

Corona-Forschungsergebnisse-Überblick

Peter Möller und Harry Drewes

21.6.21

Das Projekt hat das Ziel, die Ausbreitung der Corona-Pandemie besser zu verstehen. Denn nur so können wir Strategien entwickeln, um die Pandemie abzumildern. Diese Seiten geben einen Überblick auf die Forschungsergebnisse, die wir seit September 2020 erarbeitet haben. Wir haben Methoden entwickelt um rechtzeitig vor Coronamutationen zu warnen und den Einfluss von Virus-Mutationen und von „Unvorsichtigen“ auf den Pandemieverlauf zu berechnen. Außerdem ist es uns gelungen den R-Wert noch akkurater zu bestimmen. Damit lassen sich schnell ändernde Infektionsgeschehen sowie lokale Ausbrüche besser beschreiben.

Alle Ergebnisse vor September 2020 haben wir in einem Buch veröffentlicht. Mehr Informationen in den News vom 18.09.2020:

[Neuerscheinung des Buchs "Corona - Zahlen richtig verstehen"](#)

Die Wellen verstehen

Je mehr man sich mit „Wellen“ beschäftigt, desto besser versteht man sie. Es gibt Wellen auf ganz unterschiedlichen Gebieten, auch auf solchen, in denen man sie gar nicht erwarten würde. Zum Beispiel ist unser Herzschlag auf eine Wellenausbreitung zurückzuführen. Auch die Weiterleitung von Nervenimpulsen hat damit zu tun und Laserlicht ist nichts anderes als eine Welle bestehend aus Photonen. Selbst chemische Reaktionen auf einer Katalysatoroberfläche können Wellen erzeugen.

Eine chemische Welle kann sich nur ausbreiten, weil die Katalysatoroberfläche in zwei verschiedenen Zuständen existieren kann. In dem einen Zustand kann die Oberfläche die Welle weiterleiten und in dem anderen nicht. Analog hierzu kann ein Gebiet mit einem R-Wert größer als eins eine Corona-Welle weiterleiten, ein Gebiet mit R kleiner eins aber nicht. Ähnliches gilt auch für die Nervenreizleitung und das „Aktionspotential“ am Herzen. Die Gesetzmäßigkeiten der Selbstorganisation in komplexen dynamischen Systemen sind universell. In allen Fällen handelt es sich um erregbare Systeme, in denen sich die Wellen ausbreiten können.

Und obwohl die betrachteten Systeme sehr unterschiedlich sind, lassen sich auch die „Oszillationen“ auf den gleichen Rückkopplungsmechanismus zurückführen. Dieser Rückkopplungsmechanismus lässt sich am einfachsten am Räuber-Beute-Modell erklären (siehe Abbildung 1). Die Beute- und die Räuber-Population oszillieren um einen Mittelwert herum. Gibt es sehr viele Beutetiere (Pfeil 1), dann können sich die Räuber gut vermehren und dezimieren deswegen die Beutepopulation (Pfeil 2). Jetzt finden die Räuber nicht mehr genügend Beute und vermehren sich deswegen weniger (Pfeil 3). Da es nun weniger Räuber gibt, können sich die Beutetiere wieder vermehren (Pfeil 4) und das Spiel beginnt von neuem (Pfeil 5). Das System oszilliert. Dieses Verhalten tritt tatsächlich in der Natur auf, beispielsweise beim Luchs (Räuber) und dem Schneeschuhhasen (Beutetier).

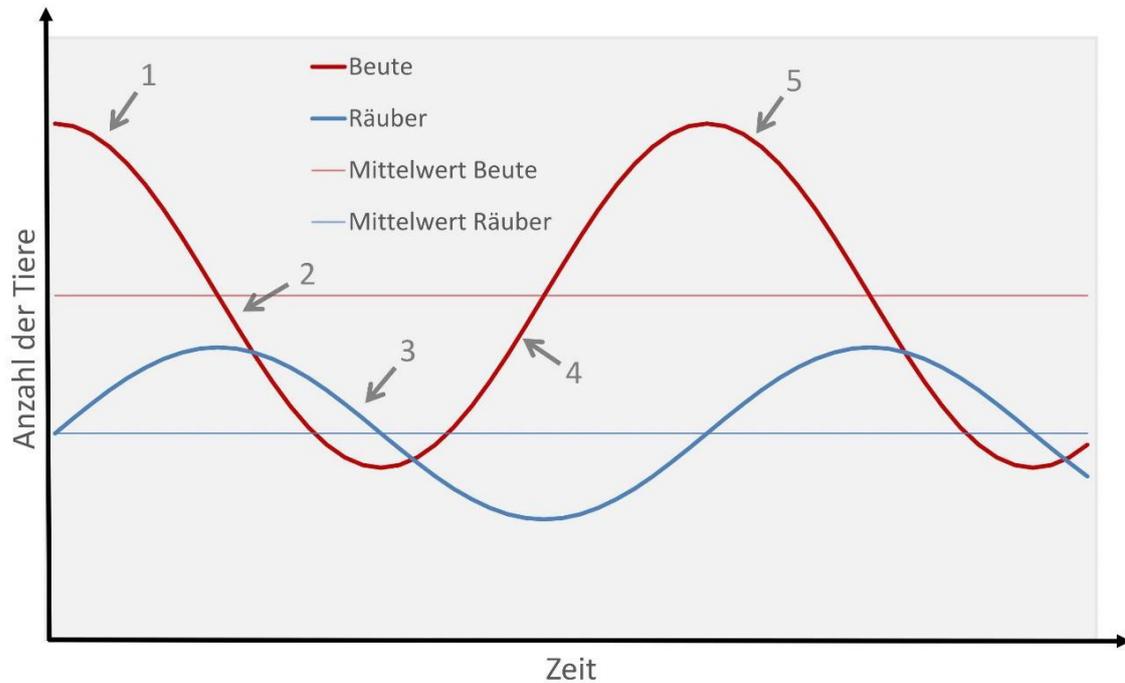


Abbildung 1. Räuber-Beute-Modell

Der zugrunde liegende Rückkopplungsprozess ist im Corona-Modell völlig identisch zum Räuber-Beute-Modell. Zusammenfassend kann man sagen: Die Gesetzmäßigkeiten der Selbstorganisation in komplexen dynamischen Systemen sind universell. Sie gelten sowohl in der belebten Natur (Nervenreizleitung, Herzschlag, Pandemien), als auch in der unbelebten Natur (chemische Wellen, Laserlicht). In allen Fällen handelt es sich um erregbare Systeme, in denen sich Wellen ausbreiten können. Hat man ein System besonders gut verstanden, dann kann man diese Erkenntnisse auch auf andere Systeme übertragen. Mit dem von uns entwickelten Modell kann man die Entstehung und Ausbreitung einer Corona-Welle besser verstehen. Je besser man die Welle versteht, desto effektiver kann man auch gegen sie vorgehen.

Mehr Informationen zum Thema [Die Wellen verstehen](#).

Wird die dritte Welle schlimmer als die zweite?

In Portugal war die dritte Welle schlimmer als die zweite (siehe Abbildung 2). Portugal hat sehr spät reagiert und es hat über sieben Wochen gedauert, bis der Wert vor Beginn der dritten Welle wieder erreicht wurde.

Wir haben für Deutschland eine Prognose mit $R=1,24$ gemacht. Damit wollten wir zeigen, was passiert, wenn wir die Warnungen der Experten nicht ernst nehmen und nicht schnell und konsequent handeln. Die Vernunft hat sich durchgesetzt und uns ist das gleiche Schicksal wie in Portugal erspart geblieben.

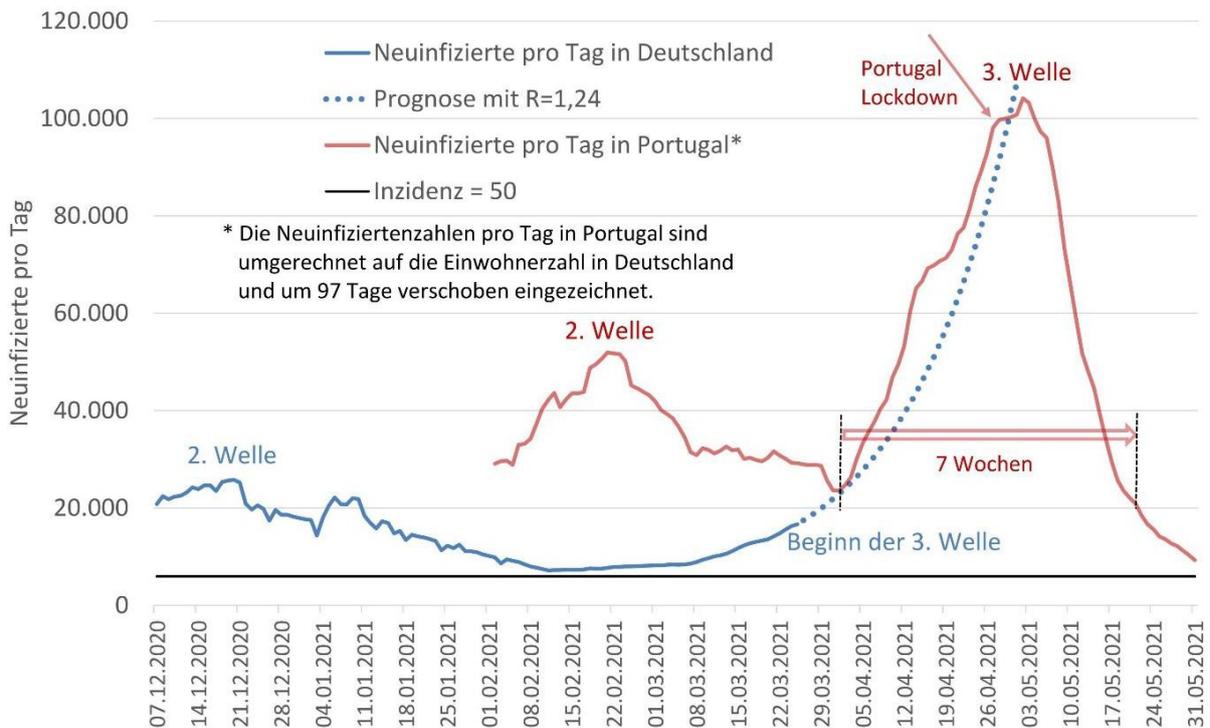


Abbildung 2: Neuinfizierte in Deutschland und Portugal. Stand 28.3.2021.

Mehr Informationen zum Thema: [Wird die Welle schlimmer als die zweite?](#)

Coronamutation – Frühwarnsystem

Welche Maßnahmen soll man wann ergreifen? Diese Frage ist aus unserer Sicht sehr wichtig, wenn es darum geht, das Optimum der Pandemiebekämpfung zu finden. Die hochansteckenden Coronamutationen haben das Potential gefährliche Entwicklungen auszulösen. Nur wenn man einen Wiederanstieg der Neuinfiziertenzahlen frühzeitig erkennt, kann man rechtzeitig Gegenmaßnahmen ergreifen. Zeit ist ein wichtiger Erfolgsfaktor im Kampf gegen die Pandemie.

Prognose mit wenigen Daten

In Abbildung 3 haben wir nur einen Messpunkt und die uns von Großbritannien bekannte 35 Prozent höhere Ansteckungsrate verwendet, um die hellblaue Kurve zu berechnen. Die blaue Kurve basiert dagegen auf weiteren acht Messpunkten. Zuerst wurde vom RKI am 05.02.21 das Ergebnis der Sequenzierung von der Woche beginnend mit dem 25.01.21 (KW4) veröffentlicht. Am 05.02.21 hätte man schon die weitere Zunahme des neuen Virustyps voraussehen und gezielter warnen können. Durch die Einbeziehung der später veröffentlichten Messwerte (bis KW10) verschiebt sich die Kurve nur um drei Tage.

Da der Unterschied zwischen den beiden Kurven in der Abbildung 3 nicht sehr groß ist, ist auch der Einfluss auf das Infektionsgeschehen gering (siehe Abbildung 4). Beide Kurven sind etwa um eine Woche verschoben, zeigen aber ansonsten qualitativ das gleiche Verhalten. Auch wenn die Neuinfektionszahlen Anfang Februar noch fallen, ist es möglich eine Warnung abzugeben. Die Methode ist also sehr gut geeignet, frühzeitig eine gefährliche Entwicklung zu erkennen. Jeder gewonnene Tag rettet sehr viele Menschenleben.

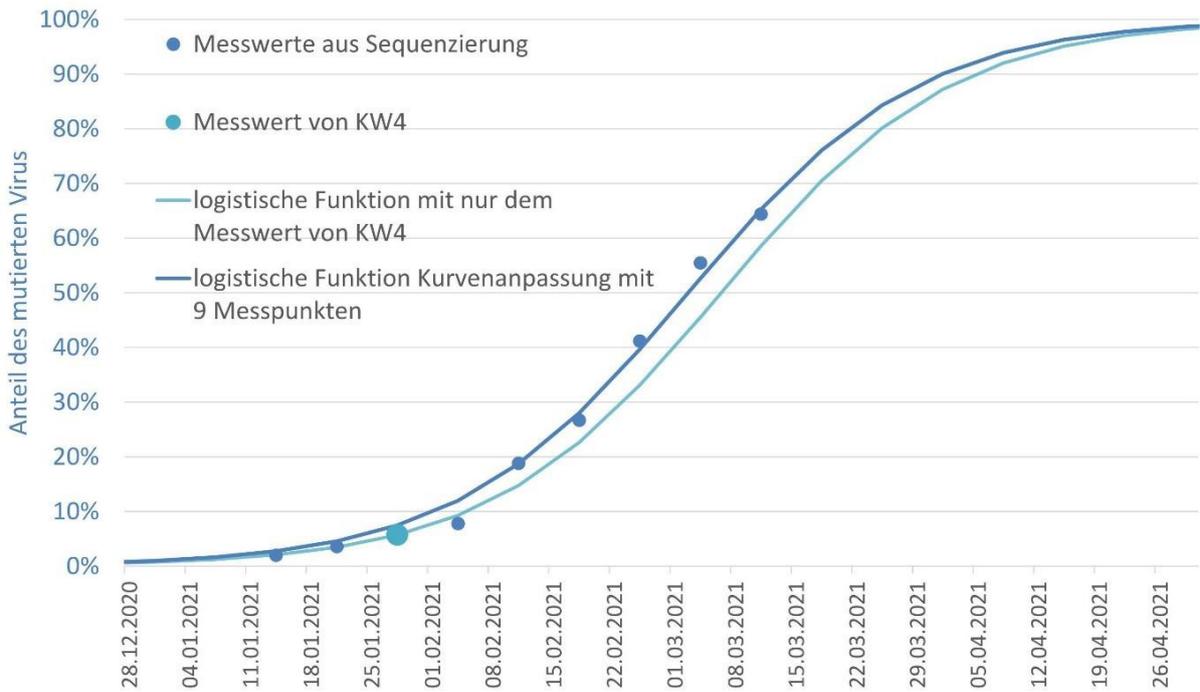


Abbildung 3: Der Anteil der Virus-Mutationen am Infektionsgeschehen in Deutschland. Blaue Kurve: Daten bis einschließlich KW10. Hellblaue Kurve: KW4

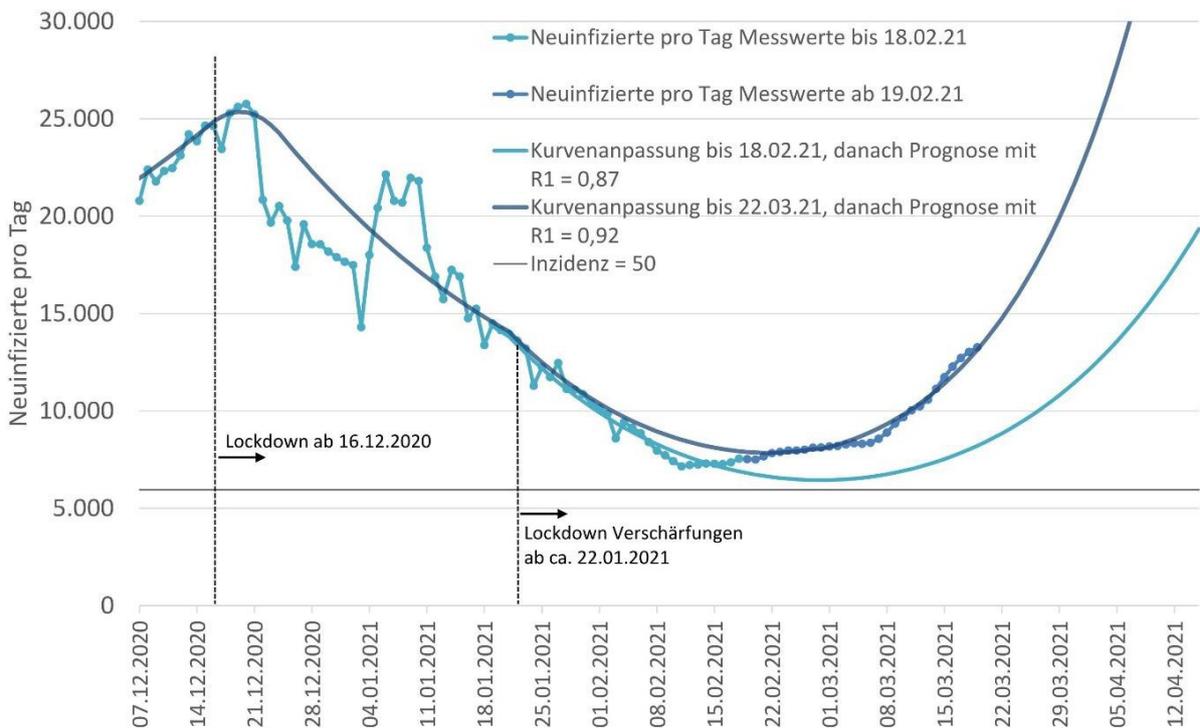


Abbildung 4. Vergleich von zwei Prognosen für Deutschland. Blaue Kurve: Kurvenanpassung mit Daten bis zum 22.3.21, danach Prognose. Hellblaue Kurve: Kurvenanpassung mit Daten bis zum 18.2.21, danach Prognose.

Das ist nicht nur graue Theorie, sondern stimmt mit Messdaten überein, wie man in der Abbildung 5 erkennen kann. Die Summe aus der grünen Kurve (Virustyp 1) und der roten Kurve (Virustyp 2) ergibt die blaue Kurve (Neuinfizierten pro Tag). Diese nahm bis Mitte Februar ab, weil der Einfluss der bisherigen Variante (Virustyp 1) überwog. Seit Anfang März hat die neue Variante (Virustyp 2) das Regime übernommen und die blaue Kurve steigt wieder an. Die britische Virus-Mutation hat eine dritte Welle ausgelöst. Bei allen drei Kurven passen die gemessenen Werte sehr gut mit den berechneten Kurven zusammen.

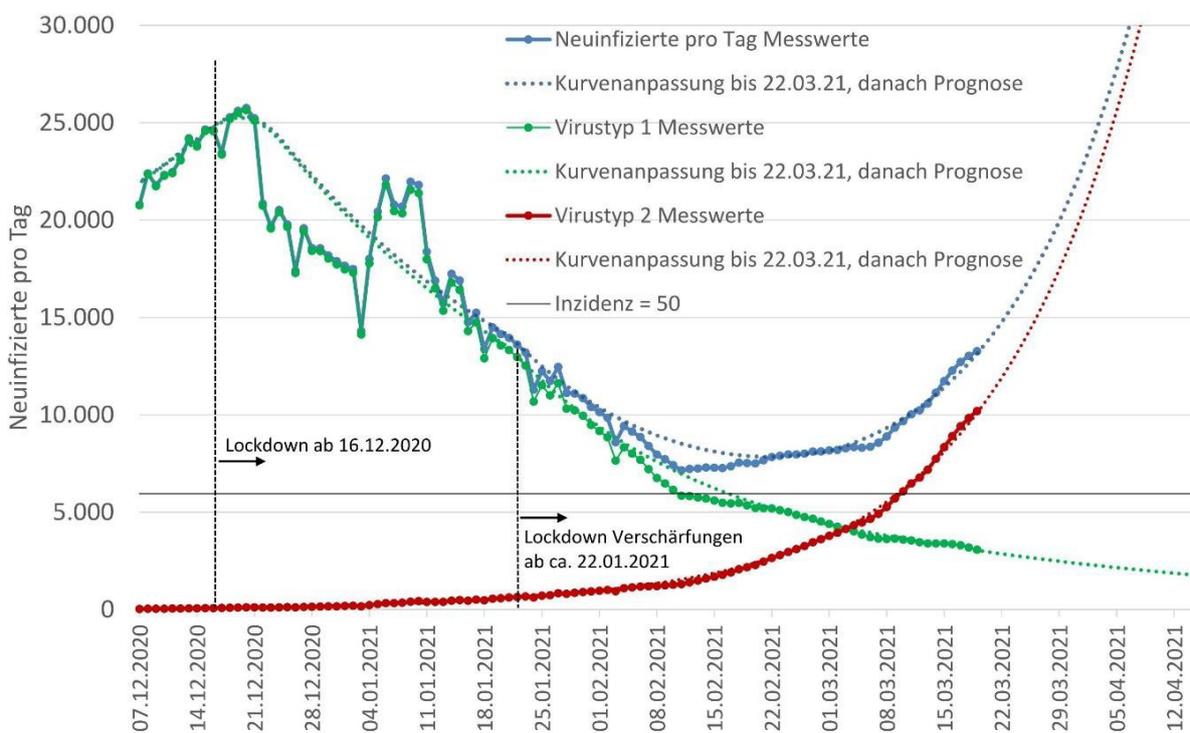


Abbildung 5: Einfluss der Virus-Mutationen auf das Infektionsgeschehen in Deutschland. Stand 22.3.21.

Wir dürfen keine Entwarnung geben, wenn die Neuinfiziertenzahlen zwar insgesamt sinken, aber gleichzeitig die Zahlen für eine Mutation (rote Kurve, Virustyp 2) exponentiell steigen.

Sind die Maßnahmen ausreichend?

Diese Frage ist aus unserer Sicht sehr wichtig, wenn es darum geht, das Optimum der Pandemiebekämpfung zu finden. Sind die Maßnahmen zu hart, überfordern sie die Menschen und schädigen die Wirtschaft über das notwendige Maß hinaus. Falls die Maßnahmen nicht ausreichen, die Neuinfiziertenzahlen deutlich zu senken, ist mit mehr Todesfällen zu rechnen.

Mehr Informationen zum Thema [Coronamutation Frühwarnsystem](#)

Der Einfluss der Unvorsichtigen auf den Pandemieverlauf

Die erste und die zweite Welle im Vergleich

Zunächst vergleichen wir die erste Welle (siehe Abbildung 6) mit der zweiten Welle (siehe Abbildung 7). Bei beiden gab es stufenweise Verschärfungen der Maßnahmen. Der wesentliche Unterschied ist die viel komplexere Kurvenform der zweiten Welle. Was ist der Grund dafür?

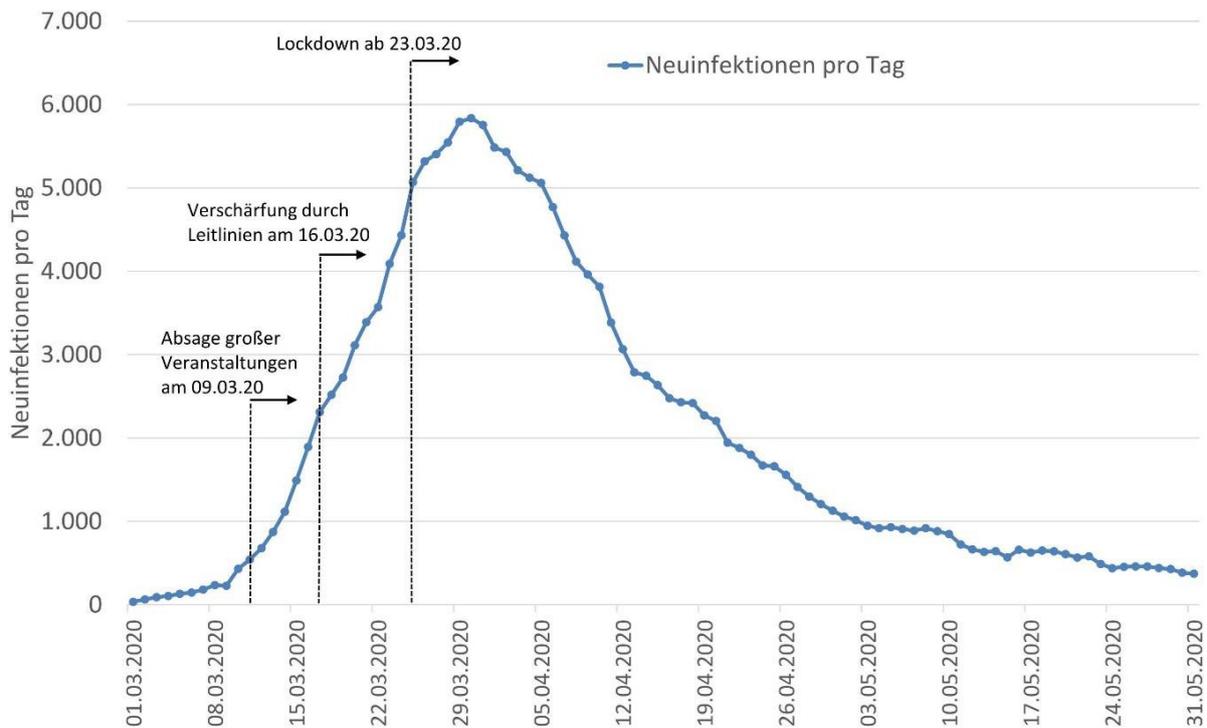


Abbildung 6. Anzahl der Neuinfizierten pro Tag für Deutschland für die erste Welle.

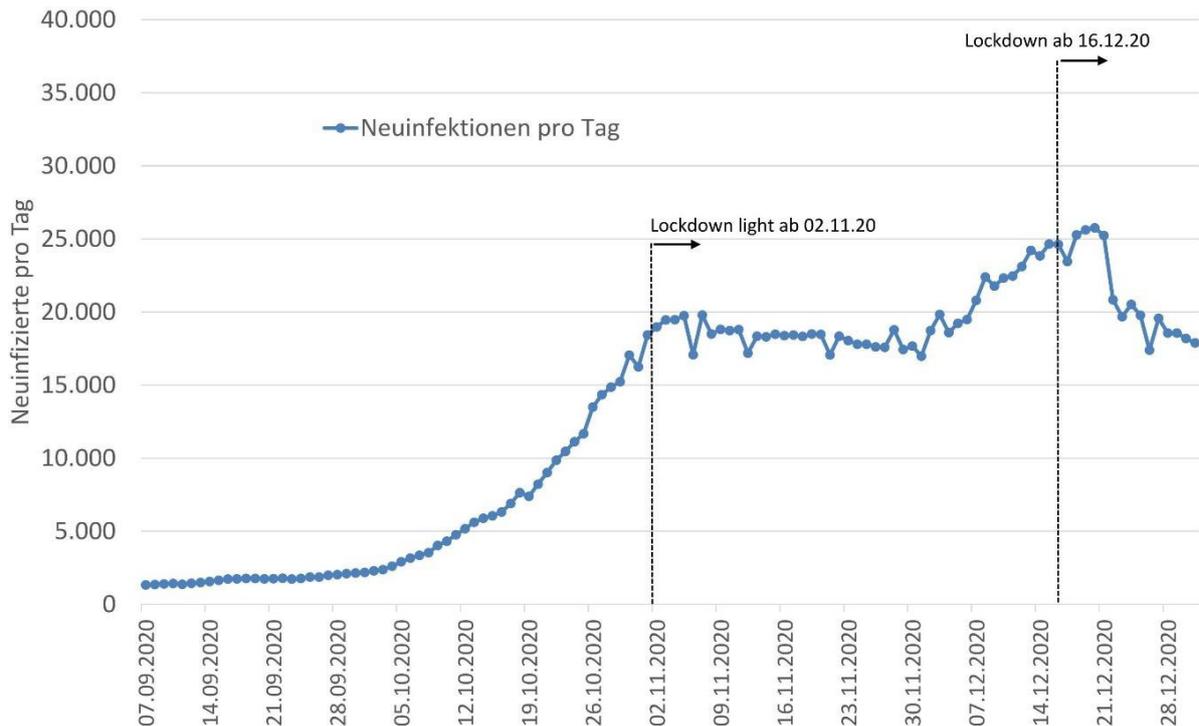


Abbildung 7. Anzahl der Neuinfizierten pro Tag für Deutschland für die zweite Welle.

Die Kurvenform der zweiten Welle

Die zweite Welle weist in Deutschland, in vielen anderen Ländern und auch in vielen Bundesländern eine seltsame Kurvenform auf. Wir haben dieses Phänomen zunächst für Deutschland untersucht. Der Teil-Lockdown ab dem 02.11.2020 hat das exponentielle Wachstum der Neuinfiziertenzahlen Mitte November gestoppt. Aber erst die Verschärfung am 16.12. hat die Anzahl der Neuinfizierten wieder deutlich reduziert. In der Abbildung 2 ist im November ein „Plateau“ zu erkennen. Was ist der Grund für dieses Plateau?

Das Plateau lässt sich mit folgenden Annahmen erklären:

1. Es gibt viele vorsichtige Menschen und wenige unvorsichtige Menschen.
2. Die unvorsichtigen Menschen beachten die Regeln nur teilweise.

Das ist natürlich eine Vereinfachung, beschreibt aber das Wesentliche. Durch diese einfachen Annahmen (siehe rote gestrichene Kurve in Abbildung 8) können die Neuinfizierten pro Tag (blaue gepunktete Kurve) sehr gut beschrieben werden.

Die Unvorsichtigen (schwarze durchgezogene Kurve) haben zunächst auf das Infektionsgeschehen nur einen sehr geringen Einfluss, da ihr Anteil an den Neuinfektionen mit etwa 5% Prozent zum Beginn des Lockdown-light am 02.11.20 klein ist. Dieser Anstieg erfolgt aber exponentiell, und damit nimmt der Einfluss der Unvorsichtigen immer mehr zu und führt ab Anfang Dezember zum Anstieg der Neuinfizierten. Die Vorsichtigen (grüne durchgezogene Kurve) beachten die Regeln. Deswegen tragen sie zum Infektionsgeschehen nach dem Teil-Lockdown immer weniger bei.

Ein Beispiel allein ist natürlich kein Beweis. Deswegen haben wir die gleiche Rechnung für Hamburg, für die Niederlande, Großbritannien und Israel gemacht. Auch hier lässt sich der Verlauf der Neuinfizierten sehr gut mit unseren einfachen Annahmen beschreiben.

Mit dieser Methode lässt sich der Einfluss von schärferen Corona-Regeln oder eines Lockdowns quantitativ berechnen. Auch den Einfluss von Regel-Lockerungen kann man so besser analysieren.

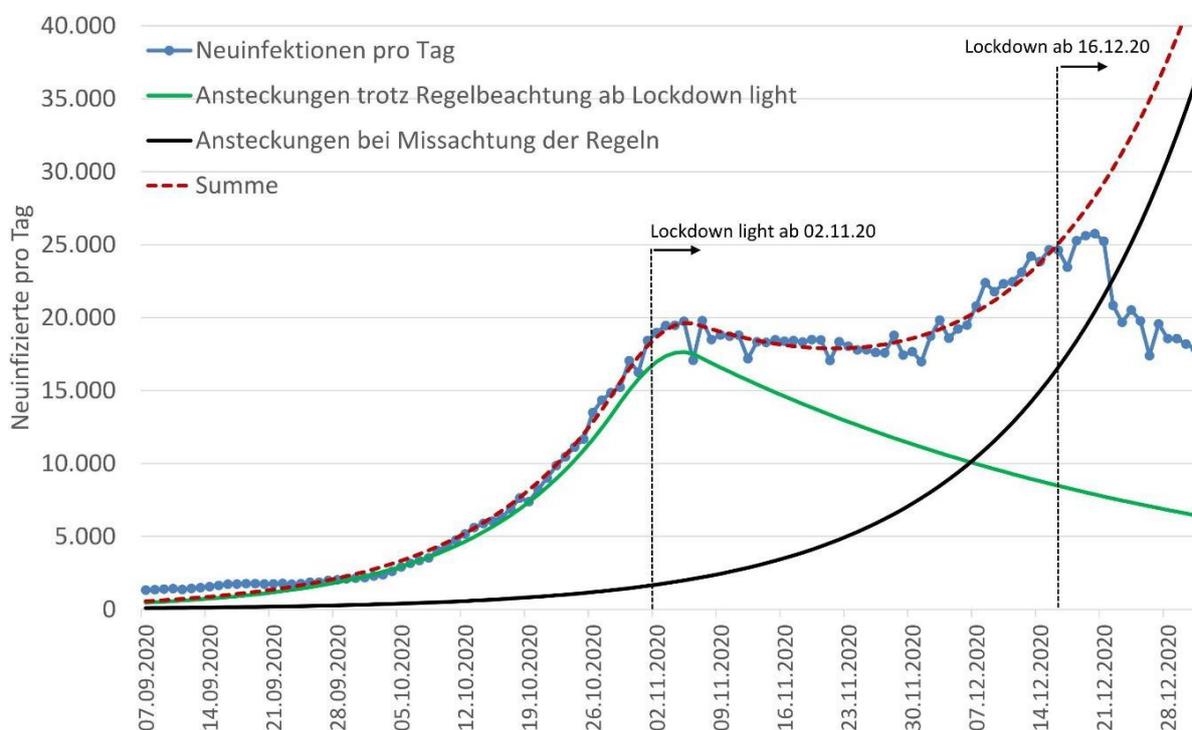


Abbildung 8. Anzahl der Neuinfizierten pro Tag für Deutschland im Vergleich zu den simulierten Daten.

Waren die Maßnahmen gegen die zweite Welle wirksam?

Vor dem Lockdown am 2.11. 2020 stiegen die Neuinfiziertenzahlen mit einem R-Wert von 1,30 an. Der Lockdown hat den R-Wert bei den Vorsichtigen auf 0,93 und bei den Unvorsichtigen auf 1,23 reduziert (siehe Abbildung 8). Die Unvorsichtigen mit einem R-Wert über eins, verursachten Anfang Dezember den erneuten Anstieg der Neuinfiziertenzahlen. Erst die Verschärfung am 16.12.2020 hat die Anzahl der Neuinfizierten bundesweit wieder reduziert.

Sind die Maßnahmen ausreichend?

Diese Frage ist aus unserer Sicht sehr wichtig, wenn es darum geht das Optimum der Pandemiebekämpfung zu finden. Sind die Maßnahmen zu hart, überfordern sie die Menschen und schädigen die Wirtschaft über das notwendige Maß hinaus. Falls die Maßnahmen nicht ausreichen, die Neuinfiziertenzahlen deutlich zu senken, ist mit mehr Todesfällen zu rechnen.

Gäbe es keine Unvorsichtigen, dann hätte der Teil-Lockdown am 2.11.2020 ausgereicht, die Neuinfiziertenzahlen sehr schnell wieder unter eine Inzidenz von 50 zu bringen und auch dauerhaft unter diesen Wert zu halten. Deswegen ist es so wichtig, möglichst viele Menschen davon zu überzeugen, die Regeln gut einzuhalten. Wenn das nicht gelingt, müssen die Regeln leider verschärft werden, aber nicht erst dann, wenn die Zahl der Neuinfizierten einen neuen Höchststand erreicht hat, sondern früher. Jeder gewonnene Tag rettet sehr viele Menschenleben.

Mehr Informationen zum Thema

[Der Einfluss der Unvorsichtigen auf den Pandemieverlauf](#)

Der Einfluss von Virus-Mutationen und der Unvorsichtigen auf den Pandemieverlauf

Die Methode, die wir im Artikel „Der Einfluss der Unvorsichtigen auf den Pandemieverlauf“ verwendet haben, lässt sich auch für die Berechnung der Auswirkungen von Virus-Mutationen auf den Pandemieverlauf anwenden. Auch hier können wir das Infektionsgeschehen mit verschiedenen R-Werten beschreiben. Wir untersuchen den Einfluss der britischen Virus-Mutation auf Großbritannien (siehe Abbildung 9).

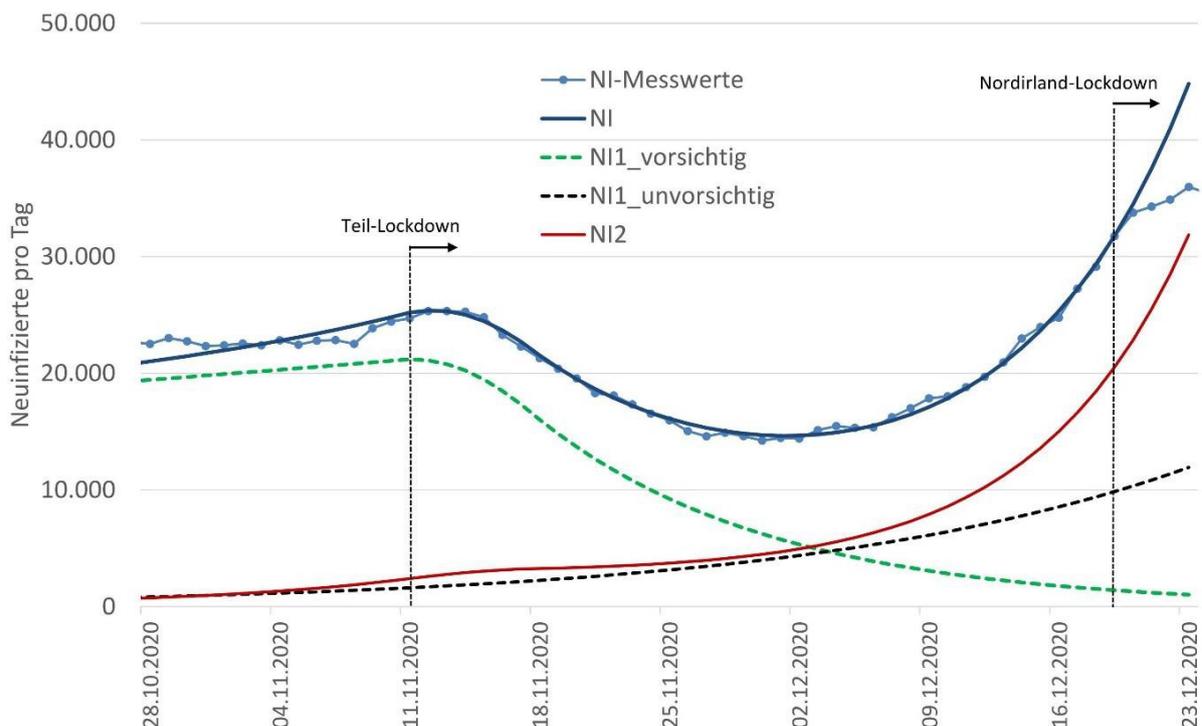


Abbildung 9. Die Anzahl der Neuinfizierten pro Tag für Großbritannien (blaue Kurve) ergibt sich als Summe der Vorsichtigen (grünen Kurve), der Unvorsichtigen (schwarze Kurve) und der roten Kurve (Virusmutation).

Gäbe es keine Unvorsichtigen und keine Virus-Mutationen, dann hätten die Neuinfiziertenzahlen nach dem Lockdown Mitte November exponentiell abgenommen (siehe grüne Kurve in Abbildung 4). Die rote Kurve zeigt die Auswirkung einer Virusmutation, die 35% ansteckender ist, die schwarze Kurve

den Einfluss der Unvorsichtigen. Die Neuinfiziertenzahlen (blaue Kurve) ergeben sich dann als Summe aus der grünen Kurve (Vorsichtige), der schwarzen Kurve (Unvorsichtige) und der roten Kurve (Virus-Mutation).

Die Abbildung 9 zeigt, dass die berechneten Neuinfiziertenzahlen (blaue Kurve) sehr gut mit den Messwerten (blaue Punkte) übereinstimmen. Außerdem sieht man, dass in Großbritannien von Mitte November bis Anfang Dezember der Einfluss der Unvorsichtigen fast genauso groß war wie der Einfluss der Virus-Mutation. Erst ab Dezember überwiegt der Anteil der Mutation an den Neuinfektionen.

Um zwischen dem Anteil der Unvorsichtigen und dem Anteil einer ansteckenderen Mutation auf die Neuinfiziertenzahlen zu unterscheiden, benötigt man die Genom-Sequenzierung als wichtiges Werkzeug. Mit Hilfe der Sequenzierungsdaten kann der Anteil der Mutation an den Neuinfizierten bestimmt werden.

Welche Maßnahmen soll man ergreifen?

Diese Frage ist aus unserer Sicht sehr wichtig, wenn es darum geht, das Optimum der Pandemiebekämpfung zu finden. Nur wenn man die Gründe für einen Wiederanstieg der Neuinfiziertenzahlen kennt, kann man gezielt Maßnahmen dagegen ergreifen. Nach unseren Analysen kommen drei Hauptgründe in Frage, nämlich Virus-Mutationen, Unvorsichtige und Lockerung von Maßnahmen. Mit unserer Methode können wir die Gründe für den Anstieg analysieren und daraus konkreten Empfehlungen für die Politik ableiten.

Zusammenfassung

Es ist möglich, sowohl den Einfluss der Unvorsichtigen als auch die Auswirkungen der Virus-Mutationen auf den Pandemieverlauf zu berechnen. Diese Analyse kann mithelfen, das Optimum der Pandemiebekämpfung zu finden.

Mehr Informationen zum Thema

[Der Einfluss von Virus-Mutationen und der Unvorsichtigen auf den Pandemieverlauf](#)

Verbesserung der R-Wert-Berechnung

Wir haben ein Modell entwickelt und weiter optimiert, um den R-Wert noch präziser zu berechnen. Je genauer man den R-Wert berechnen kann, desto besser können wir untersuchen, was die Maßnahmen gebracht haben. Für die erste Welle haben wir gezeigt, dass die Maßnahmen im März die exponentielle Ausbreitung des Virus gestoppt haben. Die gleiche Analyse haben wir für den zweiten Lockdown gemacht. Die R-Wert-Berechnung des Robert Koch-Instituts (RKI) konnten wir verbessern. Ersetzt man das arithmetische Mittel im RKI-Modell durch das geometrische Mittel, wird das Infektionsgeschehen optimal beschrieben.

Das RKI gibt zwei verschiedene R-Werte an, nämlich einen „sensitiven“ und einen „geglätteten“ Wert. Unser Modell nennen wir Drewes-Möller-Modell (DM-Modell). In der Tabelle 1 ist der jeweilige Fehler der R-Wert-Berechnung angegeben. „RKI-sensitiv“ hat mit 22 Prozent einen sehr hohen Fehler. „RKI-geglättet“ ist schon wesentlich besser, aber mit 9 Prozent Fehler immer noch schlechter als DM-Modell mit 6 Prozent. Ersetzt man das arithmetische Mittel im RKI-Modell durch das geometrische Mittel (RKI-geom) wird das Infektionsgeschehen optimal beschrieben und der Fehler liegt auch hier nur noch bei 6 Prozent.

| Modell | Fehler in Prozent |
|---------------|-------------------|
| RKI-sensitiv | 22 |
| RKI-geglättet | 9 |
| DM-Modell | 6 |
| RKI-geom | 6 |

Tabelle 1. Der Fehler in Prozent für vier verschiedene R-Wert-Berechnungen.

Fehler in Abhängigkeit vom R-Wert

Die Fehler für RKI-geom und dem DM-Modell sind konstant bei 4%. Sie hängen also nicht vom R-Wert ab (siehe Abbildung 10 und Tabelle 2). RKI-geglättet zeigt dagegen eine deutliche Abhängigkeit vom R-Wert. Bei $R=1$ ist der Fehler am niedrigsten und liegt auch bei 4%. Bei $R=3$ ist dagegen der Fehler mit 12% dreimal so groß.

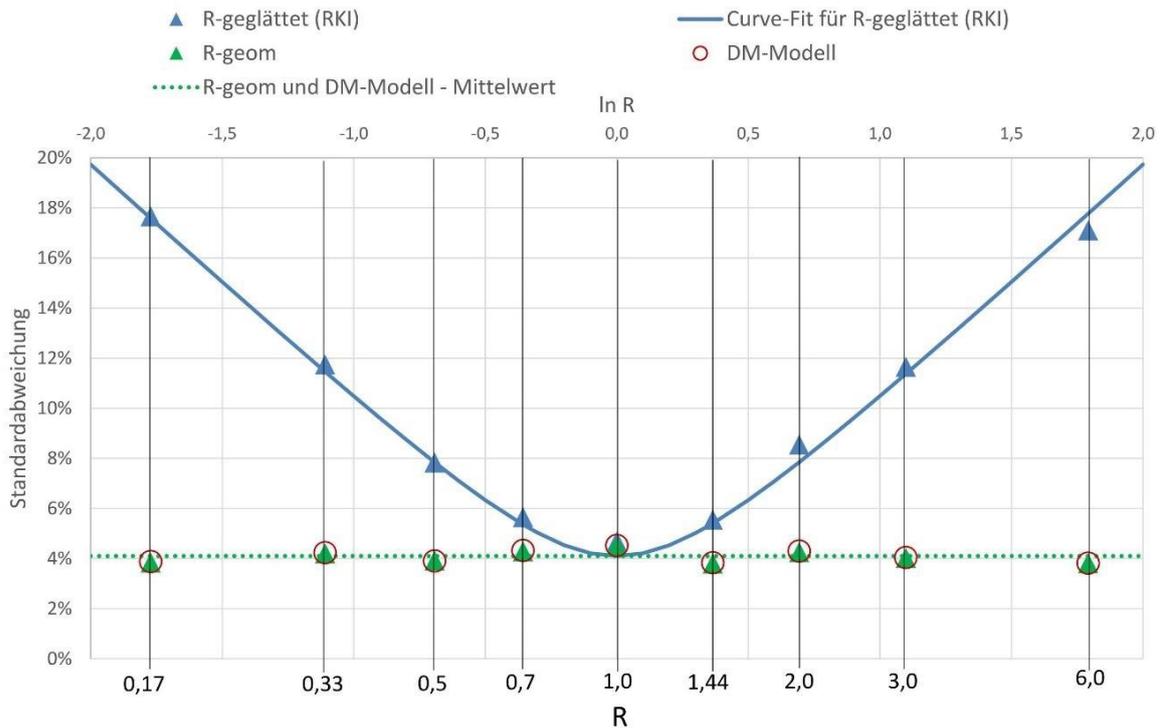


Abbildung 10. Fehler in Abhängigkeit vom R-Wert

| Modell | Fehler für R=1 | Fehler für R=3 |
|---------------|----------------|----------------|
| RKI-geglättet | 4 % | 12 % |
| DM-Modell | 4 % | 4 % |
| RKI-geom | 4 % | 4 % |

Tabelle 2. Fehler für $R=1$ und $R=3$ für drei verschiedene R-Wert-Berechnungen.

In Abbildung 11. ist RKI-geglättet für $R=3$ verglichen mit RKI-geom. Auch hier ist das Ergebnis eindeutig. RKI-geom kann das Infektionsgeschehen besser beschreiben als RKI-geglättet. RKI-geglättet zeigt sehr starke Wochentagschwankungen, RKI-geom dagegen nicht. Der Unterschied zwischen dem arithmetischen und dem geometrischen Mittel ist der Grund dafür. Wir empfehlen daher bei der R-Wert Berechnung das arithmetische Mittel durch das geometrische Mittel zu ersetzen.

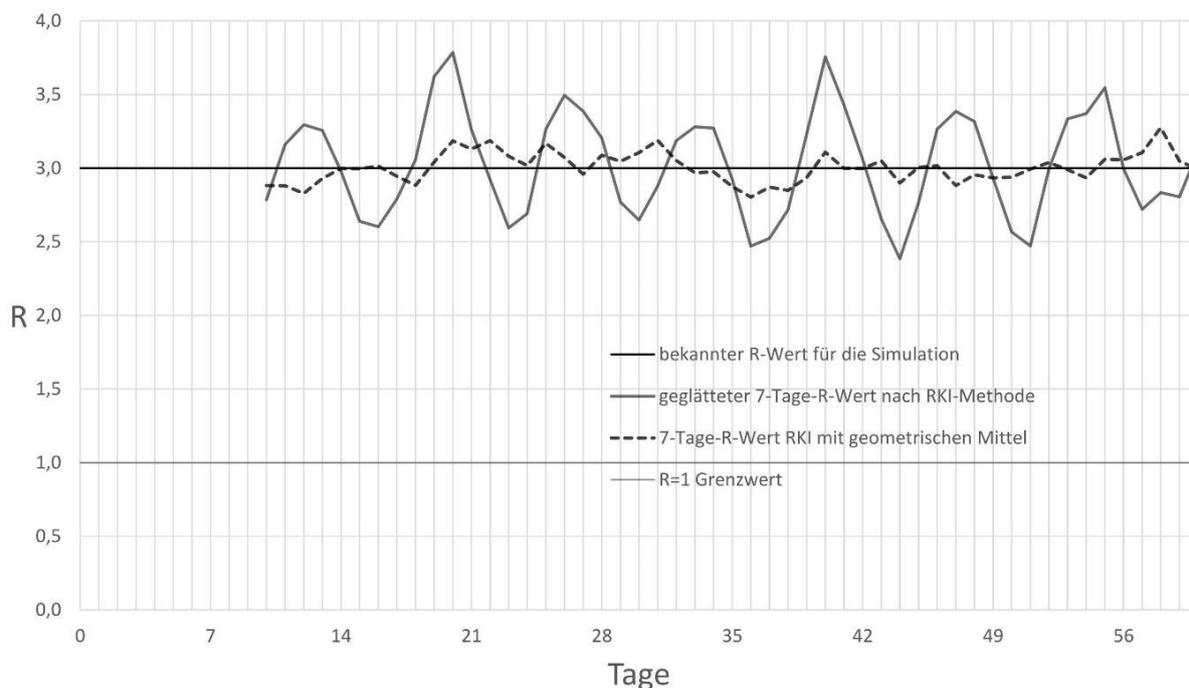


Abbildung 11. Vergleich von zwei R-Wert-Berechnungen:
RKI-geglättet und RKI-geom

Zusammenfassung

Wir haben die R-Wert-Berechnung des Robert Koch-Instituts (RKI) verbessert. Ersetzt man das arithmetische Mittel im RKI-Modell durch das geometrische Mittel wird das Infektionsgeschehen optimal beschrieben. Für RKI-geom und dem DM-Modell liegt der Fehler für alle R-Werte bei 4 Prozent. Beide Berechnungsmethoden beschreiben das Infektionsgeschehen sehr gut.

Mehr Informationen zum Thema [Verbesserte R-Wert-Berechnung](#)