

3. Das Coronavirus – Biologische und epidemiologische Dynamiken

Die Lockdown-Maßnahmen dienten der Bekämpfung der Ausbreitung des neuartigen Coronavirus. Um die potenzielle Notwendigkeit der Maßnahmen nachvollziehen zu können, braucht es neben den in weiteren Kapiteln zu berücksichtigenden psychologischen und gesellschaftlichen Faktoren auch ein Verständnis für die Entstehung sowie die biologischen Eigenschaften des Virus selbst sowie für die epidemiologischen Auswirkungen und Zusammenhänge. Letzteres ist insbesondere im Zusammenhang mit der Ausbreitung relevant, aber auch bezüglich der Gefährlichkeit, das heißt den Folgen für Erkrankung und Sterblichkeit und der Sterblichkeit und den Vergleich mit der Virusgrippe sind eher technischer Natur und lesen sich möglicherweise und unvermeidbarerweise weniger erzählend als andere Kapitel – dies nur als Vorwarnung.

3.1 Das neuartige Coronavirus

Namensgeber für das Coronavirus ist die Sonne, genauer der Sonnenkranz (lateinisch *Corona*). Unter dem Mikroskop ähnelt das Virus dem Aussehen nach diesem Sonnenkranz. Neuartig wird das Virus deshalb genannt, weil es vor mehreren Jahren schon andere Epidemien und Pandemien gegeben hat, die durch Coronaviren ausgelöst wurden, darunter auch grippeähnliche Infektionen. Ein Vorläufer des Infektionsgeschehens der Jahre 2019/2020 war die bereits im vorherigen Kapitel beschriebene SARS-Epidemie in den Jahren 2002/2003. Daher stammt der wissenschaftliche Name des neuen Coronavirus: SARS-CoV-2. Das bedeutet, es handelt sich erneut um ein Coronavirus, das eine schwere Atemwegserkrankung auslösen kann.

Die durch das neuartige Coronavirus ausgelöste Erkrankung wird offiziell Covid-19 genannt. Dieser Name ist eine Abkürzung für das Virus (Coronavirus) und die Erkrankung (engl. disease), welche im Jahr 2019 erstmalig aufkam. Diese Erkrankung befällt primär die unteren Atemwege (Lunge), aber auch verschiedene andere Körperorgane und führt in vielen Fällen zum Tode.

Coronaviren sind erst seit den 1960er-Jahren in der Wissenschaft bekannt, sind aber sehr wahrscheinlich schon sehr viel länger aktiv [122]. Wie viele andere Infektionserreger sind auch diese Viren über lange Zeit nicht recht beachtet worden in Medizin und Forschung. Wie im Kapitel über die Vorgeschichte der aktuellen Pandemie gezeigt wurde, steht diese vernachlässigte Haltung mit der früher weit verbreiteten Überzeugung zusammen, dass Infektionserkrankungen prinzipiell beherrschbar seien – eine Überzeugung, die spätestens seit den HIV- und SARS-Epidemien als überholt gelten kann.

Coronaviren sind eigentlich eher im Tierreich verbreitet. Sie können allerdings, wie im jetzigen Fall, die Artenbarriere zwischen Tieren und Menschen überspringen. Dies war unter anderem auch bei der HIV-Infektion so, wo Schimpansen die ursprünglichen Wirtstiere waren, bei der MERS-Infektion, bei der Dromedare in Nordafrika beteiligt waren oder bei der sog. Schweinepest im Jahr 2009. SARS-CoV-2 ist das siebte wissenschaftliche bekannte Coronavirus, das Menschen infiziert hat [123]. Die früheren Infektionen sind oft mild verlaufen, MERS und SARS jedoch nicht. Insofern war bekannt, dass Coronaviren ein erhebliches Risikopotenzial aufweisen [124].

Welche Tierarten genau und mit welchem Verlauf am Übersprung zur aktuellen Infektion des Menschen beteiligt waren, ist noch unbekannt. Sehr wahrscheinlich waren Fledermäuse mitwirkend sowie Schuppentiere, deren Schuppen und weitere Körperteile in Asien und anderen Regionen sehr begehrt für traditionelle medizinische Maßnahmen und auch für die ›Behandlung‹ von Erektionsstörungen sind.

Für den Menschen gefährlich sind neu auftretende Viren vor allem vor dem Hintergrund einer fehlenden Immunität [125]. Immunität kann sich, abgesehen von Impfstoffen, nur dann herausbilden, wenn gleiche oder zumindest sehr ähnliche Viren schon zu früheren Zeitpunkten in der Bevölkerung verbreitet waren, wodurch entsprechende Antikörper vorhanden sind. Dieser Umstand ist, wie noch zu zeigen sein wird, für den Lockdown zentral. Durch das Auftreten eines neuen Virus sind sämtliche Menschen in einer Bevölkerung suszeptibel (empfänglich), das heißt 100 Prozent aller Menschen tragen

das Risiko einer neuen Infektionserkrankung, die vor allem zu Beginn der Epidemie unbekannte Krankheitsverläufe annehmen kann.

Inwieweit tatsächlich 100 Prozent der Bevölkerung zu Beginn der Pandemie keine Immunität für das neue Coronavirus hatten, ist im Verlauf der Ausbreitung auch in der Wissenschaft heftig diskutiert worden [126]. Eine Genenhypothese besagt, dass sich durch die gerade schon angedeuteten möglichen früheren Infektionen durch andere, weniger gefährliche Coronaviren eine gewisse Kreuzimmunität entwickelt haben könnte. Diese Vermutung wird gestützt durch genetische Analysen, die bestimmte Merkmale des Coronavirus auch bei vormaligen Infektionserkrankungen identifiziert haben [127]. Ob und inwieweit diese genetischen Befunde tatsächlich auch die Immunität positiv beeinflussen können, ist Gegenstand intensiver Forschung.

Doch zurück zur Entstehung und Verbreitung des neuen Virus: Das erste große Ausbruchsgeschehen des neuartigen Coronavirus erfolgte bekanntermaßen im Dezember 2019 in der Nähe eines Tiermarktes in der Stadt Wuhan in der chinesischen Provinz Hubei [128]. Nach wie vor unklar ist, ob der Ausbruch nur zufällig dort stattfand oder aber tatsächlich durch eine Übertragung vom Tier auf den Menschen an diesem Ort [129]. Nicht ausgeschlossen werden kann auch ein versehentliches Ausbruchsgeschehen aus einem Viruslabor in Wuhan. Entgegen politischen Erklärungs- und Verschwörungstheorien ist jedoch ein menschlich hergestelltes Virus äußerst unwahrscheinlich [123].

Da in der Zwischenzeit verschiedene Varianten des Virus an unterschiedlichen Orten der Welt auch zu früheren Zeitpunkten aufgetaucht sind, muss der genaue Weg der Übertragung noch wissenschaftlich gesichert werden. So sind auch in Europa schon Spuren des Coronavirus im Herbst und Winter 2019/2020 und sogar noch früher aufgetaucht, von denen man nicht weiß, wie sie dort zu diesem frühen Zeitpunkt übertragen werden konnten und ob sie auch tatsächlich relevant sind.

Mit der Verbreitung des Virus über China und Asien hinaus wurde aus der Epidemie eine Pandemie. Epidemien sind definiert als »...Vorkommen von Krankheitsfällen (oder ein Ausbruch) in einer begrenzten Gemeinschaft oder Region, mit einer Häufigkeit, die klar über dem liegt, was normalerweise zu erwarten ist.« [130: 693] Pandemien sind Epidemien, die nicht mehr regional begrenzt sind, sondern die Region oder den Kontinent verlassen haben. Insofern ist eine Pandemie immer auch eine Epidemie, aber eine Epidemie nicht notwendigerweise eine Pandemie.

3.2 Die Übertragung des neuartigen Coronavirus

Die Virus-Übertragung von Mensch zu Mensch erfolgt über eine Tröpfcheninfektion, das heißt über flüssige Teilchen, die während des Hustens oder Niesens in die Atemluft abgegeben und durch Mund, Nase und auch die Augenbindehaut durch andere Personen aufgenommen werden. Quasi-experimentelle Studien, die beispielsweise getestet haben, wie sich die Infektionsrate vor und nach der Verpflichtung zum Tragen einer Gesichtsmaske im Vergleich zu anderen Regionen entwickelt hat, konnten zeigen, dass dies tatsächlich zu einer Reduktion der Infektionsrate führte. Daraus kann geschlossen werden, dass die Übertragung primär in der Luft durch Tröpfchen sowie durch kleine Aerosol-Schwebeteilchen erfolgt [131]. Zu einem geringeren Anteil wird das Virus ebenfalls als Kontaktinfektion über Oberflächen weitergegeben [132].

Infektionen haben unterschiedliche Verbreitungsgeschwindigkeiten, die von den biologischen Merkmalen der Viren oder Bakterien abhängen, von der Art der Übertragung sowie von den soziokulturellen Bedingungen der Gesellschaften, in denen sich die Infektionen verbreiten. Aus biologischer Perspektive ist hier zunächst die Inkubationszeit relevant, also die Zeit zwischen der Aufnahme eines Erregers und den ersten Krankheitssymptomen. Sie beträgt bei dem neuen Coronavirus 5 bis 6 Tage. Während der Inkubationszeit vermehren sich die Erreger im Körper. Im Falle des aktuellen Coronavirus können Menschen ohne Symptome den Erreger während einer Zeitspanne von bis zu 14 Tagen weitergeben. Die Übertragung über Tröpfchen trägt ebenfalls als zu einer schnellen Verbreitung bei. Zudem zeigen sich gewöhnliche Krankheitssymptome, welche einer saisonalen Erkältung oder Grippe gleichen – niemand denkt sich zunächst etwas bei diesen Symptomen. Sodann ist auch an Situationen zu denken, bei denen Krankheitsverläufe ohne Symptome vorhanden sind und die betroffenen Personen sich so verhalten, dass eine Übertragung wahrscheinlicher wird. Eine solche Situation ist etwa das Singen in einem Chor, wodurch die Partikel in der Atemluft weit verbreitet werden.

In sozialer Hinsicht ist zunächst die Bevölkerungsdichte eines der zentralen Merkmale, die bei der Verbreitung von Krankheitserregern zu bedenken ist. Wie auch die Entwicklung der Transmission des Coronavirus gezeigt hat, sind vor allem urbane Regionen zu Beginn einer Ausbreitung massiv betroffen gewesen, bevor dann im Verlauf auch ländliche Gegenden in Mitleidenschaft gezogen wurden. Die italienische Region Lombardei zählt etwa zu den am

dichtesten besiedelten Gegenden in Europa. Andere Regionen mit einer großen Anzahl von Infektionen waren bekanntermaßen New York, London und Stockholm.

Und schließlich sind soziale Situationen zu beachten. Mit der Zeit ist immer deutlicher geworden, dass für die Verbreitung des Virus Veranstaltungen und Settings mit einer Vielzahl von Menschen wesentlich waren – vom chinesischen Neujahrsfest über alpine Aprés-Ski-Lokalitäten und internationalen Fußballspielen bis hin zum rheinischen Karneval. Diese in der Forschung als ›Superspreading-Events bekannten Phänomene sind insofern relevant, als dadurch in kurzer Zeit eine erhebliche Anzahl von Infektionserkrankungen ausgelöst werden können und zugleich die regionale und – etwa bei Fußballspielen – auch internationale Verbreitung gefördert wird [133].

Als eine besonders tragische Variante dieser sozialen Situationen können Klinik- bzw. Spital- und Heimsettings gelten, die – neben Restaurants, Bars und Arbeitsstätten wie der Fleischindustrie – zu den meist verbreiteten Clustern mit Übertragungen des Virus zählen [134]. In diesen Settings im Gesundheitswesen kommen bei der Coronavirus-Infektion verschiedene Faktoren zusammen, nämlich eine große Dichte von Menschen, die vergleichsweise hohe körperliche Verwundbarkeit durch das Virus, eine Vielzahl von Personen, welche die Institution betreten und verlassen, sowie – vor allem zu Beginn der Pandemie – Unerfahrenheit des Personals im Umgang mit einem derartigen Infektionsausbruch und der Mangel an Schutzausrüstung. Dies führte dazu, dass in vielen Ländern Bewohnende von Heimen bis zu 80 Prozent der durch oder mit dem Coronavirus registrierten Todesfälle ausmachten [135]. Es existieren sogar empirische Hinweise aus Italien, die nahelegen, dass die Heimsettings für die hohe Mortalität relevanter gewesen sind als die ohnehin schon große Bevölkerungsdichte [136]. Betroffen waren aber darüber hinaus auch andere Institutionen, beispielsweise mehrere psychiatrische Kliniken in Asien [137] oder in den Vereinigten Staaten [138].

3.3 Maßzahlen der Virusverbreitung

Während der ersten Wochen der Pandemie in Europa sind aus der Wissenschaft verschiedene Indikatoren benannt und dann von der Gesundheitspolitik und den Medien angewendet worden, welche das Ausmaß und die Geschwindigkeit der Verbreitung einschätzen helfen sollten. Die am häufigsten verwendete Maßzahl war die Reproduktionszahl R. Diese Zahl gibt an, wie

viele weitere Personen von einer infizierten Person im Durchschnitt angesteckt werden. Epidemien sind in ihrem Verlauf rückläufig, wenn eine Person weniger als eine weitere Person infiziert. Das heißt: R sollte idealerweise unter 1 liegen. Liegt R über 1, so besteht die Gefahr dessen, was in der Epidemiologie exponentielles Wachstum genannt wird. Dies bedeutet: im Falle von R gleich 3 werden zu Beginn 3 Menschen infiziert, dann 9 usw... Schon anhand dieser wenigen Zahlen wird deutlich, dass bei exponentiellem Wachstum eine Epidemie schnell außer Kontrolle geraten kann – was dann erfahrungsgemäß zu drastischen Eindämmungsmaßnahmen geführt hat.

Solange noch keine Menschen von der Infektionskrankheit genesen sind, wird R als Basisreproduktionszahl R_0 beschrieben. Zu Beginn der Coronavirus-Pandemie wurde davon ausgegangen, dass R_0 zwischen 2 und 3 liegen würde, das heißt, eine Person würde durchschnittlich zwei bis drei weitere Personen infizieren. Dieses Ausmaß der Verbreitung hat sich aber in verschiedenen Regionen als zu gering herausgestellt. Das Missverständnis liegt wohl darin, dass die schon angesprochene Bevölkerungsdichte, also die unterschiedliche Wahrscheinlichkeit, anderen Menschen zu begegnen, nicht berücksichtigt wurde. Und auch der Zeitpunkt während der Pandemie ist nicht unbedeutend. Unter solchen realen Bedingungen ist beispielsweise für die Schweiz für Anfang März 2020 eine Reproduktionszahl von 3,9 berechnet worden, in Deutschland war sie ähnlich hoch [139].

Die Reproduktionszahl ist also keine rein biologische Größe, sondern eine Funktion aus biologischen Eigenschaften und menschlichem Verhalten bzw. sozialen Situationen [140]. Die Wahrscheinlichkeit, auf andere Menschen zu treffen und eine Infektion weiter zu geben, hängt von sehr vielen Merkmalen ab, beispielsweise vom Alter oder von der Anzahl der Personen, die in einem Haushalt leben. Aber auch soziokulturelle Elemente müssen hier einberechnet werden. So ist etwa die durchschnittliche Kontakthäufigkeit in Deutschland fast um den Faktor 3 geringer als in Italien [141]. Im Detail wird R in Modellierungsstudien auf der Basis folgender Faktoren berechnet [36: 58]:

- Dauer der Infektiosität einer Person,
- Durchschnittliche Anzahl der Gelegenheiten, die Infektion zu verbreiten,
- Wahrscheinlichkeit einer Übertragung in einer Gelegenheit,
- Empfänglichkeit der Bevölkerung (Suszeptibilität).

Bei Einberechnung dieser Gegebenheiten gehen neuere Studien von einer Reproduktionszahl von 5 bis 6 aus [142]. Auch hier sind also wieder die sozialen

Bedingungen zu berücksichtigen. In urbanen und dicht besiedelten Regionen ist die Kontaktdichte und damit auch das Risiko zur Weitergabe der Infektion deutlich höher als in ländlichen Gegenden. So ergaben sich auch Unterschiede in der Reproduktionszahl zwischen Italien und China; letztere war niedriger [143]. Und schließlich ist auch das Verhalten der potentiell betroffenen Menschen zu berücksichtigen. Angst vor der Infektion oder aber die Erwartung sozialer Restriktionen führt ebenfalls zu Veränderungen bei solchen Indikatoren, da die sozialen Kontakte und die damit einhergehenden Infektionen reduziert werden [144]. So konnte etwa gezeigt werden, dass in Deutschland R schon vor der offiziellen Verhängung des Lockdowns unter 1 lag [145], was für zahlreiche Spekulationen und Diskussionen sorgte, ob diese Maßnahme denn überhaupt notwendig war [14]. Ähnliches konnte auch für zahlreiche Regionen in den Vereinigten Staaten gezeigt werden, wo ebenfalls das individuelle Verhalten deutlich früher angepasst wurde als staatlich angeordnet [146] – ein Thema, dass später noch ausführlicher behandelt wird.

Eine anwachsende Immunität in der Bevölkerung oder aber – noch besser – eine zunehmend durch einen Impfstoff immunisierte Bevölkerung senkt die sogenannte Suszeptibilität (Empfänglichkeit). Es sind dann nicht mehr 100 Prozent dem Risiko einer Infektion ausgesetzt, sondern ein geringerer Prozentsatz. Hierdurch ändert sich auch die Berechnung der Reproduktionszahl, die nun als effektive Zahl R_e oder zeitbezogene Zahl R_t (engl. *time*) benannt wird [147].

Obwohl die Reproduktionszahl R sehr weit verbreitet gebraucht wird, hat sie gewisse Nachteile. Zum einen handelt es sich um einen Mittelwert, der regionale Unterschiede nicht berücksichtigt. Lokale Ausbruchsgeschehen, wie sie im Verlauf der Pandemie immer wieder vorgekommen sind, lassen sich damit kaum angemessen abbilden. Zum anderen aber ist ein Nachteil, dass R nicht über die Geschwindigkeit der Infektionsausbreitung informiert. Hierfür wird in erster Linie die sogenannte Verdopplungszeit herangezogen [148]. Diese zeigt an, wie lange es braucht, damit die Anzahl vorhandener Infektionen sich verdoppelt. Kurze Verdopplungszeiten indizieren dabei eine erhebliche Dynamik, bei längeren Verdopplungszeiten stabilisiert sich das Geschehen. Sowohl bei R als auch bei der Verdopplungszeit ist immer die Anzahl infizierter Personen zu berücksichtigen. Ist dieser Anteil (Prävalenz) klein, so schwanken die Maßzahlen erfahrungsgemäß häufiger und sind unzuverlässiger. Daher wird oftmals ein Mehrtagesdurchschnitt genommen, etwa der Durchschnitt der letzten 7 Tage, um Schwankungen in der Darstellung ausgleichen zu können.

Eine weitere Problematik im Zusammenhang mit der Reproduktionszahl R ist, dass sie die oben bereits beschriebenen Superspreading-Events nur schlecht berücksichtigen und abbilden kann. R gibt ja an, an wieviel weitere Personen das Virus im Durchschnitt von einer infizierten Person weitergegeben wird. Bei Superspreading-Ereignissen wird das Virus jedoch – bezogen auf die gesamte Bevölkerung – nur von einem kleinen Teil der Population verbreitet; dies aber mit einer großen Auswirkung. Eine israelische Studie hat etwa gezeigt, dass zwischen 1 und 10 Prozent der infizierten Personen 80 Prozent der Folgeinfektionen verursacht haben [149]. Um dieses Geschehen quantitativ zu fassen, wird der sogenannte Dispersionsfaktor k genutzt [150]. Dieser zeigt mit einem niedrigen Wert an, dass eine geringe Anzahl Personen eine recht große Anzahl von Infektionen veranlasst. Bei der aktuellen Coronavirus-Infektion wird in der Tat davon ausgegangen, dass k recht niedrig bei ungefähr 0,1 liegt [151]. Für die Verhinderung der Virusausbreitung ist dieser Indikator natürlich sehr relevant. Mit einem Verbot von Events, an denen viele Menschen – und dann möglichst noch in geschlossenen Räumen – teilnehmen, wird man eine große Gefahrenquelle eliminieren können. Inwieweit das auch für Arbeitssituationen wie in der Fleischindustrie möglich ist, das ist im Sommer 2020 vielfach diskutiert worden.

Sämtliche der zuvor genannten Maßzahlen sind von diversen weiteren Bedingungen und Definitionen abhängig. Da ist zunächst die Definition der Infektion bzw. der Zusammenhang mit der Krankheit zu nennen. Während des ersten Ausbruchs in China sind die Definitionen mehrfach geändert worden. So war zeitweise ein Bezug zu der Stadt Wuhan Teil der Fallddefinition. Anschließend wurde verschiedentlich die Maßnahme zur Bestätigung der Infektion verändert (Nachweis im Serum, Abstrich, Genetik). All dies führte zu einer Unterschätzung der ›wahren‹ Anzahl infizierter Personen, die vor allem in den ersten Wochen deutlich höher war als von den chinesischen Behörden angegeben [152]. Das muss nicht zwingend politisch motiviert gewesen sein, wie es in China und anderen totalitär oder autoritär regierten Staaten ansonsten nicht unüblich ist. Die ersten Wochen eines großen Infektionsausbruchs sind mit großen Unsicherheiten behaftet und die Falldefinitionen können sich aufgrund wissenschaftlicher Erkenntnisse ändern.

Allerdings sind aus verschiedenen Staaten, wie etwa Brasilien, Aktivitäten bekannt geworden, welche auf eine politisch motivierte Absenkung der Fallzahlen und der Sterblichkeit aus waren. Auch bei den Daten aus Russland muss Vorsicht walten, da erneut oftmals Definitionen geändert wurden und dann bekannt wurde, dass die Sterblichkeit wegen Covid-19 recht niedrig war,

aber andere Pneumonien während der Pandemie deutlich als Todesursache angestiegen waren. Bemerkenswert für Russland war auch die große Differenz zwischen der Anzahl bestätigter Infektionen und der Anzahl Verstorbe-ner. Da das russische Gesundheitswesen nicht gerade für eine gute Ausstat-tung bekannt ist, sind hier Mutmaßungen zu politisch motivierten Daten-berichten durchaus angebracht [153]. Dies gilt insbesondere seitdem offiziell die Anzahl der Todesfälle unter medizinischen Fachpersonen erheblich nach oben revidiert wurden [154].

Dann ist die Feststellung der Infektion zu nennen. Im Verlauf der Pandemie ist vielfach über das Ausmaß und die Qualität der Testung auf das Virus berichtet und diskutiert worden. Gerade zu Beginn eines Infektionsausbruchs sind die Testungen oftmals quantitativ und qualitativ unzureichend, weshalb auch die Berechnungen der Maßzahlen nicht immer zuverlässig sind. Idealerweise nimmt diese Unsicherheit im Verlauf ab, da prinzipiell mehr Testkapazität zur Verfügung stehen sollte. Im Fall der neuen Coronavirus-Infektion war aber selbst in verschiedenen westlichen Staaten feststellbar, dass es sehr lange Zeit brauchte, um zu dieser Kapazität zu kommen.

Der Umfang der Testungen auf das Virus und die Feststellung der infizierten Fälle hängen aufgrund der hohen Dunkelziffer asymptomatischer Infektionen eng miteinander zusammen. Wie in nahezu jeder epidemischen Situation steigt mit der Zahl von Tests auch die Zahl der identifizierten Infektionen. Dieser banale Zusammenhang führte dazu, dass – beispielsweise in der US-amerikanischen Politik – gefordert wurde, weniger zu testen, um dann in den internationalen Datenvergleichen besser dazustehen. Natürlich verschwindet das Virus nicht, wenn weniger getestet wird. Ganz im Gegen-teil, die Folge wäre ein noch schwieriger einzuschätzender Verlauf. Um das Verhältnis der Anzahl von Testungen und der Anzahl der Infektionen zu be-stimmen, ist die Test-Positivitäts-Rate eingeführt worden. Sie bestimmt den Anteil positiver Fälle unter den getesteten Fällen in einem bestimmten Zeit-raum. Gemäß der Weltgesundheitsorganisation WHO gilt eine Epidemie un-ter Kontrolle, wenn – unter anderen Indikatoren – die Test-Positivitäts-Rate über einen Zeitraum von 14 Tagen hinweg unter 5 Prozent liegt [155].

Zu Beginn der Pandemie ist es über lange Zeit sehr umstritten gewesen, wie viele Menschen sich denn in den ersten Wochen und Monaten infiziert hatten. Diese Frage ist in verschiedener Hinsicht von zentraler Bedeutung. Zum einen ist die Prävalenz der Infektion, also der Prozentsatz infizierter Menschen, relevant für die Bestimmung der Gefährlichkeit der Erkrankung. Die so genannte Infektionssterblichkeit (genauer: Infektions-Verstorbenen-

Anteil, engl. *Infection Fatality Rate, IFR*) ist der wichtigste Vergleichsparameter zu anderen Infektionen, etwa im Zusammenhang mit dem viel diskutierten Vergleich mit der Influenza. Ein weiterer Parameter, die so genannte Fallsterblichkeit (engl. *Case Fatality Rate, CFR*), hängt von der Anzahl und Güte der Testungen ab, die – wie bereits beschrieben – zu Beginn der Infektionswelle sehr unsicher sind. Diese Maßzahlen zur Sterblichkeit werden unten noch genauer beschrieben.

Des Weiteren ist die Prävalenz von Bedeutung für die (wenig feinfühlig benannte) Durchseuchung der Bevölkerung. Hier interessiert insbesondere, wie lange es zur so genannten Herdenimmunität braucht, also bis zu dem Zeitpunkt, an dem so viele Menschen infiziert sind, dass das Infektionsgeschehen automatisch sinkt, da die Suszeptibilität nicht mehr für einen Anstieg ausreicht. Herdenimmunität kann entweder durch eine Impfung oder aber durch die Verbreitung der Infektion mit anschließender Ausbildung von Immunität durch Antikörper gebildet werden. Wenn die Grenze zur Herdenimmunität erreicht ist, sinkt aus mathematischen Gründen die Wahrscheinlichkeit, dass ein noch nicht infizierter Mensch durch einen infizierten Menschen angesteckt wird [156]. Bei Infektionen mit einem relativ großen R_0 -Wert wie Masern (ungefähr 15) wird davon ausgegangen, dass mehr als 90 Prozent der Bevölkerung infiziert oder geimpft werden müssen, um eine Herdenimmunität zu erreichen. Herdenimmunität kann relativ einfach berechnet werden. Die Formel lautet: $1 - 1/R_0$. Bei der Infektion mit dem Coronavirus, das eine vergleichsweise geringere Verbreitung zeigt, wird von 67 Prozent ausgegangen, wenn man denn ein $R_0=3$ sowie eine für alle Menschen in der Bevölkerung gleiche Übertragungswahrscheinlichkeit unterstellt [157]. Neuere Simulationsstudien unter Berücksichtigung von altersspezifischen Kontaktwahrscheinlichkeiten sehen eine Herdenimmunität hingegen deutlich niedriger [158], bei ungefähr 40 bis 50 Prozent [159].

Es bestand in verschiedenen Ländern wie Schweden, Großbritannien oder den Niederlanden lange der Verdacht, die jeweilige Regierung würde auf diesen Weg setzen. Wenn dem so war, dann scheint dieser Weg nicht erfolgreich gewesen zu sein – selbst, wenn man etwas zynisch die im Vergleich zu Nachbarländern hohen Sterblichkeitszahlen in Großbritannien und Schweden nicht beachtet. Es gibt Hinweise aus Modellierungsstudien, dass die Virusverbreitung in der Bevölkerung in den ersten Monaten deutlich überschätzt worden ist [160]. Diese Einschätzung ist selbst für Schweden bestätigt worden. Bis Mitte Juni 2020 waren lediglich 6,1 Prozent der Bevölkerung seropositiv – also sehr weit entfernt von der Herdenimmunität [161],

selbst wenn man sie deutlich niedriger ansetzen würde als die ursprünglich gedachten 60 bis 70 Prozent.

Eine weitere Bestätigung kam von der bis in den Sommer 2020 größten Seroprävalenz-Studie aus Spanien mit einer Zufalls-Stichprobe von über 60.000 Teilnehmenden [162]. Spanien ist bekanntermaßen in erheblichem Maße von der Pandemie betroffen worden und hatte eine hohe Zahl von Todesopfern zu beklagen. Bis Mitte Mai betrug die Prävalenz positiver Testungen in der Bevölkerung lediglich 5,0 Prozent, mit allerdings großen Unterschieden zwischen den Regionen. In der Hauptstadt-Region Madrid waren mehr als 10 Prozent der untersuchten Personen positiv getestet worden.

Die Herdenimmunität ist von Seiten der Lockdown-Skepsis verschiedentlich als Alternativ-Option zum Lockdown ins Spiel gebracht worden [163]. Eine Durchseuchung der Bevölkerung sei aufgrund der milden und asymptomatischen Krankheitsverläufe anzustreben. Allerdings ist – zumindest von Gesundheitsbehörden – bis zum Sommer 2020 nie ein Plan entwickelt oder gar umgesetzt worden, der den Schutz besonders vulnerabler Personen vorgesehen hat. Wenn dieser Schutz nicht besteht, werden auf dem Weg zur Herdenimmunität hunderttausende Tote in Kauf genommen. Zudem scheint ein Missverständnis insofern zu bestehen, dass die Epidemie bei Erreichen der Herdenimmunität vorbei sei. Dem ist aber nicht so. Nach Erreichen dieser Schwelle sinkt die Wahrscheinlichkeit weiterer Übertragungen, aber das Virus ist nach wie vor in der Bevölkerung aktiv.

3.4 Die Verbreitung des Virus

Für die Verbreitung von Viren von Mensch zu Mensch gibt es landläufig die Vorstellung, es müsse einen ›Mensch o< gegeben haben, der für die erste Übertragung verantwortlich gewesen ist. Sowohl bei früheren Infektionsausbrüchen wie auch bei der neuen Coronavirus-Pandemie ist es vermutlich viel komplexer abgelaufen. Bekanntermaßen ist der Markt im chinesischen Wuhan mit dem Ausbruchsgeschehen Ende Dezember 2019 in Verbindung gebracht worden, so dass die Vorstellung besteht, von dort müsse es sich in die gesamte Welt verbreitet haben. Im Laufe der Zeit sind dann jedoch Befunde aufgetaucht, die auf eine komplexere Verbreitung hingewiesen haben. Dazu zählt etwa ein nachträgliches Ergebnis bei einem französischen Mann, der ebenfalls schon im Dezember an Covid-19 erkrankt war, als noch niemand wirklich eine Vorstellung von der Erkrankung hatte [164]. Der Mann

hatte offensichtlich keine Verbindung nach China, aber arbeitete in der Nähe von Menschen, die solche Verbindungen hatten. Ob die in Abwasser-Proben vom März 2019 in Barcelona festgestellten Spuren des Coronavirus tatsächlich schon so früh vorkamen, bleibt einer weiteren Untersuchung vorbehalten [165].

Die komplexe Verbreitung ist mittlerweile durch eine Vielzahl von Analysen bestätigt worden. So hat die genetische Untersuchung von verschiedenen Virusvorkommen ergeben, dass der Erreger vermutlich auf unterschiedlichen Wegen mehrfach sowohl in Europa und in den USA aufgetaucht ist, bevor der Ausbruch wirklich bemerkt wurde [166]. Der frühe Ausbruch im Zusammenhang mit der bayerischen Autozulieferfirma in Deutschland, bei denen Mitarbeitende direkten Kontakt zu infizierten Personen in China hatten, scheint sich anschließend nicht weiterverbreitet zu haben. Ein ähnliches Phänomen ergab sich in den USA, wo ein frühes Infektionsgeschehen an der Westküste im Bundesstaat Washington nicht mit der großflächigen Verbreitung anschließend verbunden war [167]. Und auch der massive Anstieg der Infektionen in New York, einem der Epizentren der Epidemie in Nordamerika, ist im Wesentlichen auf den Import aus Europa zurückzuführen [168].

Für Großbritannien wurden über 1300 verschiedene Virusvarianten bis Juni 2020 festgestellt, von denen sehr viele sich dann nicht weiterverbreiteten. Die meisten dieser Varianten sind zu einem frühen Zeitpunkt aus anderen europäischen Ländern auf die Insel importiert worden, insbesondere aus Spanien und Frankreich [169]. Für politische Entscheidungen in Sachen Lockdown sind diese Informationen – die allerdings erst viel später vorlagen – von erheblicher Bedeutung. Grenzschließungen waren ja immer umstritten und diese Daten legen nahe, dass Grenzschließungen vor allem in sehr frühen Phasen der Pandemie eine Wirkung bezüglich der Virusverbreitung gehabt hätten. Das hätte allerdings auch bedeutet, die eigenen Bürgerinnen und Bürger, die man ins Land zurückgeholt hätte, entweder unter längere Quarantäne zu stellen oder aber nicht heimzuholen. Wenn hingegen in den beteiligten Ländern das exponentielle Wachstum des Infektionsgeschehens schon weit fortgeschritten ist, dann sind Grenzschließungen eher weniger relevant für die gesamte Ausbreitung.

Aus Sicht der Verbreitung ist dabei sehr interessant, wie sich das Virus entgegen ursprünglicher Coronavirus-Simulationen vor der Pandemie nicht primär in der Region Asien bzw. westlicher Pazifik ausgebreitet hat [170], sondern vielmehr rasch interkontinental wurde. Offenbar ist in frühen Analysen das Ausmaß des globalisierten Verkehrs unterschätzt worden. Es rei-

chen heute ein bis zwei Tage, bis eine Infektion in verschiedenen Kontinenten gleichzeitig verbreitet werden kann. Bestimmte Regionen haben sehr intensive Kontakte zu Regionen auf anderen Kontinenten. So ist etwa bekannt, dass gerade zwischen Norditalien und China sehr viel Reisetätigkeit besteht, da zum einen viele chinesische Staatsangehörige in italienischen Betrieben arbeiten und zum anderen zahlreiche italienische Firmen in China fertigen lassen.

Innerhalb der Regionen sind nahezu sämtliche soziale Situationen mit geringer Körperdistanz denkbar für eine Übertragung. Neben Arbeits- und Eventsituationen sind hier insbesondere Übertragungen innerhalb von Familien und Haushalten relevant. Im privaten Umfeld geschehen in Europa ungefähr 20 bis 30 Prozent aller Infektionen [171, 172]. In der Realität allerdings sind spezifische Arbeits- oder Privatsituationen auch mit den Superspreading-Events assoziiert, wie verschiedene Beispiele gezeigt haben. Erinnert sei an private Feiern in einzelnen Häuserblocks in Berlin oder aber an die erhebliche Problematik in der Fleischverarbeitung. Wie generell bei der Übertragung von Infektionen sind auch in diesem Zusammenhang die gesellschaftlichen Kontexte und jeweiligen epidemischen Bedingungen in Rechnung zu stellen. Chinesische Daten haben etwa während des Ausbruchs eine Übertragungsrate von 17 Prozent in Haushalten ergeben [173].

Für die schnelle Verbreitung des neuen Coronavirus ist sicherlich auch der große Anteil so genannter asymptomatischer Verläufe verantwortlich. Bei diesem Phänomen registrieren die betroffenen Menschen keinerlei Symptome, die auf eine Infektion schließen lassen. Eine entsprechende Übersichtsarbeit hat hier eine Prävalenz von ca. 40-45 Prozent ergeben [174]. Das heißt, knapp die Hälfte aller infizierten Personen weiß gar nicht um das unmittelbare Risiko, das sie für andere Menschen hinsichtlich der Übertragung des Virus darstellt. Dieser hohe Anteil macht es erwartbar schwierig, die Ausbreitung zu verhindern, da viele Menschen dazu motiviert werden müssen, die notwendigen Hygienemaßnahmen einzuhalten, ohne dass sie selbst oder viele andere in ihrem Umfeld betroffen scheinen und dadurch eher demotiviert werden, sich an der Prävention zu beteiligen.

Zudem braucht es eine gewisse Zeit von der Exposition gegenüber dem Virus bis zum Bemerken von Symptomen, wenn denn überhaupt welche vorhanden sind. Das heißt, neben den asymptomatischen Verläufen ist zudem noch die so genannte prä-symptomatische Zeit einzuberechnen. Diese betrug im Durchschnitt 6 Tage [175]. Auch in dieser Zeit konnte das Virus unbemerkt weitergegeben werden.

Ein weiterer Faktor, über dessen Bedeutung immer wieder spekuliert wurde, war die Saisonalität bzw. das Wetter. Verbunden damit war die Hoffnung, das Virus werde im Laufe des Sommers auf der Nordhalbkugel weniger stabil bleiben und in der Wirkung nachlassen. Viele Virusinfektionen spielen sich – wie vor allem die Influenza – in kalten Monaten ab. Beim neuen Coronavirus gibt es hingegen keine belastbaren Hinweise, dass das Virus in der wärmeren Jahreszeit erheblich weniger stabil bleibt [176]. Ein Faktor, der in diesem Zusammenhang jedoch wichtig zu werden scheint, ist das vermehrte Aufhalten im Freien während der warmen Monate. Der Aufenthalt in Innenräumen steigert das Risiko der Virusübertragung ganz erheblich [177]. Insofern ist davon auszugehen, dass weniger das Wetter und das Klima für eine geringere Übertragung während des Sommers verantwortlich sind als vielmehr ein saisonal verändertes Freizeitverhalten. Auch kann eine vermehrte Belüftung von Innenräumen die Viruskonzentration senken. Das heißt im Umkehrschluss, dass während Herbst und Winter aufgrund veränderter Verhaltensmerkmale ein größeres Übertragungsrisiko herrscht.

3.5 Die Gefährlichkeit des neuen Coronavirus – Das Messen der Sterblichkeit

Von Beginn der Pandemie an entwickelte sich eine intensive Diskussion im Wissenschaftssystem, aber vor allem auch in anderen gesellschaftlichen Bereichen zur Frage der Gefährlichkeit. Diese Frage ist sowohl aus wissenschaftlichen als auch aus politischen Gründen bedeutsam. Im Raum stand immer der Vergleich zur saisonalen Influenza, also der Virusgrippe, die sich auf der Nordhalbkugel üblicherweise während mehrerer Monate im Winter ausbreitet. Die Virusgrippe ist Todesursache für bis zu mehrere zehntausend Sterbefälle allein in Europa in jedem Jahr. Insofern drängt sich der Vergleich durchaus auf. Sollte die Sterblichkeit durch das Coronavirus in der Nähe von saisonalen Influenza-Epidemien liegen, so hätte dies erheblichen Einfluss auf die Bekämpfung und die Maßnahmen zur Eindämmung der Pandemie. Darüber hinaus hätte dies natürlich auch zahlreiche Konsequenzen im politischen System zur Folge, denn damit hätten sich die Lockdown-Maßnahmen tendenziell als übertrieben herausgestellt – vorausgesetzt, die Influenza-Sterblichkeit würde als ›normal‹ hingenommen.

Das Gesundheitsrisiko durch die Infektion mit dem Coronavirus erstreckt sich allerdings nicht nur auf den möglichen Tod. Im Verlauf der Epidemie wurde immer deutlicher, dass die Infektion sowie die Covid-19-Erkrankung sich auf zahlreiche Organsysteme im menschlichen Körper schädigend ausdehnen kann, die von Lungenembolien über Nierenschädigungen bis hin zu neurologischen Schäden reichen können. Und auch nach erfolgter Rekonvalleszenz können sich längere Schwierigkeiten ergeben, welche den Alltag beschwerlich machen. Atemprobleme können erneut auftreten, Depression und Angst kommen nicht selten bei Überlebenden von Epidemien vor. Wie bei anderen Viruserkrankungen berichten auch Covid-19-Erkrankte von einer weit verbreiteten Müdigkeit. In der Forschung ist dies als post-virale Erschöpfung bekannt und wird gelegentlich auch als chronisches Erschöpfungssyndrom gewertet [178]. Darüber hinaus sind auch länger andauernde neurologische Störungen berichtet worden, die von Hirnentzündungen (Enzephalitis) bis hin zu deliranten und psychotischen Zuständen reichen [179].

Gesundheitsrisiken werden jedoch nicht nur durch die Infektion hervorgerufen, sondern es gibt zahlreiche Risikoerkrankungen, welche die Sterblichkeit deutlich erhöhen. Von Beginn der Pandemie an war klar, dass mit zunehmendem Lebensalter das Sterblichkeitsrisiko steigt, und bei hohem Alter ist dies sogar exponentiell der Fall. Hohes Lebensalter erhöht wiederum das Risiko für Erkrankungen, und diverse Erkrankungen wurden in den ersten Wochen als besonders relevant identifiziert. Es handelte sich im Einzelnen um folgende Krankheiten [180]:

- Herzkreislauferkrankungen inklusive Bluthochdruck,
- Chronische Nierenerkrankungen,
- Chronische Atemwegserkrankungen,
- Chronische Lebererkrankungen,
- Diabetes,
- Krebserkrankungen mit direkter oder indirekter Beeinträchtigung des Immunsystems,
- HIV/AIDS,
- Tuberkulose,
- Chronische neurologische Erkrankungen,
- Sichelzellerkrankung (erblich bedingte Veränderung des Bluts).

Einer Meta-Analyse dieser Risiken für einen Tod durch bzw. mit Covid-19 zu folge sind vor allem Nierenerkrankungen, Erkrankungen des Gehirns (zere-

brovaskuläre Erkrankungen) und Herzkreislauferkrankungen besonders risikant [181]. Bei der Häufigkeit der Verbreitung der Krankheiten unter den Todesopfern im Zusammenhang mit Covid-19 sind insbesondere Bluthochdruck, Diabetes sowie weitere Herzkreislauferkrankungen vorhanden. Viele dieser Krankheitsbilder treten nicht nur in höherem Lebensalter auf, sondern sind, etwa in den Vereinigten Staaten oder in Mexiko, auch bei jüngeren Menschen häufig zu sehen. Daher sind jüngere Menschen mit diesen Erkrankungen ebenfalls einem höheren Sterberisiko während der Pandemie ausgesetzt.

Das Ausmaß der Sterblichkeit während einer Epidemie ist nicht allein durch gesundheitliche Risiken oder biologische Merkmale bestimmt. Als wichtige Faktoren während der Pandemie stellten sich die Kapazität und die Qualität des Gesundheitswesens in den jeweiligen Ländern heraus. Kapazitätsfragen bezogen sich insbesondere auf die Anzahl der Intensivbetten und der Beatmungsgeräte. In vielen Ländern wurden in großer Geschwindigkeit neue Kapazitäten geschaffen, indem etwa Normalstationen umgerüstet wurden oder sogar Notspitäler bzw. -kliniken gebaut wurden. Beatmungsgeräte waren in den ersten Wochen der Pandemie Mangelware und es gab Bieterwettbewerbe um die neu verfügbaren Maschinen. Welche Länder standen nun vor der Pandemie gut da in Sachen Intensivkapazitäten? Noch weit vor der Pandemie, nämlich Ende der 2000er-Jahr wurde eine entsprechende Studie durchgeführt. Hier zeigte sich, dass Deutschland innerhalb Europas die meisten Intensivbetten auf 100.000 Einwohner vorhielt, gefolgt von Österreich und Luxemburg [182]. Großbritannien und Schweden hatten relativ wenig Intensivbetten aufzuweisen, Italien allerdings stand – so wie die Schweiz – im Mittelfeld. Dabei ist zum einen zu beachten, dass diese Erhebung schon relativ alt ist und zwischenzeitlich viele Entwicklung stattgefunden haben, darunter auch Sparmaßnahmen. Im Rahmen einer neuen Studie mit den letzten verfügbaren Daten vor der Pandemie, ergab sich jedoch für die Länder an der Spitze und am Ende der Verteilung kein großer Unterschied. Lediglich die Schweiz rückte bezüglich ihrer Ressourcen deutlich nach oben [183].

Hinzu kommt noch ein weiterer zentraler Faktor, nämlich ausreichend geschultes Personal, das heißt hier insbesondere Pflegende mit einer entsprechenden Ausbildung. Nicht nur aus der Tagespresse, sondern auch aus wissenschaftlichen Untersuchungen ist bekannt, dass beispielsweise in Deutschland vor der Pandemie viele Intensivbetten nicht genutzt werden konnten, weil ein Fachkräftemangel herrschte [184]. Wenn man diese Faktoren nun insgesamt berücksichtigt und mit der Pandemieentwicklung

zusammenbringt, dann wurde schon recht früh, nämlich im März 2020, deutlich, dass die Gesundheitssysteme bestimmter Länder der Nachfrage nach Intensivversorgung nicht Stand halten würden. Dies galt vor allem für Italien und Spanien, im geringeren Maße auch für die Niederlande und Frankreich [185]. Im weiteren Verlauf der Pandemie sind dann bekanntlich gerade Italien, Spanien und Frankreich massiv betroffen worden und haben drastische Maßnahmen zur Unterbrechung der Infektionsketten durchgeführt. Und auch die Niederlande verzeichneten zwischenzeitlich eine Überlastung ihres Systems, so dass – wie auch aus Frankreich und Italien – Patientinnen und Patienten nach Deutschland verlegt wurden, weil dort zu keiner Zeit Kapazitätsprobleme auftraten.

Wie nun kann die Sterblichkeit aufgrund der Pandemie bestimmt werden? Zunächst sind wiederum Definitions- und Methodenfragen zu klären. Dies betrifft nicht die Feststellung des Todes selbst, sondern vielmehr die Feststellung der Todesursache. Die zentrale Frage ist hier, ob ein Mensch aufgrund der Covid-19-Erkrankung gestorben ist oder ob er bzw. sie nicht direkt daran gestorben ist, sondern eine andere Todesursache zugleich mit der Covid-19-Erkrankung aufgetreten ist. Die Beantwortung dieser Frage ist zum einen nicht trivial zur Bestimmung der Gefährlichkeit, zum anderen aber auch nicht trivial in der Feststellung selbst. Relativ sichere Daten können hier nur Autopsien der Verstorbenen liefern – Autopsien werden jedoch nicht in jedem Fall durchgeführt. In der Rechtsmedizin sind folgende vier Kategorien gebildet worden, um für die Todesursachen im Zusammenhang mit einer bestätigten Infektion einen besseren Überblick zu geben [186]:

- Definitiver Covid-19-Tod: Pneumonie (Lungenentzündung) und/oder akutes schweres Atemwegs-Syndrom als Todesursache,
- Wahrscheinlicher Covid-19-Tod: Pneumonie und/oder akutes schweres Atemwegs-Syndrom und eine weitere infektionsbedingte Todesursache (z.B. Lungenembolie),
- Möglicher Covid-19-Tod: Todesursache kann nicht mit Sicherheit durch die Autopsie bestimmt werden (z.B. bei einer Herzarrhythmie) oder eine Infektion der Atemwege bzw. eine Pneumonie aufgrund einer anderen Erkrankung (z.B. chronisch obstruktive Lungenerkrankung),
- Tod bei bestehender Infektion, aber eindeutige andere Todesursache.

Ist schon die Feststellung der Todesursache im Zusammenhang mit der Covid-19-Erkrankung nicht trivial, so kommt nun noch eine weitere Schwie-

rigkeit hinzu, wenn diese Daten berichtet werden sollen. In jedem Land herrschen andere Berichtspflichten und -gepflogenheiten aufgrund unterschiedlicher rechtlicher Grundlagen [187]. Dies macht es in Teilen unmöglich, Angaben zu Todesfällen im Zusammenhang mit Covid-19 zu vergleichen. Manche Länder berichten nur definitiv festgestellte Todesursachen, andere wiederum auch Todesfälle, bei denen eine Covid-19-Erkrankung nicht hauptsächlich zum Tod geführt hat. Sodann werden auch Einschränkungen bei der Herkunft der Daten gemacht. In Großbritannien etwa sind über lange Zeit nur Todesfälle aus Spitätern und Kliniken berichtet worden, wodurch die recht hohe Todesrate in Heimen nicht berücksichtigt wurde.

Nun zu den Zahlen: In den Medien werden üblicherweise andere Maßzahlen herangezogen als in der Wissenschaft. Die Medien berichten zumeist die absolute Fallzahl von Neu-Infektionen und Verstorbenen sowie deren 7-Tages-Durchschnitte, um Schwankungen bei kleinen Fallzahlen ausgleichen zu können. Zusätzlich werden Fallzahlen in Bezug auf die Bevölkerung präsentiert, in der Regel Fälle pro 100.000 Personen oder pro 1.000.000 Personen. Diese Zahlen werden dann nicht selten in Ranglisten präsentiert, um Ländervergleiche zu ermöglichen.

In der Wissenschaft hingegen werden zumeist drei andere Indikatoren hierfür herangezogen, die Fall-Sterblichkeit, die Infektions-Sterblichkeit sowie die Übersterblichkeit. Die beiden ersten Parameter beziehen sich direkt auf das Infektionsgeschehen, die Übersterblichkeit ist ein eher indirektes Maß der Folgen der Pandemie.

Die Fallsterblichkeit (genauer: Fall-Verstorbenen-Anteil) wird definiert durch die Anzahl der Verstorbenen unter den Personen, bei denen die Infektion sicher festgestellt wurde, etwa durch diagnostische Tests [42: 7]. Die Fallsterblichkeit ist sowohl ein sicherer wie auch ein unsicherer Indikator. Sicher ist er in Bezug auf die diagnostizierte Infektion, unsicher hingegen, weil vor allem weit verbreitete Infektionen eine hohe Dunkelziffer haben. Aus diesem Grund ist die Fallsterblichkeit bei der Coronavirus-Pandemie recht unsicher [188]. Auf jeden festgestellten Fall der Infektion kommen gemäß Schätzungen bis zu 10 unentdeckte Fälle.

Um diesem Missstand zu begegnen, wird die Infektionssterblichkeit (genauer: Infizierten-Verstorbenen-Anteil) bestimmt. Hierzu werden etwa Daten zur Fallsterblichkeit in bestimmten Regionen auf eine gesamte Bevölkerung hochgerechnet bzw. modelliert, indem beispielsweise die Merkmale wie Alter und Geschlecht entsprechend angepasst werden, wie unten am Beispiel des Kreuzfahrtschiffs »Diamond Princess« noch erläutert wird. Auch die Infek-

tionssterblichkeit hat einen sicheren und einen unsicheren Anteil. Sicherer als die Fallsterblichkeit ist der Einbezug der Dunkelziffer infizierter Personen, unsicher hingegen ist die Feststellung der Infektion in der Gesamtbevölkerung. Daher basiert die Schätzung der Infektionssterblichkeit oftmals auf repräsentativen Untersuchungen der Bevölkerung, bei denen der Anteil der Menschen mit einer aktuellen oder früheren Infektion über diagnostische Tests auf Antikörper im Blut (Serum) festgestellt wird, die so genannte Seroprävalenz. Aufgrund des Versuchs, die Dunkelziffer mit in die Schätzungen einzubeziehen, ist der Wert der Infektionssterblichkeit immer geringer als der Wert der Fallsterblichkeit.

Über die ersten Monate der Pandemie hinweg sind sowohl bezüglich der Fall- als auch bezüglich der Infektionssterblichkeit verschiedene Studien publiziert worden. Ein auch in den Medien mit großer Aufmerksamkeit bedachtes Ereignis war das Kreuzfahrtschiff »Diamond Princess«, welches im Februar 2020 vor dem japanischen Hafen Yokohama lag. Passagiere und Crew durften aufgrund mehrerer Infektionen das Schiff nicht verlassen und mussten sich in Quarantäne begeben. So ergab sich die Gelegenheit, zu untersuchen, wie viele Personen sich infizierten und anschließend erkrankten sowie – im schlimmsten Falle – verstarben. Eine entsprechende Studie ergab für die an Bord befindlichen Personen eine Fallsterblichkeit von 2,6 Prozent und eine Infektionssterblichkeit von 1,3 Prozent [189]. Das Autorenteam unternahm auch den Versuch, die Resultate auf die Sterblichkeit in China umzurechnen. Hierzu musste beispielsweise die unterschiedliche Altersstruktur zwischen Schiffspassagieren und chinesischer Bevölkerung berücksichtigt werden. Für China wurde eine Fallsterblichkeit von 1,2 Prozent und eine Infektionssterblichkeit von 0,6 Prozent geschätzt.

In der Tendenz bestätigten sich diese Modellrechnungen zur Infektionssterblichkeit auch im weiteren Verlauf der Pandemie, wobei eine nicht unerhebliche Streuung der Resultate festzustellen ist. Zu den eher niedrigen Berechnungen zählte die im deutschsprachigen Raum viel beachtete Heinsberg-Studie, die in einer repräsentativen Stichprobe ungefähr 900 Personen untersuchte. Diese Studie schätzte die Infektionssterblichkeit auf 0,36 Prozent [190].

Zu einer nochmals deutlich geringeren Sterblichkeit kam eine amerikanische Studie, die Daten aus dem kalifornischen Santa Clara County berichtete. Hier wurde die Infektionssterblichkeit auf der Basis der Seroprävalenz auf 0,12 bis 2 Prozent geschätzt [191]. In der Folge wurde diese Studie vor allem in den USA im eher politisch rechten und generell skeptischen Lager als

ein zentraler Beleg für eine vermeintlich übertriebene Bekämpfung der Pandemie betrachtet. Im Verlauf deckte das Online-Magazin *Buzzfeed* auf, dass die Studie in Teilen von dem Eigentümer einer Fluglinie finanziert wurde, der sich skeptisch gegenüber dem Lockdown geäußert hatte. Zudem wurden in der Studie zahlreiche methodische Probleme aufgedeckt [192]. Die Arbeit wurde nach diversen kritischen wissenschaftlichen Beiträgen in Teilen revidiert und die Infektionssterblichkeit wurde auf 0,17 Prozent präzisiert. Ob dieser vergleichsweise niedrige Wert das Resultat von tatsächlichen geografischen Schwankungen war oder mit der nicht dem Standard entsprechenden Methode zusammenhing, mit der Teilnehmende rekrutiert wurden, ist nicht geklärt.

Die meisten Studien, welche die Infektions-Sterblichkeit untersuchten, kamen zu höheren Ergebnissen. Eine schweizerische Untersuchung, die ebenfalls auf der Basis der Untersuchung von Antikörpern im Serum arbeitete, berechnete beispielsweise eine landesweite Sterblichkeit in Bezug auf alle Infektionen durch das Coronavirus auf 0,64 Prozent [193]. Dieser Wert deckte sich in etwa mit dem Resultat einer so genannten Meta-Analyse [194]. Hierbei handelt es sich um eine summierte Statistik, die mehrere Veröffentlichungen zusammenfasst. Die Forschungsprojekte hinter den Veröffentlichungen arbeiten idealerweise nach der jeweils gleichen Methodik. Für diese Meta-Analyse, die eine Infektions-Sterblichkeit von 0,68 Prozent ergab, wurden 26 primäre Studien ausgewertet. Allerdings verbarg sich dahinter eine recht große Heterogenität, so dass in verschiedenen Ländern vermutlich unterschiedliche Infektions-Sterblichkeiten zu registrieren sein könnten. Der Vollständigkeit halber sei festgehalten, dass weitere Übersichtsstudien mit anderen statistisch-methodischen Ansätzen sowohl niedrigere [195] als auch höhere Resultate [196] der Infektions-Sterblichkeit berechnet haben. Insofern scheint es vernünftig und angemessen zu sein, der zitierten Meta-Analyse zu vertrauen und von einer Infektionssterblichkeit von circa 0,7 Prozent auszugehen.

Fall- und Infektions-Sterblichkeit hängen relativ eng mit bestimmten methodischen Eigenschaften wie Testungen zusammen. Diese beiden Maßzahlen geben immer nur Ausschnitte des Sterblichkeitsgeschehens wieder. Ein weiterer Indikator, der im Verlauf der Pandemie zunehmend in das allgemeine Interesse rückte, ist die so genannte Übersterblichkeit (wissenschaftlich: Exzess-Mortalität). Hierbei handelt es sich – anders als bei den zwei zuvor genannten Indikatoren – nicht um ein spezifisches Maß für die Todesfälle nach Covid-19-Erkrankung. Die Übersterblichkeit bildet das gesamte Sterb-

lichkeitsgeschehen in einem Land oder einer Region ab, indem alle Todesfälle in einem bestimmten Zeitraum (zum Beispiel wöchentlich) mit den zu erwartenden Todesfällen verglichen werden. Die zu erwartenden Todesfälle werden aus früheren Jahren ermittelt, und es wird ein Unsicherheits-Intervall beifert, in dem die Anzahl der Todesfälle zu bestimmten Jahreszeiten ›eigentlich‹ liegen sollten. Aufgrund von allgemeinem Infektionsgeschehen sind so beispielsweise in den Wintermonaten auf der Nordhalbkugel generell mehr Sterbefälle zu erwarten als während des Sommers. Die Übersterblichkeit berücksichtigt diese saisonalen Unterschiede. Ergeben die Daten jedoch, dass mehr Menschen gestorben sind als in dem Unsicherheits-Intervall zu erwarten waren, stellt man die Übersterblichkeit fest.

Es gibt – dies sei nur der Vollständigkeit halber festgehalten – auch eine Unter-Sterblichkeit, nämlich dann, wenn deutlich weniger Menschen zu Tode kommen als üblicherweise. Während der Pandemie ist dieses Phänomen in einzelnen Ländern wie Frankreich tatsächlich aufgetreten [197]. Hintergrund dafür ist der strikte Lockdown gewesen, der unter anderem zu massiven Rückgängen der Verkehrstätigkeit geführt hat. In diesen Zeiten geschehen dann auch deutlich weniger Unfälle, wodurch insgesamt die Sterblichkeit in einem Land unter das ›Normalmaß‹ sinken kann.

Da der Indikator Übersterblichkeit sämtliche Sterbefälle abbildet, hat er für die Einschätzung der Gefährlichkeit des Coronavirus und der Covid-19-Erkrankung bestimmte Vor- und Nachteile zu bieten. Fangen wir mit den Nachteilen an. Wie leicht einleuchtet, kann bei der Übersterblichkeit nicht zwischen Covid-19-Todesfällen und anderen Todesursachen unterschieden werden. Aus der Erfahrung ist es recht wahrscheinlich, dass während der Pandemie auch andere Todesursachen häufiger werden können, beispielsweise durch das Nicht-Aufsuchen medizinischer Behandlungen aufgrund von Ängsten, sich zu infizieren. Gleches kann auch durch das Verschieben nicht-notwendiger Operationen passieren. Während der Pandemie sind in der Regel vorsorglich Bettenkapazitäten für potenziell infizierte Patientinnen und Patienten geschaffen worden, wodurch dann geplante Operationen über mehrere Wochen und Monate hinweg ausfallen mussten. Einer Auswertung von Todesfällen aus New York aus der besonders belasteten Periode mit vielen Sterbefällen dort zufolge, machen Covid-19-Erkrankungen 68 Prozent der Übersterblichkeit aus [29]. Auf Herzgerkrankungen und Diabetes sind weitere 10 Prozent der Fälle zurückzuführen, Grippe und andere Atemwegserkrankungen machen zusätzlich 5 Prozent der Sterbefälle aus. Diese Daten geben verständlicherweise nur die aktuellen Sterbefälle wieder. Aufgrund

von nicht in Anspruch genommener Behandlungen oder aber verschobener Diagnostik- oder Operationstermine sind viele weitere Sterbefälle in zukünftigen Jahren zu erwarten, beispielsweise im Zusammenhang mit Krebskrankungen [198].

Dieser Umstand, dass nämlich nicht von vornherein zwischen Todesursachen unterschieden werden kann bei der Übersterblichkeit, ist jedoch nicht nur Nachteil, sondern aus einer anderen Perspektive durchaus von Vorteil. Damit können eben auch die weiteren Auswirkungen der Pandemie analysiert werden, die ansonsten bei der ausschließlichen Betrachtung der Fall- oder Infektions-Sterblichkeit außer Acht bleiben würden.

Verschiedene wissenschaftliche und journalistische Webseiten haben es während der Pandemie ermöglicht, die Übersterblichkeit im Wochen- oder Monatsrhythmus zu verfolgen. Eine schon vor der Pandemie bestehende wissenschaftliche Initiative ist das EuroMOMO-Projekt (Abkürzung für: *European monitoring of excess mortality for public health action*) [197]. Die gut zugängliche Webseite des Projekts berichtet wöchentliche Updates in grafischer Form für die Sterblichkeit in mehreren EU-Ländern, Großbritannien und der Schweiz. Für Deutschland sind allerdings nur zwei Regionen daran beteiligt, nämlich die Bundesländer Hessen und Berlin. Für die Pandemie-Situation ist die Auswahl dieser beiden Regionen insofern vorteilhaft, als ein Flächenstaat und die größte deutsche Stadt vertreten sind. Die EuroMOMO-Webseite ist auch für Vergleiche zwischen den Ländern und zwischen verschiedenen Zeitperioden besonders geeignet, weil beispielsweise unterschiedlich große Einwohnerzahlen der Länder berücksichtigt werden. Hierzu wird ein spezielles statistisches Verfahren angewendet (z-Standardisierung), das allerdings für Länder mit kleinen Einwohnerzahlen mit einer gewissen Vorsicht zu genießen ist [199].

Bei der Betrachtung der Daten der dort berichteten Mortalitätshäufigkeiten fällt eine deutlich erhöhte Übersterblichkeit während der Pandemiephase im Frühjahr 2020 für die folgenden Länder auf: Belgien, Frankreich, Italien, Niederlande, Spanien, England, Schottland und Wales. Weniger ausgeprägt, aber dennoch über der erwarteten Sterblichkeit liegen Irland, Schweden, die Schweiz und Nordirland. Die beiden deutschen Regionen Hessen und Berlin weisen keinerlei Übersterblichkeit auf, genauso wie Österreich, Estland, Finnland, Griechenland, Ungarn, Luxemburg, Malta, Norwegen und Portugal.

Da die schwedischen Daten während der Pandemie besonders aufmerksam in den Medien und in der Öffentlichkeit beobachtet wird, sei hier auf

eine Besonderheit hingewiesen. Im Gegensatz zu allen anderen an dem Projekt beteiligten Ländern fällt die Kurve der Übersterblichkeit für dieses skandinavische Land nach dem Anstieg nicht stark ab, sondern geht über mehrere Wochen hinweg langsam zurück. Dies korrespondiert offenbar mit den Unterschieden in den staatlich verordneten Maßnahmen. Während alle anderen besonders betroffenen Länder sehr einschneidende Restriktionen durchsetzten und dadurch die Mortalität wieder auf ein zu erwartendes Maß senkten, setzte Schweden zunächst auf Verhaltensempfehlungen und verhängte erst im Verlauf der Zeit einige Restriktionen, die sich erst mit einer gewissen Verzögerung auswirkten.

Aus den EuroMOMO-Darstellungen lässt sich das Ausmaß der Übersterblichkeit nicht genau quantifizieren. Dies ermöglichen aber Datenseiten, wie diejenigen der Zeitschrift *The Economist* [200]. Dort wurde die Übersterblichkeit für diverse Länder als Anzahl pro 100.000 Einwohner in Relation zu den Durchschnittsdaten vergangener Jahre berechnet. Bis Mitte August 2020 hatte Großbritannien die meisten dieser Fälle mit 96, dann folgten Italien (78), Belgien (72), die Niederlande (54), die Vereinigten Staaten (54), Portugal (52), Schweden (52), Frankreich (45), Österreich (17), die Schweiz (17), Deutschland (11), Dänemark (8) und Norwegen verzeichnete eine Untersterblichkeit von -5. Während in den europäischen Staaten die Übersterblichkeit über den Sommer 2020 zumeist vollkommen rückläufig war, stellte sich die für die Vereinigten Staaten anders dar. Noch bis in den August des Jahres wurde hier eine erhebliche Exzessmortalität registriert [201].

Eine weitere Frage, die häufig im Zusammenhang mit Covid-19-Erkrankungen und -Sterbefällen gestellt wurde, war die nach der Lebenszeit, welche den Menschen, die gestorben sind, noch geblieben wäre, wenn das Virus sie nicht infiziert hätte. Angesichts der Rolle des Lebensalters und der Vorerkrankungen bei den Sterbefällen, ist von der Lockdown-Kritik gelegentlich die Meinung geäußert worden, die betroffenen Menschen seien ohnehin in Bälde gestorben. So hatte sich beispielsweise der grüne Oberbürgermeister der deutschen Stadt Tübingen in der Presse entsprechend vernehmen lassen [202]. Um diese Fragestellung empirisch zu prüfen, gibt es in der Gesundheitsforschung das Maß der verlorenen Lebensjahre (engl. *Years of Life Lost*, YLL). Auch dieser Indikator ist methodisch recht kompliziert, insbesondere, wenn potenziell mehrere Todesursachen in Frage kommen können, wie es bei der Diskussion um die Todesursache wegen der Virusinfektion oder mit der Virusinfektion angesprochen wurde. Gleichwohl lassen sich aus Modellierungsstudien Hinweise entnehmen, dass die betroffenen

Menschen durchaus noch mehrere Lebensjahre vor sich gehabt hätten, von ungefähr 10 Jahren ist dort die Rede [203].

3.6 Covid-19 und die Virusgrippe – Wie gefährlich ist die Coronavirus-Pandemie?

Im vorherigen Kapitel wurde gezeigt, dass die saisonalen Influenza-Epidemien bzw. -Pandemien mehrere hunderttausend Tote pro Saison verursachen können. Aus diesem Grund liegt es nahe, die beiden Erkrankungen statistisch zu vergleichen mit Bezug auf die Folgen, insbesondere auf die Sterblichkeit. Das Lager der Lockdown-Skepsis, inklusive des amerikanischen Präsidenten, unternahm diesen Vergleich relativ häufig und zitierte entsprechende relativ niedrige Infektionssterblichkeits-Raten, beispielsweise aus der Heinsberg-Studie [190] oder aus der Santa Clara County-Studie [191].

Ein weiterer Zusammenhang besteht in den teils relativ ähnlichen Übertragungen sowie ähnlicher Symptome, die sowohl von Virusgrippen als auch von Covid-19-Erkrankungen hervorgerufen werden [204]. Auch die Reproduktionszahlen liegen relativ nah beieinander. Ein deutlicher Unterschied besteht hingegen in den möglichen Krankheitsverläufen. So ist der Anteil der Personen, die auf einer Intensivstation behandelt werden müssen, bei Covid-19-Erkrankungen deutlich größer. Dies hängt sicher auch mit unterschiedlichen epidemiologischen Merkmalen zusammen. An einer Influenza erkranken wesentlich mehr jüngere Menschen als dies bei Covid-19 der Fall ist.

Der genaue statistische Vergleich der Sterblichkeit zwischen Covid-19 und der Influenza ist eine erhebliche Herausforderung. Das zentrale Problem ist die ausbleibende sichere Feststellung des Todes durch eine Grippeinfektion, während in den Zeiten der Pandemie der Nachweis einer Infektion deutlich häufiger geschieht. Dazu zwei Beispiele: In der Schweiz sind gemäß der Daten des Bundesamts für Statistik BFS im Jahr 2017 genau 284 Personen nachgewiesen an einer Grippe verstorben [205]. In Deutschland waren es ein Jahr später den Daten der Gesundheitsberichterstattung zufolge 1741 Personen [206]. Diese beiden Zahlen bilden mit Sicherheit das Sterbegeschehen während einer Grippesaison nicht ausreichend ab. Aufgrund dieser Problematik werden Zahlen zur Sterblichkeit wegen einer Grippe in der Regel mittels statistischer Modelle berechnet, also geschätzt. In den Vereinigten Staaten wird die entsprechende Sterblichkeit auf diese Weise auf bis zu sechsmal häufiger geschätzt als die nachgewiesenen Grippe-Sterbefälle [207]. Gemäß

einer Datenübersicht des Robert-Koch-Instituts liegen diese Schätzungen in Deutschland sogar bis zu einem Faktor 20 über den nachgewiesenen Grippe-Sterbefällen [119]. Demnach gab es allein in den Jahren nach 2010 vier Grippezeiten mit jeweils mehr als 20.000 Todesfällen.

Eine Ausnahme scheint Dänemark zu sein, wo offenbar umfangreich auch auf Influenza getestet wird. In einer Bevölkerungsstudie, deren Daten ungefähr die Hälfte der dänischen Einwohner umfasste, wurde ein direkter Vergleich der Sterblichkeit zwischen Personen unternommen, die positiv auf das Coronavirus und denen, die positiv auf Influenza-Viren getestet wurden [208]. Das relative Risiko an bzw. mit Covid-19 zu versterben lag dabei zwischen 3,0 bei stationär behandelten Personen und 5,4 bei ambulant behandelten Personen. Das Risiko an und mit dem Coronavirus zu sterben, war also deutlich größer als bei einer Infektion mit einem Influenzavirus.

Für den umfassenden Vergleich zwischen der Sterblichkeit von Covid-19 und der Influenza eignet sich näherungsweise erneut die EuroMOMO-Webseite [197]. Da hier – wie berichtet – statistische Verfahren angewendet werden, um auch zeitliche Vergleiche möglich zu machen, bietet sich eine genauere Sicht an. Die Daten liegen hier seit 2015/2016 vor. Der z-Faktor beschreibt dabei die Abweichung vom zu erwartenden Mittelwert. Demnach ergibt sich für die Schweiz beispielsweise Folgendes: In der Grippezeit 2015 betrug die maximale Abweichung 10,01. Während der Coronavirus-Pandemie waren es maximal 11,38. Für Schweden wurde im Jahr 2018 der Höchstwert von 5,24 registriert, in 2020 war es 12,93. In Spanien lag die stärkste Abweichung in der Saison 2016/2017 bei 13,2, in der Pandemie-Zeit bei 43,57.

Allein diese Vergleiche machen deutlich, dass die Sterblichkeit während der Coronavirus-Pandemie in vielen Ländern um ein Mehrfaches über der Mortalität »normaler« Grippezeiten liegt. Dabei müssen jedoch noch die Auswirkungen des Lockdowns (oder weniger drastischer Maßnahmen im Falle Schwedens) berücksichtigt werden, welche die Sterblichkeit massiv gesenkt haben. Die Sterblichkeit würde mit Sicherheit in den meisten Ländern drastisch gegenüber einer Grippezeit erhöht sein, wenn nicht der Lockdown implementiert worden wäre.

3.7 Schlussfolgerungen – Das Virus und der Lockdown

Welche Informationen lassen sich aus diesem Kapitel für die Frage der Notwendigkeit des Lockdowns herausziehen? Von zentraler Bedeutung ist die

Neuartigkeit des Virus, das Überspringen der Artenbarriere zwischen Tier und Mensch und die schnelle globale Ausbreitung. Die Neuartigkeit hat zur Folge, dass vermutlich 100 Prozent der Bevölkerung empfänglich für die Infektion sind. Und das Vorkommen in Asien war kein Grund, nicht daran zu denken, dass Länder in Europa oder Nordamerika nicht betroffen sein könnten. Diese Potenziale und Dynamiken wurden nicht adäquat eingeschätzt.

Selbst wenn nur ein kleiner Teil der Infizierten und nachfolgend Erkrankten eine stationäre Behandlung in Anspruch nehmen muss, sind aufgrund der Übertragungsgeschwindigkeit des Virus die Kapazitäten des Gesundheitswesens schnell ausgeschöpft. Daher spielt auch die Belastbarkeit des Gesundheitswesens und hier vor allem der Intensivstationen eine große Rolle. In vielen Ländern war man sich offenbar nicht sicher, dass diese halten würden. Selbst in Deutschland, wo vergleichsweise viele Ressourcen vorhanden waren, wurden Notspitäler bzw. -kliniken aufgebaut. Eine Pandemieplanung, welche eine Infektion wie die im Frühjahr 2020 in den Griff bekommen und entsprechende Kapazitäten vorgehalten hätte, war kaum irgendwo umgesetzt worden.

Weiterhin unterschätzten die Auswirkungen auf bestimmte Personengruppen. Die schon aus China vorliegenden epidemiologischen Informationen legten nahe, dass ältere und vorerkrankte Menschen ein erhöhtes Sterberisiko haben. Mit Ausnahme von Hongkong, Südkorea und Singapur [209] haben jedoch kaum Länder entsprechende Maßnahmen getroffen für Alters- und Pflegeheime, beispielsweise ausreichend Schutzmaterial vorzuhalten und Richtlinien über die Zusammenarbeit mit Spitäler auszuarbeiten. In diversen Ländern, etwa in Italien, den Vereinigten Staaten sowie in Großbritannien, sind während der Wochen mit hoher Belastung im Gesundheitswesen ältere Menschen aus Spitäler in Pflegeheime verlegt worden, und dies offensichtlich ungetestet auf das Coronavirus [210]. Um die Fallzahlen an Todesfällen in diesen Settings in Grenzen zu halten, mussten massive Restriktionen erfolgen.

Epidemiologische Daten lagen aus China auch für die große Anzahl asymptomatischer Fälle und der relativ langen Zeit bis zum Erleben von Symptomen bei einer Erkrankung vor. Personen, die noch keine oder gar keine Symptome erleben, sind in der Regel nicht motiviert, sich an Verhaltensregeln zu halten. Offensichtlich können hier nur administrative Maßnahmen greifen. Unterschätzt wurde auch das Potenzial von Superspreading-Events. Noch lange wurden beispielsweise nationale und internationale Fußballspiele

mit großen Zuschauerzahlen zugelassen als längst klar war, wie sehr Massenveranstaltungen zur Verbreitung des Virus beigetragen haben.

Anfang März 2020 lagen die Reproduktionszahlen in Deutschland und in der Schweiz knapp unter 4. Bei einer weiteren Zunahme der Infektionen wäre das Gesundheitswesen flächendeckend unter Druck gekommen und nicht nur regional, wie etwa in der Schweiz im Tessin und in der Romandie, wo die Belastbarkeit teilweise überschritten wurde. Für die Schweiz ist die Belastbarkeitsgrenze schon bei einer Reproduktionszahl von 1,5 bis 2 erreicht [211], wenn damit eine große Prävalenz der Fälle verbunden ist. Das Potenzial für eine Epidemie, die außer Kontrolle geraten konnte, war vorhanden. Insofern war aus epidemiologischer Sicht geboten, nicht-pharmakologische Interventionen wie den Lockdown zu implementieren.

Im Verlauf von Frühjahr und Frühsommer 2020 wurden die Lockdown-Maßnahmen in den meisten Ländern des globalen Nordens eingeführt, allerdings mit unterschiedlicher Dauer und Rigidität (Details dazu in Kapitel 6). Bedingt durch die Restriktionen und durch die Anpassung individuellen Verhaltens an die Maßregeln sowie aus Sorge vor einer Infektion gingen die Neuinfektionen und die Sterblichkeitszahlen teils rasch, teils weniger rasch (z.B. Schweden und Vereinigte Staaten) zurück. Während des Sommers entwickelte sich in vielen Ländern ein deutlich verändertes epidemiologisches Bild gegenüber den ersten Wochen und Monaten der Pandemie. Zum einen stieg die Anzahl der Neuinfektionen leicht, ohne jedoch in vielen Regionen in exponentielles Wachstum zu gelangen. Wesentlichen Anteil an den vermehrten bestätigten Neuinfektionen hatte die Ausweitung der Testkapazitäten, wodurch die Dunkelziffer der Virusverbreitung verringert wurde. Die Test-Positivitäts-Rate blieb in der Schweiz auf leicht erhöhtem Niveau stabil (3 – 4 Prozent) [212], in Deutschland lag sie sogar erheblich niedriger (0,6 – 1 Prozent) [213]. Die von der Weltgesundheitsorganisation postulierte Grenzmarke von 5 Prozent wurde nicht erreicht.

Zum zweiten sank mit der leicht zunehmenden täglichen Inzidenz das Durchschnittsalter der infizierten Personen, beispielsweise in Deutschland auf 34 Jahre Anfang August 2020. Im April des Jahres hatte dies noch 50 Jahre betragen [214]. Die Hintergründe liegen zum einen in dem oftmals drastischen Schutz der Bewohnenden von Alterseinrichtungen vor einer Infektion und durch eine größere Exposition jüngerer Menschen im Rahmen von Freizeit und Ferienreisen. Die geringe Zunahme der bestätigten Neuinfektionen führte jedoch bis weit in den August 2020 hinein weder in Deutschland noch in der Schweiz zu steigenden Behandlungszahlen in Kliniken und Spitälern

und auch nicht zu einer vermehrten Sterblichkeit. Gleichermaßen galt für verschiedene weitere Regionen. Jüngere Menschen haben – wie oben ausgeführt – ein geringeres Erkrankungs- und Sterblichkeitsrisiko nach einer Infektion mit dem neuen Coronavirus. Neben der Verjüngung der Infizierten wurde auch über eine Abschwächung der Infektion spekuliert. Eine in Asien identifizierte weniger schwere Variante der Infektion hatte eine geringere inflammatorische Reaktion zur Folge, wodurch weniger schwerwiegende klinische Bilder entstanden [215]. Ob und inwieweit sich diese klinischen und epidemiologischen Entwicklungen stabilisieren oder aber während des Herbsts und des Winters von 2020 auf 2021 neue Belastungen auf die Gesundheitssysteme zukommen werden, darüber kann im Sommer 2020 nur spekuliert werden. Neben dem vermehrten Aufenthalt der Bevölkerung in Innenräumen, wodurch die Übertragungswahrscheinlichkeit steigt, ist verschiedentlich auf das Risiko des gemeinsamen Auftretens einer saisonalen Influenza und der Coronavirus-Infektion hingewiesen worden [216]. Unklar ist in diesem Zusammenhang, welche Auswirkungen die gleichzeitige Infektion haben könnte und ob sich schlicht die steigenden Fallzahlen beider Infektionsereignisse zu einer Überlastung der Behandlungskapazitäten aufaddieren können.