



AKTUELLE DATEN UND INFORMATIONEN
ZU INFektionsKRANKHEITEN UND PUBLIC HEALTH

24
2023

15. Juni 2023

Epidemiologisches Bulletin

**Evaluation eines Prognosemodells
für die Intensivbettenbelegung
während der COVID-19-Pandemie**

Inhalt

Retrospektive Evaluation eines Prognosemodells für die Bettenbelegung durch COVID-19-Patienten und -Patientinnen auf deutschen Intensivstationen 3

Während der COVID-19-Pandemie waren bundesweite Daten zu den Kapazitäten der Gesundheitsversorgung und Krankenhäuser eine wichtige Orientierungshilfe für ressourcenstrategische und politische Entscheidungen. Im vorliegenden Beitrag wird die Leistungsfähigkeit eines Prognosemodells für die Bettenbelegung durch COVID-19-Patienten und -Patientinnen auf deutschen Intensivstationen am Beispiel der fünf „Kleeblatt“-Regionen Deutschlands (Nord, Ost, Süd, Süd-West, West) im Zeitraum vom 1.7.2021 bis zum 2.1.2023 retrospektiv evaluiert. Außerdem werden Zeiträume mit außergewöhnlichen Abweichungen von prognostizierten und tatsächlichen Werten visualisiert und diskutiert.

Publikationshinweis: Neues vom Journal of Health Monitoring 13

Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten: 23. Woche 2023 14

Impressum

Herausgeber

Robert Koch-Institut
Nordufer 20, 13353 Berlin
Telefon: 030 18754-0
E-Mail: EpiBull@rki.de

Redaktion

Dr. med. Jamela Seedat
Dr. med. Maren Winkler, Heide Monning (Vertretung)

Redaktionsassistentz

Nadja Harendt
Claudia Paape, Judith Petschelt (Vertretung)

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](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/).



ISSN 2569-5266



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

Retrospektive Evaluation eines Prognosemodells für die Bettenbelegung durch COVID-19-Patienten und -Patientinnen auf deutschen Intensivstationen

Zusammenfassung

In diesem Artikel evaluieren wir retrospektiv die Leistungsfähigkeit unseres Prognosemodells für die Bettenbelegung durch Coronavirus Disease 2019- (COVID-19-)Patienten und -Patientinnen auf deutschen Intensivstationen (ITS) am Beispiel der fünf „Kleeblatt“-Regionen Deutschlands (Nord, Ost, Süd, Süd-West, West) im Zeitraum vom 1.7.2021 bis zum 2.1.2023. Die Prognosefehler unseres Hauptmodells werden mit den Fehlern eines vereinfachten und eines naiven Modells verglichen. Außerdem werden Zeiträume mit außergewöhnlichen Abweichungen von prognostizierten und tatsächlichen Werten visualisiert und diskutiert. Die Prognosefehler unseres Hauptmodells werden weiterhin mit denen externer Prognosemodelle verglichen.

Das vorgeschlagene Hauptmodell hatte im Vergleich zum vereinfachten und zum naiven Modell die kleinsten Prognosefehler. Eine Analyse mithilfe der Prognoseintervalle ergab, dass die Hauptschwierigkeit in der Prognose von Trendwenden der Intensivbettenbelegung und der Übergangsphase von der Delta- auf die Omikron-Virusvariante lag. Entsprechende Modellanpassungen waren daher notwendig. Die Prognosefehler lagen in vergleichbarer Größenordnung wie die des externen Prognosemodells.

Einleitung

Während der COVID-19-Pandemie waren bundesweite Daten zu den Kapazitäten der Gesundheitsversorgung und nicht zuletzt jene der Krankenhäuser, welche zeitnah erhoben und bereitgestellt werden, eine wichtige Orientierungshilfe für ressourcenstrategische und politische Entscheidungen. Die Erhebung solcher Daten ist auch nach der Pandemie weiterhin von Bedeutung. Sie ermöglichen nicht nur einen realistischen Überblick über die aktuelle Situation in der klinischen Versorgung, sondern auch die Vorhersage der intensivmedizinischen Bettenbelegung und damit eine effizientere

Ressourcenallokation. Auf der Grundlage verschiedener Datenquellen entwickelten wir ein statistisches Modell zur Berechnung von Prognosewerten für die Anzahl der COVID-19-Patienten und -Patientinnen, die in den kommenden Tagen eine intensivmedizinische Behandlung benötigen würden.

Die Modellergebnisse wurden von unterschiedlichen Akteuren genutzt (u. a. vom Bundesministerium für Gesundheit [BMG], Koordinatoren und Koordinatorinnen der Länder, dem Gemeinsamen Melde- und Lagezentrum [GMLZ]/dem Bundesamt für Bevölkerungsschutz und Katastrophenhilfe [BBK], der Fachgruppe Intensivmedizin, Infektiologie und Notfallmedizin [COVRIIN]) und erwiesen sich als hilfreich bei der strategischen Planung überregionaler Verlegungen, die eine adäquate Fortsetzung der intensivmedizinischen Versorgung in den stark von der COVID-19-Pandemie betroffenen Gebieten sicherstellen sollten. Während einer Hochphase der Pandemie im Winter 2021/2022 wurden beispielsweise mehr als 100 COVID-19-Patienten und -Patientinnen mithilfe des sogenannten „Kleeblatt“-Konzepts auf ITS in verschiedene Bundesländer verlegt.^{1,2}

Zweimal wöchentlich stellten wir eine Prognose für verschiedene regionale Versorgungsebenen (Deutschland, „Kleeblatt“, Bundesland, Versorgungscluster) mit den jeweiligen Prognoseintervallen und der aktuellen Anzahl verfügbarer Intensivbetten für die Veröffentlichung zur Verfügung.

Wir beschrieben bereits an anderer Stelle, wie die zugrundeliegenden Modelle aufgebaut sind.³ Im vorliegenden Artikel bewerten wir retrospektiv die Vorhersagekraft unseres statistischen Modells für einen Zeitraum, in welchem die Neuinfektionen mit dem Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus Type 2 (SARS-CoV-2) in der Gesamtbevölkerung erst von der Delta- und später der Omikron-Virusvariante dominiert wurden. Letztere

fürte zu einer starken Abweichung zwischen der Pandemiedynamik auf den ITS und jener in der Allgemeinbevölkerung.

Methoden

Um unser Prognosemodell³ zu evaluieren, gingen wir in vier Schritten vor:

- ▶ Schritt 1 beinhaltet die Darstellung des zweiten Modells. Dieser besteht aus den Prognosen für gemäß Infektionsschutzgesetz (IfSG) gemeldete COVID-19-Fälle und der anschließenden Verarbeitung dieser im Modell zur Prognose der COVID-19-spezifischen Bettenbelegung auf deutschen ITS.
- ▶ In Schritt 2 verglichen wir unser Prognosemodell mit zwei vereinfachten Modellansätzen mit dem Ziel der internen Evaluation.
- ▶ In Schritt 3 unterzogen wir unser Prognosemodell einem externen Vergleich mit einem Prognosemodell, welches von Goic et al. (2021)⁶ vorgestellt wurde.
- ▶ In Schritt 4 diskutierten wir den Einfluss der Ausbreitung der Omikron-Virusvariante auf das Prognosemodell.

Prognose der COVID-19-Fälle in der Gesamtbevölkerung und auf ITS (Schritt 1)

Um die tägliche Anzahl der prävalenten COVID-19-Fälle auf ITS prognostizieren zu können, nahmen wir an, dass vor allem zwei zugrundeliegende Prozesse eine wichtige Rolle spielen: Zum einen die inzidenten COVID-19-Fälle in der Gesamtbevölkerung, von denen ein Teil intensivmedizinisch versorgt werden muss. Zum anderen die Liegedauer (bzw. die Entlassungs- oder Todesrate) der COVID-19-Patienten und -Patientinnen auf ITS. Die inzidenten COVID-19-Fälle wurden vorab mithilfe eines epidemischen Transmissionsmodells prognostiziert. Somit basiert das Gesamtvorhersagemodell auf der Nutzung von zwei Prognosen, die im Folgenden erläutert werden.

Prognose der gemeldeten inzidenten COVID-19-Fälle in der Gesamtbevölkerung

Zunächst modellierten wir die Dynamik der COVID-19-Pandemie in der Gesamtbevölkerung sowie die Vorhersagen kommender, gemäß IfSG gemeldeter COVID-19-Fälle. Hierbei wurde ein soge-

nanntes SEIR-Modell verwendet, bei dem die Anzahl an anfälligen („suszeptiblen“), exponierten, infektiösen und genesenen (engl. „recovered“) Individuen in den jeweiligen regionalen Versorgungsebenen (Deutschland, „Kleeblatt“, Bundesland, Versorgungscluster) beschrieben wird. Um den Effekten von Eindämmungsmaßnahmen, dem Auftreten verschiedener Virusvarianten und der zunehmenden Immunisierung der Bevölkerung durch Impfungen Rechnung zu tragen, wurde die Infektionsrate zeitabhängig modelliert. Alle Parameter des Modells wurden täglich aus den gemäß IfSG gemeldeten COVID-19-Fällen für jede regionale Versorgungsebene geschätzt.³ Außerdem wurden zwei Ansätze zur Korrektur des Meldeverzugs kombiniert: erstens das Weglassen der Meldungen der letzten beiden Tage und zweitens die Adjustierung mittels „Nowcasting“. Wochenendbedingte Verzögerungen wurden durch die Berechnung von Korrekturfaktoren für jeden Wochentag berücksichtigt.³

Um eine eindeutige Interpretation der Prognosen zum Zwecke der intensivmedizinischen Ressourcensteuerung zu gewährleisten, wurden die zu erwarteten Effekte aus geplanten oder noch nicht wirksamen Eindämmungs- bzw. Lockerungsmaßnahmen nicht in die Modelle einbezogen. Die Prognosen bildeten somit den erwarteten Verlauf des Infektionsgeschehens in der Gesamtbevölkerung ab, wie er sich ausschließlich aus den jeweils verfügbaren Zeitreihen der gemäß IfSG gemeldeten COVID-19-Fälle ergab. Sobald Trendwenden in den Meldedaten auftraten, wurden diese durch das tägliche Update der geschätzten aktuellen Infektionsrate berücksichtigt.

Prognose der prävalenten COVID-19-Fälle auf deutschen ITS

In einem zweiten Schritt modellierten wir die gemeldeten Daten über die tägliche Anzahl der prävalenten COVID-19-Fälle auf deutschen ITS aus dem bundesweiten, vom Robert Koch-Institut (RKI) betriebenen DIVI-Intensivregister (DIVI – Deutsche Interdisziplinäre Vereinigung für Intensiv- und Notfallmedizin e.V.). Um den Einfluss der Pandemiedynamik in der Gesamtbevölkerung auf die Dynamik auf den ITS separat für die „Kleeblätter“ abzubilden, wurden für jede Versorgungsebene drei verallgemeinerte lineare Regressionsmodelle (Sub-

modelle) angepasst, die sich insbesondere bzgl. der Art der Spezifizierung der Zielgröße unterscheiden (s. Tab.1). Im Submodell 1 wurde die tägliche Differenz der Anzahl prävalenter COVID-19-Fälle zum Vortag betrachtet; in den Submodellen 2 und 3 der jeweilige Quotient zum Vortag.

Die Prädiktoren bestehen vor allem aus den oben modellierten und prognostizierten COVID-19-

Fällen. Um unterschiedliche Effekte in den einzelnen „Kleeblättern“ zu ermöglichen, verlief die Modellanpassung sowohl unabhängig von als auch in Interaktion mit den „Kleeblättern“.

Darüber hinaus wurden folgende Prädiktoren einbezogen: die Altersverteilung der COVID-19-Fälle, die tägliche Anzahl der jeweiligen Impfungen (unterteilt nach Erst-, Zweit- und Auffrischimpfung),

Modell	Prädiktoren	Modellspezifikation
Submodell 1: Differenz der prävalenten COVID-19-Fälle auf ITS zum Vortag als Zielgröße	Änderung IfSG-Fälle (Delta) als Zeitreihe	<ul style="list-style-type: none"> ▶ Log-Transformation ▶ Differenz Zeitabstand 5 Tage und 7 Tage ▶ standardisiert nach Populationsgröße des jeweiligen „Kleeblatts“ ▶ mit und ohne Interaktion mit „Kleeblättern“
	IfSG-Fälle (Delta) als Zeitreihe	<ul style="list-style-type: none"> ▶ Log-Transformation ▶ Zeitabstand: 7 Tage ▶ standardisiert nach Populationsgröße des jeweiligen „Kleeblatts“ ▶ mit und ohne Interaktion mit „Kleeblättern“
	Änderung IfSG-Fälle (Omikron) als Zeitreihe	<ul style="list-style-type: none"> ▶ Log-Transformation ▶ Differenz Zeitabstand 5 Tage und 7 Tage ▶ standardisiert nach Populationsgröße des jeweiligen „Kleeblatts“ ▶ mit und ohne Interaktion mit „Kleeblättern“
	IfSG-Fälle (Omikron) als Zeitreihe	<ul style="list-style-type: none"> ▶ Log-Transformation ▶ Zeitabstand: 7 Tage ▶ standardisiert nach Populationsgröße des jeweiligen „Kleeblatts“ ▶ mit und ohne Interaktion mit „Kleeblättern“
	„Kleeblätter“	▶ als kategoriale Variable
	Populationsgröße des jeweiligen „Kleeblatts“	▶ Log-Transformation
	Altersverteilung der IfSG-Fälle als Zeitreihe	▶ Anteil der über 60-Jährigen unter den IfSG-Fällen
	Impfungen als Zeitreihe	▶ 3 Komponenten, jeweils logtransformierte Anzahl der Erst-, Zweit- und Auffrischimpfungen
	Todes- bzw. Entlassungsrate der intensivpflichtigen COVID-19-Fälle als Zeitreihe	▶ Quotient der verstorbenen (bzw. entlassenen) COVID-19-Fälle und der Anzahl prävalenter Fälle vom Vortag
	Kalenderzeit	▶ Kalenderzeit modelliert als natürliche „Splines“
Submodell 2: Quotient der prävalenten COVID-19-Fälle auf ITS zum Vortag als Zielgröße	Die gleichen Prädiktoren wie in Modell 1	
Submodell 3: Quotient der prävalenten COVID-19-Fälle auf ITS zum Vortag als Zielgröße	„Kleeblätter“	▶ als kategoriale Variable
	Populationsgröße des jeweiligen „Kleeblatts“	▶ Log-Transformation
	Altersverteilung der IfSG-Fälle als Zeitreihe	▶ Anteil der über 60-Jährigen unter den IfSG-Fällen
	Impfungen als Zeitreihe	▶ 3 Komponenten, jeweils logtransformierte Anzahl der Erst-, Zweit- und Auffrischimpfungen
	Todes- bzw. Entlassungsrate der intensivpflichtigen COVID-19-Fälle als Zeitreihe	▶ Quotient der verstorbenen (bzw. entlassenen) COVID-19-Fälle und der Anzahl prävalenter Fälle vom Vortag
	Kalenderzeit	▶ Kalenderzeit modelliert als „Splines“

Tab. 1 | Beschreibung der Modelle zur Prognose der prävalenten COVID-19-Fälle auf deutschen Intensivstationen (ITS) für die Versorgungsebene „Kleeblatt“

IfSG = Infektionsschutzgesetz

die berechnete Todes- bzw. Entlassungsrate der intensivpflichtigen COVID-19-Fälle (DIVI-Intensivregister), die logarithmierte „Kleeblatt“-Größe und ein sowohl allgemeiner als auch „Kleeblatt“-spezifischer Zeiteffekt. Dieser Zeiteffekt wurde zur Modellierung der verbliebenen Variabilität in den Submodellen genutzt, welche mit den zuvor genannten Prädiktoren nicht erklärt werden konnte.

Die Durchführung der Prognosen 1 und 2 erfolgte täglich, wobei die jeweils geschätzten Modellparameter bzw. die jeweiligen Regressionskoeffizienten über alle drei Submodelle gemittelt wurden. Das daraus resultierende Hauptmodell zur Prognose der COVID-19-Patienten und -Patientinnen in intensivmedizinischer Behandlung bezieht sich auf einen Zeithorizont von 20 Tagen und wird mit Prognoseintervallen dargestellt.

Auswertung der Abweichung zwischen prognostizierten und tatsächlich gemeldeten Werten (Schritt 2)

In diesem Abschnitt betrachten wir Fehlermaße, um das genutzte Hauptmodell mit zwei einfacheren Modellen zu vergleichen: Zum einen das vereinfachte Modell ohne Einbezug gemäß IfSG gemeldeter COVID-19-Fälle als Prädiktor, während alle weiteren Prädiktoren weiter einbezogen werden („Modell simpel“) und zum anderen das naive Modell („Naive“), in welchem von keiner Änderung der intensivmedizinischen Bettenbelegung ausgegangen wurde (gegebener Wert wird fortgesetzt). Für jedes Modell wurden verschiedene Maßzahlen nach Hyndman⁴ für den 10-Tage-Prognosezeitpunkt berechnet. Diese sind der „Mean absolute percentage error“ (MAPE), „Median absolute percentage error“ (MdAPE), „Mean absolute scaled error“ (MASE) und „Median absolute scaled error“ (MdASE). Dabei bezeichnet der prozentuale Fehler die Abweichung der Prognosen im Verhältnis zu den beobachteten Werten. Zur besseren Lesbarkeit, wird dieser noch mit 100 multipliziert, um ihn als prozentuale Abweichung interpretieren zu können. Der skalierte Fehler ist der Quotient aus der Abweichung der Prognosen und der mittleren täglichen Änderung der beobachteten Werte.

Anschließend wird für beide Fehlerarten der Mittelwert bzw. der Median über den gesamten

Zeitraum ermittelt. Daraus ergibt sich für jeden Tag des Prognosehorizonts (1–20) ein Wert.

Vergleich mit externen Prognosemodellen (Schritt 3)

Im dritten Schritt unterzogen wir unser Prognosemodell einem externen Vergleich mit einem Prognosemodell, welches von Goic et al. (2021)⁶ vorgestellt wurde. In den von ihm vorgestellten Ergebnissen wird ein Prognosemodell betrachtet, welches, ähnlich zum von uns beschriebenen Modell, die Bettenbelegungen auf ITS über einen Zeitraum von 14 Tagen prognostizieren soll. Der Ansatz basiert auf einer Kombination verschiedener Modellansätze aus drei Modellklassen: Autoregressive Modelle, „Time Delay Neural Networks“ und Kompartiment-Modelle. Diese wurden anhand eines geeigneten Mittels zusammengefasst.

Unterteilung zwischen der Delta- und Omikron-Virusvariante (Schritt 4)

Die uns zur Verfügung gestellten Informationen zu den gemäß IfSG gemeldeten COVID-19-Fällen enthielten keine Angabe zu der Virusvariante. Um trotzdem eine Unterteilung zwischen der Delta- und Omikron-Variante abschätzen zu können, wurden wöchentlich aktualisierte Daten bzgl. der Anteile der in der Stichprobe (Sequenzdaten) detektierten besorgniserregenden und unter Beobachtung stehenden Virusvarianten verwendet (Quelle: www.rki.de). Zudem wurden zur Differenzierung zwischen der Delta- und Omikron-Virusvariante die jeweiligen Anteile mit den gemäß IfSG gemeldeten COVID-19-Fällen multipliziert.

Ergebnisse

Prognose der COVID-19-Fälle in der Gesamtbevölkerung und auf ITS (Schritt 1) und interne Evaluation (Schritt 2)

Für jedes Modell wurden verschiedene Maßzahlen nach Hyndman⁴ für den 10-Tage-Prognosezeitpunkt berechnet. Die Ergebnisse sind in [Tabelle 2](#) dargestellt.

Bei den Fehlermaßen in [Tabelle 2](#) ergab sich – bis auf wenige Ausnahmen – eine Verringerung des Prognosefehlers durch die Zunahme der in

„Kleeblatt“	Modell	Modell simpel	Naive	Modell	Modell simpel	Naive
	MAPE/MdAPE	MAPE/MdAPE	MAPE/MdAPE	MASE/MdASE	MASE/MdASE	MASE/MdASE
Nord	15,3/10,06	21,45/12,71	17,5/13,72	3,88/2,67	4,45/3,52	4,32/3,52
Ost	16,16/13,07	16,14/11,43	19,42/17,92	4,82/3,28	5,3/3,18	6,78/3,87
Süd	16,32/13,36	16,37/12,37	18,13/16,47	5,05/3,38	5,45/3,38	6,35/4,69
Süd-West	18,7/15,1	20,5/15,24	21,5/20,21	5,82/3,85	5,95/4,13	6,54/5,16
West	14,62/11,64	17,32/14,79	17,99/15,85	4,51/3,36	5,37/4,31	5,53/4,73

Tab. 2 | Berechnung der Maßzahlen für den 10-Tage-Prognosezeitpunkt ($s=10$)

MAPE = mittlere absolute prozentuale Fehler (Erläuterung: Wenn der MAPE-Wert beispielsweise 5 beträgt, weicht die Prognose im Durchschnitt um 5% ab); MdAPE = Median des absoluten prozentualen Fehlers (Der Median lässt eine Beurteilung hinsichtlich der Unter- und Überschätzung der Abweichungen im Gesamten zu.); MASE = mittlere absolute skalierte Fehler (Dieser ist ein Maß für die Genauigkeit von Prognosen.)

Tabelle 1 aufgeführten Prädiktoren. Diese Ergebnisse betrachten allerdings nur die jeweiligen Punktschätzer der prognostizierten Werte. Im folgenden Abschnitt wird auf die entsprechende Notwendigkeit der zu diesen Punktschätzern zugehörigen Prognoseintervalle eingegangen.

Visualisierung und Diskussion der Zeiträume mit außergewöhnlichen Abweichungen

In Abbildung 1 sind die 10-Tage-Prognosen (grün und rot) und die jeweiligen beobachteten Werte (schwarz) dargestellt. Der graue Bereich stellt das 95%-Prognoseintervall der 10-Tage-Prognosen dar. Um Zeiträume mit auffälligen Abweichungen hervorzuheben, sind diejenigen vorhergesagten 10-Tage-Werte rot markiert, für welche die jeweiligen beobachteten Werte nicht im 95%-Prognoseintervall liegen; alle anderen sind grün markiert.

Außergewöhnliche Abweichungen bei Trendwenden

Abbildung 1 zeigt insbesondere bei Höhepunkten der intensivmedizinischen Bettenbelegung durch COVID-19-Patienten und -Patientinnen eine Überschätzung der prognostizierten Werte. Gleichzeitig wiesen die prognostizierten IfSG-Fälle aus Schritt 1 der Modellierung ebenfalls eine zum Teil erhebliche Überschätzung auf, die somit auf die prognostizierte Anzahl der COVID-19-Intensivpatienten und -patientinnen übertragen wurden (Daten nicht aufgeführt). Zu beachten ist auch, dass Trendwenden häufig durch Maßnahmen zur Pandemiebekämpfung beeinflusst wurden, die in dieser Modellierung ausschließlich über die Abnahme der COVID-19-Fälle berücksichtigt wurden.

Vergleich mit externen Prognosemodellen (Schritt 3)

Da der von uns gewählte Zeitraum der Prognoseevaluation nicht mit dem von Goic et al. (20.5.2020 und 28.7.2020)⁶ übereinstimmte, entschieden wir uns für den Vergleichszeitraum vom 15.10.2021 bis 15.1.2022, welcher die höchsten intensivmedizinischen Bettenbelegungszahlen über den gesamten Beobachtungszeitraum unserer Prognoseevaluation aufwies. Ebenfalls betrachteten wir einen Prognosehorizont von 14 Tagen und berechneten den MAPE für die ersten und die letzten sieben Tage, aufgeteilt nach den „Kleeblättern“ (s. Tab. 3). Die Ergebnisse lagen in vergleichbarer Größenordnung wie die Werte von Goic et al.⁶ Sie mittelten den MAPE jeweils über die ersten und letzten sieben Tage, also Woche 1 und Woche 2 ihres Prognosehorizonts. Dabei ergab sich ein Wert von 4,11% für die ersten und 9,03% für die letzten sieben Tage.

„Kleeblatt“	MAPE, gemittelt über Woche 1	MAPE, gemittelt über Woche 2
Nord	4,08	8,16
Ost	3,86	8,16
Süd	4,47	13,22
Süd-West	4,61	9,40
West	4,80	8,14
Gesamt	4,37	9,41
Aus Goic et al.	4,11	9,03

Tab. 3 | Berechnung der MAPE-Maßzahlen im Wochenvergleich; retrospektive Evaluation eines Prognosemodells zur Intensivbettenbelegung, 1.7.2021–2.1.2023

Bettenbelegung durch COVID-19-Patienten und -Patientinnen

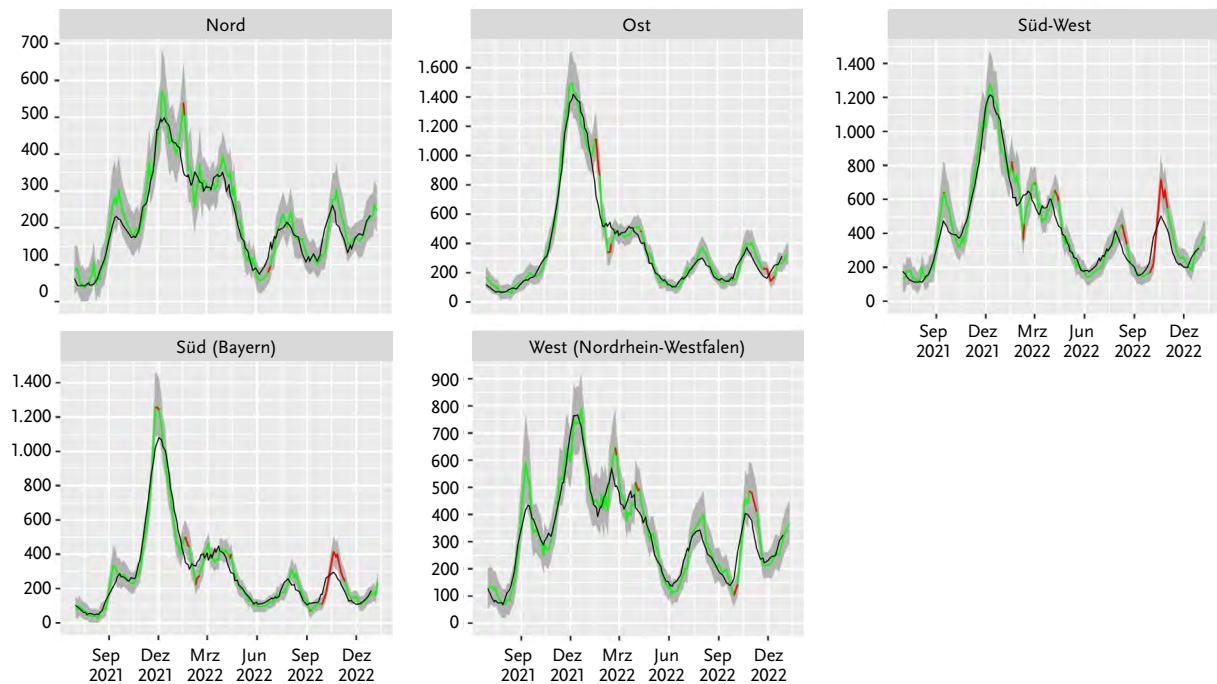


Abb. 1 | Vergleich der 10-Tage-Prognosen (grün innerhalb und rot außerhalb des Prognoseintervalls) und der jeweiligen beobachteten Werte (schwarz); der graue Bereich stellt das 95%-Prognoseintervall der 10-Tage-Prognosen dar; retrospektive Evaluation eines Prognosemodells zur Intensivbettenbelegung, 1.7.2021–2.1.2023

Modellanpassungen: Anpassung des epidemischen Transmissionmodells

Das Model für die gemäß IfSG gemeldeten inzidenten COVID-19-Fälle in der Gesamtbevölkerung wurde u. a. in folgenden Punkten angepasst:

- ▶ Die Flexibilität des „Splines“ für die Schätzung der Infektionsrate wurde durch sukzessive Hinzunahme von Knotenpunkten an die länger werdenden Zeitreihen angepasst.
- ▶ Die Varianz der Prognosen der Bundesländer wurde ab dem 15.1.2022 durch Mittelung mit dem mittleren Trend über alle Bundesländer (als „Prior“ mit Gewicht 50%) reduziert.
- ▶ Reinfektionen wurden ab dem 28.6.2022 berücksichtigt, indem die Gesamtbevölkerung als „suszeptibel“ zugelassen wurde.

Unterteilung zwischen der Delta- und Omikron-Virusvariante (Schritt 4)

Bei den uns zur Verfügung gestellten Informationen der gemäß IfSG gemeldeten COVID-19-Fälle ist keine Angabe der Virusvariante vorhanden. Um trotzdem eine Unterteilung zwischen der Delta- und Omikron-Variante abschätzen zu können,

wurden wie bereits in den Methoden ausgeführt, wöchentlich aktualisierte Daten bzgl. der Anteile der in der Stichprobe (Sequenzdaten) detektierten besorgniserregenden und unter Beobachtung stehenden Varianten verwendet (Quelle: www.rki.de). Diese Anteile der wöchentlich aktualisierten Daten bzgl. der in den Sequenzdaten detektierten SARS-CoV-2-Varianten sind in [Abbildung 2](#) dargestellt.

Um weiterhin eine Unterteilung zwischen der Delta- und Omikron-Virusvariante abzuschätzen, wurden wie oben bei den Methoden erklärt, die jeweiligen Anteile mit den gemäß IfSG gemeldeten COVID-19-Fällen multipliziert und somit nach Delta- und Omikron-Variante aufgeteilt. Diese sind in [Abbildung 3](#) zusammen mit der Anzahl von COVID-19-Intensivpatienten und -patientinnen dargestellt.

In [Abbildung 3](#) ist erkennbar, wie sich der Zusammenhang zwischen inzidenten COVID-19-Fällen in der Gesamtbevölkerung und den prävalenten COVID-19-Fällen auf den ITS veränderte. Bis Dezember 2021 verlief das Pandemiegeschehen auf

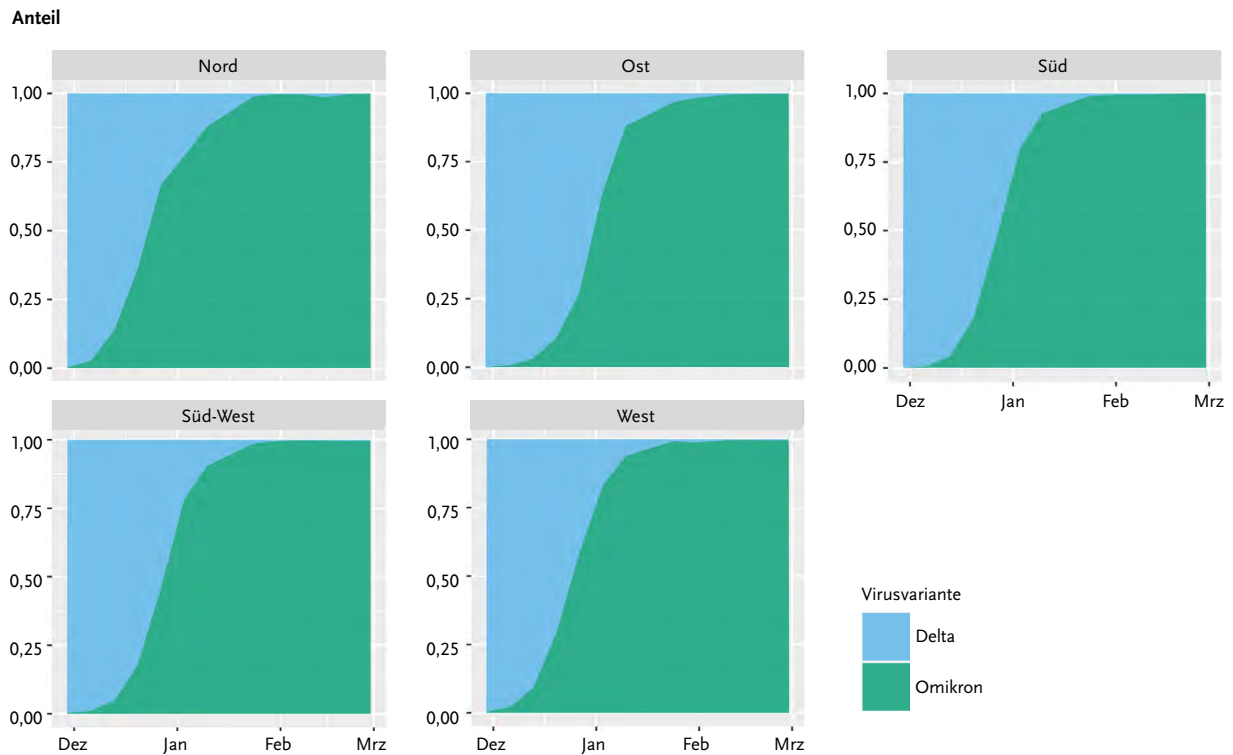


Abb. 2 | Anteile der Delta- und Omikron-Virusvariante (Ende 2021, Anfang 2022) basierend auf den Sequenzdaten des RKI; retrospektive Evaluation eines Prognosemodells zur Intensivbettenbelegung, 1.7.2021–2.1.2023

7-Tage-Mittel gemeldeter COVID-19-Fälle

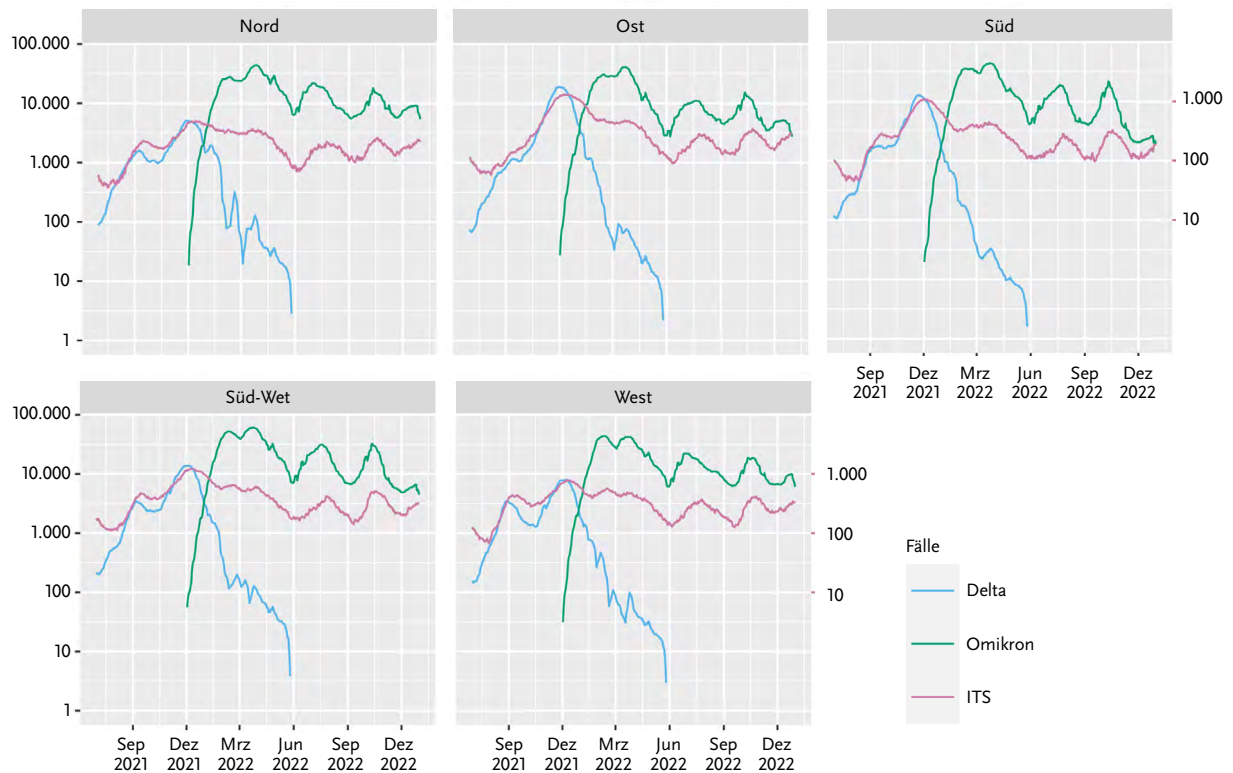


Abb. 3 | Gemeldete COVID-19-Fälle (im 7-Tage-Mittel) nach Virusvariante und COVID-19-Intensivpatienten und -patientinnen; retrospektive Evaluation eines Prognosemodells zur Intensivbettenbelegung, 1.7.2021–2.1.2023. ITS = Intensivstation

den ITS mit etwas Zeitverzug synchron zu jenem in der Bevölkerung. Im Januar und Februar 2022 kam es zu einer „Entkopplung“ und die Zeitreihen verliefen nicht mehr synchron. Ab März 2022 – dem Zeitpunkt, ab dem die Omikron-Virusvariante zu annähernd 100 % für das Pandemiegeschehen verantwortlich war – verliefen die Kurven wieder mit Zeitverzug synchron, allerdings mit wesentlich größerer Diskrepanz im Vergleich zur vorherigen Phase unter Dominanz der Delta-Virusvariante.

Außergewöhnliche Abweichungen bei dem Übergang von der Delta- auf die Omikron-Virusvariante

Von Anfang Dezember 2021 bis Ende Februar 2022 gab es in allen „Kleeblättern“ einen starken Rückgang der Anzahl der COVID-19-Intensivpatienten und -patientinnen. Zeitgleich stieg aufgrund der Ausbreitung der Omikron-Variante die Anzahl der gemäß IfSG gemeldeten COVID-19-Fälle sprunghaft an. Dadurch prognostizierte das Modell ein Anstieg der COVID-19-bedingten Intensivbettenbelegung im Januar 2022, der sich retrospektiv als Überschätzung erwies. Auch bei den Prognoseergebnissen aus Schritt 1 der Modellierung gab es erhebliche Abweichungen zu den beobachteten Werten (Daten nicht aufgeführt).

Zusammenfassung des Übergangs von der Delta- auf die Omikron-Virusvariante

Ab Kalenderwoche 48 des Jahres 2021 wurden uns vom RKI wöchentlich Daten zu den Anteilen der Delta- und Omikron-Virusvarianten zugesandt. Daraus erstellten wir grafisch den Übergang der dominanten Virusvariante von Delta auf Omikron. Zusätzlich setzten wir zur Veranschaulichung des Einflusses dieses Übergangs die gemäß IfSG gemeldeten COVID-19-Fälle und die Anzahl der COVID-19-Fälle auf ITS in einer Grafik ins Verhältnis. Dabei zeichnet sich ab, dass dieser Übergang einen erheblichen Einfluss auf die Dynamik der ITS-Bettenbelegung hatte, welcher sich schließlich auch auf die Missspezifikation des Prognosemodells auswirkte, wodurch eine Modellanpassung notwendig wurde.

Diskussion

Das Ziel dieses Artikels war es, unser Prognosemodell, welches wir bereits in einer vorausgegangenen Publikation beschrieben haben,³ noch einmal

zu erläutern und zu evaluieren. Dabei gingen wir in vier Schritten vor. Der erste Schritt beinhaltete die Darstellung des zweiteiligen Modells (Prognosen für gemäß IfSG gemeldete COVID-19-Fälle, anschließende Verarbeitung dieser im Modell zur Prognose der COVID-19-spezifischen ITS-Bettenbelegung). Im zweiten Schritt verglichen wir unser Prognosemodell mit zwei vereinfachten Modellansätzen (interne Evaluation). Im dritten Schritt unterzogen wir unser Prognosemodell einem Vergleich mit einem externen Prognosemodell (Goic et al. 2021⁶). Im vierten Schritt diskutierten wir den Einfluss der Ausbreitung der Omikron-Virusvariante auf das Prognosemodell.

Wir fokussierten uns für den internen Vergleich auf die 10-Tage-Prognose, da unser Modell hierfür ursprünglich ausgelegt war. Für diesen Vergleich zogen wir sowohl ein vereinfachtes als auch ein naives Modell heran. Dabei zeichnete sich eine klare Hierarchie ab: angefangen bei dem naiven Modell, welches bis auf das „Kleeblatt“ Nord am schlechtesten abschnitt, gefolgt vom vereinfachten Modell, welches den Einfluss der gemeldeten COVID-19-Fälle nicht berücksichtigte. Die beste Performance, also die geringste Abweichung zwischen prognostizierten und tatsächlich gemeldeten Werten, erzielte das Hauptmodell. Des Weiteren betrachteten wir den Einfluss des Übergangs von der Delta- auf die Omikron-Virusvariante genauer. Dabei zeigten wir auf, dass dieser Übergang einen erheblichen Einfluss auf die Dynamik der ITS-Bettenbelegung hatte, welcher sich schließlich auch auf die Missspezifikation des Prognosemodells auswirkte, wodurch eine Modellanpassung notwendig wurde.

In der Vergleichsstudie von Goic et al.⁶ waren ähnliche Herausforderungen zu bewältigen wie für unsere Prognosen. Insbesondere sich ändernde Dynamiken waren auch für das Modell von Goic et al.⁶ eine Herausforderung: Im Zeitraum zwischen dem 18.5.2020 und dem 1.6.2020 gab es in Chile einen starken Anstieg der belegten Intensivbetten, welcher sich Anfang Juni 2020 kurzfristig stabilisierte, um anschließend noch einmal zuzunehmen. Dies führte dazu, dass die Prognosen im Zeitraum der Stabilisierung deutlich oberhalb und im anschließenden Anstieg deutlich unterhalb der tatsächlichen intensivmedizinischen Bettenbelegung la-

gen. Es ist zu berücksichtigen, dass die jeweiligen Ergebnisse bzgl. MAPE nur bedingt vergleichbar sind, da beide Prognosemodelle anhand jeweils unterschiedlicher Daten und Länder evaluiert wurden. Unter diesen Limitationen kann jedoch davon ausgegangen werden, dass die Prognosemodelle auf Daten beruhen, welche ähnlich zugrundeliegende Dynamiken aufweisen (Alpha-Welle/Delta-Welle) und sich somit ähnlich verhalten.

Auch Olshen et al.⁷ evaluierten Prognosemodelle bzgl. der Bettenbelegung in US-amerikanischen Krankenhäusern. Die MdAPE-Werte bzgl. der 14-Tages-Bettenbelegung im Krankenhaus lagen zwischen 16 % und 36 % (von einem einfachen Autoregressionsmodell) und zwischen 30 % und 59 % (von komplexeren „Ensemble“-Modellen).⁷ Obwohl Olsen et al. im Gegensatz zu uns nicht die ITS-Bettenbelegung, sondern die Krankenhaus-Bettenbelegung im Allgemeinen prognostizierte und anschließend diese Prognosen evaluierte und die Ergebnisse daher nicht direkt vergleichbar sind, lagen die entsprechenden MdAPE-Werte bzgl. der 14-Tage-ITS-Bettenbelegung von unserem Ansatz,

welche sich zwischen 16,1 % („Kleeblatt“ Nord) und 23,3 % („Kleeblatt“ Süd) bewegten, in einem ähnlichen Bereich. Genau wie in unserem Fall lag auch dort die größte Herausforderung in der Vorhersage von Trendwenden.

Fazit

Wir konnten zeigen, dass das von uns eingesetzte Prognosemodell präzisere Prognosen erstellte, als dies durch vereinfachte Modelle der Fall gewesen wäre. Zusätzlich konnten wir herausarbeiten, dass unser Prognosemodell ähnlich präzise Vorhersagen lieferte, wie Prognosemodelle anderer Autoren und Autorinnen. Jedoch muss festgehalten werden, dass alle Prognosemodelle bestimmte Limitationen aufweisen; es wurde sehr deutlich, dass die Modelle von Goic et al.⁶, die von Olshen et al.⁷ sowie auch die von uns angewandten Modelle mit der Prognose von Trendwenden im Pandemieverlauf Schwierigkeiten hatten und in Zeiten abflachender Kurvenverläufe die Modelle den weiteren Verlauf über- bzw. unterschätzen.

Literatur

- 1 Ärzteblatt DÄG Redaktion Deutsches. COVID-19-Intensivpatienten: Kriterien für eine Verlegung innerhalb Deutschlands [Internet]. Deutsches Ärzteblatt. 2021 [zitiert 9. März 2022]. Verfügbar unter: <https://www.aerzteblatt.de/archiv/218898/COVID-19-Intensivpatienten-Kriterien-fuer-eine-Verlegung-innerhalb-Deutschlands>
- 2 Ärzteblatt DÄG Redaktion Deutsches. COVID-19-Pandemie: Regionale Steuerung der Patienten [Internet]. Deutsches Ärzteblatt. 2021 [zitiert 17. Mai 2021]. Verfügbar unter: <https://www.aerzteblatt.de/archiv/217457/COVID-19-Pandemie-Regionale-Steuerung-der-Patienten>
- 3 Grodd M, Refisch L, Lorenz F, Fischer M, Lottes M, Hackenberg M, u. a. Prognosemodelle zur Steuerung von intensivmedizinischen COVID-19-Kapazitäten in Deutschland. *Med Klin – Intensivmed Notfallmedizin* [Internet]. 10. März 2022 [zitiert 10. März 2022]; Verfügbar unter: <https://doi.org/10.1007/s00063-022-00903-x>
- 4 Refisch L, Lorenz F, Riedlinger T, Taubenböck H, Fischer M, Grabenhenrich L, u. a. Data-driven prediction of COVID-19 cases in Germany for decision making. *BMC Med Res Methodol*. 20. April 2022;22(1):116.
- 5 Hyndman RJ, Koehler AB. Another look at measures of forecast accuracy. *Int J Forecast*. 1. Oktober 2006;22(4):679–88.
- 6 Goic M, Bozanic-Leal MS, Badal M, Basso LJ. COVID-19: Short-term forecast of ICU beds in times of crisis. *PLOS ONE*. 13. Januar 2021;16(1):e0245272.
- 7 Olshen AB, Garcia A, Kapphahn KI, Weng Y, Vargo J, Pugliese JA, u. a. COVIDNearTerm: A simple method to forecast COVID-19 hospitalizations. *J Clin Transl Sci*. ed 2022;6(1):e59.

Autorinnen und Autoren

^{a)} Marlon Grodd | ^{b)} Pia Francesca Rissom |
^{b)} Matthäus Lottes | ^{a)} Lukas Refisch | ^{a)} Fabian Lorenz |
^{b)} Dr. Martina Fischer | ^{a)} Dr. Clemens Kreuz |
^{b)} Dr. Linus Grabenhenrich | ^{a)} Prof. Dr. Harald Binder |
^{a)} Prof. Dr. Martin Wolkewitz

^{a)} Institut für Medizinische Biometrie und Statistik,
Universitätsklinikum Freiburg, Deutschland

^{b)} Abteilung für Methodenentwicklung, Forschungs-
infrastruktur und Informationstechnologie,
Robert Koch-Institut, Berlin, Deutschland

Korrespondenz: martin.wolkewitz@uniklinik-freiburg.de

Vorgeschlagene Zitierweise

Grodd M, Rissom PF, Lottes M, Refisch L, Lorenz F,
Fischer M, Kreuz C, Grabenhenrich L, Binder H,
Wolkewitz M: Retrospektive Evaluation eines
Prognosemodells für die Bettenbelegung durch
COVID-19-Patienten und -Patientinnen auf deutschen
Intensivstationen

Epid Bull 2023;24:3-12 | DOI 10.25646/11515

Interessenkonflikt

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

Patientenrechte und Tierschutzbestimmungen

Dieser Beitrag beinhaltet keine Studien an Menschen
oder Tieren.

Finanzierung

Die Prognosemodellierung und -evaluierung erfolgte
im Rahmen des Forschungsprojektes „Steuerungs-
Prognose von intensivmedizinischen COVID-19-
Kapazitäten“ (SPoCK), welches durch das BMG
finanziert wurde. Die Arbeiten werden aktuell inner-
halb des ebenfalls vom BMG finanzierten Projekts
DIVI-Intensivregister weitergeführt.

Neues vom Journal of Health Monitoring

Kinder- und Jugendgesundheit – Beiträge zu aktuellen epidemiologischen Themen

In Ausgabe 2/23 des Journal of Health Monitoring werden neue epidemiologische Erkenntnisse zur Kinder- und Jugendgesundheit in Deutschland vorgestellt.

Das Editorial betont die Notwendigkeit einer kontinuierlichen Datenerhebung, um Trends zu erkennen, über gesundheitspolitische Maßnahmen zu informieren und den Erfolg von Interventionen zu messen.

Der erste Beitrag stellt ein Pilotprojekt vor, bei dem Daten von Schuleingangsuntersuchungen zur Messung der Adipositasprävalenz im frühen Kindesalter zusammengeführt werden, was regionale Analysen und Vergleiche ermöglicht.

Der zweite Artikel analysiert die Häufigkeit und Entwicklung von akuten Atemwegserkrankungen bei Kindern und Jugendlichen während der COVID-19-Pandemie.

Im dritten Beitrag wird anhand der KIDA Studie untersucht, ob die COVID-19-Pandemie zu geschlechterspezifischen Unterschieden bei ausgewählten Gesundheitsindikatoren von Jungen und Mädchen geführt hat. Zudem wird betont, dass es wichtig ist, diese Unterschiede bei Präventionsmaßnahmen zu berücksichtigen.

Im vierten Artikel wird die Versorgung von Kindern und Jugendlichen mit Typ-1-Diabetes in Deutschland untersucht. Im Fokus stehen dabei vor allem Trends sowie regionale Unterschiede.

Der letzte Beitrag nutzt Daten des Deutschen Kinderkrebsregisters (DKKR) und analysiert unter anderem den Forschungsstand zu Risikofaktoren von Krebserkrankungen von Kindern und Jugendlichen. Zudem weist der Beitrag auf Spätfolgen der Therapiemaßnahmen hin.

Die aktuelle Journal-Ausgabe kann über die RKI-Internetseiten www.rki.de/johm-2022 auf Deutsch sowie www.rki.de/johm-en-2022 auf Englisch kostenlos heruntergeladen werden.

Informationen über neue Ausgaben des *Journal of Health Monitoring* bietet der GBE-Newsletter, für den Sie sich unter www.rki.de/gbe-newsletter anmelden können.

Simone Stimm, JoHM-Redaktion
Robert Koch-Institut | Abteilung für Epidemiologie und Gesundheitsmonitoring
Korrespondenz: healthmonitoring@rki.de

Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten

23. Woche 2023 (Datenstand: 14. Juni 2023)

Ausgewählte gastrointestinale Infektionen

	Campylobacter-Enteritis			Salmonellose			EHEC-Enteritis			Norovirus-Gastroenteritis			Rotavirus-Gastroenteritis		
	2023		2022	2023		2022	2023		2022	2023		2022	2023		2022
	23.	1.–23.	1.–23.	23.	1.–23.	1.–23.	23.	1.–23.	1.–23.	23.	1.–23.	1.–23.	23.	1.–23.	1.–23.
Baden-Württemberg	30	1.012	1.387	11	238	321	2	93	71	35	2.132	1.847	17	720	953
Bayern	48	1.633	1.910	19	375	372	4	67	75	66	4.206	3.469	64	2.112	1.827
Berlin	20	570	728	11	123	123	1	43	21	30	1.997	1.062	47	584	920
Brandenburg	31	420	539	3	159	96	1	30	24	60	1.693	1.198	44	1.085	1.265
Bremen	7	85	100	2	14	18	0	2	3	2	186	91	4	102	77
Hamburg	5	294	423	2	79	55	0	19	7	0	913	457	10	495	607
Hessen	23	817	1.115	1	187	232	0	25	24	26	1.294	1.519	21	740	758
Mecklenburg-Vorpommern	20	279	374	3	99	42	0	11	18	13	1.385	813	50	719	489
Niedersachsen	39	1.015	1.189	23	313	217	7	146	71	40	2.635	1.774	85	1.454	701
Nordrhein-Westfalen	116	2.567	3.567	20	649	453	12	256	139	82	6.721	5.225	126	2.472	2.735
Rheinland-Pfalz	34	768	869	11	172	148	1	36	32	29	1.383	1.662	20	554	624
Saarland	9	228	293	1	27	41	0	9	5	4	382	334	32	214	145
Sachsen	81	980	1.398	19	215	230	1	62	52	73	2.765	2.779	74	1.833	2.246
Sachsen-Anhalt	17	287	497	7	129	138	1	35	22	31	1.590	1.774	38	1.318	595
Schleswig-Holstein	27	397	501	3	88	41	4	42	31	22	820	626	20	383	356
Thüringen	24	429	585	18	231	191	0	13	12	34	1.488	986	65	1.429	602
Deutschland	531	11.781	15.475	154	3.098	2.718	34	889	607	547	31.590	25.616	717	16.214	14.900

Ausgewählte Virushepatitiden und respiratorisch übertragene Krankheiten

	Hepatitis A			Hepatitis B			Hepatitis C			Tuberkulose			Influenza		
	2023		2022	2023		2022	2023		2022	2023		2022	2023		2022
	23.	1.–23.	1.–23.	23.	1.–23.	1.–23.	23.	1.–23.	1.–23.	23.	1.–23.	1.–23.	23.	1.–23.	1.–23.
Baden-Württemberg	0	37	37	28	1.205	985	26	643	473	8	250	232	17	6.996	1.195
Bayern	1	56	40	48	1.757	1.145	20	772	449	4	252	241	20	12.350	2.843
Berlin	0	27	18	19	560	409	9	246	157	4	172	176	3	2.591	858
Brandenburg	1	13	11	9	164	125	10	79	46	1	38	57	5	2.158	903
Bremen	0	1	2	9	172	83	1	68	30	3	25	35	0	186	82
Hamburg	0	4	5	22	403	248	11	207	74	2	91	73	13	1.719	556
Hessen	0	26	16	18	882	689	14	272	220	6	196	187	6	4.140	582
Mecklenburg-Vorpommern	0	5	7	2	96	63	2	55	26	2	28	20	5	1.171	1.162
Niedersachsen	1	32	18	23	649	404	10	405	231	5	164	137	10	3.620	748
Nordrhein-Westfalen	1	100	73	112	2.559	1.638	46	1.256	840	9	427	417	18	10.612	1.503
Rheinland-Pfalz	0	18	14	27	844	442	10	252	152	0	86	58	2	3.384	442
Saarland	0	5	4	7	199	69	1	86	19	0	20	12	0	492	147
Sachsen	1	17	6	10	258	182	6	137	114	0	49	67	13	4.280	4.063
Sachsen-Anhalt	0	12	7	9	146	84	4	91	44	4	42	38	4	1.738	1.038
Schleswig-Holstein	0	11	8	7	218	187	5	150	143	2	54	53	3	1.022	421
Thüringen	0	8	5	3	127	76	2	57	44	3	45	18	3	1.580	423
Deutschland	5	372	271	353	10.239	6.829	177	4.776	3.062	53	1.939	1.821	122	58.039	16.966

Ausgewählte impfpräventable Krankheiten

	Masern			Mumps			Röteln			Keuchhusten			Windpocken		
	2023		2022	2023		2022	2023		2022	2023		2022	2023		2022
	23.	1.–23.	1.–23.	23.	1.–23.	1.–23.	23.	1.–23.	1.–23.	23.	1.–23.	1.–23.	23.	1.–23.	1.–23.
Baden-Württemberg	0	1	1	1	20	7	0	0	0	1	107	39	29	1.595	775
Bayern	0	5	3	1	24	8	0	0	1	3	393	134	64	2.285	963
Berlin	0	5	2	1	8	5	0	1	0	3	45	7	23	407	177
Brandenburg	0	0	1	0	4	2	0	1	0	0	110	21	13	246	104
Bremen	0	0	0	0	2	2	0	0	0	0	2	0	4	38	60
Hamburg	0	2	0	0	6	1	0	0	0	0	43	8	18	214	75
Hessen	0	1	1	0	7	7	0	0	0	2	51	36	25	426	215
Mecklenburg-Vorpommern	0	0	0	0	2	1	0	0	0	6	78	5	10	81	44
Niedersachsen	0	3	0	3	11	8	0	0	0	1	60	12	36	634	287
Nordrhein-Westfalen	0	3	0	1	34	8	0	0	0	2	167	46	51	1.396	763
Rheinland-Pfalz	0	0	0	0	10	1	0	0	0	3	72	23	6	202	133
Saarland	0	0	0	0	5	0	0	0	0	1	14	10	3	37	11
Sachsen	0	0	0	1	4	5	0	0	0	0	61	15	38	964	291
Sachsen-Anhalt	0	0	0	0	2	4	0	0	0	1	123	13	5	88	41
Schleswig-Holstein	0	1	1	0	3	5	0	0	0	0	31	6	6	261	67
Thüringen	0	0	0	0	4	2	0	0	0	4	279	39	9	225	69
Deutschland	0	21	9	8	146	66	0	2	1	27	1.636	414	340	9.099	4.075

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

	<i>Acinetobacter</i> ¹			Enterobacterales ¹			<i>Clostridioides difficile</i> ²			MRSA ³			COVID-19 ⁴		
	2023		2022	2023		2022	2023		2022	2023		2022	2023		2022
	23.	1.–23.	1.–23.	23.	1.–23.	1.–23.	23.	1.–23.	1.–23.	23.	1.–23.	1.–23.	23.	1.–23.	1.–23.
Baden-Württemberg	0	28	18	8	262	176	2	50	28	1	25	34	198	106.891	2.704.024
Bayern	0	44	41	11	361	240	1	92	74	1	63	50	251	154.676	3.632.036
Berlin	2	32	37	6	229	219	0	20	14	2	23	23	145	36.876	729.990
Brandenburg	0	12	16	3	108	58	2	33	20	0	17	16	86	26.918	554.344
Bremen	0	0	3	2	14	15	0	2	4	0	2	7	3	8.746	153.612
Hamburg	0	11	11	6	140	51	1	9	9	2	12	8	77	14.769	455.997
Hessen	0	15	33	14	337	274	0	26	38	1	37	23	201	89.964	1.426.148
Mecklenburg-Vorpommern	0	2	2	3	39	13	3	33	28	0	11	16	73	18.867	391.764
Niedersachsen	1	13	18	8	207	163	3	66	44	2	55	53	282	125.979	2.008.050
Nordrhein-Westfalen	2	63	59	30	759	546	8	197	163	3	144	146	443	285.568	4.029.548
Rheinland-Pfalz	0	5	23	3	101	72	1	30	36	0	14	7	81	57.376	904.463
Saarland	0	0	0	1	18	7	0	5	2	0	4	4	34	16.541	245.486
Sachsen	1	7	12	2	117	107	0	43	64	1	42	29	139	34.201	866.434
Sachsen-Anhalt	0	6	2	0	48	56	2	36	37	1	21	24	74	21.194	498.847
Schleswig-Holstein	1	20	4	4	70	43	1	19	6	2	24	8	161	25.436	643.497
Thüringen	0	2	4	4	39	12	0	12	11	2	19	17	66	15.368	422.658
Deutschland	7	260	283	105	2.849	2.052	24	673	578	18	513	465	2.314	1.039.370	19.666.898

1 Infektion und Kolonisation

(Acinetobacter spp. mit Nachweis einer Carbapenemase-Determinante oder mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen)2 *Clostridioides-difficile*-Erkrankung, schwere Verlaufsform3 Methicillin-resistenter *Staphylococcus aureus*, invasive Infektion

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

Weitere ausgewählte meldepflichtige Infektionskrankheiten

Krankheit	2023		2022
	23.	1.–23.	1.–23.
Adenovirus-Konjunktivitis	11	595	77
Botulismus	0	32	1
Brucellose	0	13	14
Chikungunyavirus-Erkrankung	0	18	4
Creutzfeldt-Jakob-Krankheit	0	47	46
Denguefieber	14	236	80
Diphtherie	0	32	15
Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME)	0	58	89
Giardiasis	28	969	626
<i>Haemophilus influenzae</i> , invasive Infektion	0	910	305
Hantavirus-Erkrankung	10	68	35
Hepatitis D	0	20	43
Hepatitis E	69	2.156	1.580
Hämolytisch-urämisches Syndrom (HUS)	3	26	20
Kryptosporidiose	14	516	710
Legionellose	39	567	437
Lepra	0	0	0
Leptospirose	0	54	50
Listeriose	10	239	271
Meningokokken, invasive Erkrankung	6	127	38
Ornithose	0	5	6
Paratyphus	0	5	8
Q-Fieber	2	33	27
Shigellose	10	220	104
Trichinellose	0	0	0
Tularämie	0	26	24
Typhus abdominalis	1	39	18
Yersiniose	22	873	879
Zikavirus-Erkrankung	0	6	2

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).