



Statistisches Beratungslabor StaBLab  
CODAG - COVID-19 Data Analysis Group



**Prof. Dr. Helmut Küchenhoff**

Tel.: +49 (0)89 2180-2789

kuechenhoff@stat.uni-muenchen.de

Institut für Statistik

Akademiestr. 1/IV

80799 München

## CODAG-Bericht Nr. 2

11. November 2020

Helmut Küchenhoff, Felix Günther, Daniel Schlichting, Andreas Bender  
in Zusammenarbeit mit Michael Höhle, Institut für Mathematik, Universität Stockholm

**Die Infektionszahlen für Deutschland, Bayern und München folgen ungefähr seit dem 20. September einem deutlich steigenden exponentiellen Trend. Für Bayern und Deutschland ist etwa um den 16. Oktober eine Verlangsamung des Wachstums zu erkennen. Eine belastbare Bewertung der Wirkung des am 2. November inkraftgetretenen Teil-Lockdown ist frühestens in einer Woche möglich.**

Die in der Öffentlichkeit am meisten beachteten Meldezahlen der Neuinfizierten bilden das Infektionsgeschehen nicht valide ab, da die Meldezahlen dem eigentlichen Infektionsgeschehen aufgrund von Inkubationszeit und Meldeverzögerungen hinterherhinken. Daher haben wir mit Hilfe von statistischen Modellen ein Nowcasting-Verfahren entwickelt, mit dem man basierend auf den Meldedaten die Anzahl der Personen mit Krankheitsbeginn an einem bestimmten Tage abschätzen kann [Günther et al., 2020]. Die täglich aktualisierten Schätzungen werden für München und Bayern unter <https://www.corona.stat.uni-muenchen.de/nowcast> veröffentlicht.

Um das Infektionsgeschehen und Maßnahmen zur Bekämpfung der Pandemie besser beurteilen zu können, sind nicht die Anzahl der Krankheitsbeginne, sondern die Anzahl der Neuinfektionen an einem Tag die relevante Größe. Basierend auf der geschätzten Anzahl an Krankheitsbeginn und Erkenntnissen zur Verteilung der Inkubationszeiten, verwenden wir ein statistisches Verfahren zur Schätzung der täglichen Neuinfektionen (Rückprojektion). Die resultierenden Kurven werden dann mit einem sog. Change Point Modell (Bruchpunktanalyse) analysiert, um das Infektionsgeschehen entsprechend interpretieren zu können.

Diese Analyse wurde für die Daten aus Bayern, Deutschland und München durchgeführt. Die Methodik ist analog zu der Bruchpunktanalyse für die erste Phase der Pandemie [Küchenhoff et al., 2020]. Als Ausgangspunkt für die Bruchpunktanalyse wird ein Regressionsmodell für Zähldaten (Negativ-Binomial Verteilung) verwendet.

Abbildung 1 zeigt die Bruchpunktanalyse der täglichen Neuinfektionen für Deutschland, Abbildung 2 für Bayern und Abbildung 3 für München. Die Daten zur Anzahl an Krankheitsbeginn pro Tag, auf denen die Rückprojektion zur Anzahl der Neuinfektionen basiert, stammen für die deutschen Daten aus dem Nowcasting Verfahren des RKI<sup>1</sup>, für die Bayerischen und Münchner Daten aus unserem eigenen

<sup>1</sup>[https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges\\_Coronavirus/Projekte\\_RKI/Nowcasting\\_Zahlen.xlsx?\\_\\_blob=publicationFile](https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Projekte_RKI/Nowcasting_Zahlen.xlsx?__blob=publicationFile)

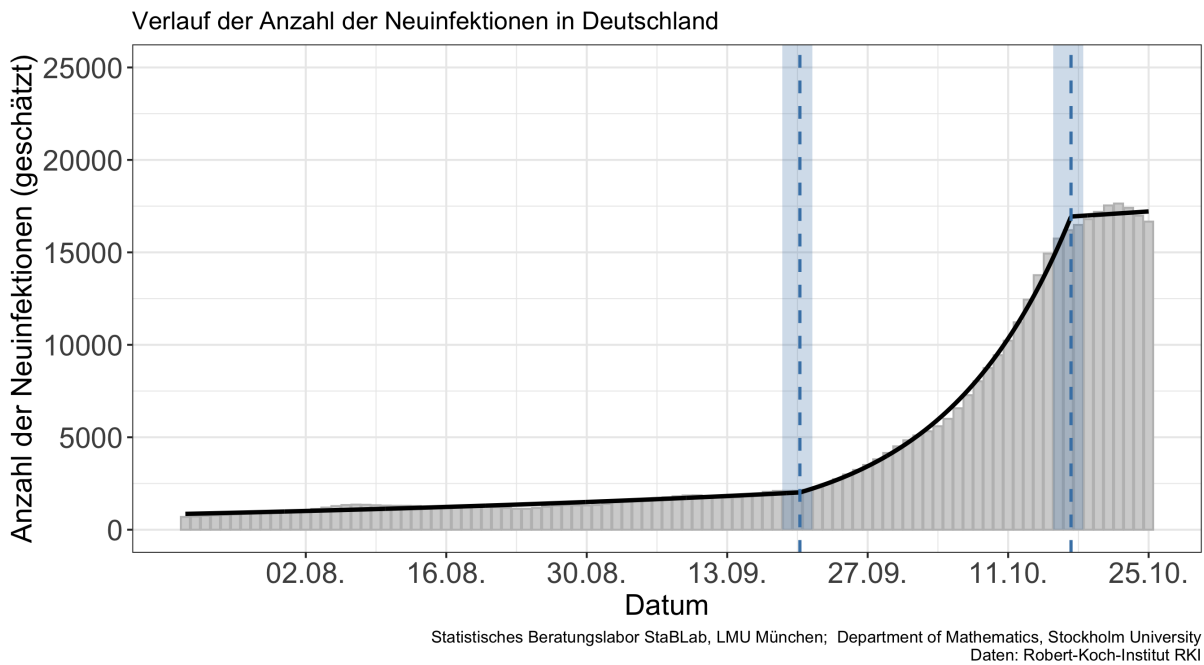


Abbildung 1: Bruchpunktanalyse für die tägliche Anzahl an Neuinfektionen in Deutschland.

Nowcasting Ansatz basierend auf Daten des Bayerischen Landesamtes für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit<sup>2</sup>, siehe Günther et al. [2020]. Ein geeignetes Modell für die Bruchpunktanalyse (Auswahl der Anzahl an relevanten Bruchpunkten) wurde für die Datensätze separat basierend auf dem Modellwahlkriterium AIC selektiert. Im betrachteten Zeitraum wurde dabei ein Modell mit zwei Bruchpunkten für Deutschland und 3 Bruchpunkten für Bayern und München selektiert.

Man erkennt aus den Grafiken jeweils einen Bruchpunkt am 20.9. (Deutschland), 23.9. (Bayern) und 19.9. (München) nach dem ein deutlicher exponentieller Anstieg der Neuinfektionen mit einer geschätzten Verdoppelungszeit der Fälle von 9 Tagen (Deutschland) bzw. 8 Tagen (Bayern) und 14 Tage (München) auftritt. In Deutschland und Bayern lässt sich danach ein weiterer Bruchpunkt feststellen: Nach diesem Bruchpunkt um den 17.10. (Deutschland) und 16.10. (Bayern) zeigt sich eine deutliche Abschwächung des exponentiellen Anstiegs. In Deutschland stabilisiert sich die geschätzte Anzahl an täglichen Neuinfektionen beinahe vollständig auf ein konstantes Niveau, in Bayern erhöht sich die geschätzte Verdoppelungszeit der Fälle deutlich auf ca. 23 Tage. In München lässt sich basierend auf den aktuellsten Daten bisher keine Abschwächung des Infektionsgeschehens feststellen. Zusätzlich ist in Abbildung 4 unsere Schätzung der effektiven zeitvariierenden Reproduktionszahl  $R_e(t)$  für Deutschland, Bayern und München gegeben. Anhand dieser Kennzahl lässt sich die Entwicklung des Infektionsgeschehens analog interpretieren: Die Reproduktionszahl sinkt in Deutschland und Bayern ab Mitte Oktober deutlich, während sie in München auf einem niedrigeren Niveau eher konstant bleibt.

**Interpretation:** Der Beginn des deutlichen Anstiegs fällt mit einem deutlichen Abfall der Temperaturen in Deutschland zusammen. Weiter wurden ab dieser Zeit wieder größere Sportveranstaltungen durchgeführt (z.B. Beginn der Fussballbundesliga). Am 14.10. fand ein Treffen der Bundeskanzlerin mit den Ministerpräsidenten statt. Die hier vereinbarten Maßnahmen und begleitenden Appelle könnten eine Verlangsamung des Infektionsgeschehens bewirkt haben. Die Ergebnisse werden durch unsere Schätzung der effektiven zeitvariierenden Reproduktionszahl  $R_e(t)$  bestätigt.

<sup>2</sup>corona.stat.uni-muenchen.de

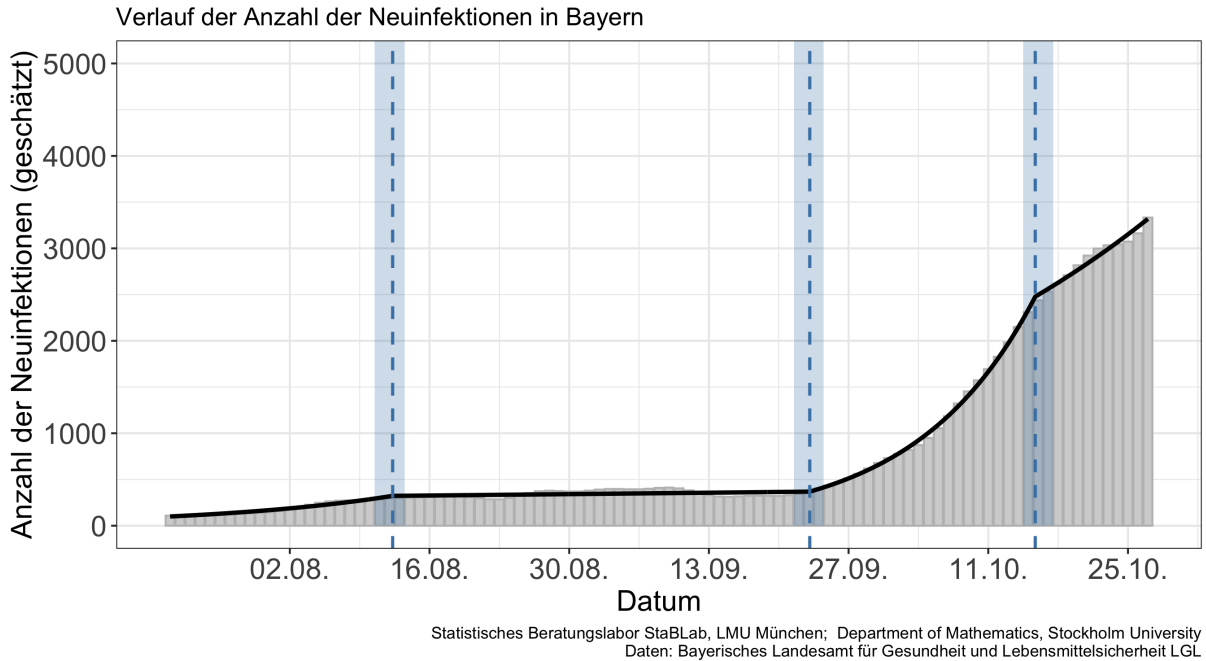


Abbildung 2: Bruchpunktanalyse für die tägliche Anzahl an Neuinfektionen in Bayern.

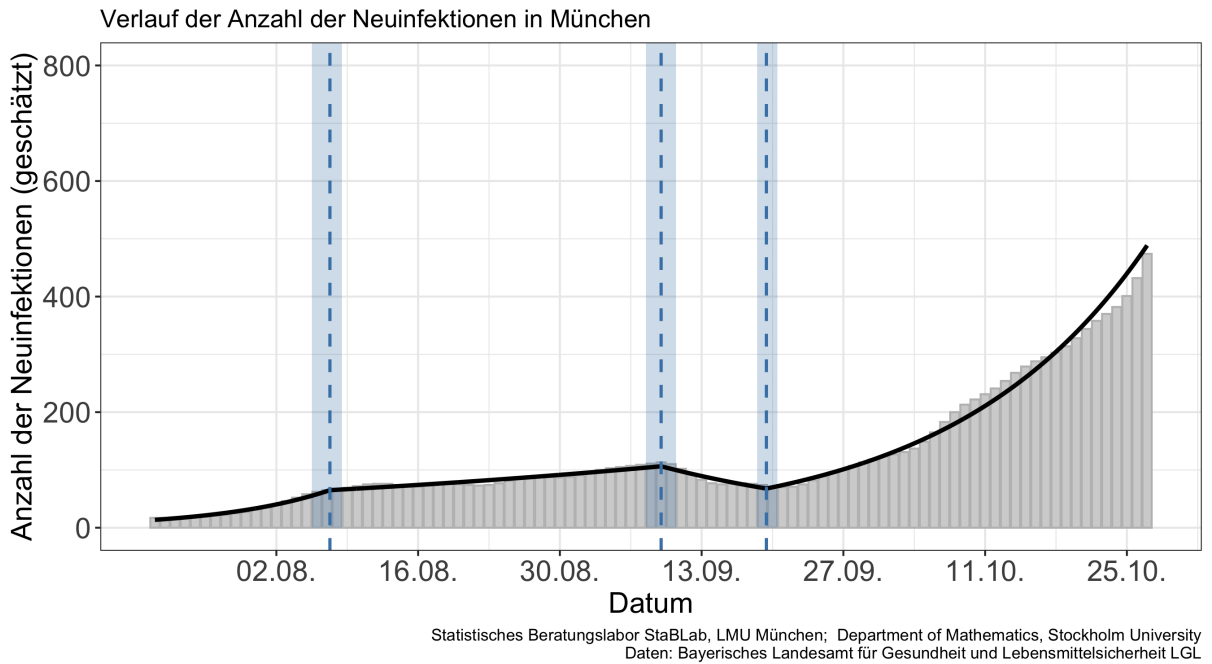


Abbildung 3: Bruchpunktanalyse für die tägliche Anzahl an Neuinfektionen in München.

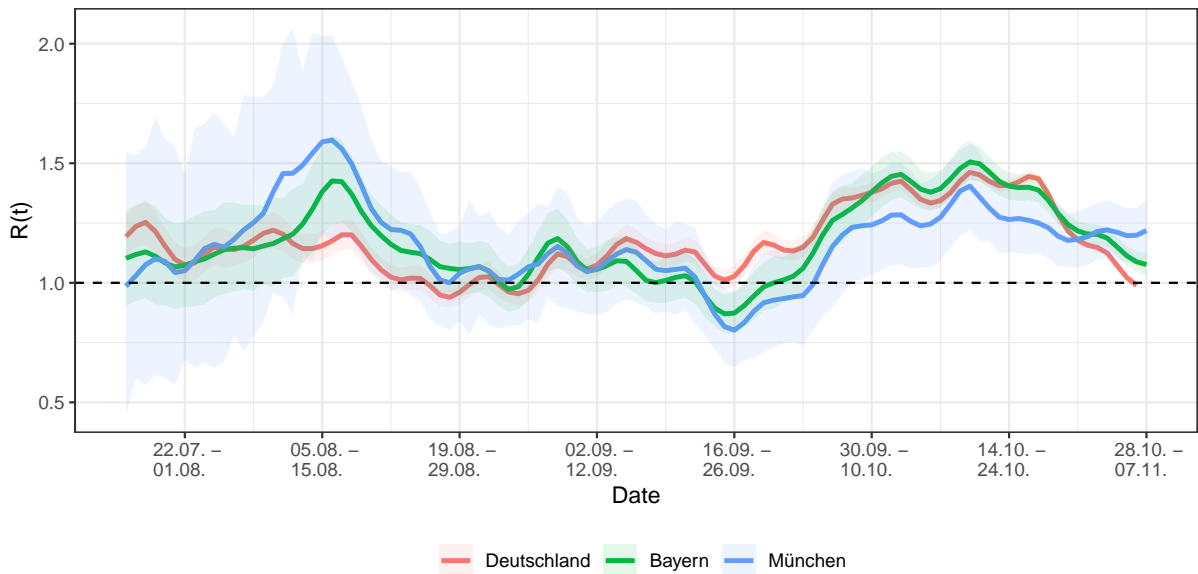


Abbildung 4: Geschätzte zeitverändernde Reproduktionszahl  $R_e(t)$  basierend auf dem Nowcast der Krankheitsbeginne in Deutschland, Bayern und München.

**Grenzen der Analyse:** In der Analyse gehen wir davon aus, dass die Dunkelziffer, also der Anteil der nicht gemeldeten Infektionen über die Zeit in etwa konstant bleibt. Deutliche Veränderungen in der Dunkelziffer können daher auch eine Erklärung für Bruchpunkte sein. Zudem ist die Schätzung der Krankheitsbeginne und Neuinfektionen pro Tag aus den gemeldeten Fallzahlen mit einer gewissen Unsicherheit belegt. Dies gilt insbesondere für die vom RKI geschätzten Werte, und für die aktuellsten Tage. Durch zukünftige, zum aktuellen Zeitpunkt noch nicht verfügbare Meldedaten können sich die geschätzten Bruchpunkte und Verdopplungszeiten daher nachträglich noch verändern. Wir aktualisieren die hier präsentierten Auswertungen in regelmäßigen Abständen basierend auf den jeweils aktuellsten Daten.

Der Zeitraum für die Grafiken zu den Bruchpunktanalysen endet am 25.10. für Deutschland und am 27.10. für Bayern und München, da die Anzahl der Neuinfektionen aufgrund der Inkubationszeitverteilung nur belastbar bis zu 12 Tage bevor der aktuellsten Information zur Anzahl an Krankheitsbeginn pro Tag geschätzt werden kann (97.5% Quantil der Inkubationszeitverteilung). Das RKI bietet aktuell Daten zu den Krankheitsbeginn bis zum 5.11. an, für Bayern und München können wir diese Daten bis zum 7.11. (3 Tage bevor dem aktuellen Datum) bereitstellen. Im Allgemeinen lässt sich aufgrund der Inkubationszeit und des Meldeverzugs die Zahl der heutigen Neuinfektionen erst in ca. zwei Wochen valide schätzen. Wichtig ist daher, dass es zu einem gegebenen Zeitpunkt nicht sinnvoll möglich ist Maßnahmen zu beurteilen, die in den letzten 2 Wochen hätten wirksam sein sollen. Damit fließt in die hier dargestellte Entwicklung des Infektionsgeschehens der Effekt des sogenannten *Lockdown light*, dessen Regelungen ab dem 2. November implementiert wurden, noch nicht ein.

## Literatur

- F. Günther, A. Bender, K. Katz, H. Küchenhoff, and M. Höhle. Nowcasting the COVID-19 pandemic in Bavaria. *Biometrical Journal (to be published)*, 2020. doi: 10.1101/2020.06.26.20140210. URL <https://www.medrxiv.org/content/10.1101/2020.06.26.20140210v2>.
- H. Küchenhoff, F. Günther, M. Höhle, and A. Bender. Analysis of the early COVID-19 epidemic curve in Germany by regression models with change points. *medRxiv*, 2020. doi: 10.1101/2020.10.29.20222265. URL <https://www.medrxiv.org/content/early/2020/10/30/2020.10.29.20222265>.