

Modellierung der COVID- Infektionszahlen in Deutschland (2020-2024)

Supplement/Anhang

Erklärung zum Data Sharing

Fallzahlen der Modelle zusammen mit den erwähnten Vergleichsdaten sind in einem Google Colab Notebook auf Github verfügbar:

<https://gist.github.com/dirkpaessler/d0233e4a3dbe700e8b648ddc9da16117>

Vergleich mit öffentlich verfügbaren Zahlenreihen

Es gibt eine Reihe von öffentlich verfügbaren Zahlenreihen, die den Verlauf der Pandemie in Deutschland beschreiben, und die verwendet werden können, um die Fallzahlen der Modelle zu validieren bzw. deren Plausibilität zu prüfen. Dabei schauen wir insbesondere auf den qualitativen Verlauf (zeitlicher Ablauf der Infektionswellen) aber auch den quantitativen Verlauf (Verhältnis der Höhe der Wellenberge).

Vergleich mit Viruslast im Abwasser (AMELAG/RKI)

Der Vergleich mit der Viruslast für ganz Deutschland aus dem Projekt [AMELAG \(Abwassermonitoring für die epidemiologische Lagebewertung\)](#) des RKI zeigt ab 2022 sieben Infektionswellen (Abbildung 5). Die drei Modelle zeichnen den Verlauf der Viruslast im Abwasser sehr genau nach.

Vergleich mit Viruslast im Abwasser (AMELAG)

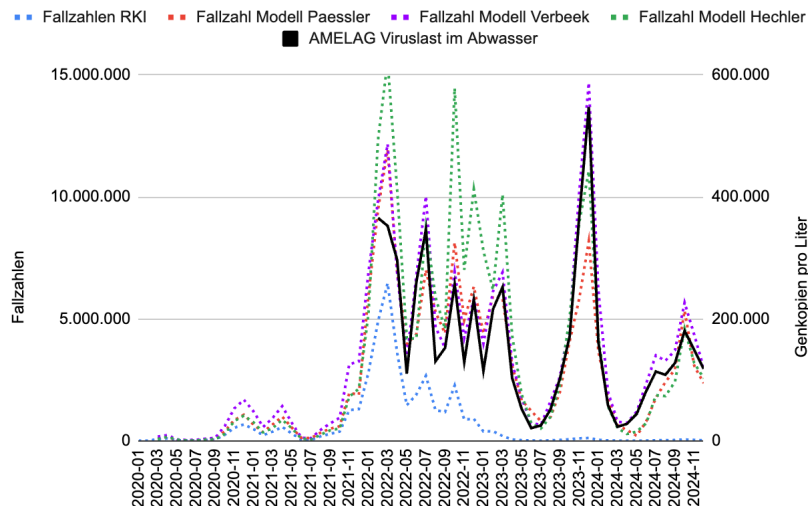


Abbildung 5: Fallzahlen der drei Modelle im Vergleich zur Viruslast im Abwasser (AMELAG)

Vergleich mit RKI Studie zum Dunkelzifferfaktor

In einer Studie aus dem September 2024 ([Loenenbach et al., 2024](#)) berechnen Mitarbeiter des RKI den Dunkelzifferfaktor für Deutschland für 2020 bis Anfang 2024 auf Basis einer Inzidenzberechnung, die auf den Fallzahlen der Grippe-Web Daten erstellt wurde. Aus den auf Github verfügbaren Zahlen konnten wir die Berechnung nachvollziehen und die Zahlenwerte (monatlich gemittelt) mit unseren Ergebnissen vergleichen: Die Werte von Loenenbach passen sehr gut zu unseren Modell-Ergebnissen in Abbildung 6.

Vergleich: Dunkelziffer-Faktoren

(gleitender 3-Monate-Durchschnitt, bezogen auf Infektionszahlen des RKI)

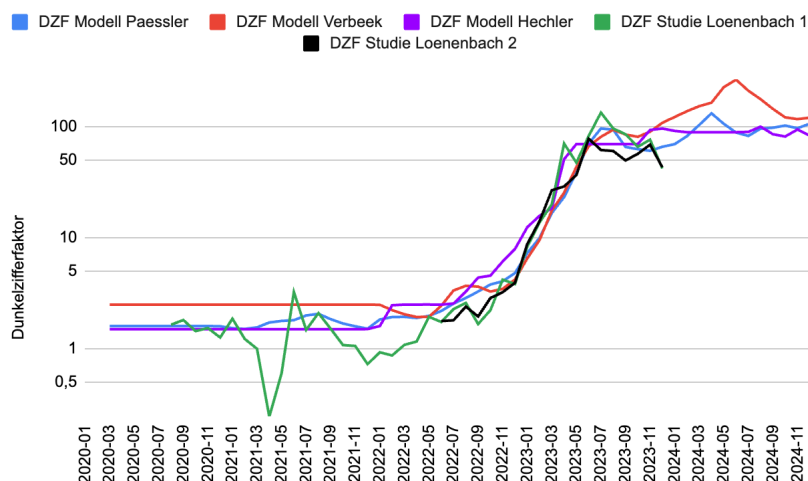


Abbildung 6: Dunkelziffer-Faktoren der drei Modelle im Vergleich zu den Werten der Loenenbach Studie. Kurzfristige Schwankungen entstehen u.a. durch unterschiedliche zeitliche Auflösungen der Zahlenreihen. Die logarithmische Y-Achse wurde verwendet, um parallele Kurvenverläufe über den großen Wertebereich sichtbar zu machen.

Vergleich mit Hospitalisierungen und Neuaufnahmen der Intensivstationen

Ab 2022 wurden die Zahlen der COVID-Hospitalisierungen und die Anzahl der COVID-Neuaufnahmen auf den Intensivstationen zu einem neuen Leitindikator für den Verlauf des Infektionsgeschehens.

Abbildung 7 zeigt den Verlauf der Hospitalisierungen der Notaufnahme-Ampel (orange) und vom RKI (schwarz) sowie die Anzahl der Intensiv-Neuaufnahmen aus den Daten der DIVI (pink). Hier sind ab 2022 deutlich sieben Wellen zu erkennen. Die gepunkteten Kurven zeigen die Modell-Fallzahlen, die ab Anfang 2022 qualitativ den gleichen Verlauf zeigen und auch die Verhältnisse der Wellenberge/Täler sind ähnlich. Bis Anfang 2022 liegen die Kurven deutlich auseinander, weil sich beim Wechsel von Delta zu Omikron die Krankheitsrate und Hospitalisierungsquote massiv verschoben haben.

Vergleich mit Hospitalisierungen und Intensiv-Neuaufnahmen

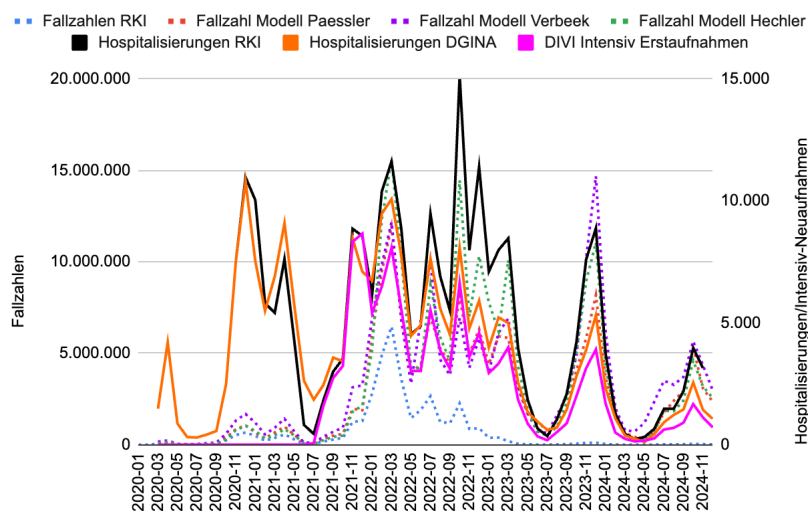


Abbildung 7: Fallzahlen der drei Modelle im Vergleich zu den COVID-Hospitalisierungen (RKI und DGINA) sowie den COVID-Erstaufnahmen der Intensivstationen (DIVI)

Vergleich mit Anzahl COVID-Todesfälle (RKI)

Auch die Anzahl der COVID-Toten, die das RKI veröffentlicht, lassen die 7 Wellen ab 2022 erkennen (Abbildung 8). Im Laufe des Jahres 2021 sank die Case-Fatality-Rate (CFR-Quote) drastisch (Wirkung der Impfungen, [Le et al., 2023](#)), beim Wechsel von Delta zu Omikron Anfang 2022 sank die Rate der Verstorbenen dann erneut deutlich um 65% ab ([Xia et al., 2024](#)). Mit der Annahme, dass sich der Dunkelzifferfaktor bei den Zahlen der Verstorbenen über die Zeit erhöht hat (es wurde immer weniger getestet) und die CFR-Quote durch stetig steigende Bevölkerungsimmunität über die Zeit wahrscheinlich gesunken ist, erklärt sich, dass die Modell-Fallzahlen Anfangs unterhalb dieser Kurve verlaufen und später darüber.

Vergleich mit COVID-Verstorbenen

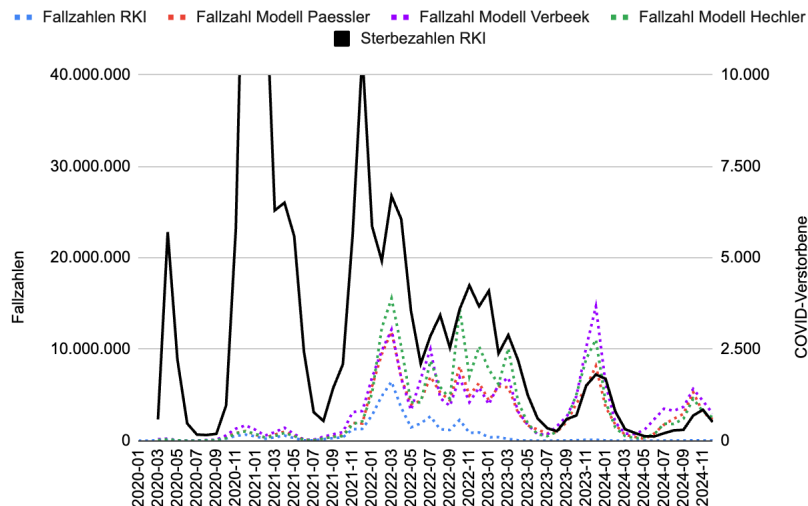


Abbildung 8: Fallzahlen der drei Modelle im Vergleich zu den Sterbezahlen pro Monat (RKI)

Vergleich mit Krankenstand (BKK Dachverband)

Die hohe Anzahl von COVID-Infektionen schlägt auch auf die Anzahl der Krankschreibungen durch, die die Krankenkassen erfassen. Wir vergleichen die Krankschreibungen für “Erkältung” (hier: Krankschreibungen Atmungssystem/Infektion (J00-J99) und Infektionen (A00-B99) aus [öffentlich verfügbare Daten des BKK Dachverbands](#)) mit den Fallzahlen der Modelle in Abbildung 9.

Wenn man sich die Kurve des BKK Krankenstands anschaut, lag dieser bis Mitte 2021 im Sommer um 90.000/Monat. Ab Herbst 2021 steigen die Werte deutlich an (Delta- und Omikron-Wellen). Ab 10/2022 sieht man noch einen weiteren Anstieg durch die Einführung der elektronischen Arbeitsunfähigkeitsbescheinigung (eAU). Ca. 60% der Erhöhung im Vergleich zu 2019 entsteht lt. [Analyse der DAK](#) durch weniger fehlerbehaftete Erhebung durch die eAU. Die 7 Wellen seit 2022 sind in allen Linien von Abbildung 9 sichtbar.

Vergleich mit Krankenstand (BKK)

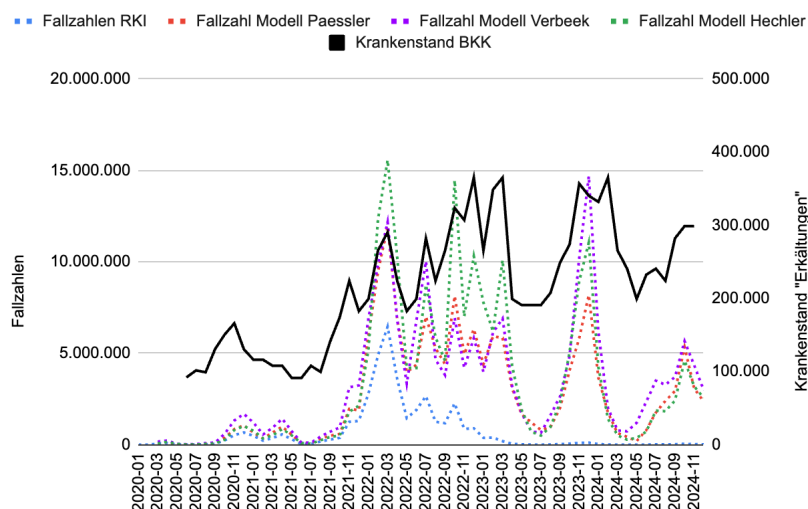


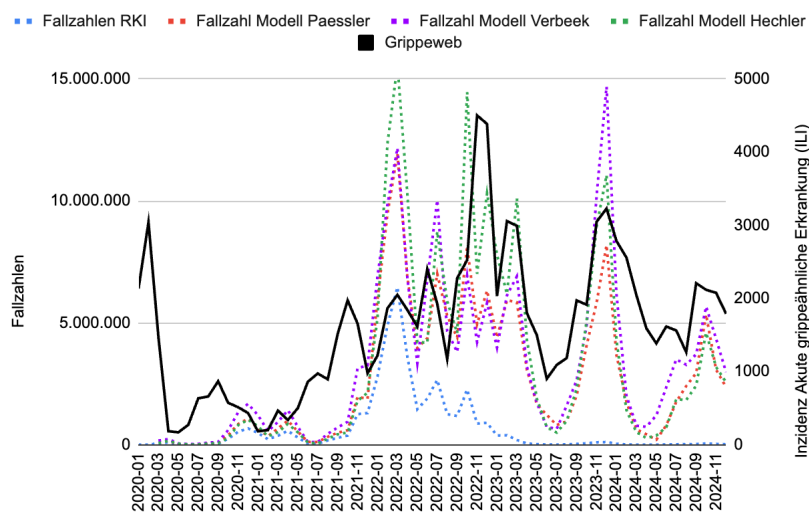
Abbildung 9: Fallzahlen der drei Modelle im Vergleich zum Krankenstand für “Erkältungen” des BKK-Dachverbands

Vergleich mit dem GrippeWeb (RKI)

Beim [Projekt GrippeWeb](#) des RKI werden registrierte TeilnehmerInnen wöchentlich gefragt, ob sie eine neu aufgetretene Atemwegserkrankung mit Symptomen wie z.B. Husten, Schnupfen, Halsschmerzen oder Fieber hatten, oder ob dies nicht der Fall war. Über diese Angaben lassen sich wöchentliche gewichtete Inzidenzen (pro 100.000 Einwohner) von akuten Atemwegserkrankungen (ARE), und grippeähnlichen Erkrankungen (Influenza-like Illness = ILI) in der Bevölkerung schätzen.

Abbildung 10 zeigt den zeitlichen Verlauf der grippeähnlichen Erkrankungen (ILI) mit den Fallzahlen der Modelle und es ist eine qualitative Übereinstimmung des Verlaufs zu sehen.

Vergleich mit Akute grippeähnliche Erkrankung (ILI) (GrippeWeb)



Hintergrundinformationen Modelle

Beschreibung Modell Paessler

Autoren: Dirk Paessler, Stefan Neefischer, Harald Dormann

Die Grundidee dieser Modellrechnung besteht darin, aus gemeldeten COVID-Hospitalisierungen auf die Anzahl der tatsächlichen Neuinfektionen zu schließen. Der Anteil an Infizierten, der im Krankenhaus behandelt werden muss, verändert sich über die Zeit nur wenig. Somit lässt sich anhand einer angenommenen Hospitalisierungsrate ermitteln, wie viele Menschen sich insgesamt infiziert haben müssten.

Als Entwickler und langjährige Betreiber der DGINA Notaufnahme Ampel stehen uns die tagesaktuellen Meldungen über COVID-Hospitalisierungen von zentralen Notaufnahmen (ZNA) aus ganz Deutschland zur Verfügung. Für jede beteiligte ZNA ist bekannt, wie viele Bürger im Abdeckungsbereich leben, somit kann aus diesen Zahlen auf die Gesamtzahlen für Deutschland für 84,5 Mio. Einwohner hochgerechnet werden.

Die DGINA Notaufnahme Ampel wurde von Dirk Paessler und Stefan Neefischer im November 2020 programmiert auf Initiative von Harald Dormann und dem Vorstand des DGINA e.V. (Deutsche Gesellschaft Interdisziplinäre Notfall- und Akutmedizin e.V., www.dgina.de). Ziel des Projekts war es, die Belastung für die Zentralen Notaufnahmen (ZNA) in Deutschland durch die Pandemie zu erfassen und darzustellen, ähnlich wie man dies vom [DIVI Intensiv-Register \(www.intensivregister.de\)](http://www.intensivregister.de) für die Intensivstationen kennt. Seit Dezember 2020 erfassen ausgewählte Notaufnahmen aus ganz Deutschland tagesaktuell verschiedene Parameter des Vortages, unter anderem die Anzahl der COVID-Patienten, die über die ZNAs stationär aufgenommen wurden ("COVID-Hospitalisierungen").

Ein Alleinstellungsmerkmal der Zahlenreihen der DGINA Notaufnahme Ampel ist die Tatsache, dass die Erfassungsregeln und Meldewege seit dem Start im Dezember 2020 zu keinem Zeitpunkt verändert wurden, so daß das Zahlenmaterial als relativ robust einzuschätzen ist.

Um von DGINA Hospitalisierungen auf die Gesamtinfektionen schließen zu können, wird eine Hospitalisierungsquote (auch „Hospitalisierungsrate“) angenommen. Diese Modell-Rate gibt an, wie viele Prozent aller Infizierten so schwere Verläufe entwickeln, dass ein stationärer Krankenhausaufenthalt notwendig wird. In Abbildung 11 ist diese Modell-Rate gepunktet eingezeichnet und im Vergleich zu den sich ergebenden effektiven Hospitalisierungsquoten dargestellt (jeweils bezogen auf die Hospitalisierungen der RKI Daten).

Vergleich: Hospitalisierungsquoten

(gleitender 3-Monate-Durchschnitt, bezogen auf Hospitalisierungen RKI)

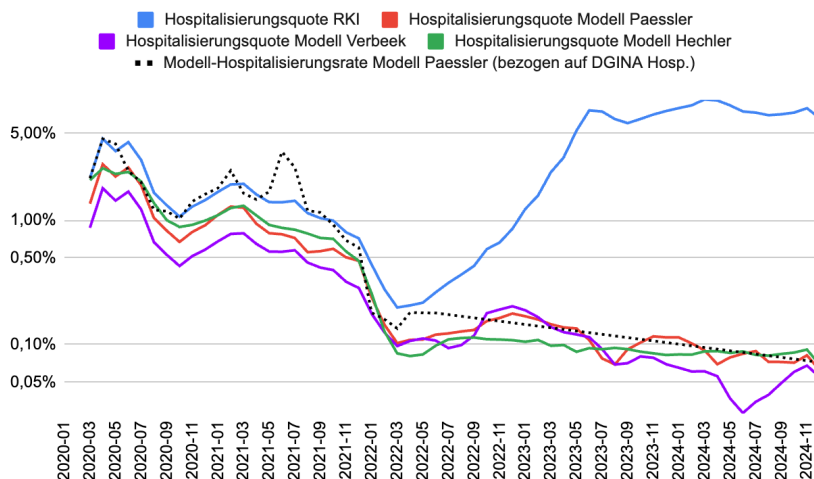


Abbildung 11: Hospitalisierungsquoten (gleitender 3-Monats-Schnitt) bezogen auf die Fallzahlen des RKI.

Die logarithmische y-Achse ermöglicht den langfristigen Vergleich der Quoten.

Die auf Basis der RKI-Daten berechnete Hospitalisierungsrate lag im Q1/2020 zunächst bei fast 5%, was auf eine Untererfassung der Fallzahlen hinweist. Dann sank sie im Jahresverlauf zunächst auf 1% ab, um in 2021 - im Rahmen der Impfkampagne - auf 0,5% zu sinken. Mit dem Übergang zu Omikron sank die Rate dann Anfang 2022 nochmals erheblich ab auf 0,1% (Omikron war zwar ansteckender, machte aber weniger krank).

Anfangs 2022 und insbesondere ab März 2022 wurden die Test- und Melderegeln in Deutschland gelockert bzw. nahezu abgeschafft, was dazu führte, dass die Hospitalisierungsrate erheblich anstieg (der "Nenner" der gezählten Infektionen wurde zu klein), was unplausibel ist.

Die Modell-Hospitalisierungsquote (schwarze gepunktete Linie) verwendet bis Ende 2021 die tatsächlichen Werte und geht danach von 2022 bis Ende 2024 synthetisch von einem langsamen Absinken der Quote aus, womit sich für die drei Modelle sehr ähnliche effektive Quoten ergeben, wie in Abbildung 5 zu sehen.

Die Formel zur Abschätzung der Neuinfektionen lautet (wobei sich alle 3 Zahlen im Zeitverlauf verändern):

$$\text{Anzahl Infektionen } (t) = \frac{\text{Anzahl Hospitalisierungen } (t)}{\text{Hospitalisierungsrate } (t)}$$

Angenommen, es wurden in einer Woche 500 neue COVID-19-Fälle im Krankenhaus gemeldet und die Hospitalisierungsrate liegt bei 5 % (0,05). Dann ergibt sich: $500 / 0.05 = 10.000$ Infektionen

Beschreibung Modell Verbeek

Autor: Rutger Verbeek

Die Abschätzungen der realen Corona-Infektionszahlen begannen im Herbst 2022, als sich abzeichnete, dass die PCR-Tests heruntergefahren werden. Es ging darum, die Entwicklung des Dunkelzifferfaktors (DZF) zu verfolgen, um die täglichen Fallmeldungen vernünftig interpretieren zu können. Die ersten Schätzungen basierten auf einer plausiblen Annahme eines Dunkelzifferfaktors (DZF) 2,5 im Juni 2022 und der Annahme einer bei den Omikron-Varianten konstanten ITS-Quote (ITS-Erstaufnahmen und ITS-Belegung bezogen auf die realen Infektionszahlen). Eine weitere Quelle war ab Februar 2023 die Corona-Inzidenz der ITS-Patienten, die nicht wegen Corona auf ITS behandelt wurden. Damit konnte man verfolgen, dass der DZF sich bis Ende 2022 etwa vervierfachte (Anstieg von 2,5 auf 10).

Als Glücksfall erwies sich das Projekt SentiSurv-RLP, in dem über eine Kohorte von ca. 10.000 Teilnehmern, die sich zunächst von Januar bis April 2023 2x wöchentlich symptomunabhängig auf SARS-CoV-2 testeten, reale Infektionszahlen (und damit der DZF) für 5 Großstädte in Rheinland-Pfalz ermittelt wurden. Dieser DZF stimmte überraschend gut mit dem DZF überein, der über die ITS-Daten berechnet worden war (Abbildung 12).

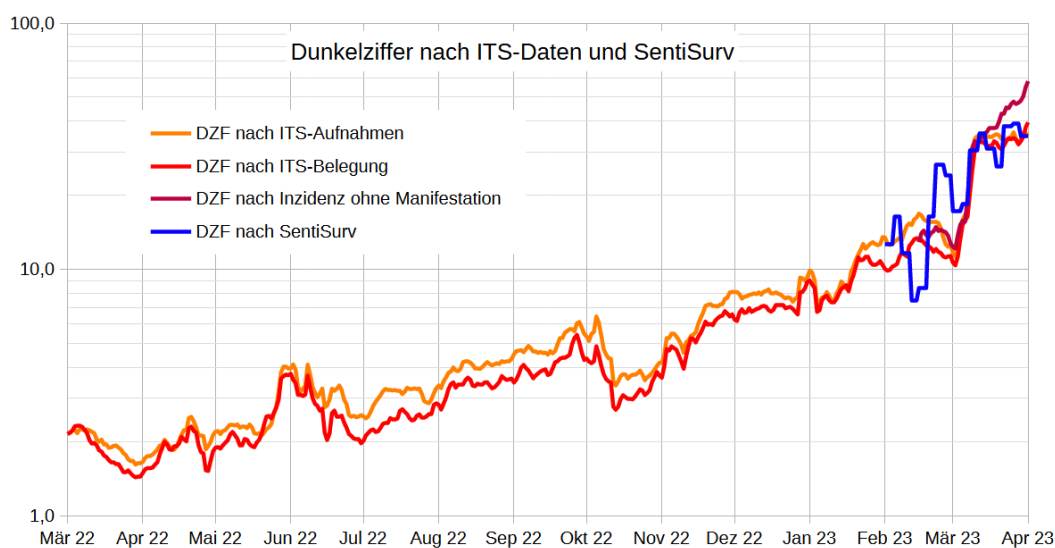


Abb. 12: Dunkelziffer nach ITS-Daten und SentiSurv

Nach 3 Monaten Pause wurde SentiSurv-RLP von Juli 2023 bis April 2024 mit auf 1x wöchentlich verringerter Testfrequenz weitergeführt. Während der Laufzeit des Projekts stieg der daraus ermittelte DZF von etwa 10 zunächst auf etwa 60 (April 2023) und dann ab Juli 2023 von 100 auf 160 im August 2023 (Abbildung 13). Der "ITS-DZF" stieg demgegenüber ab etwa Mai 2023 kaum noch, was zur Schlussfolgerung führte, dass es auch bei den ITS-Daten eine steigende Dunkelziffer gab.

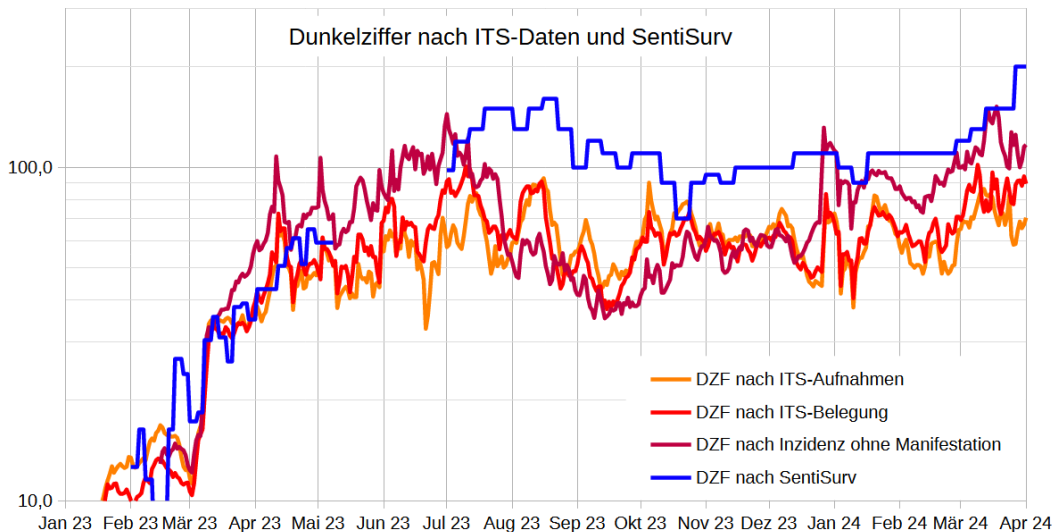


Abb. 13: Dunkelziffer nach IST-Daten und SentiSurv ab 2023

Eine Bestätigung dafür kam aus dem Projekt AMELAG des RKI, in dem seit Mitte 2022 die mittlere Viruslast im Abwasser (Abdeckung inzwischen ca. 30% der deutschen Bevölkerung) bestimmt wurde (Abbildung 14). Mit den (unter Annahme eines regional einheitlichen DZF auf ganz Deutschland umgerechneten) SentiSurv-Daten kann man der Viruslast eine Inzidenz zuordnen, also die AMELAG-Daten kalibrieren: Die Inzidenz ist etwa $0,008 \cdot \text{Viruslast}$.

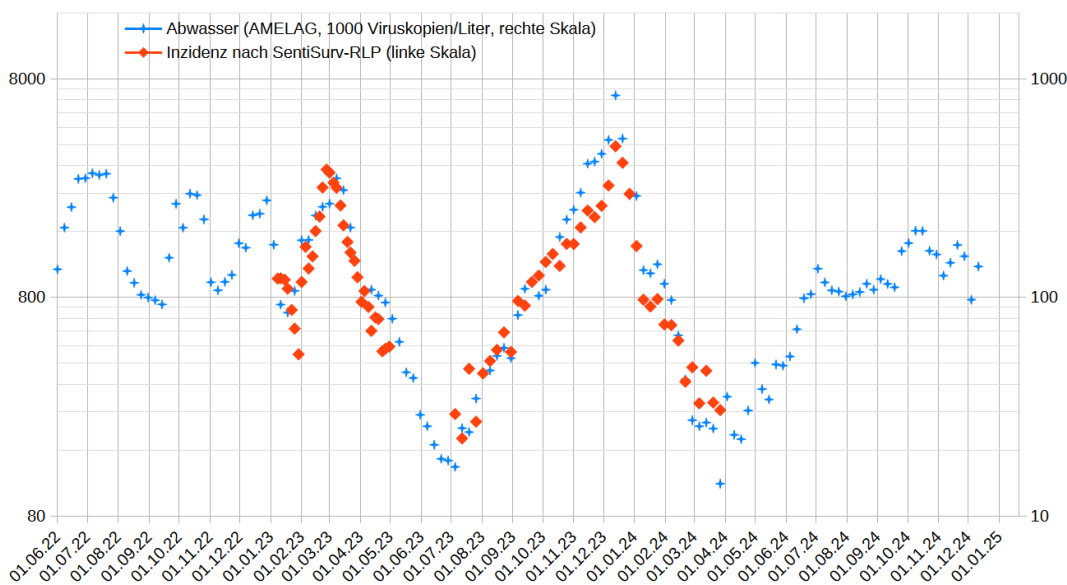


Abb. 14: mittlere Viruslast im Abwasser seit 2022 gemäß AMELAG

Durch Vergleich der gemittelten Fallmeldungen mit den über 5 Wochen (zentriert) gemittelten "AMELAG-Inzidenz" erhält man eine stark geglättete Abschätzung des DZF (braune Kurve in Abbildung 15).

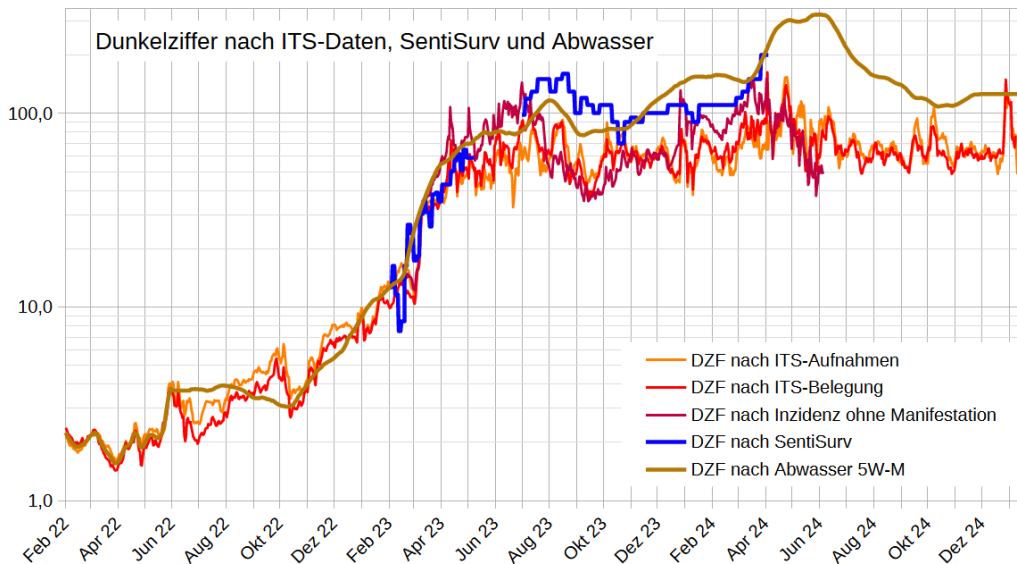


Abb. 15: Dunkelziffer nach ITS-Daten, SentiSurv und Abwasser

Insgesamt bestätigt sich, dass die seit Mitte 2022 verfügbaren Abwasserdaten ein zuverlässiger Indikator für die realen Infektionszahlen und den DZF sind. In der Zeit davor stehen zwar zuverlässige ITS-Zahlen zur Verfügung, die aber wegen höherer Pathogenität (wenige Impfungen und Vorerkrankungen, andere Varianten) nicht mit den Daten ab 2022 (Omikron) vergleichbar sind. Deshalb wird für 2020 und 2021 (Zeiten hoher Testdichte) vereinfachend ein konstanter DZF von 2,5 angenommen.

Mit diesem DZF ergibt sich im Modell der Pandemieverlauf in Abbildung 16:

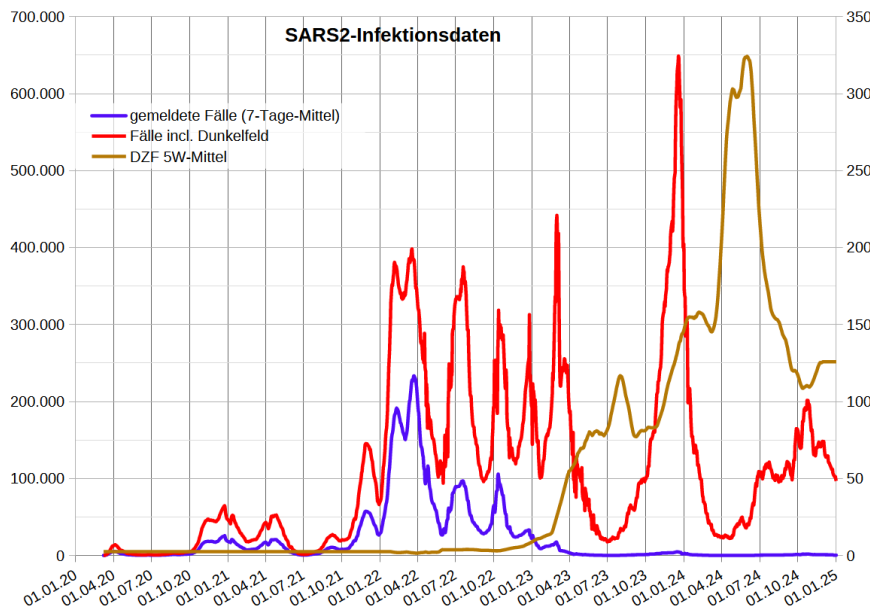


Abb. 16: Mit o.g. DZF sich ergebender Pandemieverlauf im Modell

Beschreibung Modell Hechler

Autor: Martin Hechler

Das Modell von Hechler benutzt eine einfache Kalkulationstabelle, in der für jeden Tag (Zeile) seit Beginn der Pandemie die Zahl der Neuinfektionen aus der Zahl Infektionen an den Tagen zuvor berechnet wird, also ohne Differentialgleichung und auch ohne Programmierung. Dabei wurden über die Jahre die neuen Covid-Varianten (Spaltenblöcke) ergänzt. Jede Variante wird getrennt propagiert, allerdings mit Kreuzimmunisierungen durch die anderen Varianten. Hauptzweck der Modellentwicklung waren wöchentliche Vorhersagen und vor allem Parametrischen Studien, z.B. für die Abhängigkeit von Eigenschaften des Virus oder von Kontaktmaßnahmen oder vom Impfen. Die erzeugten Modellkurven können aber auch als Fits der Pandemiegeschichte dienen, mit denen die RKI-Rohdaten interpretiert werden. Ein wichtiger Aspekt dabei ist die Schätzung des Dunkelzifferfaktors, d.h. um welchen Faktor die tatsächlichen Infektionen höher relativ zu den vom RKI gemeldeten Zahlen liegen.

Die Ausbreitung einer Virus-Infektionskrankheit kann man durch den Reproduktionsfaktor R charakterisieren. R gibt an, wie viele neue Infektionen von einem Infizierten verursacht werden. Wenn also $R > 1$, nimmt die Zahl der Infektionen zu, für $R < 1$ nimmt sie ab. R hängt ab von Eigenschaften des Virus, aber auch von der Zahl der Kontakte, die ein Infizierter hat, und dem Grad der Immunisierung der Bevölkerung um ihn. Dazu kommen Bedingungen, die die Übertragbarkeit beeinflussen, wie z.B. das Wetter. Kontaktmaßnahmen und Impfungen und vor allem Immunisierung durch Infektionen reduzieren R , dagegen verändert sich ein Virus immer wieder, das vergrößert R , wenn eine Mutation die Verbreitungsfähigkeit einer Virusvariante verbessert. Für Covid kam das häufig vor, meistens durch Immunflucht, das heißt bereits erworbene Immunisierung der Bevölkerung wirkte nicht mehr, oder ging mit der Zeit verloren.

Bei einer Infektion entsteht die Krankheit zunächst für die infizierende Variante, erst bei der Vermehrung im Infizierten entstehen Mutationen. Modellierung des Übertragungsprozesses der Infektionen muss deshalb die einzelnen Varianten betrachten. Diese verbreiten sich gleichzeitig, sie verdrängen sich nicht, nur fällt für die ‚schwächere‘ Variante der R -Wert früher unter 1, sie verschwindet dann. Für jede Variante kann man den R -Wert aus verschiedenen Faktoren für die verschiedenen Einflüsse zusammensetzen.

Den Infektionsprozess für eine Variante und den dazugehörigen Reproduktionsfaktor kann man mathematisch beschreiben. Hospitalisierungen und Intensivbelegung stecken nicht an, sie besitzen kein eigenes ‚physikalisches‘ Modell, man kann sie aber von den Infektionen ableiten, zum Beispiel durch eine Proportionalität.

Ein Modell besitzt viele Parameter, das sind ‚Stellschrauben‘, die man anpasst, damit das Ergebnis der Berechnung zu Messungen passt. Für die Covid-Pandemie waren diese Messungen im Wesentlichen die RKI-Meldungen für die Neuinfektionen, die Hospitalisierungen und die Intensivbelegung, dazu die Variantenanteile aus einer Stichprobe von Genom-Sequenzierungen.

Die Virusverbreitung hat sehr wohl deterministische, mathematisch modellierbare Eigenschaften, aber auch zufällige Anteile. Zum einen sind alle RKI-Meldungen unvollständig, sie unterliegen einem Dunkelzifferfaktor. Auch andere zufälligen Eigenschaften muss das Modell mitbestimmen, das heißt schätzen. Zusätzlich zum Dunkelzifferfaktor bleibt ein Faktor im R-Wert, den ich Kontaktindex R1 nenne (Orange in Abbildung 17), der das Modell an die Messungen für Zufälliges, aber auch für Modellfehler angleicht. Wenn R1 systematisch über längeren Zeiträume fällt oder steigt, ist das ein Indikator für einen Modellfehler. Zum Beispiel im Februar 2022 sank die R1-Schätzung gleichmäßig. Mit einer Erhöhung des Dunkelzifferfaktors verschwand das. Höherer Dunkelzifferfaktor bedeutet mehr Immunisierungen durch Infektionen und damit weniger Infizierbare. Das hat den gleichen Effekt auf den R-Wert wie mehr Kontakte. Diese Anpassung führte zur Verankerung der Dunkelzifferfaktorschätzung bei $DZF=2,5$, Ende 2024 ist im Modell der Dunkelzifferfaktor $DZF=87$.

Nicht jede Infektion wirkt immunisierend, im Modell wurde das aber angenommen, die Dunkelzifferfaktorschätzung gleicht das an. Streng genommen ist der Dunkelzifferfaktor im Modell Hechler der Quotient der immunisierenden Infektionen zu den vom RKI gemeldeten.

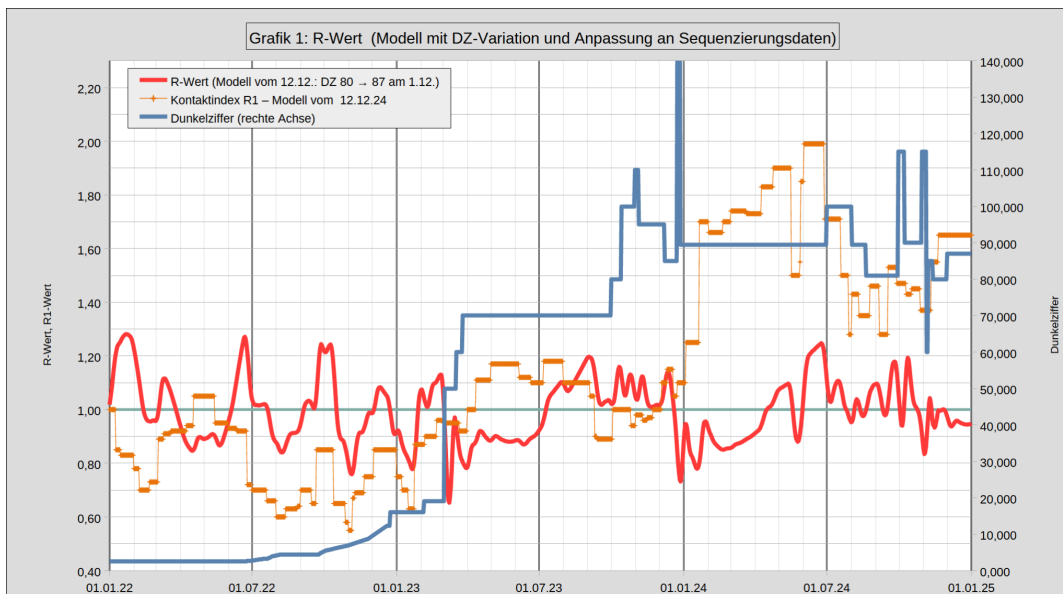


Abbildung 17: R-Wert, Dunkelziffer und Kontaktindex - Modell Hechler

Die Pandemieentwicklung hängt von vielen Parametern ab, deren Wirkung teilweise korreliert ist, sie lassen sich also nicht unabhängig schätzen. Vor allem das Immungedächtnis ist schwer zu modellieren. Labordaten ([Tweet von Sandra Ciesek vom 8.12.2021](#)) deuteten auf relativ schnellen Immunschwund hin, das wurde aber später durch die Modellierung korrigiert, Immunisierungen scheinen 'außerhalb des Reagenzglases' länger vorzuhalten. Eine Modellierung dient dazu, einen Prozess zu verstehen, aber natürlich auch, um die Entwicklung vorzuberechnen. Die rote Kurve in Abbildung 17 zeigt die Entwicklung des R-Werts für die Covid-Pandemie seit Anfang 2022. Der R-Wert wird hier nachträglich für die Summe der einzelnen Variantenpandemien berechnet. Die blaue Kurve (rechte y-Achse) verdeutlicht, wie stark der geschätzte Dunkelzifferfaktor anstieg, nachdem das RKI ab April 2023 nicht mehr flächendeckende PCR-Daten gesammelt hat. Es wurde dabei angenommen, dass die Meldungen der Intensivbelegung vollständig sind, also ohne Dunkelzifferfaktor. Nach der oben diskutierten Verankerung im Februar 2022 wurde der

Dunkelzifferfaktor der Infektionen dann relativ zur aus den Infektionen mit einer festen Formel berechneten Intensivbelegung bestimmt, und zwar der gleiche Dunkelzifferfaktor für alle Varianten. Die Pathogenität (Faktor für den Anteil der Erkrankungen, die zu Intensivbehandlung führen) wurde dabei allerdings variantenabhängig modelliert, wesentlich niedriger für die Omikron-Varianten. Alternative Schätzungen des Dunkelzifferfaktors mit anderen Ansätzen (z.B. AMELAG Abwasser-Monitoring und SentiSurv-RLP) kommen zu einer ähnlichen Größenordnung.

Die deterministische Modellierung des R-Werts für eine Virusvariante besteht hauptsächlich daraus, die Wirkung der Immunisierung durch sich selbst und durch andere Varianten zusammenzusetzen. Dabei müssen die mit dem Modell berechneten Variantenanteile zu den Sequenzierungsmeldungen passen. Abbildung 18 zeigt diese Anpassung. Von 3/2022 bis 4/2023 ließ das RKI 500 bis 1000 Sequenzierungen pro Tag durchführen, danach 50-100 pro Woche. Das reicht immer noch zum Modellieren.

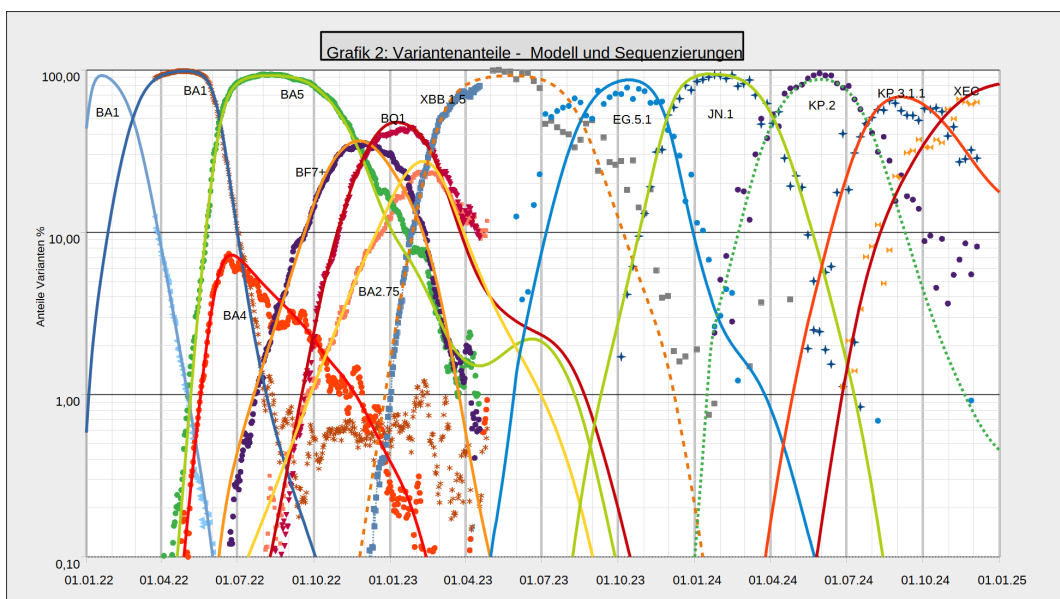


Abbildung 18: Variantenanteile - Modell Hechler und Sequenzierungsdaten

Kreuzimmunisierungsfaktoren für die Immunisierung durch alle vorherigen Varianten für Infektionen mit einer neuen Variante muss das Modell also mitschleppen. Dazu vergisst das Immunsystem die Immunisierung, d.h. das Modell hat zeitabhängige Terme für den Immunschwund für jede Variante. Dazu kommt noch eine Modulation für die Saisonabhängigkeit der Infektionen.

Mit all diesen Faktoren im R-Wert ergibt sich eine Entwicklung der Infektionen mit Dunkelzifferfaktor. Aus dieser wird zuerst die Intensivbelegung mit einer Formel berechnet, die Liegezeiten berücksichtigt. Die Modellkurve dazu (Abbildung 19) wird dann ‚per Hand‘ durch Schätzung des Kontaktindex R_1 an die RKI-Meldungen angepasst (R_1 wird in Abbildung 17 gezeigt). Dabei muss die Pathogenität variantenabhängig modelliert werden, für die Omikron-Varianten ist sie viel geringer als für Alpha und Delta.

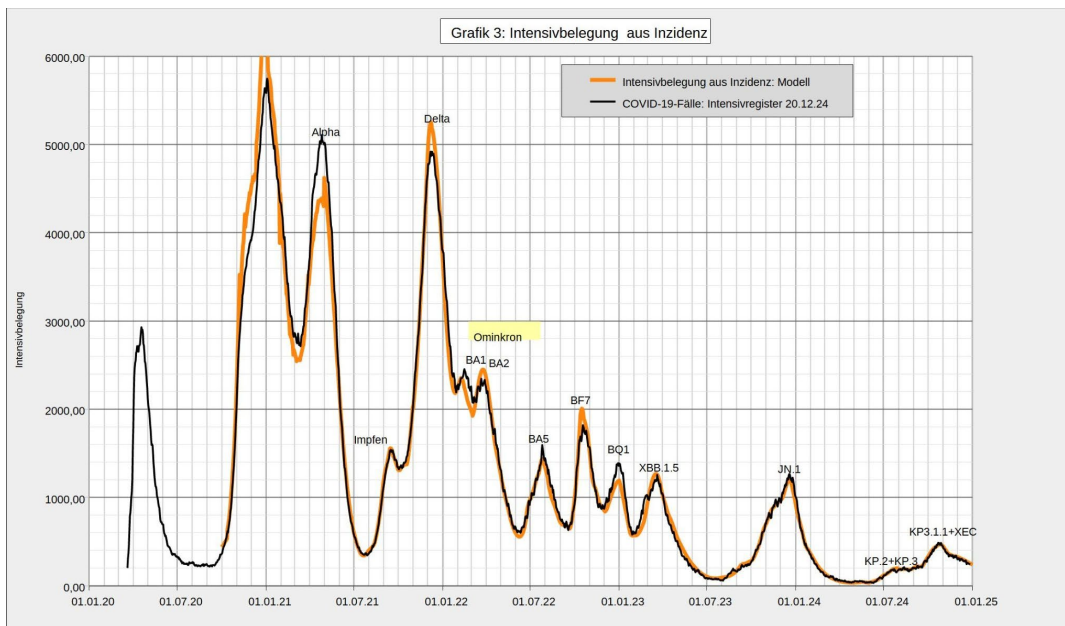


Abbildung 19: Intensivbelegung - Modell Hechler und RKI-Melddaten

Die Infektionen mit Dunkelzifferfaktor zeigt Abbildung 20. Es gab wesentlich mehr Infektionen durch die Omikron-Varianten BA1/BA2 und dann BF7 als durch Alpha und Delta vorher, jedoch war die Pathogenität viel geringer. Das ‚hat das Gesundheitssystem Anfang 2022 gerettet‘.

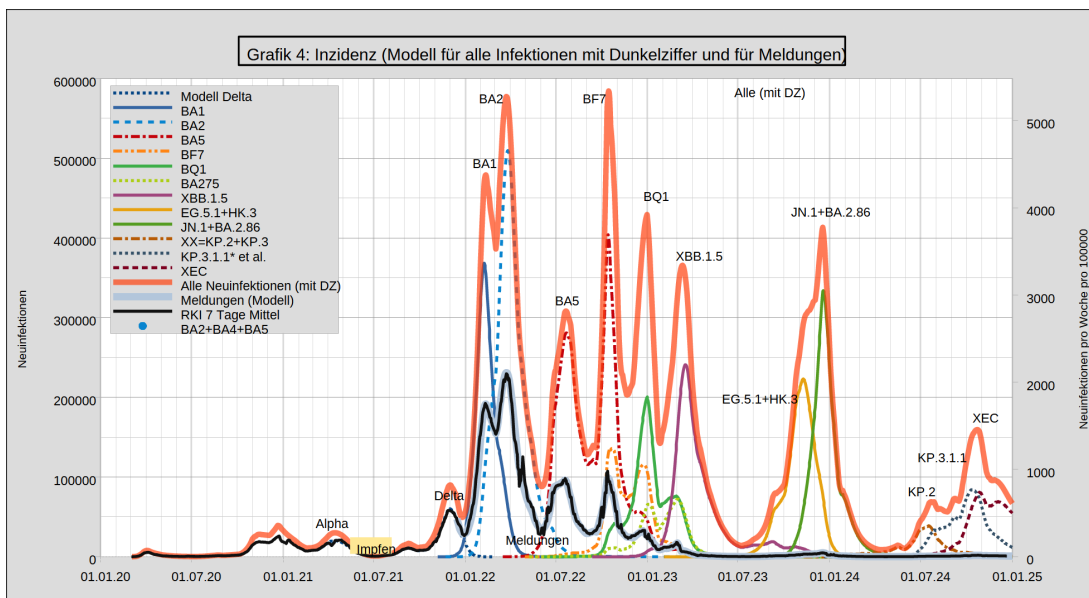


Abbildung 20: Infektionen mit Dunkelzifferfaktor - Modell Hechler

Wie die Intensivbelegungen berechnet das Modell die Hospitalisierungen aus den Infektionen, mit einem variantenabhängigen Pathogenitätsfaktor, mit einer einfachen Proportionalität. Abbildung 21 zeigt Abweichungen der Meldungen vom Modell. Die RKI-Hospitalisierungsmeldungen sind also nicht ganz dunkelzifferfrei. In der Modellierung wird nur die Summe aller Hospitalisierungsmeldungen durch den Pathogenitätsfaktor angepasst.

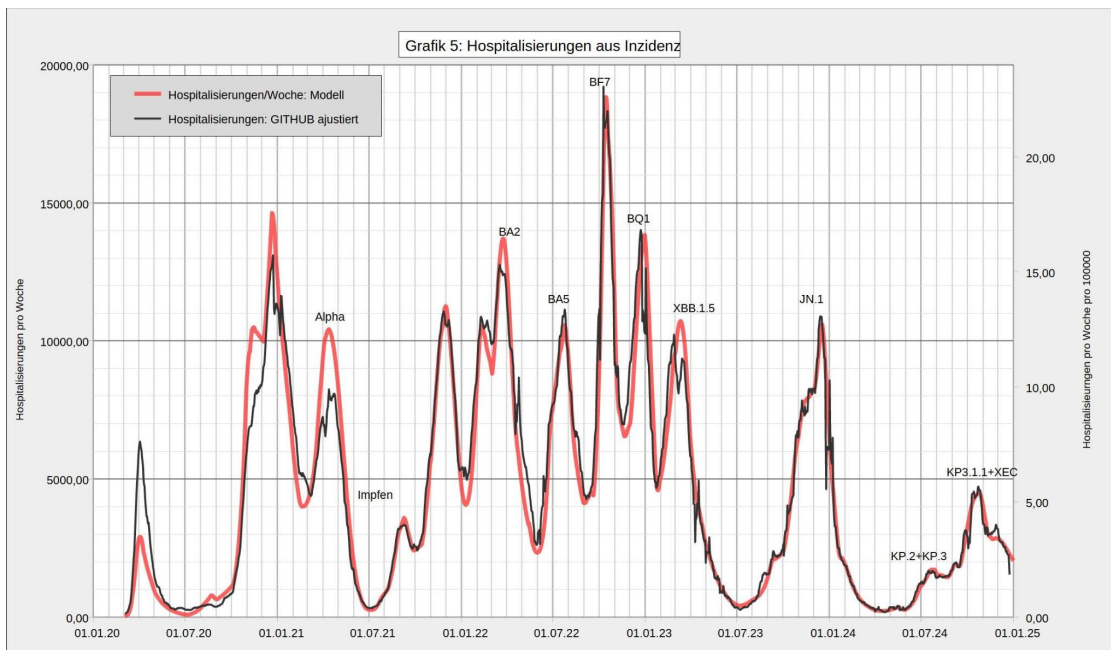


Abbildung 21: Hospitalisierungen - Modell Hechler und RKI-Meldungen

Außer Entwicklung erklären, soll ein Modell Vorhersagen liefern. Abbildung 22 zeigt die Modellvorhersage für das 7-Tage-Mittel der RKI-Infektionsmeldungen, also alle Infektionen geteilt durch den Dunkelzifferfaktor. Diese Vorhersage vom 12.12.24 passte sehr gut für eine Woche. Langzeitvorhersagen waren oft falsch, meistens weil neue Fluchtvarianten auftauchten oder die RKI-Meldungen von Ferien und Feiertagen beeinflusst wurden. An den Modellparametern musste dann gedreht werden. Ende 2024 ist keine potente neue Variante in Sicht. Die Extrapolation in Abbildung 22 ist für konstanten Kontaktindex und konstanten Dunkelzifferfaktor.

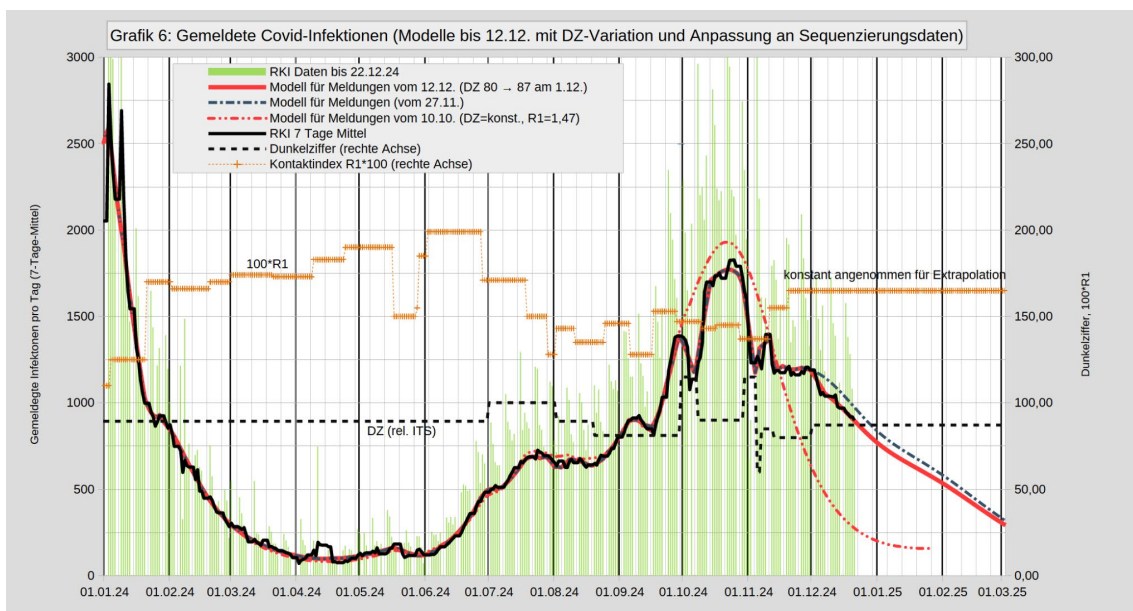


Abbildung 22: Vorhersage vom 12.12.2024 der zu erwartenden RKI-Meldungen (7-Tage-Mittel) für konstanten Kontaktindex, konstanter Dunkelzifferfaktor und ohne neue Variante - Modell Hechler (Grafik vom 22.12.2024)

LongCovid entsteht oft bei nicht bemerkten Infektionen, insbesondere bei Mehrfachinfektionen. Dazu ist Abbildung 23 interessant. Insgesamt, mit Dunkelzifferfaktor, summieren sich die Infektionen nach Modell schon auf 200 Millionen. Das heißt, jeder in Deutschland wurden im Schnitt schon mehr als zweimal infiziert.

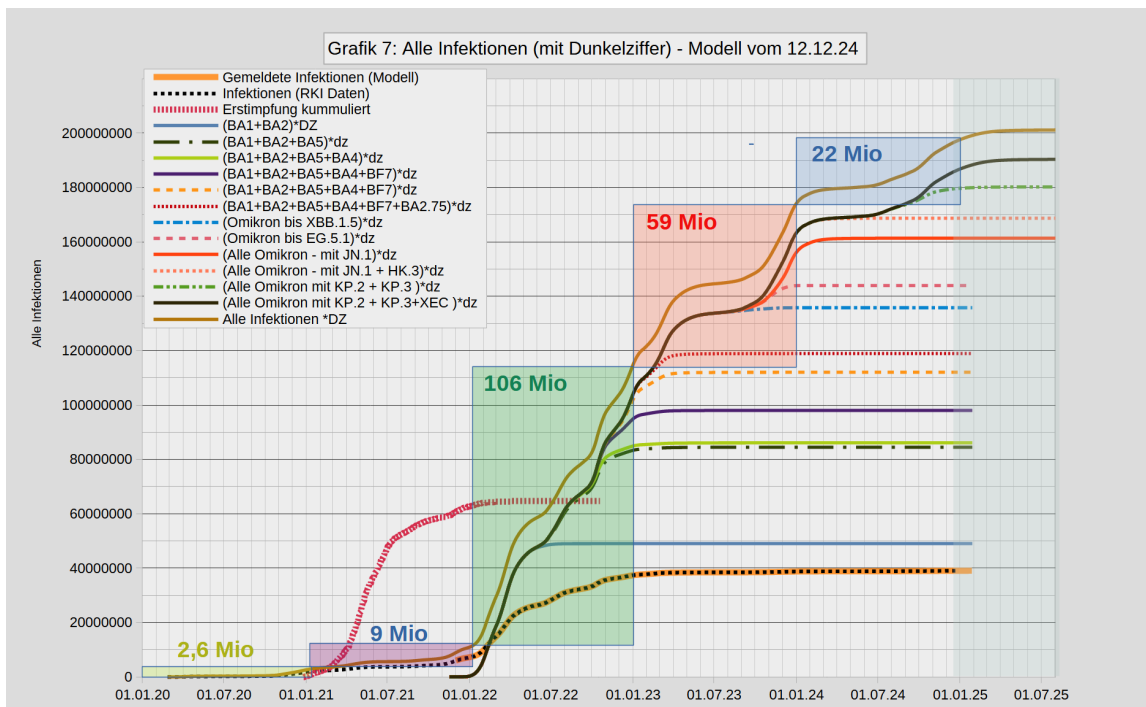


Abbildung 23: Gesamtzahl der Infektionen (mit Dunkelzifferfaktor) - Modell Hechler

Es wurden die RKI-Meldungen der Neuinfektionen, der Hospitalisierungen, der Intensivbelegung und auch der Variantenanteile mit einem Modell für die Dynamik der Pandemie interpretiert. Das Verhältnis von allen Infektionen (mit nicht gemeldeten) zu gemeldeten Infektionen, der Dunkelzifferfaktor, wurde über die gesamte Pandemiegeschichte geschätzt und damit die Gesamtzahl der Corona-Infektionen hergeleitet.

Verwendete Datenquellen (Auswahl)

- COVID 19 Hospitalisierungen (RKI), Lizenz CC-BY-4.0
https://github.com/robert-koch-institut/COVID-19-Hospitalisierungen_in_Deutschland/blob/master/Aktuell_Deutschland_COVID-19-Hospitalisierungen.csv
- SARS CoV2 Inzidenz DE (RKI), Lizenz CC-BY-4.0
https://github.com/robert-koch-institut/COVID-19_7-Tage-Inzidenz_in_Deutschland/blob/main/COVID-19-Faelle_7-Tage-Inzidenz_Deutschland.csv
- COVID 19 Todesfälle (RKI), Lizenz CC-BY-4.0
https://github.com/robert-koch-institut/COVID-19-Todesfaelle_in_Deutschland
- Daten des DIVI-Intensivregister, Lizenz CC-BY-4.0
https://github.com/robert-koch-institut/Intensivkapazitaeten_und_COVID-19-Intensivbettenbelegung_in_Deutschland
- Krankenstand (BKK Dachverband), Nutzung nur zu nicht-kommerziellen Zwecken erlaubt.
<https://bkk-dachverband.de/statistik/monatlicher-krankenstand>
- DGINA Daten, Lizenz CC-BY-4.0
<https://dgina.de/corona-notaufnahme-ampel>
- Grippeweb Projekt (RKI), Lizenz CC-BY-4.0
https://github.com/robert-koch-institut/GrippeWeb_Daten_des_Wochenberichts
- AMELAG Daten (RKI), Lizenz CC-BY-4.0
https://github.com/robert-koch-institut/Abwassersurveillance_AMELAG