

© **Schwerpunkt »Welt im Fieber – Klima & Wandel«**

Die Fledermäuse sind nicht schuld

Die Zerstörung von Naturgebieten und der Verlust an biologischer Vielfalt als eine zentrale Ursache für die Pandemiegefahr

von Joachim H. Spangenberg

Das SARS-CoV-2-Virus, das die Covid-19-Pandemie verursacht, ist höchst wahrscheinlich von Wildtieren auf den Menschen übergegangen. Schuld daran ist die immer engere Konfrontation mit den Virusträgern, denen sich der Mensch beim Eindringen in noch funktionierende Naturlandschaften aussetzt. Erst Jagd, dann Rodung und landwirtschaftliche Nutzung plus Besiedlung führen zu Situationen, in denen solche Virusübergänge häufiger werden – und die Gefahr nimmt Jahr für Jahr zu. Der folgende Beitrag zeigt die Zusammenhänge auf, die zwischen der Zerstörung von Naturgebieten, etwa durch Waldrodungen, und dem Ausbruch von Infektionskrankheiten beim Menschen bestehen. Er macht deutlich, dass Naturschutz und Gesundheitsschutz zusammengedacht werden müssen, dass im Sinne des One-Health-Konzepts die Gesundheit von Natur, Tier und Mensch gleichermaßen zentral ist, um zukünftige Pandemien zu vermeiden.

Ein Virus geht um die Welt, fordert Millionen Opfer, und Verschwörungstheoretiker (und Präsidenten) suchen die Schuldigen. Die Wahrheit ist ernüchternd: es ist unsere Art des Umgangs mit der Natur, unsere ökologische Verantwortungslosigkeit, die zu Pandemien geführt hat, dazu führt und in Zukunft noch häufiger dazu führen wird – wenn wir so weitermachen.

Woher kommt das Coronavirus SARS-CoV-2?

Was sind die Fakten, was ist bekannt und wissenschaftlich (nahezu) unumstritten? Die Quelle des SARS-CoV-2-Virus ist mit an Sicherheit grenzender Wahrscheinlichkeit eine Population von Hufeisennasen-Fledermäusen in Südchina. Nirgendwo sonst finden sich Varianten des Coronavirus, die als Vorfahren des Verursachers der gegenwärtigen Pandemie infrage kämen. Aber der Übergang des Virus von den Fledermäusen auf den Menschen war weder direkt noch hat er kürzlich stattgefunden. Der in Fledermäusen vorhandene Vorfahre des Virus hat sich wahrscheinlich über längere Zeit in Zwischenwirten zu dem gefährlichen Virus weiterentwickelt, der dann die Covid-19-Pandemie verursachte. Ein »Zwischenwirt« könnten auch Menschen gewesen sein, die eine harmlosere Vorform des Virus in sich trugen und in denen er seine tödlichen Eigenschaften entwickelte.

Woher wissen wir das? Die Technik der Genomanalyse erlaubt es, das Erbgut von Viren zu entschlüsseln. Da Viren – wie die meisten Lebewesen – von Generation zu Generation Veränderungen in ihrem Erbgut anhäufen, weil die genetische »Kopiermaschine« sehr gut, aber eben nicht perfekt funktioniert, ist die Summe der genetischen Unterschiede ein Maß dafür, wie lange sich Viren aus Menschen und Tieren entwicklungsgeschichtlich schon voneinander getrennt haben. So zeigt der Vergleich der verschiedenen, heute weltweit in Menschen gefundenen Varianten mit denen, die aus Fledermäusen und anderen Tieren bekannt sind, dass der Virus vor mehreren Generationen aus Fledermäusen auf andere Säugetiere übergegangen ist (welche das waren, ist umstritten) und in diesem Prozess die Eigenschaften erworben hat, die ihn für Menschen so gefährlich machen.¹ Zibetkatzen, Nagetiere, Schuppentiere, Schlangen, weitere Fledermausarten und andere Spezies, in denen verwandte Viren vorkommen, sind eventuell in diesem Prozess von früheren, noch nicht auf den Menschen übergegangenen Varianten des Virus infiziert worden. Die Suche nach dem Ursprung wird auch deswegen kaum Erfolg haben, weil wir inzwischen wissen, dass der Virus von Menschen zurück auf Tiere übertragen werden kann (Beispiele sind Haustiere wie Hunde und Katzen, aber auch Tiger im New Yorker Zoo haben

ihn sich eingefangen). Findet man also den Virus in einer Tierart, ist es nicht möglich festzustellen, ob er von dort auf den Menschen oder vom Menschen auf die betroffene Art übertragen wurde.

Der Weg zum Menschen

Soweit zum Ursprung. Wie aber kam es dazu, dass der Virus seinen Weg zum Menschen fand? Auch das ist kein großes Rätsel, denn der Übergang von Viren auf Menschen ist eine konstante Begleiterscheinung der menschlichen Zivilisation; der Fachbegriff für solche von Tieren auf Menschen übergehende Krankheitserreger ist »Zoonosen«. Wann immer Tiere und Menschen eng zusammen leben, nutzen Viren das und wechseln von einem Wirt zum nächsten.² Domestizierte Tiere wie Rinder, Schafe, Hunde und Ziegen haben die meisten Viren mit Menschen gemeinsam, und der Austausch ist oft gegenseitig. Die Schweine- und die Vogelgrippewellen sind aktuelle Beispiele, aber die Ursprünge reichen weit zurück. So hat sich der Masernvirus wahrscheinlich im 4. Jahrhundert vor unserer Zeitrechnung in Mitteleuropa aus dem Virus für Rinderpest entwickelt.³ Die Gruppe der Wildtiere, die sich an eine menschliche Umwelt weitgehend angepasst haben – z. B. Nagetiere, Fledermäuse und Primaten (Affen) – weist nach den domestizierten Tieren die zweithöchste Gemeinsamkeit mit den Menschen auf. Sie leben in unmittelbarer Nähe der Menschen, oft in den Häusern, und sind Träger von rund Dreiviertel aller relevanten Viren. Der Anteil zoonotischer Erreger in Fledermäusen, Nagetieren und Vögeln ist auch deswegen besonders hoch, weil sie oft mehrere Viren oder Virusvarianten in sich tragen und den Erregern die Möglichkeit geben, Gene untereinander auszutauschen. Das erleichtert es den Viren, Merkmale auszubilden, die den Übergang auf den Menschen ermöglichen.

Obwohl das Krankheitsrisiko, das von diesen beiden Tiergruppen ausgeht, nicht zu vernachlässigen ist, wird es 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, wie die alljährliche Influenzawelle demonstriert. Da Massentierhaltung, also das Vorhandensein vieler Individuen der selben Tierart auf engstem Raum, ideale Bedingungen für die Vermehrung von Krankheitserregern bildet, stellt sie einen risikoverstärkenden Faktor dar, wann immer ein Virus von außen eingeschleppt wird oder sobald eine neue, infektiöse Variante durch Mutation in der Herde entsteht. So

wird der Ausbruch des MERS-Coronavirus im Jahr 2012 im Nahen Osten auf ursprünglich in Fledermäusen vorkommende Viren zurückgeführt, die ihre für Menschen gefährliche Form in domestizierten Tieren, in diesem Fall in Kamelen, entwickelt haben. Bislang waren es vor allem Vögel, Nagetiere oder Primaten, in denen die meisten großen Pandemien der Geschichte ihren Ursprung hatten, aber auch Insekten, Fledermäuse, Flughunde und Schweine sind bei neu auftretenden Krankheiten oft beteiligt. So haben Proben aus 2.500 europäischen Ställen gezeigt, dass in mehr als der Hälfte der untersuchten Betriebe bei Schweinen Influenzaviren nachgewiesen werden konnten, die bereits Immunität gegen ein wichtiges Element der menschlichen Immunabwehr erworben hatten.⁴

Das höchste Risiko für Epidemien und Pandemien geht von Tierarten aus, an deren Virenlast Menschen bisher nicht angepasst sind – also von Wildtieren. Über 70 Prozent der Infektionskrankheiten tierischen Ursprungs werden von Wildtieren übertragen (Abb. 1). Das ist keine neue Erkenntnis – schon vor Ausbruch der Pandemie wies der Weltbiodiversitätsrat auf das Risiko hin, dass die zunehmende Naturzerstörung (*keines* der Ziele, die die Weltgemeinschaft sich 2010 gesetzt hatte, wurde erreicht⁵) zu vermehrten Zoonosen führen kann.⁶ Das Risiko wird noch einmal potenziert, wenn diese – wie in China häufig – in Massentierhaltung vermehrt werden. Den kulturell tief verankerten Konsum von Wildtieren durch deren Vermehrung in Zuchtstationen zu decken, reduziert zwar die Naturzerstörung durch Jagd und kann selten gewordene Tierarten schützen (wenn sie nicht illegal gefangen und in die Zucht eingeschleust werden – samt ihrer Virenlast), kann aber zu Krankheitsausbrüchen führen. So konnte der frühere schwere SARS-Ausbruch in den Jahren 2002/03 in China auf Fledermausviren zurückgeführt werden, die sich in Schleickatzen-Zuchtstationen an Säugetiere anpassten und dann leicht auf den Menschen übergehen konnten.

Als Ergebnis der Forschungen zur Herkunft des Covid-19 verursachenden SARS-CoV-2-Virus kann man also festhalten, dass er ziemlich sicher von Vor-

Abb. 1: Herkunft der Krankheitserreger⁷

(Untersuchte) Infektionskrankheiten

insgesamt:

335

tierischen Ursprungs

202 (= 60 Prozent)

davon von Wildtieren übertragen

145 (= 72 Prozent)

Quelle:

Jones et al. (2008)

fahren abstammt, die in Hufeisennasen-Fledermäusen zirkulieren, dann aber in einer oder mehreren Säuge- tierarten weitere Entwicklungsschritte durchgemacht hat, bis er schließlich auf den Menschen übersprang. Das kann in dem Wildtiersegment des Marktes von Wuhan passiert sein, wo zahlreiche potenziell virusübertragende Arten zum Verkauf standen – den Weg von Fledermäusen bis zum Menschen hatte das Virus aber schon weit früher angetreten. Deshalb ist es ebenso möglich, dass Markthändlerinnen und -händler, die sich mit dem Virus infiziert hatten, diesen mit nach Wuhan gebracht haben, wo er sich in einem der größten Märkte Südchinas rasend schnell ausbreiten konnte, oder sogar, dass Marktkundinnen und -kunden die unwissenden Überträger waren, die zum Ausbruch der Pandemie beigetragen haben. Will man vermeiden, dass künftig Pandemien auf diese Art entstehen, muss man also die gesamte Kette von der Ursprungsart über die Zwischenwirte bis zum Menschen betrachten und umgestalten.

Warum gerade Fledermäuse? – Coronaviren sind hauptsächlich in den tropischen Regionen der Erde verbreitet; tropische Fledermäuse sind das wichtigste Coronavirus-Reservoir – Forscherinnen und Forscher haben bei Fledermäusen und den ihnen verwandten Flughunden rund 3.200 unterschiedliche Coronaviren identifiziert.⁸ Da die biologische Vielfalt in den Tropen am höchsten ist, überrascht es nicht, dass das auch für Krankheitserreger gilt – aber warum gerade Fledertiere?

Zwei Erklärungen finden sich in der Literatur. Nach der einen sind Fledermäuse weniger anfällig, da sie eine höhere Körpertemperatur besitzen und eine erfolgreiche Immunabwehr gegen Virenangriffe entwickelt haben, die die Viren zu immer neuen Mutationen antreibt, um diese Schutzmechanismen zu

umgehen – so entstehen immer neue Virusvarianten. Nach der anderen Erklärung sind nicht die Körper- eigenschaften der Fledermausindividuen ausschlag- gebend, sondern der Artenreichtum: Da mit mehr Ar- ten in einer Tierfamilie auch mehr an diese angepasste Virusvarianten vorkommen und da tropische Fleder- mäuse (wie Nagetiere) äußerst artenreich sind, gibt es in diesen Tierfamilien besonders viele Virusvarian- ten (die sog. Amplification-Hypothese). Nach dieser Lesart wäre nicht die Vielfalt an Viren je Fledermaus, sondern die Vielzahl der Fledermausarten je Biotop die Erklärung dafür, dass die Fledertiere ein Corona- viren-Reservoir sind. Welche Erklärung am ehesten zutrifft, ist biologisch interessant, aber für Zoonosen weitgehend irrelevant, denn die Anzahl von Viren im Reservoir ist nicht entscheidend für den Übergang auf den Menschen. Wichtiger ist, wie oft Menschen mit virentragenden Tieren zusammentreffen, z. B. wenn sie in deren Habitats eindringen.

Was hat das mit Naturgebieten zu tun?

Die Jagd in Naturgebieten mit teils verheerenden öko- logischen Folgen ist oft erst der Anfang. Den Jägern folgen Bauern und Bäuerinnen, die Wälder roden, Moore trockenlegen und Grasflächen umbrechen, um landwirtschaftliche Nutzflächen zu gewinnen, dann die Konzerne, die Wald in Weide umwandeln oder Plantagen anlegen, beides überwiegend für die Exportwirtschaft. Schließlich folgen die Siedlerinnen und Siedler, die vor Ort leben und wohnen. Aus dem gelegentlichen Besuch wird erst der Hof, und dann das Dorf oder die Arbeitersiedlung, und alle roden weiter, um Brenn- und Bauholz zu gewinnen. Am Ende steht die größere Siedlung, die Stadt. So hat Europa seine Naturwälder verloren, so wurde die biologische Vielfalt in Nordamerika unterminiert, und so passiert es heute in Afrika und Asien. Und diese Entwicklung geht weiter, zulasten der Bio- diversität und zugunsten der Ausbreitung von Krankheiten, wie Abbildung 2 zeigt. Aber wie kommen hier die Viren ins Spiel?

Zum einen natürlich dadurch, dass mehr Menschen mit Viren konfrontiert sind, gegen die sie keine Widerstandkräfte besitzen, wenn sie in die Gebiete eindringen, in denen diese Viren in den lokalen Arten verbreitet sind und die Bedingungen existieren, unter denen die In- fektionen 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 Men- schen gestörten Habitats enge Kontakte und damit Übertragungsmöglichkeiten seltener sind (der sog. *dilution effect*), unterminiert die Um-

Abb. 2: Waldrodungen lösen Krankheiten aus⁹

Welche Faktoren für Infektionskrankheiten verantwortlich sind



Quelle:
Loh et al. (2015)

wandlung von Naturgebieten in Nutzflächen diese natürliche »Sicherheitsmaßnahme«. Die Schädigung von Ökosystemen ist damit ein weiterer wesentlicher Weg, auf dem Zoonosen entstehen.

Das heißt, dass nicht nur die reine Anwesenheit in Naturgebieten ein Risiko schafft, sondern darüber hinaus die Änderungen, die Menschen an Ökosystemen verursachen, zur Erhöhung des Risikos von Virusübertragungen beitragen. Werden die Lebensräume von Populationen fortschreitend verkleinert, rücken nicht nur die Tiere derselben Art enger zusammen, was den innerartlichen Austausch von Krankheitserregern fördert; auch Arten, die sonst unterschiedliche Umgebungsbedingungen bevorzugt hätten und deshalb kaum aufeinandergetroffen wären, werden in nahe Nachbarschaft gezwungen. Das wiederum erhöht die Wahrscheinlichkeit, dass Viren oder andere Erreger, die es geschafft haben, von einem Tier einer Art auf eines einer anderen Art überzugehen, sich schnell und weitreichend verbreiten können.

Der dritte biologische Mechanismus, der die gegenwärtige Situation hohen Infektionsrisikos verursacht, ist die Veränderung der Artenzusammensetzung in den transformierten Ökosystemen. Von dem Verlust von Lebensräumen durch die Störung von Habitaten, Flächenverbrauch und Fragmentierung, vor allem durch die Intensivierungen der Nutzung, 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; sie sind Kulturfolger. So steigen die Häufigkeit und die Individuenzahlen der Generalistenarten, die sich zudem in zunehmendem Maße Lebensräume mit anderen (Nutz-)Tieren und Menschen teilen müssen.

Generalistenarten sind dadurch definiert, dass sie in unterschiedlichen Lebensräumen vorkommen. Typische Gemeinsamkeiten dieser Arten bestehen darin, dass sie kurze Generationszeiten, eine hohe Fortpflanzungsrate und ein ausgezeichnetes Immunsystem haben. Das erleichtert ihnen die Anpassung an die neuen, menschengemachten Lebensräume und sorgt gleichzeitig dafür, dass sie viele Erreger in sich tragen können, ohne selbst krank zu werden. Entsprechend sind auch die Erreger, die sie mit sich tragen (und gegen die sie selbst oft unempfindlich sind) überdurchschnittlich vielfältig und anpassungsfähig. Fledermäuse und viele Nagetiere gehören zu diesen Generalisten (die Pest wurde von Ratten verbreitet); da sie sowohl Virenreservoirs sind als auch in der unmittelbaren Umgebung der Menschen leben, oft sogar in ihren Häusern, stellen sie eine besondere Gefahr dar. Hinzu kommen zwei nicht biologische Faktoren: zum einen die wachsende Mobilität, also die Globalisierung von Reisen und Gütertransporten; sie fördert nicht nur eine schnelle Ausbreitung früher lokal beschränkter Krankheitsausbrüche, sondern öffnet durch Straßenbau Wälder weit wirksamer als die Jagd und beschleunigt den Klimawandel weiter. Letzterer ist der zweite nicht biologische Faktor, denn die Klimakrise trägt

Regenwaldzerstörung und ihre Folgen – das Beispiel Ebola

Die beschriebenen Mechanismen der Virenübertragung zeigten sich archetypisch beim Ausbruch der Ebola-Epidemie in Meliandou, Guinea.¹⁰ Die Landschaft rund um das Dorf hatte sich in den Jahren zuvor stark verändert. Bergbau- und Holzunternehmen hatten sich in der Region etabliert und Zuwanderer angelockt, der Regenwald musste Feldern, Fruchtplantagen und Minen weichen. Das hat die Ökologie der zuvor dicht bewaldeten Fläche stark verändert – Flughunde und Fledermäuse wurden von den süßen Früchten der Plantagen angezogen; Affen, Waldantilopen und Eichhörnchen wurden durch schrumpfende Naturräume näher an die menschliche Zivilisation gedrängt, wo sie eine beliebte Beute der Jäger waren. Durch den anschließenden Verzehr der getöteten Wildtiere (aber auch durch den Konsum von mit Speichel bedeckten Früchten) kamen die Menschen aus dem Dorf in direkten Kontakt mit den Wildtieren. So kam, was kommen musste: Im Dezember 2013 brach die Epidemie aus. Ein zweijähriger Junge wurde das erste Opfer des

Virus. Er kam Ende Dezember mit dem Virus in Berührung, bekam Fieber, hatte einen schwarzen Stuhlgang und starb nach zwei Tagen an den Folgen der Krankheit. Heute gilt der Junge als erster Infizierter der Westafrikanischen Ebola-Epidemie, die im Oktober 2014 ihren Höhepunkt erreichte und tausende Opfer forderte. Mit großer Wahrscheinlichkeit hat das Ebolavirus – ähnlich dem SARS-CoV-2-Virus – seinen Ursprung in Flughund- und Fledermausarten, die durch die geänderte Landnutzung in die Nähe der Menschen gelockt und gezwungen worden waren.

Bei diesem Mechanismus handelt es sich nicht um einen Einzelfall, sondern um das grundlegende Muster der Zoonose, wie eine Studie aus dem Jahr 2017¹¹ zeigt: Ebola-Ausbrüche traten vermehrt dort auf, wo der Regenwald zuvor stark fragmentiert und abgeholzt wurde, wo große, zusammenhängende Waldflächen durch das Eindringen des Menschen in immer kleinere, isolierte Flecken verwandelt wurden.

Folgerungen & Forderungen

Wichtige ökologische Folgerungen für die Post-Corona-Zeit sind deshalb:

- **Wildtierhandel:** Die bestehenden Einschränkungen aus Artenschutzgründen sind weder ausreichend, um Krankheitsverbreitung zu vermeiden, noch werden sie konsequent durchgesetzt. Der Handel muss stark eingeschränkt und was verbleibt, reguliert und kontrolliert werden.
- **Habitatzerstörung:** Primärwälder, Schutzgebiete und die Lebensräume indigener Völker müssen konsequent vor der Degradierung sowohl durch Plantagenkulturen wie durch Siedler geschützt werden. Dazu ist es notwendig, den landsuchenden Kleinbäuerinnen und -bauern geeignete Flächen anzubieten, die oft im Eigentum von Plantagenbesitzern sind.
- **Konvention für Biologische Vielfalt CBD:** 2021 werden die Unterzeichnerstaaten der Konvention in Kun-

ming, China, zur Vertragsstaatenkonferenz COP15 zusammentreffen, um einen Aktionsplan zum Schutz der biologischen Vielfalt bis 2030 auszuarbeiten, mit Perspektiven bis 2050. Den Schutz von Habitaten zu stärken, muss eine der zentralen Aufgaben in der Post-2020-Strategie der CBD sein. Sie muss verbindlich werden, mit Überwachung und Kontrolle, sonst wird sie ebenso folgenlos bleiben wie die früheren Strategien.

- **Biodiversitätsschutz finanzieren:** Werden nach der Corona-Krise Einsparpotenziale gesucht, um die in der Krise zu Recht aufgenommenen staatlichen Schulden abzubauen, so darf dies ebensowenig zulasten des nationalen wie des internationalen Umwelt- und Naturschutzes gehen. Im Gegenteil: 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.

dazu bei, Ökosysteme zu destabilisieren und Arten aus ihren angestammten Lebensräumen zu vertreiben.¹²

So optimiert die Menschheit die Bedingungen für die Ausbreitung von Krankheiten 1) durch die Reduzierung der Barrieren zwischen Wirtstieren, in denen solche Viren natürlicherweise zirkulieren, 2) durch die Verschiebung des Artenspektrums zugunsten effektiver Virusüberträger und 3) durch die Entstehung von Lebensräumen, die diese Arten mit den Menschen teilen.

Das Problem liegt also nicht bei den Fledermäusen und anderen Wildtieren, sondern im Umgang des Menschen mit der Natur: Wo Menschen die Tierwelt ganz wörtlich »in die Enge treiben«, treten Übertragungen vermehrt auf. Auf diese Weise erhöht die Zerstörung und Fragmentierung von natürlichen Habitaten die Häufigkeit, mit der aus Wildbeständen Krankheitserreger auf Menschen überspringen.

Amerkungen

- 1 M. F. Boni et al.: Evolutionary origins of the SARS-CoV-2 sarbecovirus lineage responsible for the COVID-19 pandemic. DOI: 10.1101/2020.03.30.015008. – D. Cyranoski: Profile of a killer: The complex biology powering the coronavirus pandemic. In: Nature News Feature dated 4 May 2020.
- 2 Neben weiteren Viren wie bei Tollwut und Gelbfieber können auch Bakterien Krankheiten von Tieren auf Menschen übertragen, wie z. B. Milzbrand, Tuberkulose oder die Pest.
- 3 A. Düx et al.: The history of measles: From a 1912 genome to an antique origin. DOI: 10.1101/2019.12.29.889667.
- 4 Gefährliche Schweineviren. In: Bild der Wissenschaft 10/2020, S. 9.
- 5 Secretariat of the Convention on Biological Diversity: Global biodiversity outlook 5. Montreal, Quebec 2020.
- 6 Intergovernmental Science-Policy Platform on Biodiversity and Ecosystem Services (IPBES): IPBES Workshop on Biodiversity

and Pandemics. Workshop report. Bonn 2020. DOI: 10.5281/zenodo.4147318.

- 7 Quelle: K. E. Jones et al.: Global trends in emerging infectious diseases. In: Nature 451 (2008), pp. 990–994.
- 8 Die in Deutschland vorkommenden 25 Fledermausarten sind keine Überträger von Coronaviren. Fledermäuse (die zu den weltweit am stärksten bedrohten Wildtieren zählen) sind 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.
- 9 Die Abbildung stammt aus A. Bastani: Weniger Urwald, mehr Infektionskrankheiten. In: Republik vom 22. Juni 2020 (www.republik.ch/2020/06/22/weniger-urwald-mehr-infektionskrankheiten). Die Zahlen basieren auf Jones et al. (siehe Anm. 5) und der Auswertung von E. H. Loh et al.: Targeting transmission pathways for emerging zoonotic disease surveillance and control. In: Vector Borne and Zoonotic Diseases 15/7 (2015), pp. 432–437, hier: p. 434.
- 10 Zum Folgenden siehe auch: E. Vonwyl: Was hat das Coronavirus mit Naturschutz zu tun? In: naturschutz.ch vom 18. März 2020 (<https://naturschutz.ch/hintergrund/wissen/was-hat-das-coronavirus-mit-naturschutz-zu-tun/144552>).
- 11 M. C. Rulli et al.: The nexus between forest fragmentation in Africa and Ebola virus disease outbreaks. In: Nature Scientific Reports 7, Art. 41613 (2017) (www.nature.com/articles/srep41613).
- 12 United Nations Environment Programme (UNEP) and International Livestock Research Institute (ILRI): Preventing the next pandemic: Zoonotic diseases and how to break the chain of transmission. Nairobi 2020.



Dr. Joachim H. Spangenberg

Biologe und Volkswirt beim Sustainable Europe Research Institute SERI Germany, Mitglied im Scientific Committee der Europäischen Umweltagentur EEA sowie Vorsitzender des Wissenschaftlichen Beirats und Mitglied des Bundesvorstands des BUND.

joachim.spangenberg@bund.net