Stand 8.5.2020

Corona-Fakten: Herkunft, Verbreitung, Wiederholungsrisiko durch Zerstörung von natürlichen Lebensräumen

Dr. Joachim H. Spangenberg (Joachim.Spangenberg@seri.de)
Vizepräsident des Sustainable Research Institute (SERI Germany) in Köln.

Zur Herkunft des Coronavirus kursieren in Deutschland viele Nachrichten, von denen eine Vielzahl eher als Verschwörungstheorie taugen, als zur Einordnung. Diese Informationen sollen Spekulationen entgegentreten und stattdessen auf die wissenschaftlich belegten Fakten hinweisen.

1. **Ursprungsprozess**: Die aktuelle COVID-19-Pandemie ist im November/Anfang Dezember 2019 in China ausgebrochen. Ursache ist der Übergang eines RNA-Virus aus der Familie der Coronaviren, des ursprünglich auch als nCoV-2019 bezeichneten SARS-CoV-2, von Tieren auf den Menschen zu einem nicht näher bestimmbaren Zeitpunkt (60 bis 70 Prozent aller beim Menschen neu auftretenden Infektionen stammen ursprünglich von Tieren). Solche Infektionskrankheiten, die zwischen Wildtieren und Menschen übertragen werden, werden auch als Zoonosen bezeichnet. Zu den über 200 bekanntesten Zoonosen zählen Tollwut und Pest sowie Influenza und Ebola. Zoonosen fordern im Schnitt 700.000 Todesopfer pro Jahr (Settele et al. 2020), nach einer älteren Studie verursachen die 56 häufigsten Zoonosen sogar pro Jahr 2,5 Milliarden Krankheitsfälle und 2,7 Millionen Tote (Grace et al. 2012).
2. **Fake News zum Ursprungsprozess:** Es handelt sich bei SARS-CoV-2 nicht um ein von Menschen gemachtes Laborprodukt, das absichtlich oder unabsichtlich freigesetzt wurde (Andersen et al. 2020). Theorien nach dem es sich um eine ungewollte Freisetzung aus einem biologischen Labor gehandelt hat, sind Spekulationen ohne Belege; richtig an ihnen ist lediglich, dass weltweit viele Labore mit unzureichenden Sicherheitsstandards arbeiten und immer wieder Freisetzungen auftreten. Ein Zusammenhang mit SARS-CoV-2 ist dagegen weder nachgewiesen noch aufgrund der biochemischen Daten plausibel. Theorien, die nicht-biologische Prozesse als Ursache annehmen, sind wissenschaftlich nicht haltbar.
3. **Ursprungsort**: Zoonosen können auf unterschiedliche Weise entstehen. Die gegenwärtige Pandemie nahm ihren Ursprung mit an Sicherheit grenzender Wahrscheinlichkeit auf einem Markt für Meeresfrüchte (seafood market) in Wuhan, China (Zhang et al. 2020). Dieser hatte eine Wildtier-Sektion in der lebende und geschlachtete Wildtiere verkauft wurden, darunter Schlangen, Biber, Dachse, Schleichkatzen, Füchse, Pfauen und Stachelschweine, sowie illegal auch Schuppentiere (Pangoline); Schleichkatzen, Bambusratten und andere Nagetiere sind ebenso wie der Pangolin nachgewiesene Träger von anderen Coronaviren. Die Tierhaltung auf solchen Märkten begünstigt einen möglichen Transfer.
   Das heißt aber nicht, dass der Transfer von der Ursprungsart (vgl. Punkt „Ursprungsarten“) auf Zwischenwirte und von diesen auf den Menschen ebenfalls auf dem Markt stattgefunden haben muss. Das Virus ist wahrscheinlich früher auf andere Wild- oder Nutztiere übergegangen und hat sich in diesen weiterentwickelt. In diesem Fall ist es denkbar, dass die Erstinfektion eines Menschen außerhalb des Marktes erfolgte, eventuell sogar nicht in Wuhan, sondern z.B. in der südchinesischen Provinz Guandong. Die frühesten Proben von dort weisen eine höhere Häufigkeit der wohl ältesten Virenform auf (Stamm A) als die in Wuhan, wo Stamm B dominierte. Allerdings sind die Fallzahlen zu gering, um mehr als einen Hinweis auf ein mögliches Geschehen darzustellen. Stamm B entwickelte sich durch eine Reihe von Mutationsschritten aus Stamm A, der weltweit verbreitet ist. Er dominierte in China und Ostasien und gelangte von dort nach Nordamerika.

Stamm C entwickelte sich durch wenige weitere Mutationen aus Stamm B und dominiert in Europa. Die größte genetische Differenz findet sich jedoch zwischen dem Fledermausvirus und SARS-CoV-2 Stamm A, was für eine längere Evolutionskette spricht (Forster et al. 2020, zur Genealogie des Virus vor dem Übergang auf Menschen s.u.). Ob dann der virulent gewordene Virus im Markt von Wuhan auf Menschen überging, oder ob dies vorher passierte und die Entstehung der hohen Virulenz ein Evolutionsschritt im Menschen war, bliebt offen. Denkbar ist, dass eine Person, die in der Lieferkette von Tieren aus Wildfang oder Wildtier-Zuchtstationen arbeitete und zuerst mit den Tieren, dann mit Markthändler*innen und Kund*innen engen Kontakt hatte, das Virus verbreitete. Erst dieser Kontakt hätte dann aus einer weitgehend isolierten Infektion eine sich schnell verbreitende Epidemie gemacht - der primäre Verbreitungsort, und damit der Ursprungsort der Pandemie, ist mit ziemlicher Sicherheit der Markt von Wuhan. Die Tatsache, dass im Blut der örtlichen Bevölkerung Antikörper gegen verwandte Viren, ebenfalls aus Fledermäusen, sowie Virus-erbgut am Ort des Marktes nachgewiesen wurden unterstützen diese Annahme.
Dass sich nicht für alle früh Erkrankten direkte Kontakte zum Markt nachweisen ließen, erklärt sich gut mit der hohen Anzahl von Infizierten ohne Symptome, die dennoch infektiös waren (Li et al. 2020). Es ist inzwischen nachgewiesen, dass rund die Hälfte der Ansteckungen passieren bevor der Virusträger Krankheitssymptome entwickelt (Drosten 2020).

4. **Ursprungsregionen**: COVID-19 ist nicht die erste Coronavirus-Pandemie bzw. -Epidemie. Frühere schwere Coronavirus-Ausbrüche waren SARS in den Jahren 2002/03 (ebenfalls in China und von Fledermäusen via Schleichkatzen) und MERS im Jahr 2012 (im Nahen Osten und von Kamelen). Coronaviren sind hauptsächlich in den tropischen Regionen der Erde verbreitet; da die biologische Vielfalt in den Tropen am höchsten ist, überrascht es nicht, dass das auch für Krankheitserreger gilt.
   Tropische und subtropische Regionen haben jedoch kein Monopol auf Zoonosen. Die bisher tödlichste Pandemie, die sog. „Spanische Grippe“ von 1916-18, hatte ihren Ursprung in den USA und wurde von den US-Truppen nach Europa gebracht. Andere tödliche Infektionskrankheiten wie die Pocken entstanden wahrscheinlich im Mittelmeerraum, und die Masern in Mitteleuropa. Insekten, Fledermäuse, Vögel, Flughunde und Schweine sind bei neu auftretenden Krankheiten oft beteiligt. Das Zusammenwirken von pathogenen Bakterien, Viren, Parasiten und ihren Wirten sowohl innerhalb des Ökosystems, als auch zwischen Ökosystem und Menschen können Auslöser für einen Ausbruch größerer Krankheiten oder einer Pandemie sein. Bislang waren es vor allem Vögel, Nagetiere oder Primaten, in denen die meisten großen Pandemien der Geschichte ihren Ursprung hatten.
5. **Ursprungsarten:** Die Ursprungsarten, von denen das Coronavirus kam, waren nahezu sicher Fledermäuse, höchst wahrscheinlich mit Zwischenwirten entlang der Kette von Evolution in Wildtieren, Fang, Züchtung und Handel. Von diesen Zwischenwirten ist SARS-CoV-2 dann weiter auf den Menschen übertragen worden. Es ist gut möglich, dass der Übergang auf den Menschen anschließend auf dem Markt erfolgte (Zhang, Holmes 2020). Es ist aber ebenso möglich, dass die weiteren Evolutionsschritte bereits in Menschen erfolgten, die vor diesem Evolutionsschritt keine Symptome verspürten, eventuell sogar über längere Zeit (Boni et al. 2020).
   Zwischenträger sind insbesondere relevant, weil sich der Virus in ihnen fortentwickelt – der ursprüngliche Fledermaus-Virus wäre ebenso für Menschen weit weniger infektiös gewesen wie zahlreiche verbreitete Virus-Varianten. So verfügt der aktuelle SARS-CoV-2 über eine Binderegion, die sehr präzise an eine Region menschlicher Zellen (die ACE-2 Region) andockt und von da sein Erbgut, eine RNA, in die menschlichen Zellen injiziert, wo sie sich vermehrt und schließlich die Atemwegserkrankung COVID-19 auslöst. Da diese Region in der Form, an die sich der Virus binden kann, auch in anderen Säugetieren existiert, ist eine evolutive Anpassung in einem Säugetier wahrscheinlich; biochemisch infrage kommende Arten sind z. B. Katzen, Büffel, Rinder, Ziegen oder Schafe, aber auch Tauben. Betrachtet man die Vermehrungsfähigkeit des Virus in verschiede-

nen Arten, die in engem Kontakt mit Menschen leben, so wird die Auswahl eingeschränkt: SARS-CoV-2 vermehrt sich schlecht in Hunden, Schweinen, Hühnern und Enten, aber sehr erfolgreich in Frettchen und Katzen. Da die Nachzucht von Wildtierarten wie Schleichkatzen und Marderhunden in Intensivhaltung in China ein großer Wirtschaftszweig ist, und da diese Situation (viele Tiere derselben Art, in engem Kontakt mit Menschen) ideale Bedingungen für eine Virenvermehrung darstellt, sind diese Stationen der Handelskette und ihre Arten (die beide an der Entstehung und Verbreitung des ersten SARS-Virus beteiligt waren) ebenfalls Kandidaten für potenzielle Zwischenwirte. Mit der Schnittmenge solcher Untersuchungen lässt sich der Kreis der möglichen Zwischenwirte schrittweise eingrenzen; dabei ist jedoch der zeitliche Verlauf der Anpassung zu beachten.

6. **Genealogie:** Der Genomvergleich verschiedener Viren und Virusvarianten ermöglicht es, Herkunftslinien festzustellen, denn in der Evolution häufen sich Mutationen an, und deren Anzahl gibt Hinweise auf Alter und Abstammung. Das ist bei Corona-Viren nicht ganz einfach, denn sie verfügen über einen Reparaturmechanismus, der solche Punktmutationen heilt. Dafür tauschen sie ganze Genabschnitte mit anderen Coronaviren aus (Rekombination), was Zeitangaben schwierig macht.
   Aufgrund aktueller Genomanalysen kann man feststellen, dass sich die Entwicklungslinien der Viren SARS und die SARS-CoV-2 schon vor längerer Frist getrennt haben (Boni et al. 2020; Cyranoski 2020) – Boni et al. schätzen den Zeitraum auf mehrere Jahrhunderte. In der Folge entwickelte sich der SARS-Virus über eine Kette von Evolutionsschritten zu der Variante, die Anfang des Jahrhunderts in China ausbrach. Aus der Reihe der Vorfahren des SARS-CoV-2 Virus zweigten Stämme ab, die zu unterschiedlichen Zeitpunkten andere Fledermäuse und (mehrfach) die Schuppentiere befielen; der nächste bekannte Verwandte – also die jüngste Trennung im Stammbaum – findet sich in Fledermäusen aus Yunnan in Südchina. Dieser Virus verfügt jedoch – anders als einige seiner Vorfahren – nicht über die speziellen Angriffsstellen, die dem SARS-CoV-2 die Infektion von Menschen ermöglichen; er ist also für Menschen weitgehend ungefährlich. Wenn sich der aktuelle Virus aus diesem Vorgänger entwickelt haben sollte, müsste er diese Eigenschaft in einem der Zwischenwirte erneut erworben haben. Wahrscheinlicher ist, dass der gemeinsame Vorfahre sich über längere Zeit in Zwischenwirten zu dem gefährlichen Virus weiterentwickelt hat, der dann die COVID-19 Pandemie verursachte.
7. **Fledermäuse**: Tropische Fledermäuse sind das wichtigste Coronavirus-Reservoir. Forscher haben bei Fledermäusen und den ihnen verwandten Flughunden rund 3.200 unterschiedliche Coronaviren identifiziert. Zwei Erklärungen werden genannt: nach der einen haben Fledermäuse eine erfolgreiche Immunabwehr gegen Virenangriffe entwickelt. Das zwingt die Viren zu immer neuen Mutationen, um die die Immunabwehr zu umgehen – so wurden Fledermäuse zum Virus-Reservoir. Die andere Erklärung betrachtet Tierfamilien und ihren Artenreichtum und stellt fest, dass mit mehr Arten in einer Familie auch mehr Viren vorkommen – und tropische Fledermäuse und Nagetiere sind äußerst artenreich. Nach dieser Lesart wäre nicht die Vielfalt an Viren je Fledermaus, sondern die Vielzahl der Fledermausarten je Biotop die Erklärung für den Reservoir-Charakter. So oder so ist aber die Anzahl von Viren im Ökosystem letztlich nicht entscheidend was das Auftreten von Zoonosen betrifft (siehe 11.): Es gibt bislang keine dokumentierten Fälle einer direkten Übertragung von Fledermäusen auf Menschen.
   In Deutschland ist das anders: die hier vorkommenden 25 Fledermausarten sind keine Überträger von gefährlichen Coronaviren. Zudem sind Fledermäuse (die zu den weltweit am stärksten bedrohten Wildtieren zählen) unentbehrlich für die Gesundheit von Ökosystemen, von denen wir Menschen abhängig sind - in vielen Regionen sind sie z. B. wesentliche Bestäuber und ernähren sich von Insekten, die sonst die Ernten befallen würden.
8. **Andere Zoonosequellen:** Domestizierte Tiere wie Rinder, Schafe, Hunde und Ziegen haben die meisten Viren mit Menschen gemeinsam.

Ihnen folgt die Gruppe der Wildtiere, die sich an eine menschliche Umwelt weitgehend angepasst haben, wie Nagetiere, Fledermäuse und Primaten (Affen). Sie leben in unmittelbarer Nähe der Menschen, oft in den Häusern, und sind Träger von rund dreiviertel aller relevanten Viren. Obwohl das Krankheitsrisiko, das von diesen beiden Tiergruppen ausgeht, erheblich ist, wird es vermutlich dadurch eingeschränkt, dass die Menschen im Laufe einer langen und opferreichen Anpassung gegen viele der gemeinsamen (d.h. durch frühere Zoonosen übertragenen) Viren eine wirksame Immunabwehr entwickelt haben – die aber durch Virusmutationen jederzeit unterlaufen werden kann.
Das höchste Risiko für Epidemien und Pandemien geht deshalb von seltenen Tierarten aus, deren Populationsgrößen durch Jagd, Wildtierhandel und Habitatsverlust so geschrumpft ist, dass sie vom Aussterben bedroht sind. Die folgenden Punkte beschreiben die Ursachen.

9. **Ursache Wildtierhandel**: Aufgrund der Entstehungsgeschichte von COVID-19 ist es naheliegend, dass der unkontrollierte und illegale Wildtierhandel eine zentrale Rolle spielt und in Zukunft verboten werden muss (was in China zurzeit zumindest vorübergehend der Fall ist). Das gilt auch für den meist illegalen Handel mit seltenen Tier- und Pflanzenarten, der besser kontrolliert werden muss, um bestehende Verbote durchzusetzen. Er ist heute einer der umsatzstärksten Geschäftszweige der internationalen organisierten Kriminalität. Der Wildtierhandel ist jedoch nur einer von mehreren Wegen auf denen Krankheitserreger von Wildtieren auf den Menschen übertragen werden. Wirksame Vorsorge kann sich nicht auf diesen Aspekt beschränken.
10. **Ursache Globalisierung**: Da sich im Zeitalter der Globalisierung von Handel und Reisen Infektionen, die früher eng lokalisiert geblieben wären, schnell rund um die Welt verbreiten, müssen wir aus COVID-19 Lehren ziehen, um (i) die Häufigkeit von Zoonosen und von ihnen verursachter Pandemien zu verringern und (ii) auf zukünftige Pandemien besser vorbereitet zu sein. Die Globalisierung von Handel und Reisen hat keine Krankheitserreger erzeugt, ist aber ursächlich für ihre schnelle weltweite Verbreitung, also den Übergang von einer lokalen Epidemie zur globalen Pandemie.
11. **Zoonose-Risikofaktoren**: Die Schädigung von Ökosystemen ist ein weiterer wesentlicher Weg, auf dem Zoonosen entstehen, auf dem also Krankheitserreger (oft Viren) von Tieren auf den Menschen übergehen. Dies erklärt, warum besonders bedrohte Tierarten eine bedeutende Risikoquelle darstellen (s. 7.).
Zwar ist es plausibel, dass mit mehr Arten auch mehr Pathogene in einem Ökosystem existieren (die sog. Amplification-Hypothese), aber die Anzahl der Pathogene, die in Wildtierpopulationen zirkulieren, ist letztlich nicht entscheidend für das Risiko, dass neue Krankheiten die Menschheit bedrohen. Dafür kommt es darauf an, ob Bedingungen existieren, unter denen diese Mikroorganismen von einer Art auf die andere, und auf den Menschen übergehen können. Dafür ist unser Umgang mit der Natur entscheidend: Während in größeren und weniger vom Menschen gestörten Habitaten enge Kontakte und damit Übertragungsmöglichkeiten seltener sind (der sog. Dilution Effect), unterminieren wir diese natürliche „Sicherheitsmaßnahme“. Störung von Habitaten, Flächenverbrauch und Fragmentierung, vor allem Intensivierungen der Nutzung, führen zum Verlust von Lebensräumen. Davon sind nicht alle Arten gleichmäßig betroffen – Spezialisten, die auf spezifische Umweltbedingungen angewiesen sind, werden verdrängt oder sterben aus, während die „neuen“ Lebensräume, also z. B. gerodete Flächen für Landwirtschafts- und Siedlungszwecke, von anpassungsfähigen Generalisten kolonisiert werden. Diese Spezies kommen in unterschiedlichen Lebensräumen vor; entsprechend sind auch die Erreger, die sie mit sich tragen (und gegen die sie selbst oft unempfindlich sind) überdurchschnittlich anpassungsfähig. So steigt die Populationsdichte der Generalisten-Arten, die sich zudem in zunehmendem Maße Lebensräume mit anderen (Nutz-)Tieren und dem Menschen teilen müssen. So schafft die Menschheit geradezu die Bedingungen für die Ausbreitung von Krankheiten durch die Reduzierung der natürlichen Barrieren zwischen Wirtstieren, in denen solche Viren natürlicherweise zirkulieren, und dem Menschen.

Das Problem liegt also nicht bei den Fledermäusen und anderen Wildtieren, sondern in unserem Umgang mit der Natur: wenn wir die Tierwelt „in die Enge“ treiben und es dadurch zu verstärkten direkten Kontakten kommt, treten Übertragungen vermehrt auf - und dabei spielen viele Tiergruppen eine Rolle. Auf diese Weise erhöht die Zerstörung und Fragmentierung von natürlichen Habitaten durch den Menschen die Häufigkeit, mit der aus Wildbeständen Krankheitserreger direkt oder durch übertragende Tiere (Vektortiere wie Mücken und Zecken, aber auch Nutztiere) auf Menschen überspringen. Während die genauen Übergangsmechanismen von Fall zu Fall variieren, ist der Gesamteffekt eindeutig, wie auch der Weltbiodiversitätsrat IPBES im Jahr 2019 verabschiedeten Globalen Assessment zu Biodiversität und Ökosystemen festgestellt hat.

12. **Vorsorgebedarf gegen Verbreitung**: Um die Verbreitung von Krankheitserregern und damit Pandemien zu vermeiden, sind weltweit Regelungen notwendig, die den Kontakt mit Wildtieren, Erregern und deren Weitergabe beschränken bzw. transfersicher zu gestalten, z. B. im internationalen Handel und Tourismus. Auch wenn es seit Menschengedenken sicher viele Menschen gab, die einen intensiven Kontakt mit Wildtieren durch Jagd, Sammeln oder Fischerei hatten, so bestand in früheren Zeiten wegen einer geringeren Bevölkerungsdichte wenig Chancen für die Etablierung der „Mensch zu Mensch-Infektion“ und wegen viel geringerer Mobilität eine geringe Wahrscheinlichkeit für die Entwicklung von Epidemien oder gar Pandemien. Im internationalen Handel müssen phytosanitäre (pflanzengesundheitliche) Kontrollen, die ja unter den WTO-Regeln zulässig sind, konsequent auf gehandelte Tiere, Pflanzen, andere Organismen und deren Erbgut angewandt werden. Solche Kontrollen denen dazu, das Risiko einer Ein- oder Verschleppung von Schadorganismen so gering wie möglich zu halten und beziehen sich bisher auf Pflanzen und Pflanzenerzeugnisse. Sie erfolgen z. B., wenn Güter in das Zollgebiet der EU eingeführt werden; in Europa sind Kontrollen auch innerhalb des Binnenmarkts zu empfehlen.
13. **Vorsorgebedarf gegen Transfer**: Die Vorsorge für die öffentliche Gesundheit ist damit ein weiterer Grund, warum es für dringend notwendig ist, dass die Zerstörung von Habitaten gestoppt wird. Mit den Verhandlungen zur Konvention für Biologische Vielfalt (CBD) und die Europäische Biodiversitätsstrategie besteht in diesem Jahr die Möglichkeit, den Schutz von Habitaten auf europäischer und globaler Ebene rechtsverbindlich festzuschreiben und bisherige Bestimmungen, auch aus Gründen der öffentlichen Gesundheit, zu verschärfen.
14. **Nationale Beiträge zu gesunden Lebensräumen** (die explizit mit der gegenwärtigen Coronakrise nichts zu tun haben) wären eine naturnahe Waldwirtschaft mit heimischen Arten und einem naturgemäßen Tierbesatz (keine Fütterung von Rehwild für Sonntagsjäger), verstärkte Förderung naturnaher Elemente in landwirtschaftlichen Nutzflächen und der Ersatz von Massentierhaltung (nicht nur von Wildtierarten in China) durch Weidevieh. Ein solcher Wandel wird auch Industriestrukturen ändern (Futtermittel-, Dünger-, Pestizid-, Landmaschinenindustrie, damit Energieversorger, Handel, Banken etc. und ist deswegen am ehesten im Rahmen eines transformativen Wandels von Wirtschaft und Gesellschaft vorstellbar. Der “European Green Deal“ der EU-Kommission bietet dazu wichtige Ansätze und bietet die Chance “Leadership by example“ zu praktizieren.

Wichtige ökologische Folgerungen für die Post-Corona-Zeit, ergänzend zu den Forderungen die Forderungen nach einem resilienten Gesundheitssystem und einer weniger krisenanfälligen Wirtschaft, sind deshalb:

- Den Schutz von Habitaten zu stärken, muss eine der zentralen Aufgaben in der Post-2020 Rahmensetzung der CBD sein, und bei der COP15 in Kunming (wahrscheinlich 2021) festgeschrieben werden.
- Werden nach der COVID-19 Krise Einsparpotenziale gesucht, um die in der Krise zu Recht aufgenommenen staatlichen Schulden abzubauen, so darf dies ebenso wenig zu Lasten des nationalen wie des internationalen Umwelt- und Naturschutzes gehen.

Stand 8.5.2020

- Deutschland muss trotz der durch die Corona-Krise entstandenen großen finanziellen Belastungen beim Kampf gegen die Zerstörung von Lebensräumen und der Ökosystemleistungen finanzielle Solidarität mit den Ländern des Südens zeigen.

Ausgewählte Quellen (mehr auf Nachfrage)

Andersen, K. G., Rambaut, A., Lipkin, W. I., Holmes, E. C., Garry, R. F. 2020. The proximal origin of SARS-CoV-2. Nature Medicine. https://www.nature.com/articles/s41591-020-0820-9.

Boni, M. F. et al. 2020. A Familiy of Killers. bioRxiv https://doi.org/10.1101/2020.03.30.015008 (Preprint).

Cyranoski, D. 2020. Profile of a killer: the complex biology powering the coronavirus pandemic. Nature NEWS FEATURE 04 May 2020. https://www.nature.com/articles/d41586-020-01315-7

Drosten, C. 2020 –Interview - Germany's Covid-19 expert: 'For many, I'm the evil guy crippling the economy'. The Gurdian, 26.4.2020. https://www.theguardian.com/world/2020/apr/26/virologist-christian-drosten-germany-coronavirus-expert-interview?CMP=share_btn_link

Forster, P., Forster, L., Renfrew, C., Forster, M. 2020. Phylogenetic network analysis of SARS-CoV-2 genomes. Proceedings of the National Academy of Sciences **117**(17): 9241.

Grace, D., Mutua, F., Ochungo, P., Kruska, R., Jones, K., Brierley, L., Lapar, M., Said, M. Y., Herrero, M. T., Phuc, P. 2012. Mapping of poverty and likely zoonoses hotspots. Zoonoses Project 4, ILRI International Livestock Research Institute, UK Institute of Zoology, Hanoi School of Public Health. Report to the Department for International Development, UK. London

Li, R., Pei, S., Chen, B., Song, Y., Zhang, T., Yang, W., Shaman, J. 2020. Substantial undocumented infection facilitates the rapid dissemination of novel coronavirus (SARS-CoV2). Science: eabb3221.

Settele, J., Díaz, S., Brondizio, E. Daszak, P. 2020. COVID-19 Stimulus Measures Must Save Lives, Protect Livelihoods, and Safeguard Nature to Reduce the Risk of Future Pandemics.

Zhang, Y.-Z., Holmes, E. C. 2020. A Genomic Perspective on the Origin and Emergence of SARS-CoV-2. Cell **181**(2): 223-227.