bushman, F.D.: The human virome: assembly, composition and host interactions. *Nature Reviews Microbiology* volume 19, pages 514–527, Published: 30 March 2021

²⁶ Hardtmuth, T.: Mikrobiom und Mensch. Die Bedeutung der Mikroorganismen und Viren in Medizin, Evolution und Ökologie – Wege zu einer systemischen Perspektive Salumed-Verlag Berlin, Juni 2021, S. 54-64

Hygienemaßnahmen für eine breite Schwächung und Irritation der Immunsysteme und damit für eine Vielzahl immunologisch bedingter Erkrankungen sorgen. Vor allem die im Rahmen der Coronakrise verschärften Hygieneregeln haben zu einem weiteren *massiven* Rückgang der Mikrobiom-Diversität bei Menschen geführt, wodurch die Immunsysteme vor allem bei den Kindern regelrecht eingeschläfert wurden.²⁷ Die Folge erleben wir beispielsweise aktuell in rapid ansteigenden kindlichen Infektionen mit dem RS-Virus (Respiratory Synzitial Virus), eine für Kinder weit gefährlichere Erkrankung als durch Coronaviren. *Diese Kinder waren nach jüngster Auskunft des Gesundheitsministeriums in den vergangenen zwei Jahren in ihrer Umgebung pandemiebedingt stärker geschützt* (hier wäre es sachlich richtiger, statt von geschützt von „isoliert“ zu sprechen. Anm. T.H.). *Sie konnten daher nicht die normale und wichtige Entwicklung ihrer Immunabwehr durchlaufen.*²⁸ Es ist zu befürchten, dass die Kleinkinder der Coronajahre mit erheblichen immunologischen Defiziten und entsprechend erhöhten Krankheits-Dispositionen aufwachsen, denn das sog. pathologische Imprinting, d.h. die frühe Prägungsphase von Mikrobiom bzw. Immunsystem haben oft lebenslange Auswirkungen.

Jedes Organ, das nicht richtig benützt wird, verkümmert mit der Zeit; eine Niere, die nichts auszuschleiden hat, geht genauso zugrunde wie ein Arm, der länger nicht bewegt wird. Ein verschlossenes Auge erblindet nach einigen Wochen, es wird nur vom ständigen Lichteinfluss gesund und am Leben erhalten. So ist das auch mit unserem Immunsystem; seit Millionen von Jahren nehmen wir mit jedem Atemzug tausende Viren und Bakterien auf, die unser Immunsystem wach und aktiv halten. Keimreduktion durch Masken, Abstandsregeln, Luftfilter-Anlagen in Klassenräumen u.v.m. sind langfristig hochgradig schädlich; ihr Einsatz ist eigentlich nur durch sträfliche Unkenntnis der Zusammenhänge erklärbar. Auch gibt es mittlerweile eine Fülle von Publikationen, die keinerlei positive Effekte von Lockdown-Maßnahmen auf das Infektionsgeschehen nachweisen.^{29,30,31,32,33} Aktuell hat Schweden, wo es weder einen Lockdown noch eine Impfpflicht gab und die Coronaregeln auf Freiwilligkeit beruhen mit die niedrigsten Infektionszahlen in ganz Europa.³⁴

Unser Organismus ist ein Wunderwerk der Natur und ausgestattet mit unzähligen Regulations- und Adaptionsprozessen, deren „Intelligenz“ unseren Verständnis-Horizont bei weitem übersteigt. Auch in unserem Immunsystem stecken Millionen Jahre evolutive Erfahrung im Umgang mit der äußeren Natur, und dieses System arbeitet nicht nur auf äußerst komplexe Weise, sondern auch so hoch individuell, dass es im Grunde niemand versteht.

²⁷ Bosch, T. C. G.: Die mikrobielle Vielfalt erhalten. Hygienemaßnahmen im Rahmen der Covid-19 Pandemie. Pharmazeutische Zeitung Prisma 2020; 27. S. 207–210.

²⁸ https://www.t-online.de/region/stuttgart/news/id_91229076/stuttgart-immer-mehr-kinder-mit-rs-virus-in-klinikum-mit-schweren-lungenentzuendungen.html

²⁹ Bendavid, E., Oh, C., Bhattacharya, J. et al.: Assessing mandatory stay-at-home and business closure effects on the spread of COVID-19, in: «European Journal of, Clinical Investigation» 51 (2021), e13484

³⁰ Chin, V., Ioannidis, J.P.A., Tanner, M.A. et al.: Effect estimates of COVID-19 non-pharmaceutical interventions are non-robust and highly model-dependent, in: «Journal of Clinical Epidemiology» 136 (2021), S. 96–132.

³¹ Christian Bjørnskov, «Did lockdown work? An economist's cross-country comparison», CESifo Economic Studies, 29. März 2021, 1-14, DOI: 10.1093/cesifo/ifab003.

³² Savaris, R.F., Pumi, G., Dalzochio, J. et al.: Stay-at-home policy is a case of exception fallacy: an internet-based ecological study, in: «Nature Scientific Reports» 11 (2021), Artikel Nr. 5313.

³³ Siehe auch die Übersicht über die relevanten Studien vom American Institute of Economic Research, «Lockdowns do not control the coronavirus: the evidence», <https://www.aier.org/article/lockdowns-do-not-control-the-coronavirus-the-evidence>.

³⁴ <https://taz.de/Schwedens-Coronastrategie!/5814655/> Dezember 2021

„Wir verstehen noch nicht allzu viel darüber, wie das gesamte System der Immunabwehr funktioniert.“ Prof. Mark Morris Davis, Molekularbiologe und Immunologe der Stanford University, Kalifornien.

Ohne eine systemwissenschaftliche Orientierung ist ein Verständnis sowohl des Mikrobioms als auch des Immunsystems und ihrer vielfältigen Wechselwirkungen nicht möglich.

Grundsätzlich gilt: Unter Stressbedingungen steigt die Virenaktivität in jedem Organismus, aber auch in ganzen Ökosystemen an.³⁵ Jeder kennt die Lippenbläschen, die unter Stress gehäuft auftreten. Sie werden durch Herpesviren verursacht, die bei 90% der Menschen als sesshafte Viren die Nervenzellen bewohnen und nur unter Stressbedingungen symptomatisch werden, im schlimmeren Fall auch als Gürtelrose. Während der Flutkatastrophe durch den Hurrikan Katrina im Süden der USA stieg die Viruslast bei HIV-positiven Menschen deutlich an.³⁶ Auch die Ausbreitung der Spanischen Grippe nach Jahren des psychosozialen Dauerstresses durch den 1. Weltkrieg muss vor diesem Hintergrund verstanden werden. 2003 verendeten Tausende Koikarpfen im Kasumigaurasee bei Tokio an einem Herpesvirus, nachdem man die in Netzkäfigfarmen gehaltenen Fische durch zusätzliche Eingriffe in ihre Umwelt erheblich unter Stress gesetzt hatte; die Bewässerungskanäle zum Hinaufschwimmen wurden verändert durch Uferbegradigungen und durch Schilf-Rodungen ihre Brutplätze zerstört.³⁷

Chronischer, v.a. angstbesetzter Dauerstress hat nicht nur erhebliche, negative Auswirkungen auf unser Mikrobiom³⁸, sondern ist auch einer der wirkmächtigsten Destabilisatoren unseres Immunsystems, die wir kennen. Vor allem Ausgrenzung, Demütigung, Entwertungserfahrungen und soziale Isolation sind nicht nur seelisch die schwersten „Kränkungen“ für den Menschen, sondern haben längerfristig auch somatische Erkrankungen zur Folge. Metaanalysen haben gezeigt, dass Einsamkeit einen größeren Risikofaktor für chronische Erkrankungen wie Krebs, Autoimmunerkrankungen und Herz-Kreislauf-Erkrankungen darstellt als Rauchen, Alkohol, Übergewicht und Bewegungsmangel.³⁹

Seit Beginn der Pandemie haben Armut, Hunger, soziale Konflikte, zerbrochene Beziehungen, Arbeitslosigkeit, Vereinsamung, psychische Störungen bei Kindern und Jugendlichen – diese sind seit Anfang 2020 von 10,2 auf 25,2 Prozent angestiegen⁴⁰ und gelten als Eingangssymptome für spätere chronische Krankheits-Karrieren – weltweit zugenommen. „An den Folgen der Lockdowns werden weit mehr Menschen sterben als am Virus“ betonte Bundesentwicklungsminister Gerd Müller (CSU) in einem Interview.⁴¹ David Beasley, Exekutivdirektor des World Food Programms der UN sprach von *Hungersnöten biblischen Ausmaßes* durch die weltweiten Corona Maßnahmen.⁴²

³⁵ Das Corona-Syndrom – Warum die Angst gefährlicher ist als das Virus. In: Eisenstein, C., Hardtmuth, T., Hueck, C., Neider, A.: Corona und die Überwindung der Getrenntheit. Stuttgart 2020

³⁶ <https://www.intechopen.com/chapters/45003>

³⁷ https://www.researchgate.net/publication/228513988_The_status_of_koi_herpesvirus_disease_outbreaks_in_Lake_Kasumigaura_and

³⁸ Gur, T. L., Bailey, M. T.: Effects of Stress on Commensal Microbes and Immune System Activity. *Advances in Experimental Medicine and Biology* 2016; 874. S. 289

³⁹ Spitzer, M.: Einsamkeit. Die unerkannte Krankheit. Droemer & Knauer Verlag München 2018, S. 163

⁴⁰ <https://www.tagesschau.de/inland/gesellschaft/corona-depressionen-jugendliche-101.html>

⁴¹ Handelsblatt vom 22.9.2020. <https://www.handelsblatt.com/politik/deutschland/coronakrise-entwicklungsminister-mueller-an-den-folgen-der-lockdowns-werden-weit-mehr-menschen-sterben-als-am-virus/26209144.html?ticket=ST-565886-UpnKfwXO0G7eP7QJKM5-ap6>

⁴² https://de.wfp.org/pressemitteilungen/neuer-un-bericht-hunger-wird-drastisch-steigen-weil-coronavirus-leben-und-Lebensgrundlagen_ausloescht

Vor diesem Hintergrund muss man sagen, dass der eindimensionale „virologische Imperativ“ im Rahmen der Corona-Maßnahmen den Blick auf die wesentlichen Hintergründe des Krankheitsgeschehens weitgehend ausgeblendet hat. Seuchen und Pandemien werden erst unter Berücksichtigung der Wechselwirkungen von psychosozialen Umweltfaktoren und Immunfunktionen verständlich. Die langfristigen Auswirkungen der durch die Coronamaßnahmen erzeugten Belastungen werden das reine Virusproblem bei weitem übersteigen. Auch Impfungen als alleiniges Heilsversprechen zu bewerben, geht an der Lebensrealität vorbei.

Obwohl bis Ende November 2021 fast 70% der deutschen Bevölkerung vollständig geimpft waren, erreichten die Infektionszahlen Rekordniveau.⁴³ Eine aktuell im European Journal of Epidemiology erschienene Studie⁴⁴, bei der 68 verschiedene Länder und 2947 US-Bezirke ausgewertet wurden, konnte keinerlei Korrelation von Impfquoten und Infektionszahlen erbringen, im Gegenteil, vom Trend her steigen die Infektionsraten mit der Durchimpfung eher an. Und es ist zu befürchten, dass sich dieser Trend verstärken wird, denn die gefährlichen Virus-Mutanten, die sog. „Variants of Concern“ (VOC) entsprechen bei den Viren dem, was wir von den Antibiotika als Resistenzproblem schon länger kennen, dass die aggressiveren Varianten nämlich unter dem Selektionsdruck durch Impfungen schneller evolvieren.

So generieren wir mit der Impfung eine neue Situation, aus der heraus sich schnell ein neues Genotyp-Ensemble etablieren kann, das bereits nur noch zu einer abgeschwächten Erkennung durch unser eindimensional, d.h. nur gegen ein antigenes Protein (das Spike-Protein, Anm. T.H.) gerichtetes, „angeimpftes“ Immunsystem führt.⁴⁵

Das Immunsystem wird durch die Impfung gleichsam in eine Spezialisierung hineingezwungen, die nicht seinem evolutionsbiologisch gewachsenen, an vielfältige, dynamische Viren-Ensembles angepassten Verhalten entspricht.

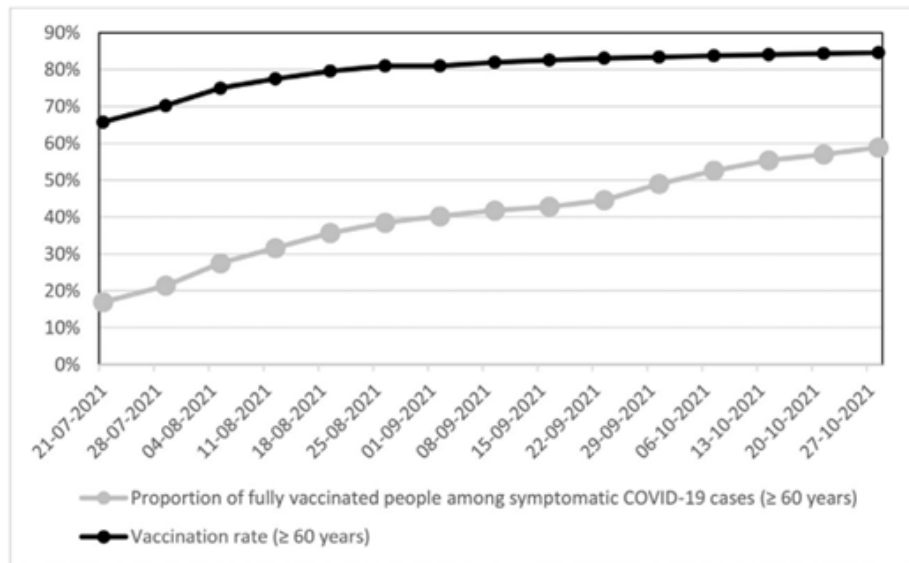
Es gibt auch inzwischen reichlich gesicherte Daten, dass der Immunschutz nach einer durchgemachten Covid-19 Infektion wesentlich breiter ist und deutlich länger anhält als nach Impfungen, die ja bekanntlich nach 4-6 Monaten kaum noch Effekte zeigen.⁴⁶ Der momentan proklamierte Impferfolg könnte sich als Zeitfenster-Trugschluss erweisen; nach dem Prinzip: hilft kurzfristig, schadet langfristig. Es wurde einmal eine Studie zum Tennis-Arm durchgeführt, bei der lokale Cortison-Injektion mit einer physikalischen Therapie verglichen wurden; nach 4 Wochen war der Vorteil der Injektionen überwältigend, allerdings war es nach einem Jahr genau umgekehrt.

⁴³ „Inzidenz hoch wie nie“ – Südwestpresse vom 25.11.21

⁴⁴ Subramanian, S.V., Kumar, A.: Increases in COVID-19 are unrelated to levels of vaccination across 68 countries and 2947 counties in the United States. European Journal of Epidemiology, Published: 30 September 2021. <https://doi.org/10.1007/s10654-021-00808-7>

⁴⁵ Der Pharma-Forscher Dr. Stefan Tasler im Interview mit Jens Berger, <https://www.nachdenkseiten.de/?p=78885>

⁴⁶ Gazit S, Shlezinger R, Perez G. et al.: Comparing sarscov-2 natural immunity to vaccine-induced immunity: reinfections versus breakthrough infections. MedRxiv. 2021. <https://doi.org/10.1101/2021.08.24.21262415>.



Die Grafik zeigt in der oberen dunkleren Kurve die Quote der vollständig Geimpften über 60-Jährigen in Deutschland vom 21.7.2021 bis 27. 10. 2021. Die graue Kurve darunter zeigt den Anteil der vollständig Geimpften an symptomatischen Covid-19 Erkrankungen.⁴⁷ Die beiden Kurven nähern sich immer mehr an und es ist absehbar, dass sich die Infektionsrate bei Geimpften in Bälde nicht mehr von der der Ungeimpften unterscheiden lässt.

Bei Fragen zur Sinnhaftigkeit von Impfungen ist es grundsätzlich problematisch, wenn Studien, die Milliarden Menschen betreffen, von den Herstellerfirmen und nicht von unabhängigen Institutionen durchgeführt werden. Dass sich mit statistischen Methoden Studien-Ergebnisse in vielfältiger Hinsicht frisieren und manipulieren lassen, dürfte hinlänglich bekannt sein, daher auch die hohe Zahl widersprüchlicher Aussagen. Besonders wenn als Studien-Endpunkte nicht wirklich klinisch relevante Gesundheitsdaten, sondern sog. Surrogate⁴⁸, das sind in der Regel Laborwerte, als Kenngrößen eingesetzt werden, wie zum Beispiel ein PCR-Test, wird die Qualität der Aussagen fragwürdig.

So zeigte die Zulassungsstudie des Pfizer-Impfstoffs zunächst einen deutlichen Vorteil für die Geimpften, denn in der geimpften Gruppe traten nur acht, in der Ungeimpften Kontrollgruppe 162 Coronainfektionen *mit einem positiven PCR-Test* auf. Der Impferfolg wurde mit dem Surrogat-Parameter *negativer PCR-Test* verknüpft. Was in der Studie aber nicht erwähnt wurde, dass es in der geimpften Gruppe 1594 Fälle von akuten Atemwegserkrankungen gab, die zwar der Covid-19-Erkrankung vergleichbar waren, aber einen negativen PCR-Test hatten und daher nicht berücksichtigt wurden. In der Kontrollgruppe waren es zwar mit 1816 etwas mehr, aber der primär angegebene Impfschutz von 95% reduzierte sich dadurch auf nur noch 19%.⁴⁹ Man hat mit der Impfung zwar einen Laborwert korrigiert, nämlich den PCR-Wert, aber nicht die wesentlichen klinischen Gesundheitsdaten. Damit ist die Sache aber noch nicht zu Ende gedacht. Vergleicht man nun die Gesamt-Morbidität insgesamt, d.h. sämtlich Krankheitsfälle unabhängig von ihrer Genese in beiden Gruppen, dann zeigt die Gruppe der Geimpften einen statistisch signifikant schlechteren Outcome,

⁴⁷ Kampf, G.: The epidemiological relevance of the COVID-19-vaccinated population is increasing. The Lancet Regional Health – Europe. 2021 Dec; 11:100272. doi: 10.1016/j.lanepe.2021.100272.

⁴⁸ Berger, M. Mühlhauser, I.: Surrogat-Marker: Trugschlüsse. Dtsch Arztebl 1996; 93(49): A-3280 / B-2768 / C-2571

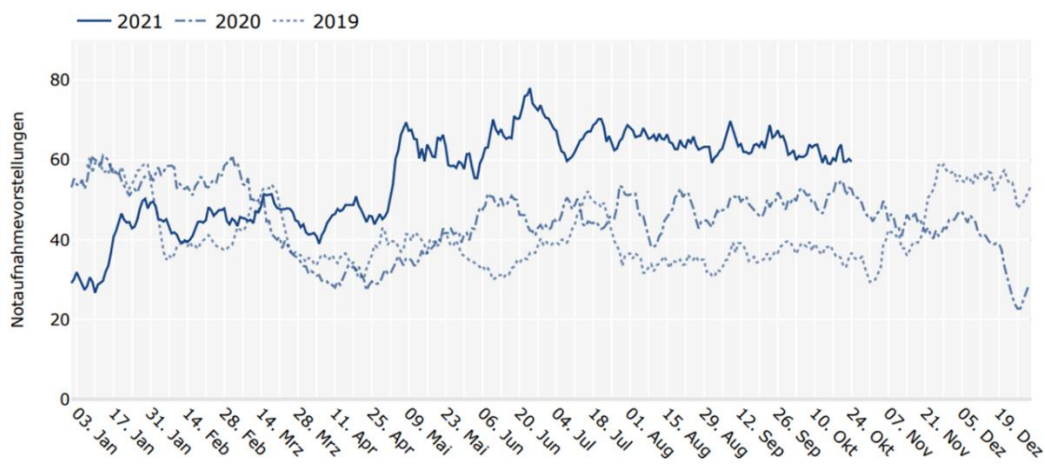
⁴⁹ Doshi, P.: Pfizer and Moderna's "95% effective" vaccines— we need more details and the raw data. The BMJ opinion, Jan. 2021. <https://blogs.bmj.com/bmj/2021/01/04/peter-doshi-pfizer-and-modernas-95-effective-vaccines-we-need-more-details-and-the-raw-data/>. 26.11.2020.

was den Autor der Studie⁵⁰, den US-Immunologen J.B. Classen, zu dem pointierten Schluss kommen lässt:

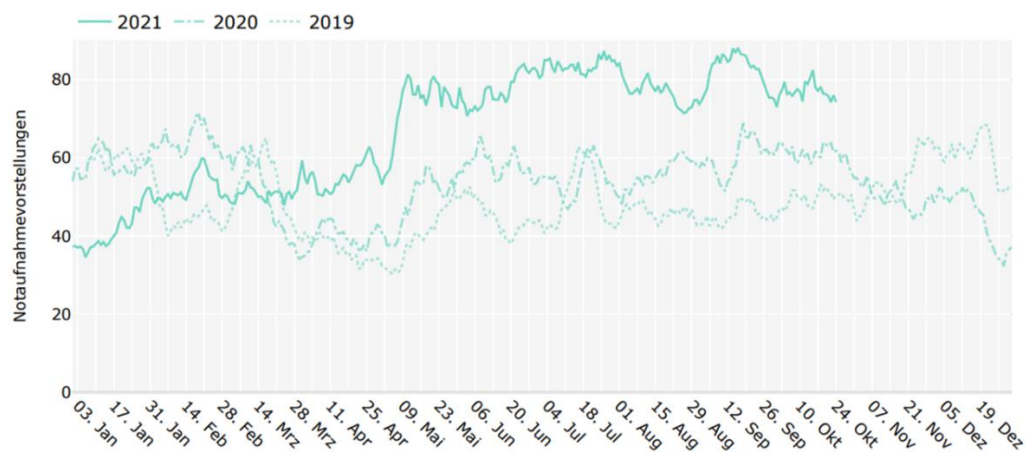
„Wissenschaftliche Grundsätze verlangen, dass die Massen-Immunsierung mit COVID-19-Impfungen sofort unterbrochen wird, weil wir uns mit einer sich abzeichnenden Impfungs-induzierten Gesundheits-Katastrophe konfrontiert sehen.“⁵¹

Untermuert werden solche Befürchtungen von Daten des RKI, die zeigen, dass die Zahl der Notaufnahmen wegen Herz-Kreislauf-Erkrankungen und neurologischen Akut-Symptomen in Deutschland im Jahr der Massenimpfungen 2021 im Vergleich zu den beiden Vorjahren deutlich zugenommen hat.⁵²

Kardiovaskuläre Vorstellungsgründe



Neurologische Vorstellungsgründe



⁵⁰ Classen J. B.: US COVID-19 Vaccines Proven to Cause More Harm than Good Based on Pivotal Clinical Trial Data Analyzed Using the Proper Scientific Endpoint, "All Cause Severe Morbidity". Trends Int Med. 2021; 1(1): 1-6

⁵¹ Zitiert aus der guten Übersichtsarbeit von R. Lutz: Wir diskriminieren nicht! Stellungnahme der Gesellschaft für Gesundheitsberatung GGB e.V. zur gesellschaftlichen Benachteiligung ungeimpfter Menschen. <https://gesundheitsberater.de/stellungnahme-coronaimpfungspflicht/>

⁵² https://edoc.rki.de/bitstream/handle/176904/8877/SitRep_de_2021-10-20.pdf?sequence=1&isAllowed=y

Wir wissen einfach nicht welche Folgeschäden wir mit diesen neuen, langfristig unerprobten Impfstoffen in dem so komplexen Netzwerk von Mikrobiom, Virom und Immunsystem anrichten. Da diese Systeme so individuell arbeiten und nahezu mit sämtlichen Organfunktionen vernetzt sind, können wir durch Manipulation durch Impfungen die vielfältigsten und von Patient zu Patient die unterschiedlichsten Effekte auslösen, die bei ehrlichem Eingeständnis kein Mensch zu überblicken oder vorherzusagen in der Lage ist⁵³ und deren Zusammenhang mit den Impfungen daher auch immer anzweifelbar ist. Die oft behauptete Eindeutigkeit der wissenschaftlichen Beweislage und die Alternativlosigkeit der Impfstrategie kann nur von Leuten kommen, die die vielen offenen Fragen und kritischen Aspekte offenbar nicht im Bewusstsein haben.

Warum schützen diese Impfungen langfristig nicht? Nach den bisherigen Erkenntnissen der Viromforschung sind einzelne Virenspezies als System-Komponenten des Mikrobioms nicht monokausal für eine Infektionserkrankung verantwortlich zu machen. Um dieses alte Dogma – das sich vermutlich auch nicht so schnell ausräumen lässt, weil es so tief in unseren Denkgewohnheiten verwurzelt ist – wirklich belastbar zu untermauern, müssten wir bei jeder Infektionserkrankung das gesamte Virom jedes Patienten mit seinen weit über hundert verschiedenen, infektionsrelevanten Viren analysieren (soweit wir sie überhaupt kennen), was bisher aber nie durchgeführt wurde. Wir würden dann eine individuell sehr unterschiedliche Komposition von Viren, durchaus auch mit Dominanz einzelner Spezies, finden. Ohne eine systembiologische Perspektive, die für ein Verständnis des Mikrobioms bzw. Viroms grundlegende Voraussetzung ist, liefern uns solche Befunde aber keine vollständige Erklärung, warum und wie schwer ein Mensch erkrankt – dies ist grundsätzlich multifaktoriell und höchst individuell bedingt. Weit unterschätzt werden in diesem Zusammenhang auch die Placebo- bzw. Nocebo-Effekte, deren Einflüsse oft ganz erstaunlich sind⁵⁴ und so manchen Impferfolg wie auch viele Erkrankungen aus ständiger Angst vor dem Virus mit begründen.

Die erkenntnistheoretische Herausforderung bei der Mikrobiomforschung liegt in dem sog. mereologischen Fehlschluss, der besagt, dass wir im Lebendigen eine Funktion irrtümlich einem einzelnen Teil zuschreiben, die in Wirklichkeit aber nur dem Ganzen zukommt. Wir können nicht sagen „Das Gehirn denkt“, denn ohne den ganzen Menschen denkt dort gar nichts – es ist immer der Mensch als organische Einheit aus unzähligen Komponenten, die eine Funktion verständlich macht. In diesem Sinne können wir auch nicht sagen, Viren und Bakterien *verhalten* sich so oder so nach ihrer *Eigengesetzlichkeit*, als sei das Mikrobiom in seinen Wirkungen lediglich die Summe der Aktivität seiner Komponenten – nein, Mikroorganismen sind nie Einzelgänger, ihre Funktion ist immer in den funktionellen Kontext des gesamten Organismus oder eines Ökosystems integriert. Deshalb spiegelt sich unser gesamter Zustand im mikrobiellen System wider; es sind zahlreiche Einflüsse wie Ernährung, Psyche, Alter, Klima, Gewicht, körperliche Aktivität, Stress u.v.m., die einen mehr oder weniger modulierenden Einfluss auf unser Mikrobiom und damit auf unsere Gesundheit haben.

Wir wollen diesen wichtigen Gesichtspunkt an einem Beispiel verdeutlichen. Eines der bekanntesten Darmbakterien ist *Escherichia coli*, das in den Därmen aller Menschen und Säugetiere zu finden ist. Aber *E. coli* ist kein genetisch definierter Organismus wie ein Hase oder eine Kuh, sondern hoch

⁵³ Seneff, S., Nigh, G.: Worse Than the Disease? Reviewing Some Possible Unintended Consequences of the mRNA Vaccines Against COVID-19. International Journal of Vaccine Theory, Practice, and Research: 38–79. 10.05.2021

⁵⁴ Schröder, H.: Placebo und Nocebo, Das folgenreiche Wirken des vermeintlich Wirkungslosen. In: Schubert, C., Singer, M.: Das Unsichtbare hinter dem Sichtbaren, Norderstedt 2020, S. 225-245

plastisch. Die genetische Übereinstimmung von Mensch zu Mensch beträgt weltweit 99,9%, bei Mensch und Affe 98,7%, bei Ratte und Maus 90% und bei Mensch und Pferd etwa 70%. Bei zwei Coli-Bakterien kann die genetische Übereinstimmung bei nur 6% liegen, d.h. über 90% ihres Genoms sind variabel⁵⁵, was wiederum mit der ständigen Übertragung von Genen durch Viren zu tun hat (horizontaler Gentransfer). Coli-Bakterien treten also in unzähligen, durch individuelle Mikroevolution entstandene Varianten auf. Wie sich das Genom von E. coli modifiziert, liegt aber nicht in ihm selbst, sondern immer im gesamten Organismus begründet. Die hoch pathogene EHEC-Variante (Entero-Hämorrhagischer Escherichia coli) beispielsweise, die schwere Durchfälle und Nierenversagen auslösen kann, ist keine „böse Laune“ von E. coli, sondern entwickelt sich hauptsächlich dort, wo z.B. durch Massentierhaltung riesige Mengen von Jauche anfallen, die der ideale Nährboden für EHEC sind. Systembiologisch sind solche Massen von Exkrementen an einem Ort, z.B. in regelrechten Gülle-Seen, „unphysiologisch“; die riesige „Monokultur“ von Escherichia coli wird gleichsam durch Viren herunterreguliert. Das Gift (Shiga-Toxin) produzierende Gen, das aus E. coli den EHEC-Erreger macht, nimmt der Keim über ein Virus auf. Über das Trinkwasser gelangen diese als Pathogen in die menschlichen Nahrungskreisläufe und sorgen in den USA für etwa 90.000 EHEC-Erkrankungen pro Jahr. ⁵⁶ EHEC ist also nicht durch ein „böses“ Virus verursacht, sondern durch den Menschen selbst und seine ökologisch unsensible Landwirtschaft.

Mit anderen Worten, die Funktionen von Viren und Bakterien sind hochgradig extrinsisch, d.h. sie werden vom umgebenden Milieu und weniger von ihren inneren Determinanten bestimmt (s. oben, Zitat 12, S. 5). Daher sind auch die meisten Corona-Maßnahmen dysfunktional, weil sie das Kontext- bzw. Organismus abhängige Verhalten von Viren kategorisch unberücksichtigt lassen. Was aus einem Coronavirus wird, entscheidet nicht das Virus, sondern der Organismus. Ein Messer hat zahlreiche Funktionen und Verwendungsmöglichkeiten; wenn ich es nur als Mord-Instrument bezeichne, habe ich keine richtige Vorstellung davon verbreitet, was ein Messer ist.

Wenn wir also einzelne Virenspezies „wegimpfen“, beseitigen wir dadurch nicht die systemische, im Wesentlichen immunologisch bedingte Erkrankungs-Disposition. Es gibt zum Beispiel Hinweise, dass nach Grippe-Impfungen die Influenzaviren bei Infekten zwar seltener gefunden werden, die Zahl der akuten Atemwegserkrankungen aber deswegen nicht geringer wird, es verändert sich lediglich das Erregerspektrum. Es sind gerade Corona- und Metapneumonie-Viren, die sich bei Grippe-Geimpften an die Stelle der Influenzaviren setzen. ⁵⁷ Aktuell explodieren in Rio de Janeiro die Grippezahlen. Mit einer Covid-19-Impfquote von 95% bei den über 18-Jährigen gingen dort die Coronazahlen zwar deutlich zurück, aber *bei Erwachsenen stieg die Zahl der Patientenbesuche mit Grippe-Syndrom-Fällen von 126,5 auf 3756. Das entspricht einer Steigerung von rund 2900 Prozent.*⁵⁸

Wenn wir durch Einnahme eines Antibiotikums die Hälfte unserer Darmflora zerstören, werden die dadurch leer gewordenen Nischen eben durch andere Bakterien, zum Beispiel die resistenten Mutanten, ersetzt. Bei den Viren ist das ganz genauso. Um das Ausmaß solcher Virus-Interferenzen zu beurteilen, reichen aber unsere verfügbaren Daten hinsichtlich der Virom-Analysen bei weitem

⁵⁵ https://de.wikipedia.org/wiki/Escherichia_coli#Phylogenie

⁵⁶ Venegas-Vargas, C., Henderson, S., Khare, A. et al.: Factors associated with Shiga toxin-producing Escherichia coli shedding by dairy and beef cattle. Applied and Environmental Microbiology 2016; 82 (16). S. 5049–5056

⁵⁷ Wolff, G.G.: Influenza vaccination and respiratory virus interference among Department of Defense personnel during the 2017-2018 influenza season, Vaccine 2020 Jan 10;38(2):350-354. doi: 10.1016/j.vaccine.2019.10.005. Eine ausführliche Darstellung der Thematik findet sich bei Wodarg, W.: Falsche Pandemien, München 2021, S. 105-164

⁵⁸ Corona fast besiegt – und plötzlich kommt die Grippe, Tobias Käufer in DIE WELT vom 13.12.2021

nicht aus, weil die Vielfalt der Viren, ihre Variabilität und ihre Interaktionen bzw. Interdependenzen viel zu komplex sind.

Nach traditionellem Koch'schem Paradigma ist der Beweis für die mikrobielle Ursache einer Infektionserkrankung dann erbracht, wenn sich durch Isolation und Züchtung einzelner Viren und Bakterien und ihre Verabreichung in den Körper spezifische Krankheits-Symptome auslösen lassen. Ein Erklärungsmuster, das auf überholten, biomechanistisch linearen Denkweisen aus dem 19. Jahrhundert beruht, aber mit den modernen, systembiologischen Erkenntnissen nicht mehr vereinbar ist. In seiner gesamten Evolution war der Mensch und sein Immunsystem nie mit solchen Monokulturen konfrontiert. In der Natur kommen keine viralen oder bakteriellen Isolate vor, sie existieren grundsätzlich nur in ökologischen Gemeinschaften. Entsprechend sind die Immunsysteme immer an komplexe Mikroben-Populationen und ihre Dynamik adaptiert. Die Isolation von einzelnen Antikörpern ist genauso lebensfern wie die Analyse einzelner Mikroben. Systembiologisch sprechen wir heute von Konzertierung oder Orchestrierung, um solche Vorgänge und ihre übergeordneten Organisationsstrukturen zu beschreiben. Sowohl das Mikrobiom wie auch das Immunsystem entsprechen lebendig dynamischen Netzwerken und nicht monokausalen Ursache-Wirkprinzipien im Sinne eindimensionaler Antigen-Antikörper-Logik. Wir kreieren und orchestrieren täglich tausende neue Antikörper in höchst komplexen, zusammenhängenden Kompositionen, das Potential der möglichen Antikörper-Varianten geht dabei in die hunderte Millionen.

Das Immunsystem als lebenslang lernendes System lässt sich mit der Sprache vergleichen. Wir gehen nicht durch die Welt und sagen *Baum ... Auto ... Wolke ... Haus ... Fahrrad ...* im Sinne einer stereotypen Reaktion auf bestimmte Umwelt-Reize bzw. einer reduktionistischen Antigen-Antikörper-Reaktion, sondern wir lernen *Sprechen* auf individuelle, kreative und immer wieder neue Weise! Das Immunsystem ist viel mehr als ein „militärisches Abwehrsystem“ – das sind ja nur alte Anthropomorphismen! Immunfunktionen beinhalten Erfahrung, Lernen, Erleben, Fühlen, Verarbeiten, Vergleichen, Spüren u.v.m., allerdings auf einer weitgehend unbewussten, aber nichts desto weniger auf einer hochintelligent sensiblen Ebene. Sie hängen eng mit unserer seelischen Resilienzfaktoren, mit Aufmerksamkeit, Wachheit, Engagement, Geistesgegenwart, kurzum mit unserer Ich-Präsenz zusammen. Die psychoneuroimmunologische Forschung hat dazu in den letzten Jahren reichlich Belege geliefert.⁵⁹

Fazit

Erst in den letzten 15 bis 20 Jahren ist das zuvor unvorstellbare Ausmaß der Besiedlung des Menschen mit Billionen von Viren und Bakterien deutlich geworden. Ihre Vielfalt und die komplexen genetischen und metabolischen Wechselwirkungen mit unserem Organismus leiten einen gewissen Paradigmenwechsel hinsichtlich unserer bisherigen Vorstellungen von „Krankheitserregern“ ein. Die monokausale Logik *ein Erreger – eine Krankheit – eine Therapie* reicht für ein umfassendes Verständnis des Infektionsgeschehens nicht mehr aus und bedarf einer systembiologischen Neuorientierung.

Ein verantwortungsvoller Umgang mit der gegenwärtigen Coronakrise kommt ohne diese erweiterte Perspektive nicht aus, ansonsten besteht die Gefahr, dass das immer noch an tradierten Vorstellungen orientierte Pandemie-Management an den realen Gesundheitszielen vorbeioptiert.

⁵⁹ Schubert, C., Amberger, M.: Was uns krank macht, was uns heilt. Aufbruch in eine neue Medizin. Fischer & Gann Verlag Munderfing 2016.

Entgegen einer Flut von alarmierenden Prognosen hatten wir im Corona-Jahr 2020 *ohne Impfungen* keine Übersterblichkeit in Deutschland⁶⁰, die man bei dem Begriff „Pandemie“ eigentlich erwarten würde.⁶¹ Seit Herbst 2021 zeichnet sich bei steigender Impfquote eine zunehmende Übersterblichkeit ab bei gleichzeitigem Rückgang der Coronasterblichkeit⁶². Vor diesem Hintergrund ist die Einführung einer Impfpflicht eine mehr als verantwortungslose, ja im Grunde strafrechtlich relevante Maßnahme, weil sie nicht nur das verfassungsrechtlich verankerte Recht auf Selbstbestimmung und körperliche Unversehrtheit, sondern auch eine Vielzahl wissenschaftlicher Tatsachen ignoriert.

„Man muss das Wahre immer wiederholen, weil auch der Irrtum um uns her immer wieder gepredigt wird, und zwar nicht von einzelnen, sondern von der Masse. In Zeitungen und Enzyklopädien, auf Schulen und Universitäten, überall ist der Irrtum obenauf, und es ist ihm wohl und behaglich im Gefühl der Majorität, die auf seiner Seite ist.“

Johann Wolfgang von Goethe⁶³

⁶⁰ Kowall, B., Standl, F., Oesterling, F. et al.: „Excess mortality due to Covid-19? A comparison of total mortality in 2020 with total mortality in 2016 to 2019 in Germany, Sweden and Spain. Plos One 2021, <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0255540>

⁶¹ Warum das in anderen Ländern anders ist, hat zahlreiche Gründe, kann aber nicht am Virus liegen, denn das kennt bekanntlich keine nationalen Grenzen.

⁶² <https://www.derstandard.de/story/2000131577990/weniger-covid-opfer-als-letzten-herbst-aber-hoehere-uebersterblichkeit>

⁶³ zu Johann Peter Eckermann am 16. Dezember 1828