



04.05.2020

Transkript

„Heinsberg-Studie – Immunität gegen und Letalität durch SARS-CoV-2 in der Bevölkerung in Gangelt“

Experten auf dem Podium

- ▶ **Prof. Dr. Gunther Hartmann**
Direktor des Instituts für Klinische Chemie und Klinische Pharmakologie, Universität Bonn
- ▶ **Prof. Dr. Gérard Krause**
Leiter der Abteilung Epidemiologie, Helmholtz-Zentrum für Infektionsforschung (HZI), Braunschweig
- ▶ **Prof. Dr. Hendrik Streeck**
Direktor des Instituts für Virologie, Universitätsklinikum Bonn
- ▶ **Volker Stollorz**
Redaktionsleiter und Redakteur für Medizin und Lebenswissenschaften, Science Media Center Germany, und Moderator dieser Veranstaltung

Video-Mitschnitt

- ▶ Einen Mitschnitt im finden Sie auf der Website des SMC:
<https://www.sciencemediacenter.de/alle-angebote/press-briefing/details/news/heinsberg-studie-immunitaet-gegen-und-letalitaet-durch-sars-cov-2-in-der-bevoelkerung-in-gangelt/>



Transkript

Moderator: [00:07:41]

Dann würde ich sagen: Wir fangen schon mal mit Ihnen an, Herr Streeck. Herzlich willkommen zum virtuellen Press Briefing im Science Media Center, liebe Kolleginnen und Kollegen. Mein Name ist Volker Stollorz. Ich denke, Sie alle kennen die Heinsberg-Studie. Heute haben wir die Gelegenheit, über erste konkrete wissenschaftliche Erträge dieser Forschung zu sprechen. Denn seit kurz nach neun Uhr liegt eine sogenannte Preprint-Publikation vor. Wichtig für alle zu wissen ist: Preprints sind noch keine von unabhängigen wissenschaftlichen Experten begutachteten Publikationen, sondern eine Art Working Paper. Aber angesichts des hohen Interesses und Informationsbedarfs freue ich mich sehr, dass sich der Erst- und Letztautor bereiterklärt haben, heute Morgen kurzfristig die wichtigsten Ergebnisse zu präsentieren und sich Ihren Fragen zu stellen. Wir haben zudem noch einen nicht an der Studie beteiligten Wissenschaftler gebeten, die Ergebnisse für Sie einzuordnen. Wir haben gerade ein technisches Problem und können noch nicht beide zuschalten. Deswegen fangen wir an: Herzlich willkommen, Herr Prof. Dr. Hendrik Streeck. Er ist der Direktor des Instituts für Virologie im Universitätsklinikum Bonn. Ich erteile Ihnen kurz das Wort für fünf Minuten: Sie wollten kurz einführen, in die Ergebnisse, die Sie soeben in dem Preprint veröffentlicht haben. [00:08:51]

Hendrik Streeck: [00:08:52]

Schönen guten Morgen. Ich fange dann gleich an mit den Slides. Wir sind ja schon sehr lange in Gangelt und Heinsberg unterwegs. Ein Vorschlag war in diesem Bereich, wo wir so ein sogenanntes Super-Spreading-Event, also ein besonderes Ausbruchereignis, hatten, genauer zu verstehen, wer sich eigentlich infiziert hat und wie die Abläufe gewesen sind. In der Figure eins sieht man den Karneval, von dem ausgegangen wird, dass er das Super-Spreading-Event um den 15.02.2020 herum gewesen sein musste. Und es gibt keine Evidenz dafür, dass es ein anderer Zeitpunkt gewesen sein müsste, wo man denn im Verlauf der Zeit doch einen recht deutlichen Anstieg der Infektionen gesehen hat, auch nach der vorgeschlagenen Ausgangssperre durch Herrn Pusch, den Landrat. Zur Höchstzeit – um den 13.03. – im Vier-Tages-Zeitraum wurden 85 Positive an den vier Tagen gemessen, und es gab dann langfristig einen Abfall der Infektionen bis zum 30.03. Am 30.03. fing dann unsere Studienperiode an, wo wir sowohl PCR-Analysen gemacht haben, die Teilnehmer befragt haben und auch Immunglobuline IgG und IgA getestet haben. Insgesamt wurden über das Einwohnermeldeamt des Kreis Heinsberg 600 Personen kontaktiert und sie wurden eingeladen, ihren gesamten Haushalt zum Studienzentrum mitzubringen. Insgesamt haben 407 Teilnehmer geantwortet, und wir haben am Ende 405 Haushalte eingeschlossen. Bei einigen, vor allem bei Kindern, wurde zum Beispiel Blutabgabe abgelehnt oder Bio-Sampling abgelehnt, sodass wir am Ende ein Datenset haben von 919 Studienteilnehmern aus 405 Haushalten. Weil ich später nicht darauf eingehen werde, ist es wichtig zu sagen, dass wir eine Unterrepräsentation an Kindern haben in der Studie, aber eine Überrepräsentation an Menschen oder Teilnehmern über 65 Jahren. Eigentlich wollte hier Herr Hartmann übernehmen, dann übernehme ich – oder ist er drin? [Audioausfälle] In dieser Grafik sieht man, dass wir IgG und IgA gemessen haben. Der wichtige Teil in der Grafik ist die Figure 2c. Das sind nämlich die gesamten Teilnehmer, die in einer Weise positiv getestet wurden. Die Grafik ist ein bisschen schwierig zu verstehen, daher erkläre ich sie einmal: Wir haben einen größeren Anteil – das ist dieser dieser schwarz umrandete Kasten – die Immunglobulin-positiv getestet waren, also insgesamt 125 Teilnehmer – mit IgG. Wir hatten 22 Teilnehmer, die zuvor durch das Gesundheitsamt positiv getestet wurden, und wir haben 33 Teilnehmer, die zuvor nicht positiv getestet wurden, aber von uns positiv getestet wurden in der PCR. Da gibt es natürlich Überschneidungsbereiche: 15 Teilnehmer von den älteren, die PCR-positiv waren, waren IgG-positiv, aber PCR-negativ. Vier Teilnehmer insgesamt waren weiterhin auch PCR-positiv. Wenn wir in die nächste Abbildung gehen: Insgesamt haben wir eine Positivenrate von 15,2 Prozent gemessen. Hier kann man eigentlich relativ schnell durchgehen, wenn man sieht: In der Grafik 3a hatten wir 22 Teilnehmer, die vorher positiv getestet waren. Insgesamt haben wir 138 Teilnehmer, die positiv waren, gemessen aus 919 Teilnehmern. Wenn man das nun auf Gangelt bezieht, mit den bis zum Studienabschluss sieben Todesfällen, können wir daraus die infection fatality rate von 0,37 Prozent bestimmen. Das ist erst einmal die Zahl, auf die wir mit der Einwohnerzahl kommen. Da kann man natürlich noch einiges rechnen und korrigieren. Das ist in



den unteren Grafiken B und C dargestellt. Im Grunde haben wir einmal die Spezifität, die gemessen wurde.... [00:14:25]

Moderator: [00:14:31]

Herzlich willkommen, Herr Krause, wir hören Sie. Herr Krause, können Sie mich hören? [00:14:37]

Gérard Krause: [00:14:37]

Ich kann Sie hören, können Sie mich denn jetzt hören? [00:14:39]

Moderator: [00:14:42]

Wir hören Sie. Warten Sie bitte noch, bis Sie gleich dran sind. Vielen Dank, dass Sie dabei sind. Herr Streeck, Sie können noch weiter fortfahren mit der Folie B. [00:14:50]

Hendrik Streeck: [00:14:53]

Ja, vielleicht hat Herr Hartmann auch noch einiges zu ergänzen. Es gibt von Euroimmun die gemessene Spezifität von 99,1 oder jetzt 99,2 Prozent. Wir haben bei uns im Labor auch die Spezifität gemeinsam bestimmt und kamen auf 98 Prozent oder 98,3 Prozent. Wir haben mit beiden Faktoren gerechnet. Dadurch sieht man hier eine Korrektur in der Infektionsrate, die sich natürlich auf die fatality rate auswirkt. Weiterhin haben wir gesehen, dass wir eine Unterrepräsentation von den Personen haben, die zuvor positiv getestet waren – also durch das Gesundheitsamt. Das ist leicht erklärbar, dass die Personen, die zum Beispiel krank gewesen sind oder sich krank gefühlt haben, nicht in Studienzentrum gekommen sind oder bereits wussten, dass sie positiv gewesen sind und kein Interesse hatten, mehr an einer Studie teilzunehmen. Im nächsten Slide in der Figure 4 sieht man, dass wir – für mich immer noch überraschend – 22 Prozent hatten, die gar keine Symptome in den letzten zwei Monaten beschrieben haben. Das bestätigt auch Studien aus China, die gesagt haben, dass rund 20 Prozent einen asymptomatischen Verlauf haben. Das haben wir bei uns auch gesehen und auch einen größeren Prozentsatz, der ein oder zwei Symptome hat. Typische Symptome waren wieder Geruchs- und Geschmacksverlust oder trockener Reizhusten und Halsschmerzen. Wir können uns natürlich auch auf die Haushalte beziehen in dieser Studie. Generell sehen wir in der Figure 5a kein Clustering der Infektionen. Es gibt in den verschiedenen Haushaltsgrößen nicht generell mehr Infektionen, basierend auf dem Haushalt. Wenn man sich die Figure 5b anschaut – die ist ein bisschen komplizierter gerechnet im Ein-Personen-Haushalt. Das ist nur bezogen auf die, die bereits infiziert sind im Haushalt. Wenn eine Person im Haushalt infiziert ist. Wie hoch ist das Risiko? [00:14:53]

Moderator: [00:17:27]

Herr Hartmann, herzlich Willkommen. Herr Streeck hat für Sie dankenswerterweise übernommen. Wir sind gerade bei Figure 5d. Herr Hartmann, wollen Sie einfach übernehmen? [00:17:50]

Gunther Hartmann: [00:17:54]

Ich habe die letzten Sätze nicht gehört, aber ich kann einfach einmal hier weitermachen. Es geht um die Haushalte und zwar das Risiko, in einem Haushalt infiziert zu sein. Auf der linken Seite sieht man, dass die einzelnen Punkte, also eins, zwei, drei, vier heißt Haushalte mit ein, zwei, drei und vier Mitgliedern, dass sich das Risiko grundsätzlich innerhalb der Haushalte, also in Abhängigkeit von den Haushalten, nicht verändert. Das heißt, das grundsätzliche Risiko, dass jemand, der in einem Vier-Personen-Haushalt lebt, hat das gleiche Risiko, grundsätzlich infiziert zu sein wie jemand, der alleine lebt in einem Ein-Personen-Haushalt. Auf der rechten Seite ist dann aber abgebildet, was passiert, wenn eine der Personen infiziert ist, also in Haushalten, wo mindestens eine Person infiziert ist. Und man müsste noch einmal zurückgehen auf das Dia davor. Auf der rechten Seite b, da ist das so, dass es auf der Seite ganz links geht's los bei 1, das heißt, es ist mindestens einer infiziert, und man geht dann in zwei, drei Vier-Personen-Haushalte. Wenn man jetzt einen Vier-Personen-Haushalt anschaut, dann ist das Risiko auf der schwarzen Kurve gezeigt versus der grauen Kurve leicht erhöht, nämlich mit drei Prozent über den 15 Prozent des Gesamtrisikos, das jemand sowieso hat. Das heißt, mit anderen Worten: Jemand lebt in einem Vier-Personen-Haushalt und hat nur einen drei Prozent höheres Risiko, als wenn er einfach nur als Ein-Personen-Haushalt leben würde. Das ist für Drei- und Zwei-Personen-Haushalte höher, nämlich 28 und 20 Prozent über dem 15 prozentigen Risiko, das das Durchschnitts-Risiko ist. Dann können wir auf das nächste Dia gehen. Die wichtige Aussage hier ist: Die beiden oberen Abbildungen zeigen, dass grundsätzlich das Risiko, infiziert zu sein, nicht abhängig ist von der



Altersgruppe mit Ausnahme der Jüngsten, wobei hier die Zahlen relativ niedrig sind, sodass sich hier kein statistisch signifikanter Werte ergibt. Von daher kann man keine sichere Aussage treffen. Das ist etwas niedriger, aber es ist nicht signifikant. Ansonsten sind die Altersgruppen in etwa gleich verteilt. Das heißt kein höheres Risiko für irgendeine Altersgruppe. Auf der rechten Seite sieht man die Komorbiditäten. Da ist das Risiko für eine Infektion für die verschiedenen Komorbiditäten auch nicht unterschiedlich signifikant. Was aber jetzt sehr interessant ist, dass die Teilnahme an Karnevals-Veranstaltungen und während dieser Zeit dazu führt, dass doch – und sieht man links unten bei c) – ein sehr viel höheres Risiko besteht, sich infiziert zu haben. Also die Infektionsrate ist da höher. Und dann bei d) ist es dann nochmal auf die Zahl der Symptome heruntergebrochen, das heißt letzten Endes Intensität der Erkrankung, und man sieht auch hier, dass bei [TONABBRUCH] gekommen ist. Das haben wir auch noch gerechnet über die Altersgruppen. Und das liegt nicht daran, dass auf dem Karnevalsveranstaltungen jetzt auf einmal die Kinder und die Eltern nicht mehr dabei sind. [00:21:23][208.8]

Moderator: [00:21:28] Vielen Dank, dann würde ich noch einmal ganz kurz für alle – sorry, dass es technische Probleme gab – die Experten kurz vorstellen. Das ist einfach höflich. Ich habe Sie einfach hereingenommen, Herr Prof. Hartmann. Professor Gunther Hartmann ist der Direktor des Instituts für Klinische Chemie und Klinische Pharmakologie an der Universität Bonn. Herrn Streeck hatten wir schon vorgestellt. Und Prof. Dr. Gérard Krause ist der Leiter der Abteilung Epidemiologie am Helmholtz-Zentrum für Infektionsforschung in Braunschweig. Herzlich Willkommen nochmals alle! Dann würde ich gerne Sie bitten, Herr Krause. Sie sind der unabhängige Experte. Können Sie einmal ganz knapp vielleicht in fünf Minuten aus Ihrer Sicht einordnen: Wie überzeugend sind die Daten, die wir jetzt gerade hier präsentiert bekommen haben und in dem Preprint natürlich? [00:22:14][45.5]

Gérard Krause: [00:22:16] Das sind zumindest einmal die ersten, richtig verfügbaren Daten für Deutschland und auch sehr überzeugend. Und es ist auch gut, dass die Daten vorliegen. Wir haben jetzt einen ersten Anhalt, und insbesondere für Gangelt haben wir ja jetzt eine sehr gute Ausgangsbasis. Gerade (zum) Verhältnis zwischen den offensichtlich Infizierten und denen über das Meldesystem Erfassten haben wir ein Verhältnis, mit denen wir arbeiten können. Auch was das Verhältnis der Verstorbenen in Bezug auf die Infizierten betrifft, haben wir jetzt erstmalig einen Anhaltfaktor, der wichtig ist. Und was ich auch interessant fand waren die Ergebnisse in Bezug auf Alter, in Bezug auf Geschlecht. Die Studie war dafür nicht gewertet, also war statistisch nicht dafür ausgelegt, da Unterschiede signifikant herauszuarbeiten, aber es gibt jetzt auch aufgrund der jetzigen Daten keinen Hinweis, dass da ein großer Unterschied sein könnte. Der einzige, den ich sehr interessant finde, ist der bei den jungen erwachsenen Frauen, wo sich vielleicht ein Unterschied verbergen könnte, den wir noch einmal besser verstehen müssen. Aber das kann man leicht in nachfolgenden Studien untersuchen. Das waren in einem ersten Schnelldurchlauf erst einmal meine ersten Eindrücke dazu. [00:23:42]

Moderator: [00:23:45]

Wollen Sie direkt darauf antworten, Herr Hartmann oder Herr Streeck oder soll ich Ihnen eine Frage stellen, die mich beschäftigt hat, als ich mir die Studie angeschaut hatte. [00:23:52]

Gunther Hartmann: [00:23:55]

Vielleicht kann ich ganz kurz sagen, dass ich den Herrn Krause leider nicht verstanden habe. Ich habe es auch gerade in den Chat geschrieben. Sie verstehe ich aber sehr gut. Sie könnten eine Frage noch einmal an uns die Runde stellen, vielleicht aus dem Komplex, den er beschrieben hat. [00:24:09]

Hendrik Streeck: [00:24:11]

Ich habe es aber komischerweise gehört. [00:24:12]

Moderator: [00:24:14]

Wir haben wirklich technische Probleme. Es tut mir wirklich schrecklich leid. Ich weiß auch nicht genau, woran das liegt. Ja, versuchen Sie noch einmal zu wiederholen, was ich jetzt verstehen. [00:24:26][11.6]

Gérard Krause: [00:24:29]

Können Sie mich jetzt verstehen, Herr Hartmann? [00:24:29]



Hendrik Streeck: [00:24:29] Ich höre ihn. [00:24:30]

Moderator: [00:24:35]

Dann würde ich sagen: Wir machen einfach einmal weiter. Das ist irgendwie schwierig. Ich weiß nicht, woran es liegt, tut uns schrecklich leid, dass da ein Problem ist. Meine Frage, die ich an Sie hätte: In der Studie finden Sie ja 2,39 Prozent PCR-Positive und im Gesundheitsamt waren es zum Zeitpunkt der Untersuchung ungefähr 3,08 Prozent. Sie haben es ja auch schon angesprochen, Herr Streeck. Eine der ganz wichtigen Fragen ist ja, wie repräsentativ diese 400 Teilnehmer (sind), die Sie sozusagen von den 600 Eingeladenen hatten. Können Sie noch einmal kurz erklären, wie Sie sich die Unterschiede erklären? Ist das eine Unterrepräsentation oder eine Überrepräsentation? Kann man da irgendwas zu Gangelnt sagen? Da würde mich auch Herr Krauses Meinung gleich noch einmal interessieren. Vielleicht fängt Herr Streeck an. Wie sicher sind Sie, dass diese eingeladenen Teilnehmer repräsentativ sind für Gangelnt? [00:24:35]

Hendrik Streeck: [00:25:27]

Ja, das sieht man ja in den supplemental figures, dass wir in bestimmten Bereichen unterrepräsentiert sind. Vor allem bei Kindern haben wir eine Unterrepräsentation, bei älteren über 65-Jährigen sind wir überrepräsentiert. Auch vom powern her können wir natürlich schwer was über die Kinder aussagen. Wie Herr Krause eben schon gesagt hat, sind wir da nicht gewertet genug. Natürlich haben sich im weiteren Verlauf die Meldezahlen in Gangelnt verändert und auch die Zahlen, die wir gemessen haben. Die sind ja über das Infektionsschutzgesetz gemeldet worden und sind dann da auch mit reingeflossen. [00:26:16]

Moderator: [00:26:18]

Sind Sie denn sicher, dass auch die Todesfälle – Sie haben ja sieben in Ihrer Studie, ich glaube, aktuell sind es neun – dass da keine Toten "vergessen", nicht getestet oder in die Studie deswegen nicht einfließen konnten, weil sie gar nicht sich melden konnten oder nicht getestet wurden? [00:26:34]

Hendrik Streeck: [00:26:37]

Einen Fehlerbereich gibt es natürlich immer. Aber wir diskutieren das auch im Paper am Ende, dass wir selber mit dem Protokoll einen Beobachtungszeitrahmen bis zu zwei Wochen danach gemacht haben, da ist an den letzten Tagen noch jemand gestorben, den wir dann auch reinrechnen können. Das aben wir auch für die neun Todesfälle noch gemacht, was dann zu 0,41% Sterblichkeitsrate geführt hat. Irgendwann muss man nach Protokoll aber festlegen, wer reinfließt in so eine Studie oder nicht und das hatten wir auf zwei Wochen nach Studienende gesetzt. [00:27:12]

Moderator: [00:27:15]

Herr Krause vielleicht einmal zu der Frage der Repräsentativität von den 400 Haushalten. [00:27:18]

Gérard Krause: [00:27:20]

Also in Bezug auf Alter und Geschlecht ist ja schon richtig gesagt worden, da haben wir jetzt erst einmal keine Hinweise auf ganz krasse Verzerrungen. Die Studie hat ja auch nicht Kinder rekrutiert primär, sondern hat ja Erwachsene rekrutiert und dann die Haushalte von den Erwachsenen rekrutiert. Insofern ist es aus meiner Sicht jetzt kein großer Anlass zur Sorge, was Alter und Geschlecht betrifft. Aber was wir nicht messen können, ist, wer von den Infizierten eher geneigt war zur Studie zu kommen oder eher dazu neigt, weg zu bleiben. Das hat ja Herr Streeck jetzt auch richtig ausgeführt. Da gibt es verschiedene Überlegungen diesbezüglich, und das können wir ja mit diesen Daten nicht ausschließen. Man könnte nochmal eine Non-Responder-Analyse machen, dass man also diejenigen, die nicht gekommen sind, nochmal ein zweites Mal versucht einzuladen und zu kontaktieren. Das machen wir bei uns, zum Beispiel unseren epidemiologischen Studien, versuchen das zumindest. Und dann würde man die noch einmal versuchen zu fragen, warum sie denn nicht gekommen sind und würde versuchen, auf diesem Weg herauszufinden, ob da irgendein verzerrendes Element dabei ist, dass zum Beispiel gerade die, die infiziert waren, absichtlich nicht kommen. Oder umgekehrt, dass die, die nicht infiziert waren, eher nicht dazu neigen, zu kommen. Da könnte es ja verschiedene Erklärungen geben, aber das wissen wir im Moment nicht. Herr Streeck hat das schon richtig ausgeführt. Man muss aber nochmal festhalten: Wir haben ja hier eine Response also ein Antwortverhalten von 70 Prozent, wenn ich es richtig gerechnet habe. Das ist erstmal hoch, für so eine Querschnittsstudie. Wir wären froh, wenn wir das in vielen von unseren epidemiologischen Studien hätten. Ich hätte allerdings auch erwartet, dass die Bereitschaft und



die Neugierde der Bevölkerung noch höher hätte liegen können. Aber 70 Prozent finde ich jetzt erst einmal in Ordnung. Ein anderer Punkt, der mir mehr Gedanken macht, ist die Verrechnung mit der Anzahl der Todesfälle. Weil wir so eine kleine Community haben mit nur 10.000 oder weniger als 20.000 Einwohnern, sind die Todesfälle, die da auftreten, der eine mehr oder weniger Erfasste fällt dann richtig ins Gewicht. Und die Autoren haben ja schon richtig gesagt: Verglichen mit dem Vorjahreszeitraum ist es etwa die gleiche Größenordnung. Es gibt glaube ich drei Todesfälle mehr als es im Vorjahreszeitraum gegeben hat. Wenn man dann noch berücksichtigt, dass wir dieses Jahr eine besonders schwache Influenzawelle hatten, die also mutmaßlich keine große Exzessmortalität zur Folge gehabt hat, dann kann das nochmal besonders ins Gewicht fallen. Ich weiß nicht, ob ich das jetzt zu kompliziert darstelle. [00:30:02]

Moderator: [00:30:05] Da würde ich gern Herrn Hartmann vielleicht mal... [00:30:06]

Gérard Krause: [00:30:09] Diese (Analyse) der Todesfälle ist ein wichtiger Punkt, wenn ich das kurz zu Ende führen darf, einen Weg, den man hier relativ einfach machen kann – weil es wiederum zum Glück nur so wenige sind – wäre meine Empfehlung, dass man sich die 48 oder 50 Leichenschauscheinchen aus den drei Monaten wirklich mal zur Hand nimmt und einzeln anschaut. Es ist eine einmalige Chance, weil es für eine Anzahl überschaubar ist und da nochmal die Todesursachen genauer anzusehen. [00:30:33]

Moderator: [00:30:35]

Vielleicht Herr Hartmann und Herr Streeck direkt nochmal zu der Anzahl und der kritischen Frage, ob die Todesfälle unterrepräsentiert sein könnten. Herr Hartmann. [00:30:43]

Gunther Hartmann: [00:30:47]

Ich habe jetzt mithören können, allerdings nur über das Telefon, deswegen hatte ich auch das Telefon hier am Ohr. [00:30:50]

Moderator: [00:30:51]

Das tut mir leid. [00:30:52]

Gunther Hartmann: [00:31:01]

Gut, die Gemeindegröße ist natürlich keine Großstadt, das ist klar. Die Zahl der Infizierten ist aber trotzdem hoch. Und in einer größeren Stadt aktuell hätte man natürlich entsprechend hochgerechnet andere Probleme mit der Infiziertenrate, der Sicherheit, was dann den Prozentsatz betrifft und so weiter. Man kann natürlich jetzt in der Situation – das haben wir auch gemacht – ja Fehlerbalken einrechnen, die sich auch beziehen auf die Stichprobengröße und diese Zahl sieben, die wir hier einbeziehen konnten. Diese Zahl sieben jetzt entsprechend nachzuvollziehen über das Meldeamt oder Gesundheitsamt, das ist aus Datenschutzgründen gar nicht so einfach. Das sieht man auch daran, dass solche Daten eigentlich kaum verfügbar sind, auch nicht vom RKI. Und die wären extrem hilfreich. Da müsste man noch einmal separat eine Initiative starten, wie man dann auch ganz genau analysieren könnte, was da für Krankheitsverläufe waren. In den einzelnen Fällen können wir da nichts zu sagen, aus Datenschutzgründen, und wir wissen es selber auch nicht. Wir wissen was zum Durchschnittsalter natürlich und dass grundsätzlich Intensiv-Aufenthalte verbunden waren und so weiter. Ich will nur sagen: Diese Stichprobengröße, die kann man natürlich statistisch rechnen und kriegt da eine Unsicherheit rein und jetzt kann man sich überlegen, was das bedeutet. Wir haben einen Mittelwert von 0,37 Prozent. Und wenn man die Unsicherheit rein rechnet, dann hat man eben etwas von 0,24 bis 0,47 oder oder irgendwas in der Größenordnung. Und aus so einer Aussage kann man natürlich trotzdem jede Menge ziehen. Und andere Verfahren und andere Studien haben, wie gesagt, auch ihre Unsicherheiten, die mit einbezogen werden müssen. Das ist bei uns durch den hohen Anteil der Infizierten eine doch sehr solide Datengrundlage, auf der man das Ganze erstellen kann. Vielleicht kann ich noch eines dazu sagen, das ist nämlich die Zahl sieben. Das ist die Frage, wo man dann den Cut zieht und sagt "Der gehört noch dazu". Wir haben in Gangelt einen großen Vorteil, dass es eine Welle ist, die zum großen Teil schon abgelaufen war. Zumindest jetzt, nach diesem Superspreading-Event. Und wir haben den Vorteil, dass die Leute alle dort vor Ort geblieben sind, anders als zum Beispiel in Ischgl, wo die alle in alle Welt dann weitergereist sind. Das ist ein wichtiger Punkt, warum gerade Gangelt hier so ein ganz hervorragendes Modell ist. Die Unsicherheitsfaktoren durch andere Studiendesigns an anderen Orten, die sind auch erheblich. [00:33:38]



Moderator: [00:33:39]

Es gibt jetzt hier ganz viele Fragen nochmal zu der Dunkelziffer, die Sie sozusagen errechnet haben. Und vor allem scheinen da schon erste Schlaumeier sich da bemüht zu haben, diese IFR für ganz Deutschland hochzurechnen. Und deswegen jetzt ganz wichtig an Sie alle drei nochmal die Frage: Wie steht es eigentlich im Verhältnis der jetzt in Gangelt gemessenen IFR als ein möglicher Wert für Regionen außerhalb von Gangelt? Ist da irgendeine Repräsentativität gegeben, oder wo muss man da aufpassen, dass man nicht Ergebnisse, die Sie jetzt für Gangelt ermittelt haben, bezogen auf die IFR-Rate, praktisch hochrechnet für Deutschland? [00:34:15]

Gunther Hartmann: [00:34:16]

Vielleicht kann ich da nochmal etwas zu sagen. Diese Rate, die wir hier errechnet haben: Grundsätzlich haben wir die Zahl der Infizierten bestimmt, und die ist natürlich in Gangelt sehr viel höher und ist nicht vergleichbar mit irgendeinem anderen Ort in Deutschland. Natürlich gibt es einzelne vergleichbare Hotspots, aber es ist jetzt nicht repräsentativ die Zahl der Infizierten für Deutschland. Ich glaube, das ist jedem klar. Die Infektions-Letalität hat eine sehr viel wichtigere Aussage, kann natürlich an anderen Orten auch anders sein, unter anderen Umständen anders sein, ist aber nicht so variabel wie die Infektionszahl selber, also die Zahl der Infizierten, der Prozentsatz. Jetzt kann man nach so einem Superspreading-Event in einem Hotspot davon ausgehen, dass die eher an der oberen Grenze liegt, obwohl das Gesundheitssystem nicht überlastet ist, aber das ist es nirgendwo in Deutschland im Moment. Basierend auf dieser Zahl könnte man – und wir bezeichnen es als Modellrechnung – natürlich auf Deutschland hochrechnen und kommt dann auf eine untere Zahl der Dunkelziffer. In dem Fall, wenn man sagt, es ist ein oberer Wert für die Infektions-Letalität. Das heißt, man kann 1,8 Millionen derzeit ausrechnen in Deutschland, würde aber sagen, das ist an der Untergrenze von dem, was eigentlich wäre, weil die Infektions-Letalität eher an der Obergrenze ist. Das sind Modellrechnungen, die man aufstellen kann. [00:34:16]

Moderator: [00:35:47]

Herr Krause, was sagen Sie zu diesem Modell? Ach so, Herr Streeck, erst einmal Sie. [00:35:47]

Hendrik Streeck: [00:35:50]

Ich glaube, was wir auch schreiben im Paper, man muss das natürlich auch auf die Demografie beziehen. Ja, wie schon gesagt, haben wir eine Unterrepräsentation von Kindern und eine Überrepräsentation von älteren Personen, sodass es nur auf sozioökonomische, ähnliche Strukturen und Altersverteilung bezogen werden kann, wie Letalität, die in älteren Gesellschaften ganz anders aussehen. [00:36:16]

Moderator: [00:36:20]

Herr Krause, was sagen Sie zu dieser Modellrechnung? [00:36:21]

Gérard Krause: [00:36:22]

Ja, ich bin da sehr zurückhaltend. [00:36:26]

Hendrik Streeck: [00:36:29]

Herr Hartmann muss irgendwie das Telefon dazunehmen, damit er mich überhaupt hören kann. [00:36:31]

Gunther Hartmann: [00:36:33]

Ich habe jetzt den Lautsprecher ausgeschaltet. [00:36:34]

Gérard Krause: [00:36:37]

Ich bin da eher zurückhaltend, muss ich sagen. Diese Übertragbarkeit auf Deutschland insgesamt ist aus den Gründen, die eigentlich schon alle gesagt haben, (schwierig); da sollte man vielleicht doch erst einmal vorsichtig sein. Man kann das auch genau andersherum diskutieren. Wir wissen es halt nicht. Man kann durchaus argumentieren, dass der Anteil der Verstorbenen in Gangelt ungewöhnlich niedrig ist. Und warum? Das ist hypothetisch. Aber ich mache mal ein Gedankenmodell auf – wie eben auch eins aufgemacht worden ist. Denn in dieser Phase der Beobachtungsphase – auch weil es dieser typische Ausbruch war mit Menschen, die jünger waren, die betroffen waren – ist der Eintrag in die Seniorenheime noch gar nicht so richtig erfasst und hat noch gar nicht so richtig stattgefunden. Was wir jetzt so langsam in den letzten Wochen hier erleben



mussten in Deutschland. Und das ist ganz maßgeblich, was die Beeinflussung der Sterblichkeit betrifft. Wir wissen es nicht, ob das in Gangelt anders ist oder im Rest von Deutschland. Deswegen wäre ich unglaublich vorsichtig, das zu übertragen. Dazu kommt noch – und das ist das Problem der kleinen Zahlen – es ist eine große Studie. Aber die Bezugsbevölkerung ist vergleichsweise klein, und deswegen sind zum Glück auch die Anzahl der Todesfälle in diesem Ort überschaubar, nämlich einstellig. Wenn man mal rechnerisch einfach mal sagt, nehmen wir an, wir hätten drei, vier oder fünf Todesfälle, die es in Gangelt gegeben hat, noch nicht in dieser Rechnung mit drin, weil sie als solche nicht erfasst worden sind – und das kann ja sein; bei zwei, drei Personen oder Todesfällen kann es schon mal eine Fehlklassifikation geben – dann ändert sich die Berechnung rapide oder drastisch. Dann kommt man schnell auf Werte über ein Prozent. Deswegen muss man da gucken. Ich würde mindestens sagen, es ist sicherlich richtig so, wie es ist für Gangelt. Aber die Hochrechnung auf Deutschland, die würde ich im Moment erst einmal nicht versuchen. [00:38:41]

Moderator: [00:38:42] Herr Hartmann, direkt dazu nochmal. [00:38:43]

Gunther Hartmann: [00:38:47]

Die Unsicherheit bei sieben plus minus eins, die haben wir natürlich auch eingerechnet, insbesondere kam einer noch dazu. Dann geht der Wert ein Stück weit hoch, nämlich auf 0,41. Wenn man mehr Fälle hat an einem größeren Ort, in einer anderen Situation, dann hat man natürlich genauso den Faktor auf den Unsicherheiten. Dann sind da nicht einer vielleicht von sieben irgendwie falsch beurteilt worden, sondern vielleicht dann eben der Faktor zehn, dann sind es zehn wenn es entsprechend zehn mal mehr sind. Das wird ja mit einer größeren Stichprobe auch größer. Und der Bezug auf Deutschland: Das ist nicht so, dass man jetzt behauptet, dass es genauso viel sind. Das ist eine Modellrechnung. Sie soll nur klarmachen, dass, wenn man davon ausgeht, die Letalität wäre so hoch, käme man auf (X). Das ist der einzige Punkt. Aber es behauptet keiner, dass es jetzt im Moment 1,8 Millionen sind. Das ist nur zur Verdeutlichung, was man mit einer solchen Letalität, wenn sie denn stimmen würde, über ganz Deutschland. Und das sind ja die Studien, die wir jetzt alle machen, die dann den Durchschnittswert ermitteln, dass man dann eben solche Hochrechnungen machen kann. [00:40:03]

Moderator: [00:40:04]

Hier kommt eine Nachfrage. Wir hatten damals bei der Pressekonferenz am 09.04. noch einen Faktor für die Dunkelziffer von ungefähr drei genannt. Jetzt, in der jetzigen Arbeit soweit das noch zu erkennen ist, liegt er jetzt bei fünf. Können Sie kurz erklären, woher der Unterschied kommt?[00:40:15]

Gunther Hartmann: [00:40:18]

Da sind wir von der offiziell berichtenden Quote von fünf Prozent ausgegangen. Da waren aber viele Doppel- und Dreifachbestimmungen letzten Endes dabei. Und es reduziert sich dann auf den Wert von drei runter. Und dann kommt man von drei und dann hochgerechnet auf 15 auf die Dunkelziffer von fünf Prozent. [00:40:37]

Moderator: [00:40:37]

Das heißt, es ist wichtig, nochmal festzuhalten, dass es auch am Anfang ein paar doppelt gezählte, also mehrfach PCR-getestete Personen gab. Und die haben Sie natürlich nicht doppelt gezählt. [00:40:46]

Gunther Hartmann: [00:40:46]

Bei den gemeldeten Fällen. Das haben die Behörden dann bereinigt. Und die Zahl, die jetzt hier eingeht, ist die reale Zahl von tatsächlich denen, bei denen Doppel- und Mehrfachbestimmungen ausgeschlossen worden sind. [00:41:00]

Moderator: [00:41:01]

Jetzt kommt hier eine Frage: Wie erklären Sie sich, dass das Risiko, sich im eigenen Haushalt an einer infizierten Person anzustecken, kaum erhöht ist? Und in großen Haushalten sogar besonders wenig erhöht erscheint? [00:41:13]

Hendrik Streeck: [00:41:16]

Können wir ja gemeinsam machen die Antwort. Es sind letztendlich für die meisten respiratorischen Viren, für die das getestet wurde – also auch bei MERS und SARS und auch für Influenza – wurde die Übertragung auf 14



bis 15 Prozent geschätzt. Für diese typischen Infektionen gab es immer diesen Bereich von rund 15 Prozent. Wir sehen ja schon im Zwei-Personen-Haushalt eine höhere Übertragung. Und das nimmt von 28 auf 20 Prozent der Übertragung im Drei-Personen-Haushalt runter auf drei Prozent einer höheren Übertragung ab. Woran das liegt? Da kann man nur spekulieren. Das haben wir ja nicht gemessen in den Haushalten. Aber man kann davon ausgehen, dass man in einem höheren, größeren Haushalt auch mal auseinander gehen kann, wenn jemand infiziert ist. [00:42:19]

Gunther Hartmann: [00:42:24]

Nur um das nochmal zu verdeutlichen von den Zahlen her, die wurden ja gerade genannt: 28, 20 und 3 Prozent über dem Durchschnittswert. Das heißt, man muss jeweils 15 Prozent dazunehmen. Es ist tatsächlich ein Mehr-Risiko, das hier vorhanden ist über die 15 Prozent hinaus. Das heißt, es ist natürlich so, dass es da ein erhöhtes Risiko gibt. Aber es sind eben nicht 100 Prozent. Bei einer Virusinfektion, die hoch kontagiös ist, wo sich jeder ansteckt und krank wird, müsste das hundert Prozent sein. Das ist bei anderen Viren aber auch nicht der Fall. Was letzten Endes die Grundlage oder die Ursache ist, da kann man viele Vermutungen anstellen. Das kann keiner noch so genau sagen. Klar ist aber, dass es erheblich niedriger ist, als man es erwarten würde. Betrifft aber andere Virusinfektionen, wie Herr Streeck gerade ausgeführt hat, auch. [00:43:12]

Moderator: [00:43:13]

Es gibt hier noch eine Nachfrage, und zwar Sie haben ja nicht nur die Antikörper-Prävalenz gemessen, sondern Sie haben sich auch angeschaut mit echten Neutralisationstests, ob es auch wirklich schützende Antikörper bei den Infizierten waren? Und da haben sie zwei Klassen gebildet. Es gab sozusagen die "Klar-Positiven", und dann gab es welche, die sozusagen "zweifelhaft-" oder "kaum-positiv" waren. Vielleicht können Sie den Unterschied nochmal erklären. Wo da Ihr Cut-Off-Wert lag und wen Sie in die Berechnungen einbezogen haben und welche nicht? [00:43:41]

Gunther Hartmann: [00:43:42]

Vielleicht kann ich das machen, weil sonst muss ich wieder in Richtung Telefon. Wir haben Neutralisationsassays durchgeführt von allen Proben, die wir da gemessen haben. Wir haben zwei Kategorien, das sind die "klar-positiven" und die "grenzwertig-positiven", also größer 0,8. Von den "klar-positiven" haben wir einen Neutralisationspositiven: 92 bis 93 Prozent, die ein Neutralisationsassay bestätigt hatten. [Audio-Probleme] Nun ist die Frage, was man eigentlich machen möchte mit der Studie. Wir wollen ja die Infektionszahl insgesamt bestimmen und nicht die Zahl derer, die klar über Neutralisierung nachgewiesene Immunität haben. Sondern es geht uns um die, die einen Kontakt hatten mit einer Infektion und Antikörper gebildet haben, ob die nun neutralisierend sind oder nicht. Und jetzt kann man auf verschiedene Weisen rechnen und das diskutieren. Das tun wir auch in dem Paper. Also die "grenzwertigen" sind zur Hälfte sogar neutralisierend. Das heißt, die rauszuschmeißen wäre nicht richtig – würde der Sache nicht gerecht werden. Und deswegen haben wir die unter diesen Vorzeichen, die ja alle gegeben sind, mit hineingenommen. Und wir glauben, wir rechnen so näher an der Wirklichkeit, als wenn man die alle ausrechnen würde. Man kann noch dazu setzen, dass das Ganze sehr viel schwieriger ist, wenn man eine Prävalenz von einem Prozent hat in einer anderen Population. Da gewinnen die Neutralisationsassays eine ganz andere Bedeutung, weil da die falsch-positiven eine Rolle spielen. Denn bei uns spielen die falsch-positiven ja keine Rolle aufgrund der hohen Prävalenz – in Relation. [00:45:34]

Moderator: [00:45:35]

Da kommen wir gleich nochmal zu. Und dieser Neutralisierungstest wurde aber bei allen Patienten mit positivem Antikörpertest gemacht oder nicht? [00:45:35]

Hendrik Streeck: [00:45:43]

Bis zu dem Grenzwert natürlich haben wir das gemacht. Wir haben den Neutralisationstest nicht gemacht bei denen, die unter dem Grenzwert gewesen sind. Man muss auch dazu sagen, dass wenn wir eine Neutralisation sehen im Labor, dann heißt es nicht, dass es eine schützende Immunität ist. Gleichfalls kann man auch nicht sagen, dass, wenn man keine Neutralisation sieht, dass diese Immunantwort nicht schützend ist. Das ist, glaube ich, eine wichtige Unterscheidung. Darum sagen wir von der Immunität: Wer eine Infektion durchgemacht hat, gehen wir von der Spezifität aus, weil der Neutralisationstest selber darüber keine



Aussage macht. Es ist ja beides gemacht worden, Plaques-Essay und Neutralisationstest, und der letztere darüber keine Aussage treffen kann. Und wir das ja auch von Impfstoffen wissen, dass nicht neutralisierten Antikörper sehr gut schützen können. [00:46:38]

Moderator: [00:46:39]

Hier kommt nochmal eine Frage. Das hatten Sie gerade schon angedeutet zu der Spezifität. Sie haben ja selber diesen Antikörpertest nochmal validiert mit einer eigenen Kohorte von Patienten. Und da tauchte die Frage auf, ob Sie da auch alle vier endemischen Corona-Viren als Hintergrund mitgetestet haben bei Ihrer eigenen Validierung. Herr Hartmann, vielleicht können Sie doch nochmal kurz darauf eingehen. Inwiefern diese Frage nach der falsch positiven Rate ein Problem sein könnte? [00:47:08]

Gunther Hartmann: [00:47:10]

Der Essay wurde schon angesprochen. Ich war am Anfang nicht dabei, konnte das nicht mithören. Aber das ist der Eurimmun-Essay, wir sprechen hier von IgG, und die Firma hat in Zusammenarbeit mit mehreren Universitäten auch an über 1.600 Kontrollen validiert, auch Charité übrigens und Rotterdam, und hat gesehen, dass Kreuzreaktivität mit SARS 1 da ist. Das spielt bei uns in Europa aber keine Rolle. Und mit den anderen endemischen Corona-Viren nicht. Und die wurden alle gegengetestet. Da mag der eine oder andere dann doch irgendwie dabei sein. Wir haben das auch getestet, aber nicht mit Fallzahlen, wo man das jetzt mit letzter Sicherheit behaupten könnte, dass überhaupt keine Kreuzreaktivität vorliegt. Es ist im Raum, dass teilweise bei einer Virus-Spezies dann eine Kreuzreaktivität vorliegt, aber eben nicht bei allen. Aber vielleicht kann Hendrik Streeck dazu noch was sagen. [00:48:13]

Hendrik Streeck: [00:48:13]

Es gibt da noch zwei wichtige Punkte dazu. Einmal: Es gibt ja eine Vorveröffentlichung aus Dänemark, die nur eine 96-prozentige Spezifität annimmt von dem Test. Da ist es wichtig zu wissen: Die haben einen anderen Cut-Off-Wert genommen, der nicht von der Firma vorgegeben ist. Nämlich 0,3 und nicht 0,8, also haben diesen Bereich mit rein genommen. Zusätzlich ist das eine Beta-Version von dem Test gewesen. Eine Beta-Version vom Antikörper mit einer niedrigeren Spezifität, was auch nachgewiesen wurde. Ich glaube, was ich vorhin nicht erwähnt habe, ist, dass es einen Unterschied macht, ob man solche Studien in einem Niedrig-Prävalenz-Gebiet oder einem Hoch-Prävalenz-Gebiet durchführt. Da kann Herr Krause wahrscheinlich noch sehr viel besser etwas zu sagen, dass eben ein Prozent Fehler, also ein Prozent 'falsch positiv' in einem Hoch-Prävalenz-Gebiet gar nicht so einen großen Ausschlag macht, wie in einem Niedrig-Prävalenz-Gebiet, wo jede einzelne Person fast eine 50 prozentige Chance hat, auch falsch positiv sein könnte. [00:49:19]

Moderator: [00:49:21]

Genau das ist wichtig. Herr Krause, vielleicht können Sie davon nochmal klar ziehen. Wenn man jetzt diesen Test, den die Forscher in Gangel verwendet haben, für Screening-Untersuchungen mit einer Population, die eine niedrigere Prävalenz hätte, würde man da nicht zu viele falsch positive Ergebnisse produzieren? Bei Blutspendern zum Beispiel... [00:49:38] [16.5]

Gérard Krause: [00:49:47]

Ja, das ist genau richtig. In diesem Bereich um die 15 Prozent spielen in der Tat falsch positive Vorhersagewertes keine so große Rolle mehr. Und deswegen ist es auch in Ordnung, dass die Schwankungen sind in dem Bereich, in dem wir damit umgehen können. Problematischer wäre es tatsächlich in einer Population, das selbe Setting, dieselbe Studie mit demselben Test durchzuführen, in der die Prävalenz vielleicht nur bei fünf oder drei Prozent liegt. Und dann hätten wir ein gewaltiges Problem mit dem falsch positiven Vorhersagewert. Das ist aber hier nicht der Fall. Sofern kann man damit schon sehr gut arbeiten. Aber auch hier gilt: Wir haben eben einen Hotspot. Das ist eine besondere Situation. Wir können ziemlich sicher sein, dass wir andernorts eine deutlich niedrigere Prävalenz bis jetzt haben. Und deswegen wird da das Problem der Spezifität und des falsch positiven Vorhersagewertes der Immuntests dann doch zu einem methodischen Problem werden. Wir machen uns da sehr große Gedanken in dem Maße, wie wir unsere Studien hier planen, dass wir genau gucken und deswegen auch ein bisschen auf Zeit spielen, um nicht zu früh irgendwo die Studien durchzuführen und dann in einen Bereich zu kommen, wo die Prävalenz noch sehr niedrig ist. [00:50:58]



Moderator: [00:51:00]

Hier kommt noch eine Nachfrage zu der Infektionswahrscheinlichkeit, dass die nicht korreliert mit der Zahl der Personen im Haushalt. Und es wird gesagt, dass das ein bisschen im Widerspruch zu den Ergebnissen aus China steht, wo sich wohl relativ viele Menschen, die in den Haushalten lebten, infiziert haben. Haben Sie dazu eine Erklärung oder eine Vermutung, oder stimmt das vielleicht gar nicht? Ist das so gewesen, Herr Krause? [00:51:22]

Gérard Krause: [00:51:25]

Die Studie hier zeigt ja, dass es eine Korrelation gibt, die fällt halt nicht so hoch ist, wie man vielleicht befürchtet hätte. Aber es zeigt ja ganz deutlich, dass Leute, die in einem Haushalt wohnen, wo bereits eine Person mit positiven Nachweis bekannt ist, dass die durchaus ein höheres Risiko hat, als eine Person, die in einem Haushalt wohnt, ohne einen entsprechenden Mitbewohner. Es gibt eine Korrelation. Das Risiko ist erhöht, aber es ist vielleicht nicht so erhöht, wie wir es intuitiv vielleicht erwartet hätten. [00:51:52]

Moderator: [00:51:55]

Hier kommen nochmal Nachfragen zu der Karnevalsthematik im weitesten Sinne. Also die Tatsache, dass sich dort unter denen, die an der Karnevalssitzung teilgenommen hatten, eine höhere Prävalenz auch bei Ihnen in den Antikörper- und PCR-Tests gezeigt haben. Können Sie das vielleicht nochmal erklären und vielleicht auch noch einmal klarstellen, ob und inwiefern das zum Beispiel auch mit der Symptomatik zusammenhängen könnte? Also haben zum Beispiel Menschen, die an der Karnevalssitzung teilgenommen haben oder deren direkte Kontaktpersonen, hatten die mehr Symptome oder schwerere Verläufe? Kann man dazu sagen? Vielleicht, Herr Hartmann? [00:52:27]

Gunther Hartmann: [00:52:29]

Ja, das ist in der Abbildung 6 zu sehen gewesen. Da hatten wir kurz darauf hingedeutet. Da wird verglichen: Studienteilnehmer, die an der Karnevalsveranstaltung teilgenommen haben versus eben nicht. Und es zeigt sich, dass sowohl die Infektionsrate deutlich höher ist und hoch statistisch signifikant als auch die Zahl der Symptome, die die Karnevalsteilnehmer aufgewiesen haben, berichtet haben. Das ist ein klarer Befund. Allerdings haben wir uns hier bezogen auf alle Karnevalsveranstaltungen, die da waren, weil wir eben nicht die Kappensitzungen selber heraustrennen wollten. Weil zum einen gibt es eine separate Studie zur zu Kappensitzung. Und zum anderen gingen die Zahlen dann an der Stelle runter und wären dann unsicherer. So dass wir uns auf gesamt 'Karneval feiern' bezogen haben mit den Daten. Und selbst da sieht man aber diesen klaren Zusammenhang. Was da vielleicht interessant ist, dass das, was man in der Literatur findet, dass lautes Sprechen und Singen mit einer sehr viel höheren Infektionsweitergabe verbunden ist. Und das könnte hier durchaus eine Rolle spielen. Und dann kann man natürlich Hypothesen aufstellen, ob jetzt die Viruslast bei Erstinfektionen an der Stelle höher wird. Aber zum jetzigen Zeitpunkt alles Spekulationen, die man wissenschaftlich noch beweisen muss. [00:53:51]

Moderator: [00:53:53]

Aber könnte es nicht sein, dass da noch eine andere Erklärung gibt? Zum Beispiel, wenn man sehr früh infiziert wurde, zum Beispiel auf der Karnevalssitzung oder direkt unmittelbar danach bei einer Kontaktperson, dass es da doch ein anderes Spektrum von Begleiterkrankungen gegeben hat als später bei den Fällen, die Sie dann in Ihrer Stichprobe untersucht haben? [00:54:09]

Gunther Hartmann: [00:54:12]

Die Frage verstehe ich nicht ganz. Was meinen Sie mit Begleiterkrankungen? [00:54:15]

Moderator: [00:54:16]

Die Menschen, die in den Karnevalssitzungen waren. Haben Sie sich in irgendeiner Weise unterschieden in ihren Begleiterkrankungen? [00:54:21]

Gunther Hartmann: [00:54:23]

Wir sind ja hier auf der Suche nach irgendwelchen Confounders gewesen und haben die ganz jungen, also die Kinder, die ja in der Regel nicht auf so eine Erwachsenen-Kappensitzung gehen, als auch die ganz alten auch herausgerechnet und haben geguckt: ist dann immer noch dieser Unterschied vorhanden oder ist es nur dieser Confounder 'Altersgruppe', die hier beteiligt waren an Karneval? Und da sehen wir auch keinen



Unterschied. So dass das als Confounder sich jetzt nicht herausrechnet. Und wir sind auf der Suche nach weiteren möglichen Confounders, um dahin zu kommen, dann eben wirklich sagen zu können: Es kann nur eine höhere Infektionsdosis sein an der Stelle beispielsweise. [00:55:03]

Moderator: [00:55:04]

Noch einmal die Frage, ob die Viruslast selber bei der Entstehung von schweren Verläufen der Erkrankung eine Rolle spielt? Weiß man das eigentlich? Herr Krause, vielleicht Herr Hartmann. Also kann man dazu schon mal sagen? Also, die Dosis des Virus, die man bei der Infektion abbekommt, entscheidet die mit darüber, wie schwer ich erkrankte? [00:55:21]

Gérard Krause: [00:55:24]

Ich kann dazu nichts Belastbares sagen. Plausibel scheint es erstmal, aber ich weiß nicht, ob da Daten vorliegen, die das belegen. [00:55:24]

Gunther Hartmann: [00:55:32]

Da kann ich vielleicht noch etwas zu sagen. Es gibt Studien vom NIH, also der nationalen Behörde in den USA, die machen Infektions-Assays an Menschen mit Influenza, also Grippe, mit vergleichbaren Viren, um bestimmte Dinge zu testen. Und in diesen Studien haben Sie unterschiedliche Virus-Konzentrationen genommen, um jetzt das Modell einzustellen, und sehen dann natürlich eine Abhängigkeit von der Viruslast mit dem Schweregrad der Symptome. Da gibt es schon gute, belastbare Daten. Und bei jedem Tiermodell ist es natürlich so, dass es abhängt von der Viruslast, die man einem Tier gibt in so einem Virusinfektions-Modell, was man für eine Symptomatik und letzten Endes für einen Schweregrad der Erkrankung bekommt. [00:56:22]

Moderator: [00:56:24]

Hier kommt noch eine Frage: Wenn sich die Verhältnisse von Gangelt, die Sie jetzt vorgefunden haben, nicht einfach auf ganz Deutschland hochrechnen lassen aufgrund der besonderen Situation, das haben Sie ja gesagt, dann heißt das ja im Umkehrschluss, dass die Zahl der Verstorbenen sozusagen weniger hoch ist in Gangelt. Woran liegt das? Also was ist sozusagen in Gangelt anders als im Rest der Republik? [00:56:50]

Gérard Krause: [00:56:52]

Das haben wir ja gar nicht gesagt. Ich glaube, es hat keiner gesagt, dass es niedriger oder höher liegt. Ich glaube, was wir gesagt haben, ist, dass es insgesamt sehr anfällig ist: bei einer kleinen Zahl in einer kleinen Studie, die den Fokus auf die Verstorbenen nimmt, also das Outcome auf die Sterblichkeit bezogen wird. Und wenn man die Studie gepowert hätte auf das Outcome der Sterblichkeit, hätte man sie ganz anders gepowert. Da sind wir uns, glaube ich, alle einig. Es war aber nicht Ziel der Studie, die Sterblichkeit zu untersuchen, sonder Ziel der Studie war es, die Durchseuchung zu untersuchen, und dafür ist er richtig gepowert worden und das ist auch in Ordnung. Aber deswegen muss man jetzt auch vorsichtig sein, wenn man sie zusätzlich interpretiert in Bezug auf die Sterblichkeit, weil dann hätte man möglicherweise eine andere Studienpopulationen, eine größere Studienpopulation wählen müssen. Dazu kommt dann auch noch, dass dieses Outcome der Sterblichkeit jetzt allein aus der administrativen Datenquelle des Infektionsschutzgesetzes, also der Meldedaten vom Gesundheitsamt, bezogen wurde, wenn ich das richtig verstanden habe. Das heißt: Auch hier haben wir eine gewisse Unsicherheit. Denn Sie müssen sich das so vorstellen: Ein Fall wird gemeldet, vom Labor, vom Arzt oder vom Krankenhaus, die Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter der Gesundheitsämter nehmen diesen Fall auf, fügen ihn in die Statistik ein und wenn dann nachgemeldet wird, dass dieser Patient, dieser Fall gestorben ist, dann erfasst das Gesundheitsamt diesen Fall als verstorbenen Fall. Da gibt es noch zwei Kategorien, wo unterschieden wird, ob das mutmaßlich ursächlich für den Tod war oder nicht/oder indirekt. Das ist nochmal eine andere Diskussion. Das wird im Moment erst einmal einheitlich gehandhabt. Das ist auch richtig so. Aber ich will damit nur sagen: Es ist bis jetzt, soweit ich weiß, weder in Gangelt noch sonst wo in Deutschland, ein systematischer Prozess in Gang gebracht worden, bei dem sämtliche Leichenschau-Scheine der letzten drei Monate daraufhin überprüft worden sind, ob dort unter der Kategorie Römisch I, a, b oder c eine Virusinfektion oder spezifisch sogar SARS-CoV-2 Infektionen als mitverursachender Faktor genannt worden wäre. Erst dann kann man sich einigermaßen sicher sein, dass das die Todesfälle sind. Das kann aber genauso gut nach oben wie auch nach unten gehen. Ich möchte jetzt gar



nicht sagen, dass Gangelnt mehr Todesfälle pro Infektionen haben könnte oder weniger. Aber da wir mit geringen Zahlen hier arbeiten, müssen wir ein bisschen vorsichtig mit der Interpretation sein. [00:59:36]

Moderator: [00:59:37]

Ich habe jetzt hier noch zwei Fragen haben schon 12 Uhr, also noch gut. Jetzt hören wir sie nicht. Herr Hartmann Ich höre sie nicht. Vielleicht nochmal aktualisieren. Herr Streeck, ich hätte noch eine Frage an Sie, und zwar wie diese Infektionsketten, die im weiteren Verlauf der Studie möglicherweise aufgetretensind, können Sie die eigentlich nachvollziehen und haben Sie schon erste Erkenntnisse über mögliche Übertragungswege bei den Menschen, die sich sozusagen in dem Karnevalstrubel angenähert haben? [01:00:14]

Hendrik Streeck: [01:00:15]

Ja, das sind Follow-up-Studien, die wir machen. Wir haben die ganze COVID-19 Case-Cluster-Studie, die wir machen derzeit sind drei Studienkomplexe gewesen. Eine Studie war die, wie wir sie intern nennen, die Dunkelziffer-Studie. Zusätzlich ist die Hygiene in die Haushalte reingegangen, an dem Manuskript wird gerade gearbeitet, und wir haben uns auch die Kappensitzung noch einmal genauer angeschaut und die Teilnehmer gesondert eingeladen, aber dazu kann ich noch nichts sagen, weil wir die Daten einfach noch nicht aufgearbeitet haben. [01:00:54]

Moderator: [01:00:56]

Dann würde ich gern eine Schlussfrage stellen zum Tempo der Forschung im Rahmen dieses akuten Infektionsgeschehens. Normalerweise geht es ja in der Forschung etwas gemächlicher zu. Sie haben jetzt dankenswerterweise dieses Preprint mit den Ergebnissen zur Verfügung gestellt. Und vielleicht noch einmal ein Frage an Sie alle drei: Wir verstehen alle, alle wollen diese Antworten haben, aber die Wissenschaft kann ja nicht alle Antworten in der Schnelle liefern, die wir gerne hätten. Wie betrachten Sie das selber? Es ist jetzt einen Monat her, seit Sie die vorläufigen Ergebnisse publiziert haben, wir haben jetzt den Preprints veröffentlicht, wir noch keine Begutachtung... Hätten Sie es gerne anders gemacht? Oder wie schätzen Sie das ein, das Risiko, dass man praktisch unter hohem Druck vorläufige Ergebnisse publiziert? Vielleicht Herr Streeck, fangen Sie mal kurz an. [01:01:37]

Hendrik Streeck: [01:01:41]

Ja, ich bin eigentlich sehr glücklich mit den Ergebnissen, die wir gehabt haben – nicht in dem Sinne der Endergebnisse, sondern mit den Daten, die wir gesammelt haben. Das ist ja, vielleicht um das auch noch einmal deutlich zu machen, separat gewesen: Das Einwohnermeldeamt hat die Einladung rausgeschickt und wir haben dort mehr oder weniger verblindet die Leute untersucht, und die Ergebnisse sind dann an die Datenbank, also an das Studienzentrum, gegangen. Ich kann selber also überhaupt nicht auf die Daten, also die Rohdaten, zugreifen. Der Biometriker ist sehr glücklich mit der Datenqualität, und darüber bin ich sehr glücklich, dass wir in so kurzer Zeit eine Datenqualität liefern konnten, die gut analysierbar ist, auch in so einem kurzen Zeitplan. [01:02:38]

Moderator: [01:02:39]

Herr Hartmann, als renommierter Wissenschaftler. [...] Wir hören Sie leider nicht mehr, das tut mir leid. Irgendein Problem gibt es, das wir nicht lösen können. Vielleicht Herr Krause. [01:02:50]

Gérard Krause: [01:03:00]

Was ist denn die Alternative? Wir brauchen doch die Daten jetzt. Wir müssen die Studien jetzt durchführen, und sie werden doch jetzt gebraucht, weil sie richtungsweisend sind. Sie werden hilfreich sein für verbesserte Modellierungen. Während ich einerseits hier sehr skeptisch war, was diese fluxe Hochrechnung auf ganz Deutschland betrifft und dazu stehe ich auch, glaube ich, dass diese Studie trotzdem sehr, sehr, sehr, sehr wertvoll ist, indem sie jetzt nämlich mit den Erkenntnissen, die sie jetzt liefert, Eingang findet wird in die anspruchsvolleren, detaillierteren Modellierungen und dann sehr wohl auch für Empfehlungen und Strategien und so weiter genutzt werden kann. Und sehr bald werden ja hoffentlich noch weitere Studien dieser Art kommen, von anderen Orten in anderen Settings. Und das wird das Ganze noch verfeinern. Ich kann das nur begrüßen, muss ich wirklich sagen. Ja, das ist anstrengend; ja, das ist schwierig, und man hätte es natürlich



press briefing

lieber mit mehr Muße gemacht, aber die Alternative stellt sich ja nicht, weil wir brauchen die Daten jetzt. Insofern war das richtig, das jetzt zu machen. [01:04:01]

Moderator: [01:04:02]

Gut, dann möchte ich mich noch einmal ganz herzlich bedanken bei Herrn Streeck und bei Herrn Hartmann vor allem, weil Sie sich so zeitnah zur Verfügung gestellt haben kurz nach Veröffentlichung des Preprints. Danke auch an Herrn Krause, dass Sie sich die Studie ganz auf die Schnelle mal angeschaut haben und so eine Art mini Peer-Review mitgeliefert haben. Ich kann noch sagen, die Studie und das Webinar wird jetzt gleich auch online gestellt werden, sodass noch weitere Kolleginnen und Kollegen sich das nochmal anhören können. Wir werden auch in aller Schnelle ein Transkript erstellen, in dem noch einmal die ganzen inhaltlichen Aussagen auch dokumentiert werden. Und wir entschuldigen uns für die technischen Probleme – ich weiß auch noch nicht, woran es gelegen hat, das werden wir alles analysieren. Aber ich kann Ihnen schon mal mitteilen als Experten, dass wir über 90 Teilnehmer an diesem Press Briefing hatten und insofern ist ja auch das Interesse an der Studie riesengroß. Das ist ja auch genau richtig so, weil das sehr wichtige Daten, die Sie erhoben haben. Gut, dann würde ich mich im Namen des Science Media Center bei den Kolleginnen und Kolleginnen da draußen und auch bei Ihnen ganz herzlich bedanken für Ihre Teilnahme. Und dann gutes Berichten über diese sehr wichtige Studie. [01:04:02]



press briefing

Ansprechpartner in der Redaktion

Volker Stollorz

Redaktionsleiter und Redakteur für Medizin und Lebenswissenschaften

Telefon +49 221 8888 25-0

E-Mail redaktion@sciencemediacenter.de

Impressum

Die Science Media Center Germany gGmbH (SMC) liefert Journalisten schnellen Zugang zu Stellungnahmen und Bewertungen von Experten aus der Wissenschaft – vor allem dann, wenn neuartige, ambivalente oder umstrittene Erkenntnisse aus der Wissenschaft Schlagzeilen machen oder wissenschaftliches Wissen helfen kann, aktuelle Ereignisse einzuordnen. Die Gründung geht auf eine Initiative der Wissenschafts-Pressekonferenz e.V. zurück und wurde möglich durch eine Förderzusage der Klaus Tschira Stiftung gGmbH.

Nähere Informationen: www.sciencemediacenter.de

Diensteanbieter im Sinne RStV/TMG

Science Media Center Germany gGmbH
Schloss-Wolfsbrunnenweg 33
69118 Heidelberg
Amtsgericht Mannheim
HRB 335493

Redaktionssitz

Science Media Center Germany gGmbH
Rosenstr. 42–44
50678 Köln

Vertretungsberechtigte Geschäftsführer

Beate Spiegel, Volker Stollorz

Verantwortlich für das redaktionelle Angebot (Webmaster) im Sinne des §55 Abs.2 RStV

Volker Stollorz

