



AKTUELLE DATEN UND INFORMATIONEN
ZU INFJEKTIONSKRANKHEITEN UND PUBLIC HEALTH

13
2021

1. April 2021

Epidemiologisches Bulletin



**Modellprognosen für die dritte Welle
der SARS-CoV-2-Pandemie |
COVID-19 im Schulsetting**

Inhalt

Einfluss von Impfungen und Kontaktreduktionen auf die dritte Welle der SARS-CoV-2-Pandemie und perspektivische Rückkehr zu prä-pandemischem Kontaktverhalten

3

Für die Abschätzung der voraussichtlichen Effekte der COVID-19-Impfung in der Bevölkerung in Deutschland und den Vergleich möglicher Strategien zur Priorisierung einzelner Bevölkerungsgruppen bei Knappheit der verfügbaren Impfstoffdosen wurde ein mathematisches Modell entwickelt. Es ermöglicht nicht nur die Abbildung des aktuellen Infektionsgeschehens, sondern kann über Fragestellungen zur Impfstrategie hinaus auch Strategien zur Lockerung der bestehenden bzw. die Wiederaufnahme von Kontaktbeschränkungen analysieren. Dabei können saisonale Effekte auf die Übertragung von SARS-CoV-2 sowie der Einfluss neuer Virusvarianten berücksichtigt werden.

(Dieser Beitrag erschien online vorab am 31. März 2021.)

Epidemiologie von COVID-19 im Schulsetting

23

Das Verständnis der Bedeutung von Kindern und Jugendlichen für das epidemiologische Geschehen der COVID-19-Pandemie ist wichtig, damit sich Maßnahmen daran orientieren können. Nun wurde untersucht, wie häufig Schülerinnen und Schülern zwischen 6 und 20 Jahren mit SARS-CoV-2 infiziert sind und wie oft es zu Schulausbrüchen kommt. Basierend auf publizierten Modellberechnungen wurde ebenfalls untersucht, welche infektionsepidemiologischen Folgen bei Wiedereröffnung der Schulen zu erwarten sind.

(Dieser Beitrag erschien online vorab am 25. Februar 2021.)

Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten: 12. Woche 2021

37

Monatsstatistik nichtnamentlicher Meldungen ausgewählter Infektionen

40

Impressum

Herausgeber

Robert Koch-Institut
Nordufer 20, 13353 Berlin
Telefon 030 18754–0

Redaktion

Dr. med. Jamela Seedat
Dr. med. Maren Winkler (Vertretung)
Telefon: 030 18754–23 24
E-Mail: Seedat@rki.de

Nadja Harendt (Redaktionsassistenz)
Telefon: 030 18754 – 24 55
Claudia Paape, Judith Petschelt (Vertretung)
E-Mail: EpiBull@rki.de

Allgemeine Hinweise/Nachdruck

Die Ausgaben ab 1996 stehen im Internet zur Verfügung:
www.rki.de/epidbull

Inhalte externer Beiträge spiegeln nicht notwendigerweise die Meinung des Robert Koch-Instituts wider.

Dieses Werk ist lizenziert unter einer Creative Commons Namensnennung 4.0 International Lizenz.



ISSN 2569-5266



Das Robert Koch-Institut ist ein Bundesinstitut im Geschäftsbereich des Bundesministeriums für Gesundheit.

Einfluss von Impfungen und Kontaktreduktionen auf die dritte Welle der SARS-CoV-2-Pandemie und perspektivische Rückkehr zu prä-pandemischem Kontaktverhalten

Allgemein/Einleitung

Für die Abschätzung der voraussichtlichen Effekte der COVID-19-Impfung in der Bevölkerung in Deutschland und den Vergleich möglicher Strategien zur Priorisierung einzelner Bevölkerungsgruppen bei Knappheit der verfügbaren Impfstoffdosen wurde ein mathematisches Modell entwickelt. Das Modell ermöglicht es, das aktuelle Infektionsgeschehen abzubilden und darauf aufbauend kontraktionsanalytische Analysen durchzuführen, um evidenzbasierte Entscheidungen zu treffen. Über Fragestellungen zu Impfstrategien hinaus können mit Hilfe des Modells auch Strategien zur Lockerung der bestehenden bzw. die Wiederaufnahme von Kontaktbeschränkungen analysiert werden. Dabei können saisonale Effekte auf die Transmission sowie der Einfluss neu auftretender mutierter Varianten von SARS-CoV-2 (variants of concern; VOC) berücksichtigt werden.

Methode

Um die Transmissionsdynamik von SARS-CoV-2 zu modellieren, wurde ein deterministisches Kompartimentmodell für die Gesamtbevölkerung in Deutschland erstellt. Die Modellpopulation wird dabei sowohl in Altersgruppen als auch nach Vorerkrankungen in Risikogruppen eingeteilt. Die strukturellen Elemente dieses mathematischen Modells umfassen neben den Bevölkerungsgruppen den natürlichen Krankheitsverlauf von COVID-19, Muster von Kontakt- und Schutzverhalten sowie Module zu verschiedenen Impfstoffen und Impfstrategien.

Modellstruktur

Das Modell ist ein dynamisches Transmissionsmodell, das den Verlauf des Infektionsgeschehens auf Bevölkerungsebene modelliert. Die grundsätzliche Struktur ist ein erweitertes SEIR (engl. *Susceptible* → *Exposed* → *Infectious* → *Recovered*) Modell. Die Tran-

sitionen zwischen den einzelnen Kompartimenten sind in Form eines Differenzengleichungsmodells mit Zeitschritten von einem Tag umgesetzt.

Zu jedem Zeitpunkt wird die Bevölkerung in Kompartimente unterteilt, die die verschiedenen Stadien des Krankheitsverlaufs abbilden: Suszeptible (S), Infizierte in der Inkubationsphase (E), präsymptomatische (P), symptomatische (I) und asymptomatische (A) Personen. Zwei weitere Kompartimente bilden die Anzahl der hospitalisierten (H) und aufgrund von COVID-19 verstorbenen Personen (D) ab. Verschiedene Studien zur Seroprävalenz geben Hinweise darauf, dass in Deutschland eine Dunkelziffer unentdeckter Fälle existiert, die nicht in den Meldefällen erfasst wird. Um dies im Modell zu berücksichtigen, werden die oben genannten Kompartimente repliziert und bilden einen Quarantäne- bzw. Meldearm. Diese Q-Kompartimente bilden also jene Personen ab, die sich im entsprechenden Krankheitsstadium befinden und in den Melddaten erfasst sind. Damit geht einher, dass sich diese Personen bis zu einem gewissen Grad in Quarantäne bzw. Isolation befinden, da sie von ihrer Infektion wissen. Damit dienen die Q-Kompartimente den gemeldeten Fallzahlen, während in den anderen Kompartimenten die unentdeckten Infektionen, die sogenannte Dunkelziffer, abgebildet werden.

Die Verteilung der Infizierten in den Arm der Dunkelziffer oder den Meldearm der Q-Kompartimente wird über zwei Parameter gesteuert. Zunächst werden Neuinfektionen in E bzw. QE aufgeteilt. Dies spiegelt grob die Kontaktverfolgung wieder, da hier infizierte Personen, die als Kontaktpersonen von bereits gemeldeten Fällen bekannt sind, gemeldet werden bevor sie infektiös sind oder Symptome zeigen. Die Verteilung in E oder QE wird über einen Parameter ω gesteuert, der an die Teststatistik gekoppelt ist. Mit Hilfe der Anzahl der täglich durch-

geführten Tests und dem prozentualen Anteil der positiven Tests wird die altersabhängige Positivrate bestimmt, d. h. die Wahrscheinlichkeit einer SARS-CoV-2-Infektion gegeben eines durchgeführten Tests. ω korrespondiert zur Wahrscheinlichkeit einer SARS-CoV-2-Infektion gegeben keines durchgeführten Tests. Diese Wahrscheinlichkeit ist umso niedriger je höher der Anteil an Personen einer Altersgruppe ist, die an einem Tag einen Test erhalten haben. Dieses Vorgehen ermöglicht dem Modell, zeitabhängig und altersspezifisch die Dunkelziffer zu approximieren. Als zweiter Parameter steuert ξ den Anteil der symptomatischen Personen, die aus dem I-Kompartiment ins QI-Kompartiment übergehen. Dies entspricht denjenigen Personen, die bis zum Auftreten der Symptome nicht von ihrer Infektion wissen und erst aufgrund der Symptomatik getestet werden.

Modellparameter

Um die festen Parameter des Modells zu informieren, wurde eine Literaturrecherche in öffentlich zugänglichen und RKI-internen Datenbanken durchgeführt. Für die meisten Parameter zum Krank-

heitsverlauf und zur Übertragung (z. B. Inkubationszeit, Infektiosität vor und nach Einsetzen der Symptome) wurden mittels einer Meta-Regression alterstratifizierte Werte aus wissenschaftlichen Artikeln (publiziert und Preprint) geschätzt. Dabei wurde für jeden Parameter ein Datensatz mit imputierten Alterswerten anhand der Altersangaben aus den Studien erstellt. Die Meta-Analysen wurden mit diesen Datensätzen mittels *random-effects* Modellen durchgeführt, um altersspezifische Werte für die Parameter zu ermitteln. Modellparameter zu Hospitalisierung, Dauer des Krankenhausaufenthaltes und Mortalität wurden spezifisch für Deutschland anhand der SurvNet-Daten geschätzt. Die Belegung der intensiv-medizinischen (ITS-) Betten wird nicht im Modell selbst, sondern im Nachhinein auf Grundlage der Anzahl der hospitalisierten Personen berechnet. Hierfür wurde ein alters-unspezifischer Anteil von 10 % der hospitalisierten Meldefälle genutzt, für den eine ITS-Behandlung gemeldet wurde. Die Liegedauer dieser Patienten wurde, ebenfalls auf Basis der Meldedaten, um 25 % erhöht. Die Kapazitätsgrenzen der ITS-Betten wurden auf Grundlage der Zahlen des DIVI-Registers berech-

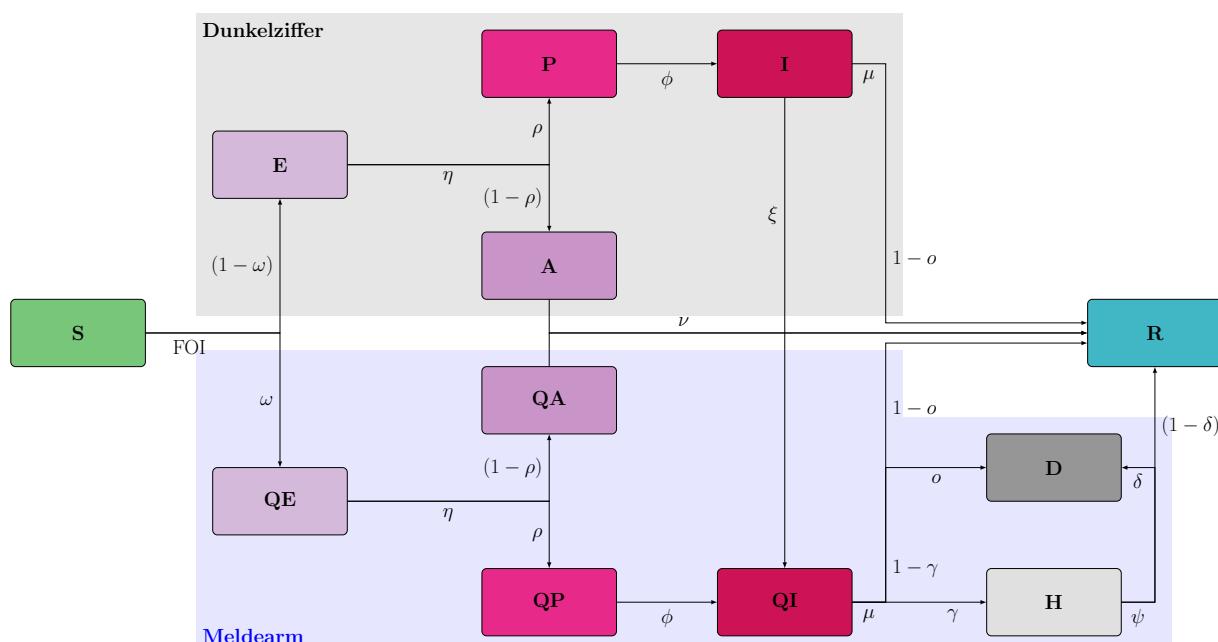


Abb. 1 | Schematische Modellstruktur: Das Modell umfasst Kompartimente für Suszeptible (S), Infizierte in der Inkubationsphase (E), präsymptomatische (P), symptomatische (I) und asymptomatische (A) Personen, sowohl für die gemeldeten Fälle (Q) als auch unentdeckte Fälle. Weitergehend wird bei gemeldeten Fällen in hospitalisierte (H) und verstorbene (D) Personen unterschieden. In beiden Armen landen Personen nach durchgemachter Infektion in einem Kompartiment für genesene Personen, dass je nach Nachweismöglichkeit von Antikörpern aufgeteilt ist (RS, R).

	Parameter	Werte (Median über das Alter)	Quelle
η	Altersspezifische Inkubationszeit	6,8 Tage	Meta-Regression basierend auf 12 Studien ^{3–14}
	Infektiosität der asymptomatischen Fälle relativ zu symptomatischen Fällen	23,1%	Meta-Analyse ¹⁵
	Infektiosität der präsymptomatischen Fällen relativ zu symptomatischen Fällen	69,2%	Meta-Analyse ¹⁵
	Reduktion der Kontakte von Infizierten in Quarantäne	95 %	Annahme
μ	Altersspezifische Dauer der Infektiosität der symptomatischen Fällen	3,6 Tage	Meta-Regression basierend auf 8 Studien ^{16–23}
ν	Altersspezifische Dauer der Infektiosität der asymptomatischen Fälle	2,1 Tage	Meta-Regression basierend auf 10 Studien ^{24–33}
ϕ	Altersspezifische Dauer der Infektiosität der präsymptomatischen Fällen	2,13 Tage	Meta-Regression basierend auf 3 Studien ^{34–36}
ρ	Altersgruppenspezifischer Anteil asymptomatischer Infektionen bei allen Infizierten	18,4 %	Meta-Regression basierend auf 22 Studien ^{16,30,31,37–55}
γ	Altersgruppenspezifische Hospitalisierungsrate bei Infizierten	0,09 [0,04–0,38]	Geschätzt basierend auf SurvNet-Daten
ψ	Altersgruppenspezifische Dauer des Krankenhausaufenthaltes	15,4 Tage [9,1–21,6]	Geschätzt basierend auf SurvNet-Daten
δ	Altersgruppenspezifische Krankenhausletalität	$8,5 \times 10^{-3}$ [$6,65 \times 10^{-3}$ – $99,2 \times 10^{-3}$]	Geschätzt basierend auf SurvNet-Daten
σ	Altersgruppenspezifische häusliche Letalität	$1,16 \times 10^{-3}$ [$6,98 \times 10^{-5}$ – $5,87 \times 10^{-2}$]	Geschätzt basierend auf SurvNet-Daten

Tab. 1 | Werte für die fixierten Parameter im Modell. Bei alters- und/oder Risikogruppen-stratifizierten Parametern wird der Median und der Wertebereich angegeben.

net.¹ Dabei wurden nicht-COVID-Fälle von der Kapazitätsgrenze abgezogen. Hinsichtlich der Mortalitätsrate außerhalb des Krankenhauses wird aufgrund der Krankenhausdaten von 2020 angenommen, dass 25 % der COVID-19 attributablen Todesfälle nicht im Krankenhaus auftreten.²

Bevölkerungsstruktur

Die Modell-Bevölkerung ist in zwölf Altersgruppen stratifiziert: 0–15, 16–29, 30–39, 40–44, 45–49, 50–54, 55–59, 60–64, 65–69, 70–74, 75–79, und 80–100 Altersjahre. Zusätzlich werden drei Gesundheitsrisikogruppen betrachtet: kein erhöhtes Risiko, moderates Risiko und hohes Risiko. Die Risikogruppen wurden basierend auf Vorerkrankungen gebildet, die jeweils mit einem erhöhten Risiko für einen schweren Verlauf von COVID-19 assoziiert sind. Diese Vorerkrankungen wurden mittels einer durch das RKI durchgeföhrten systematischen Analyse in Form eines sogenannten *umbrella review* identifiziert. Im Modell ist pro Altersgruppe der prozentuale Anteil der drei Risikogruppen definiert, wobei diese Prävalenzen der Vorerkrankungen für jede Risikogruppe basierend auf Krankenkassendaten geschätzt wurden. Im Modell werden für die Vorerkrankungsgruppen relative Risiken für Hospi-

talisierung und Mortalität berücksichtigt. Die Hospitalisierungswahrscheinlichkeit ist um den Faktor 1,8 für Personen mit moderatem Risiko und um den Faktor 2,2 für Personen mit hohem Risiko erhöht. Die Letalität der beiden Gruppen ist um die Faktoren 1,4 bzw. 1,8 erhöht. Insgesamt ergeben sich damit 36 Modellbevölkerungsgruppen. Diese Stratifizierung erlaubt es einerseits, die bisher beobachtete Transmissionsdynamik möglichst gut anhand des Modells abzubilden und andererseits, die Effekte von gezielten alters- und risikospezifischen Impfstrategien unter Verwendung verschiedener Impfstoffe zu evaluieren.

Infektionsdruck

Die Übertragung von SARS-CoV-2 wird auf Basis eines sogenannten Infektionsdrucks (engl. Force of Infection; FOI) bzw. der effektiven Kontaktrate modelliert. Die effektive Kontaktrate stellt die Kombination der altersspezifischen Transmissionswahrscheinlichkeit pro Kontakt und der Kontakthäufigkeit zwischen den verschiedenen Alters- und Vorerkrankungsgruppen dar. Um die Anzahl der Kontakte zwischen den verschiedenen, modellierten Gruppen zu spezifizieren, wurde eine sogenannte Kontaktmatrix mittels Daten aus der POLYMOD-Studie⁵⁶ für

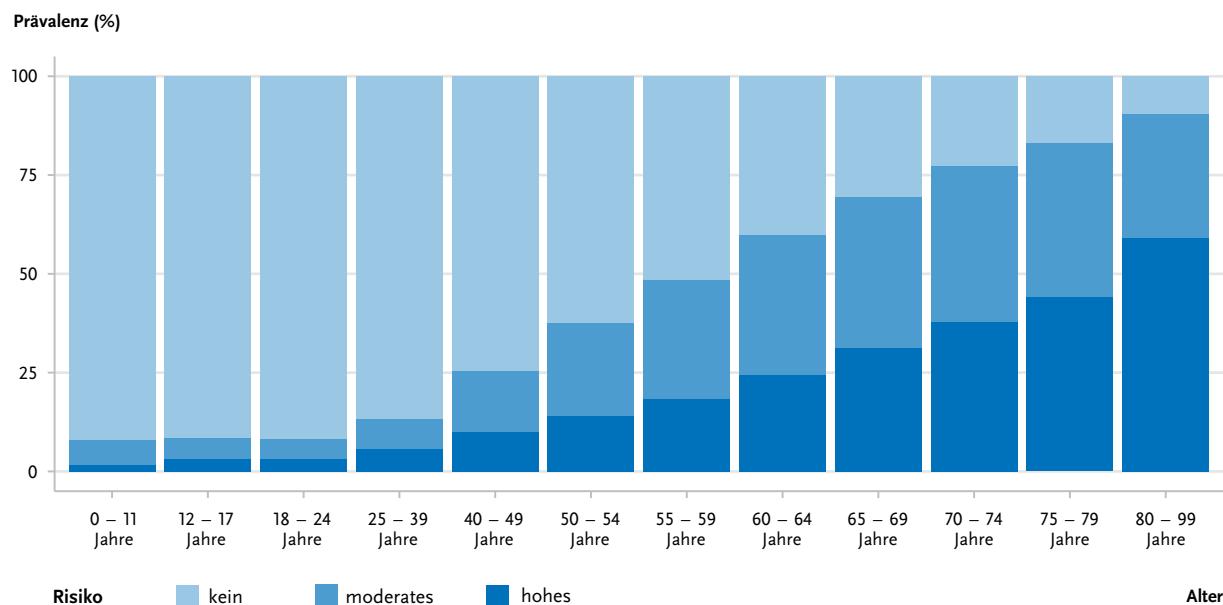


Abb. 2 | Relative Gruppengrößen der Modellbevölkerung nach Alter und vorerkrankungsbedingtem Risiko für einen schweren Verlauf basierend auf Auswertungen von GKV-Routinedaten des Zentrums für Evidenzbasierte Gesundheitsversorgung (ZEGV) und des Institut für angewandte Gesundheitsforschung Berlin (InGef).

Deutschland geschätzt. Diese wurde um eine Kontaktmatrix ergänzt, die die Kontakthäufigkeit von Personen in Alten- und Pflegeheimen abbildet. In Verbindung mit der Anzahl der infektiösen Personen je Alters- und Vorerkrankungsgruppe zum Zeitpunkt t_0 kann hierüber die FOI und die damit verbundene Anzahl der Neuinfektionen zum Zeitpunkt t_1 berechnet werden. Die Infektiosität unterscheidet sich dabei zwischen asymptomatischen, präsymptomatischen und symptomatischen Personen.

Replikation des bisherigen Pandemieverlaufs

Um den bisherigen Verlauf des Infektionsgeschehens in Deutschland abzubilden, schätzt das Modell eine Reihe von freien Parametern. Hierzu gehören zunächst die sogenannten Bruchpunkte in der FOI. Dabei wird die Transmissionsrate, die durch das Modell anhand von verfügbaren Daten zur bisherigen COVID-19-Krankheitslast geschätzt werden soll, über gewisse Zeiträume hinweg als konstant angenommen. Diese Zeiträume sind jeweils durch Bruchpunkte voneinander getrennt, wobei die zeitliche Lage dieser Bruchpunkte ebenfalls vom Modell kalibriert wird. Zum Zeitpunkt eines Bruchpunkts kann die Transmissionsrate auf ein neues Niveau springen, um so eine zeitlich variierenden Ausbreitungsgeschwindigkeit zu ermöglichen. Le-

diglich die Anzahl von Bruchpunkten ist vorgegeben. In dem dargestellten Modell wird davon ausgegangen, dass im Beobachtungszeitraum insgesamt sechs Bruchpunkte existieren.

Weitere freie Parameter sind die Anzahl der initial Infizierten zum Modellbeginn am 01.02.2020, das relative Risiko einer SARS-CoV-2-Infektion ohne Test und die Anzahl an zusätzlichen Kontakten von Bewohnern in Alter- und Pflegeeinrichtungen. Für die Parameterschätzung wurden altersstratifizierte Daten zu gemeldeten SARS-CoV-2-Infektionen und Sterbefällen im Zeitraum vom 01.02.2020 bis 28.02.2021 verwendet. Die freien Parameter werden im Rahmen eines bayesianischen Ansatzes geschätzt. Dieser produziert ein Set von statistisch plausiblen Parameterkombinationen, die das beobachtete Infektionsgeschehen in Deutschland am besten reproduzieren können. Dabei fließen die altersstratifizierten, gemeldeten Fälle und Todesfälle gleichberechtigt in die Likelihood-Funktion ein. Mittels einer Fortführung der so geschätzten Transmissionsrate und unter Berücksichtigung der Auswirkungen des einsetzenden Impfgeschehens in Deutschland lassen sich Aussagen über den erwarteten zukünftigen Verlauf der Pandemie für verschiedene Impfszenarien treffen.

Kontra-faktische Szenarioanalysen

Für die kontra-faktischen Analysen werden im Prognosezeitraum vom 01.02.2021 an zusätzliche Faktoren hinsichtlich der Transmissionswahrscheinlichkeit berücksichtigt. Zum einen wird die Übertragungswahrscheinlichkeit über eine Sigmoid-Funktion mit der Zunahme der Häufigkeit des Auftretens der VOC B.1.1.7 zwischen dem 11.01. und dem 28.03.2021 schrittweise um insgesamt 35 % erhöht. Zum anderen werden saisonale Schwankungen ebenfalls über Sigmoid-Funktionen abgebildet. Dabei wird eine stetige Abnahme der Transmissionswahrscheinlichkeit insgesamt 20 % vom 01. Januar bis zum 30. Juni angenommen, bevor die Transmissionsrate zum 31. Dezember wieder auf den Ursprungswert zurückkehrt. Dadurch lassen sich in der FOI temporäre Einflüsse auf das Transmissionsgeschehen abbilden, die über die zeitlich variierende Prävalenz und das variierende Kontaktverhalten hinausgehen.

Impfung

Abbildung im Modell

Das wesentliche Ziel des Modells ist es, den Einfluss von Impfungen auf das Infektions- und Krankheitsgeschehen abzubilden. Im Modell werden die derzeit in Deutschland zugelassenen Zwei-Dosen-Impfstoffe der Hersteller AstraZeneca, BioNTech/Pfizer, Moderna und der Ein-Dosis-Impfstoff des Herstellers Johnson & Johnson berücksichtigt. Aufgrund der zu erwartenden Zulassung des Impfstoffes des

Herstellers CureVac wird dieser mit seinen angenommenen Liefermengen ebenfalls berücksichtigt. Die Impfstoffe der Hersteller BioNTech/Pfizer, Moderna und CureVac werden als mRNA-Impfstoffe gemeinsam betrachtet und im Modell nicht unterschieden, wobei als Limitation hervorgehoben werden muss, dass für den COVID-19 Impfstoff von CureVac noch keine Wirksamkeitsdaten vorliegen. Hier wird aber aufgrund der gleichen Impfstoff-Technologie und vielversprechender Daten aus den Studienphasen I und II eine Gleichwertigkeit angenommen.

Für jeden Impfstoff wird das in Abbildung 3 beschriebene Modell jeweils nach der ersten Dosis und je nach Impfstoff nach der zweiten Dosis gespiegelt. Das Modell beinhaltet ebenfalls Kompartimente für Personen, die ihren Impfschutz nach der ersten oder zweiten Dosis wieder verlieren (sogenanntes *waning*). Die Anzahl der Personen, die je Tag in die Kompartimente mit Impfschutz übergehen, richtet sich nach der Liefermenge und der Impfkapazität. Da vor einer Impfung keine Testung auf SARS-CoV-2-Antikörper erfolgt und auch Personen mit einer durchgemachten Infektion grundsätzlich geimpft werden, muss zunächst die Zahl der effektiven Impfstoffdosen berechnet werden, d.h. die Personen, die aus dem Kompartiment „Suszeptibel“ in die Kompartimente „Geimpft“ übergehen, entsprechen nicht der Anzahl verimpfter Dosen. Die Zahl der Dosen muss vielmehr um die Personen in den Kompartimenten „Asympto-

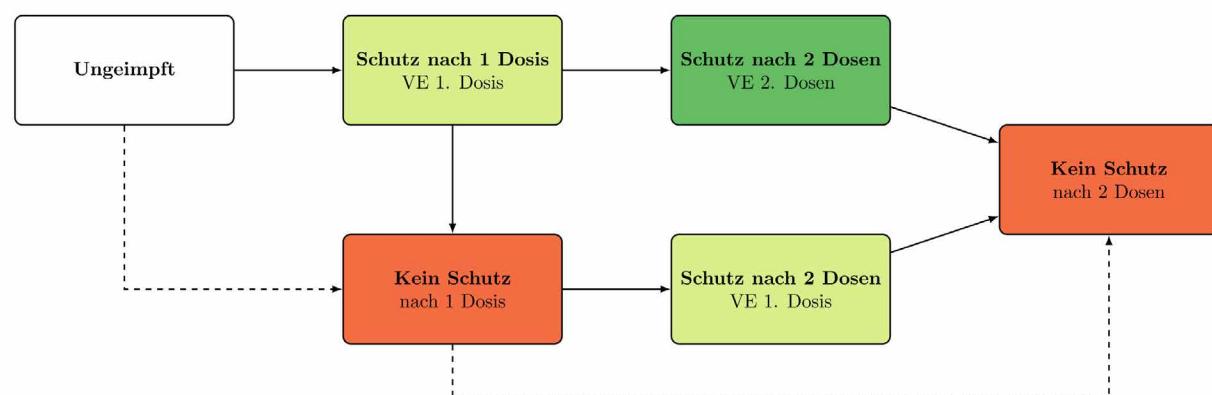


Abb. 3 | Schematische Darstellung von Impfkompartimenten im Modell. Für jedes der oben gezeigten Kompartimente wird die Grundstruktur des Modells aus Abbildung 1 dupliziert. (Impfwirksamkeit, engl. vaccine efficacy; VE)

matisch“, „Präsymptomatisch“ und „Recovered“ reduziert werden.

Impfwirksamkeit

Es wird davon ausgegangen, dass sich die Wirksamkeit der Impfung aus unterschiedlichen Komponenten zusammensetzt:

- ▶ Schutz vor Infektion (d.h. Reduktion der Suszeptibilität)
- ▶ Schutz vor einem symptomatischen Verlauf (d.h. Reduktion des Anteils symptomatischer Fälle und Zunahme asymptomatischer Verläufe)
- ▶ Schutz vor Hospitalisierung
- ▶ Reduktion der Infektiosität von Personen, die sich trotz Impfung infizieren

Der kumulative Charakter der Wirksamkeiten gegen die verschiedenen Stadien einer SARS-CoV-2-Infektion werden dabei berücksichtigen. Wird bspw. eine Wirksamkeit gegen Infektion von 80% angenommen, bedeutet dies, dass auch 80% der COVID-19-Fälle, 80% der Hospitalisierungen und 80% der Todesfälle verhindert werden. Da in den klinischen Studien die kumulative Wirksamkeit für die einzelnen Endpunkte berichtet wird, müssen die singulären Komponenten für das Modell vorab berechnet werden. Wird bspw. in einer Studie eine

Wirksamkeit von 60 % gegen COVID-19 und eine kumulative Wirksamkeit von 90 % gegen Hospitalisierung berichtet, beträgt die inkrementelle Wirksamkeit gegen Hospitalisierung nur 75 %.

Für jeden Impfstoff werden die alters- und risikostratifizierten Effektivitätswerte gegen SARS-CoV-2, COVID-19-Erkrankungen, Hospitalisierung und die Reduktion der Transmission sowohl nach der ersten als auch nach der zweiten Impfung, d.h. nach Abschluss der Impfserie, berücksichtigt. Einen Überblick über die verwendeten Werte gibt Tabelle 2. Die Daten entstammen den Zulassungsstudien und bisher publizierten Beobachtungsstudien.⁵⁷ Es wird für alle Impfstoffe davon ausgegangen, dass die Wirkung der Impfung 14 Tage nach der ersten Dosis eintritt. Eine inkrementelle Effektivität gegen Tod wurde aufgrund fehlender Daten nicht berücksichtigt. Die Reduktion der beobachteten Todesfälle wird durch die kumulativen Wirksamkeiten erreicht.

Liefermengen, Impfkapazitäten und -abstände

Die Impfung beginnt im Modell mit der Verimpfung von mRNA-Impfstoffen am 27.12.2020. Der Impfstoff des Herstellers AstraZeneca folgt am 07.02.2021. Es wird davon ausgegangen, dass der Impfstoff von Johnson & Johnson zum 15.04.2021

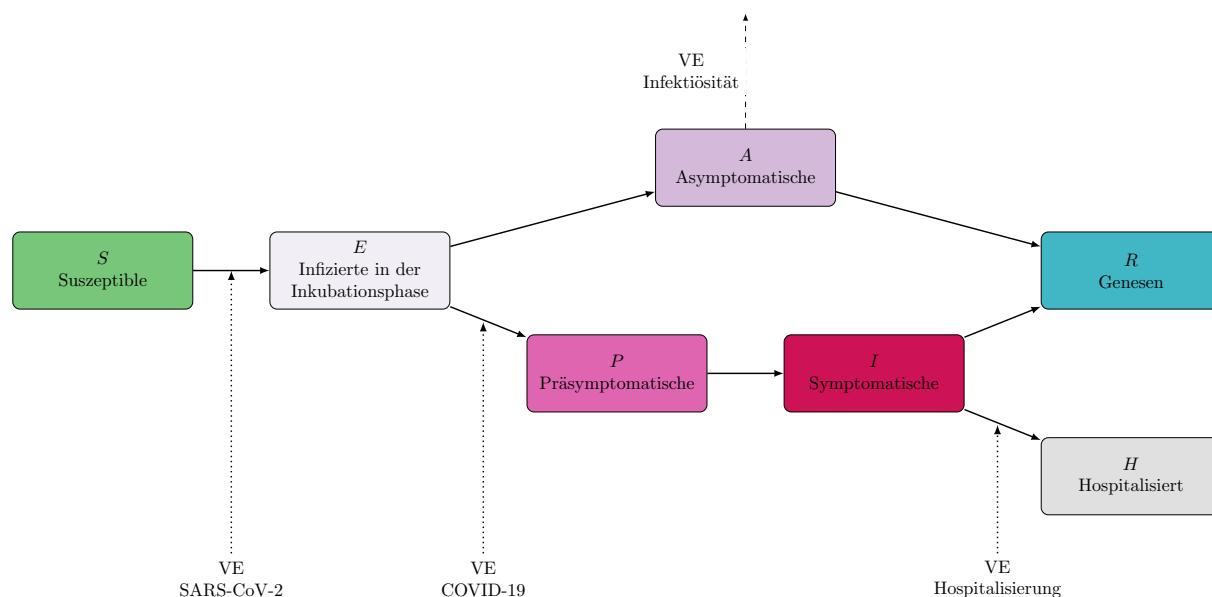


Abb. 4 | Wirkungsweise von Impfungen im Modell an den Übergängen zwischen Suszeptibel (S), Inkubationszeit (E), Präsymptomatisch (P) bzw. Symptomatisch (I) und Hospitalisierung (H). Zusätzlich ist die Reduktion der Infektiosität von asymptomatischen (A) Personen abgebildet. (Impfwirksamkeit, engl. vaccine efficacy; VE)

Wirksamkeit gegen	mRNA	AstraZeneca	Johnson & Johnson
SARS-CoV-2-Ansteckung	72/92	67/67	0
COVID-19 (< 60 Jahre)	93/95,6	73/83	66
COVID-19 (≥ 60 Jahre)	90/90	73/83	66
Hospitalisierung			
(< 70 Jahre)	85/87	–	100
Hospitalisierung			
(≥ 70 Jahre)	71/71	–	100
Hospitalisierung			
(< 80 Jahre)	–	94/94	–
Hospitalisierung			
(≥ 80 Jahre)	–	81/81	–
SARS-CoV-2-Infektiosität	25 % / 50 %	25 % / 50 %	25 %

Tab. 2 | Parameterwerte für die kumulativen Wirksamkeiten der im Modell berücksichtigten Impfstoffe nach erster bzw. zweiter Dosis.

lieferbar ist. Für CureVac wurde vorbehaltlich einer Zulassung durch die Europäische Zulassungsbehörde eine Verfügbarkeit ab dem 01.06.2021 angenommen. Die Liefermengen werden gleichmäßig über alle Tage des angegebenen Zeitraums aufgeteilt. Die jeweiligen Liefermengen sind auf der Internetseite des Bundesministeriums für Gesundheit abrufbar.⁵⁸

Prinzipiell wird im Modell angenommen, dass gelieferte Impfdosen ohne Verzögerung verimpft werden. Allerdings berücksichtigt das Modell Impfkapazitäten, die die maximale Anzahl der täglich verabreichten Dosen limitieren. Bis zum 23.03.2021 wird dabei die tatsächlich verimpfte Zahl an Dosen als Impfkapazität angenommen. Ab dem 23.03.2021 wird eine Steigerung der Kapazität der Impfzentren auf 600.000 Dosen pro Tag über 6 Wochen angenommen und ab dem 01.04.2021 der Beginn von Impfungen bei niedergelassenen Ärzt*innen berücksichtigt. In den Praxen wird eine Steigerung der Kapazität über 6 Wochen auf 1.000.000 Dosen je Arbeitstag, d. h. 715.000 Dosen je Wochentag angenommen.

Bei 2-Dosis Impfstoffen erlaubt das Modell zwei grundsätzliche Strategien hinsichtlich der Verwendung der täglich gelieferten Impfstoffe. Zum einen können diese in einer *immediate*-Strategie direkt verimpft werden. Bei der alternativen *holdback*-Strategie wird die Hälfte der täglichen Liefermenge für die zweite Dosis zurückgelegt. Die mRNA-Impfstoffe werden im Modell bis zum 31.01.2021 mit einem Abstand von 35 Tagen und mit einer *holdback*-Strategie, danach mit einem Abstand von 42 Tagen und einer *immediate*-Strategie verimpft. AstraZeneca

Gelieferte Dosen vs. Kapazitäten

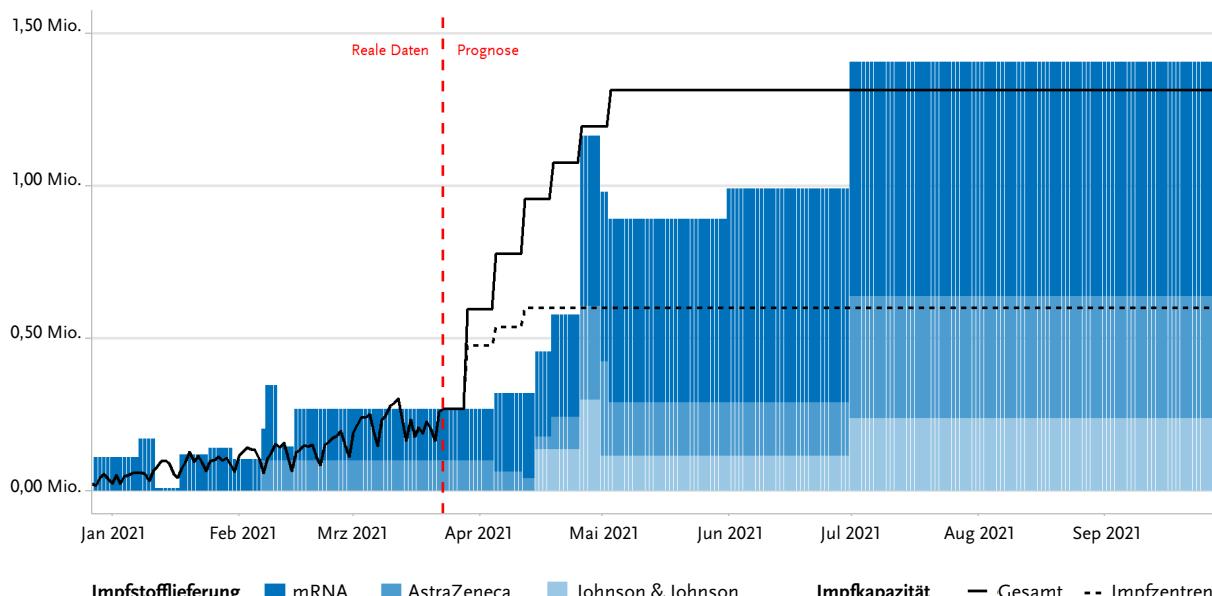


Abb. 5 | Angenommene Impfstofflieferungen und maximale Impfkapazitäten im Modell.

wird bis zum 28.02.2021 mit einem Abstand von 70 Tagen und einer *holdback*-Strategie und anschließend mit einem Abstand von 84 Tagen und einer *immediate*-Strategie modelliert.

Impfreihenfolge

Die im Modell gewählte Priorisierung von Bevölkerungsgruppen für die Impfung entspricht der empfohlenen Priorisierung der Ständigen Impfkommission (STIKO). Die Priorisierung wird dabei für jeden Zeitpunkt und für jeden Impfstoff getrennt festgelegt. Auf diese Weise kann die Impfreihenfolge an aktualisierte Empfehlungen der STIKO angepasst werden. So wird der Impfstoff von AstraZeneca bis zum 07.03.2021 nur für die Bevölkerung unter 65 Jahren verabreicht. Ab dem 08.03.2021 wird dieser Impfstoff gemäß der empfohlenen Priorisierung und analog zu den mRNA-Impfstoffen und dem Impfstoff von Johnson & Johnson verteilt.

Dabei ist für das Modell jedoch eine Reduktion der Komplexität der Gruppdefinitionen notwendig. So werden im Modell die Gruppen über das Alter, die oben definierten Vorerkrankungsgruppen sowie Personen mit beruflicher Indikation definiert. Letztere sind nicht explizit im Modell abgebildet. Durch die Gruppengröße von insgesamt 5.679.000 Personen mit Impfanspruch aufgrund beruflicher Tätigkeit stellt die Berücksichtigung der Impfung dieser Gruppe jedoch eine relevante Einflussgröße für das Infektionsgeschehen dar. Im Detail erhalten 879.000 Personen im Alter von 16 bis 29 Jahren, 1.226.000 Personen im Alter von 30 bis 39 Jahren, 1.270.000 Personen im Alter von 40 bis 49 Jahren, 1.606.000 Personen im Alter von 50 bis 59 Jahren und 698.000 Personen im Alter von 60 bis 69 Jahren die Impfung aufgrund ihrer beruflichen Tätigkeit. Es wird bei der Impfstoffverteilung also vereinfacht davon ausgegangen, dass Personen mit beruflicher Indikation sich proportional auf die Alters- und Vorerkrankungsgruppen zwischen 16 und 69 Jahren aufteilen. Implizit wird angenommen, dass sich diese Gruppe hinsichtlich des Infektions- oder Erkrankungsrisikos nicht von der Allgemeinbevölkerung unterscheidet.

Die täglich verfügbare Anzahl an Dosen je Impfstoff wird zunächst im Verhältnis 50:50 in die Gruppe der Personen mit beruflicher Indikation und in die

Gruppe ohne berufliche Indikation einer Priorisierungsstufe aufgeteilt. Innerhalb der beiden Gruppen erfolgt anschließend eine proportionale Aufteilung in die jeweiligen Alters- und Vorerkrankungsgruppen. Sind an einem Tag mehr Dosen aller Impfstoffe verfügbar als in einer Gruppe benötigt werden, so wird dort der Impfstoff mit der höchsten Wirksamkeit verimpft. Die Impfung einer Priorisierungsgruppe ist abgeschlossen, wenn die Impfbereitschaft in dieser Gruppe erschöpft ist.

Impfbereitschaft

Um die Impfbereitschaft im Modell zu berücksichtigen, wird auf die Ergebnisse der Surveys LEIA und COSMO⁶¹ zurückgegriffen. Die Surveys erfragen die Impfbereitschaft in verschiedenen Bevölkerungsgruppen in Abhängigkeit u.a. von der jeweiligen Impfeffektivität. Wie in Abbildung 6 dargestellt, steigt die Impfbereitschaft einer Person mit zunehmender Effektivität eines Impfstoffes, mit dem Vorliegen von Vorerkrankungen und mit zunehmendem Alter an. Stehen mehrere Impfstoffe für eine Alters- und Vorerkrankungsgruppe zur Verfügung, werden diese bis zur ihrer jeweiligen maximalen Impfbereitschaft verimpft. Ist die Impfbereitschaft für einen Impfstoff erschöpft, kann in dieser Gruppe nur noch ein Impfstoff mit einer höheren Akzeptanz verimpft werden.

Allen nachfolgend beschriebenen Szenarien liegen die in Abbildung 7 dargestellten Impfquoten zugrunde. Diese resultieren aus den oben beschriebenen Modellinputs. Wie bereits erwähnt, sind in der Darstellung Risikogruppen und Gruppen mit beruflicher Indikation nicht gesondert dargestellt, sondern fließen in die jeweiligen Altersgruppen mit ein. Im Modell wird die Durchimpfung dieser Gruppen gesondert modelliert.

Analysen

Im nachfolgenden Ergebnisteil werden zwei unterschiedliche Analysen vorgestellt. Zunächst werden Szenarien zum Einfluss von Kontaktreduktionen auf die kurzfristige Entwicklung des Infektionsgeschehens aufgezeigt. Dabei wird angenommen, dass die Anzahl der Kontakt ab dem 15.03.2021 um 20% im Vergleich zum 28.02.2021 gestiegen ist. Anschließend wird berechnet, welchen Effekt eine

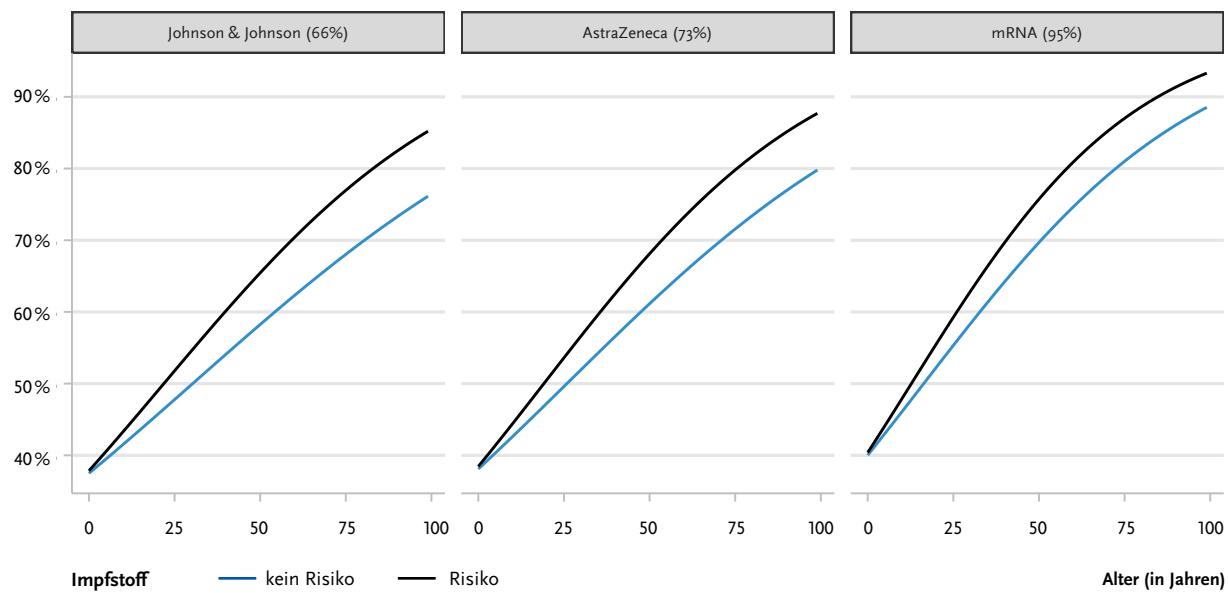
Impfbereitschaft

Abb. 6 | Impfbereitschaft für Johnson & Johnson für eine wahrgenommene Impfeffektivität von 66%, für AstraZeneca für eine wahrgenommene Impfeffektivität von 73 % und für mRNA-Impfstoffe für eine wahrgenommene Impfeffektivität von 95 %.

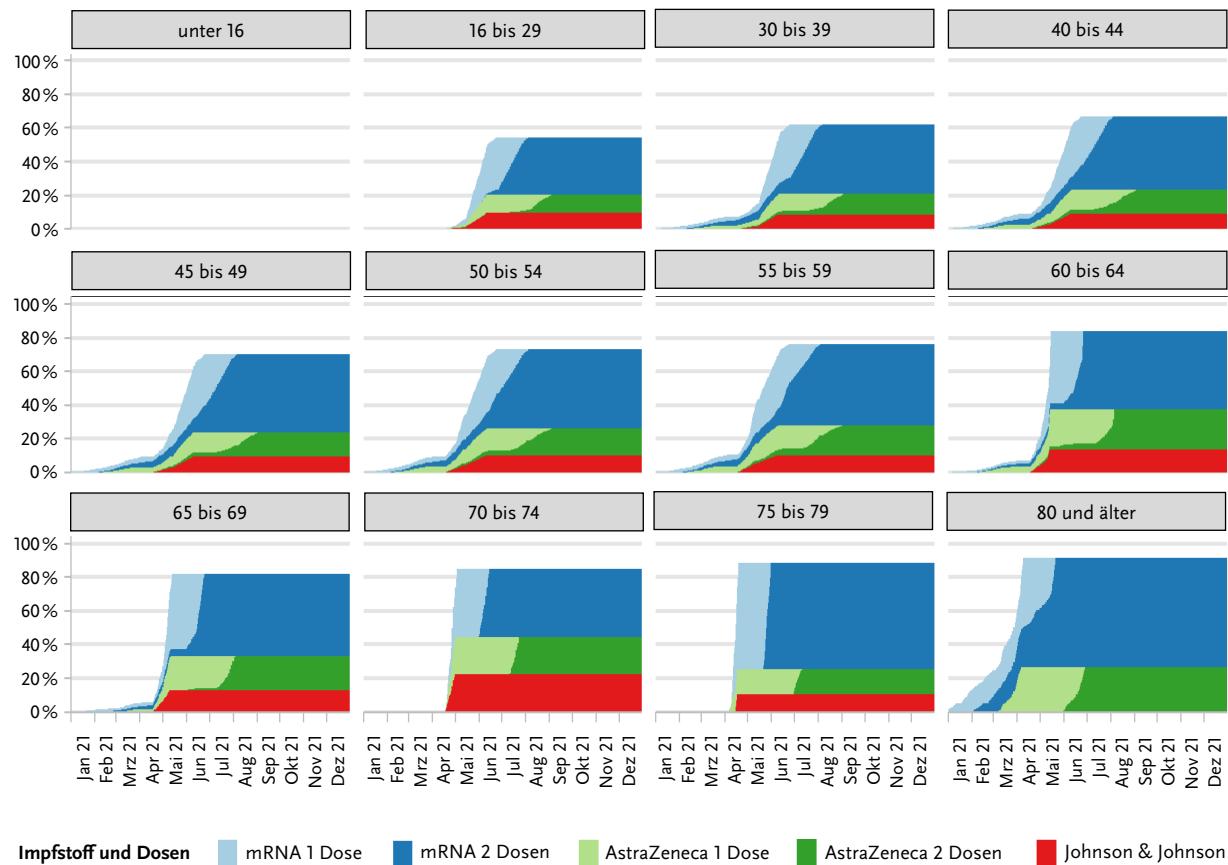
Durchimpfungsquote

Abb. 7 | Angenommene Durchimpfungsquoten der Priorisierungsgruppen, zusammengefasst nach Altersgruppe.

Kontaktreduktion („Lockdown“) um 20 bzw. um 50 % für einen Zeitraum von vier Wochen ab dem 05.04., 12.04., 19.04. oder 26.04.2021 auf die Infektionszahlen, Auslastung der ITS-Betten und der COVID-19 attributablen Sterbefälle hat.

In der zweiten Analyse werden die Auswirkungen einer Erhöhung der Kontakte unter Berücksichtigung der Impfeffekte über einen längerfristigen Zeitraum betrachtet. Dabei wird angenommen, dass die Kontaktzahlen ab dem 15.03.2021 im Vergleich zum 28.02.2021 nur um 5 % steigen. Dies resultiert in einem konstanten Infektionsgeschehen, d.h. einer erfolgreichen Eindämmung des derzeitigen Anstiegs an Infektionen. Anschließend werden Szenarien mit einer anteiligen Rückkehr zum prä-pandemischen Kontaktverhalten (d.h. Kontaktzahlen vor März 2020) von 20, 40 und 60% modelliert. Eine Rückkehr von 100% würde dabei dem normalen Leben vor Beginn der Pandemie darstellen.

In beiden Analysen wird von einer schrittweise ansteigenden Dominanz der VOC B.1.1.7 und einer damit erhöhten Infektiosität von 35 % sowie einer saisonalen Reduktion der Infektiosität um 20 % ausgegangen.

Ergebnisse

Modellfit

Schätzung freier Parameter

Die Ergebnisse der Schätzung der freien Parameter des Modells bezüglich der FOI sind in Abbildung 8 dargestellt. Das Modell schätzt für die erste Welle die effektive Kontaktrate (Lambda), welches einer effektiven Reproduktionszahl (R) von 3,36 bis zum ersten Lockdown entspricht. Mit Mitte des Sommers 2020 wird ein Anstieg des R -Werts auf über 1 geschätzt. Erst zu Beginn des Novembers 2020 ist wieder ein Rückgang auf einen Wert von ca. 1 zu beobachten, der im Januar 2021 noch weiter abnimmt. Das relative Risiko, eine SARS-CoV-2-Infektion zu haben und nicht getestet zu werden liegt laut Modellschätzung bei 0,0000383. Die zusätzliche Anzahl an Kontakten von Personen in Alten- und Pflegeheimen schätzt das Modell auf 8,03 Kontakte. Das Modell schätzt, dass 120,6 Personen am 01.02.2020 initial infiziert waren.

Meldedaten

Abbildung 9 zeigt den Vergleich der tatsächlich gemeldeten Fälle im wöchentlichen Durchschnitt (schwarze Linie) zu dem Meldefällen des Modells

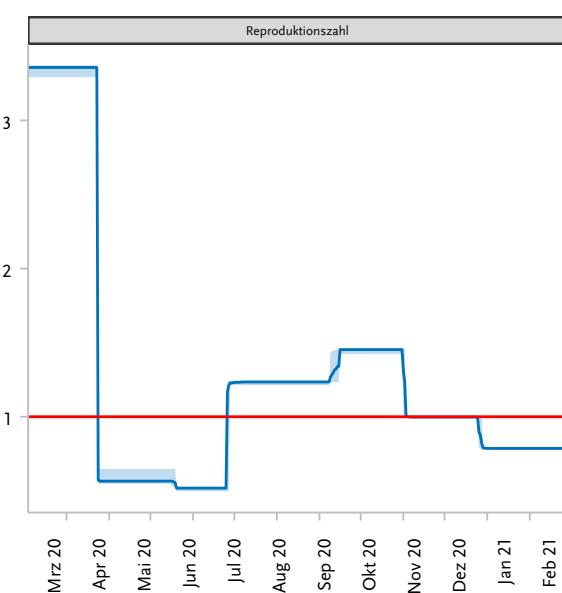
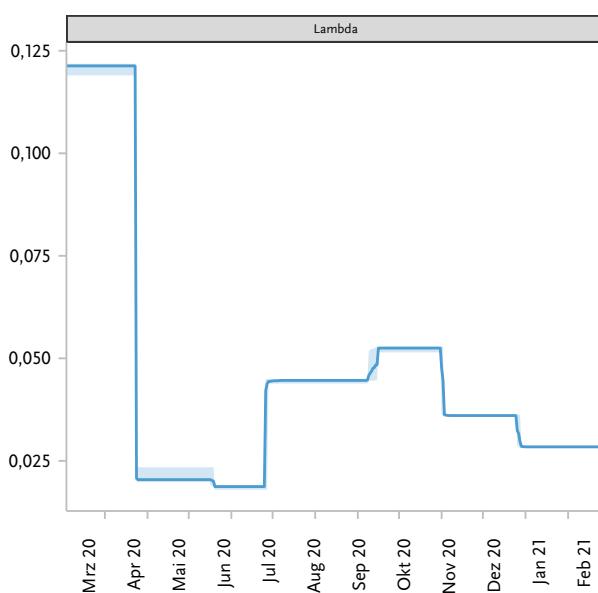


Abb. 8 | Geschätzte effektive Kontaktrate (Lambda) (links) und korrespondierende Reproduktionsrate (rechts) für sechs, als freie Parameter geschätzte Bruchpunkte des Modells.

Fälle pro Tag

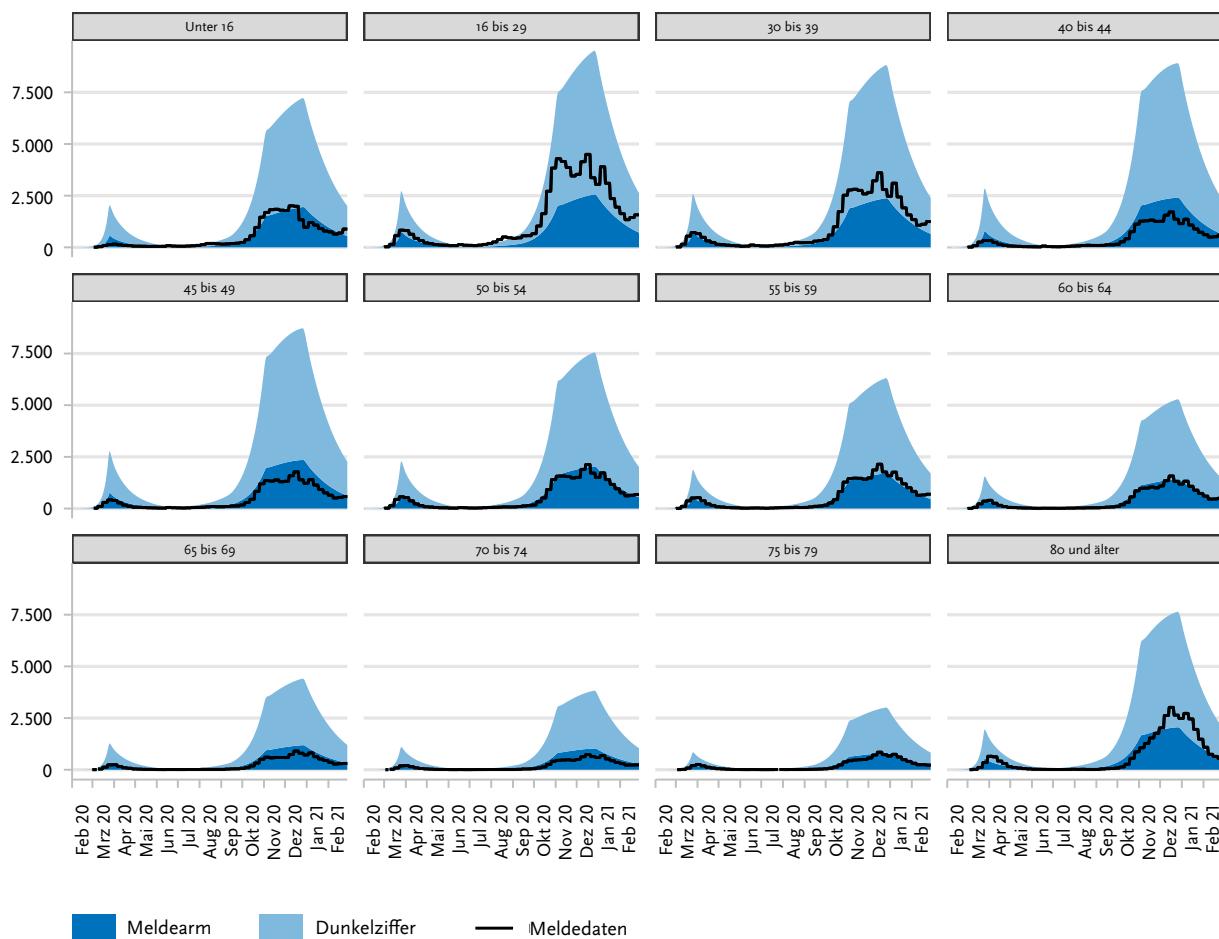


Abb. 9 | Vergleich des Modellfittings zu den tatsächlichen Meldedaten.

(dunkelblaue Fläche) und der vom Modell geschätzten Dunkelziffer der SARS-CoV-2-Infektionen in Deutschland (hellblaue Fläche). Insgesamt bildet es das Modell die Meldefälle gut ab, wobei vor allem bei den 16- bis 29-Jährigen, den 30- bis 39-Jährigen und bei den über 80-Jährigen ab Dezember 2020 eine Unterschätzung der Meldefälle zu beobachten ist, während bei den 40- bis 44-Jährigen und den 45- bis 49-Jährigen eine leichte Überschätzung erfolgt. Die Dunkelziffer liegt im Modell um den Faktor 3 höher als die Zahl der Meldefälle.

Sterbefälle

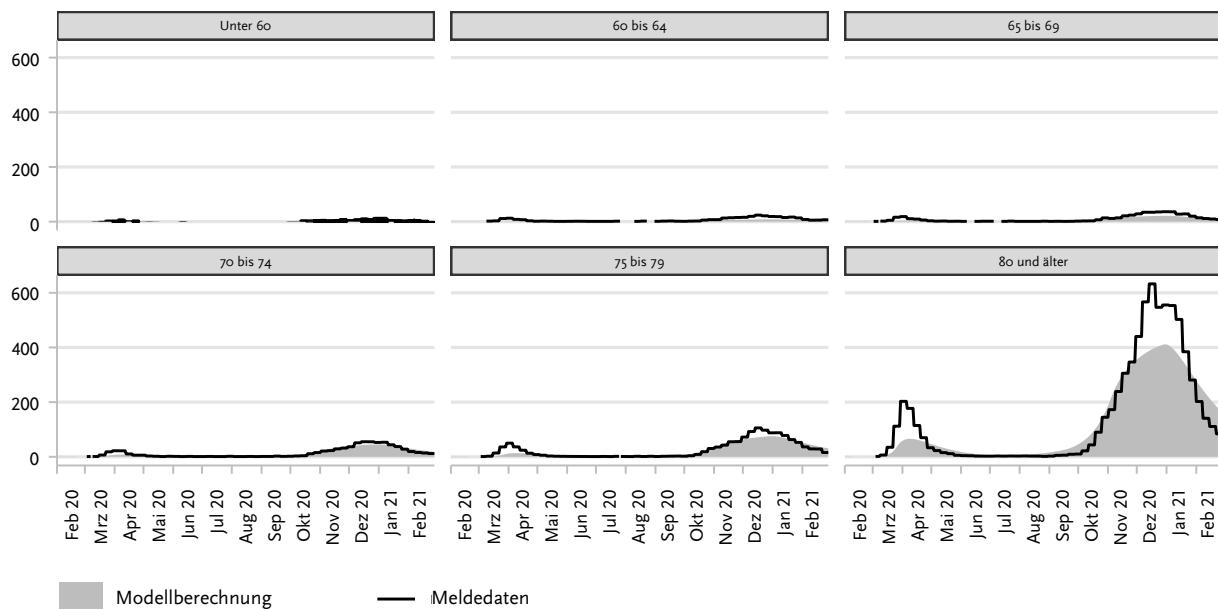
Die zweite Zielgröße des Modells sind die altersspezifischen Sterbefälle über die Zeit. Insgesamt sind in Deutschland im Zeitraum vom 01.02.2020 bis zum 28.02.2021 73.063 Sterbefälle gemeldet worden. Das Modell schätzt für denselben Zeitraum

63.063 Sterbefälle, was einer Unterschätzung um 13,7 % entspricht. Wie aus Abbildung 10 ersichtlich ist, betrifft diese Unterschätzung trotz der Berücksichtigung der Alten- und Pflegeheime hauptsächlich die Personengruppe „80 Jahre und älter“.

Modellierte Szenarien

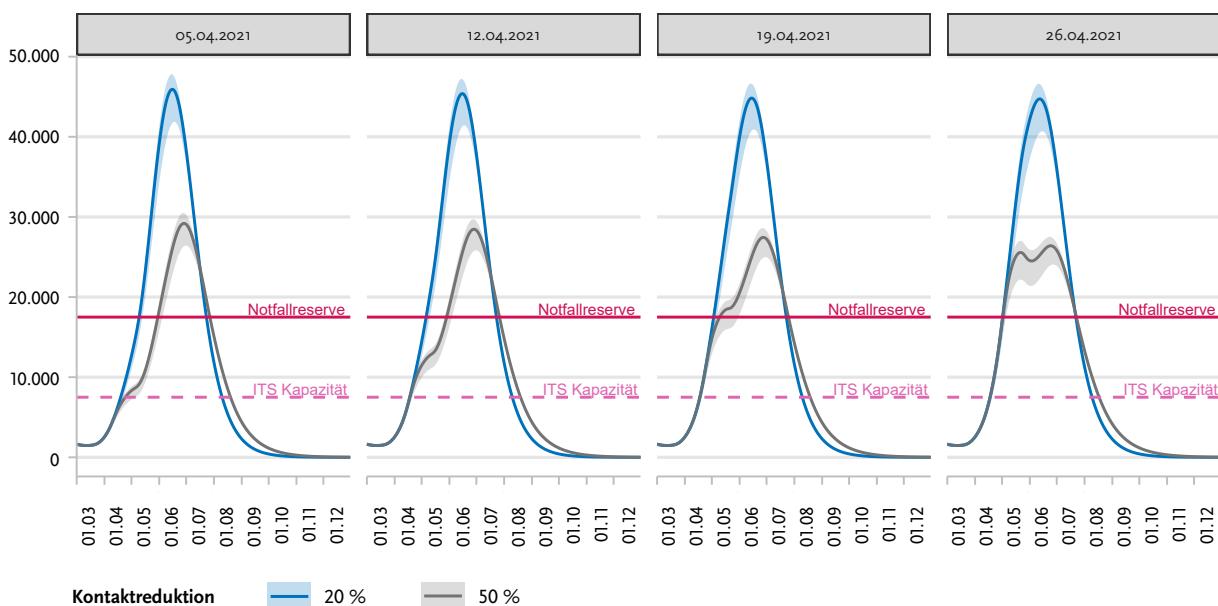
Kurzfristige Entwicklung

Die folgende Analyse beschreibt die Modellergebnisse für eine vierwöchige Reduktion der Kontakte um 20 % bzw. um 50 % in wöchentlichen Abständen ab dem 05.04.2021. Abbildung 11 zeigt die Auswirkungen der Kontaktreduktionen auf die Auslastungen der ITS-Betten. Dabei ist hier nur die ITS-Auslastung durch COVID-19-Patienten berücksichtigt. Die Kapazitätsgrenzen sind um diejenigen Personen reduziert, die nicht aufgrund von COVID-19 auf einer ITS behandelt werden. Bei ei-

Sterbefälle pro Tag**Abb. 10** | Vergleich der geschätzten Sterbefälle zu den tatsächlich gemeldeten, wöchentlichen Sterbefällen.

ner Kontaktreduktion von 50 % zum 05.04.2021 werden laut der Modellschätzung die regulären ITS-Kapazitäten nur knapp überschritten, wobei das Ende der Kontaktreduktionen nach vier Wochen zu

einem Anstieg führt, der letztlich auch die Kapazität inklusive der Notfallreserve überschreitet. Eine Reduktion der Kontakte erst ab dem 19.04.2021 führt zu einer dauerhaften Überschreitung der ITS-

Personen in intensiv-medizinischer Behandlung**Abb. 11** | Entwicklung der ITS-Bettenauslastung durch COVID-19-Fälle unter Annahme einer Kontaktreduktion von 20 bzw. 50 % zum 05.04., 12.04., 19.04. und 26.04.2021 für eine Dauer von vier Wochen.

Kapazitäten inklusive der Notfallreserve. Eine Kontaktreduktion von 20 % geht mit keiner wesentlichen Reduktion der ITS-Auslastung einher.

Abbildung 12 zeigt die Entwicklung der täglichen COVID-19 attributablen Todesfälle. Ähnlich zum Verlauf der ITS-Betten führt eine Kontaktreduktion um 20 % zu keinem starken Rückgang der Todesfälle. Bei einer Kontaktreduktion von 50 % lässt sich durch eine frühe Kontaktreduktion die Anzahl der Todesfälle am stärksten reduzieren.

Mittelfristige Entwicklung (Öffnungen im Sommer)

Für den Fall einer erfolgreichen Kontraktreduktion bzw. einem Abfallen der Fallzahlen im April 2021, sind nachfolgend die Modellprognosen für eine Rückkehr zum prä-pandemischen Kontaktverhalten um 20, 40 und 60 % jeweils ab dem 01.05., 01.06. und dem 01.07.2021 abgebildet. Eine Rückkehr von 100 % würde dabei dem normalen Leben vor Beginn der Pandemie darstellen. Hinsichtlich der Auslastung der ITS-Betten führen laut Modellschätzung alle Szenarien der Kontakterhöhung zu einer Überschreitung der ITS-Kapazitätsgrenze. Bei einer 40- und 60-prozentigen Rückkehr der Kontakte zu prä-pandemischen Kontaktverhalten wird auch die

Notfallreserve deutlich überschritten. Erst ab dem 01.06.2021 führt eine Rückkehr der Kontaktzahlen um 20 % nicht mehr zu einer Überschreitung der ist-Kapazitäten. Eine Rückkehr um 40 bzw. 60 % zum 01.06. oder 01.07.2021 überschreitet jedoch auch weiterhin die Notfallreserve (s. Abb. 13).

Die Prognose hinsichtlich der Todeszahlen korrespondiert zu den Zahlen der ITS-Auslastung. Eine Rückkehr zu 60 % der prä-pandemischen Kontakte führt zu allen drei Zeitpunkten zu einer Überschreitung von mehr als 1.000 Sterbefällen pro Tag. Eine 20-prozentige Rückkehr führt ab dem 01.06.2021 zu keinem unmittelbaren Anstieg der Todeszahlen, jedoch ist ein Anstieg über die Herbst- und Wintermonate zu beobachten (s. Abb. 14).

Betrachtet man beispielhaft das Szenario einer 40-prozentigen Rückkehr zum prä-pandemischen Kontaktverhalten, so zeigt die Verteilung der Sterbefälle über die Altersgruppen hinweg, dass die Personen über 80 Jahren ab dem 01.06.2021 einen geringeren Anteil an allen Sterbefällen ausmachen. Wie in Abbildung 15 dargestellt, besteht weiterhin die Möglichkeit, dass sich in bereits geimpften Altersgruppen bei einer Rückkehr des Kontaktverhaltens

Sterbefälle pro Tag

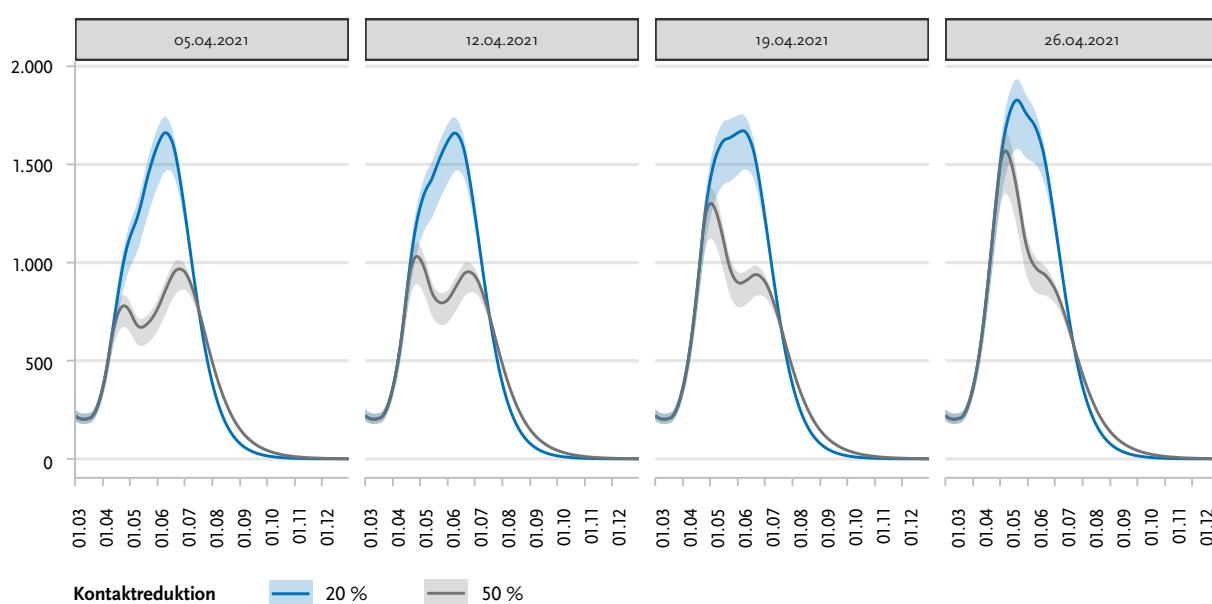


Abb. 12 | Entwicklung der täglichen COVID-19-Sterbefälle unter Annahme einer Kontaktreduktion von 20 bzw. 50 % zum 05.04., 12.04., 19.04. und 26.04.2021 für eine Dauer von vier Wochen.

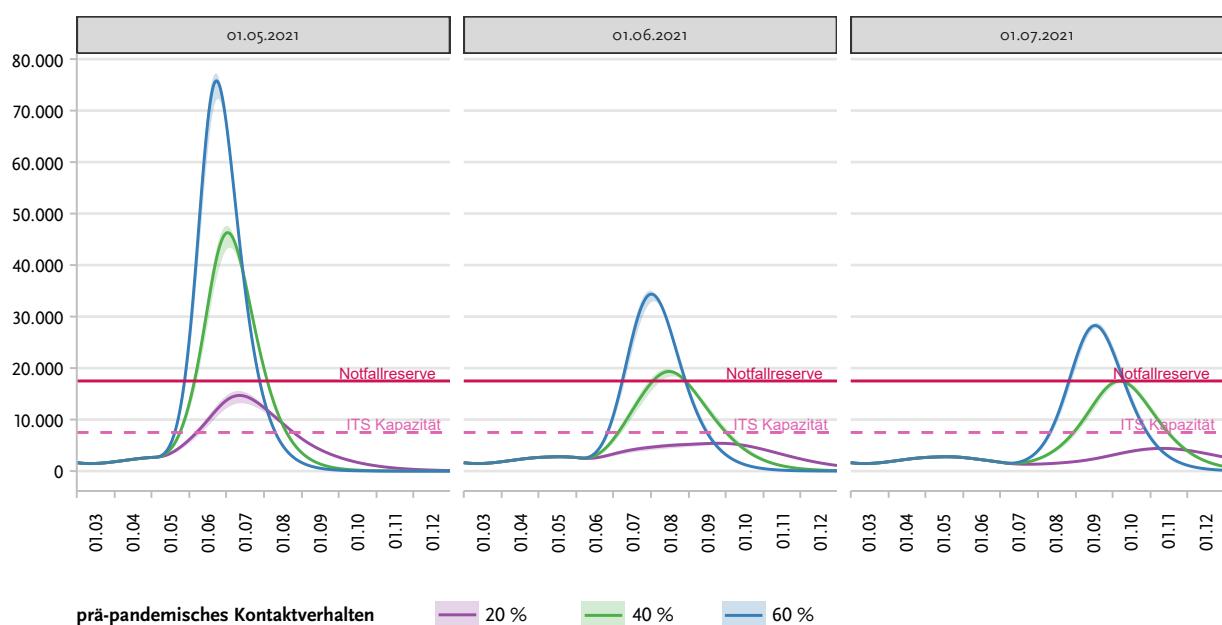
Personen in intensiv-medizinischer Behandlung

Abb. 13 | Entwicklung der ITS-Bettenbelegung unter Annahme einer dauerhaften Rückkehr der Kontaktzahlen um 20, 40 oder 60% zum 01.05., 01.06. oder 01.07.2021.

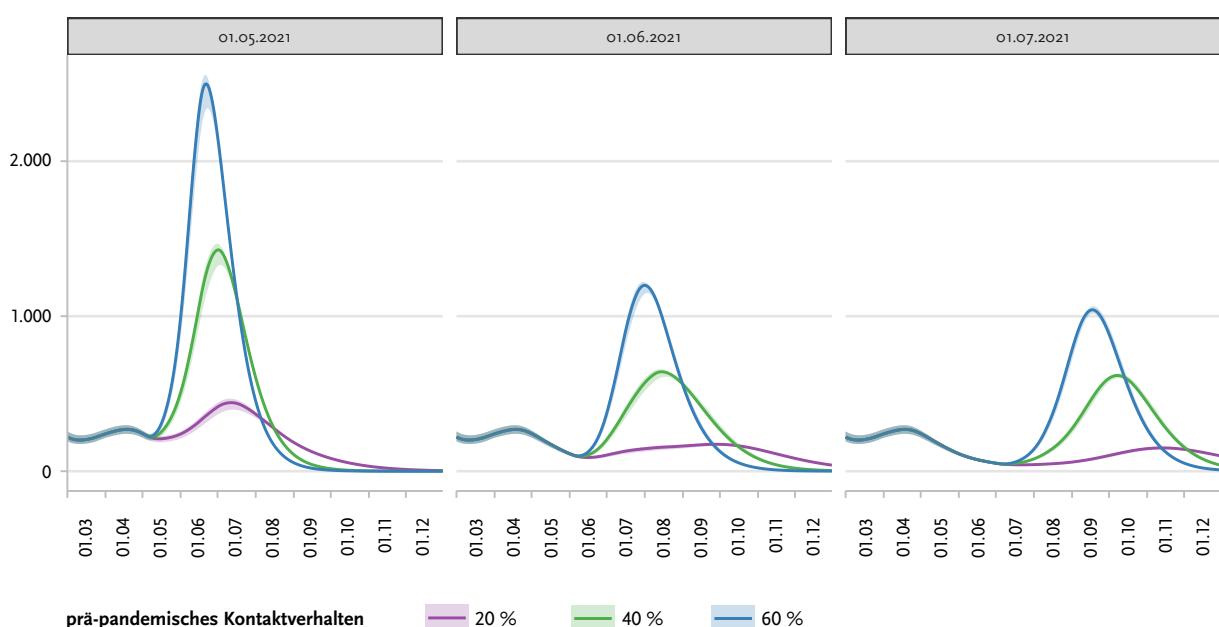
Sterbefälle pro Tag

Abb. 14 | Entwicklung der COVID-19 attributablen Sterbefälle unter Annahme einer dauerhaften Rückkehr der Kontaktzahlen um 20, 40 oder 60% zum 01.05., 01.06. oder 01.07.2021.

Sterbefälle pro Tag

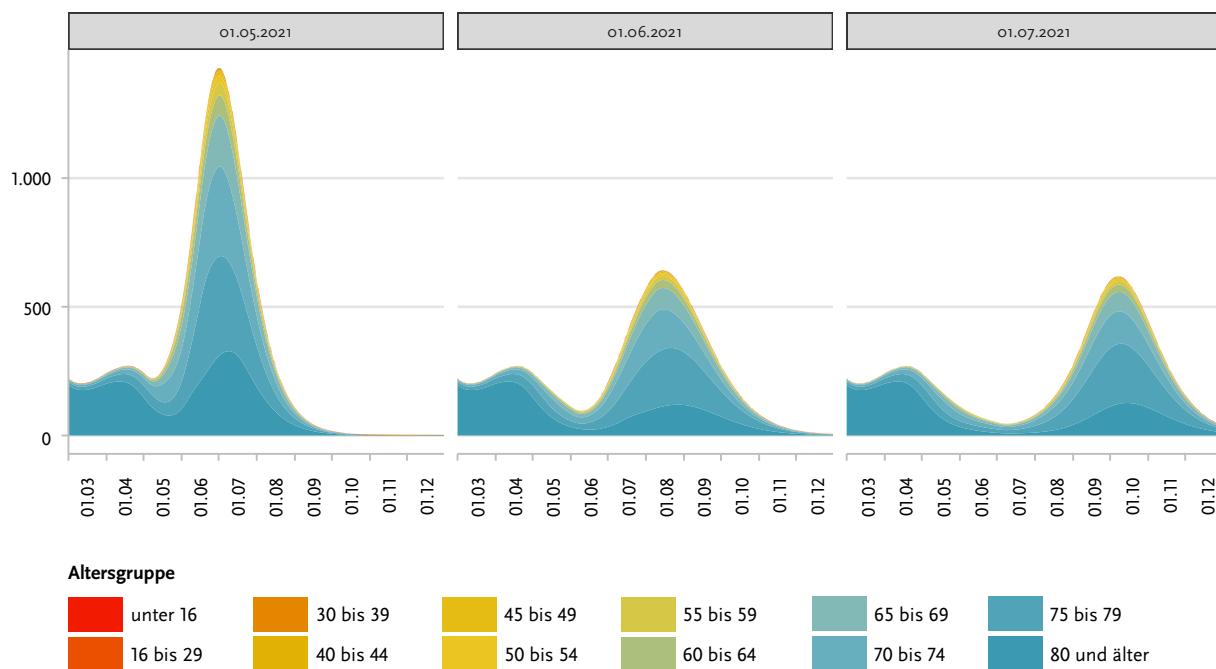


Abb. 15 | Altersverteilung der Sterbefälle unter Annahme einer dauerhaften Rückkehr der Kontaktzahlen um 40% zu unterschiedlichen Zeitpunkten (Beginn der Lockerungen zum 01.05., 01.06. und 01.07.2021).

auf ein prä-pandemisches Niveau trotz hoher Impfquoten Menschen infizieren und einen schweren Verlauf erleiden.

Diskussion

Das ursprüngliche Ziel dieses Projektes war es, verschiedene Strategien der Impfpriorisierung basierend auf den Eigenschaften und Verfügbarkeiten der Impfstoffe gegen COVID-19 zu evaluieren. Dafür wurde ein mathematisches Modell entwickelt, um zeitnahe und evidenzbasierte Entscheidungen der STIKO zu unterstützen. Da bei dem Vergleich unterschiedlicher Impfstrategien auch die Transmission des Erregers und das Kontaktverhalten der Menschen berücksichtigt werden müssen, sind diese Parameter im Modell integriert. Daher kann das Modell über die Impfstrategie betreffende Aspekte hinausgehend auch für weitere Fragestellungen eingesetzt werden. So wurden beispielsweise der Einfluss der neuen Virusvariante B.1.1.7 sowie die Maßnahmen zur Eindämmung von SARS-CoV-2 und deren Lockerungen in das Modell integriert.

Die Modellergebnisse sind vor dem Hintergrund verschiedener Limitationen des Modells zu bewerten. Zuvor sind hier die Daten zu nennen, die für das Kontaktverhalten verwendet wurden. Diese stammen derzeit aus der POLYMOD-Studie,⁶² die für den Verlauf der Studie über die Modellkalibrierung skaliert werden. Hinsichtlich der absoluten Kontaktzahl ist dies adäquat, jedoch spiegelt die relative Verteilung der Kontakte nur die prä-pandemische Situation wieder. Durch die Empfehlungen zur Reduktion der Kontakte, insbesondere zu Risikogruppen, hat sich jedoch das Kontaktverhalten zwischen den Alters- und Risikogruppen stark verändert. In diesem Zusammenhang muss auch erwähnt werden, dass die Kontaktreduktion im Modell gleichmäßig zwischen den Populationsgruppen erfolgt. Dies könnte die Unterschätzung der Infektions- und Todeszahlen bei den über 80-Jährigen begründen. Weiterhin ist es durch dieses Vorgehen nicht möglich, Öffnungen oder Schließungen einzelner Settings/Orte zu betrachten, sondern lediglich eine allgemeine, prozentuale Öffnung oder Schließung.

Auch die Verwendung von Meldedaten für die Abschätzung von Hospitalisierungsraten und ITS-Verlegungen sind als Limitation des Modells zu sehen. Dies gilt insbesondere vor dem Hintergrund der Berücksichtigung der Risikogruppen. Durch die Erhöhung der Hospitalisierungs- und Sterberaten über die altersadjustierten relativen Risiken ist keine altersspezifische Anpassung der Raten möglich, was zu einer Überschätzung der Hospitalisierungen und Todesfälle in den hohen Altersgruppen und einer Unterschätzung in den jungen Altersgruppen führen kann.

Als Limitation der vorgestellten Analysen ist weitergehend zu erwähnen, dass andere Maßnahmen außerhalb von Kontaktbeschränkungen nicht untersucht wurden. Zwar wurde berücksichtigt, dass sich gemeldete Fälle in Quarantäne begeben und dass in den verschiedenen Altersgruppen unterschiedlich getestet wurde, es wurde in den vorliegenden Analysen jedoch nicht die vermehrte Durchführung von Antigen-Tests integriert.

Zukünftige Weiterentwicklungen des Modells sind mittels Primärdaten zu pandemischem Kontaktverhalten über die Kontaktsurveys COVIMOD⁵⁹ und KoMMI geplant. Hierbei sollen auch konkrete Settings im Modell berücksichtigt werden, so dass Zunahmen des Kontaktverhalten bspw. in Schulen oder am Arbeitsplatz explizit abgebildet werden können. Weitergehend werden in einem aktuellen Projekt altersstratifizierte Risikoschätzer für Personen mit Vorerkrankungen mit Hilfe eines Konsortiums von gesetzlichen Krankenkassen ermittelt. Durch Verwendung dieser Daten kann die Unter- bzw. Überschätzung von Hospitalisierungen vermieden werden.

Mittelfristig sollen im Modell auch Daten zu langfristigen Gesundheitsfolgen einer COVID-19-Erkrankung berücksichtigt werden. Hierzu bieten sich Daten aus der Lebensqualitätsforschung oder gezielten Studien zur Krankheitslast an, da komplexe Verlaufsformen in geeigneten Maßzahlen zusammengefasst werden müssen.

Fazit

Die zunehmende Dominanz der neuen Virusvariante B.1.1.7 und die gleichzeitige Rücknahme von Kontaktbeschränkungen haben zu einem erneuten Anstieg der Infektionszahlen von SARS-CoV-2 in Deutschland geführt. Diese sind auch bereits mit Stand 29.03.2021 in den Meldedaten abgebildet.⁶⁰ Problematisch ist dabei der hohe Ausgangswert der Infektionen zu Beginn dieser dritten Infektionswelle. Trotz der Impfung von ca. 10% der Bevölkerung mit mindestens einer Dosis ist die Impfkampagne noch nicht so weit vorangeschritten, um das Infektionsgeschehen wesentlich zu beeinflussen.

Die hier vorgestellten Modellprognosen legen unter den getroffenen Annahmen nahe, dass eine Vermeidung der Überlastung der ITS-Kapazitäten nur gelingt, sobald Lockerungen vorsichtig erst ab Mai/Juni 2021 und dann mit sukzessiver Steigerung des Grades der Lockerungen bis in den Spätsommer durchgeführt werden, wenn ein Großteil der Bevölkerung geimpft ist. Zum aktuellen Zeitpunkt kann nur durch eine möglichst frühe und umfassende Reduktion der seit März 2021 wieder gestiegenen Kontakte in der Bevölkerung eine Überlastung der ist-Kapazitäten vermieden werden. Inwieweit andere Maßnahmen zur Reduktion des Transmissionsgeschehens geeignet sind, muss durch weitere Analysen ermittelt werden.

Literatur

- 1 Aktuelle Belegungssituation intensivmedizinischer Bereiche der Krankenhaus-Standorte Deutschlands: Zeitreihen-Daten [Internet]. 2021 [cited 29.03.2021]. Available from: <https://www.intensivregister.de/#/aktuelle-lage/zeitreihen>
- 2 Busse R: Wie erging es den Krankenhäusern im COVID-19-Jahr 2020? Analyse der Fallzahlen, Belegung und Sterblichkeit nach Indikationen und Krankenhausgröße 2021
- 3 Backer JA, Klinkenberg D, Wallinga J: Incubation period of 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) infections among travellers from Wuhan, China, 20–28 January 2020. *Euro Surveill.* 2020;25(5):2000062
- 4 Hua C-Z, Miao Z-P, Zheng J-S, Huang Q, Sun Q-F, Lu H-P, et al.: Epidemiological features and viral shedding in children with SARS-CoV-2 infection. *Journal of Medical Virology.* 2020;92(11):2804-12
- 5 Jiehao C, Jin X, Daojiong L, Zhi Y, Lei X, Zhenghai Q, et al.: A Case Series of Children With 2019 Novel Coronavirus Infection: Clinical and Epidemiological Features. *Clinical Infectious Diseases.* 2020;71(6):1547-51
- 6 Kong TK: Longer incubation period of coronavirus disease 2019 (COVID-19) in older adults. *Aging medicine (Milton (NSW)).* 2020;3(2):102-9.
- 7 Lauer SA, Grantz KH, Bi Q, Jones FK, Zheng Q, Meredith HR, et al.: The Incubation Period of Coronavirus Disease 2019 (COVID-19) From Publicly Reported Confirmed Cases: Estimation and Application. *Annals of Internal Medicine.* 2020;172(9):577-82
- 8 Li Q, Guan X, Wu P, Wang X, Zhou L, Tong Y, et al. Early Transmission Dynamics in Wuhan, China, of Novel Coronavirus–Infected Pneumonia. *New England Journal of Medicine.* 2020;382(13):1199-207
- 9 Linton NM, Kobayashi T, Yang Y, Hayashi K, Akhmetzhanov AR, Jung S-m, et al.: Incubation Period and Other Epidemiological Characteristics of 2019 Novel Coronavirus Infections with Right Truncation: A Statistical Analysis of Publicly Available Case Data. *Journal of Clinical Medicine.* 2020;9(2):538
- 10 Ma S, Zhang J, Zeng M, Yun Q, Guo W, Zheng Y, et al.: Epidemiological parameters of coronavirus disease 2019: a pooled analysis of publicly reported individual data of 1155 cases from seven countries. *medRxiv.* 2020:2020.03.21.20040329
- 11 Qin J, You C, Lin Q, Hu T, Yu S, Zhou X-H: Estimation of incubation period distribution of COVID-19 using disease onset forward time: A novel cross-sectional and forward follow-up study. *Sci Adv.* 2020;6(33):eabc1202-eabc
- 12 Tan WYT, Wong LY, Leo YS, Toh MPH: Does incubation period of COVID-19 vary with age? A study of epidemiologically linked cases in Singapore. *Epidemiol Infect.* 2020;148:e197-e
- 13 Tindale LC, Stockdale JE, Coombe M, Garlock ES, Lau WYV, Saraswat M, et al.: Evidence for transmission of COVID-19 prior to symptom onset. *Elife.* 2020;9:e57149
- 14 Zhang J, Litvinova M, Wang W, Wang Y, Deng X, Chen X, et al.: Evolving epidemiology and transmission dynamics of coronavirus disease 2019 outside Hubei province, China: a descriptive and modelling study. *Lancet Infect Dis.* 2020;20(7):793-802
- 15 Thompson HA, Mousa A, Dighe A, Fu H, Arnedo-Pena A, Barrett P, et al.: Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 (SARS-CoV-2) Setting-specific Transmission Rates: A Systematic Review and Meta-analysis. *Clinical Infectious Diseases.* 2021
- 16 Arons MM, Hatfield KM, Reddy SC, Kimball A, James A, Jacobs JR, et al.: Presymptomatic SARS-CoV-2 Infections and Transmission in a Skilled Nursing Facility. *New England Journal of Medicine.* 2020;382(22):2081-90
- 17 Basile K, McPhie K, Carter I, Alderson S, Rahman H, Donovan L, et al.: Cell-based culture of SARS-CoV-2 informs infectivity and safe de-isolation assessments during COVID-19. *Clinical Infectious Diseases.* 2020
- 18 Folgueira MD, Luczkowiak J, Lasala F, Pérez-Rivilla A, Delgado R: Persistent SARS-CoV-2 replication in severe COVID-19. *medRxiv.* 2020:2020.06.10.20127837
- 19 La Scola B, Le Bideau M, Andreani J, Hoang VT, Grimaldier C, Colson P, et al.: Viral RNA load as determined by cell culture as a management tool for discharge of SARS-CoV-2 patients from infectious disease wards. *European Journal of Clinical Microbiology & Infectious Diseases.* 2020;39(6):1059-61
- 20 Million M, Lagier J-C, Gautret P, Colson P, Fournier P-E, Amrane S, et al.: Early treatment of COVID-19 patients with hydroxychloroquine and azithromycin: A retrospective analysis of 1061 cases in Marseille,

- France. Travel Medicine and Infectious Disease. 2020;35:101738
- 21 Perera R, Tso E, Tsang OTY, Tsang DNC, Fung K, Leung YWY, et al.: SARS-CoV-2 Virus Culture and Subgenomic RNA for Respiratory Specimens from Patients with Mild Coronavirus Disease. Emerging infectious diseases. 2020;26(11):2701-4
- 22 Singanayagam A, Patel M, Charlett A, Lopez Bernal J, Saliba V, Ellis J, et al.: Duration of infectiousness and correlation with RT-PCR cycle threshold values in cases of COVID-19, England, January to May 2020. Eurosurveillance. 2020;25(32):2001483
- 23 Wölfel R, Corman VM, Guggemos W, Seilmaier M, Zange S, Müller MA, et al. Virological assessment of hospitalized cases of coronavirus disease 2019. medRxiv. 2020:2020.03.05.20030502
- 24 Cai J, Wang X, Zhao J, Ge Y, Xu J, Tian H, et al.: Comparison of Clinical and Epidemiological Characteristics of Asymptomatic and Symptomatic SARS-CoV-2 Infection in Children. Virologica Sinica. 2020;35(6):803-10
- 25 Hu Z, Song C, Xu C, Jin G, Chen Y, Xu X, et al.: Clinical characteristics of 24 asymptomatic infections with COVID-19 screened among close contacts in Nanjing, China. Science China Life Sciences. 2020;63(5):706-11
- 26 Kim SE, Jeong HS, Yu Y, Shin SU, Kim S, Oh TH, et al.: Viral kinetics of SARS-CoV-2 in asymptomatic carriers and presymptomatic patients. International journal of infectious diseases : IJID : official publication of the International Society for Infectious Diseases. 2020;95:441-3
- 27 Long Q-X, Tang X-J, Shi Q-L, Li Q, Deng H-J, Yuan J, et al.: Clinical and immunological assessment of asymptomatic SARS-CoV-2 infections. Nature Medicine. 2020;26(8):1200-4
- 28 Mori H, Obinata H, Murakami W, Tatsuya K, Sasaki H, Miyake Y, et al.: Comparison of COVID-19 disease between young and elderly patients: Hidden viral shedding of COVID-19. Journal of infection and chemotherapy : official journal of the Japan Society of Chemotherapy. 2021;27(1):70-5
- 29 Tan F, Wang K, Liu J, Liu D, Luo J, Zhou R: Viral Transmission and Clinical Features in Asymptomatic Carriers of SARS-CoV-2 in Wuhan, China. Frontiers in Medicine. 2020;7(547)
- 30 Xu T, Huang R, Zhu L, Wang J, Cheng J, Zhang B, et al.: Epidemiological and clinical features of asymptomatic patients with SARS-CoV-2 infection. Journal of Medical Virology. 2020;92(10):1884-9
- 31 Yang R, Gui X, Xiong Y: Comparison of Clinical Characteristics of Patients with Asymptomatic vs Symptomatic Coronavirus Disease 2019 in Wuhan, China. JAMA Network Open. 2020;3(5):e2010182-e
- 32 Yongchen Z, Shen H, Wang X, Shi X, Li Y, Yan J, et al.: Different longitudinal patterns of nucleic acid and serology testing results based on disease severity of COVID-19 patients. Emerging microbes & infections. 2020;9(1):833-6
- 33 Zhou R, Li F, Chen F, Liu H, Zheng J, Lei C, et al. Viral dynamics in asymptomatic patients with COVID-19. International Journal of Infectious Diseases. 2020;96:288-90
- 34 Han MS, Choi EH, Chang SH, Jin B-L, Lee EJ, Kim BN, et al.: Clinical Characteristics and Viral RNA Detection in Children With Coronavirus Disease 2019 in the Republic of Korea. JAMA Pediatrics. 2021;175(1):73-80
- 35 Rothe C, Schunk M, Sothmann P, Bretzel G, Froeschl G, Wallrauch C, et al.: Transmission of 2019-nCoV Infection from an Asymptomatic Contact in Germany. New England Journal of Medicine. 2020;382(10):970-1
- 36 Wei WE, Li Z, Chiew CJ, Yong SE, Toh MP, Lee VJ: Presymptomatic Transmission of SARS-CoV-2 – Singapore, January 23–March 16, 2020. MMWR Morbidity and mortality weekly report. 2020;69(14):411-5
- 37 Daniells JK, MacCallum HL, Durrheim DN: Asymptomatic COVID-19 or are we missing something? Communicable Diseases Intelligence. 2020;44
- 38 Dora AV, Winnett A, Jatt LP, Davar K, Watanabe M, Sohn L, et al.: Universal and Serial Laboratory Testing for SARS-CoV-2 at a Long-Term Care Skilled Nursing Facility for Veterans – Los Angeles, California, 2020. MMWR Morbidity and mortality weekly report. 2020;69(21):651-5
- 39 Gao Y, Shi C, Chen Y, Shi P, Liu J, Xiao Y, et al.: A cluster of the Corona Virus Disease 2019 caused by incubation period transmission in Wuxi, China. The Journal of infection. 2020;80(6):666-70
- 40 Garazzino S, Montagnani C, Donà D, Meini A, Felici E, Vergine G, et al.: Multicentre Italian study

- of SARS-CoV-2 infection in children and adolescents, preliminary data as at 10 April 2020. *Euro Surveill.* 2020;25(18)
- 41** Li W, Zhang B, Lu J, Liu S, Chang Z, Peng C, et al.: Characteristics of Household Transmission of COVID-19. *Clinical Infectious Diseases.* 2020;71(8):1943-6
- 42** London V, McLaren R, Jr., Atallah F, Cepeda C, McCalla S, Fisher N, et al.: The Relationship between Status at Presentation and Outcomes among Pregnant Women with COVID-19. *Am J Perinatol.* 2020;37(10):991-4
- 43** Lu X, Zhang L, Du H, Zhang J, Li YY, Qu J, et al.: SARS-CoV-2 Infection in Children. *New England Journal of Medicine.* 2020;382(17):1663-5
- 44** Lu Y, Li Y, Deng W, Liu M, He Y, Huang L, et al.: Symptomatic Infection is Associated with Prolonged Duration of Viral Shedding in Mild Coronavirus Disease 2019: A Retrospective Study of 110 Children in Wuhan. *The Pediatric Infectious Disease Journal.* 2020;39(7):e95-e9
- 45** Mizumoto K, Kagaya K, Zarebski A, Chowell G: Estimating the asymptomatic proportion of coronavirus disease 2019 (COVID-19) cases on board the Diamond Princess cruise ship, Yokohama, Japan, 2020. *Euro Surveill.* 2020;25(10)
- 46** Nishiura H, Kobayashi T, Miyama T, Suzuki A, Jung SM, Hayashi K, et al.: Estimation of the asymptomatic ratio of novel coronavirus infections (COVID-19). *International journal of infectious diseases : IJID : official publication of the International Society for Infectious Diseases.* 2020;94:154-5
- 47** Park SY, Kim YM, Yi S, Lee S, Na BJ, Kim CB, et al.: Coronavirus Disease Outbreak in Call Center, South Korea. *Emerging infectious diseases.* 2020;26(8):1666-70
- 48** Pham QT, Rabaa MA, Duong HL, Dang QT, Tran DQ, Quach H-L, et al.: The first 100 days of SARS-CoV-2 control in Vietnam. *Clin Infect Dis.* 2020;ciaa1130
- 49** Rivett L, Sridhar S, Sparkes D, Routledge M, Jones NK, Forrest S, et al.: Screening of healthcare workers for SARS-CoV-2 highlights the role of asymptomatic carriage in COVID-19 transmission. *Elife.* 2020;9
- 50** Song W, Li J, Zou N, Guan W, Pan J, Xu W: Clinical features of pediatric patients with coronavirus disease (COVID-19). *J Clin Virol.* 2020;127:104377
- 51** Tabata S, Imai K, Kawano S, Ikeda M, Kodama T, Miyoshi K, et al.: The clinical characteristics of COVID-19: a retrospective analysis of 104 patients from the outbreak on board the Diamond Princess cruise ship in Japan. *medRxiv.* 2020:2020.03.18.20038125
- 52** Wang Y, He Y, Tong J, Qin Y, Xie T, Li J, et al.: Characterization of an Asymptomatic Cohort of Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 (SARS-CoV-2) Infected Individuals Outside of Wuhan, China. *Clin Infect Dis.* 2020;71(16):2132-8
- 53** Wu J, Huang Y, Tu C, Bi C, Chen Z, Luo L, et al.: Household Transmission of SARS-CoV-2, Zhuhai, China, 2020. *Clinical Infectious Diseases.* 2020;71(16):2099-108
- 54** Yongchen Z, Shen H, Wang X, Shi X, Li Y, Yan J, et al.: Different longitudinal patterns of nucleic acid and serology testing results based on disease severity of COVID-19 patients. *Emerging microbes & infections.* 2020;9(1):833-6
- 55** Zhang W, Long Q, Huang Y, Chen C, Wu J, Hong Y, et al.: Asymptomatic COVID-19 Have Longer Treatment Cycle Than Moderate Type of Confirmed Patients. *medRxiv.* 2020:2020.05.16.20103796
- 56** Mossong J, Hens N, Jit M, Beutels P, Auranen K, Mikolajczyk R, et al.: Social Contacts and Mixing Patterns Relevant to the Spread of Infectious Diseases. *PLOS Medicine.* 2008;5(3):e74
- 57** Buchholz U, Lehfeld A, Otte im Kampe E, Lindahl M, Lewandowsky M, Hauer B, et al.: Epidemiologie von COVID-19 im Schulsetting. *Epid Bull.* 2021;13:3 -16
- 58** Gesundheit Bf. Liefermengen von Impfstoffdosen 2021 [Available from: <https://www.bundesgesundheitsministerium.de/coronavirus/faq-covid-19-impfung.html>]
- 59** Tomori DV, Rübsamen N, Berger T, Scholz S, Walde J, Wittenberg I, et al.: Individual social contact data reflected SARS-CoV-2 transmission dynamics during the first wave in Germany better than population mobility data – an analysis based on the COVIMOD study. *medRxiv.* 2021:2021.03.24.21254194
- 60** Institut RK. Täglicher Lagebericht des RKI zur Coronavirus-Krankheit-2019(COVID-19). 12.03.2021

- 61** Betsch C, Wieler LH, Habersaat K and the COSMO group (2020): Rapid, flexible, cost-effective monitoring tool for behavioural insights related to COVID-19 across countries. *The Lancet*, 2020;395(10237):30729-7. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(20\)30729-7](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(20)30729-7)
- 62** Mossong J, Hens N, Jit M, Beutels P, Auranen K, Mikolajczyk R, et al.: Social Contacts and Mixing Patterns Relevant to the Spread of Infectious Diseases. *PLOS Medicine*. 2008;5(3):e74

Autorinnen und Autoren

- ^{a)} Stefan Scholz | ^{a)} Maria Waize | ^{b)} Dr. Felix Weidemann |
^{a)} Dr. Marina Treskova-Schwarzbach | ^{a)} Dr. Laura Haas |
^{a)} Dr. Thomas Harder | ^{e)} Prof. Dr. André Karch |
^{c,f)} Dr. Berit Lange | ^{d)} Dr. Alexander Kuhlmann |
^{e)} Dr. Veronika Jäger | ^{a)} Dr. Ole Wichmann
- ^{a)} Fachgebiet Impfprävention, Robert Koch-Institut, Berlin
^{b)} Institut für Qualitätssicherung und Transparenz im Gesundheitswesen, Berlin
^{c)} Abteilung für Epidemiologie, Helmholtz-Zentrum für Infektionsforschung, Braunschweig
^{d)} Center for Health Economics Research Hannover, Leibniz Universität Hannover, Hannover sowie Biomedical Research in End-Stage and Obstructive Lung Disease Hannover (BREATH), Deutsches Zentrum für Lungenforschung (DZL), Hannover
^{e)} Institut für Epidemiologie und Sozialmedizin, Westfälische Wilhelms-Universität Münster
^{f)} Deutsches Zentrum für Infektionsforschung, TI BBD, Inhoffenstr. 7, 38124 Braunschweig

Korrespondenz: ScholzS@rki.de

Vorgeschlagene Zitierweise

Scholz S, Waize M, Weidemann F, Treskova-Schwarzbach M, Haas L, Harder T, Karch A, Lange B, Kuhlmann A, Jäger V, Wichmann O: Einfluss von Impfungen und Kontaktreduktionen auf die dritte Welle der SARS-CoV-2-Pandemie und perspektivische Rückkehr zu prä-pandemischem Kontaktverhalten

Epid Bull 2021;13:3-22 | DOI 10.25646/8256

(Dieser Artikel ist online vorab am 31. März 2021 erschienen.)

Interessenkonflikt

Alle Autorinnen und Autoren geben an, dass kein Interessenkonflikt besteht.

Danksagung

Das Projekt ImVaCov wird finanziell unterstützt durch das Bundesministerium für Gesundheit (BMG). Das Autor*innenteam möchte sich sehr herzlich bei allen Personen bedanken, die das Projekt und das vorliegende Modell durch Daten oder gedanklichen Austausch unterstützt haben. Besonderer Dank geht an die folgenden Personen: Muna Abu Sin und Niklas Willrich und das Team der laborbasierten Surveillance SARS-CoV-2 für die Bereitstellung der Testdaten. Matthias an der Heiden und Andreas Hicketier für Inputs zur Variante B.1.1.7. Der Ständigen Impfkommission sowie der STIKO Geschäftsstelle für Inputs zu Wirksamkeit der Impfungen. Dem Kommunikationsteam von FG33 und dem Konsortium der COSMO-Studie für die Daten zur Impfbereitschaft. Martin Rößler, Josephine Jacob und allen Mitgliedern des Routinedatenkonsortiums für den wertvollen Input zu Vorerkrankungen. Und schließlich allen Mitgliedern des wissenschaftlichen Beirat von ImVaCov, deren fachliche Expertise wesentlich zum vorliegenden Modell beigetragen hat. Dankeschön!

Epidemiologie von COVID-19 im Schulsetting

Einleitung

Das Verständnis der Bedeutung von Kindern und Jugendlichen für das epidemiologische Geschehen der Coronavirus disease 2019-(COVID-19)-Pandemie ist wichtig, damit sich Maßnahmen daran orientieren können. Die Rolle von Kindern im Kita-Alter und von Kitas/Kindertagespflege im Besonderen werden in den Monats- und Quartalsberichten der Corona-KiTa-Studie thematisiert. Im Folgenden soll ein Fokus auf Schülerinnen und Schüler (SuS) zwischen 6 und 20 Jahren im Schulsetting gelegt werden. Manche WissenschaftlerInnen glauben, dass SuS kein „Motor“ des pandemischen Geschehens sind.^{1,2} Andere berichten anhand ihrer Daten, dass SuS genauso häufig wie Erwachsene infiziert sind und daher die Möglichkeit nicht ausgeschlossen werden kann, dass auch SuS substanzell zum Übertragungsgeschehen in der Bevölkerung beitragen.^{3,4} Dieses heterogene, mitunter widersprüchliche Bild verdeutlicht, dass die Frage komplex ist, dabei viele Faktoren zu berücksichtigen sind und sie nicht mit einer einzigen Studie zu beantworten ist. Eine neue „Variable“ im Übertragungsgeschehen ist das Auftreten neuer besorgniserregender Varianten (*Variants of Concern; VOC*). Von diesen ist die „UK-Variante“ B.1.1.7 gegenwärtig (12.02.2021) in Deutschland am meisten verbreitet.⁵

Im vorliegenden Artikel sollen zum einen die Meldedaten in Deutschland ausgewertet werden, und zum zweiten eine selektive Literaturübersicht erfolgen, um sich den folgenden Fragen zu nähern:

- Wie häufig ist die Altersgruppe der SuS mit Severe acute respiratory syndrome corona virus 2 (SARS-CoV-2) infiziert, insbesondere im Verhältnis zum Gesamtgeschehen?
- Wie häufig kommt es zu Schulausbrüchen, wie groß sind diese, hat sich ihre mittlere Größe seit dem Beginn der Pandemie verändert, welche Altersgruppe(n) (AG) sind besonders betroffen, und wer löst sie aus?
- Welche infektionsepidemiologischen Folgen sind – basierend auf publizierten Modellberechnungen – zu erwarten, wenn Schulen wieder geöffnet

werden, und stehen diese in einem Zusammenhang mit der epidemiologischen Gesamtsituation im lokalen und regionalen Umfeld?

- Welche Auswirkungen hat das zunehmende Auftreten der SARS-CoV-2-Variante B.1.1.7 auf die Epidemiologie unter Kindern und Jugendlichen und infolge dessen auf das Gesamtgeschehen?

Methoden

Auswertung der Meldedaten

Auf Basis der COVID-19-Meldedaten wurden alle COVID-19-Ausbrüche analysiert, denen mindestens zwei laborbestätigte COVID-19-Fälle zugeordnet wurden und die mit dem Infektionsumfeld „Schule“ bis zum 25.01.2021 an das Robert Koch-Institut (RKI) übermittelt wurden. Wir wendeten dabei sowohl die Meldesoftware SurvNet (Version 0.9.32) an als auch – nach Datenexport – Microsoft Excel 2019 und STATA, Version 15 (College Station, TX, USA). In der Meldesoftware gibt es die Möglichkeit, Ausbrüche miteinander zu verknüpfen. Dies wird beispielsweise dann getan, wenn die involvierten Fälle von unterschiedlichen Gesundheitsämtern übermittelt werden und dann zu einem Ausbruchsgeschehen zusammengeführt werden. In der Analyse wurden miteinander verknüpfte Schulausbrüche als ein Ausbruch gezählt.

Weiterhin lag der Hauptfokus auf Ausbrüchen, die zwischen Kalenderwoche (KW) 32 und KW 50 übermittelt wurden. Die Ausbrüche wurden der Meldewoche zugeordnet, in welcher der erste Fall eines Ausbruchs übermittelt wurde (es gilt: Meldeweche = KW). Dieser Zeitraum wurde gewählt, da zum einen in KW 32 das erste Bundesland nach den Sommerferien wieder den regulären Schulbetrieb aufnahm. Zum anderen kam es ab KW 51 zum bundesweiten *Lockdown* mit intensivierteren Maßnahmen, mit weitestgehender Kontaktreduktion im privaten und öffentlichen Bereich, Schließung des „nicht-essenziellen“ Einzelhandels sowie von Schulen und Kitas. Nur bei der Betrachtung des zeitlichen Verlaufs der Ausbruchsgröße wurde der Zeitraum von KW 09/2020 bis KW 02/2021 betrachtet, um auszuwerten,

ob die Ausbrüche zu Beginn der Pandemie größer waren als später später in der Pandemie (als Maßnahmen ergriffen wurden).

Die Ausbrüche wurden der Meldewoche zugeordnet, in welcher der erste Fall eines Ausbruchs übermittelt wurde. COVID-19-Fälle im Alter von 0 bis 5 Jahren wurden aus der Analyse ausgeschlossen, da die Einschulung in der Regel beginnt, wenn die Kinder 6 Jahre alt sind. Ebenso wurden Fälle ohne Altersangabe ausgeschlossen ($n = 7$). Die Schulausbrüche wurden in eine von fünf AG eingeteilt (s. Tab. 1).

Des Weiteren wurde untersucht, welche Ausbrüche sich vermutlich in einem Schuljahrgang ereigneten (und nicht über den Schuljahrgang hinaus zu Fällen führten). Dafür wurden die in einem Ausbruch beteiligten SuS einem Jahrgang zugeordnet, wenn das Alter aller SuS eines Ausbruchs nur um ein Jahr differierte.

Analyse der Ausbrüche nach Primärfall

Als Primärfall (PF) und damit als vermuteter Ausgangspunkt der Infektionen wurde der Fall mit dem frühesten Erkrankungsbeginn (EB) in einem Ausbruch definiert. Bei der Analyse der Ausbrüche nach vermutlichem PF wurden nur diejenigen Schulausbrüche eingeschlossen, bei denen für alle Fallpersonen ein EB vorlag. Auf Grundlage der Zuordnung der Ausbrüche mit PF in eine bestimmte AG wurde weiterhin festgelegt, dass nur eine AG den ersten EB in einem Ausbruch haben durfte. Die AG eines PF war unabhängig von der AG des Gesamtausbruchs. Wiesen mehrere Fälle denselben ersten EB auf, wurden nur diejenigen Ausbrüche eingeschlossen, bei denen diese Fälle der gleichen AG (z. B. 6–10 Jahre) zugeordnet werden konnten. Wenn mehrere Fälle einer AG denselben ersten EB hatten, wurde ein Fall als PF und die weiteren Fälle wurden als Sekundärfälle gewertet. Diese Zuteilung erfolgte zufällig und hatte keinen weiteren Einfluss auf die Analysen. Fälle, deren EB mehr als 21 Tage nach dem EB des PF zurücklagen, wurden in der Analyse nicht berücksichtigt. Hier wird angenommen, dass es sich nicht mehr um direkte Folgefälle des PF handelt. Für die Analyse der Ausbrüche nach PF verblieben insgesamt 221 Ausbrüche (22 % aller Schulausbrüche in KW 32–50) mit 627 Fällen.

AG-Zuordnung	Beschreibung
AG 6–10	mehr als 75 % der unter 21-jährigen Fälle gehören zur AG 6–10
AG 11–14	mehr als 75 % der unter 21-jährigen Fälle gehören zur AG 11–14
AG 15–20	mehr als 75 % der unter 21-jährigen Fälle gehören zur AG 15–20
AG LuL	es waren nur Erwachsene (21+) beteiligt
nonAG > 75	es wurde mindestens 1 Fall im Alter von 6–20 Jahren übermittelt, aber keine AG ist mit mehr als 75 % der Fälle vertreten

Tab. 1 | Einteilung der Schulausbrüche in fünf Altersgruppen (AG) in Jahren. LuL = Lehrerinnen und Lehrer.

Zur besseren Lesbarkeit werden im Folgenden die COVID-19-Fälle im Alter von 6 bis 20 Jahren als „SuS“ (Schülerinnen und Schüler) und die Fälle im Alter von 21 Jahren und älter als „LuL“ (Lehrerinnen und Lehrer) bezeichnet. Es ist zu beachten, dass es sich u. U. bei den Erwachsenen auch um anderes Schulpersonal oder auch um Elternteile handeln kann, die dem Schulausbruch zugeordnet wurden. Eine klare Differenzierung ist anhand der Meldedaten nicht möglich.

Für die Berechnung der Meldeinzidenz und der Inzidenz akuter respiratorischer Erkrankungen (ARE) wurde die Bevölkerungsstatistik mit Stand vom 31.12.2019 herangezogen. Die Berechnung von Inzidenzen bei LuL bzw. SuS erfolgte auf Grundlage der Daten des statistischen Bundesamtes (<https://www.destatis.de/DE/Themen/Gesellschaft-Umwelt/Bildung-Forschung-Kultur/Schulen/Tabellen/allgemeinbildende-lehrkraefte-altebundeslaender.html>; LuL; Stand Schuljahr 2019/2020) sowie des Bundesministeriums für Bildung und Forschung (BMBF) (<https://www.datenportal.bmbf.de/portal/de/show-all-tables.html>; SuS; 2019).

Literatursuche

Wir führten zwei Literatursuchen durch, und zwar zu den folgenden Fragen:

- (i) Epidemiologisch messbare Auswirkungen von Schulferienverlängerung, oder gestaffelter Wiedereröffnung mit Präsenzunterricht. Wir verwendeten die folgenden Datenbanken:
- EMBASE, mit den folgenden Suchbegriffen: ('sars cov 2')/exp OR 'sars cov 2' OR ('sars'/exp

- OR sars) AND cov*) OR covid* OR 'severe acute respiratory syndrome coronavirus 2'/exp OR 'severe acute respiratory syndrome coronavirus 2' OR ('wuhan'/exp OR wuhan) AND coronav*) OR (novel AND coronav* AND dis*) OR (novel AND 'coronav*' AND inf*)) AND (School AND (holiday OR gradual OR phased OR reopen*))
- ▶ Google Scholar und medRxiv zu "COVID-19", "school", "holiday", "gradual reopening", "phased reopening"

(2) Impakt der neuen Varianten auf die Epidemiologie von Kindern und Jugendlichen

Wir suchten in Pubmed, Google Scholar, Google, auf der Webseite des Europäischen Zentrums für die Prävention und die Kontrolle von Krankheiten (ECDC) und der Weltgesundheitsorganisation (WHO) sowie auf der Webseite der Regierung Großbritanniens nach relevanter Literatur zu den Suchwörtern "COVID-19", "SARS-CoV-2", "covid-19", "corona virus", "children", "UK", "United Kingdom", "Great Britain", "England", "mutation", "variant", "VOC", "VOC 202012/01", "B.1.1.7.", "B117", "N501Y".

Ergebnisse der Auswertung der Melde Daten

Zeitlicher Verlauf der COVID-19-Meldefälle nach Altersgruppe im Vergleich zu sonstigen bei ARE „üblichen“ Raten

Zur Einordnung und zum besseren Verständnis der Dynamik des Inzidenzverlaufs von COVID-19 in den verschiedenen AG betrachteten wir zunächst den üblichen Inzidenzverlauf von nicht durch SARS-CoV-2 bedingten ARE. In Zeiten vor COVID-19 wurde häufig beobachtet, dass sich deutliche Inzidenzänderungen von ARE zuerst in den jüngsten Altersjahrgängen zeigen, bevor sie auch in den älteren Altersgruppen sichtbar werden. Ein Beispiel ist der über GrippeWeb dokumentierte Verlauf der ARE-Inzidenzen für die KW 30 bis 41 der Jahre 2015 bis 2019 (gepoolt). Der spätsommerliche Anstieg der ARE-Inzidenz beginnt in der jüngsten AG und wird erst später in den älteren AG beobachtet (s. Abb. 1a). Im Gegensatz dazu erkennt man bei COVID-19, dass nach der Niedrig-Inzidenzphase im Sommer bis KW 31 zunächst ein Anstieg in der Altersgruppe der älteren Jugendlichen bzw. der jüngeren Erwachse-

nen und erst ab KW 40 auch in den anderen Altersgruppen zu beobachten war (s. Abb. 1b). Auch die Inzidenz in den Altersgruppen der Kleinkinder und jüngeren SuS bis etwa 14 Jahre stieg dann erst an.

Zeitlicher Verlauf der COVID-19-Meldefälle im Vergleich zur Zahl übermittelter Schulausbrüche

Im Zeitraum zwischen KW 32 bis 50 erfuhr die Gesamtzahl der COVID-19-Meldungen zunächst einen exponentiellen Anstieg und stagnierte dann nach Beginn des *Lockdown light* in KW 45 (s. Abb. 2, links). In derselben Zeit stieg die Zahl der gemeldeten Schulausbrüche ebenfalls an, jedoch nicht exponentiell. Der Anstieg der Schulausbrüche setzte sich auch nach Beginn des *Lockdown light* in KW 45 weiter fort (s. Abb. 2, links). Werden die Meldefallzahlen logarithmisch dargestellt und gegen die Zahl der Schulausbrüche aufgetragen, so zeigt sich für die Phase des exponentiellen Anstiegs (entsprechend der Punkte zwischen etwa 10.000 und 100.000 Fällen pro Woche in Abb. 2, rechts) ein linearer Zusammenhang. Die Punktfolke oberhalb der 100.000 Fallmarke legt nahe, dass die Häufigkeit von Schulausbrüchen weiter anstieg, obwohl die Gesamtzahl der Meldefälle stagnierte (s. Abb. 2, rechts).

Zeitlicher Verlauf der Zahl der COVID-19-Schulausbrüche, nach Altersgruppe

Insgesamt wurden 1.020 Schulausbrüche mit 5.404 übermittelten COVID-19-Fällen in eine von fünf AG eingeteilt (s. Tab. 1).

Bei den verschiedenen AG zugeordneten Schulausbrüchen war zunächst ein Anstieg in den Jahrgängen der 15- bis 20-Jährigen, dann der 11- bis 14-Jährigen und schließlich der 6- bis 10-Jährigen (Grundschüler) zu sehen (s. Abb. 3). Auffällig ist, dass eigentlich nur letztere auch nach Beginn des *Lockdown light* in KW 45 weiter anstiegen.

Zahl der übermittelten Schulausbrüche und Zahl der im Rahmen von Schulausbrüchen gemeldeten Fälle, nach Altersgruppe

Die Zahl der übermittelten Schulausbrüche korreliert sehr stark mit der Anzahl in Schulausbrüche involvierter Personen mit bestätigter SARS-CoV-2-Infektion (s. Abb. 4). Zwischen KW 32 und 50 wur-

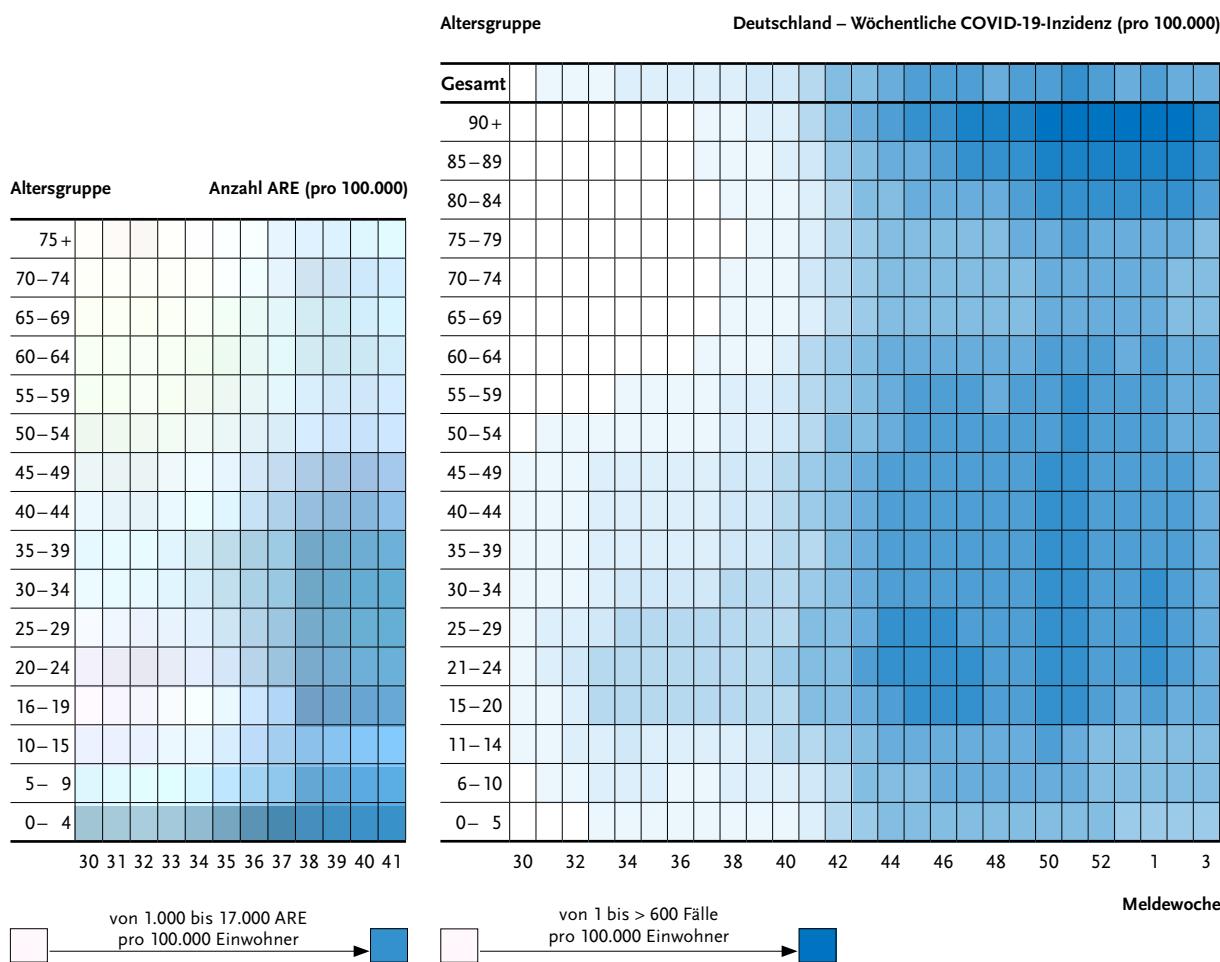


Abb. 1a | Heatmap der Inzidenz akuter Atemwegserkrankungen (ARE; syndromisch) in KW 30 bis 41, gepoolt aus GrippeWeb-Daten der Jahre 2015–2019

Abb. 1b | Heatmap der COVID-19-Meldeinzipienz, nach Altersgruppen in KW 30/2020 bis 3/2021.

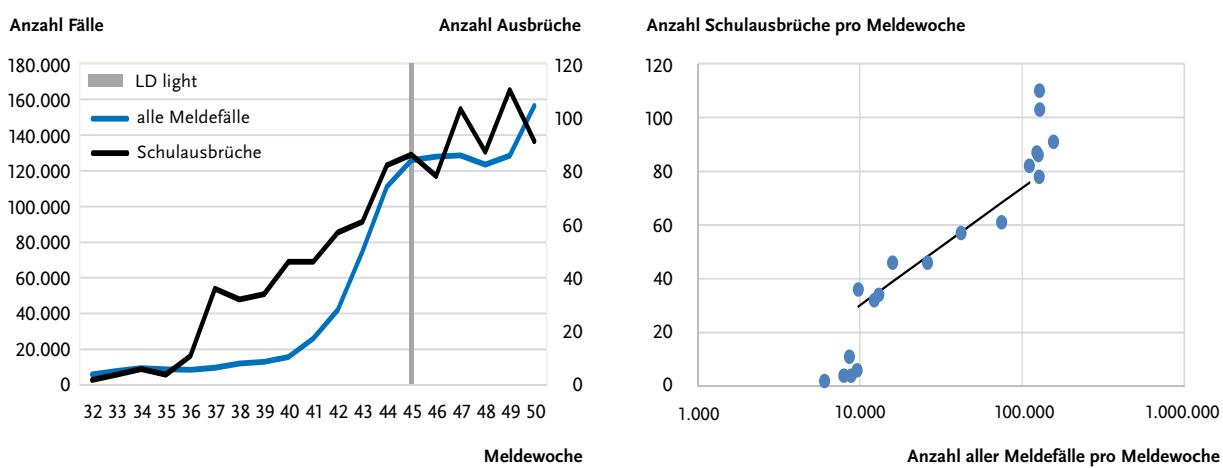


Abb. 2 | Links: Gesamtzahl aller an das RKI übermittelten COVID-19-Meldefälle je Meldeweke und Anzahl der an das RKI gemeldeten Schulausbrüche je Meldeweke durch COVID-19 zwischen KW 32 und 50. Grauer, senkrechter Strich: „LD light“ = „Lockdown light“. Rechts: Gesamtzahl aller an das RKI übermittelten COVID-19-Meldefälle (x-Achse, logarithmisch dargestellt) gegen die Anzahl der an das RKI gemeldeten Schulausbrüche (y-Achse); Datenstand: 25.01.2021.

Anzahl Ausbrüche

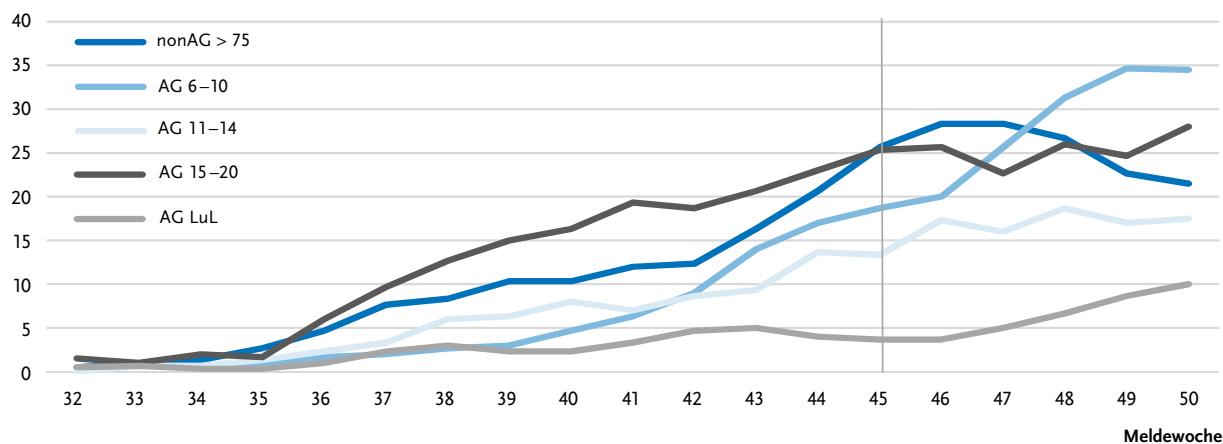


Abb. 3 | Anzahl der übermittelten Schulausbrüche durch COVID-19 im zeitlichen Verlauf, nach Altersgruppe. nonAG > 75 = Schulausbrüche, in der keine Altersgruppe der SuS mehr als 75% der Fälle ausmachte; die senkrechte graue Linie kennzeichnet den Beginn des „Lockdown light“, es wurde ein gleitender 3-Wochen-Mittelwert verwendet, KW 32 bis 50; n=1.020 Ausbrüche. Datenstand: 25.01.2021

Anzahl Fälle

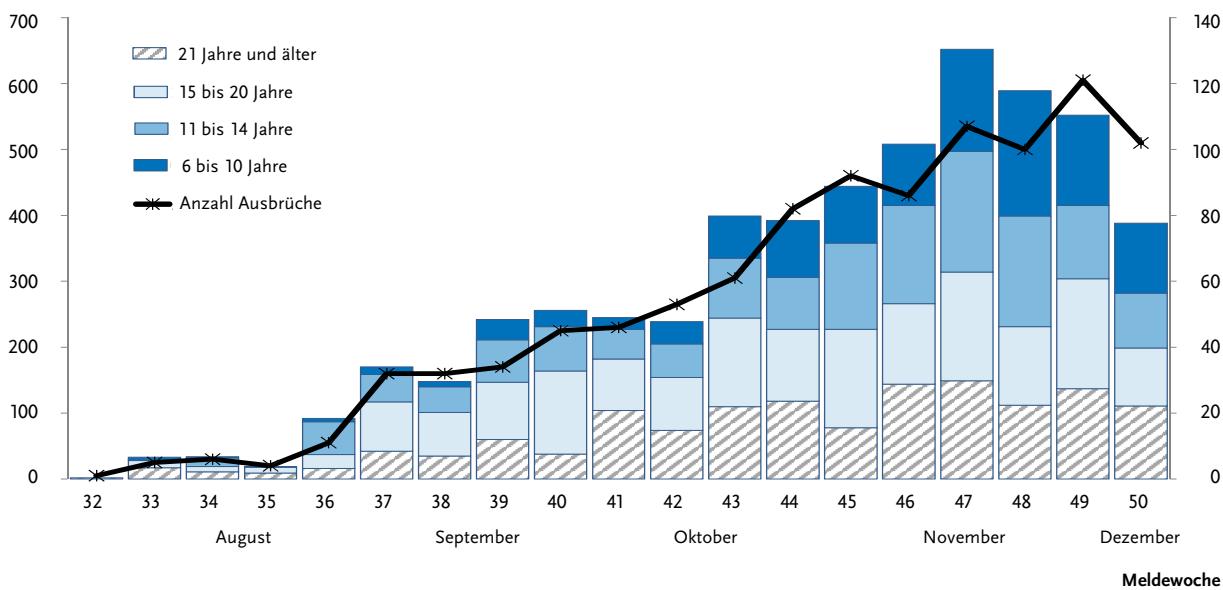


Abb. 4 | Zahl der gemeldeten Schulausbrüche durch COVID-19 und Zahl der im Rahmen von Schulausbrüchen gemeldeten COVID-19-Fälle zwischen KW 32 und 50, nach Altersgruppe; n=1.020 Ausbrüche. Datenstand: 25.01.2021.

den insgesamt 1.020 Ausbruchsgeschehen im Schulsetting übermittelt. Das macht 3% an allen übermittelten COVID-19-Ausbrüchen in diesem Zeitraum aus. 20% der Fälle betrafen 6- bis 10-Jährige, 25% 11- bis 14-Jährige, 30% 15- bis 20-Jährige und 25% betrafen Personen ab dem Alter von 21 Jahren. In 68 Ausbrüchen (7%) waren nur Personen im Alter von 21 Jahren und älter, vermutlich Schulpersonal, betroffen.

Relatives Risiko, in einen Schulausbruch involviert zu sein, nach Altersgruppe

Bezieht man die Zahl der in Schulausbrüchen betroffenen SuS und LuL auf die Zahl der SuS bzw. LuL in ganz Deutschland, so zeigt sich, dass die kumulative Inzidenz von Ausbruchsfällen mit dem Alter ansteigt (s. Abb. 5, links). Das relative Risiko, Teil eines Schulausbruchs zu sein, ist dementsprechend aufgrund des Alters für LuL etwa 5,9-mal (95% Konfi-

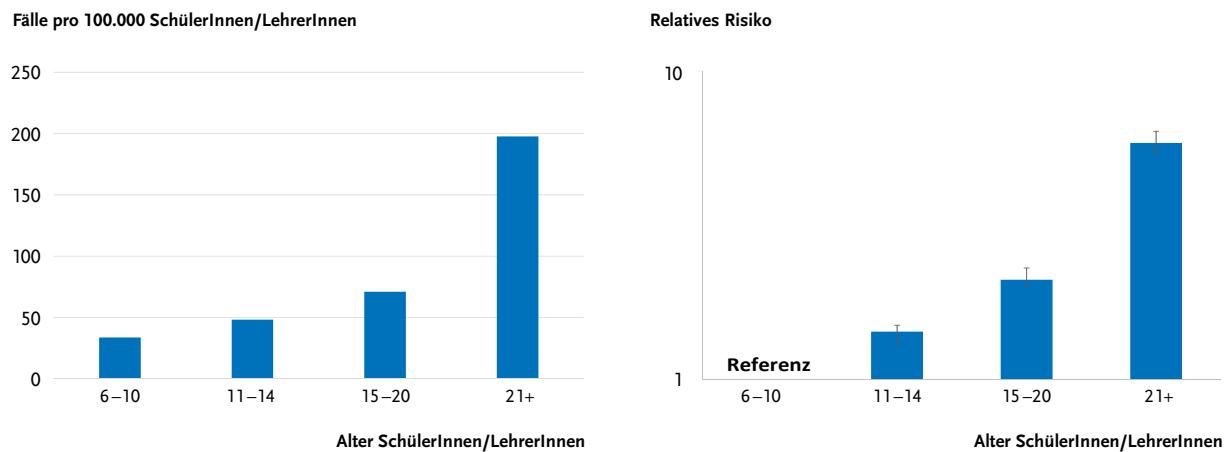


Abb. 5 Links: Inzidenz gemeldeter COVID-19-Fälle, die in Schulausbrüche involviert waren, nach Altersgruppe. Rechts: Relatives Risiko (und 95 % Konfidenzintervall; logarithmische Darstellung), Teil eines Schulausbruchs zu sein; Referenz ist die Altersgruppe der 6- bis 10-Jährigen; KW 32 bis 50, Datenstand: 25.01.2021.

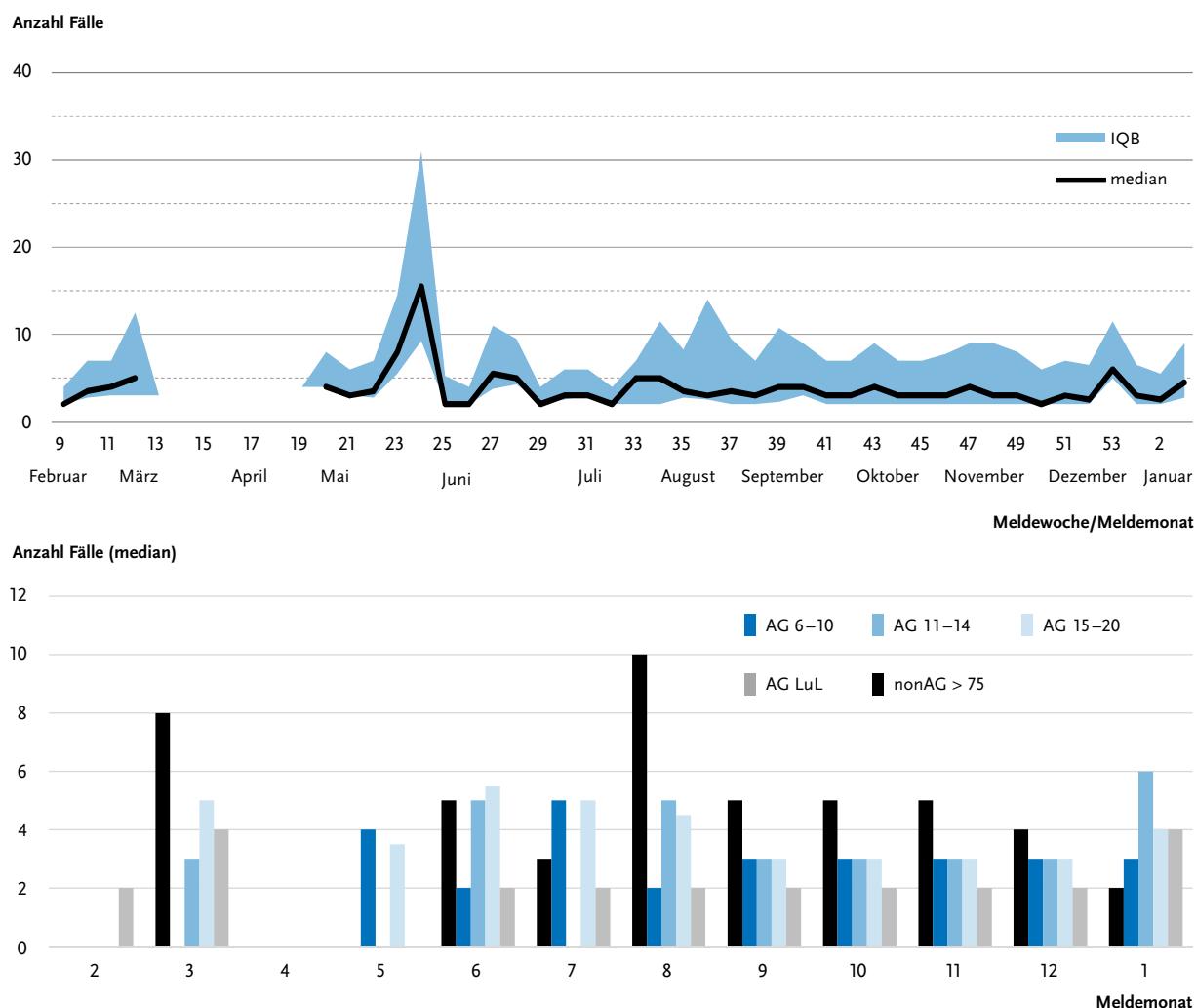


Abb. 6 Oben: Mediane Größe aller gemeldeten Schulausbrüche (und Interquartilsbereich; IQB) nach Meldewoche 2020/21. Unten: Mediane Ausbruchsgröße stratifiziert nach Altersgruppe (AG) des Ausbruchs und Meldemonat 2020/21. Datenstand: 25.01.2021.

denzintervall 5,4–6,4) höher als in der Referenz-AG der 6- bis 10-Jährigen (s. Abb. 5, rechts). Sie ist auch bei den 11- bis 14-jährigen sowie bei den 15- bis 20-jährigen SuS signifikant höher als bei den 6- bis 10-jährigen Kindern.

Größe von Schalausbrüchen

Zeitraum KW 09/2020 bis KW 02/2021

Die mediane Ausbruchsgröße aller Ausbrüche war über die Meldewochen hinweg sehr konstant und lag bei 3 Fällen (s. Abb. 6, oben), abgesehen von einem Ausreißer in KW 24, in der nur zwei Ausbrüche gemeldet wurden, wovon ein Ausbruch 28 Fälle umfasste. Die Auswertung der Ausbrüche nach

Meldemonat und Altersgruppe ergab eine in den jeweiligen AG relativ homogene mediane Ausbruchsgröße mit einer maximalen (medianen) Fallzahl von 6 Personen. In Ausbrüchen, die mehrere AG betrafen (nonAG > 75), war die mediane Ausbruchsgröße insgesamt etwas höher (s. Abb. 6, unten). In Ausbrüchen mit Beteiligung von mindestens zwei Fällen im Alter von 6 bis 20 Jahren, war in 377 (46 %) von 822 Ausbrüchen nur ein Jahrgang betroffen.

Die Häufigkeitsverteilung nach Ausbruchgröße zeigt, dass es auch größere Ausbrüche gibt, die bis zu 55 Fälle umfassen. Dies ist aber insgesamt ein seltenes Ereignis und kommt in allen AG vor (s. Abb. 7, oben). Etwa 90 % aller Ausbrüche, die

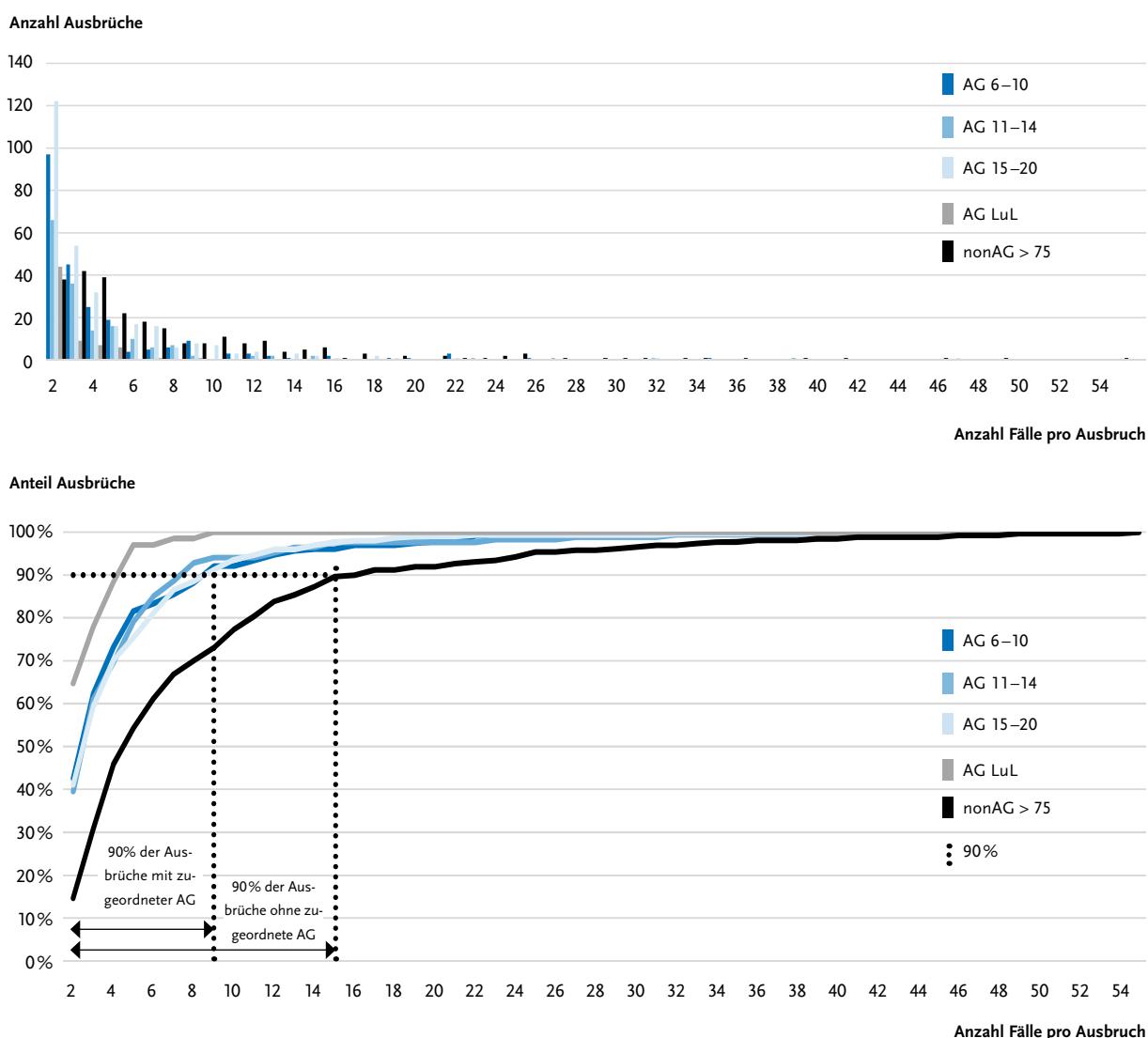


Abb. 7 | Oben: Häufigkeit der Größe von Ausbrüchen in den Altersgruppen (AG) bzw. von Ausbrüchen, in denen mehr als eine der AG betroffen war (nonAG>75) für KW 32/2020 bis 50/2020. Unten: kumulativer Anteil. Datenstand: 25.01.2021

AG des Ausbruchs, in dem alle EB vorliegen	Anzahl aller Ausbrüche	Anzahl Ausbrüche mit kompletten EB	% Ausbrüche mit komplettem EB
AG 6–10	228	33	15
AG 11–14	167	33	20
AG 15–20	297	91	31
AG LuL	68	33	49
nonAG > 75	260	31	12

Tab. 2 | Anzahl und Anteil der Ausbrüche, bei denen für jede Person ein Erkrankungsbeginn (EB) übermittelt wurde und nur eine Altersgruppe (AG) den ersten EB hat; nach AG der im Schulausbruch beteiligten Personen für die übermittelten Ausbrüche zwischen KW 32 und 50. Die AG in Spalte 1 bezieht sich nicht auf die Person mit dem ersten EB, sondern auf die AG, welcher der Ausbruch zugeteilt wurde (s. auch Methoden zur Einteilung der Gruppen). nonAG > 75 = In dem Ausbruch gab es keine AG der SuS, in denen mehr als 75 % der SuS im Ausbruch zu einer AG gehörten. Datenstand: 25.01.2021.

einer der AG 6 bis 10, 11 bis 14 oder 15 bis 20 Jahre zugeordnet werden konnten, umfassen höchstens bis zu 9 Personen (s. Abb. 7, unten). Auch hier ist zu beobachten, dass Ausbrüche, die mehr als eine der vier AG betreffen (nonAG > 75), dazu tendieren, größer zu sein. 90 % dieser Ausbrüche enthalten bis zu 15 Personen (s. Abb. 7, unten). Insgesamt lag nur bei 5 % aller gemeldeten Schulausbrüche eine Größe von mehr als 15 Personen vor.

Ausbruchsgröße nach Primärfall

Der Anteil an Personen, die in ein Ausbruchsgeschehen involviert waren und zu denen ein EB angegeben war, variierte erheblich (s. Tab. 2). Dieser Anteil stieg mit dem Alter an und reflektiert mögli-

cherweise die unterschiedliche Wahrscheinlichkeit in den AG, asymptomatisch infiziert zu sein, könnte aber auch mit einer möglicherweise altersabhängigen Fähigkeit der SARS-CoV-2-Infizierten zu tun haben, sich an den genauen Erkrankungsbeginn erinnern zu können.

Ausbrüche, in denen Lehrpersonal der PF war, kamen am häufigsten bei SuS im Grundschulalter vor (s. Abb. 8, links). Die Ausbruchsgröße variiert wenig, auch wenn nach Alter des PF stratifiziert wird. Möglicherweise führten Infektionsgeschehen mit einem PF aus dem Lehrpersonal in der Altersgruppe der 11- bis 14-jährigen SuS zu etwas größeren Ausbrüchen (s. Abb. 8, rechts).

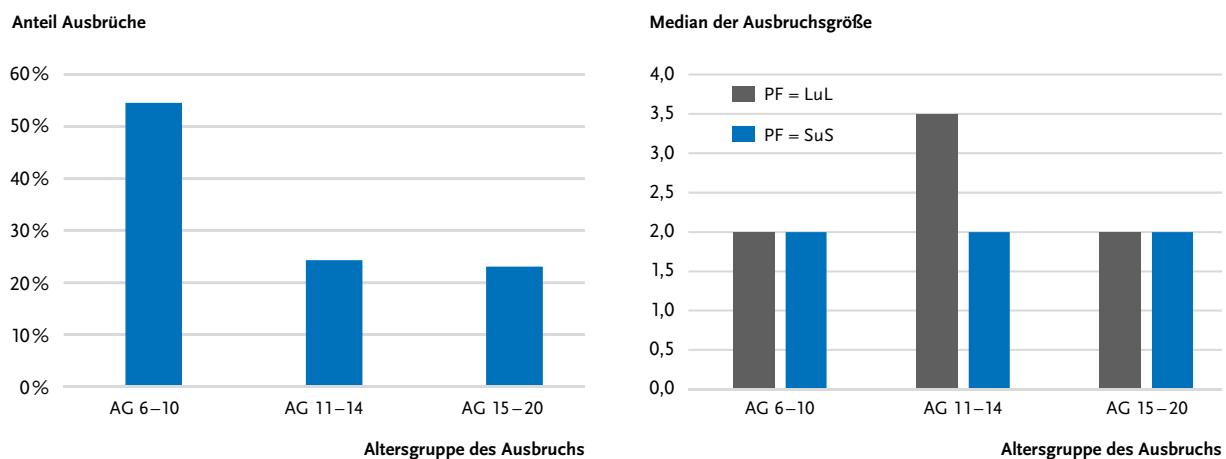


Abb. 8 | Links: Anteil der Ausbrüche stratifiziert nach Altersgruppe (AG) des Ausbruchs, mit LuL als Primärfall (PF). Rechts: Mediane Ausbruchsgröße, nach AG des Ausbruchs und Alter des PF. Für Ausbrüche mit vollständig vorliegenden Erkrankungsbeginnen für 32/2020 bis 50/2020; Datenstand: 25.01.2021.

Narrative Literaturübersicht zur Rolle von Schulen, Folge von Verlängerungen von Schulferien und der stufenweisen Wiedereröffnung von Schulen

Bei unserer Literatursuche fanden wir keine Studien, welche die Auswirkungen der Verlängerung von Schulferien auf epidemiologische Endpunkte direkt evaluierten, allerdings untersuchte eine Studie mit statistischen Methoden die Auswirkungen der Schulferien auf die Infektionsrate in deutschen Landkreisen.⁶ Die Autoren beobachteten mit ihrem Modell, dass Schulferien bzw. vermutlich das veränderte Verhalten während der Ferien mit einem Anstieg der Infektionsrate verbunden sind. Die Studienqualität war jedoch niedrig und die Methoden nicht vollständig transparent. Sieben weitere Studien (eine publizierte Originalarbeit und sechs vorab veröffentlichte Manuskripte [*Preprints*]) untersuchten die Auswirkungen einer schrittweisen Wiedereröffnung im Sinne einer schrittweisen Einbeziehung von SuS verschiedener Klassen in den Vor-Ort-Unterricht. Von diesen hatten zwei Studien eine geringe Qualität und werden hier nicht berücksichtigt.

Die aussagekräftigsten Beiträge bezüglich der schrittweisen Wiedereröffnung des persönlichen Vor-Ort-Unterrichts stammen aus einer Studie von Cohen et al. aus den USA.⁷ Anhand eines so genannten agentenbasierten Modells kommen die AutorInnen zu dem Schluss, dass die schrittweise Wiedereröffnung in Kombination mit drei nicht-pharmakologischen Interventionen (Verwendung von Gesichtsmasken, körperliche Distanzierung und Händewaschen) das Risiko von Ausbrüchen minimiert. Die beste Strategie bestand darin, Grundschulkindern mit einem reduzierten Stundenplan einen Vor-Ort-Unterricht in der Schule zu ermöglichen, während Mittel- und Oberschulkinder weiterhin Fernunterricht erhalten.

Die verbleibenden Studien, drei davon basierend auf Simulationsmodellen und eine basierend auf einer Kombination aus Simulationsmodell und statistischer Schätzung, waren alle von mittlerer Qualität. Diese Studien zeigen:

1) Die Wiederaufnahme des Präsenz-Unterrichts für nur einige Grundschulklassen (SuS im Alter von 4 bis 6 Jahren sowie 10 bis 11 Jahren), wäh-

rend die restlichen SuS im Fernunterricht blieben, hatte den geringsten Einfluss auf einen Anstieg des Übertragungsgeschehens;⁸

- 2) Wiedereröffnung der Sekundarschulklassen hat einen wahrscheinlich größeren Impakt auf die Transmission in der Bevölkerung als die Wiedereröffnung der Grundschulklassen.⁸
- 3) Der Liegebettenbedarf auf Intensivstationen würde die Kapazität der Intensivstationen nicht überschreiten, wenn Grundschulkinder zum Präsenz-Unterricht zurückkehren, solange die Wiedereröffnung der Sekundarschulen (mit begrenztem Schulbesuch) um einen Monat verzögert wird;⁹
- 4) Wenn in Grund- und Sekundarschulen der Schulbesuch anwesender SuS schrittweise auf 50 % erhöht wurde, gab es keinen Unterschied in den Auswirkungen, verglichen mit einem Schulbesuch von 50 % von Anfang an;⁹
- 5) Es ist unwahrscheinlich, dass die Wiederaufnahme des Präsenz-Unterrichts mit halben Klassen und die Wiederaufnahme des Präsenz-Unterrichts nur für jüngere Kinder, bei Verbleib der restlichen SuS im Fernunterricht, zu einer Zunahme des Transmissionsgeschehens führen;¹⁰
- 6) Die Wiedereröffnung der Schulen für jüngere Kinder und Abschlussklassen führte in Dänemark, Norwegen und Deutschland nicht zu einem signifikanten Anstieg der Wachstumsrate von Krankenhausaufenthalten;¹¹
- 7) Die zusätzliche Rückkehr der übrigen (hauptsächlich älteren) Schüler zum Präsenzunterricht in Deutschland führte zu einem Anstieg der Übertragung unter SuS, aber nicht LuL.¹¹

Relevant ist vermutlich eine Wiedereröffnung von Schulen besonders in Abhängigkeit von der Ge-samtsituation: Eine PCR-basierte Prävalenzstudie im österreichischen Schulsetting beobachtete, dass die Auswirkungen der Wiedereröffnung der Schule auf alle SuS abhängig vom Grad der COVID-19-Übertragung in der Allgemeinbevölkerung waren.¹²

Mögliche Auswirkungen der neuen SARS-CoV-2 Variante B.1.1.7

Stand: 29.01.2021

Eine neue SARS-CoV-2 Variante wurde im Dezember 2020 im Süden des Vereinigten Königreichs

(UK) als besorgniserregende Variante eingestuft (englische Nomenklatur: VOC: *Variant of concern*). Die erste PatientInnenprobe, in der sie identifiziert werden konnte, stammte vom September 2020.¹³ Die Variante wird als VOC 202012/01, B.1.1.7 oder N501Y bezeichnet. Weitere VOC wurden aus Brasilien (1.1.28.1) und Südafrika (501.V2) gemeldet. Zum aktuellen Zeitpunkt gibt es altersspezifische Daten nur für die Variante B.1.1.7 aus England. Bisher gibt es aus Deutschland nur eher anekdotische Daten zu Infektionen bei Kindern und Jugendlichen mit der neuen Virusvariante.

Trotz anfänglich anderslautender Nachrichten¹⁴ scheint es so zu sein, dass die neue Variante alle AG und beide Geschlechter in ähnlicher Weise betrifft. Zum Beispiel hatte der Anteil der sequenzierten Viren, die in England der Variante B.1.1.7 zuzurechnen sind, bei unter 25 Jahren alten, 25 bis 59 Jahren alten und mindestens 60 Jahren alten PatientInnen einen ähnlichen zeitlichen Anstieg und erreichte im Januar 2021 ähnliche Anteile zwischen 75 und 77%.¹⁵

Eine Analyse der sekundären Erkrankungsraten unter Kontaktpersonen in den verschiedenen AG bzw. Regionen zeigte einen mittleren absoluten Anstieg von etwa 10 % auf etwa 15 % (s. Abb. 9).¹⁶

Eine noch nicht begutachtete, auf Daten aus England basierende, Modellierungsstudie untersuchte sowohl die Übertragbarkeit und den Schweregrad der Erkrankungen durch die neue Variante als auch den

erwarteten Effekt von Maßnahmen.¹⁷ Eine Hypothese war, dass die über Google gemessene Mobilität („Google-Mobilität“) und/oder die Häufigkeit sozialer Kontakte in Regionen mit einem höheren Anteil an VOC ebenfalls höher ist. Die AutorInnen fanden jedoch keine Hinweise auf Unterschiede in den sozialen Interaktionen zwischen Regionen mit einer höheren bzw. niedrigeren Prävalenz durch B.1.1.7, gemessen anhand der Google-Mobilität. Auch die Daten aus Umfragen deuten darauf hin, dass die Zahl der sozialen Kontakte nicht unterschiedlich ist.

Um mögliche biologische Mechanismen zu untersuchen, warum die neue Variante sich leichter verbreiten könnte, wurden vier Hypothesen durch Modellierung getestet: (i) Erhöhte Infektiosität; (ii) *Immune Escape*; (iii) erhöhte Suszeptibilität bei Kindern; (iv) kürzere Generationszeit. Von den so modellierten Faktoren konnte eine erhöhte Infektiosität am besten die bisher beobachtete Dynamik im Zusammenhang mit der Variante B.1.1.7 erklären. Allerdings stellen die AutorInnen fest, dass zusätzliche Daten nötig sind, um die Hypothese besser zu verifizieren und auch, um Kombinationen von mehreren Mechanismen zu untersuchen. Das Modell findet starke Hinweise auf eine höhere relative Übertragbarkeit, die auf 56 % geschätzt wird (95 % Glaubwürdigkeitsintervall in drei Regionen: 50–74 %). Wegen der in allen AG in etwa ähnlichem Maß steigenden Übertragbarkeit würden auch die zu erwartenden häufigeren Übertragungen in (geöffneten) Schulen ins Gewicht fallen. Somit

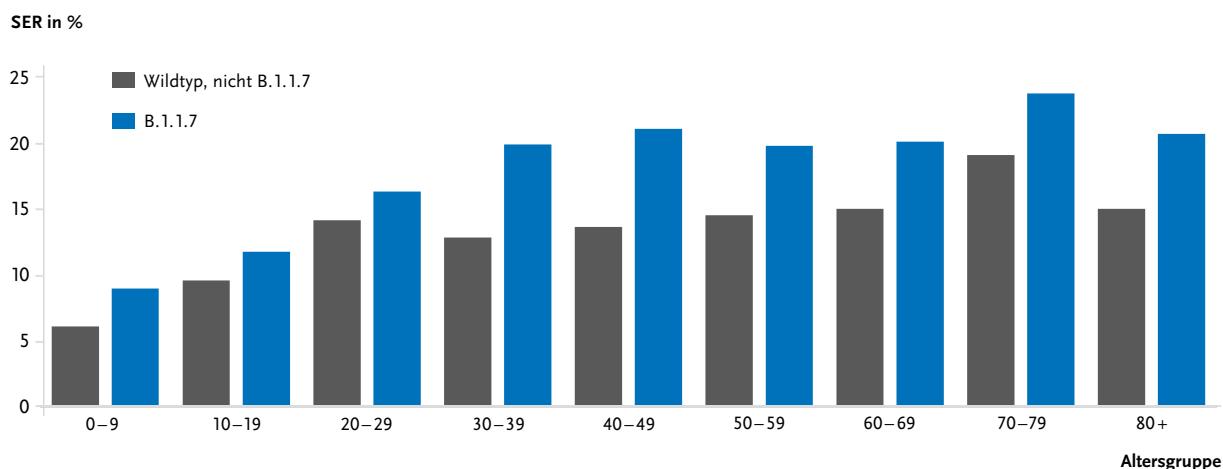


Abb. 9 | Sekundäre Erkrankungsrate (SER) unter Kontaktpersonen von Fällen mit Wildtyp ohne B.1.1.7-Infektion versus Fällen mit B.1.1.7-Infektion. Daten von Public Health England¹⁶

könnte ein z. B. knapp unter 1 liegender R-Wert durch die höhere Übertragbarkeit wieder auf über 1 steigen, was wiederum ein exponentielles Wachstum impliziert. Daraus schließen die AutorInnen, dass R nur dann unter 1 gedrückt werden kann, wenn auch Schulen geschlossen sind. Dies wird umso relevanter, als neuere Untersuchungen zu dem Schluss kommen, dass es eine „realistische Möglichkeit“ gibt, dass die Letalität von B.1.1.7-Erkrankungen im Vergleich mit dem bisherigen Wildvirus erhöht ist.¹⁸

Diskussion

Eine grundsätzliche Beobachtung aus den Melddaten ist, dass die Inzidenzen in den jüngeren Altersgruppen – bis etwa 15 Jahre – erst dann zu steigen begannen, als sie schon mehrere Wochen bei den jüngeren Erwachsenen erhöht waren. Entgegen des Ausbreitungsprofils bei anderen Atemwegserregern scheint also im aktuellen pandemischen Geschehen keine substanzelle treibende Kraft von diesen Altersgruppen auszugehen, obgleich auch hier Übertragungen stattfinden und Ausbruchsgeschehen wirksam verhindert werden müssen.

Ähnlich wie auch in Großbritannien beschrieben, wo das Risiko eines Ausbruchs in Bildungseinrichtungen mit steigender Inzidenz signifikant zunahm,¹⁹ steht die Zahl der Ausbrüche – in Deutschland zumindest innerhalb eines bestimmten Inzidenzkorridors – in einem engen Zusammenhang mit der Inzidenz in der Allgemeinbevölkerung. Aufällig war in den Meldedaten aus Deutschland jedoch das weitere lineare Ansteigen der Schulausbruchszahlen auch nach Beginn des *Lockdown light*, welche vor allem auf die jüngeren Altersgruppen zurückging. Dies deutet darauf hin, dass auch unter jüngeren Altersgruppen Transmissionen im Schulsetting stattfinden.

Heruntergebrochen nach Altersgruppen der SuS bzw. des Lehrpersonals wird deutlich, dass alle Altersgruppen in den Schulausbrüchen vertreten sind. In einem Viertel der Ausbruchsfälle ist Lehrpersonal betroffen (s. Abb. 4), allerdings bei einer im Vergleich zu den SuS kleineren Gesamtzahl potenziell exponierter Personen. Bezieht man nun die in Ausbrüche involvierten Fälle auf die Zahl der SuS

bzw. Lehrpersonal, so zeigt sich, dass Lehrpersonal im Vergleich zu 6 bis 10-jährigen SuS ein fast 6-fach erhöhtes Risiko dafür hat, Teil eines Schulausbruchs zu sein (unabhängig davon, von welcher Altersgruppe der Ausbruch ausgelöst wurde). 15- bis 20-jährige und 11- bis 14-jährige SuS haben zwar ebenfalls ein (gegenüber den 6- bis 10-Jährigen) signifikant erhöhtes Risiko, dieses nimmt jedoch mit abnehmendem Alter ab. Dieses Ergebnis steht in guter Übereinstimmung z. B. mit einer Bevölkerungs-basierten Studie in Italien, wo die Übertragungsrate in Sekundarschulen ebenfalls deutlich höher war als in der Grundschule.²⁰

Da die Zahl der übermittelten Schulausbrüche sehr stark mit der Anzahl der in Schulausbrüche involvierten Personen mit bestätigter SARS-CoV-2-Infektion korreliert, liegt die Vermutung nahe, dass die Ausbruchsgöße eher kleineren Schwankungen unterliegt. Dies bestätigt sich in der zeitlichen Analyse: Die mediane Ausbruchsgöße ist mit 3 Personen relativ klein, und nicht signifikant unterschiedlich im Vergleich zur Phase vor dem ersten Lockdown im März 2020. Die größte monatliche, mediane Größe der Schulausbrüche in einer der Altersgruppen betrug 6 Personen (s. Abb. 6). Abgesehen von der Gruppe der Ausbrüche, die nicht einer Altersgruppe zugeordnet werden konnten, da sie insbesondere auch Altersgruppen-übergreifende Ausbrüche umfassen, ist die Ausbruchsgöße auch nicht offensichtlich beeinflusst von der Altersgruppe, in der sich der Ausbruch ereignet. Trotzdem muss gesagt werden, dass auch größere Ausbrüche vorkommen (s. Abb. 8). Die Ausbruchsgöße nach Primärfall ist allerdings nur eingeschränkt beurteilbar, weil hier nur Ausbrüche einbezogen wurden, bei denen bei allen Ausbruchsfällen ein Symptombeginn eingetragen war. Dies war nur bei 22 % der Ausbrüche der Fall und wiederum häufiger bei den älteren Altersgruppen (s. Tab. 2). Dass die Ausbruchsgöße im Allgemeinen klein sei, unabhängig davon, ob eine SuS oder ein LuL der Primärfall ist, wird auch von Viner et al. berichtet²¹ und auch in der Analyse von Ismail et al. aus England war die Ausbruchsgöße (im Median etwa 2–3 Fälle) vergleichbar mit der in Deutschland beobachteten Ausbruchsgöße.¹⁹ Bezogen auf die Anzahl der Exponierten gibt eine italienische Studie eine sekundäre Erkrankungsrate

von 3,3 % an, die bei weiterführenden Schulen mit 6,6 % höher liegt.²⁰

Lehrpersonal ist bei etwa der Hälfte der Ausbrüche bei den 6- bis 10-Jährigen, für welche die erforderlichen Angaben vorlagen, der vermutete Primärfall, in den beiden älteren Altersgruppen in „nur“ einem Fünftel der Ausbrüche. In 7 % aller Ausbrüche wurde sogar ausschließlich Lehrpersonal als Fälle übermittelt. Im Vergleich dazu wird aus Großbritannien im Rahmen einer Auswertung von Surveillance-Daten davon berichtet, dass 62 % der Schulausbrüche wahrscheinlich von Lehrpersonal ausgehen und nur 38 % von SuS.¹⁹

Bezüglich der Reihenfolge bzw. Priorität wieder zu öffnender Schulen nach einem *Lockdown* gehen die veröffentlichten Modellierungen alle in eine ähnliche Richtung, auch wenn unterschiedliche Indikatoren betrachtet wurden: Eine Öffnung sollte bei den unteren Klassenstufen beginnen, insbesondere weil dies die geringsten Auswirkungen auf das allgemeine Transmissionsgeschehen und den geringsten Impakt auf die Zahl der Krankenhausaufnahmen hat.¹¹ Auch gibt es Hinweise, dass ein Wechsel- oder Hybridunterricht der Anwesenheit voller Klassen vorzuziehen ist.²²

Unsere Auswertungen haben folgende Limitationen: (i) Bei nur 22 % der Ausbrüche sind bei allen Ausbruchsfällen alle Erkrankungsbeginne eingetragen, dies beeinträchtigt die Analyse nach Primärfall. Insbesondere bei Grundschülern liegt entweder relativ häufig eine fehlende Symptomatik, oder ein schwer zuordenbarer Beginn der Symptomatik vor. (ii) Die Fallidentifikation in deutschen Schulsituationen von laborbestätigten Fällen mit COVID-19 variiert vermutlich stark. Uns standen nur die übermittelten Daten zur Verfügung. Vermutlich werden Fälle meist „passiv“ identifiziert, d. h. nach Auftreten von Symptomen. Diese Limitation trifft allgemein auf Auswertungen von Meldedaten zu.²³ Obwohl dadurch möglicherweise eine größere Anzahl asymptomatisch infizierter SuS verpasst und die Größe von Ausbrüchen unterschätzt wird, legt eine große Studie aus Österreich, welche bei über 10.000 TeilnehmerInnen in 245 Schulen durchgeführt wurde, nahe, dass dieser Fehler vermutlich nicht substantiell groß ist.¹²

Sehr wichtig scheint – auch auf Grundlage der hier vorgestellten Auswertungen – die Rolle des Lehrpersonals zu sein. Sie haben auf der Basis der Melddaten im Vergleich zur Altersgruppe der 6 bis 10-jährigen SuS das höchste relative Risiko, Teil eines Ausbruchsgeschehens zu sein (s. Abb. 5). Möglicherweise spielen neben der inneren schulischen Exposition auch der Eintrag außerschulisch erworbener Infektionen gepaart mit einer (im Vergleich zu Kindern) möglicherweise höheren Infektiosität von Erwachsenen^{24–26} und einer (im Vergleich zu jüngeren Kindern) höheren Suszeptibilität^{21,27} eine Rolle. Es ist anzunehmen, dass das Kontaktmuster von LuL während der Pandemie von dem der SuS differiert, da eine Kohortierung bei klassenübergreifender Lehrtätigkeit und durch berufliche Interaktionen mit anderen Erwachsenen (Kollegium, Eltern) schwerer umsetzbar ist. Hier sollten daher die Möglichkeiten im organisatorisch-strukturellen Bereich ausgeschöpft werden.

Zusammenfassend legen die vorgestellten Daten und die genannten obigen Studien nahe, dass SuS eher nicht als „Motor“ eine größere Rolle spielen, aber dass die Häufigkeit in einer engen Beziehung zur Inzidenz in der Gesamtbevölkerung steht. Auftretende Ausbrüche sind im Regelfall im beobachteten Zeitraum klein und etwa die Hälfte beschränkt sich auf die Jahrgänge oder Klassen. Die Ausbruchsgröße scheint eher unabhängig von der dominierenden Altersgruppe zu sein, bezogen auf die Zahl der SuS in den Altersgruppen ist aber das Risiko, in einen Ausbruch involviert zu sein, bei den 6- bis 10-Jährigen am kleinsten. Hilfreich ist die Erkenntnis, dass LuL eine vielleicht wichtigere Rolle zu spielen scheinen als die SuS, v.a. im Vergleich zu der jüngsten Altersgruppe. Daher sollten etwaige Maßnahmen (Schließungen/Wiedereröffnungen) unbedingt in den Kontext der regionalen Gesamteinzidenz in der Bevölkerung gesetzt werden, und in der Reihenfolge nach Altersgruppen priorisiert erfolgen. Für ältere Altersgruppen erscheinen die möglichen Beschulungsmodelle mit Reduktion der SuS im Präsenzunterricht (z. B. Wechselunterricht, Hybridunterricht) eine gute Option, um die räumliche Distanz zwischen Anwesenden sowie die Gesamtzahl potenziell exponierter Personen zu reduzieren.²⁸

Die Variante B.1.1.7 und andere VOC stellen neue Herausforderungen dar. Die bisherige Datengrundlage zu Altersunterschieden in Suszeptibilität und Übertragbarkeit bei der neuen Variante im Vergleich zu anderen Varianten ist zwar noch limitiert, allerdings weisen die bisherigen Daten darauf hin, dass mindestens die VOC B.1.1.7 leichter übertragbar ist.

Diese leichtere Übertragbarkeit scheint auf alle Altersgruppen zuzutreffen, inklusive Kinder und Jugendliche. Das könnte bei einer Ausbreitung ansteckungsfähigerer Varianten bedeuten, dass Schulen einen größeren Beitrag zum Infektionsgeschehen spielen könnten, was wiederum bei den Überlegungen zu Öffnungen berücksichtigt werden sollte.

Literatur

- 1 Viner RM, et al.: [Susceptibility to SARS-CoV-2 Infection Among Children and Adolescents Compared With Adults: A Systematic Review and Meta-analysis](#). JAMA Pediatr. 2020.
- 2 Lee B, Raszka WV, Jr.: [COVID-19 Transmission and Children: The Child is Not to Blame](#). Pediatrics. 2020.
- 3 Jüni P, Maltsev A, Bobos P, Allen U, Choi Y, Connell JP, et al.: [The Role of Children in SARS-CoV-2 Transmission](#). Verfügbar unter: <https://covid19-scienceable.ca/sciencebrief/the-role-of-children-in-sars-cov-2-transmission/> Zugegriffen am: 12.02.2021. 2020
- 4 Webseite der Princeton University (USA). Largest COVID-19 contact tracing study to date finds children key to spread, evidence of superspreaders. Verfügbar unter: <https://www.princeton.edu/news/2020/09/30/largest-covid-19-contact-tracing-study-finds-children-key-to-spread-evidence> Zugegriffen am: 12.02.2021. 2020.
- 5 RKI. Bericht zu Virusvarianten von SARS-CoV-2 in Deutschland, insbesondere zur Variant of Concern (VOC) B.1.1.7. Verfügbar unter: https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/DESH/Bericht_VOC_2021-02-10.pdf?__blob=publicationFile. Zugegriffen am: 12.02.2021. 2021.
- 6 Plümper T, Neumayer E. [Summer School Holidays and the Growth Rate in Sars-CoV-2 Infections Across German Districts](#). medRxiv. 2020:2020.10.11.20210773.
- 7 Cohen JA, Mistry D, Kerr CC, Klein DJ. [Schools are not islands: Balancing COVID-19 risk and educational benefits using structural and temporal countermeasures](#). medRxiv. 2020:2020.09.08.20190942.
- 8 Munday JD, Sherratt K, Meakin S, Endo A, Pearson CAB, Hellewell J, et al.: [Implications of the school-household network structure on SARS-CoV-2 transmis-](#)
- mission under different school reopening strategies in England. medRxiv. 2020:2020.08.21.20167965.
- 9 Di Domenico L, Pullano G, Sabbatini CE, Boëlle PY, Colizza V: [Impact of lockdown on COVID-19 epidemic in Île-de-France and possible exit strategies](#). BMC medicine. 2020;18(1):240.
- 10 Keeling MJ, Tildesley MJ, Atkins BD, Penman B, Southall E, Guyver-Fletcher G, et al.: [The impact of school reopening on the spread of COVID-19 in England](#). medRxiv. 2020:2020.06.04.20121434.
- 11 Stage HB, Shingleton J, Ghosh S, Scarabel F, Pellis L, Finnie T: [Shut and re-open: the role of schools in the spread of COVID-19 in Europe](#). medRxiv. 2020:2020.06.24.20139634.
- 12 Willeit P, Krause R, Lamprecht B, Berghold A, Hansson B, Stelzl E, et al.: [Prevalence of RT-PCR-detected SARS-CoV-2 infection at schools: First results from the Austrian School-SARS-CoV-2 Study](#). medRxiv. 2021:2021.01.05.20248952.
- 13 ECDC. Risk assessment on COVID-19, 21 January 2021. Verfügbar unter: <https://www.ecdc.europa.eu/en/current-risk-assessment-novel-coronavirus-situation> Zugegriffen am: 01.02.2021. 2021.
- 14 Volz E, Mishra S, Chand M, Barrett JC, Johnson R, Geidelberg L, et al.: [Transmission of SARS-CoV-2 Lineage B.1.1.7 in England: Insights from linking epidemiological and genetic data](#). medRxiv. 2021:2020.12.30.20249034.
- 15 Public Health England. [Investigation of novel SARS-CoV-2 variant – Variant of Concern 202012/01 – Technical briefing 4](#). 2021.
- 16 Public Health England. [Investigation of novel SARS-CoV-2 variant – Variant of Concern 202012/01 – Technical briefing 3](#). Public Health England; 2021 05.01.2021.
- 17 Davies NG, Barnard RC, Jarvis CI, Kucharski AJ, Munday J, Pearson CAB, et al.: [Estimated transmis-](#)

- sibility and severity of novel SARS-CoV-2 Variant of Concern 202012/01 in England. medRxiv. 2020;2020.12.24.20248822.
- 18** Horby P, Huntley C, Davies N, Edmunds J, Ferguson N, Medley G, et al. SAGE meeting paper: Cover sheet. Meeting date 21.01.2021. Verfügbar unter: https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/955239/NERVTAG_paper_on_variant_of_concern_VOC_B.1.1.7.pdf. Zugegriffen am: 01.02.2021. 2021.
- 19** Ismail SA, Saliba V, Lopez Bernal J, Ramsay ME, Ladhani SN: SARS-CoV-2 infection and transmission in educational settings: a prospective, cross-sectional analysis of infection clusters and outbreaks in England. *The Lancet Infectious diseases*. 2020.
- 20** Larosa E, Djuric O, Cassinadri M, Cilloni S, Bisaccia E, Vicentini M, et al.: Secondary transmission of COVID-19 in preschool and school settings in northern Italy after their reopening in September 2020: a population-based study. *Euro surveillance: bulletin European sur les maladies transmissibles = European communicable disease bulletin*. 2020;25(49).
- 21** Viner RM, Mytton OT, Bonell C, Melendez-Torres GJ, Ward J, Hudson L, et al.: Susceptibility to SARS-CoV-2 Infection Among Children and Adolescents Compared With Adults: A Systematic Review and Meta-analysis. *JAMA pediatrics*. 2020.
- 22** Di Domenico L, Pullano G, Sabbatini CE, Boëlle P-Y, Colizza V: Expected impact of reopening schools after lockdown on COVID-19 epidemic in Île-de-France. medRxiv. 2020.
- 23** Flasche S, Edmunds WJ: The role of schools and school-aged children in SARS-CoV-2 transmission. *The Lancet Infectious diseases*. 2020.
- 24** Dattner I, Goldberg Y, Katriel G, Yaari R, Gal N, Miron Y, et al.: The role of children in the spread of COVID-19: Using household data from Bnei Brak, Israel, to estimate the relative susceptibility and infectivity of children. medrxiv. 2020;10.1101.
- 25** Park YJ, Choe YJ, Park O, Park SY, Kim Y-M, Kim J, et al.: Contact Tracing during Coronavirus Disease Outbreak, South Korea, 2020. *Emerging Infectious Disease journal*. 2020;26(10).
- 26** Jing QL, Liu MJ, Zhang ZB, Fang LQ, Yuan J, Zhang AR, et al.: Household secondary attack rate of COVID-19 and associated determinants in Guangzhou, China: a retrospective cohort study. *The Lancet Infectious diseases*. 2020.
- 27** Madewell, Z., et al. Household transmission of SARS-CoV-2: a systematic review and meta-analysis of secondary attack rate. *JAMA Netw Open*. 2020;3(12):e2031756. doi:10.1001/jamanetworkopen.2020.31756. <https://jamanetwork.com/journals/jamanetworkopen/fullarticle/2774102>
- 28** Arbeitsgemeinschaft der Wissenschaftlichen Medizinischen Fachgesellschaften. S3-LeitlinieMaßnahmen zur Prävention und Kontrolle der SARS-CoV-2-Übertragung in Schulen. Verfügbar unter: https://www.bmbf.de/files/027-076k_Praevention_und_Kontrolle_SARS-CoV-2-Uebertragung_in_Schulen_2021-02.pdf. Aufgerufen am: 10.02.2021. 2021.
-
- ### Autorinnen und Autoren
- ^aDr. Udo Buchholz | ^aAnn-Sophie Lehfeld |
^aEveline Otte im Kampe | ^aMerete Lindahl |
^aMarina Lewandowsky | ^aDr. Barbara Hauer |
^bDr. Francisco Pozo Martin | ^bDr. Charbel El Bcheraoui | ^bDr. Johanna Hanefeld |
^aProf. Dr. Walter Haas
- ^aRobert Koch-Institut, Abteilung für Infektions-epidemiologie, FG 36 Respiratorisch übertragbare Erkrankungen
^bRobert Koch-Institut, ZIG Zentrum für Internationalen Gesundheitsschutz
- Korrespondenz:** BuchholzU@rki.de
-
- ### Vorgeschlagene Zitierweise
- Buchholz U, Lehfeld AS, Otte im Kampe E, Lindahl M, Lewandowsky M, Hauer B, Pozo Martin F, El Bcheraoui C, Hanefeld J, Haas W: Epidemiologie von COVID-19 im Schulsetting
Epid Bull 2021;13:23-36 | DOI 10.25646/8030.2
(Dieser Artikel ist online vorab am 25. Februar 2021 erschienen.)
-
- ### Interessenkonflikt
- Alle Autorinnen und Autoren geben an, dass kein Interessenkonflikt besteht.

Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten

12. Woche 2021 (Datenstand: 31. März 2021)

Ausgewählte gastrointestinale Infektionen

	Campylobacter-Enteritis			Salmonellose			EHEC-Enteritis			Norovirus-Gastroenteritis			Rotavirus-Gastroenteritis		
	2021		2020	2021		2020	2021		2020	2021		2020	2021		2020
	12.	1.-12.	1.-12.	12.	1.-12.	1.-12.	12.	1.-12.	1.-12.	12.	1.-12.	1.-12.	12.	1.-12.	1.-12.
Baden-Württemberg	41	608	672	3	91	238	2	31	27	1	114	1.784	5	55	151
Bayern	48	928	1.161	12	132	266	1	25	35	4	119	3.255	3	106	413
Berlin	19	388	422	1	40	68	0	12	21	3	71	859	8	45	99
Brandenburg	12	310	326	2	32	68	0	3	6	13	121	1.385	5	45	134
Bremen	2	50	57	0	8	12	0	1	2	1	5	73	0	6	20
Hamburg	5	175	272	0	27	36	0	0	6	1	15	345	1	17	73
Hessen	11	468	597	7	72	121	1	13	7	1	55	1.098	15	89	138
Mecklenburg-Vorpommern	13	296	247	3	33	45	2	6	14	4	49	864	5	130	69
Niedersachsen	42	755	760	13	160	200	2	27	44	9	100	1.975	10	109	239
Nordrhein-Westfalen	84	1.692	2.444	11	319	362	4	43	66	17	207	4.897	21	213	626
Rheinland-Pfalz	21	441	500	1	92	100	0	10	18	1	62	1.049	2	29	77
Saarland	6	120	171	0	22	38	0	2	1	0	8	193	2	15	34
Sachsen	57	883	755	2	61	173	0	9	19	22	174	2.378	7	85	438
Sachsen-Anhalt	22	275	270	5	42	100	0	12	20	19	157	1.326	4	35	123
Schleswig-Holstein	24	306	343	5	32	43	0	8	15	1	21	516	0	28	99
Thüringen	17	358	356	2	53	174	0	9	6	4	100	1.362	3	53	245
Deutschland	424	8.053	9.353	67	1.216	2.044	12	211	307	101	1.378	23.359	91	1.060	2.978

Ausgewählte Virushepatiden und respiratorisch übertragene Krankheiten

	Hepatitis A			Hepatitis B			Hepatitis C			Tuberkulose			Influenza		
	2021		2020	2021		2020	2021		2020	2021		2020	2021		2020
	12.	1.-12.	1.-12.	12.	1.-12.	1.-12.	12.	1.-12.	1.-12.	12.	1.-12.	1.-12.	12.	1.-12.	1.-12.
Baden-Württemberg	0	12	11	25	321	368	21	235	230	13	138	142	0	20	23.487
Bayern	0	19	24	12	324	391	7	197	207	6	104	129	0	36	53.178
Berlin	0	3	15	8	97	118	3	48	61	0	50	90	0	6	5.307
Brandenburg	0	9	8	0	17	25	2	13	23	2	15	31	0	14	5.553
Bremen	0	0	2	4	30	32	0	7	9	2	10	14	0	2	346
Hamburg	1	3	4	3	33	32	4	19	25	3	40	42	1	7	3.667
Hessen	2	10	8	6	167	160	2	75	112	4	91	123	0	8	8.414
Mecklenburg-Vorpommern	0	7	5	0	8	10	0	5	9	0	7	15	0	4	3.379
Niedersachsen	1	13	12	10	121	163	13	71	131	6	67	76	2	15	9.885
Nordrhein-Westfalen	2	27	37	28	472	373	26	277	265	11	211	221	0	29	24.454
Rheinland-Pfalz	0	8	11	5	82	115	5	62	49	6	35	45	1	13	7.716
Saarland	0	2	0	1	15	24	0	16	9	3	11	9	0	1	1.646
Sachsen	0	2	4	3	28	49	3	31	46	2	27	34	1	24	19.757
Sachsen-Anhalt	0	5	5	0	18	39	0	15	17	0	5	22	3	28	6.390
Schleswig-Holstein	0	3	2	3	46	69	8	46	54	2	23	41	2	2	3.902
Thüringen	0	4	2	2	28	17	0	10	19	0	21	17	1	11	9.121
Deutschland	6	127	150	110	1.807	1.985	94	1.127	1.266	60	855	1.051	11	220	186.202

Allgemeiner Hinweis: Das Zentrum für tuberkulosekranken und -gefährdet Menschen in Berlin verwendet veraltete Softwareversionen, die nicht gemäß den aktuellen Falldefinitionen des RKI gemäß § 11 Abs. 2 IfSG bewerten und übermitteln.

Ausgewählte impfpräventable Krankheiten

	Masern			Mumps			Röteln			Keuchhusten			Windpocken		
	2021		2020	2021		2020	2021		2020	2021		2020	2021		2020
	12.	1.-12.	1.-12.	12.	1.-12.	1.-12.	12.	1.-12.	1.-12.	12.	1.-12.	1.-12.	12.	1.-12.	1.-12.
Baden-Württemberg	0	0	23	0	0	40	0	0	0	4	18	212	17	216	1.155
Bayern	0	0	7	1	6	28	0	1	2	2	47	547	18	235	1.441
Berlin	0	0	3	0	2	42	0	0	0	0	2	102	2	95	295
Brandenburg	0	0	0	0	3	4	0	0	0	0	6	99	1	32	176
Bremen	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	25	1	14	65
Hamburg	0	2	0	0	1	12	0	0	0	0	5	49	0	34	171
Hessen	0	0	7	0	5	17	0	0	0	0	17	165	3	85	315
Mecklenburg-Vorpommern	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	89	2	17	57
Niedersachsen	0	0	1	0	2	10	0	0	0	0	12	103	9	94	358
Nordrhein-Westfalen	0	0	19	0	3	26	0	0	0	1	39	298	16	209	990
Rheinland-Pfalz	0	0	6	0	1	8	0	0	0	1	13	78	6	72	176
Saarland	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	3	16	1	13	19
Sachsen	0	0	0	0	3	0	0	0	1	0	5	89	6	99	486
Sachsen-Anhalt	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	11	126	5	21	56
Schleswig-Holstein	0	0	0	0	2	4	0	0	0	0	3	67	1	28	232
Thüringen	0	0	0	0	0	3	0	0	0	1	8	175	1	14	90
Deutschland	0	2	68	1	28	197	0	1	4	10	190	2.240	89	1.278	6.082

Erreger mit Antibiotikaresistenz und *Clostridioides-difficile*-Erkrankung und COVID-19

	Acinetobacter ¹			Enterobacterales ¹			<i>Clostridioides difficile</i> ²			MRSA ³			COVID-19 ⁴		
	2021		2020	2021		2020	2021		2020	2021		2020	2021		2020
	12.	1.-12.	1.-12.	12.	1.-12.	1.-12.	12.	1.-12.	1.-12.	12.	1.-12.	1.-12.	12.	1.-12.	1.-12.
Baden-Württemberg	1	6	13	5	83	97	2	17	19	1	16	13	14.507	113.317	6.011
Bayern	2	15	17	9	96	135	5	39	71	2	28	22	18.462	157.559	6.121
Berlin	1	17	14	5	81	73	0	9	19	1	9	17	5.548	44.958	1.143
Brandenburg	1	1	5	1	10	15	1	13	17	0	6	13	3.624	40.684	401
Bremen	0	1	1	0	3	6	0	2	1	2	4	6	940	6.917	168
Hamburg	0	7	3	3	10	22	0	5	3	0	6	7	2.881	22.240	1.274
Hessen	0	8	15	12	103	112	0	16	37	0	10	20	8.991	74.962	1.449
Mecklenburg-Vorpommern	1	2	1	2	5	12	0	12	10	0	10	7	1.814	17.395	190
Niedersachsen	0	4	14	6	59	68	7	29	60	1	37	45	9.776	83.284	1.860
Nordrhein-Westfalen	2	22	37	22	289	253	11	103	129	5	84	94	23.964	200.612	7.628
Rheinland-Pfalz	0	0	5	5	27	40	1	13	15	0	5	6	4.649	40.211	1.358
Saarland	0	0	0	0	2	8	0	3	0	0	4	3	791	11.205	336
Sachsen	0	2	5	0	32	49	4	24	37	0	9	29	8.642	77.212	924
Sachsen-Anhalt	0	1	1	5	27	31	2	20	29	0	10	9	3.808	38.933	274
Schleswig-Holstein	0	1	1	2	25	28	0	3	7	0	11	14	2.001	23.391	473
Thüringen	0	0	2	0	4	19	0	8	21	0	7	12	5.168	48.012	333
Deutschland	8	87	134	77	856	968	33	316	475	12	256	317	115.566	1.000.892	29.943

1 Infektion und Kolonisation

(*Acinetobacter* spp. mit Nachweis einer Carbenemase-Determinante oder mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbeneminen)

2 *Clostridioides difficile*-Erkrankung, schwere Verlaufsform

3 Methicillin-resistenter *Staphylococcus aureus*, invasive Infektion

4 Coronavirus-Krankheit-2019 (SARS-CoV-2)

Weitere ausgewählte meldepflichtige Infektionskrankheiten

Krankheit	2021		2020
	12.	1.-12.	1.-12.
Adenovirus-Konjunktivitis	0	6	128
Botulismus	0	1	0
Brucellose	0	2	7
Chikungunyavirus-Erkrankung	0	0	20
Creutzfeldt-Jakob-Krankheit	0	15	14
Denguefieber	0	7	129
Diphtherie	0	0	6
Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME)	0	7	7
Giardiasis	9	258	541
<i>Haemophilus influenzae</i> , invasive Infektion	0	18	318
Hantavirus-Erkrankung	25	183	45
Hepatitis D	0	10	15
Hepatitis E	40	658	813
Hämolytisch-urämisches Syndrom (HUS)	0	4	8
Kryptosporidiose	8	196	229
Legionellose	8	183	289
Lepra	0	0	0
Leptospirose	0	11	35
Listeriose	5	106	145
Meningokokken, invasive Erkrankung	1	10	89
Ornithose	0	1	5
Paratyphus	0	1	6
Q-Fieber	0	13	14
Shigellose	1	15	85
Trichinellose	0	0	1
Tularämie	0	10	6
Typhus abdominalis	0	4	18
Yersiniose	23	433	548
Zikavirus-Erkrankung	0	0	3

In der wöchentlich veröffentlichten aktuellen Statistik werden die gemäß IfSG an das RKI übermittelten Daten zu meldepflichtigen Infektionskrankheiten veröffentlicht. Es werden nur Fälle dargestellt, die in der ausgewiesenen Meldewoche im Gesundheitsamt eingegangen sind, dem RKI bis zum angegebenen Datenstand übermittelt wurden und die Referenzdefinition erfüllen (s. www.rki.de/falldefinitionen).

Monatsstatistik nichtnamentlicher Meldungen ausgewählter Infektionen

gemäß § 7 (3) IfSG nach Bundesländern

Berichtsmonat: Januar 2021 (Datenstand: 1. April 2021)

	Syphilis			HIV-Infektion*			Malaria			Echinokokkose			Toxoplasm., konn.		
	2021		2020	2021		2020	2021		2020	2021		2020	2021		2020
	Jan.	Januar – Jan.		Jan.	Januar – Jan.		Jan.	Januar – Jan.		Jan.	Januar – Jan.		Jan.	Januar – Jan.	
Baden-Württemberg	33	33	54	–	–	–	0	0	11	1	1	2	0	0	0
Bayern	73	73	95	–	–	–	5	5	17	2	2	5	0	0	1
Berlin	109	109	136	–	–	–	1	1	7	0	0	0	0	0	0
Brandenburg	12	12	23	–	–	–	0	0	4	0	0	0	0	0	0
Bremen	4	4	5	–	–	–	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Hamburg	47	47	27	–	–	–	1	1	5	1	1	0	0	0	0
Hessen	47	47	53	–	–	–	1	1	5	2	2	1	0	0	0
Mecklenburg-Vorpommern	11	11	8	–	–	–	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Niedersachsen	34	34	48	–	–	–	3	3	10	0	0	0	0	0	1
Nordrhein-Westfalen	112	112	173	–	–	–	12	12	21	3	3	0	0	0	0
Rheinland-Pfalz	15	15	11	–	–	–	0	0	3	0	0	1	0	0	0
Saarland	5	5	3	–	–	–	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Sachsen	33	33	38	–	–	–	0	0	4	0	0	2	0	0	1
Sachsen-Anhalt	13	13	25	–	–	–	0	0	0	0	0	2	1	1	0
Schleswig-Holstein	14	14	11	–	–	–	0	0	7	0	0	1	0	0	0
Thüringen	3	3	12	–	–	–	1	1	0	1	1	0	0	0	0
Deutschland	565	565	726	–	–	–	24	24	94	10	10	15	1	1	3

(Hinweise zu dieser Statistik s. *Epid. Bull.* 41/01: 311–314)

* Derzeit stehen keine aktualisierten Daten zu HIV-Infektionen zur Verfügung.