

## Zwei Jahre Corona-Pandemie

Kritische Aspekte zur Modellierung von Erkranktenzahlen  
und zur notwendigen Datenerhebung

*Ralph Brinks, Tobias Kurth*

Selten haben aktuelle Daten zu einer Pandemie und Modellierungen von zukünftigen Erkranktenzahlen eine so große Rolle in der öffentlichen Debatte gespielt wie in den vergangenen Monaten. Bei früheren Epidemien erhielt die interessierte Öffentlichkeit kaum so umfangreiche Einblicke in Meldedaten, Ausbruchsdaten und Präventionsmaßnahmen, wie es aktuell der Fall ist. Beispielsweise sind im Zusammenhang mit der ab 2004 weltweiten Verbreitung der Vogelgrippe (H5N1) bis heute keine verlässlichen Zahlen zu den vorbeugend getöteten Geflügelbeständen erhältlich. Bei der Schweinegrippe 2009 und Ebola in den Jahren 2014 bis 2015 erhielt die breite Öffentlichkeit kaum Kenntnis von den Ergebnissen aus Krankheitsmodellierungen. Die Probleme zur Verfügbarkeit von belastbaren Daten (Yozwiak, Schaffner, Sabeti 2014) und zur Überschätzung der entsprechenden Erkranktenzahlen bei modellbasierten Vorhersagen (Butler 2014), die schon bei Ebola auftraten und uns bei Corona auch nach rund zwei Jahren Pandemie immer noch beschäftigen,<sup>1</sup> blieben damals in der öffentlichen Debatte weitgehend unbeachtet.

Im Gegensatz dazu haben Daten-JournalistInnen und WissenschaftlerInnen schon sehr früh während der SARS-CoV-2-Pandemie begonnen, Online-Dashboards wie zum Beispiel das COVID-19 Dashboard der Johns-

---

<sup>1</sup> Vgl. zum Beispiel den Forecast-Hub des ECDC: 11 von 18 Modellen haben gemittelt über die letzten zehn Wochen die Entwicklung überschätzt, selbst angesichts der enormen Anstiege in der letzten Zeit (Stand November 2021). In anderen Bezugszeiträumen haben alle Modelle des Forecast-Hub überschätzt. <https://covid19forecasthub.eu/>.

Hopkins-Universität, Blogs und andere niedrigschwellige Web-Angebote bereit zu stellen, mit denen die NutzerInnen das tagesaktuelle Krankheitsgeschehen – sogar im internationalen Vergleich – verfolgen konnten. Schnell waren infektionsepidemiologische Maßzahlen wie etwa die kumulativen Fallzahlen, die Sieben-Tage-Inzidenz, der R-Wert und die Verdopplungszeit Teil des öffentlichen Diskurses. In einer viel beachteten Rede der Bundeskanzlerin Angela Merkel am 1. April 2020 wurde beispielsweise das Ziel ausgerufen, die Verdopplungszeit der Fallzahlen auf über 10 Tage zu verlängern (Merkel 2020). Tagesaktuelle Entwicklungen dieser Maßzahlen konnten über die Dashboards abgerufen und mit Vergleichszeiträumen in Bezug gesetzt werden. Von der Beschreibung der tagesaktuellen Situation zur Vorhersage des zukünftigen Geschehens ist es nur ein kleiner Schritt. Schließlich sind wir alle an die Wettervorhersagen für die nächsten Tage gewöhnt, warum sollte es bei der Vielzahl der Maßzahlen der Epidemie anders sein? Soziale Medien, Webseiten der betreffenden Gruppen zum Beispiel des *MRC Centre for Global Infectious Disease Analysis* (GIDA) und Preprint-Server wie MedrXiv haben Vorhersagen und Modellierungen zur Ausbreitung von Erreger-Varianten überaus rasch einer großen interessierten Öffentlichkeit verfügbar gemacht.

Auch die Politik setzte früh auf die Ergebnisse von Modellierungen. Die britische Regierung hat die schockierenden Vorhersagen von Hunderttausenden Corona-Toten in Großbritannien bereits im März 2020 von der GIDA-Gruppe aufgegriffen. In Deutschland nahmen ModelliererInnen<sup>2</sup> wiederholt bei den Treffen der MinisterpräsidentInnen im Kanzleramt teil. Dass der Einfluss der Modelle und Simulationen dabei kaum zu überschätzen ist, zeigt die im August 2021 ausgesprochene, viel diskutierte Empfehlung der Ständigen Impfkommission (STIKO) zur Impfung von 12- bis 17-Jährigen, die sich in der Begründung unter anderem auf eine Modellrechnung des Robert Koch-Instituts (RKI) stützt (Vygen-Bonnet et al. 2021).

Wenn die Erkrankungsmodelle und deren Ergebnisse eine so überragende Rolle während der Pandemie gespielt haben, stellt sich eine Reihe wichtiger erkenntnistheoretischer Fragen, die wir in diesem Artikel behandeln wollen. Wir widmen uns der Frage, was ein Erkrankungsmodell ist, und wollen wissen, wo die Schwierigkeiten beim Betreiben des Modells liegen und welche Grenzen die Interpretation der Ergebnisse solcher Modellierungen

---

<sup>2</sup> In der gegenwärtig aufgeheizten Debatte zum Thema Modellierung wollen wir grundsätzliche Bemerkungen machen und keinesfalls zum *Bashing* einzelner ForscherInnengruppen beitragen. Aus diesem Grund verzichten wir in diesem Text auf die Nennung von Namen.

haben. Trotz aller Kritikwürdigkeit von Erkrankungsmodellen wollen wir zum Schluss des Artikels auf die Notwendigkeit von Modellierungen eingehen und für mehr Zurückhaltung bei der Interpretation und Kommunikation der Ergebnisse werben.

Im Wesentlichen ist ein Erkrankungsmodell zu einer Infektion eine strukturierte Denk- und Betrachtungsweise zur zeitlichen Verbreitungsdynamik. Ein Modell ermöglicht, das über einen Erreger vorhandene Wissen mit einigen plausiblen Annahmen zu verknüpfen und die Implikationen des Modells mit verfügbaren Datensätzen zu vergleichen. Das geschieht meist mit dem Ziel, zu verstehen, welche Faktoren die beobachteten Muster beeinflussen könnten – auch mit Blick auf zukünftige Entwicklungen. Auf diese Weise könnte man beispielsweise die angenommene Wirkung einer Maßnahme (wie die oben genannte Impfung von 12- bis 17-Jährigen) auf ihren Effekt auf die Gesamtpopulation überprüfen. Man unterscheidet im Wesentlichen drei Typen von Infektionsmodellen:

1. Compartment-Modelle: Die Bevölkerung wird in eine überschaubare Anzahl von Gruppen (sogenannte Compartments) mit ähnlichen, für die Verbreitung der Infektion relevanten Eigenschaften eingeteilt. Das sind zum Beispiel die für die Infektion suszeptiblen Personen, die Infektiösen, Genesenen und Verstorbenen. Anstatt nun die unzähligen Interaktionen der individuellen Personen in der Bevölkerung zu beschreiben, werden die Interaktionen auf Compartment-Ebene beschrieben – meist durch Differentialgleichungen oder wie beim Impfmodell vom RKI durch Differenzgleichungen.
2. Agenten-Modelle: Es werden einzelne Individuen (Agenten) mit deren Eigenschaften und für die Infektion relevantem Verhalten (zum Beispiel Einkaufen, Pendeln zur Arbeit etc.) im Computer modelliert.
3. Machine-Learning Modelle: Eigenschaften der Population (zum Beispiel Demographie, räumliche Verteilung der Wohn- und Arbeitsorte), angewandte Maßnahmen zur Kontaktbeschränkung und Eigenschaften des Erregers werden in einen Machine-Learner eingespeist, der dann die Gesetzmäßigkeiten für die Wirkungsweise der Maßnahmen, die Ausbreitung der Epidemie etc. selbständig extrahiert und versucht, Voraussagen zu treffen.

Viele Jahre waren Compartment-Modelle die dominierende Klasse, solange die Rechenleistung für die anderen Modellarten noch zu gering oder zu kostspielig war. Ihre Historie reicht mindestens bis in die 1920er Jahre zurück (McKendrick, Kermack 1927).

## Wechselbeziehung zwischen Modellen und Daten

Wichtig ist, dass allen drei beschriebenen Modelltypen unterschiedliche Arten und Schweregrade von Unwissenheit zu Grunde liegen können. Eine Heuristik zur Einteilung dieser Unwissenheit lieferte der französische Mathematiker Henri Poincaré, der in seinem Werk »Wissenschaft und Hypothese« (Poincaré 1902) drei Schweregrade der Unwissenheit vorschlug:

Wenn wir den genauen Ausgangszustand der Population mit ihren für die Infektion relevanten Eigenschaften kennen und genau wissen, welcher Gesetzmäßigkeit die Verbreitung des Erregers folgt, haben wir den geringsten Grad an Unwissenheit über das zu modellierende System »Infektionsausbreitung in der Population«. Wir haben alle notwendigen Informationen, Daten und Gesetzmäßigkeiten und müssen lediglich ein paar Berechnungen durchführen, um zukünftige Zustände des Systems zu bestimmen.

Der zweite Grad der Unwissenheit liegt vor, wenn wir zwar die zugrunde liegenden Gesetzmäßigkeiten, nicht aber den genauen Zustand des Systems kennen oder den Ausgangszustand nicht hinreichend genau messen können. In diesem Fall müssen wir entweder unsere Messungen, unsere Datenlage, verbessern oder unsere Vorhersagen auf das beschränken, was in naher Zukunft mit dem System geschehen könnte.

Schließlich haben wir den dritten und schwerwiegendsten Grad an Unwissenheit. Dies ist der Fall, wenn wir den Ausgangszustand des Systems oder die bestimmenden Gesetzmäßigkeiten nicht oder nur unzureichend genau kennen.

Wollen wir modellbasiert die Verbreitung der Pandemie voraussagen, müssen wir uns vergegenwärtigen, dass unser Unwissen sehr wahrscheinlich im Bereich des dritten und schwerwiegendsten Grades in der Einteilung von Poincaré liegt. Zumindest in der Anfangszeit einer Pandemie sind sowohl die Gesetzmäßigkeiten als auch die Daten zur Beschreibung der Ausgangslage nur ungenau bekannt. Erschwerend kommt hinzu: Selbst, wenn wir den Ausgangszustand des Systems kennen, kann eine kleine Veränderung der

Ausgangslage, zum Beispiel eine unentdeckte infektiöse Person, das Langzeitverhalten des Systems nachhaltig verändern. Diese Abhängigkeit des Systems von kleinen Störungen nennt man »Sensitivität von den Anfangsbedingungen« oder nach der Veranschaulichung dieses Effekts am Beispiel des Wetters auch »Schmetterlingseffekt«.<sup>3</sup> Der Schmetterlingseffekt ist weitgehend aus der Chaostheorie bekannt. Dass auch die Verbreitungsmuster von Infektionserkrankungen chaotisches Verhalten aufweisen können, ist seit Jahrzehnten geläufig. Ein Beispiel sind periodisch auftretende Epidemien von Keuchhusten, die mit Hopf-Bifurkationen und nachlassender Immunität in Verbindung gebracht werden (Hethcote, Li, Jing 1999). Das Gesamtsystem gerät in Schwingungen, und es treten regelmäßige Wellen von Keuchhusten auf. Da die gegenwärtig weit verbreiteten mRNA-Impfstoffe ebenfalls eine nachlassende Immunität aufweisen, ist es möglich, dass ein ähnliches Verhalten bei dem SARS-CoV-2 Erreger auftreten wird. In der Konsequenz würde das bedeuten, dass wir wiederkehrend von einer Vielzahl von Erkrankungswellen heimgesucht werden und ähnlich wie bei der Impfung gegen Influenza regelmäßig (angepasste) Auffrischungsimpfungen benötigen.

### Schwierigkeiten beim Betreiben eines Erkrankungsmodells

In der mehr als hundert Jahre alten Beschreibung der Unsicherheiten bei der Modellierung von Poincaré kristallisieren sich zwei wichtige, verschiedene Konzepte für die System-Modellierung heraus: die »Gesetzmäßigkeiten« des Systems und die »Information« bzw. der »Zustand« des Systems. Während die Gesetzmäßigkeiten in Form von mathematischen Gleichungen und logischen Regeln ausgedrückt werden, sind »Informationen« in Form von Daten notwendig, um die abstrakten mathematischen und logischen Gesetzmäßigkeiten mit Leben zu füllen und an die jeweilige Situation (Eigenschaften der Population, des Erregers und der Umwelt) anzupassen. Gute Infektionsmodelle beziehen dabei aktuelle Daten der wichtigsten Einflussfaktoren zur Dynamik ein. Beim SARS-CoV-2-Erreger sollte das beispielsweise die Altersstruktur der Bevölkerung sein, denn wir wissen bereits seit der frühen Phase der Epidemie, dass Menschen in jungem und mittlerem Alter deutlich

---

<sup>3</sup> »Kann der Flügelschlag eines Schmetterlings in Brasilien einen Tornado in Texas auslösen?«

weniger schwere Krankheitsverläufe zeigen als die ältere Bevölkerung. Bei aufwändigeren Modellen wird auch die sozio-ökonomische Position und das komplexe Sozialverhalten der Bevölkerung berücksichtigt: Wer trifft sich wie oft mit wem? Wie hoch ist Wahrscheinlichkeit für eine Ansteckung? Wer pendelt zur Arbeit und welche Berufsgruppen können aus dem Homeoffice arbeiten? Die Verhaltensänderungen, die auf Regierungsmaßnahmen oder auf das Bewusstsein der BürgerInnen im Hinblick auf das Infektionsrisiko zurückzuführen sind, haben wiederum komplexe soziale, wirtschaftliche und gesundheitliche Auswirkungen, die ebenfalls mit in die Modellierung einbezogen werden können. Mit Hilfe von digitalen Mobilitätsdaten kann das recht detailliert geschehen, wenngleich Vorsicht bei der Interpretation angebracht ist. Aggregierte Mobilitätsindikatoren zum Beispiel aus Smartphone-Daten mögen zwar die Wirkung von Kontaktbeschränkungen offenbaren, bergen aber immer die Gefahr des ökologischen Fehlschlusses, da sie kaum mit einzelnen Infektionsfällen in Verbindung gebracht werden können.

Eine kontrovers diskutierte Einflussgröße bei der Modellierung zu SARS-CoV-2 ist das Wetter. Die Einschätzungen der WissenschaftlerInnen zur Saisonalität des Coronavirus haben sich im Verlauf der Pandemie immer wieder verändert. Zunächst hat man Erfahrungen mit anderen humanen Coronaviren auf den jetzigen Erreger übertragen. Da sich diese Erreger in den kalten Jahreszeiten grundsätzlich besser verbreiten als in den warmen, hatte man für den Sommer 2020 mit einem Temperatur bedingten Abflauen der Infektionszahlen gerechnet. Das starke Infektionsgeschehen in Ländern mit wärmeren Klimazonen wurde dabei auf unterschiedlich starke Effektgrößen und Wechselwirkung mit anderen klimatischen Bedingungen zurückgeführt. Im Verlauf der Pandemie haben die VirologInnen ihre Meinungen zur Wetterabhängigkeit mehrfach revidiert. Man kann auch aktuell nicht sagen, dass der saisonale Einfluss vollständig verstanden wäre. Epidemiologisch besteht die saisonale Komponente nicht nur aus der Verbreitung der Erreger, sondern auch aus dem Verhalten der Wirtsorganismen (hier: dem Menschen). Ein Anstieg der Infektionszahlen scheint naheliegend, wenn wir bei kälteren Temperaturen unsere sozialen Aktivitäten zunehmend in die Innenräume verlagern.

Bei der Sammlung von Daten für eine aktuelle Beschreibung des Krankheitsgeschehens, zur Abschätzung der Wirkung von Interventionen wie zum Beispiel den Einfluss der Impfquote und nicht zuletzt für eine genaue Modellierung des Krankheitsgeschehens kommt den Datenwissenschaften eine besondere Bedeutung zu. In Deutschland gibt es unzählige Institutionen, die sehr viele bevölkerungsbezogene Daten sammeln, zum Beispiel Daten aus

Krankenhäusern und Arztpraxen. Doch diese stehen den WissenschaftlerInnen aus Datenschutzgründen oft gar nicht oder erst mit deutlicher Zeitverzögerung zur Verfügung. Andere routinemäßig erhobene Daten der Krankenkassen wurden von einzelnen Forschergruppen genutzt, wie etwa dem Zentralinstitut für Kassenärztliche Versorgung, öffentlich zugänglich sind sie aber nicht. Die *Royal Statistical Society* in Großbritannien hat die enorme Wichtigkeit der Datenwissenschaften für die Pandemiebekämpfung erkannt und Empfehlungen herausgegeben, wie mit Public-Health-Daten umgegangen werden sollte (Royal Statistical Society 2021). Aktuelle Daten zur Pandemie aus weiten Bereichen der Leistungserbringer, der Sozialfürsorge, der Arzneimittelbewertung und der Bevölkerung werden nach den Empfehlungen der *Royal Statistical Society* als kritische Infrastruktur angesehen und sollten über ein zentrales Datenportal zugriffsberechtigten WissenschaftlerInnen zur Verfügung gestellt werden. Die resultierenden statistischen Analysen und Schlussfolgerungen sollten ebenso transparent berichtet und reproduzierbar sein, um die Akzeptanz der abgeleiteten Maßnahmen der EntscheidungsträgerInnen zu erhöhen. Besonders erwähnenswert im Hinblick auf die Situation in Deutschland ist die Forderung, die Kosten-Nutzen-Evaluierung von jeglichen Maßnahmen von Anfang an mit in jede Intervention einzubeziehen. Die Kosten-Nutzen-Evaluation impliziert die Begleitung durch ein interdisziplinäres Team von WissenschaftlerInnen aus unterschiedlichen Fachgebieten wie zum Beispiel Public Health, Epidemiologie, Medizin-Soziologie, Virologie, Psychologie und Medizin-Ethik.

Auch mit Blick auf die Erhebung pandemiebezogener wissenschaftlicher Daten geht Großbritannien mit gutem Beispiel voran. Das *Office for National Statistics*, britisches Pendant zum Statistischen Bundesamt, hat zusammen mit der Universität Oxford eine Panelstudie namens *COVID-19 Infection Survey* ins Leben gerufen, die seit der ersten Jahreshälfte 2020 noch bis mindestens April 2022 durchgeführt wird. Dabei werden neben Befragungsdaten zu Symptomen und Impfkomplicationen auch Blutproben zur Bestimmung von Antikörper-Konzentrationen erhoben. Die Antikörperdaten lassen einen Rückschluss über das Dunkelfeld nicht-gemeldeter Infektionen zu – zum Beispiel wegen Symptomlosigkeit.<sup>4</sup> Zum Vergleich: Verlässliche Aussagen

---

<sup>4</sup> Für diesen Rückschluss auf das Dunkelfeld hilft die Tatsache, dass durchstandene Infektionen oft (leider aber nicht immer) eine »Seronarbe« in Form von Antikörpern hinterlassen. Wenn eine Studie wie zum Beispiel die britische ergibt, dass in einer Region die Hälfte der BewohnerInnen Antikörper hat, aber nur 10 % der BewohnerInnen über die gesetzliche Meldekette als Fälle gemeldet wurden, umfasst das Dunkelfeld mindestens das Fünffache der Meldungen.

zum Dunkelfeld sind in Deutschland vor dem Hintergrund sich ständig ändernder und uneinheitlicher Teststrategien bis heute nicht möglich. Hierzulande kennen wir nicht einmal den Beruf der gemeldeten Infizierten, was eine zielgerichtete Eindämmung des Erregers auf der Bevölkerungsebene, deutlich schwerer macht – und dort findet die Pandemie statt.

### Schwierigkeiten bei der Interpretation der Modell-Ergebnisse

Zu erwähnen ist, dass Modellierungen einen gravierenden Nachteil haben, der aus erkenntnistheoretischer Sicht und in der öffentlichen Debatte zu wenig Beachtung findet, nämlich, dass sich die Realität ganz anders verhalten kann, als sie im Modell abgebildet worden ist. Epistemologisch ist das klar: Ein Modell ist ja eben nicht die Wirklichkeit, sondern nur ein projiziertes Abbild. Die aus einem Modell im Hinblick auf ein Ziel, wie etwa der Verringerung des Infektionsrisikos, abgeleiteten Konsequenzen können sich als vollkommen unzureichend erweisen, obwohl man sich in Sicherheit wähnt. Dieses Phänomen wird durch den Aphorismus ausgedrückt, dass es oftmals nicht das Unwissen ist, was uns die größten Schwierigkeiten bereitet, sondern das vermeintliche Wissen, das sich dann in der Realität als falsch erweist. In unserer Situation der modellbasierten Vorhersage von Erkranktenzahlen bedeutet dies, dass man ein Modell zur Beschreibung eines Systems aufgesetzt, mit aktuellen Parametern bestückt hat und eine Ergebnismenge zu möglichen Szenarien erhält. Wenn das Modell gut ist, erhält man die zugehörigen Unsicherheitsmargen. Zu oft ist man als ModelliererIn geneigt, diese Ergebnisse nun als Wahrheit anzusehen. Man hat schließlich alle vermeintlich relevanten Einflüsse eingebaut, nach bestem Wissen bestückt und bekommt dann die Ergebnisse. Rasch werden diese Ergebnisse publiziert und von JournalistInnen dankbar aufgenommen und verbreitet. Auch bei nur vorläufiger Informationslage über Modellstruktur und von Modellparametern gewährt die Öffentlichkeit gern einen Vertrauensvorschuss. EntscheidungsträgerInnen nehmen die Ergebnisse auf und machen sie zum Gegenstand von gesellschaftlichen und politischen Maßnahmen – mit allen Begleitkomplikationen und »Kollateralschäden«, wie etwa Grundrechtseingriffe, die Zunahme psychischer Schäden durch Isolation, versäumte Unterrichtsinhalte durch reduzierten Schul- und Universitätsbetrieb sowie Insolvenzen durch wirtschaftliche Folgen der Maßnahmen. Auch wenn gegenwärtig der »Rattenschwanz«,



den diese Eingriffe zukünftig noch nach sich ziehen werden, unüberschaubar ist, so sind all diese genannten Schäden zweifelsohne bereits eingetreten. Es bleibt dabei aber vollkommen offen, ob die Maßnahmen, die über das Modell mit seinen möglicherweise unzureichenden Annahmen und Parametrisierungen begründet wurden, überhaupt gewirkt haben. Es kann durchaus möglich sein, dass sich etwaige Veränderungen im Infektionsgeschehen auch eingestellt hätten, wenn keine Maßnahmen durchgesetzt worden wären. Der Wirknachweis der Maßnahmen ist ja überhaupt nicht geführt worden. Natürlich gibt es ein Nachlassen des Infektionsgeschehens irgendwann nach Einsetzen der Maßnahmen, aber dass so etwas passiert, ist mit Blick auf andere saisonale Infektionskrankheiten zu erwarten. Die Frage ist nur, wann und ob es einen kausalen Zusammenhang mit den Maßnahmen gibt. Hier muss man sich die Möglichkeit des Post-hoc-ergo-propter-hoc-Fehlschlusses vergegenwärtigen.

Schon allein die schiere Vielfalt an möglichen Interventionen und deren Kombinationsmöglichkeiten spricht dafür, dass wir besser durch die Pandemie hätten kommen können. Die Frage ist natürlich, wie man das hätte machen sollen. Ohne fundierte Risiko-Nutzen-Abwägungen ist so etwas naturgemäß nur sehr schwer entscheidbar. Fakt ist, dass EntscheidungsträgerInnen das medizinethische Gebot des Nicht-Schadens (*primum non nocere*) schnell über Bord geworfen hat. Dass die Maßnahmen negative Begleitumstände haben werden, war vielen EntscheidungsträgerInnen klar. Ob und in welcher Stärke sich eine gewünschte Wirkung einstellt, wusste man nicht. Natürlich haben ModelliererInnen und PolitikerInnen im Nachhinein die Wirksamkeit der empfohlenen Maßnahmen bejaht, was aber auch über einen *confirmation-bias* und die fehlende Bereitschaft erklärt werden kann, Unwissenheit einzugestehen. Eine ModelliererInnen-Gruppe, die die Wirksamkeit der verschiedenen Lockdowns anerkannt hat, hat einfach den Zeitverzug variabel gehalten, mit dem die Lockdowns auf das Einsetzen der sinkenden Fallzahlen wirken sollen. Dies erinnert an »moving the goalpost«. Andere ModelliererInnen haben sich auf das Präventionsparadox berufen, wenn ihre Vorhersagen zur Wirksamkeit von Maßnahmen früher als berechnet eingetreten sind. Ohne kontrollierte Experimente, die auch auf der Bevölkerungsebene und mit Beobachtungsdaten möglich sind, lässt sich der Nachweis der Wirkung von Maßnahmen jedoch kaum führen. Mit Wissenschaftlichkeit haben solche Rechtfertigungen jedenfalls sehr wenig zu tun. Eine Validierung oder Adjustierung der Modelle mit über die Zeit zur Verfügung stehenden Daten erfolgt nur in den seltensten Fällen.

## Notwendigkeit von Modellierungen, aber mit mehr Bescheidenheit

Nachdem nun über die Schwierigkeiten der Erkrankungsmodelle und deren Parametrisierung mit empirischen Daten gesprochen wurde, soll aber deutlich gemacht werden, dass Modelle und ihre Befunde trotzdem notwendig sind. Es ist grundsätzlich besser, ein mit aktuellen Daten bestücktes Modell mit seinen im Idealfall transparent berichteten Voraussetzungen und Qualitätschecks für die Vorhersage zu nutzen, als unstrukturiert über die Zukunft zu spekulieren. Bei der Krankheitsmodellierung zur wissenschaftlichen Bewertung von kostenintensiven Interventionen muss man Effekte zuweilen bis zum Lebensende extrapolieren, um die Kosteneffektivität zu untersuchen. Modellierung wird deswegen als »unavoidable fact of life« beschrieben (Buxton et al. 1997). Entsprechend sind sehr detaillierte und umfangreiche Richtlinien entstanden, welche Qualitäts- und Berichtsstandards solche Modelle erfüllen müssen (Philips et al. 2004).

Auch wenn ein Modell *lege artis* die Stufen der Qualitätssicherung durchlaufen hat und den Reporting-Guidelines entsprechend berichtet wurde, so ist dennoch bei der Interpretation von Modellergebnissen äußerste Vorsicht geboten. Dass wesentliche Einflussfaktoren übersehen werden können, wurde oben schon thematisiert. Aber selbst wenn alle Faktoren berücksichtigt worden sind und das Modell so parametrisiert worden ist, dass es die Vergangenheit einer Zielgröße perfekt abbildet, so ist unter allen Umständen die Schlussfolgerung zu vermeiden, dass damit auch die Zukunft gut und zuverlässig abbildbar ist. Jede/r ModelliererIn sollte sich der Versuchung widersetzen, zu glauben, dass das liebgewonnene Modell die Wirklichkeit in allen Aspekten repräsentiert. Der Schluss von der Vergangenheit auf die Zukunft ist immer fehlerbehaftet und überaus schwierig. Soziale Systeme wie eine Pandemie mit ihren mannigfaltigen Interaktionen lassen sich im Gegensatz zu technischen Systemen nur sehr schwer modellieren. Dementsprechend erfordert die Interpretation der Ergebnisse aus Modellierungen sehr viel Vorsicht und Zurückhaltung. Als Mahnung für diejenigen, die allzu selbstsicher über Modellvorhersagen von Pandemie-Modellen berichten, möchten wir an den Mathematiker und Computer-Pionier John von Neumann erinnern, dem der Ausspruch nachgesagt wird, er könne mit vier Parametern einen Elefanten modellieren und diesen mit einem weiteren Parame-

ter auch mit dem Rüssel wackeln lassen (Dyson 2004). Viele der aktuell verwendeten Pandemie-Modelle haben eine Parameter-Anzahl, die in die Hunderte geht.

## Literatur

- Butler, Declan 2014: Models overestimate Ebola cases: rate of infection in Liberia seems to plateau, raising questions over the usefulness of models in an outbreak. *Nature*, vol. 515, no. 7525, 18.
- Buxton, Martin J. / Drummond, Michael F. / van Hout, Ben A. / Prince, Richard L. / Sheldon, Trevor A. / Szucs, Thomas / Vray, Muriel 1997: Modelling in Economic Evaluation. *Health Economics*, vol. 6, no. 3, 217–227.
- Dyson, Freeman 2004: A Meeting with Enrico Fermi, *Nature*, vol. 427, no. 6972, 297.
- Hethcote, Herbert W. / Yi, Li / Jing, Zhujun 1999: Hopf bifurcation in models for pertussis epidemiology. *Mathematical and Computer Modelling*, vol. 30, no.11/12, 29–45.
- McKendrick, William O. / Kermack, Anderson Gray 1927: A contribution to the mathematical theory of epidemics. *Proceedings of the Royal Society of London. Series A*, vol. 115, no. 772, 700–721.
- Merkel, Angela 2020: Mitschrift Telefon-Pressekonferenz von Bundeskanzlerin Merkel, Ministerpräsident Söder und dem Ersten Bürgermeister Tschentscher nach der Schaltkonferenz mit den Regierungschefinnen und Regierungschefs der Länder. <https://www.bundesregierung.de/breg-de/suche/telefon-pressekonzferenz-von-bundeskanzlerin-merkel-ministerpraesident-soeder-und-dem-ersten-buergermeister-tschentscher-nach-der-schaltkonferenz-mit-den-regierungschefinnen-und-regierungschefs-der-laender-1738578>, letzter Aufruf 16. Oktober 2021.
- Philips, Zoe / Ginnelly, Laura / Sculpher, Marc / Claxton, Karl / Golder, Su / Riemsma, Rob / Woolacott, Nerys / Glanville, Julie 2004: Review of guidelines for good practice in decision-analytic modelling in health technology assessment. *Health Technology Assessment*, vol. 8, no. 36.
- Poincaré, Henri 1902: *La science et l'hypothèse*. Paris: E. Flammarion [Deutsche Ausgabe 1904: *Wissenschaft und Hypothese*. Leipzig: B. G. Teubner].
- Royal Statistical Society 2021: Statistics, Data and Covid. Ten statistical lessons the government can learn from the past year. <https://rss.org.uk/-campaigns/policy/covid-19-task-force/statistics,-data-and-covid/>, letzter Aufruf 16. Oktober 2021.
- Vygen-Bonnet, Sabine et al. 2021: Beschluss der STIKO zur 9. Aktualisierung der COVID-19-Impfempfehlung und die dazugehörige wissenschaftliche Begründung. *Epidemiologisches Bulletin* Nr. 33 vom 19. August 2021, 3–46.
- Yozwiak, Nathan L. / Schaffner, Stephen F. / Sabeti, Pardis C. 2015: Data sharing: Make outbreak research open access. *Nature*, vol. 518, no. 7540, 477–479.