



VIROLOGICA MARC

Wetenschap
tussen waarheid,
welzijn en
waanzin

VAN RANST

Lannoo

INHOUD

Proloog — Het telefoontje	7
1 De geboorte van een pandemie	9
2 Microben, klein en groots	21
3 Het pad naar de virologie	32
4 De eerste COVID-19-patiënt	40
5 België ontmaskerd	43
6 De perfecte storm	51
7 Van storm naar zondvloed	58
8 De meedogenloosheid van SARS-CoV-2	69
9 Drie veiligheidsraden op één week	77
10 De woonzorgcentra	82
11 België in lockdown	86
12 De exitstrategie	99
13 Intussen bij de burens	116
14 De tweede golf	124
15 2021, het jaar van de vaccins	142
16 Het ballet van de varianten	161
17 Doelwit van een aanslag	173
18 Een eerste rechtszaak	185
19 De beschadigingsoperatie door extreemrechts	191
20 Viruswaanzin	202
21 In het vizier	214
22 Nog meer rechtszaken	222
23 #ElkeDag	253
24 Het einde van de pandemie?	305
Dankwoord	317
Bio	318

PROLOOG

Het telefoontje

Deze oproep voelt anders. Ze zijn allemaal dringend, maar deze is dwingender. De burgemeester van Willebroek heeft me opgedragen om onmiddellijk de korpschef van de politiezone Rivierenland te bellen. Niet later, niet zodra ik kan, maar nu meteen. Goed dan. De korpschef informeert me dat er een politie-escorte onderweg is naar mijn kantoor, naar de school van mijn zoon Milo en naar het ziekenhuis waar mijn vrouw Erna werkt. ‘Een doodsb bedreiging,’ is alles wat hij wil zeggen. Ik heb vaker bedreigingen ontvangen, maar mijn familie moeten ze met rust laten.

Nog geen kwartier later komen de agenten aan op Gasthuisberg. Ze zijn in burger, maar gewapend. Bij de hoofdingang wacht een anonieme wagen. Snel en beheerst brengt die me naar het commissariaat van Mechelen voor een eerste briefing. Erna en Milo zijn daar al. Milo krijgt een balpen van de politie en is stiller dan normaal.

Het zou gaan om een beroepsmilitair die een dag eerder met zijn auto onze doodlopende straat is ingereden. Dat hebben ze kunnen vaststellen via gsm-triangulatie en een beveiligingscamera van een buur heeft het ook vastgelegd. De man zou uit een legerkazerne zijn weggelopen met een arsenaal aan wapens, meer bepaald een machinepistool, een kleiner pistool en vier antitankraketwerpers. Met die laatste vuur je granaten af die door het pantser van een tank of het beton van een bunker kunnen dringen. Hij had dus ons hele huis kunnen vernietigen, met mijn gezin erin. Ik probeer er niet te lang bij stil te staan.

Mijn zintuigen staan op scherp. Ik merk dingen op die me eerder ontgingen, zoals hoe de agenten vriendelijk zijn zonder echt te glimlachen, hoe ze onder hun burgerkleding kogelvrije vesten dragen en hoe hun sporttassen de contouren van machinegeweren verraden.

Niet veel later krijgt het gevaar een naam. Jürgen Conings. Het duurt nog een dag voordat zijn gezicht bekend wordt. Zijn selfie in de badkamer zal snel de media rondgaan. Online worden de gebruikelijke extreemrechtse trollen wakker en die reageren meteen geprikkeld. Hoeveel erger het nog zal worden, kan ik op dat moment niet voorzien.

Van het commissariaat in Mechelen rijden we met twee auto's naar ons huis in Willebroek. Het zijn grote, zwarte wagens met getinte ruiten en gepantserde deuren – de Belgische versie van The Beast, de limousine van de Amerikaanse president.

Een controlepost blokkeert de toegang tot onze straat. Voor ons huis staan twee interventievoertuigen en tien agenten, in zwart uniform en met machinegeweren in de aanslag. Achter in de tuin bewaken nog drie agenten het terrein. We krijgen tien minuten om kleding, tandenborstels, een boek voor Erna en Milo's iPad mee te nemen.

We nemen een lange route naar een voor ons onbekende bestemming. De politieradio staat aan en een tweede auto volgt om eventuele achtervolgers te spotten. Tijdens het transport moeten onze telefoons uit, zodat niemand ons kan traceren. Nadat ik via een server in Portugal een anonieme VPN-verbinding met IP-adres-maskering heb ingesteld, mag ik mijn telefoon weer gebruiken. Ik wil bereikbaar blijven, want de coronacrisis woedt nog volop.

We rijden naar een grotere stad, naar een hotel dat als ideale schuilplaats dient, onder meer omdat covid andere gasten er weghoudt. We mogen de lift niet nemen, want die kan vastlopen. Gelukkig is onze verdieping niet ver van de begane grond, waar de gepantserde auto's klaarstaan.

Voor het eerst die dag zijn we met zijn drieën samen in één kamer zonder begeleiders – bijna alleen toch, want aan de andere kant van de deur houden drie agenten onafgebroken de gang en trappenhall in de gaten. We installeren ons zo goed mogelijk. De kamer is comfortabel zonder luxueus te zijn, en over het uitzicht kan ik weinig zeggen, want we moeten wegblijven van de ramen of de gordijnen dichthouden.

Praktische zaken houden ons nu bezig, aangezien veiligheid hier geen probleem meer lijkt te vormen. Je kunt je hier onmogelijk onveilig voelen, maar gevangen zit je wel, alsof je tijdens een vakantie niet naar buiten kunt vanwege barslecht weer. Gelukkig is het eten hier prima.

Om zeven uur kijken we tijdens het avondeten naar het journaal op de tv in onze kleine keuken: 'Marc Van Ranst is met zijn gezin ondergedoken na doodsbedreigingen.' Op het scherm gaat het over ons. In de reflectie zien we onszelf kijken. Alles voelt dubbel. We zitten in lockdown in een safehouse. Ik ben bedreigd, omdat ik tijdens een pandemie levens help te beschermen. Er valt geen tijd te verliezen, maar intussen tikken de seconden, uren en dagen weg.

Toch ben ik meer nieuwsgierig dan bezorgd of boos. Ik wil alles weten, zodra het bekend is. Via de media gaat dat soms sneller dan via briefings, merk ik. Wat speelt er? Wie is deze man? Hoe moet ik het gevaar inschatten? Zijn er naast Jürgen Conings nog andere extreemrechtse betrokkenen? Het zal wel niet zo een vaart lopen, maar je kunt ook niet alles relativeren. Nee, een raketwerper kun je niet relativeren.

Hoe is het in godsnaam zover kunnen komen?

1 DE GEBOORTE VAN EEN PANDEMIE

Nattigheid op de versmarkt

Wuhan. De naam drong voor het eerst echt tot me door op de ochtend van 31 december 2019. Hoewel het de laatste dag van het jaar was, begon toen voor mij en voor vele anderen een hectische periode die bij dit schrijven ongeveer vijf jaar later nog altijd niet volledig voorbij is.

Wuhan dus. De hoofdstad van de Chinese provincie Hubei, een stad met elf miljoen inwoners, verdeeld over dertien districten en gelegen aan de monding van de Hanrivier in de Yangtze. Tot dan toe had ik er nauwelijks van gehoord, zoals de meeste mensen hier. Intussen klinken de namen van de 22 Chinese provincies, de vijf autonome regio's (zoals Tibet), de vier stadsprovincies (Beijing, Shanghai, Tianjin en Chongqing) en twee speciale bestuurlijke regio's (Hongkong en Macau) ons al veel vertrouwder in de oren.

De naam 'Wuhan' stond in een e-mail van PROMED (*Program for Monitoring Emerging Diseases*), de lowtech e-mailservice die vermeende nieuwe ziektes en epidemieën opspoorde in alle uithoeken van de wereld. Deze internationale vereniging filtert regionaal nieuws, publieke en commerciële kanalen, communiqués van zorginstellingen, verklaringen van ministeries van Volksgezondheid en berichten op sociale en asociale media. Blijkt een bericht na screening betrouwbaar te zijn, dan gaat het onmiddellijk en gratis naar de 83.000 abonnees. Het merendeel van die abonnees bestaat uit medische experts, wetenschappers en zorgverleners, verspreid over de hele wereld.

Die laatste ochtend van het jaar 2019 – en van het precovidtijdperk – lichtte ook mijn computerscherm op:

Published Date: 2019-12-31 00:59:00

*Subject: PRO/AH/EDR>UNDIAGNOSED PNEUMONIA-CHINA (HUBEI):
REQUEST FOR INFORMATION*

Archive Number: 20191230.6864153

Wuhan unexplained pneumonia test results will be announced (as soon as available)

Een bericht over een longontsteking hoeft niet verontrustend te zijn, zelfs als er op dat moment nog geen verklaring voor is. Vaak volgt er een paar dagen later een bericht dat het om een van de usual suspects gaat, zoals influenza, legionella of mycoplasma. PROMED in New York verstuurde de e-mail in de nacht van 30 op 31 december 2019, maar het zou nog weken duren voordat de wereld echt wakker werd geschud. Kort daarna zouden termen als coronavirus, SARS-CoV-2 en COVID-19 deel beginnen uitmaken van onze dagelijkse woordenschat.

Wanneer je een **coronavirus** onder de elektronenmicroscopie bekijkt, zie je dat het uitsteeksels heeft op zijn oppervlak. Die uitsteeksels doen denken aan de vorm van een kroon en het Latijnse woord voor kroon is *corona*. De naam **SARS-CoV-2** is verwant aan die van SARS-CoV-1, het coronavirus (CoV) dat in 2003 het *Severe Acute Respiratory Syndrome* (ernstig acuut ademhalingsyndroom, kortweg SARS) veroorzaakte. **COVID-19** is dan weer de ziekte die veroorzaakt wordt door SARS-CoV-2. COVID-19, voluit *coronavirus disease 2019*, ontstond in 2019 en zou van 2020 en 2021 rampjaren maken en de geschiedenis van de 21ste eeuw verdelen in een ‘voor’ en een ‘na’.

Het is waarschijnlijk dat het nieuwe SARS-CoV-2 al sinds oktober of november 2019 onopgemerkt circuleerde in China en mogelijk ook daarbuiten. In mei 2020 verscheen een artikel over een patiënt die op 17 december 2019 in een ziekenhuis in Parijs was opgenomen met een atypische longontsteking. Pas maanden later toonde een PCR-labotest aan dat het genetisch materiaal van SARS-CoV-2 terug te vinden was in een staal van die patiënt. Intussen was die persoon al lang hersteld.

PCR, van een speld in een hooiberg naar een berg spelden

PCR (*Polymerase Chain Reaction* of polymeraseketenreactie) werd in 1983 uitgevonden door de Amerikaanse biochemicus Kary Mullis. Hij kreeg er in 1993 de Nobelprijs voor Scheikunde voor.

Het is een laboratoriumtechniek waarmee wetenschappers een specifiek stukje DNA heel snel en nauwkeurig kunnen kopiëren. Je kunt het vergelijken met zoeken naar een speld in een hooiberg. In dit voorbeeld is de speld het stukje DNA dat je wilt onderzoeken, en de hooiberg is al het andere genetisch materiaal in een staal. Met PCR kun je die ene speld niet alleen vinden, maar ook veranderen in een hele berg spelden. Hierdoor wordt het mogelijk om dat specifieke DNA-stukje goed te bestuderen.

Deze techniek is onder meer superbelangrijk om ziektes op te sporen, of bij genetische studies en forensisch onderzoek, zoals bij misdadonderzoek. Het bijzondere aan PCR is dat het zelfs piepkleine hoeveelheden DNA kan opsporen en vermenigvuldigen, iets dat vroeger niet kon. Tijdens het proces wordt het doel-DNA in meerdere stappen gekopieerd. Dat gebeurt zo vaak

dat er uiteindelijk miljarden kopieën ontstaan. Die kopieën kun je vervolgens analyseren met speciale apparatuur.

PCR heeft echt een revolutie teweeggebracht in de wereld van het genetisch onderzoek en de virologie.

Op 26 december 2019 was het in China al bekend dat het om een coronavirus ging dat 87 procent overeenkomst vertoonde met het SARS-COV-1-virus uit 2003. Op 28 december 2019 dienden wetenschappers van het Institute of Pathogen Biology in Beijing de volledige genomsequentie van SARS-COV-2 in bij de Amerikaanse GenBank-database van het National Center for Biotechnology Information (NCBI). Dat centrum is altijd zeer discreet over nieuwe sequenties en geeft die pas vrij als de oorspronkelijke onderzoekers er een wetenschappelijk artikel over hebben geschreven.

De rest van de wereld vernam het bestaan van de epidemie in Wuhan pas op 31 december 2019. Enkele dagen later werd bovendien duidelijk dat het om een nieuw coronavirus ging. Op zich is dat niet uitzonderlijk, want er worden regelmatig nieuwe virussen ontdekt en de meeste veroorzaken uiteindelijk geen grote epidemieën. Maar dit virus deed dat wel. Het feit dat het een nieuw coronavirus betrof, deed bij veel virologen de alarmbellen rinkelen. Maar hadden we op dat moment de pandemie nog kunnen stoppen? Nee, zelfs als we op 1 januari 2020 alle vluchten vanuit China hadden kunnen stilleggen, had het SARS-COV-2 virus zich intussen wellicht al in verschillende andere landen verspreid. Het had misschien allemaal wat langzamer kunnen verlopen, maar volgens mij was een pandemie niet meer te voorkomen.

Op 10 januari 2020 maakten Yong-Zhen Zhang, een Chinese viroloog aan de Fudan Universiteit in Shanghai, en Edward Holmes, een Australische evolutiebioloog aan de Universiteit van Sydney, de sequentie van het nieuwe virus openbaar op de website virological.org. In ons laboratorium aan het Rega Instituut aan de KU Leuven zaten we bij de computer te wachten, totdat de informatie online zou komen. Een paar uur later hadden we al een eigen PCR-test ontwikkeld en alle reagentia besteld die ons in staat zouden stellen het virus op te sporen. We waren van start gegaan.

Die eerste weken bleef ik, net als vele andere virologen, wakker tot 2 uur 's nachts. Op dat tijdstip kwamen de nieuwste cijfers uit China binnen, provincie na provincie. Na verloop van tijd kende je die provincies uit het hoofd. De e-mails met *Seafood market Wuhan* in de onderwerpregel volgden elkaar snel op. Een cluster van patiënten met COVID-19 leek verband te houden met de South China Seafood Wholesale Market in het stadsdistrict Jianghan van Wuhan. Dit is een *wet market*, een versmarkt waar ze naast groenten en fruit ook levende dieren verhandelen, zowel wilde als tamme, en zowel vlees als vis. Op de versmarkt in Wuhan kun je bijvoorbeeld civetkatten, stekelvarkens, schubdieren en slangen vinden.

Vanuit een virologisch standpunt is het geen goede zaak om exotische diersoorten te verhandelen op dergelijke levende dierenmarkten. Op die manier komen mensen in contact met diersoorten die dienen als een tussengastheer van virussen waarmee een mens anders moeilijker in aanraking zou komen.

Een wet market is vaak letterlijk nat en je voelt het vocht op je neerkomen, vooral in de buurt van een plukmachine. Met die machine ontdoen ze kippen van hun veren. Ze dompelen de kippen eerst overvloedig onder in water en plaatsen ze vervolgens in een open centrifuge die aan de binnenkant is uitgerust met rubberen plukvingers. Handige doe-het-zelvers maken die soms zelf van een oude wasmachine. Tijdens het plukproces vliegen de waterdruppels en veren uit de open, draaiende machine. Dat maakt van het geheel een soort metalen superspreider. Het is dan ook niet verrassend dat sporen van het nieuwe coronavirus werden aangetroffen in het afvalwater van de markt en op oppervlakken, zoals deurklinken. Maar bij de wilde, exotische dieren op de markt zijn tot nu toe geen directe sporen van het virus gevonden.

Een van de dieren die ze in China illegaal verhandelen op versmarkten, is het schubdier. Het vlees van het schubdier geldt in delen van China en Vietnam als een delicatessen. Het is een dure lekkernij – je betaalt ruim 150 euro voor een halve kilo – die meestal gegrild wordt of bereid in een stoofpot met lente-uis en gember. De schubben van deze termieteneter worden vermalen en gebruikt in de traditionele Chinese geneeskunde. De huid levert gewild leer op, dat eind vorige eeuw gemakkelijk zijn weg vond naar de Amerikaanse detailhandel voor riemen en cowboylaarzen. Lange tijd werd gedacht dat het schubdier (pangolin, *Manis javanica*) de tussengastheer van het SARS-COV-2 was tussen vleermuizen en mensen. Maar de overeenkomst tussen de coronavirussen in de pangolins en SARS-COV-2 ligt rond de 90 procent en dat is waarschijnlijk te laag om het virus als de directe voorouder van SARS-COV-2 te beschouwen.

Het is ook mogelijk dat er geen tussengastheer nodig was en dat het virus rechtstreeks van vleermuizen naar de mens is overgegaan. Dat lijkt mij de meest waarschijnlijke hypothese. Bij de hoefijzerneusvleermuis (*Rhinolophus affinis*) is het RaTG13-virus gevonden, dat ongeveer 96 procent van zijn genome sequentie deelt met SARS-COV-2. Bij verwante vleermuissoorten werden ook virussen gevonden met een vergelijkbare gelijkenis met SARS-COV-2.

Chinees Nieuwjaar 2020

In 2020 viel het Chinese Nieuwjaar op 25 januari. De festiviteiten leidden tot 2,5 miljard verplaatsingen met de auto of bus, 300 miljoen treinreizen en 50 miljoen vliegelingen, vooral binnen China. Ongeveer 6,5 miljoen Chinese toeristen maakten in die periode een buitenlandse reis. Het was – en is – de grootste, jaarlijkse migratiebeweging ter wereld en daarmee ook een potentiële superspreider.

Zonder enige twijfel speelde het Chinese Nieuwjaar een cruciale rol in de verdere internationale verspreiding van COVID-19.

Twee dagen voor de hoofdfestiviteiten had de Chinese overheid Wuhan en andere steden in de provincie Hubei onder lockdown geplaatst. Maar het kwaad was al geschied. Er werden al gevallen gemeld in andere regio's en landen, zelfs in de Verenigde Staten. Ook Europa zou niet gespaard blijven. Chinese arbeiders, die als goedkope werkkrachten werkten in sweatshops in Milaan en voor het Chinese Nieuwjaar even heen en weer waren gevlogen, vormden een luchtbrug voor het virus. Dat gold ook voor expats die vanuit China naar de Alpen reisden om te skiën. Het was geen toeval dat de Noord-Italiaanse regio Lombardije de toegangspoort werd voor het coronavirus. Vandaar verspreidde het zich als een lopend vuurtje over de rest van de grenzeloze Schengenzone, met België als een van de eerste zwaar getroffen landen.

Een ideale kweekkamer

Momenteel leven er 8,1 miljard mensen op aarde. Dat is meer dan dubbel zoveel als in mijn geboortjaar 1965. Met die bevolkingstoename is ook de verstedelijking hand over hand toegenomen. Maar in Azië verloopt dat proces tegen een tempo dat wij in het Westen niet kunnen bevatten. En voor een virus is het gewoonweg een waar feest als een grote groep mensen op één plek oengepakt zit.

De stad Wuhan is dus een natte droom voor virussen. Foto's uit 2008 tonen een bedrijvige, maar nog bescheiden havenstad aan de rivier Yangtze, met vooral laagbouw. Tien jaar later was de stad uitgegroeid tot een bloeiende metropool en vormde ze, dankzij haar centrale ligging en een netwerk van hogesnelheidstreinen, een belangrijk knooppunt voor transport en activiteit. Meer dan twaalf miljoen mensen wonen er dicht op elkaar. Ter vergelijking, dat is iets meer dan de 11,7 miljoen inwoners van België, maar verspreid over slechts 8575 vierkante kilometer in plaats van over 30.689 vierkante kilometer – en België is al niet bepaald dunbevolkt.

Wuhan fungeert als een magneet voor studenten – een beetje het Leuven of Leiden van China. Studenten vormen bijna 10 procent van de bevolking, terwijl dat in Peking of Shanghai slechts 3 procent is. Je vindt er de Huazhong University of Science and Technology, een van de beste technische universiteiten in het land. Daarnaast zijn er nog acht nationale universiteiten en veertien hogescholen. Met meer dan 350 onderzoeksinstituten, laboratoria en incubators is Wuhan het wetenschaps- en onderwijscentrum van Centraal-China.

Er wonen ook 400.000 deskundigen en technici die op zoek zijn naar werk in een van de 1500 hightechbedrijven. Die concentratie van innovatie trekt investeerders uit tachtig landen aan. Zesduizend lokale bedrijven zijn in

buitenlandse handen en 85 van de Fortune 500-bedrijven hebben belangen in de provincie Hubei. Ook de lokale bio-industrie maakt deel uit van een wereldverhaal.

Wuhan kent het hele jaar door een constante stroom van miljoenen pendelaars en bezoekers, waarvan velen via de Wuhan Tianhe International Airport reizen. Rond het Chinese Nieuwjaar neemt dat aantal toe, omdat veel Chinezen die in het buitenland werken dan naar huis terugkeren.

Azië als bron voor pandemieën

Dat de nieuwe epidemie opnieuw uit het Verre Oosten kwam, is goed te verklaren. Op het Aziatische continent wonen nu eenmaal veel mensen dicht op elkaar. Met elk ongeveer 1,4 miljard inwoners hebben China en India veruit de grootste bevolkingsgroepen ter wereld. De Verenigde Staten staan op de derde plaats en tellen ongeveer 340 miljoen inwoners. Daarnaast heeft Azië met Indonesië, Pakistan en Bangladesh nog drie landen in de top 10 van bevolkingsaantallen. Ongeveer 60 procent van de wereldbevolking, de meerderheid dus, leeft op een continent dat slechts 30 procent van de totale landoppervlakte beslaat. Alle plagen die mensen kunnen treffen, maken dus een grote kans om eerst in Azië op te duiken, ongeacht of ze van virale of bacteriële aard zijn.

De Zwarte Dood, veroorzaakt door de bacterie *Yersinia pestis*, brak in het midden van de 14de eeuw uit in Azië en verspreidde zich via handelsroutes naar Europa en Afrika. Het wordt algemeen aangenomen dat de pandemie begon in Centraal-Azië, mogelijk in de regio rond China of Mongolië, en via de Zijderoute en scheepvaart naar Europa kwam. Die pandemie eiste wereldwijd tientallen miljoenen levens en had ingrijpende sociale en economische gevolgen.

Vanaf het begin van de 19de eeuw braken er meerdere **cholera-pandemieën** uit. Cholera wordt veroorzaakt door de bacterie *Vibrio cholerae*. De eerste cholera-pandemie begon rond 1817 in India, in de regio van Bengalen aan de Gangesdelta. De ziekte verspreidde zich snel via handelsroutes naar andere delen van Azië, het Midden-Oosten, Europa en uiteindelijk naar Amerika. Er zouden nog vier andere cholera-pandemieën volgen gedurende de volgende zestig jaar. Samen leidden ze tot naar schatting 3,5 miljoen doden.

De Aziatische griep van 1957 was een pandemie veroorzaakt door het H2N2-influenzavirus, dat vermoedelijk ontstond in Oost-Azië, specifiek in de Chinese provincie Guizhou. Het virus verspreidde zich snel en bereikte begin 1957 Hongkong en Singapore, waarna het verder uitwaaiende naar India, Europa en de Verenigde Staten. De pandemie veroorzaakte wereldwijd meer dan 1 miljoen doden, met sommige schattingen die spreken van ongeveer 2 miljoen slachtoffers.

Tien jaar later was het H2N2-virus weg en kwam er een nieuwe pandemie, de **Hongkonggriep** – toen ook bekend als de Maogriep. Die werd veroorzaakt door het H3N2-influenzavirus en brak uit in Hongkong in 1968. Het virus verspreidde zich snel naar andere delen van Azië en vervolgens naar Europa en Amerika. Deze pandemie veroorzaakte wereldwijd tussen de 1 en 4 miljoen doden. Het H3N2-griepvirus circuleert overigens nu nog altijd.

In 2003 brak de **SARS-epidemie** uit, veroorzaakt door het SARS-coronavirus (SARS-CoV). Het was de eerste keer dat een coronavirus dodelijk bleek te zijn voor mensen. Tot op dat moment waren de bekende menselijke coronavirussen (OC43 en 229E) enkel verantwoordelijk voor milde verkoudheden.

Tien jaar later, in 2012, werd het MERS-virus ontdekt, dat staat voor *Middle East Respiratory Syndrome*. Dat virus, dat vooral in Saoedi-Arabië opdook, veroorzaakt een luchtweginfectie en wordt overgedragen van dromedarissen op mensen. MERS kan ernstige ademhalingsproblemen veroorzaken en heeft een sterftecijfer van ongeveer 35 procent. Hoewel een overdracht van mens-op-mens zeldzaam is, komt het voor, met name in zorginstellingen waar nauw contact plaatsvindt tussen patiënten en zorgverleners.

En in 2019 begon **COVID-19** zich vanuit het Chinese Wuhan wereldwijd te verspreiden. Dus ja, pandemieën komen vaak uit Azië, omdat daar veel volk woont.

Pokken uit Europa

Niet elke pandemie komt uit het Verre Oosten. In de 16de eeuw brachten juist de Europeanen een verwoestend virus naar Zuid-Amerika. Toen de Spaanse conquistador Hernán Cortés in 1521 aankwam in Tenochtitlan, de hoofdstad van het Aztekenrijk, was een van zijn soldaten besmet met het pokkenvirus. Dat had rampzalige gevolgen voor de inheemse bevolking. De ziekte verspreidde zich razendsnel over de stad en eiste talloze slachtoffers. De door de epidemie verzwakte Azteken konden weinig verzet bieden tegen de Spaanse indringers en dat leidde tot de val van hun rijk.

Het pokkenvirus stopte evenwel niet bij Tenochtitlan. Het verspreidde zich verder naar het zuiden, waar het ook de Inca's trof. Die beschaving was toen al verzwakt door interne conflicten en andere factoren, en werd door de uitbraak van de pokken nog kwetsbaarder. Toen Francisco Pizarro, een andere Spaanse conquistador, in 1532 aankwam in het Incarijk, trof hij een bevolking aan die zwaar getroffen was door de ziekte. Dat maakte zijn verovering van het rijk aanzienlijk eenvoudiger.

De introductie van Europese ziektes, zoals pokken, speelde een cruciale rol in de val van de grote beschavingen in Zuid-Amerika. De pandemieën waren dodelijker dan welk wapen ook dat de conquistadores bij zich droegen en veranderden voorgoed het lot van de inheemse volkeren.

De uitbraak van SARS-CoV-1

De eerste SARS-uitbraak begon in november 2002 in de Chinese provincie Guangdong, bekend om haar dichtbevolkte steden, zoals Guangzhou en Shenzhen. Het is waarschijnlijk dat het virus van een vleermuis oversprong op een civetkat (*Paguma larvata*, de maskerpalmmarter), een marterachtig dier dat ze in die regio als voedsel consumeren. In Guangdong gebruiken ze civetkatten soms in het exotische gerecht ‘Draak-tijger-feniks’, met slang (draak), civetkat (tijger) en kip (feniks) als ingrediënten. Onderzoek heeft aangetoond dat het virus dat bij civetkatten werd gevonden voor 99,6 procent overeenkwam met het virus dat de SARS-uitbraak veroorzaakte. De eerste patiënten bij wie in 2002 in Guangdong SARS werd vastgesteld, werkten in restaurants waar ze civetkatten bereidden. De eerste patiënten met een longontsteking door SARS-COV-1 verschenen in november 2002 in de stad Foshan, in het zuiden van Guangdong. Het virus verspreidde zich snel naar de provinciale hoofdstad Guangzhou.

Professor Liu, een 64-jarige longarts, verzorgde in februari 2003 SARS-patiënten in het Sun Yat-Sen Memorial Hospital in Guangzhou. Midden februari 2003 reisde hij naar Hongkong voor de bruiloft van een neef. Hoewel hij zich niet kiplekker voelde, besloot hij toch de reis te maken. Hij verbleef in kamer 911 op de negende verdieping van het Metropole Hotel. Volgens sommige bronnen had hij overgegeven in de gang van het hotel, maar misschien had hij alleen maar enkele keren gehoest in de lift. Hoe dan ook, professor Liu verbleef slechts één nacht in het hotel. ’s Nachts werd hij zo ziek dat hij de volgende ochtend meteen naar de spoedgevallendienst ging van het Kwong Wah Ziekenhuis in Hongkong. Daar overleed hij tien dagen later aan een SARS-longontsteking.

Al snel bleek dat professor Liu een superverspreider was, want hij had 23 andere hotelgasten geïnfecteerd. Die gasten reisden door en werden de indexgevallen van de SARS-epidemie in Vietnam, Canada, Singapore, Taiwan en de Verenigde Staten en vier andere ziekenhuizen in Hongkong. Naar schatting zijn ongeveer 4000 gevallen – de helft van alle SARS-patiënten buiten China – terug te voeren op die ene patiënt die had gelogeed op de negende verdieping van het Metropole Hotel.

De SARS-uitbraak besmette wereldwijd 8096 mensen in 28 landen en veroorzaakte 806 doden (349 in China, 299 in Hongkong, 73 in Taiwan, 43 in Canada, 33 in Singapore, 5 in Vietnam, 2 in de Filipijnen en 2 in Thailand). Wij testten in ons laboratorium een aantal Belgische en Nederlandse reizigers die ziek terugkeerden uit Azië, maar zij bleken gelukkig allemaal negatief.

In juni 2003 verdween het virus plotseling. Tot op heden weten we nog altijd niet waarom, maar het lijkt erop dat doortastende maatregelen, intensief testen en contacttracing ertoe hebben bijgedragen om de epidemie in de kiem te smoren. Op 5 juli 2003 verklaarde de WHO dat de epidemie was ingedamd. In

China traden evenwel tot april 2004 nog enkele geïsoleerde gevallen op, vooral als gevolg van laboratoriumincidenten.

De vraag bleef of het SARS-CoV-1 ooit zou terugkeren, maar dat is niet gebeurd. Ons laboratorium heeft in 2004 zijn virusstocks van SARS-CoV-1 vernietigd. Ik zou niet graag verantwoordelijk zijn voor een heropflakking van SARS.

Naast de gevolgen voor de volksgezondheid, leidde SARS ook tot aanzienlijke economische schade en internationale paniek. De economische impact was groot, met een geschatte wereldwijde verliespost van ongeveer 30 tot 100 miljard dollar in 2003. Vooral de dienstensectoren in zwaar getroffen steden, zoals Hongkong en Beijing, leden onder de daling van de consumentenvraag, doordat mensen sociale interacties en reizen vermeden uit angst voor besmetting. Luchthavens zagen een drastische afname van het aantal vluchten, hotels stonden leeg en bedrijven annuleerden evenementen. De internationale paniek werd versterkt door het gebrek aan kennis over het virus, de snelle verspreiding via internationale reizen en de strenge quarantainemaatregelen die China invoerde om verdere verspreiding tegen te gaan. De SARS-uitbraak toonde aan hoe kwetsbaar de wereld is voor nieuwe virussen in een tijdperk van globalisering en intensieve luchtvaartverbindingen.

Hoewel strikte maatregelen, zoals isolatie van patiënten, contactopsporing en quarantaine, SARS uiteindelijk indamden, bracht de uitbraak belangrijke lessen met zich mee. Wetenschappers werkten samen om snel diagnostische tests te ontwikkelen en pleitten voor betere internationale samenwerking en communicatie om toekomstige pandemieën te voorkomen.

Die lessen kwamen van pas bij de COVID-19-pandemie in 2020. Landen die eerder met SARS te maken hadden gekregen, zoals Singapore en Hongkong, waren beter voorbereid op COVID-19, dankzij hun ervaring met strikte volksgezondheidsmaatregelen zoals contacttracing, quarantaine en het gebruik van mondklappers.

Op 5 mei 2003 verscheen het populairwetenschappelijk magazine *EOS* met een iconische en profetische cover: ‘SARS, een voorbode van erger?’ Inderdaad, zeventien jaar later zou het allemaal nog veel erger worden.

Van een dodelijk virus naar een serieuze verkoudheid

Toen de SARS-epidemie uitbrak, werkte ik samen met mijn collega Leen Vijgen in het virologisch laboratorium van het oude Rega Instituut in het centrum van Leuven aan een project om het humaan coronavirus HCoV-OC43 volledig in kaart te brengen. HCoV-OC43 is een lid van de bètacoronavirus-familie en werd voor het eerst geïsoleerd in 1967, uit neusuitstrijkjes van mensen met verkoudheidsymptomen. De naam OC43 verwijst naar de oorspronkelijke isolatiemethode,

waarbij je het virus kweekte in organen (*organ culture*) en het de 43ste stam was die werd geïdentificeerd.

De menselijke coronavirusstam HCoV-OC43 is een van de virussen die ernstigere verkoudheden veroorzaken, in tegenstelling tot de mildere neusverkoudheden die vaak door rhinovirussen worden opgewekt – *rhinos* is het Griekse woord voor ‘neus’. HCoV-OC43 leidt tot zwaardere symptomen zoals overvloedige slijmproductie, koorts, keelpijn, hoesten en een griepachtig gevoel. Tot op dat moment had nog niemand het volledige genoom van dat virus ontrafeld of er de DNA-sequentie van bepaald. Dat was opmerkelijk, aangezien HCoV-OC43 verantwoordelijk is voor ongeveer 10 procent van alle verkoudheden. Tot 2003 kregen coronavirussen veel minder wetenschappelijke aandacht dan influenzavirussen. Het was geen populair onderzoeksgebied, omdat er weinig financiering beschikbaar was voor een virus waar je niet aan overleed. De wetenschappelijke wereld voerde dus ook geen wedloop om HCoV-OC43 te karakteriseren. Omdat wij in het labo over zowel de klinische stammen van HCoV-OC43, als de officiële prototype-stam beschikten, besloten we het genoom van dat virus te sequencen als een soort ‘hobbyproject’.

In februari 2003, midden in ons onderzoek naar HCoV-OC43, brak de SARS-epidemie uit. Ik realiseerde me meteen dat die epidemie een grote impact zou hebben. Voor de eerste en enige keer in mijn leven nam ik zelf contact op met een journalist, meer bepaald met Eva Peeters van VTM. Zij had me al eens geïnterviewd en ik vond haar zeer bekwaam. ‘Dit moet je brengen,’ zei ik, ‘dit wordt een groot verhaal.’ Op zaterdag 15 maart 2003 bracht Eva Peeters tijdens het VTM-journaal het nieuws over SARS. De volgende dag namen alle kranten en zenders het over.

In de wetenschappelijke wereld begonnen plotseling veel onderzoekers zich te richten op coronavirussen. Ook wij schakelden ons hele laboratorium snel om, zodat we ons volledig konden concentreren op SARS-CoV-1. Al snel bleek dat ons onderzoek naar HCoV-OC43 ons een voorsprong gaf, want door onze ervaring met het ene virus kregen we sneller inzicht in het andere.

Na een week intensief werken door iedereen in het laboratorium hadden we de volledige sequentie van HCoV-OC43 ontcijferd. We ontdekten dat het virus sterk verwant was aan het rundercoronavirus. Wanneer je de mutatiesnelheid van coronavirussen kent, kun je terugrekenen naar de datum van hun gemeenschappelijke voorouder, dus naar het moment waarop het virus van de ene soort op de andere is overgesprongen. We wilden precies berekenen wanneer het rundercoronavirus op de mens was overgesprongen en autonoom als HCoV-OC43 was beginnen te evolueren.

Philippe Lemey, een geniale wetenschapper aan de KU Leuven, paste drie verschillende moleculaire dateringstechnieken toe om de recentste gemeenschappelijke voorouder op te sporen. Die drie methoden wezen allemaal naar de periode van de jaren 1889-1890. Dat was bijzonder interessant, omdat in die periode de Russische griep door Europa en waarschijnlijk ook de rest van

de wereld raasde. Die pandemie veroorzaakte toen meer dan 1 miljoen doden, terwijl de wereldbevolking slechts 1,5 miljard mensen telde. Zou HCoV-OC43 de Russische griep hebben veroorzaakt?

In 1890 waren er nauwelijks wetenschappelijke publicaties beschikbaar. Maar als je de krantenartikelen uit die tijd bestudeert, blijkt al snel dat het om een zeer atypische vorm van influenza ging. Er bestonden zelfs toen al twijfels of het wel een echte griep betrof. De beschreven symptomen vertoonden opvallende overeenkomsten met die van de latere COVID-19-patiënten, namelijk koorts, hoesten, langdurige vermoeidheid, verlies van reuk en smaak, en een hoger sterftecijfer dan bij griep.

In 2005 publiceerden we onze studie over het humaan coronavirus OC43 in *Journal of Virology*, een toonaangevend tijdschrift op het gebied van virologie. In die studie stelden we dat het ‘zeer verleidelijk is om te speculeren dat de pandemie van 1890 niet werd veroorzaakt door een influenzavirus, maar door HCoV-OC43’, dat mogelijk net de sprong had gemaakt van runderen naar mensen.

De hypothese dat HCoV-OC43 verantwoordelijk zou kunnen zijn voor de pandemie van 1890, is interessant en mogelijk relevant voor de situatie tijdens de covidpandemie. Maar om met absolute zekerheid te kunnen stellen dat HCoV-OC43 de toenmalige pandemie veroorzaakte, zouden we het virus moeten terugvinden in bewaarde longweefselmonsters uit die tijd. Dergelijke monsters zouden kunnen zijn bewaard op microscopieglasplaatjes of in paraffineblokjes met weefselstukjes, maar de kans dat dat materiaal nog beschikbaar is, is uiterst klein. Daarenboven is de opgraving van lichamen uit 1890 een complexe onderneming. In 1996 slaagden onderzoekers er wel met veel moeite in om het H1N1-virus, dat verantwoordelijk was voor de Spaanse griep van 1918, te isoleren uit lichamen die waren opgegraven uit de permafrost in Brevig, Alaska. Die lichamen waren goed geconserveerd dankzij de extreme kou. Voor de pandemie van 1890 zou je evenwel nog verder terug in de tijd moeten gaan, wat de uitdaging vergroot. Bovendien bedreigt de huidige klimaatverandering en de smeltende permafrost het voortbestaan van dergelijke goedbewaarde resten.

Als HCoV-OC43 inderdaad aan de basis lag van de pandemie in 1890, zou dat kunnen betekenen dat een gevaarlijk coronavirus, zoals het toenmalige OC43, na verloop van tijd kan evolueren tot een milder virus dat slechts verkoudheidsklachten veroorzaakt. Je zou een parallel kunnen trekken voor de toekomst van SARS-CoV-2. Net zoals HCoV-OC43 tegenwoordig vooral verantwoordelijk is voor milde verkoudheden, zou ook SARS-CoV-2 in de toekomst kunnen verzwakken tot een minder gevaarlijke variant. Misschien is de omikron-variant al een stap in die richting?

Wetenschappelijke experts

In 2003 werd het Wetenschappelijk Instituut Volksgezondheid (WIV) opgericht, de voorloper van Sciensano. Het ontstond uit een samenvoeging van het Instituut voor Hygiëne en Epidemiologie (IHE) en het Pasteurinstituut van Brabant.

Naar aanleiding van de SARS-epidemie in 2003 brachten het WIV, het kabinet van minister van Volksgezondheid Jef Tavernier (Agalev/Groen) en de Federale Overheidsdienst Volksgezondheid voor het eerst een kerngroep van specialisten of experts samen. ‘Wie hebben we nodig?’ vroegen we ons af. Dat werden virologen, epidemiologen, internisten en vaccinologen. De experts wisselden telefoonnummers uit en stelden de eerste draaiboeken op. Die kerngroep uit 2003 vormde de basis voor het latere griepcommissariaat en de Risk Assessment Group en Risk Management Group. Veel van de rekruten uit 2003 waren er ook bij in 2009 met de Mexicaanse griep en in 2020 met COVID-19.

Coviddik kijken

Wie de epidemische curve van de SARS-uitbraak in 2002-2003 bekijkt, ziet onmiddellijk de overeenkomsten tussen de verspreiding van SARS-COV-1 en SARS-COV-2, vooral in de beginfase. Beide virussen verspreidden zich snel na de eerste detectie en beide uitbraken leidden tot snelle internationale verspreiding.

Omdat SARS-COV-1 zich gedurende ongeveer tien weken had verspreid en vervolgens op mysterieuze wijze was verdwenen, dacht de wetenschappelijke wereld eerst dat SARS-COV-2 een vergelijkbaar verloop zou hebben. Al snel moest ze die prognoses bijstellen. COVID-19 werd in ijltempo een pandemie. Dat was al in februari duidelijk. Op 22 februari 2020 heb ik COVID-19 dan ook als een pandemie benoemd in de media. Drie weken later erkende de Wereldgezondheidsorganisatie eveneens dat COVID-19 een heuse pandemie was.

Begin 2020 bestond nog altijd de mogelijkheid dat SARS-COV-2 plotse-ling weer zou verdwijnen, maar die kans nam snel af door de hoge en alsmaar stijgende besmettingscijfers. Het was op dat moment koffiedik – of misschien beter coviddik – kijken wat de toekomst zou brengen.