

## Forschung



Diesen Artikel zitieren: Rockenfeller R, Günther M, Mörl

F. 2023 Meldungen über Todesfälle sind

übertrieben: Gesamt mortalität und NAA-Test-bedingte

Mortalität in Deutschland während der SARS-CoV-2-Ära.

R. Soc. Öffnen Sie Sci. 10: 221551.

<https://doi.org/10.1098/rsos.221551>

Eingegangen: 8. Dezember 2022

Angenommen: 10. Juli 2023

Themenkategorie:

Mathematik

Themenbereiche:

Gesundheit und Krankheit und Epidemiologie

Schlüsselwörter: Übersterblichkeit, Alterskohorten, Prognosemodell

Autor der Korrespondenz: R.

Rockenfeller

E-Mail: [rockenfeller@uni-koblenz.de](mailto:rockenfeller@uni-koblenz.de)

Elektronisches Zusatzmaterial ist online unter  
<https://doi.org/10.6084/m9.figshare.c.6742241>.

## Berichte über Todesfälle

# sind übertrieben: alle Ursachen und NAA-testbedingte

## Mortalität in Deutschland während der SARS-CoV-2-Ära

R. Rockenfeller<sup>1</sup>, M. Günther<sup>2,3</sup> und F. Mörl<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Mathematical Institute, University of Koblenz, Koblenz, Germany

<sup>2</sup>Computergestützte Biophysik und Biorobotik, Institut für Modellierung und Simulation von Biomechanische Systeme, Universität Stuttgart, Stuttgart, Deutschland

<sup>3</sup>Friedrich-Schiller-Universität, Jena, Germany

<sup>4</sup>Forschungsgesellschaft für Angewandte Systemsicherheit und Arbeitsmedizin mbH, AG Biomechanik and Ergonomie, Erfurt, Germany

RR, 0000-0002-2856-5025; MG, 0000-0002-5729-1190;  
UKW, 0000-0002-7185-2396

Die Zahl der Todesfälle im Zusammenhang mit SARS-CoV-2 ist eine Schlüsselzahl zur Rechtfertigung schwerwiegender politischer, sozialer und wirtschaftlicher Maßnahmen, die von Behörden weltweit verhängt wurden. Ein besonderer Schwerpunkt lag dabei auf der begleitenden Übersterblichkeit (EM), also Todesfällen, die über der erwarteten Gesamt mortalität (AM) liegen. Aktuelle Studien, unter anderem von der WHO, schätzten die SARS-CoV-2-bedingte EM in Deutschland zwischen 2020 und 2021 auf bis zu 200.000. In dieser Studie versuchen wir, diese Zahlen zu hinterfragen, indem wir sie in den Kontext der deutschen AM stellen seit dem Jahr 2000. Wir schlagen zwei einfache, alterskohortenabhängige Modelle vor, um die deutsche AM für die Jahre der „Corona-Pandemie“ sowie die entsprechenden Grippesaisons aus historischen Daten abzuschätzen. Für Deutschland stellen wir für das Jahr 2020 eine insgesamt negative EM von etwa  $\hat{y}$ 18.500 Personen und für 2021 eine geringfügig positive EM von etwa 7.000 fest, was zeigt, dass die offiziell gemeldeten EM-Zahlen übertrieben sind. Im Jahr 2022 liegt die EM-Zahl bei etwa 41.200. Darüber hinaus können wir auf der Grundlage der NAA-Test-positiven Todeszahlen abschätzen, wie viele Deutsche eher an CoViD-19 als an CoViD-19 gestorben sind; eine Analyse, die nicht von der zuständigen Behörde, dem RKI, bereitgestellt wurde.

Für die Jahre 2020 und 2021 zusammengenommen liegt unsere erwartete Schätzung bei nicht mehr als 59.500. Unterschiedliche NAA-Teststrategien haben SARS-CoV-2-bedingte EM stark verschleiert, insbesondere im zweiten Jahr der ausgerufenen Pandemie. Wir haben Änderungen in den Teststrategien kompensiert, indem wir davon ausgegangen sind, dass die alterskohortenspezifischen NAA-bedingten Sterblichkeitsraten während des ersten Pandemiejahres SARS-CoV-2-charakteristische Konstanten widerspiegeln.

# 1. Einleitung

Eine Sterblichkeitsrate ist die Anzahl (Anzahl), wie viele Menschen in einem bestimmten Land innerhalb eines bestimmten Zeitraums gestorben sind, normiert auf die Gesamtzahl der Einwohner (Bevölkerungsgröße). Die Zählungen können beispielsweise auch nur innerhalb von Alterskohorten erfolgen und die entsprechenden Raten werden dann in der Regel auf die Kohortengröße normiert. Wenn bei den Zählungen kein Todesfall vorliegt, wird die Gesamtmortalität (AM) erfasst. Das Gleichgewicht zwischen Gesamtsterblichkeitsrate (AMR) und Geburtenrate bestimmt, ob es insgesamt zu einem Bevölkerungswachstum oder -verlust kommt. Die weltweit gebräuchlichste und am weitesten verbreitete Methode zur Dokumentation einer Gesamtmortalitätszahl (AMC) und einer AMR durch eine staatliche Behörde ist die jährliche Berichterstattung. Abhängig von der geografischen, klimatischen und sozioökonomischen Situation unterscheiden sich die AMRs zwischen den Ländern [1]. In Europa und in den USA beispielsweise liegen die jährlichen AMR-Werte bei etwas mehr als einem Prozent pro Jahr. Es überrascht nicht, dass die AMRs in europäischen und nordamerikanischen Gesellschaften hauptsächlich durch die hohe Wahrscheinlichkeit des Todes der Ältesten bestimmt werden [2]. Die weltweite AMR ist in den letzten hundert Jahren allgemein zurückgegangen (z. B. [3–6]).

Vom 19. Jahrhundert bis heute wurde die Zahl der Todesfälle aufgrund von Infektionskrankheiten in entwickelteren Ländern dokumentiert. Infektionskrankheiten haben einen spürbaren Einfluss auf die Sterblichkeit. In Spanien beispielsweise machte die Mortalität im Zusammenhang mit Infektionskrankheiten von 1980 bis 2011 fast 15 % der AM aus [7], auch wenn dieser Prozentsatz in diesem Zeitraum zurückging. Als weiteres Beispiel dokumentieren Daten von Friedhöfen eine Cholera-Epidemie in Brasilien von 1855 bis 1856, die bei Sklaven bis zu 70 % mehr Todesfälle als bei freien Menschen zur Folge hatte, während die krankheitsspezifische Sterblichkeitsrate identisch war [8]. Darüber hinaus zeigten Menschen unterschiedlicher Herkunft unterschiedliche Sterblichkeitsraten.

Die Grippepandemie zwischen 1918 und 1921 erhöhte die Sterblichkeit sowohl in europäischen Ländern [9] als auch in Arizona [10] deutlich. In diesem Zeitraum kam es innerhalb weniger Wochen zu einer erhöhten Sterblichkeit, und vor allem Menschen im Alter zwischen 20 und 50 Jahren waren von dieser Grippepandemie betroffen. In Estland konnte nach dem Jahr 1989 ein sozioökonomisches Phänomen festgestellt werden, bei dem die Sterblichkeit bei gering gebildeten Personen anstieg, während bei gut gebildeten Personen eine konstante Sterblichkeit auftrat [11]. Am Beispiel der Cholera-Epidemie 2010–2011 in Haiti [12] für die Dynamik von Infektionskrankheiten stieg die AMR innerhalb von zehn Wochen um etwa das Dreifache; Danach sank der AMR auf niedrigere Werte als üblich. Die krankheitsbedingten Sterblichkeitsraten unterschieden sich regional.

Zusammenfassend lässt sich ein typisches epidemisches Sterblichkeitsmuster beobachten: Zunächst steigt die Sterblichkeit innerhalb weniger Wochen um das bis zu Zehnfache an; Nach diesem Zeitraum ist die Sterblichkeit in der Regel mehrere Wochen lang unterdurchschnittlich. Berücksichtigt man die Sterblichkeit über ein ganzes Jahr hinweg in Extremsituationen wie der Grippepandemie vor hundert Jahren, kann die jährliche AMR bis zu zwei Drittel [9,10] über den regulären Werten liegen (eine jährliche Überschreitung von 66 %). In der Regel wird die Gesamtmortalität und die Gesamaltersmortalität jedoch von spezifischen Krankheitssensitivitäten einiger Kohorten innerhalb der Bevölkerung dominiert, bei denen es sich um alte Menschen oder Personen mit bestimmten (Gesundheits-)Beschwerden handeln kann [2,10]. Darüber hinaus können sozioökonomische Faktoren einen starken längerfristigen Einfluss auf die Sterblichkeitsraten haben [11].

Als sie im März 2020 eine SARS-CoV-2-Pandemie in Europa ausriefen, argumentierten die führenden Politiker fast aller nord-, mittel-, west- und südeuropäischen Länder in gleicher Weise, nämlich dass CoViD-19 (oder „C19“) vermutlich töten würde mehr Leute als sonst. Mit anderen Worten: Es war mit einem deutlichen Anstieg der Sterblichkeit zu rechnen. Noch Ende Mai 2021 [13] wiesen deutsche Medien und Regierungsvertreter unisono auf wöchentlich 1300 Todesfälle im Zusammenhang mit C19 hin. Dies wäre in der Tat eine Übersterblichkeit (EM) von 7 % in Deutschland gewesen, wenn man bedenkt, dass in der Kalenderwoche 19 des Jahres 2021 (10.–16. Mai) insgesamt 18.534 (mit 95 %-KI [16.811; 20.258]) gestorben sind Gemäß unseren (exponentiellen) modellbasierten AM-Berechnungen in Abschnitt 2.3 unten in diesem Dokument waren Todesfälle pro Woche der regelmäßig zu erwartende AM-Hintergrund.

Die Summierung der täglichen AMCs gemäß den vom Statistischen Bundesamt (Destatis) [14] erhobenen Daten ergab jedoch, dass genau 18.579 Personen in dieser Kalenderwoche (19) kurz vor dem oben genannten Ereignis in Deutschland gestorben waren Pressekonferenz. So ist die „erschreckend hohe Zahl“ von 1300 „C19-Todesfällen“, die sowohl vom deutschen Gesundheitsminister als auch vom Leiter des Robert-Koch-Instituts (RKI; Deutsches Zentrum für Seuchenbekämpfung) mit großem Medienecho verkündet wurde, Innerhalb einer Woche kam es zu einem Anstieg der Sterblichkeit, der den Erwartungen vollkommen entsprach. In Deutschland passierte also epidemiologisch einfach und genau nichts Außergewöhnliches, es spielte sich überhaupt nichts von einem tödlichen Epidemieszenario ab. Auf jeden Fall haben wir uns bereits in den frühesten „Pandemie“-Tagen und heutzutage noch viel mehr gefragt, woher die überwiegende Mehrheit der Medien im Einklang mit den Behörden und ihren wissenschaftlichen Beratern so viele Zahlen hat. Genauer gesagt fragten wir uns, warum die deutschen Behörden sich weigerten, der Öffentlichkeit einen Kontext zur Verfügung zu stellen, um das Aufdringliche beurteilen zu können

proklamierte Zahl der Todesfälle im Zusammenhang mit SARS-CoV-2 (C19). Der Gemeinsamkeit halber sahen diese Zahlen wie (signifikante) EM aus.

Im März 2022 veröffentlichte die Weltgesundheitsorganisation (WHO) eine Aktualisierung der SARS-CoV-2-bedingten („mit COVID-19 assoziierten“) EM in Deutschland in den Jahren 2020 und 2021 mit einer Gesamtzahl von 194.988 über 2 Jahre (siehe [15]). Sie hatten diese Zahlen mithilfe eines Bayes'schen Stichprobenmodells mit Spline-basierter saisonaler Variation berechnet [16,17]. Dabei wurde sogar behauptet, dass die von den deutschen Behörden gezählten C19-Todesfälle die tatsächliche EM unterschätzten. Später führten zwei von der WHO befürwortete Modellaktualisierungen [15,18] zu einer Reduzierung auf eine Zweijahres-Gesamtzahl von 122.000 zusätzlichen Todesfällen, also nahe an den C19-Todeszahlen der deutschen Behörden. Der aktuell verfügbare WHO-Datensatz [19] enthält jedoch mittlerweile die Überschreitungszahl von 101.505 [19], die sogar unter den vom RKI behaupteten [20] 115.537 C19-Todesfällen liegt und in keinem der oben genannten von der WHO unterstützten Fälle vorkommt Veröffentlichungen.

Da wir für die Analyse nur solche Daten verwenden, die von den deutschen Behörden selbst veröffentlicht wurden, zielen wir in dieser Studie nun darauf ab, Schätzungen sowohl der Gesamt mortalität als auch der SARS-CoV-2-bedingten Mortalität, einschließlich der Überschreitungen in beiden Fällen, zur Verfügung zu stellen, um sie schließlich zur Verfügung zu stellen eine fundierte, fundierte und verlässliche Abschlussbewertung der epidemiologischen Auswirkungen von C19 in Deutschland zwischen 2020 und 2022.

Insbesondere liefern wir bisher fehlenden Kontext für SARS-CoV-2-bedingte Sterblichkeitszahlen, sowohl jährlich als auch grippe-saisonal. Kurz gesagt schlagen wir vor, in jeder Alterskohorte separat eine SARS-CoV-2-bedingte Überschreitungszahl (aufgrund von C19) zu berechnen, indem wir die erwartete Gesamtursachenschätzung der Kohorte von allen SARS-CoV-2-bedingten (mit) subtrahieren C19) Todesfälle darin gezählt.

## 2. Methoden

### 2.1. Terminologie und mathematische Symbole

Wir beginnen unsere Überlegungen mit einer Zusammenfassung der verwendeten Terminologie und einigen Erläuterungen, die auch Abkürzungen sowie eingeführte mathematische Symbole umfassen.

Ein „Fall“ einer SARS-CoV-2-Infektion wird gemäß gesetzlicher Definition in Deutschland wie weltweit häufig dadurch angezeigt, dass eine Person mithilfe eines Nukleinsäureamplifikationstests (NAA-Tests) [21] positiv getestet wird, der auf Sputum angewendet wird, das der Person entnommen wurde Rachen oder Flüssigkeit aus dem Nasopharynx. Nach unserem Kenntnisstand handelt es sich bei einem NAA-Test in Deutschland zumeist um eine im Labor durchgeführte PCR [22] und nur in seltenen Fällen um einen sogenannten „Point-of-Care“ (PoC)-Test. Obwohl es starke Hinweise darauf gibt, dass ein PCR-Test überhaupt nicht auf eine Infektion hindeutet (z. B. [23]), liegt dies im Wesentlichen daran, dass ein NAA-Test auf Virusmaterial in der Schleimhaut prüft und nicht auf Indikatoren für Reaktionen durch das Immunsystem [24–26]. Die deutschen Behörden, wie die meisten Behörden weltweit, bringen jedoch einen Todesfall mit SARS-CoV-2 in Verbindung, wenn der Verstorbene ein so positives NAA-Testergebnis erhalten hätte und (vermutlich, da Kriterien zumindest in Deutschland nicht transparent an die Öffentlichkeit kommuniziert werden.) hatte vor seinem Tod einige klinische Symptome von C19 gezeigt. Wir verwenden den Begriff C19-Tod als Abkürzung für einen solchen vermeintlich SARS-CoV-2-bedingten, NAA-Test-bedingten (C19) Tod.

In der folgenden kurzen Übersicht stellen wir alle wesentlichen Abkürzungen vor, trotz einiger Verdopplungen bei der Einleitung:

- AM steht für „Gesamt mortalität“, also Todesfälle, die aus irgendeinem Grund eintreten.
- AMC für eine „AM-Zählung“, d. h. die Summe der registrierten Fälle von Verstorbenen innerhalb eines bestimmten Zeitintervalls (d. h. pro Zeiteinheit), sei es ein Tag, eine Woche, ein Jahr oder eine Jahreszeit; mathematisches Symbol für jeden AMC: DAM oder, wenn es sich auf eine bestimmte Kohorte bezieht, DAM,coh.
- AMR für „AM-Rate“, dh das Verhältnis eines AMC innerhalb einer Gruppe (z. B. Alterskohorte oder spezifische Bevölkerung) zur Summe aller Gruppenmitglieder (z. B. Kohortengröße Ncoh oder Einwohnerzahl Npop) ; mathematisches Symbol für jedes AMR: rAM := DAM/Npop. Wenn der AMR eines bestimmten Zeitintervalls (z. B. Grippe-saisonal; rAM,f) auf einen AMR für ein ganzes Jahr skaliert wird, ist er mit einem Sternchen gekennzeichnet (z. B. r AM,f).
- PF für „durch einen positiven NAA-Test bedingte Todesfälle“, dh Todesfälle, bei denen die verstorbenen Personen einige Zeit vor ihrem Tod ein positives NAA-Testergebnis erhalten haben; im Folgenden wird „positiv-NAA-test-bedingt“ weiter zu „NAA-bedingt“ verkürzt.
- PFC für eine „PF-Anzahl“, d. h. die Summe der registrierten Fälle von NAA-bedingt verstorbenen Personen innerhalb eines gegebenen Zeitintervall; mathematisches Symbol für jeden PFC: DPF.
- PFR für „PF-Rate“, dh das Verhältnis eines PFC innerhalb einer Gruppe (z. B. Alterskohorte oder spezifische Bevölkerung) zur Summe aller Gruppenmitglieder (z. B. NAApos); mathematisches Symbol für jeden PFR: rPF := DPF/NAApos.
- EM für „Übersterblichkeit“, d. h. die darüber hinaus beobachtete Sterblichkeit (sei es eine Gesamtursache oder eine bedingte Sterblichkeit). erwartete Mortalität (normalerweise, wie in dieser Studie, AM).

- EMC für „EM count“, d. h. die Differenz zwischen einer beobachteten Mortalitätszahl (in dieser Studie AMC oder PFC) und der erwarteten AMC.
- SMR für „standardisierte Sterblichkeitsrate“, d. h. das Verhältnis zwischen einer beobachteten Sterblichkeitszahl (in dieser Studie PFC) und der erwarteten (normalerweise, wie in dieser Studie, AMC); mathematisches Symbol für die SMR von NAA-positiven Personen:  $\hat{y}PF = DPF/DAM/PF$ , wobei DAM|PF die Anzahl der erwarteten Gesamttodesfälle unter den Gruppenmitgliedern ist.
- Das mathematische Symbol  $n_{tp}$  stellt die Anzahl der NAA-Tests pro Person in einem bestimmten Zeitintervall dar.

## 2.2. Eingesehene Datensätze

Hier finden Sie eine kurze Zusammenfassung der deutschen Datenquellen, auf denen wir die vorliegende Analyse und Modellentwicklung basieren:

- Früher (2000–2015) wurden tägliche und wöchentliche Gesamttodeszahlen (aufgeschlüsselt nach Alterskohorten) erfasst von der Destatis-Webseite unter [27].
- Später (2016–2023) wurden tägliche und wöchentliche Gesamttodeszahlen (aufgeschlüsselt nach Alterskohorten) erfasst von der Destatis-Webseite unter [14].
- Die wöchentlichen C19-Todeszahlen (aufgeschlüsselt nach Alterskohorten) wurden der RKI-Webseite unter [20] entnommen.
- Die Zählungen der wöchentlichen SARS-CoV-2-„Fälle“ (d. h. die Zahl der positiven NAA-Tests, aufgeschlüsselt nach Alterskohorten; für Personenzahlen beziehen wir uns auf §2.5 und Anhang A) wurden der RKI-Webseite unter [28] entnommen.
- Die demografische (Alterskohorten-)Verteilung bis 2020 (basierend auf der Volkszählung 2011) und ihre voraussichtliche Verteilung darüber hinaus (basierend auf dem plausibelsten Szenario, der Standardmodellvariante V1) wurden der Destatis-Webseite unter [29] entnommen.
- Die geschätzten Zahlen der saisonalen Grippetodesfälle wurden dem Influenzabericht 2018 des RKI entnommen [30].

Um alle oben genannten Datensätze vergleichbar zu machen, wurde die wöchentliche Zeitauflösung als Standard sowohl für die Zahl der Todesfälle als auch für mutmaßliche SARS-CoV-2-„Fälle“ (tatsächlich die Zahl der NAA-positiven Personen) und somit für die Quantifizierung von AMCs und PFCs (d. h. Zählungen pro Woche). Um spezifische Vergleiche oder Aussagen zu ermöglichen, wurden die Daten gelegentlich auf Jahreswerte kontrahiert, und um einige subtile Modellierungsprobleme anzugehen und zu lösen, griffen wir manchmal auf die tägliche Auflösung zurück, auf die dann explizit hingewiesen wird. Die Alterskohorten wurden nach Einheitsjahr in acht Gruppen eingeteilt: 0–29, 30–39, 40–49, 50–59, 60–69, 70–79, 80–89, 90+. Diese Gruppierung stellt die beste gemeinsame Auflösung der oben genannten Datensätze dar.

Beachten Sie, dass es einen Unterschied macht, ob die Sterbefälle wöchentlich oder täglich von Destatis gemeldet werden. Nach einem ISO-Standard [31] besteht ein deutsches statistisches Jahr entweder aus 52 Wochen (d. h. es werden nur 364 Tage berücksichtigt) oder aus 53 Wochen (371 Tagen), was sich gut in den täglichen Sterbefallzahlen widerspiegelt (schwarze Punkte in Abbildung 4). und 5) von den wöchentlichen abweichen (orangefarbene Quadrate in den Abbildungen 4 und 5). Dementsprechend zeigen die wöchentlichen Zählungen alle 5 oder 6 Jahre, wenn ein 371-Tage-Jahr in die offizielle statistische Datendarstellung eingefügt wird, ein Sprungartefakt: Im Vergleich zu einem regulären Kalenderjahr mit 365 Tagen (oder 366 in einem Schaltjahr) Die fehlenden 1-Tages-Beiträge (derzeit in Deutschland: ca. 2800 Todesopfer) der vorangegangenen statistischen 364-Tage-Jahre fallen aufgrund der Summierung über 7 Tage häufiger auf als in den Jahren zuvor.

## 2.3. Zwei Modelle zur Berechnung der erwarteten AMCs und damit EMCs für ganze Jahre und Grippesaisons

Betrachtet man die Zeitverläufe der alterskohortenspezifischen wöchentlichen AMR-Werte  $r_{AM,coh} = DAM,coh/N_{coh}$  während der 20 Jahre von 2000 bis 2019 (Abbildung 1), sehen wir, dass sie alle tendenziell abnehmend waren, Balkenschwankungen im beobachteten Daten von Anfang der 2000er Jahre bis etwa 2014, von da an scheinen sie sich auf nahezu konstante Werte zu sättigen. In unserer vorliegenden Analyse haben wir uns auf die Schätzung der erwarteten jährlichen AMC-Werte (Abbildung 2a, 52 Kalenderwochen, also 364 Tage) sowie grippe-saisonaler Werte (Abbildung 2c, 33 Kalenderwochen von Woche 40 bis zur nächsten 20) beschränkt [30]. also 231 Tage). Für alle diese geschätzten jährlichen (Abbildung 2a) und grippe-saisonalen (Abbildung 2c) AM-Datenpunkte geben wir die 90 %-Konfidenzintervalle (CIs:  $\pm 1,645$  sd) an, die die Schwankungen in den wöchentlich beobachteten Daten berücksichtigen (Abbildung 1). ).

Hier schlagen wir zwei einfache AMC-Modelle zur Schätzung erwarteter (regelmäßiger) AMC-Werte in Deutschland vor, im Allgemeinen für einen beliebigen Zeitraum innerhalb eines Jahres. Tatsächlich besteht jedes erwartete AMC-Modell einfach aus

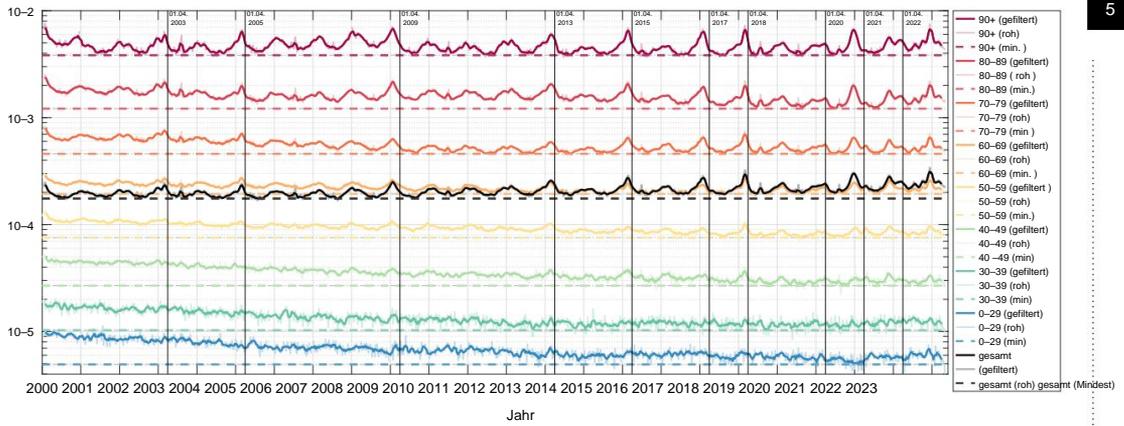


Abbildung 1. Wöchentliche deutsche AMR-Zeitverläufe zwischen 2000 und 2022. Farben repräsentieren unterschiedliche alterskohortenspezifische sowie gesamte (schwarze) AMRs. Beachten Sie, dass die Rohdaten (gepunktete Linien) hier zur besseren Darstellung durch einen gleitenden Durchschnittsfilter mit einer Breite von fünf Wochen geglättet wurden (durchgezogene Linien). Das absolute Minimum für jede (gefilterte) wöchentliche Kohorten-AMR wird durch eine horizontale farbige gestrichelte Linie angezeigt, um zeitliche Trends besser beobachten zu können (Abbildung 4 und 5). Vertikale durchgezogene Linien befinden sich am 1. April, also am ungefähren Ende wichtiger Grippezeiten, also für 2003, 2005, 2009, 2013, 2015, 2017, 2018, 2020, 2021 und 2022; vgl. Tabelle 2.

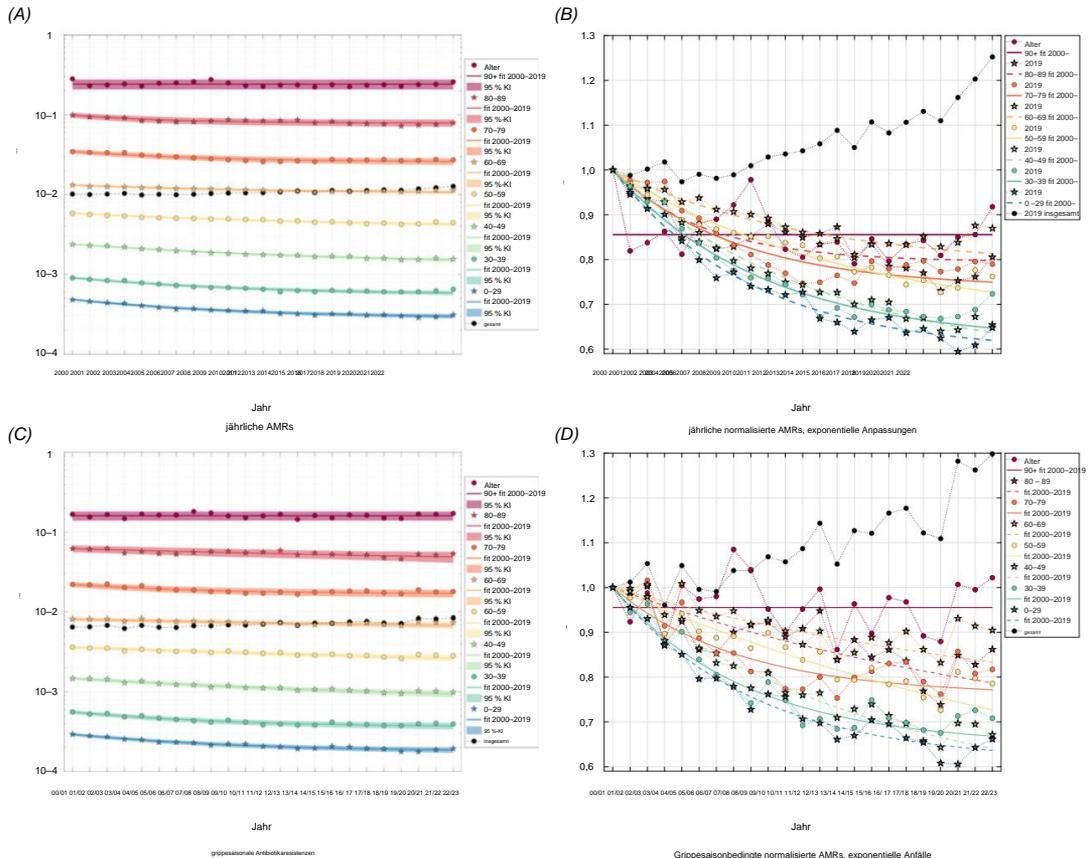


Abbildung 2. Deutsche jährliche (oben) und grippezeitbedingte Antibiotikaresistenz (unten) pro Alterskohorte von 2000–2021 bzw. 2000/01–2021/22. Das linke Feld enthält die absoluten AMR-Werte zusammen mit exponentiell angepassten CIs; im rechten Bereich sind zur besseren Darstellung alle AMR-Werte zusammen mit der exponentiellen Punktschätzung auf den Referenzwert des Jahres 2000 (Saison 00/01) normiert. Einzelheiten zu den Parameterwerten finden Sie in Anhang B. (a) Jährliche AMRs. (b) Jährliche normalisierte AMRs, exponentielle Anpassungen. (c) grippezeitbedingte Antibiotikaresistenzen. (d) Grippezeitbedingte normalisierte AMRs, exponentielle Anpassungen.

des Satzes der AMR-Funktionen aller Kohorten, die nur von den beobachteten (wöchentlichen, wenn nicht täglichen) AMCs der Kohorten im ausgewählten Zeitintervall innerhalb eines Jahres, den Kohortengrößen  $N_{coh}$  und dem für die Anpassung gewählten Zeitraum (hier die) abhängen Jahre 2000–2019). Im ersten, einfacheren AMR-Modell (als „Konstante“ bezeichnet) ist der erwartete AMR-Wert jeder Kohorte eine Konstante, der Mittelwert über 6 Jahre (2014–2019, siehe unten). In dieser Sekunde,

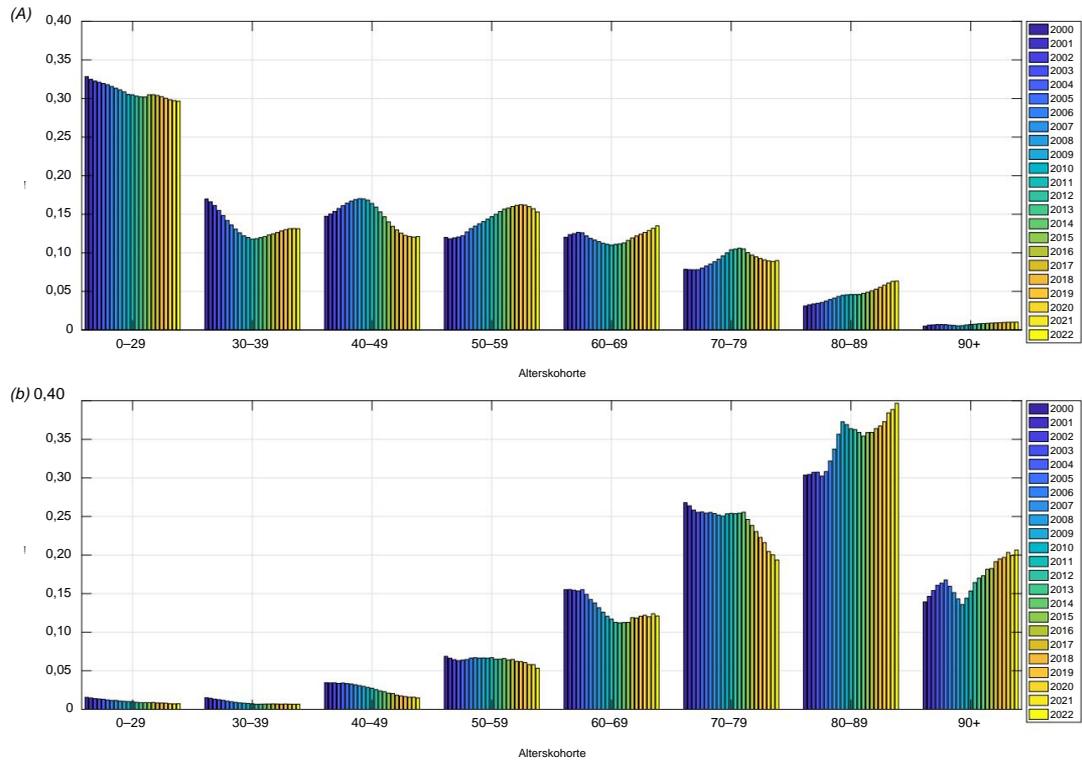


Abbildung 3. Demografische Verteilung der relativen Anteile (in Prozent) der Alterskohorten (a) und Sterbefälle (b) in der deutschen Bevölkerung zwischen den Jahren 2000 und 2022. Im Jahr 2022 betrug die offiziell angegebene Zahl der deutschen Einwohner etwa  $N_{pop} = 84$  Millionen [32].

Beim etwas ausgefeilteren AMR-Modell (als „exponentiell“ bezeichnet) wurde angenommen, dass die erwartete AMR jeder Kohorte mit der Zeit einem exponentiellen Verlauf folgt. Die Funktionsparameter werden berechnet, indem von dieser AMR-Funktion verlangt wird, dass sie über den gewählten Zeitraum am besten zum beobachteten (zeitlichen) Verlauf der AMR-Datenpunkte passt, von denen jeder ein arithmetischer Mittelwert über das ausgewählte Intervall innerhalb eines Jahres (hier entweder das Jahr selbst) ist oder eine Grippezeitraum). Die AMR-Funktionen können verwendet werden (i) um potenziell fehlende AMR-Datenpunkte innerhalb des Anpassungszeitraums zu interpolieren (zu schätzen), (ii) um erwartete AMR-Werte (und damit AMC-Werte) an jedem Datenpunkt innerhalb des gewählten Anpassungszeitraums zu schätzen oder (iii) um erwartete AMR- (und damit AMC-)Datenpunkte für Zeiten nach 2019 zu extrapolieren (prognostizieren), wobei die beiden letztgenannten die Modellanwendungen in dieser Studie sind.

Im einfacheren, „konstanten“ Modell nutzen wir die oben erwähnte Sättigung des deutschen AMR zwischen 2014 und 2019, um einen mittleren jährlichen AMR-Wert für jede Kohorte zu berechnen. Wir tun dies, indem wir eine konstante Funktion im Sinne der kleinsten Quadrate an die sechs Datenpunkte anpassen, die von der Anpassungsroutine der „Curve Fitting Toolbox“ in MatLab (Version R2022b) bereitgestellt werden. Mithilfe der Predict-Routine berechnen wir außerdem ein 90 %-KI für die AMR in jeder Alterskohorte. Damit prognostizieren wir die erwarteten gesamten deutschen AMCs für die Jahre 2020–2022, indem wir eine gewichtete Summe der erhaltenen (zeitkonstanten) AMR-Werte (und Intervalle) berechnen, wobei die Größe  $N_{coh}$  jeder Kohorte aus den beobachteten (zeitabhängigen) demografische Verteilung im Prognosejahr. Beachten Sie, dass der Gesamt-CI-Radius gemäß dem Varianzsummensatz durch Ziehen der Quadratwurzel aus der Summe der quadrierten gewichteten Alterskohorten-CI-Radien ermittelt wird. Dementsprechend ist im konstanten Modell für die erwartete AM der Verlauf der AMC der Gesamtbevölkerung sowohl über den Anpassungs- als auch über den Prognosezeitraum ausschließlich auf zeitliche Verschiebungen der demografischen Verteilung zurückzuführen (Abbildung 3). Diese Methode ist vergleichbar mit den Berechnungen von Destatis, bei denen die wöchentlichen AMR-Mediane der vier vorangegangenen Jahre in jeder Alterskohorte mit der Bevölkerung in jeder Kohorte des aktuellen Jahres gewichtet werden [33].

Im ausgefeilteren Exponentialmodell nehmen wir alle verfügbaren „Vorpandemie“-Jahre 2000–2019 und führen erneut ein Anpassungsverfahren durch, um die besten Anpassungsparameter (zwei für jede Kohorte:  $a_{coh}$  und  $b_{coh}$ ) der exponentiellen AMR - Funktion zu bestimmen

$$r_{AM,coh} \cdot \text{Jahr}^p \approx \frac{1}{b_{coh}} \exp(a_{coh} \cdot \text{Jahr}^p) + b_{coh}$$

02:1P

zu den nach Jahren aufgelösten normalisierten AMR-Datenpunkten jeder Alterskohorte separat,  $r_{AM,coh} \approx \frac{1}{r_{AM,coh,ref}}$ . Die Normalisierungsparameter sind die Referenzwerte  $r_{AM,coh,ref} = r_{AM,coh}(2000)$ , also die im Jahr 2000 beobachteten AMR-Werte der Kohorten. Anschließend prognostizieren wir die erwarteten AMCs für die Jahre

2020–2022 durch Extrapolation dieser exponentiellen AMR-Modellanpassungen und Durchführung der gleichen Alterskohorten-AMR-Gewichtung in jedem Prognosejahr wie für das konstante AMR-Modell.

Beachten Sie, dass wir im Allgemeinen 52 wöchentlich beobachtete AMC-Werte in einem Jahr summiert haben, um die jährlichen AMC-Werte zu berechnen, die als Eingabe für die Anpassung der AMR-Funktionsparameter dienen. Somit repräsentieren die Parameter unserer erwarteten AMC-Modelle genau 52 Wochen, also ein statistisches Jahr mit 364 Tagen [31]. Daher wird jede AMC-Modellausgabe um den Faktor 365 skaliert, um eine AMC-Schätzung für ein reguläres Jahr und um einen Faktor für ein Schaltjahr zu berechnen.

$\frac{366}{364}$

Dieselben Modellberechnungen können problemlos zur Schätzung der erwarteten AMC-Werte für jedes Zeitintervall innerhalb eines Jahres angewendet werden. Dabei haben wir uns darauf beschränkt, die erwarteten AMC-Werte nur für ein weiteres, gezielt ausgewähltes Intervall innerhalb eines Jahres zu schätzen, nämlich die „Grippezeit“. Dementsprechend müssen die wöchentlich (oder täglich, falls verfügbar) beobachteten AMC-Werte in einem Jahr durch Summierung nur über den Zeitraum einer Grippezeit kontrahiert werden. Für Letzteres haben wir eine feste Länge gewählt, indem wir dessen RKI-Definition übernommen haben [30, S. 13, 17], nämlich den Zeitraum von (einschließlich) Kalenderwoche 40 in einem Jahr bis (ebenfalls einschließlich) 20 im darauffolgenden, also eine Grippezeit, die 33 Wochen, also genau 231 Tage, umfasst. Nach Kontraktion der AMC-Werte in jeder der Grippezeiten 2000/2001–2019/2020 (Kurzform: 2000/01–2019/20) wurden die angepassten exponentiellen Modellparameterwerte (d. h. die der AMR-Funktionen der Kohorten rAM, coh (Jahr) aus Gleichung (2.1)) und damit die erwarteten AMC-Datenpunkte der Kohorten sind spezifisch für Grippezeiten.

Diese Methode kann allgemein angewendet werden: Ein Modell zur Berechnung der erwarteten AMC-Datenpunkte in einer bestimmten Population kann problemlos für jedes bestimmte Zeitintervall von weniger als einem Jahr erstellt werden, nicht nur für eine Grippezeit. Innerhalb jeder Kohorte und bei jährlicher Auflösung nur wöchentlich (oder täglich, falls verfügbar) Die beobachteten AMC-Werte müssen über das gewählte Zeitintervall summiert werden. Anschließend liefert das Anpassungsverfahren Parameterwerte (entweder für die Exponentialfunktion der Kohorte oder einfach eine Konstante, den Mittelwert der berücksichtigten Intervallsummen), die den (geglätteten) Verlauf der erwarteten AMC-Datenpunkte der Kohorte über den gesamten Anpassungszeitraum darstellen.

## 2.4. PFR-Werte aus registrierten SARS-CoV-2-„Fällen“ und C19-Todeszahlen: Lösung der Probleme

### von mehreren Tests pro Person und Zeitverzögerungen

Während wir die PFR-Werte in den Jahren 2020 und 2021 anzeigten, stellten wir ab Ende 2021 extrem niedrige PFR-Werte fest, verglichen mit der SARS-CoV-2-Infektionsperiode im ersten Jahr von Mai 2020 bis Sommer 2021 (Einzelheiten siehe Anhang A, Tabelle 7). Unsere Interpretation dieser massiv sinkenden PFR-Werte ist, dass es seit einem Zeitpunkt Ende 2021 offensichtlich einen inkonsistenten Zusammenhang zwischen offiziellen „Fall“-Zahlen (rohe NAApos, Anzahl positiver Tests) und der Anzahl positiv getesteter Personen gibt.

Um jedoch eine aussagekräftige PFR zu berechnen, muss die Anzahl der verstorbenen Personen (DPF) durch die Anzahl der positiv getesteten Personen dividiert werden (NAApos werden verarbeitet, um Personen und nicht positiv getestete Personen darzustellen). Mit anderen Worten: Seit Spätsommer 2021 können die offiziell veröffentlichten (rohen) NAApos-Werte (und damit PFR-Werte) ohne zusätzliche Verarbeitung nicht mehr vernünftigerweise als repräsentativ für positiv getestete Personen interpretiert werden. Glücklicherweise erwies sich eine solche Verarbeitung, die eine Neuinterpretation der Bedeutung der NAApos-Zählungen impliziert, als möglich: Wir gehen davon aus, dass es sich bei den PFR-Werten bis zum Sommer 2021 um Krankheitsmerkmale handelt, die konsistent ermittelt wurden, da das Verhältnis von Person zu Test nahezu eins beträgt -zu eins im ersten Jahr der „Corona-Pandemie“, also von Mai 2020 bis Mai 2021. Damit haben wir die rohen NAApos-Werte für das darauffolgende, zweite Jahr der „Corona-Pandemie“, also Mai 2021, neu berechnet bis Mai 2022 und deren Teilzeitraum, die Grippezeit 2021/22. Dazu haben wir die rohen NAApos,May21/22-Werte zwischen Mai 2021 und Mai 2022 mit dem Faktor  $n_{\text{tp}} = r_{\text{PF},\text{May21to22}}/r_{\text{PF},\text{May20to21}}$  multipliziert und entsprechend die rohen NAApos,flu21/22-Werte für die Grippezeit 2021/22 mit  $n_{\text{tp},\text{flu}} = r_{\text{PF},\text{flu21/22}}/r_{\text{PF},\text{flu20/21}}$ .

Die Ergebnisse dieser NAApos-Nachbearbeitung werden in §3.3 dargestellt.

Eine weitere Beobachtung brachte ans Licht, dass die Meldung von PFR-Werten durch Division der Anzahl der C19-Todesfälle pro Woche (DPF) durch NAA-positive „Fälle“ pro Woche (NAApos) aus zwei Gründen nicht empfohlen wird. Erstens kann die Anzahl der NAA-Tests durchaus von Woche zu Woche stark schwanken, sodass es entlang der wochenbezogenen Zeitverläufe zu erheblichen Streuungen kommt. Zweitens vergeht vom Erhalt des positiven Testergebnisses (bzw. dessen Registrierungsdatum) bis zum tatsächlich entsprechenden Todesfall in der Regel eine Zeitverzögerung von mehreren Tagen oder sogar Wochen [34]. Hier zeigen wir, dass die Verwendung roher PFR-Werte aus einer unverarbeiteten Berechnung eines Verhältnisses in derselben Woche im Durchschnitt die PFR-Werte überschätzt, die sich ergeben, wenn die Zahl der Todesfälle mit der Anzahl positiver Testergebnisse von vor Tagen verglichen wird. Daher begann unsere PFR-Analyse mit der Ermittlung realistischer Verzögerungswerte zwischen den Verläufen der NAA-positiven „Fallzahlen“ und der PFCs, ein Wert für jede Alterskohorte. Dabei haben wir uns nur auf Kurse bis Mitte 2021 verlassen, da sich spätere (rohe) NAA-positive „Fall“-Zählungen als unzuverlässig herausstellten (siehe oben). Diese Verzögerungswerte haben wir in a ermittelt

Dies geschieht auf einfache Weise durch systematische zeitliche Verschiebung der beiden Datensätze relativ zueinander, wobei der Bereich von Mai 2020 bis Mai 2021 abgedeckt wird. Zu diesem Zweck wurde in jeder Kohorte (i) eine (Pseudo-)Tagesauflösung durch Anwendung kubischer- Spline-Interpolation zu den Verläufen sowohl der PFC-Werte DPF als auch der Anzahl der NAA-positiven „Fälle“ NAApos, alle bekannt als wöchentliche Summen; (ii) diese beiden tagesaufgelösten Verläufe wurden systematisch (in diskreten Tagesschritten) relativ zueinander verschoben und das arithmetische Mittel der (täglichen) PFR-Werte (das Verhältnis  $rPF = DPF/NAApos$  der Zählungen in einer Zeiteinheit) betrug für jeden Tagschichtwert berechnet; (iii) der Verzögerungswert selbst mit dem minimalen mittleren rPF- Wert für eine Verzögerung von maximal fünf Wochen wurde identifiziert (siehe Abbildung 7; mittlere rPF- Werte in Tabelle 7).

## 2.5. C19-Todeszahlen im Kontext: Analyse der PFR(PFC) vor dem Hintergrund von AMR(AMC)

Als letzten Schritt innerhalb dieser Studie haben wir die in §2.3 dargestellte Analyse erneut kohortenweise und beide jährlich durchgeführt, wobei die Jahre jedoch an die „Corona-Pandemie“ angepasst wurden (d. h. über die Kalenderjahresgrenzen hinweg: von Mai 2020 bis Mai 2022). und für die beiden Grippesaisons in dieser 2-Jahres-Folge. Um die NAA-bedingte Mortalität (d. h. PFC und PFR) in den AM-Kontext zu stellen, haben wir die exponentielle Modellschätzung der AMRs der Alterskohorten (§2.3, Gleichung (2.1)) angewendet und gleichzeitig die NAA-bedingten Kohortengrößen (für jede) gekannt, seinem NAApos,coh-Wert, auf die Gruppe der Deutschen, die einen positiven NAA-Test erhalten haben, also auf die gesamte NAA-bedingte Untergruppe der Bevölkerung. Innerhalb jeder Kohorte haben wir die Anzahl DPF,coh der Personen in der darin enthaltenen Untergruppe, die sind erwartungsgemäß aus irgendeinem Grund innerhalb der NAA-bedingten Untergruppe der NAApos,coh-Personen gestorben. Das heißt, wir haben die NAA-bedingte EMC berechnet, indem wir die gemäß unserem AMC-Modell erwarteten Todesfälle  $DAM|PF,coh$  von der Anzahl DPF,coh der offiziellen C19-Todesfälle abgezogen haben. NAA-bedingte EMCs (hier jährliche oder grippe-saisonale Werte) quantifizieren übermäßige Todesfälle in der Untergruppe der offiziellen C19-Todesfälle, d. h. Todesfälle, die aufgrund aller Ursachen über den erwarteten Werten liegen. Diese Methode zur Bestimmung einer bedingten EMV ist allgemein auf jede bedingt ausgewählte Untergruppe einer Population anwendbar. Innerhalb der Untergruppe der NAA-positiven Personen schlagen wir vor, diese definitiven übermäßigen Todesfälle (NAA-bedingte EMCs) mit denen zu identifizieren, die aufgrund von C19 aufgetreten sind. Die Ergebnisse dieser Analyse werden in §3.3 dargestellt.

## 3. Ergebnisse

### 3.1. Der AMR-Kurs über 20 Jahre: ein Simpson-Paradoxon

In diesem Abschnitt befassen wir uns mit der vorteilhaften Darstellung von AMR-Kursen im Zeitverlauf (siehe §2.3) und zeigen, dass das Zusammenspiel dieser Kurse mit demografischen Veränderungen zu einem paradoxen Phänomen führt. Das Ignorieren dieses Zusammenspiels kann zu verheerend falschen Prognosen für AMCs führen, wie später erläutert wird.

Um unser Hauptziel, die valide Schätzung von EMCs, zu erreichen, beginnen wir hier mit der Untersuchung alterskohortenaufgelöster AMR-Zeitverläufe während der 20 „Präpandemie“-Jahre, wobei die Alterskohorten anhand der verfügbaren Datensätze bestimmt werden (siehe § 2.2). Das erste Hauptergebnis dieser Untersuchung: Der Trend der AMR-Zeitverläufe der Kohorte kann durchaus durch einfache Funktionen gegenüber der Zeit beschrieben werden (§2.3). In Deutschland zeigten sie seit dem Jahr 2000 in allen bis auf eine Alterskohorte einen exponentiell sättigenden Charakter (Abbildung 1; offensichtlicher bei Normalisierung auf den jeweiligen Wert von 2000: Abbildung 2b). Der wissenschaftliche Wert, der durch die Identifizierung solcher Grundfunktionen für (modellbasierte) AMC-Berechnungen gewonnen wird, liegt (i) in ihrem Potenzial, eine Spur der dynamischen Mechanismen widerzuspiegeln, die hinter der Veränderung von AM in einer Population stehen, und (ii) der Transparenz, die sie AMR und damit verleihen AMC-Schätzungen. Der letztgenannte Vorteil ergibt sich zu einem großen Teil aus dem inhärenten Charakter jeder zeitlich kontinuierlichen Funktion, insbesondere wenn sie exponentiellen Charakter hat: Sie soll physikalische und biologische Prozesse widerspiegeln und nicht möglicherweise willkürliche mathematische Black-Box-Annahmen. Aufgrund der zeitlichen Kontinuität und darüber hinaus, dass sie niedrigparametrisch sind (bestimmt durch nur zwei Parameter für jeweils 20 Datenpunkte; siehe Anhang B für ihre Werte und CIs), (iii) haben sie auch von Natur aus einen glättenden, mittelnden Charakter, der ein Technischer Vorteil für die Verwendung eines solchen funktions-(modell-)basierten Ansatzes zur Schätzung der AMC-Basislinien.

Das zweite Hauptergebnis dieser Untersuchung: Die Lösung von AMC in Bezug auf Alterskohorten ist von Bedeutung. Eine jährliche Kontraktion des wöchentlichen AMR-Zeitverlaufs jeder Alterskohorte (Abbildung 1) in einen einzigen Datenpunkt, beginnend mit dem Jahr 2000, lieferte eine Folge jährlicher AMR-Werte (farbige Punkte in Abbildung 2a). Ihr allgemeiner zeitlicher Trend lässt sich besser erkennen, wenn man den AMR-Verlauf jeder Kohorte der Jahreswerte normiert (Abbildung 2b) auf ihren Referenzwert (den Wert im Jahr 2000 oder in der Grippesaison 2000/2001) darstellt

(Abbildung 2d). Anschließend wird der Verlauf der AMR der gesamten deutschen Bevölkerung als gewichtete Summe der normalisierten AMR-Werte aller Kohorten in einem bestimmten Jahr berechnet, wobei jede Kohorte mit ihrem relativen Anteil (Abbildung 3) in diesem Jahr multipliziert mit ihrem jeweiligen Referenzwert gewichtet wird. Wenn dann sowohl die normalisierten AMR-Verläufe der jahresaufgelösten Kohorten als auch der Verlauf der gesamten AMR (normalisiert auf die Summe aller Kohortengrößen: die gesamte Bevölkerungsgröße) über die 20 Jahre 2000–2019 aufgetragen werden (Abbildung 2b), a In Deutschland tritt ein kontraintuitives Phänomen auf: Während die AMR jeder einzelnen Kohorte im Laufe der Jahre tendenziell abnimmt, nimmt die Gesamt-AMR in allen Alterskohorten mit Ausnahme der Ältesten, deren AMR praktisch konstant bleibt, tendenziell zu, was sowohl für jährliche als auch grippeperiodische AMR-Verläufe gleichermaßen gilt.

Dieses Phänomen ist als Simpson-Paradoxon bekannt [35–38]. Dies wird durch die Summierung über Untergruppen (Kohorten) erklärt, die sich im relativen Verhältnis (d. h. ihren Gewichten, der zeitabhängigen demografischen Verteilung, Abbildung 3) und der Effektstärke (d. h. den AMR-Werten, die stark altersabhängig sind) unterscheiden: ältere Die Wahrscheinlichkeit, dass Menschen sterben, ist pro Zeit höher (z. B. pro Jahr, Abbildung 2a, oder während einer Grippeperiode, Abbildung 2c), und in Deutschland in den letzten etwa 10 Jahren die Anteile der 60–69-Jährigen, 80–90-Jährigen und 90+-Jährigen Die Zahl der Jährigen nahm zu, während die Zahl aller Menschen unter 60 Jahren zurückging (Abbildung 3). Folglich ist die (durchschnittliche) Gesamtwahrscheinlichkeit, dass ein Deutscher jeden Alters innerhalb eines Jahres stirbt, gestiegen, obwohl jeder Deutsche unter 90 Jahren in den zwanzig Jahren vor der Pandemie bis 2020 mehr durchschnittliche Lebenszeit gewonnen hat.

Beachten Sie zunächst, dass die exponentiellen Anpassungen (gemäß Gleichung (2.1)) in der Kohorte 90+ weder für die Jahreswerte in den Jahren 2000–2019 noch für die entsprechende Grippeperiode ein aussagekräftiges Ergebnis lieferten (keine Berechnung von KIs möglich). Werte; Es wurde daher einfach durch Anpassen einer Konstante für die 2000–2019-Verläufe sowohl der jährlichen als auch der grippeperiodischen normalisierten AMR-Werte ersetzt (Abbildung 2b,d).

Beachten Sie zweitens noch einmal, dass nur die Datenpunkte zwischen 2000 und 2019 (bzw. Grippeperiode 2000/01–2019/20) zur Berechnung der Anpassungsparameter verwendet wurden (getrennt für die Jahre und die Grippeperiode). Somit sind die Linienteile in Abbildung 2b und Abbildung 2d, die die letzten drei Datenpunkte passieren, Extrapolationen (Prognosen) durch die exponentiellen Anpassungsfunktionen (Gleichung (2.1)). Bei den Gesamtdiagrammen handelt es sich um grafische Darstellungen der erwarteten AMR-Verläufe der Kohorten gemäß dem Exponential-Fit-Modell, dh einer geglätteten (im Vergleich mit den beobachteten schwankenden Werten), modellbasierten (Exponential-Fit) Referenz zur Schätzung von EMCs. Nicht dargestellt ist hier das einfachste Referenzmodell, die „konstante Anpassung“, die ausschließlich aus horizontalen Anpassungslinien besteht, von denen jede durch das arithmetische Mittel der AMR-Werte einer Kohorte verläuft, die in den letzten sechs Intervallen (Jahren oder Grippeperioden) vor 2020 beobachtet wurden, d. h. Jeder Kohorte wird ein konstanter AMR-Wert zugewiesen.

Beachten Sie drittens, dass laut Abbildung 1 in den Jahren 2020 und 2021 in Deutschland nichts anderes als „AM wie üblich“ aufgetreten ist. Unsere Einschätzung der völlig nicht-außergewöhnlichen AMCs und aller Ursachen von EMCs in Deutschland während der SARS-CoV-2-Ära (2020). und 2021), sei es jährlich oder während der Grippeperiode, wird in §3.2 (insbesondere Tabellen 1 und 2) quantitativ begründet. Daher muss davon ausgegangen werden, dass jede Modellberechnung, die eine dramatische EMV in Deutschland während dieser zwei Jahre zeigt, auf das Simpson-Paradoxon zurückzuführen ist und im Hinblick auf die Verschiebungen in der demografischen Verteilung, dh Änderungen der Alterskohortengrößen im Laufe der Zeit, sorgfältig überdacht werden muss. siehe §4.3.

### 3.2. Beobachtete AMCs im Vergleich zu mit dem AMC-Modell berechneten Todesfällen: EMCs, jährlich

und während der Grippeperiode

In diesem Abschnitt zeigen wir, dass sowohl das konstante als auch das exponentielle AMR-Modell (§2.3) außergewöhnlich gute Anpassungen innerhalb der Intervalle 2014–2019 bzw. 2000–2019 sowie realistische Prognosen für AMCs für 2020–2022 liefern. Entgegen der Behauptung des RKI von erheblichen und von der WHO sogar drastischen EM in Deutschland während der SARS-CoV-2-Ära finden wir sogar negative EMCs (Untermortalität).

In Abbildung 4 haben wir tatsächlich beobachtete Datenpunkte (Zählungen auf Tagesbasis: schwarze Flecken) und die entsprechend erwarteten exponentiellen Modellschätzungen (grüne Dreiecke mit CIs) der gesamten jährlichen AMC-Werte seit dem Jahr 2000 aufgetragen. Das Gesamt-AMR-Modell -Fit-KI an jedem jährlichen Datenpunkt wird als gewichtete Summe der acht alterskohortenspezifischen AMR-Modellanpassungen an die 90 %-KIs dieses Jahres berechnet. Die jährlichen Summen der täglich beobachteten AMCs (die einzigen Daten, die pro Tag verfügbar sind) liegen immer innerhalb der KIs der exponentiellen Modellanpassung, mit Ausnahme des Jahres 2019, in dem deutlich weniger als erwartet Menschen starben, und des Jahres 2022, in dem deutlich mehr als erwartet starben erwartete Menschen starben. Dementsprechend stimmt das Exponentialmodell im Allgemeinen gut mit den beobachteten AMCs über den gesamten analysierten Zeitraum von 2000 bis heute überein. Insbesondere für die grippeperiodischen Daten (Abbildung 5) sind die von der Grippe erwarteten AMCs

Tabelle 1. Gezählte AMC im Vergleich zu Modellschätzungen (letzte drei Zeilen: Extrapolation) in Deutschland in den Jahren 2000–2022; Signifikant abweichende Sterbezahlen (außerhalb des CI) werden durch hochgestellte Zeichen gekennzeichnet; Bevölkerung im Jahr 2022: Npop = 84 Millionen [32]; „Überschuss“ (EMC) wird abzüglich der Modeldifferenz gezählt; für das konstante Modell eine Untersterblichkeit von  $\hat{y}14.055$  Todesfällen im Jahr 2020 (Referenz: Mittelwert der AMR-Werte 2014–2019) entsprechen  $-16,9$  Todesfällen pro 100.000 Personen, am besten vergleichbar mit Schweden mit etwa  $-10$  pro 100.000 [39, Abb. 2, unten] (Referenz: Mittelwert der AMR-Werte 2015–2019); Anders als der (kurzfristige: 2015–2019) Trend auf Schweden angewandte Modelle [39, Abb. 2, unten] (ca.  $+40$  pro 100.000), unser (längerfristiges: 2000–2019) Trendmodell (exponentiell) berechnet ein leicht erhöhtes Ausmaß der prognostizierten Untersterblichkeit:  $\hat{y}22,1$  pro 100.000. Zum Vergleich: Die letzte Spalte zeigt EMV-Punktschätzungen, die sich aus der Anwendung der Methode des Bundesamtes für Statistik ergaben (Bestimmung).

Jahr	Todesfälle (gezählt)	übermäßige Todesfälle (exponentielles Modell)		Überschuss an Todesfällen (konstant Modell)		
		bedeuten	Vertrauen Intervall	bedeuten	Radius	übermäßige Todesfälle (Destat-Methode)
2000	838 797	17 534	19 996	—	—	—
2001	828 541	$\hat{y}11 265$	20 912	—	—	—
2002	841 687	5 305	21 908	—	—	—
2003	853 946	22 330	22 662	—	—	—
2004	818 271	$\hat{y}17 831$	23 531	—	—	$\hat{y}68 509$
2005	830 227	$\hat{y}420$	24 413	—	—	$\hat{y}38 433$
2006	821 627	$\hat{y}6 344$	25 378	—	—	$\hat{y}43 069$
2007	827 155	1066	26 268	—	—	$\hat{y}28 514$
2008	844 439	17 279	27 254	—	—	188
2009	854 544	16 009	27 863	—	—	$\hat{y}8843$
2010	858 768	$\hat{y}1001$	28 369	—	—	$\hat{y}28 907$
2011	852 328	$\hat{y}10 098$	28 355	—	—	$\hat{y}37 263$
2012	869 582	$\hat{y}2 215$	28 643	—	—	$\hat{y}21 734$
2013	893 825	14 603	28 872	—	—	1206
2014	868 356	$\hat{y}26 833$	29 771	$\hat{y}7705$	33 339	$\hat{y}38 030$
2015	925 200	17 144	30 555	32 882	34 391	13 618
2016	910 899	$\hat{y}15 963$	31 662	$\hat{y}3081$	35 731	$\hat{y}22 924$
2017	932 263	$\hat{y}7445$	32 791	2742	36 938	$\hat{y}12 150$
2018	954 874	$\hat{y}3053$	34 180	4905	38 430	461
2019	939 520	$\hat{y}40 458()$	35 825	$\hat{y}34 381$	40 174	$\hat{y}42 132$
2020	985 572	$\hat{y}18 471$	37 561	$\hat{y}14 055$	41 975	$\hat{y}595$
2021	1 023 687	6992	38 855	9672	43 168	22 949
2022	1 064 084	41 210()	39 423	41 968	43 444	53 879

Das einfachste (konstante) Modell (blaue Dreiecke mit CIs) stimmt sehr gut mit den beobachteten AMCs überein. Alle Schätzungen von Das Konstantenmodell zeigt eindrucksvoll, dass in Deutschland seit 2014 der gesamte AMC-Zeitverlauf gilt überwiegend durch Verschiebungen in der demografischen Verteilung im Laufe der Zeit dominiert (Abbildung 3). Der Die Unterschiede zwischen den Schätzungen beider Modelle, sei es für ganze Jahre oder Grippezeiten, sind in der Regel geringer als zwischen einer exponentiellen Modellschätzung und einem beobachteten AMC auf jährlicher Basis. Notiere dass der Die beobachtete grippezeitliche AMC 2019/20 in Deutschland liegt jedoch deutlich unter beiden Modellschätzungen (Abbildung 5). In dieser Saison findet die erste SARS-CoV-2-Infektionswelle statt (Beginn der „Corona-Pandemie“).

Für die gesamte deutsche Bevölkerung haben wir in Tabelle 1 die genauen Zahlen aufgeführt (visuell dargestellt in Abbildung 4). der beobachteten jährlichen AMCs (Todesfälle) seit 2000 und ihre entsprechenden Unterschiede (überzählige Todesfälle: EMCs) sowohl für die exponentiellen als auch für die konstanten Modellschätzungen. Die beobachteten AMCs sind im Allgemeinen Summen über 365 Tage und 366 Tage in einem Schaltjahr. Die wesentlichen Zahlen sind die EMV-Werte in den letzten drei Zeilen Tabellen 1, 2, und durch unsere Analyse können wir eine klare Aussage treffen: Es sind weniger Menschen gestorben als erwartet

Tabelle 2. Gezählte AMC im Vergleich zu Modellschätzungen (letzte beiden Zeilen: Extrapolation) in Deutschland während der Grippezeit 2000/01 bis 2021/22; Signifikant abweichende Zählungen (außerhalb des CI) werden hochgestellt gekennzeichnet <sup>(1)</sup>; Bevölkerung im Jahr 2022: Npop = 84 Millionen [32]; „Überschuss“ (EMC) ist Anzahl minus Modelldifferenz; zum Vergleich die geschätzten Zahlen des RKI [30, S. 47] sind in der letzten Spalte angegeben.

Jahr	Todesfälle (gezählt)	übermäßige Todesfälle (Exponentielles Modell)		übermäßige Todesfälle (konstantes Modell)		Todesfälle durch Grippe (RKI)
		bedeuten	CI-Radius	bedeuten	CI-Radius	
00/01	533 445	1419	21 484	—	—	—
01/02	540 826	ÿ1359	22 670	—	—	0
02/03	563 575	20 504	23 378	—	—	8000
03/04	531 721	ÿ15 675	24 223	—	—	0
04/05	545 301	ÿ1557	24 770	—	—	11 700
05/06	531 520	ÿ14 982	25 191	—	—	0
06/07	528 041	ÿ17 992	25 507	—	—	200
07/08	554 270	6337	25 858	—	—	900
08/09	566 938	17 164	26 231	—	—	18 800
09/10	550 009	ÿ10 965	27 131	—	—	0
10/11	554 481	ÿ13 709	27 817	—	—	0
11/12	568 670	ÿ4 275	28 306	—	—	2400
12/13	597 792	22 875	28 646	—	—	20 700
13/14	552 426	ÿ29 750( )	29 317	—	—	0
14/15	614 852	24 600	30 102	33 913	34 197	21 300
15/16	584 197	ÿ16 619	31 107	ÿ11 051	35 563	0
16/17	624 984	18 168	31 995	19 983	36 736	22 900
17/18	632 810	16 980	33 182	15 080	38 179	25 100
18/19	604 302	ÿ22 518	34 661	ÿ28 111	39 843	—
19/20	619 348	ÿ22 041	36 538	ÿ31 394	41 782	—
20/21	675 714	27 594	38 141	14 526	43 130	—
21/22	683 875	31 123	39 730	14 372	43 935	—
22/23	706 143	51 677( )	41 247	31 429	44 217	—

2020 (negativer Überschusswert von ÿ18.471) und im Jahr 2021 zeigte sich eine leichte EMC von etwa 7.000. Sowohl „Corona-Pandemie-Jahre“, nicht existierende EM zeugen davon, dass es keine Ausnahme gegeben hat Gesundheitssituation überhaupt. Im Gegensatz zu unserem Befund berechnete die WHO eine Gesamt-EMV von etwa 195.000 im Zeitraum 2020–2021: EMV ist die Differenz zwischen den erwarteten Zahlen, rote Sterne mit 95 % CIs in Abbildung 4 und tatsächlich beobachtete Zahlen (schwarze Punkte). Beachten Sie, dass die tatsächlichen AMC-Datenpunkte für 2020 und 2021 liegen unvorstellbare 6,8 bzw. 18,5 Standardabweichungen von den WHO-Werten entfernt unvalidierte Punktschätzungen vom Mai 2022. Für die korrigierte Prognose [15,18] gelten diese Werte weiterhin 7,7 und 8,3 Standardabweichungen entfernt und für den neuesten Datensatz [19] 5,7 und 18 Standardabweichungen. Eine weitere Bewertung dieser Modelle und ihrer Prognosen finden Sie in §4.3 und Anhang C.

In Tabelle 2 sind die genauen Zahlen (visualisiert in Abbildung 5) der beobachteten AMCs (Todesfälle) in Deutschland während aufgeführt die Grippezeit – genau 33 Wochen, 13 am Ende eines Jahres plus die ersten zwanzig des nächsten: 91 plus 140 Tage, oder 141 in einem Schaltjahr – werden gemeldet. Die exponentielle Modellausgabe (Grippe-saisonale AMR-Anpassung) repräsentiert 33 Wochen (231 Tage) wird mit dem Faktor auf ein Schaltjahr skaliert und wie in Tabelle 1 die Differenzen (Überschuss) berechnet Todesfälle: EMCs) zu den exponentiellen und konstanten Modellschätzungen werden ebenfalls angegeben. Wie in den Daten Für die Kalenderjahre sind die Überschusswerte in den letzten drei Zeilen die wesentlichen Zahlen. Bei der Grippe In der Saison 2020/21 ist ein Überschuss von 27.594 Todesfällen hauptsächlich auf die zweite und dritte Welle zurückzuführen mutmaßliche SARS-CoV-2-Infektionen. Die Überschreitung von 30.443 Todesfällen lag im Jahr sogar noch etwas höher folgende Saison 2021/22. Diese Exzesse folgten zwei Saisons 2018/19 und 2019/20 mit Sterblichkeit

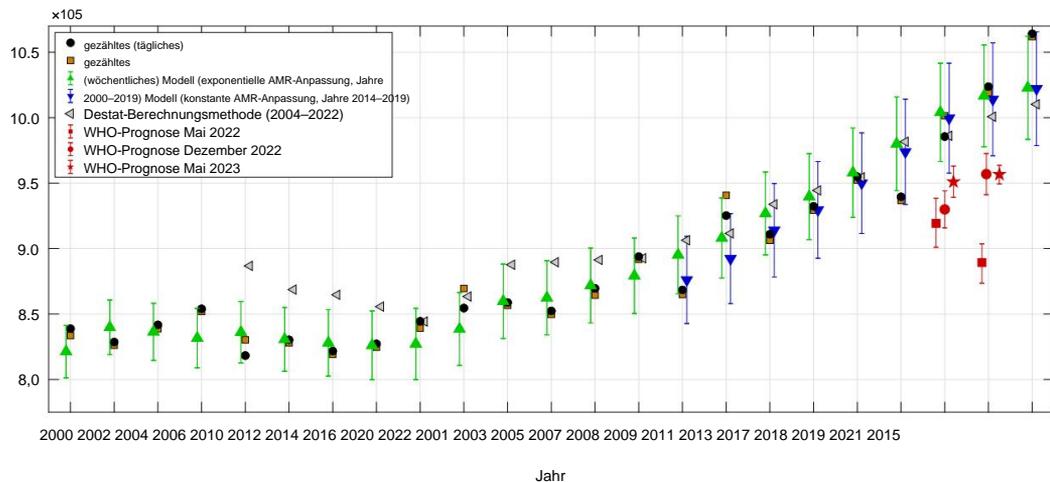


Abbildung 4. Deutsche Daten der gezählten jährlichen Todesfälle (abgeleitet aus täglichen Zählungen in schwarzen Punkten, aus wöchentlichen Zählungen in braunen Quadraten) im Vergleich zu Modellschätzungen oder Prognosen erwarteter Todesfälle (exponentielles Modell in grünen, nach oben zeigenden Dreiecken, konstantes Modell in nach unten zeigenden Dreiecken). blaue Dreiecke inklusive 90 %-KIs für die Jahre 2000–2022, versus AMC-Berechnung nach der Methode des Deutschen Statistikamtes (Destatis) und versus AMC-Prognosen der WHO für 2020 und 2021, veröffentlicht im Mai 2022 (rote Quadrate), Dezember 2022 (rote Kreise) und Mai 2023 (rote Sterne), einschließlich ihrer 95 %-KIs.

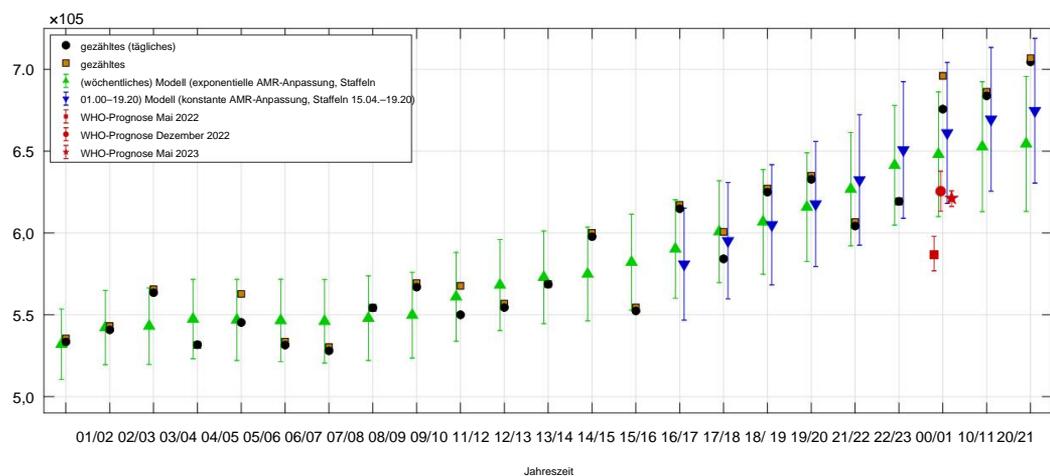


Abbildung 5. Deutsche Daten der gezählten grippe-saisonalen Todesfälle (täglich in schwarzen Punkten, wöchentlich in braunen Quadraten) im Vergleich zu Modellschätzungen oder Prognosen der erwarteten Todesfälle (exponentielles Modell in grünen, nach oben zeigenden Dreiecken, konstantes Modell in nach unten zeigenden blauen Dreiecken) einschließlich 90 %-KIs für die Spielzeiten 2000/01 bis 2022/23, und im Vergleich zu den AMC-Prognosen der WHO für 2020/21 vom Mai 2022 (rotes Quadrat), Dezember 2022 (roter Kreis) und Mai 2023 (roter Stern), einschließlich ihrer 95 %-CIs.

unter dem Erwartungswert (negative Überschusswerte, also „Untersterblichkeit“), in nahezu gleicher Größenordnung.

Dies ist offensichtlich ein typisches Muster für saisonale Grippeperioden: Manchmal folgt auf bis zu vier Grippeperioden mit Untersterblichkeit in Folge eine ähnliche Folge stärkerer Grippeperioden mit Überwerten auf einem Niveau von 20.000 Todesfällen. Seit den letzten 10 Jahren scheinen die Ausmaße dieser Schwankungen leicht zugenommen zu haben, und dazwischen liegt keine Grippeperiode mehr nahe dem erwarteten Wert.

Rückblickend auf das Jahr 2000 waren die Überschreitungen in den beiden „Corona-Saisons“ nur geringfügig höher als in den stärksten Influenza-Saisons der 20 „Vor-Pandemie“-Jahre (2002/03, 2012/13, 2014/15).

Die beiden „Corona-Saisons“ wiesen also keineswegs außergewöhnliche Sterblichkeitsniveaus auf. Unsere Einschätzung der saisonalen EM der Grippe wird durch veröffentlichte RKI-Zahlen erneut bestätigt [30, S. 47]: Seit der Saison 2000/01 gaben sie vier Überschreitungsschätzungen über 20.000 Todesfälle an, die höchste (25.100) in der Saison 2017/18, die als Kalibrierwert für eine in erheblichem (mäßig starkem) Ausmaß auftretende EMV angesehen werden kann (noch üblich) Grippeperiode im letzten Jahrzehnt. Bemerkenswert ist, dass wir in der Saison 2002/03 einen höheren Überschuss als beim RKI festgestellt haben, und es gibt bemerkenswerte Beinahe-Übereinstimmungen in den Jahren 2008/09, 2012/13 und 2014/15 (zumindest bezogen auf unser Exponentialmodell). Nach unserer Analyse scheinen die RKI-Überschreitungen in den Jahren 2016/17 und 2017/18 sogar leichte Übertreibungen zu sein.

Interessanterweise ist einerseits in den „Corona-Pandemie“-Jahren 2020 bzw. 2021 sogar eine Untersterblichkeit und eine sehr geringe Exzessrate zu beobachten. Andererseits kann man in den Grippesaisons 2020/21 und 2021/22 deutlich mehr Todesfälle beobachten. Dementsprechend muss es in den Frühjahrs- und Sommerperioden der Jahre 2020 und 2021 zu einer erheblichen Untersterblichkeit gekommen sein, die den grippe-saisonalen Überschuss innerhalb weniger Monate kompensierte und in der Tat in Abbildung 4 in den Alterskohorten zwischen 60 und 89 Jahren deutlich zu beobachten ist. Auf dieses Phänomen der kompensatorischen Untermortalität kommen wir im nächsten Abschnitt zurück, der sich mit der NAA-bedingten Mortalität befasst.

### 3.3. NAA-bedingte Todeszahlen in einen Kontext bringen: PFC vor AMC-Hintergrund

In diesem Abschnitt geht es um die Frage „Sind Menschen mit oder aufgrund von SARS-CoV-2 gestorben?“. Dazu stellen wir einfach die NAA-bedingten Todeszahlen (PFCs) in den Kontext der regelmäßig erwarteten Gesamttodeszahlen (AMCs) ein, stellen also die Ergebnisse der Berechnung der NAA-bedingten EMCs (gemäß §2.5) dar. Sie basieren auf der Verarbeitung von PFC-Rohdaten (NAApos wie beobachtet) und der entsprechenden PFR-Bestimmung, wie in §2.4 erläutert. Für jede Alterskohorte haben wir ihre AMR-Werte (Abbildung 2) sowie die Anzahl der NAA-positiven Personen (NAApos verarbeitet) und die Anzahl der Todesfälle, die zwei Wochen später als im Zusammenhang mit SARS-CoV-2 (DPF) erklärt wurden, ermittelt, die beiden letztgenannten werden zu PFR-Werten zusammengefasst ( $rPF = DPF/NAApos$ ; Abbildung 8 und Tabelle 7).

Wie in Anhang A dargestellt, muss die (Roh-)Anzahl NAApos der NAA-positiven Tests offenbar seit Mitte 2021 neu interpretiert werden, wenn man sie mit dem Beginn der Veröffentlichung dieser Daten durch das RKI seit Anfang 2020 vergleicht: nur bis Sommer 2021, Tests und Personen praktisch deckungsgleich sind, müssen anschließend NAApos zur Darstellung von Personen verarbeitet werden. Alle anderen Daten können wie oben angegeben verwendet werden, insbesondere die AMR-Werte, da sie nur auf einfachen, nicht verarbeiteten Zählungen aller deutschen Staatsbürger und aller in der Vergangenheit aus irgendeinem Grund verstorbenen Personen basieren: der einfachen Registrierung aller Todesfälle in den von den örtlichen Behörden geführten Dateien. Ebenso scheinen die NAA-bedingten Todeszahlen (DPF) konsistent zu sein; Mit anderen Worten: Die RKI-Kriterien für die Feststellung eines Todesfalls als „im Zusammenhang mit SARS-CoV-2“ scheinen sich während der gesamten „Corona-Pandemie“ seit Anfang 2020 nicht geändert zu haben. Diese Konsistenz lässt sich vor allem daraus ableiten, nachdem wir unsere Verarbeitung (siehe §2.4) auf die offiziell veröffentlichten NAApos-Daten seit Mitte 2021 angewendet haben, die nachverarbeitete, abgeleitete relative Verteilung der überschüssigen (NAA-bedingt minus Gesamttodesfälle) im Jahr 2021/2022 über das Alter hinweg. Die in den Tabellen 5 und 6 angegebenen Kohorten stehen in einem sehr guten Verhältnis und stimmen mit den Kohorten überein, die im Jahr 2020/2021 ohne NAApos-Verarbeitung berechnet wurden und in den Tabellen 3 bzw. 4 angegeben sind.

Die PFR-Werte für Mai 2020 bis Mai 2021, die praktisch identisch mit denen der entsprechenden Grippesaison sind und als feste Krankheitsmerkmale gelten, sind in den Tabellen 3 und 4 in Fettschrift dargestellt. Das Ergebnis der NAApos-Verarbeitung ist in den Tabellen 5 und zu sehen 6, in der wir die rohen NAApos-Zahlen durchgestrichen, alle davon abhängigen Werte in runde Klammern gesetzt und alle verarbeiteten Ergebnisse ebenfalls in Fettschrift dargestellt haben. Die Verhältnisse  $ntpp$  und  $ntpp_{flu}$ , die wir als Anzahl mehrerer NAA-Tests pro Person innerhalb eines Jahres bzw. einer Grippesaison interpretieren würden, sind in den letzten Spalten der Tabellen 5 bzw. 6 angegeben. Der Vorteil der Analyse des Zeitraums von zwei Ganzjahresintervallen zwischen Mai 2020 und Mai 2022 anstelle der beiden Kalenderjahre 2020 und 2021 wie in §3.2 besteht darin, dass ein Intervall von Mai bis Mai die „Corona-Pandemie“ besser unterscheiden kann (siehe 'Wellen').

Darüber hinaus lässt sich die Sterblichkeit außerhalb einer Grippesaison leicht aus den Unterschieden zwischen einem ganzen Jahr von Mai bis Mai, das in der 20. Kalenderwoche endet, und der gesamten „Grippesaison“ einschließlich dieser erkennen (siehe z. B. Tabellen 3 und 4).

Betrachtet man die „Corona-Pandemie“, den Zeitraum des ersten Jahres, Mai 2020 bis Mai 2021, können wir durch den Vergleich von Tabelle 3 mit Tabelle 4 erkennen, dass die Infektionsdynamik von Ende Mai 2020 bis Ende September 2020 praktisch verschwindend ist, da alle Zahlen im Ganzjahreszeitraum Mai 2020–Mai 2021 unterscheiden sich nur geringfügig von der entsprechenden Grippesaison. Das Hauptergebnis ist in den letzten Spalten der Tabellen 3 und 4 zu finden. Für jede Kohorte die berechneten Todesfälle, die über dem liegen, was laut AMR zu erwarten ist (NAA-bedingte EMC). Diese EMV-Werte könnten letztendlich im epidemiologischen Sinne mit SARS-CoV-2 in Zusammenhang stehen. Der Gesamt-EMV-Wert in der NAA-bedingten Untergruppe in Deutschland betrug von Mai 2020 bis Mai 2021 37.427, was im Gegensatz zu den vom RKI offiziell deklarierten 81.433 „C19-Todesfällen“ steht. Passt man die RKI-Nomenklatur der Todesfälle durch Influenza (30, Tabelle 3; siehe auch Tabelle 2, letzte Spalte) an den Kontext von SARS-CoV-2 an, so ergibt sich ein Gesamt-EMV-Wert von 37.427 kann als die Zahl der Personen angesehen werden, die „an C19“ gestorben sind, während man sagen könnte, dass 81.442 Personen „an C19“ gestorben sind. Bemerkenswert ist, dass die gesamte NAA-bedingte EMC in der entsprechenden Grippesaison 2020/21 deutlich höher war, nämlich 52.747 Todesfälle. Dies ist ein klarer Beweis dafür, dass viele der in der Grippesaison verstorbenen Personen ohnehin nur noch wenige Monate zu leben hatten

Tabelle 3. Berechnete deutsche NAA-bedingte (C19) EMCs (Überschuss) zwischen Mai 2020 und Mai 2021; Schätzung des AMC-Modells: DAM|PF; SMR-Wert:  $\bar{y}PF = DPF/DAM|PF$ .

Alterskohorte	RAM	NAApos	DPF	rPF	DAM PF	Überschuss	pf
90+	0,2426	69 308	17 648	0,2546	16 947	701	1,04
80–89	0,07555	193 560	36 462	0,1884	15 466	20 996	2,36
70–79	0,02734	176 848	16 640	0,09409	4 665	11 975	3,57
60–69	0,01116	302 295	7 226	0,0239	3 278	3 948	2,20
50–59	$4,363 \times 10\bar{y}3$	537 282	2624	$4,884 \times 10\bar{y}3$	2324	300	1,13
40–49	$1,541 \times 10\bar{y}3$	467 046	592	$1,268 \times 10\bar{y}3$	727	$\bar{y}135$	0,82
30–39	$6,012 \times 10\bar{y}4$	503 153	186	$3,697 \times 10\bar{y}4$	300	$\bar{y}114$	0,62
0–29	$2,792 \times 10\bar{y}4$	1 015 378	64	$6,303 \times 10\bar{y}5$	309	$\bar{y}245$	0,21
gesamt	0,01201	3 264 870	81 442	0,02494	44 015	37 427	1,85

Tabelle 4. Berechnete deutsche NAA-bedingte (C19) EMCs (Überschuss) während der Grippezeit 2020/21; AMC-Modellschätzung: DAM|PF; SMR Wert:  $\bar{y}PF = DPF/DAM|PF$ .

Alterskohorte	$R_{AM,f}$	NAApos	DPF	rPF	DAM PF	Überschuss	pf
90+	0,268	68 104	17 449	0,2562	10 944	6505	1,59
80–89	0,08329	189 978	36 002	0,1895	9375	26 627	3,84
70–79	0,02998	173 305	16 358	0,09439	2959	13 399	5,53
60–69	0,01202	296 718	7080	0,02386	2035	5 045	3,48
50–59	$4,671 \times 10\bar{y}3$	525 226	2558	$4,870 \times 10\bar{y}3$	1403	1155	1,82
40–49	$1,631 \times 10\bar{y}3$	452 767	575	$1,270 \times 10\bar{y}3$	434	141	1,33
30–39	$6,298 \times 10\bar{y}3$	486 836	180	$3,697 \times 10\bar{y}4$	183	$\bar{y}3$	0,98
0–29	$2,809 \times 10\bar{y}3$	976 642	62	$6,348 \times 10\bar{y}5$	184	$\bar{y}122$	0,34
gesamt	0,01321	3 169 576	80 264	0,02532	27 517	52 747	2,92

Selbst in der NAA-bedingten Untergruppe der Deutschen muss es in beiden Fällen zu einer Untersterblichkeit gekommen sein Sommerperioden 2020 und 2021. Darüber hinaus betrug der EMV-Wert von Mai 2021 bis Mai 2022 23.348 niedriger als die EMC von Mai 2020 bis Mai 2021 ( $37\bar{y}427$ , Tabelle 5) und auch niedriger als die EMC von die entsprechende Grippezeit 2021/22 (30 108, Tabelle 6). Das ist die NAA-bedingte Untergruppe definitiv nicht repräsentativ für die gesamte deutsche Bevölkerung und gibt daher nur einen Teil der Gesamtheit wieder Die deutsche Infektionsdynamik im ersten Jahr der „Corona-Pandemie“ wird deutlich totale bedingungslose (d. h. alle Ursachen betreffende) grippezeitliche EMV ( $27\bar{y}594$  mit Exponentialmodell, oder sogar nur) 14 526 mit konstantem Modell; siehe Tabelle 2) deutlich niedriger als die gesamte grippezeitliche EMV in der NAA-bedingte Untergruppe (52.747). In der zweiten „Corona-Pandemie“-Grippezeit (2021/22) allerdings NAA-bedingte ( $30\bar{y}108$ ) und allgemeine ( $31\bar{y}123$ ) EMVs passen gut zusammen.

Als Randbemerkung zur Nachbearbeitung der Rohzahlen positiver NAA-Tests in den Intervallen Mai 2021–Mai 2022 und Grippezeit 2021/22 können wir schließlich die resultierenden, verarbeiteten NAApos interpretieren Werte (fette Zahlen in den Tabellen 5 bzw. 6) noch einmal als Zahlen der positiv Getesteten Personen; die entsprechenden Zahlen ntp und ntp,flu haben dann die Bedeutung des Durchschnitts erhalten Anzahl der NAA-Tests pro Person und Jahr bzw. Grippezeit; Ihre mäßig kohortenabhängigen Werte sind in den letzten Spalten der Tabellen 5 und 6 angegeben. Die jährlichen ntp -Werte variieren von 3,33 auf 6,14 und ntp,flu von 3,48 auf 7,47 in der Grippezeit. Es scheint, dass die Testfrequenz hat In der Grippezeit 2021/22 sind die Zahlen besonders stark angestiegen, vor allem bei den Jüngsten.

Wir rekapitulieren: Nach unseren modellbasierten Schätzungen dürften 37.427 Deutsche davon betroffen sein starb von Mai 2020 bis Mai 2021 an C19, was die „zweite und dritte Corona-Welle“ umfasste. Im Zeitraum von Mai 2021 bis Mai 2022 dürften weitere 23.348 Deutsche gestorben sein bis C19. Die gesamten jährlichen NAA-bedingten EMCs von Mai 2020 bis Mai 2022 summieren sich genau auf

Tabelle 5. Berechnete deutsche NAA-bedingte (C19) EMCs (Überschuss) zwischen Mai 2021 und Mai 2022; mehrere NAA-Tests: ntp; AMC-Modellschätzung; DAM|PF; SMR-Wert:  $\hat{y}_{PF} = D_{PF}/D_{AM|PF}$ . Die fettgedruckten Zahlen sind darauf zurückzuführen, dass rPF zwischen Mai 2020 und Mai 2021 auf den Wert festgelegt wurde (Tabelle 3).

age cohort	$r_{AM}$	$NAA_{pos}$	$D_{PF}$	$r_{PF}$	$D_{AM PF}$	excess	$\sigma_{PF}$	$n_{ntp}$
90+	0.2452	<del>130,009</del> <b>39,049</b>	9,943	(0.07648)	(31,507)	(-21,564)	<b>1.05</b>	3.33
80-89	0.07565	<del>479,511</del> <b>112,722</b>	21,234	(0.04428)	(37,937)	(-16,703)	<b>2.38</b>	4.25
70-79	0.02695	<del>657,867</del> <b>112,092</b>	10,547	(0.01603)	(17,152)	(-6,605)	<b>3.61</b>	5.87
60-69	0.01135	<del>1,525,786</del> <b>248,496</b>	5,940	(3.890e-03)	(16,337)	(-10,397)	<b>2.23</b>	6.14
50-59	4.454e-03	<del>2,884,925</del> <b>541,582</b>	2,645	(9.168e-04)	(12,274)	(-9,629)	<b>1.15</b>	5.33
40-49	1.580e-03	<del>3,154,374</del> <b>629,565</b>	798	(2.530e-04)	(4,814)	(-4,016)	<b>0.83</b>	5.01
30-39	6.337e-04	<del>3,722,797</del> <b>779,076</b>	288	(7.736e-05)	(2,185)	(-1,897)	<b>0.63</b>	4.78
0-29	3.013e-04	<del>9,074,601</del> <b>1,523,067</b>	96	(1.058e-05)	(2,722)	(-2,626)	<b>0.21</b>	5.96
total	0.01222	<del>21,629,870</del> <b>3,985,648</b>	51,491	(0.002381)	(124,927)	(-73,436)	<b>1.83</b>	5.43

Tabelle 6. Berechnete deutsche NAA-bedingte (C19) EMCs (Überschuss) während der Grippezeit 2021/22; mehrere NAA-Tests: ntp; AMC-Modellschätzung; DAM|PF; SMR-Wert:  $\hat{y}_{PF} = D_{PF}/D_{AM|PF}$ . Die fettgedruckten Zahlen sind darauf zurückzuführen, dass rPF während der Grippezeit 2020/21 auf den Wert festgelegt wurde (Tabelle 4).

age cohort	$r_{AM,f}^*$	$NAA_{pos}$	$D_{PF}$	$r_{PF}$	$D_{AM PF}$	excess	$\sigma_{PF}$	$n_{ntp}$
90+	0.2648	<del>126,394</del> <b>36,357</b>	9,315	(0.07370)	(20,312)	(-10,997)	<b>1.59</b>	3.48
80-89	0.08144	<del>465,676</del> <b>103,321</b>	19,580	(0.04205)	(22,800)	(-3,220)	<b>3.87</b>	4.51
70-79	0.02817	<del>636,101</del> <b>97,226</b>	9,177	(0.01443)	(10,836)	(-1,659)	<b>5.54</b>	6.54
60-69	0.01177	<del>1,477,296</del> <b>211,935</b>	5,057	(3.423e-03)	(10,071)	(-5,014)	<b>3.50</b>	6.97
50-59	4.582e-03	<del>2,760,204</del> <b>436,935</b>	2,128	(7.629e-04)	(7,363)	(-5,235)	<b>1.84</b>	6.38
40-49	1.624e-03	<del>3,042,983</del> <b>473,240</b>	601	(1.975e-04)	(2,881)	(-2,280)	<b>1.34</b>	6.43
30-39	6.406e-04	<del>3,591,642</del> <b>611,250</b>	226	(6.292e-05)	(1,343)	(-1,117)	<b>0.99</b>	5.88
0-29	2.975e-04	<del>8,712,922</del> <b>1,165,669</b>	74	(8.493e-06)	(1,629)	(-1,555)	<b>0.34</b>	7.47
total	0.013	<del>20,842,218</del> <b>3,135,934</b>	46,158	(0.002215)	(77,235)	(-31,077)	<b>2.88</b>	6.65

37 427 + 23 348 = 60 775; siehe den „Überschuss“ in den letzten Zeilen der vorletzten und drittletzten Spalte der Tabellen 3 bzw. 5. Als weitere Randbemerkung: Dies unterscheidet sich um weniger als 1400 von der NAA-bedingten EMC von 27.176 + 32.245 = 59.421 für den etwa fünf Monate zurückliegenden Zweijahreszeitraum, der genau 2020 und 2021 abdeckt. In Deutschland liegt sie also zwischen März 2020 und Mitte Mai 2022 nicht mehr als 66.700

Personen können aufgrund von C19 (NAA-bedingte EMV) gestorben sein, einschließlich einer Überschreitung zwischen 5650 und 5920 (fällig) bis C19) Todesfälle während der „ersten Corona-Welle“ im März/April 2020. Letztere Zahlen wurden geschätzt aus [40] bzw. [41]. In [40] berechneten sie eine Gesamt-EMV von 8071, mit einem Mittelwert von 2016–2019. Die AM-Basiswerte für 2019 sind niedriger als bei uns im Durchschnitt der Jahre 2014–2019; außerdem ihre Anzahl (8674). „C19-Todesfälle“ laut RKI multipliziert mit 0,65 (Überschreitung (Gesamt)/DPF in Tabellen 4 und 6) beträgt etwa 5650; offizielle RKI-Daten etwa ein Jahr später [41] weichen leicht ab: 9104 „C19-Todesfälle“, und damit eine Schätzung Anzahl der 5920 zusätzlichen Todesfälle (aufgrund von C19). Eine andere Ansicht auf Abbildung 1 unterstützt diese Aussagen: die Starke Grippesaisons in den Jahren 2002/03, 2012/13 und 2014/15 zeigen vergleichbare Muster wie die Grippesaison 2020/21 „Corona-Welle“.

Eine weitere Aufgliederung der Tabellen 3 und 5 (ganze Jahre) in Altersgruppen zeigt, dass NAA-bedingte Todesfälle vorliegen sind fast ausschließlich der Altersgruppe 60+ zuzuordnen. Nur in der Altersgruppe 50–59 Jahre  $300 + 340 = 640$  Todesfälle innerhalb von zwei Jahren können auf C19 zurückgeführt werden, und für Altersgruppen unter 50 Jahren Negative jährliche Überschusszahlen würden als „insgesamt null Todesfälle aufgrund von C19“ protokolliert. Vor diesem Hintergrund, die  $141 + 153 = 294$  Todesfälle „aufgrund von C19“ während der beiden „Corona-Pandemie“-Grippesaisons (Tabellen 4 und 6) In der Altersgruppe der 40- bis 49-Jährigen können Menschen interpretiert werden, die ohnehin Vorbedingungen zum Sterben gehabt haben müssen innerhalb des nächsten halben Jahres.

## 4. Diskussion

### 4.1. Verwendung standardisierter Sterblichkeitsraten zur Unterscheidung zwischen Todesfällen „mit“ und „aufgrund“ von C19

Wir haben in §§2.4 bzw. 3.3 eine Methode zur Unterscheidung vorgestellt und bewertet begleitende (mit) und ursächliche (aufgrund von) C19-Todesfälle. Kurz gesagt, wir haben den erwarteten AMC innerhalb berechnet die Kohorte NAA-positiver Probanden (DAM|PF) unter Verwendung unseres validierten Modells (siehe weitere Diskussion) in §4.3) und subtrahiert diesen Wert von der Anzahl der beobachteten Todesfälle innerhalb dieser Kohorte (DPF) bis den Überschusswert ermitteln. Es kann davon ausgegangen werden, dass diese übermäßigen Todesfälle „aufgrund“ von C19 gestorben sind Probanden im DPF können nur als „mit“ C19 gestorben gekennzeichnet werden. Eine andere Möglichkeit, das Verhältnis von darzustellen Todesfälle „aufgrund“ von C19 (Überschuss/DPF) verwendet die standardisierte Sterblichkeitsrate (SMR; Symbol  $\checkmark$ PF) wie folgt:

$$S_{PF} \times \frac{DPF}{DAM|PF} \times \frac{DPF}{DPF - \text{Überschuss}} \times \frac{1}{1 \text{ Überschuss} = DPF} = 0 \quad \left( \frac{\text{Überschuss}}{DPF} \times \frac{1}{S_{PF}} \right) \quad \text{04:1b}$$

Im Folgenden vergleichen wir unsere berechneten SMR-Werte, angegeben in den Tabellen 3–6, mit den Literaturwerten.

Von Stillfried et al. [41] führten Autopsien von Deutschen durch, bei denen der klinische Verdacht bestand, von ihnen geschlagen worden zu sein C19 und verstorben nach Erhalt eines positiven NAA- oder Antigentests (innerhalb von fünf Wochen in etwa 90 % der Fälle). Sie behaupteten, dass bei 86 % der an 986 Personen durchgeführten Autopsien C19 die Ursache war Todesursache nach pathologischem Befund. Laut [41, Abb. 1] hatten die Autoren

Zunächst wurden die Autopsieergebnisse von 87 Personen mit „unspezifischer Todesursache“ in ihrer endgültigen Fassung ausgeschlossen Obduktionsbericht und 22 Personen mit dem Meldestatus „Todesursache steht aus“. Also Grundbevölkerung entfielen auf 1095 Todesfälle, die entweder mit einem positiven PCR- oder Antigen-Test in die Autopsieverfahren eintraten getestet wurden oder zumindest postmortal positiv getestet wurden („... Test ... entweder präklinisch, klinisch oder postmortal“ [41]). Folglich betrug der 86-prozentige Anteil „C19 ist die zugrunde liegende Ursache“ tatsächlich 77 %.

Bruchteil  $(0:77 \frac{1}{4} 0:86 \frac{986}{1095})$  fast 90 % der in [41] untersuchten Toten waren 60–90 Jahre alt

Jahre können wir ihren tatsächlichen Anteilswert von 77 % direkt mit unserem geschätzten Anteil der NAA-bedingten zusätzlichen Todesfälle in der gleichen Alterskohorte während der Grippesaison 2020/21 vergleichen (Tabelle 4). Wir finden Überschuss=DPF  $\frac{45 \cdot 065}{59 \cdot 434} = 0:76$ , d. h. ein (prozentualer) Anteil von 76 % „Todesfälle aufgrund von C19“ in diesen alten Kohorten,

was bemerkenswert nahe an den von [41] angegebenen 77 % liegt. Der entsprechende SMR beträgt  $\frac{1}{4} 4:17 \quad S_{PF} \times 10:76$  nach unserer Schätzung; 77 % würden  $\checkmark$ PF = 4,34 entsprechen. Im ganzjährigen Intervall Mai

2020–Mai 2021 (Tabelle 3), im Vergleich zu „Wellen“- bzw. grippesaisonalen Intervallen, unserem

Der geschätzte Anteil in dieser Kohorte im Alter von 60 bis 90 Jahren ist niedriger, nämlich 61 %, was entspricht

$S_{PF} \times \frac{1}{10:61} \frac{1}{4} 2:56$ . Im Allgemeinen änderten sich die  $\checkmark$ PF-Werte für das nachfolgende Jahr (2021/22) praktisch nicht. grippesaisonalen bzw. ganzjährige Intervalle.

Der SMR- oder „auf C19 zurückzuführen“-Anteil kann äquivalent weiter mit dem „Index von“ verglichen werden Manifestation (von C19)  $\checkmark$ C19 („Manifestationsindex“ [42]), dessen Bruchteil das RKI vorgeschlagen hat

diejenigen, die unter allen Personen, die einen positiven NAA-Test erhalten haben, tatsächlich Symptome von C19 zeigen; Die Das RKI gibt eine Spanne (über alle Alterskohorten)  $\checkmark$ C19 = 0,55 ... 0,85 an [42]; Sie hatten diese Werte daraus extrahiert der Literatur bis zum 29. November 2021. Neuere Quellen liefern folgende Werte: 59,5 %

[43], 35–86 % [44] (Interquartilbereiche) und 56 % [45]. Wenden Sie nun die Logik an, die eine Person nur kann

Wenn C19-Symptome auftreten, können diese  $\checkmark$ C19-Werte direkt mit denen verglichen werden

„auf C19 zurückzuführen“-Anteil (oder SMR): Unsere geschätzten Werte  $\delta_1 = PF \cdot 100\%$  über alle Alterskohorten betragen 46 % (Tabelle 3) und 45 % (Tabelle 5) für die Ganzjahresintervalle und 66 % (Tabelle 4) und 65 % (Tabelle 6) für die Grippesaisonintervalle. Insgesamt stimmen unsere Berechnungen des Anteils bzw. SMR gut mit Daten aus Obduktionen [41], dem RKI [42] bzw. der Literatur überein.

## 4.2. Zusammenfassung unserer Schätzungen aller Ursachen und NAA-bedingter EMV im

### Lichte ansonsten gemeldeter Werte

Wir schlagen vor, dass unsere NAA-bedingte EMV, die nur aus RKI- und Destatis-Daten berechnet wird, die genaue Anzahl der Personen darstellt, die aufgrund von C19 gestorben sind. Für Deutschland schätzen wir, dass in den beiden vollständigen Zweijahresperioden 2020 und 2021 59.421 Personen an C19 gestorben sind. Diese gesamte NAA-bedingte EMV macht etwa 50 % der 115.537 Todesfälle aus, die das RKI in diesem Jahr offiziell gezählt hat -Jahreszeitraum im Zusammenhang mit C19 [20] (2020: 44.238; 2021: 71.299; 2022: 48.499). Allerdings fanden wir in diesen beiden Jahren sogar eine negative Gesamt-EMV von  $\bar{y}11.479$  (ausschließlich auf Basis von Destatis-Daten; Tabelle 1). eine geringe EMC von 6992 im Jahr 2021 und eine moderate Untersterblichkeit von  $\bar{y}18.471$  im Jahr 2020. Das Jahr 2022 hat eine gesamtdeutsche Gesamt-EMC von 42.210 Todesfällen gebracht, was das einzige jährliche Signal ist, das deutlich über dem 90 %-KI liegt (außer). aufgrund einer Untersterblichkeit im Jahr 2019). Dieser Befund wird hier nicht diskutiert, da das Problem der EM aller Ursachen für Alterskohorten in einer Folgestudie behandelt wird.

Die entsprechend geschätzten Gesamt-EMCs für die Grippesaisonen (Tabelle 2) 2020/21 und 2021/22 ergaben Werte von 27.594 bzw. 31.123, was als zwei zurückliegende typische, mittelschwere Grippesaisonen charakterisiert werden kann zurück. Sie folgten jedoch zwei im Wesentlichen übersprungenen Grippesaisonen 2018/19 und 2019/20 mit EMC-Werten von  $\bar{y}22.518$  bzw.  $\bar{y}22.041$ . Der Vergleich der jährlichen mit grippe-saisonalen AMC's lässt darauf schließen, dass Todesfälle, die während dieser Grippesaison auftraten, ohnehin höchstwahrscheinlich innerhalb der nächsten Monate fällig waren. Diese Ansicht wird durch die Beobachtung gestärkt, dass praktisch alle aufgrund von C19 Verstorbenen älter als 60 Jahre waren (Tabellen 3–6), wobei akzeptiert wurde, dass EMC's aller Ursachen durch NAA-bedingte EMC's dominiert wurden (52.738 bzw. 30.099). und die NAA-bedingt ausgewählte Untergruppe, die eine Teilpopulation mit im Durchschnitt schlechterem Gesundheitszustand widerspiegelt. Beachten Sie außerdem, dass die mit unserem einfachsten, konstanten AMC-Modell berechneten Gesamt-EMV-Werte (Tabellen 1 und 2) noch weniger „dramatisch“ sind als mit dem exponentiellen Modell, insbesondere wenn sie sich auf die Grippesaison beziehen.

Als zusätzliche Modellvalidierung stimmen die vom RKI zwischen 2000/01 und 2017/18 gemeldeten „Grippe-Todesfälle“ (letzte Spalte in Tabelle 2) durchweg mit unseren Jahreszeiten der berechneten Untersterblichkeit (RKI: null Grippe-Todesfälle) und den darin enthaltenen Größenordnungen überein Jahreszeiten berechneter EM aller Ursachen. Die hohe Konsistenz unserer beiden Modellschätzungen stärkt den Beweis für eine exakt nicht außergewöhnliche „Corona-Pandemie“-Sterblichkeit in Deutschland. Die hohe vorläufige Gesamt-EMC von 49.563 in der Saison 2022/23, die aufgrund der verspäteten Anmeldung voraussichtlich moderat ansteigen wird, wird ebenfalls im Rahmen einer alterskohortenaufgelösten Folgestudie diskutiert.

Außergewöhnlich tödliche Bevölkerungsdynamik im Einklang mit der Beschreibung der WHO vor 2009, was als anhaltende Pandemie einzustufen ist (in den Jahren 2003–2009 mit dem Zusatz „... der weltweit zu Epidemien mit einer enormen Zahl von Todesfällen und Krankheiten führte“) [46–48] sind in den Abbildungen 4, 5 und Tabellen 1, 2 für die Jahre 2020 und 2021 nicht erkennbar. Die Daten stehen daher im Widerspruch zu einer Einstufung von C19 als „außergewöhnlich schwere Krankheit“ [49] bzw. der Erklärung ihrer Ausbreitung als „Notfall für die öffentliche Gesundheit“. von internationaler Bedeutung“ [50].

Am 5. Mai 2022 gab der WHO-Bericht einen berechneten Mittelwert von 66.794 „C19-assoziierten“ übermäßigen Todesfällen für 2020 und 128.194 für 2021 bekannt [19], also eine Summe von 194.988 EMC. Aufgrund offensichtlicher „Daten-/Modellprobleme“ [15] wurden diese wohl pandemiewürdigen Zahlen anschließend auf 122.432 (=55.648 + 66.784) gesenkt. [15,18]. Der aktuell verfügbare WHO-Datensatz vom 19. Mai 2023 enthält jedoch lediglich eine Summe von 101.505 (=34.514 + 66.991), ohne Angabe einer Publikationsreferenz. Diese letzte Zahl unterbietet sogar die RKI-Zahl von 115.537. Wir haben drei weitere Artikel gefunden, in denen für Deutschland zwischen 2020 und 2021 EMV-Gesamtbelastungen gemeldet wurden, die sich um eine ganze Größenordnung unterschieden; Erstens eine zweiteilige Studie von deutschen und schwedischen Wissenschaftlern [51,52], die eine Gesamt-EMV von 6317 + 23 399 = 29 716 vorschlug; zweitens ein Artikel deutscher Wissenschaftler [53], der eine ähnliche Methode verwendete und eine Gesamt-EMV von 4015 + 33 980 = 37 995 vorschlug; Drittens ein Artikel der „COVID-19 Excess Mortality Collaborators“ [54], finanziert von der „Bill & Melinda Gates Foundation“, in dem die höchste EMC angegeben wurde, nämlich durchschnittlich 203.000 innerhalb einer engen Spanne von 193.000 bis 210 000. Beachten Sie, dass die letztgenannte Quelle, obwohl sie die gesamte elektromagnetische Verträglichkeit berechnet, diesen Wert ausschließlich als „aufgrund von COVID-19“ bezeichnet.

Was folgt, ist eine kritische Überprüfung dieser sehr unterschiedlichen EMC-Schätzungen und ihrer zugrunde liegenden Werte Modellierungsverfahren.

#### 4.3. Defizite und Konsequenzen für die Modellierung zuverlässiger EMV

Am Ende des vorherigen Abschnitts haben wir herausgefunden, dass vier mathematische Modelle zwischen 2020 und 2021 vier inhärent unterschiedliche Gesamt-EMVs für Deutschland ermittelt haben: von 11.500 (unsere Studie) bis 30.000–38.000 [51–53] bis 122.000 [15,18] (wobei sie von ursprünglich 195.000 [19], die im ersten WHO-Bericht veröffentlicht wurden, auf 203.000 [54] zurückgegangen sind. In diesem Abschnitt wollen wir klären, wie diese unterschiedlichen Schätzungen aus einem auf den ersten Blick eindeutigen Datensatz eines deutschen AMC entstanden sind. Beachten Sie, dass diese EMCs unabhängig von NAA-bedingten Zählungen sind und daher nicht mit Todesfällen „aufgrund von C19“ (vgl. §3.3) gleichgesetzt oder verwechselt werden sollten, sondern gründlich untersucht werden sollten. Drei entscheidende Modellbestandteile werden gegenübergestellt:

- (1) Die Datenbasis, einschließlich der berücksichtigten Jahre.
- (2) Modellgleichungen und (Über-)Parametrisierung.
- (3) Alterskohortenverteilung und demografische Veränderungen.

(Anzeige 1) Wir vergleichen die zugrunde liegenden Datensätze aller vier Modelle. Wie in §2.2 angegeben, haben wir die deutschen AMC-Daten von 2000–2019 (exponentielles Modell) bzw. 2014–2019 (konstantes Modell) als Eingabe von Destatis [14,27] verwendet. Die Wang et al. Modell [54] nutzte die gleichen Destatis-Daten, jedoch nur für die Jahre 2016–2019 [14]. De Nicola et al. [51,52] sowie Kuhbandner & Reitzner [53] verwendeten ebenfalls Destatis-Daten, jedoch Sterbetafeln (jährliche AMRs statt AMCs) von 2017–2019 [55]. Die von der WHO empfohlenen Modelle [15,18] stützten sich auf AMCs von 2015–2019 aus der Human Mortality Database [56]. Während die verschiedenen Datensätze grundsätzlich dieselben (oder zumindest vergleichbare) AMC-Daten umfassen sollten, basierten alle Modelle auf unterschiedlichen Zeitintervallen. Ein Blick auf Abbildung 5 legt nahe, dass diese Wahl möglicherweise die Zuverlässigkeit der Modellergebnisse bestimmt. Während 2014 ein Jahr mit eher niedrigen AM-Werten war, lag 2015 im Vergleich zu unserem Exponentialmodell über den AM-Erwartungen, 2016–2018 wies eine etwas unterdurchschnittliche Sterblichkeit auf und 2019 war ein Jahr mit deutlich niedrigerer Sterblichkeit. Je weniger nun die Jahre vor 2020 in irgendeiner Art von Anpassung, Glättung oder Überlagerung berücksichtigt werden, desto größer ist der Einfluss des Ausreißers 2019, d. Im Extremfall der Wahl des Intervalls 2015–2019 und der wöchentlichen Zählungen (Abbildung 4) könnte eine bloße lineare Anpassung der jährlichen AMCs sogar zu einem leicht negativen Gesamttrend der prognostizierten AMCs führen, wenn die demografischen Veränderungen nicht berücksichtigt werden (siehe unten).). Um die Auswirkung auf unser konstantes Modell zu verfolgen, haben wir in Tabelle 1 eine Untersterblichkeit in den Jahren 2020 und 2021 von insgesamt –4383 Personen geschätzt, wenn wir einen sechsjährigen AMR-Durchschnitt (2014–2019) verwenden. Wenn wir auf einen 4-Jahres- (2016–2019) oder 3-Jahres-Durchschnitt (2017–2019) umstellen würden, kämen wir auf EMCs von 11.976 bzw. 15.268. Unter Verwendung des von Destatis [33] vorgeschlagenen 4-Jahres-Medians erhalten wir eine 2-Jahres-EMC von 22.354 (=  $\bar{y}_{595} + 22.949$ ); siehe Tabelle 1. Wie in Abbildung 4 zu sehen ist, haben signifikante Ausreißer wie 2019 einen größeren Einfluss auf das 4-Jahres-Modell als auf unser 6-Jahres-Modell. Außerdem funktionieren Modelle mit konstanter AMR zuverlässiger in Regionen mit konstanter AMR und können die Situation in Jahren mit sich ändernder AMR nicht vorhersagen. siehe die auf dem Destatis-Modell basierenden Schätzungen für 2004–2012. Dies sollte berücksichtigt werden, wenn diese Methode zur Schätzung anderer Pandemie-Kennzahlen – wie etwa der Basisreproduktionszahl [57] – basierend auf EMC verwendet wird.

(Ad 2) Wir skizzieren die zugrunde liegenden Modelle. Die von der WHO empfohlenen Modelle [15,18] und das Modell von Wang et al. Modell [54] verwendete einen Poisson-Stichprobenansatz, um geschätzte AMCs für 2020 und 2021 auf der Grundlage ihrer jeweiligen Datensätze zu berechnen. Beide Ansätze kombinieren die beobachteten AM-Schwankungen um den Stichprobenmittelwert mit Spline-basierten Tendenzen, um sowohl jährliche als auch saisonale AM-Änderungen zu berücksichtigen. Während Wang et al. Während das WHO-Modell [54] lineare Splines für saisonale Veränderungen und kubische Splines für jährliche („säkulare“) Trends verwendete, verwendete das WHO-Modell in seiner ursprünglichen Form [16] kubische Splines für saisonale Veränderungen und Dünnpalten-Splines für jährliche Trends. Da die deutschen und schwedischen Überschuss-schätzungen in [16] ursprünglich „zu hoch“ waren [15], wurde der kubische Spline-Teil in den von der WHO empfohlenen Modellen geändert [15,18], um fortan lineare Trends für jährliche Änderungen zu verwenden Deutschland. Darüber hinaus finden sich in Wang et al. Modell [54] wurde die Platzierung des letzten Knotens für ihre Splines variiert, um vier verschiedene Extrapolationen zu erhalten. Mit der Implementierung von zwei weiteren Untermodellen, einem Teil des Poisson-Regressionsmodells und einem Modellteil „Letztes Jahr“ (2019), haben Wang et al. Das Modell besteht schließlich aus einem gewichteten Mittel von sechs Untermodellen. Im De Nicola et al. Modell [51] werden Sterbetafeln (AMR) direkt in erwartete AMCs umgewandelt, wobei drei unterschiedlich detaillierte Ansätze verwendet werden (siehe nächster Absatz). Dabei trugen die Jahre 2017–2019 gleichermaßen zur Bildung der Prognose für 2020 bei, sowohl für jährliche als auch für wöchentliche Daten, wobei nur der ausgefeilteste der drei Ansätze angewendet wurde. Der letztgenannte Ansatz wurde auch bei Kuhbandner & Reitzner verwendet

[53], mit zusätzlicher Unterscheidung der Bevölkerungsmittglieder in Männer und Frauen. Für einen unmittelbaren Vergleich erinnern wir uns an unseren Modellansatz zur Berechnung eines erwarteten AMC: Wir schätzen alterskohortenspezifische AMRs von 2020 und 2021, indem wir exponentielle Anpassungen an die AMR-Verläufe zwischen 2000 und 2019 (oder alternativ konstante Anpassungen zwischen 2014 und 2019) extrapolieren (2019), multiplizieren Sie diese extrapolierten AMRs mit ihren entsprechenden Anteilen der von Destatis prognostizierten demografischen Verteilung [29] und summieren Sie die AMCs aller so gewichteten Kohorten.

Bei der Betrachtung der erforderlichen Parameter stellen wir fest, dass De Nicola et al. [51,52] sowie das Modell von Kuhbandner & Reitzner [53] erforderten keine zusätzlichen Parameter, sondern Annahmen darüber, wie Sterbetafeln in zukünftige Vorhersagen von AMC umgewandelt werden sollten. Unsere beiden Modellalternativen erforderten entweder zwei (exponentielle) oder einen (konstanten) Anpassungsparameter für jede der acht Alterskohorten sowie den AMR-Referenzwert jeder Kohorte im Jahr 2000 als nicht angepassten Parameter. Wir betonen, dass beide Formulierungen aus einer sorgfältigen Betrachtung der normalisierten AMR-Verläufe über die zwanzig Jahre vor der Pandemie entstanden sind (Abbildung 2b) und möglicherweise nicht auf die Situation in anderen Ländern anwendbar sind. Auch andere einfache, elementare oder spezielle Funktionen könnten durchaus geeignet sein. Für die von der WHO empfohlenen Modelle [15,18] oder Wang et al. Modell [54] finden wir keine eindeutige Anzahl erforderlicher Parameter. Da kubische Splines jedoch mindestens vier Parameter mehr erfordern, als es Kontrollpunkte (Datenpunkte) gibt, plus Parameter für die Abtastung und zusätzliche Untermodelle im Wang et al. Modell wäre eine Untersuchung ihrer Akaike-Informationskriteriumswerte erforderlich, um eine Überanpassung zu vermeiden [58]. Während die Poisson-Stichprobenmethode grundsätzlich den Vorteil hat, bei unvollständiger Datenübermittlung aus Ländern flexibel anwendbar zu sein, sind die Prognosen für zukünftige Entwicklungen mit äußerster Vorsicht zu genießen (siehe Anhang C). Wang et al. geben korrekt an [54, suppl.], dass die Extrapolation von kubischen Splines mit großen Unsicherheiten behaftet ist. Dies könnte der Grund dafür gewesen sein, dass die von der WHO empfohlenen Modelle schließlich lineare Regression anstelle von Splines verwendeten [15,18]. Auf jeden Fall scheint die im Jahr 2019 beobachtete niedrige AMC die starke Unterschätzung der AMCs für 2020 und 2021 und damit die starke Überschätzung der EMC verursacht zu haben (siehe die erste Modellkomponente oben).

(Ad 3) Wenden wir uns nun der dritten entscheidenden Modellkomponente zu, haben wir in §3.1 gezeigt, dass die Alterskohortenverteilung und demografische Veränderungen eine entscheidende Rolle bei der Vorhersage zukünftiger AMCs spielen. Offensichtlich führt ein Simpson-Paradoxon zu einer steigenden durchschnittlichen AMR seit 2000, während der Trend innerhalb jeder Alterskohorte abnimmt. Unser AMC-Modell sowie das De Nicola et al. und die Modelle von Kuhbandner & Reitzner [51,53] berücksichtigten die demografischen Veränderungen in Deutschland, wobei die beiden letztgenannten zusätzlich Alterskohortenübergänge innerhalb von Jahren berücksichtigten (Lexis-Diagramm). Die von der WHO empfohlenen Modelle [15,18] beinhalten keine Auflösung nach Alterskohorten, sondern liefern a-posteriori-Berechnungen der Todesfälle innerhalb der Alterskohorten. Die Wang et al. Modell [54] enthält überhaupt keine Alterskohorten- oder demografischen Überlegungen.

Zusammenfassend ergab unser Modell die geringsten Abweichungen zwischen modellierten und gemessenen AMCs, oder mit anderen Worten, die geringsten absoluten EMCs. Dies wurde erreicht durch (i) die Verwendung einer geeigneten langen Datenhistorie, (ii) die Bewertung des deutschlandspezifischen Zeitverlaufs der AMRs aller Alterskohorten, (iii) die Verwendung eines niedrigparametrischen und unkomplizierten Modells und (iv) die Berücksichtigung der Zeit-abhängige Alterskohortenverteilung und damit demografische Effekte. Das RKI hatte bereits in der Vergangenheit ähnliche Modellrechnungen [59] eingeführt, die auch zur Abschätzung grippe-saisonalen EMCs eingesetzt wurden [60], spätestens jedoch zur Saison 2017/18 [30, S. 13,17] (Tabelle 2); Aktualität ist aber jeglicher EMV-Abschätzung des RKI während der Zeit der „Corona-Pandemie“ schuldig.

Der dringende Bedarf an zuverlässigen, transparenten und verständlichen Schätzungen der Gesamt-EMC auf der Grundlage der Gesamt-AMC besteht insbesondere deshalb, weil alle oben genannten WHO-bezogenen Veröffentlichungen [15, 18, 54] die EMV ausschließlich auf C19 beziehen. Darüber hinaus wurde bisher keine Unterscheidung zwischen Todesfällen „aufgrund von C19“ und „mit C19“ im Hinblick auf die NAA-bedingte Mortalität (vgl. §3.3) vorgenommen. Die hier vorgestellte Methodik kann als Blaupause für andere Länder dienen und in Deutschland als Maßstab für beide Anforderungen dienen.

## 5. Schlussfolgerung

Die weltweite Medienberichterstattung über die „CoViD-19-Pandemie“ ist von keinem Ereignis der letzten Zeit (oder wahrscheinlich jemals) übertroffen. Dementsprechend wurde eine Fülle von Daten gesammelt und analysiert, um Informationen und statistische Erkenntnisse über die Infektionsdynamik sowie wichtige Leistungsindikatoren für deren Eindämmung zu gewinnen. Die dramatisch erhöhte Sterblichkeit war eines der wichtigsten Argumente der Politik, strenge sozioökonomische Maßnahmen gegen die Bevölkerung durchzusetzen. Ziel dieser Arbeit war es, die angeblich hohen EM-Werte in den Jahren 2020 und 2021 genauer zu untersuchen. Im krassen Gegensatz zu den WHO-Schätzungen von 101.500–195.000 zusätzlichen Todesfällen in Deutschland in diesen beiden Jahren fanden wir sogar eine Netto-Untersterblichkeit von  $\dot{y}$ 11 500, was impliziert, dass nichts als „Sterben wie immer“ passiert ist, zumindest wenn man die Nettoverfahren über alle Alterskohorten hinweg betrachtet. Unsere Analyse zeigt, dass die Schätzungen der WHO zutreffen

eine Übertreibung, die sich aus (i) einer kurzfristigen Datenbasis, (ii) fehleranfälligen Spline-Extrapolationen und (iii) fehlenden alterskohortenspezifischen Gesamtmortalitätsmerkmalen ergibt und ein zugrunde liegendes Simpson-Paradoxon verschleiert. Darüber hinaus werden alle von der WHO geschätzten zusätzlichen Todesfälle ausschließlich auf C19 zurückgeführt. Hier haben wir ein klares Kriterium vorgeschlagen, um zumindest auf epidemiologischer Ebene zwischen Todesfällen zu unterscheiden, die „aufgrund von C19“ verursacht wurden oder nur „mit C19“ einhergingen. Basierend auf einer gründlichen Analyse der NAA-bedingten Mortalität können von den etwa 115.000 „C19-Todesfällen“, die das RKI für die Jahre 2020 und 2021 insgesamt proklamiert hat, nur etwa 59.000 oder etwa 50 % als ursächlich mit C19 in Zusammenhang gebracht werden.

Aus unserer Analyse ergeben sich mehrere offene Fragen, die einer eingehenden weiteren Untersuchung bedürfen: Leiden die Schwellenländerschätzungen für andere Länder ebenfalls unter der Nichtberücksichtigung der demografischen Entwicklung? Wie konnten sich die übertriebenen, nicht validierten EMV-Berechnungen unter der Schirmherrschaft der WHO [61] im großen Maßstab durchsetzen? Sollten politische Maßnahmen angesichts der nun vorliegenden realistischen und verlässlichen EM-Zählungen nicht neu bewertet werden? Warum wurden von deutschen Behörden zumindest bis Mitte 2023 keine Berechnungen der hier vorgestellten Art durchgeführt?

Datenzugänglichkeit. Ergänzendes Material: Eine deutsche Version des Titels und der Zusammenfassung ist auf FigShare [63] verfügbar. Autorenbeiträge. RR: Konzeptualisierung, Datenkuration, formale Analyse, Methodik, Projektverwaltung, Ressourcen, Software, Überwachung, Validierung, Visualisierung, Schreiben – Originalentwurf, Schreiben – Überprüfung und Bearbeitung; MG: Konzeptualisierung, Untersuchung, Methodik, Validierung, Schreiben – Überprüfung und Bearbeitung; FM: Recherche, Schreiben – Rezension und Bearbeitung.

Alle Autoren gaben ihre endgültige Zustimmung zur Veröffentlichung und stimmten zu, für die darin geleistete Arbeit zur Verantwortung gezogen zu werden. Interessenkonflikterklärung. Wir erklären, dass wir keine konkurrierenden Interessen haben.

Funding. M.G. was kindly supported by 'Bundesagentur für Arbeit', sincere thanks to Mrs Sabia. The publication was supported by the Open Access Fund of Universität Koblenz.

Danksagungen. MG schätzt die Förderung durch die Deutsche Forschungsgemeinschaft (DFG) sehr, die ihm seit 1997 die meiste freie und unabhängige Forschung ermöglichte.

## Anhang A. Der Verlauf der PFR während der SARS-CoV-2-Ära: Verzögerung, Tests und Personen

Die in diesem Anhang dargestellten Ergebnisse basieren auf den in §2.4 eingeführten Berechnungen. Insbesondere haben wir für alle Alterskohorten eine allgemeine Zeitverzögerung vom Zeitpunkt der getesteten Infektion bis zum (möglichen) Tod berechnet.

Abbildung 6 zeigt die Zeitverläufe der (rohen) wöchentlichen PFR-Werte (DPF/NAApos) der Alterskohorten während des Zeitraums (vermutlich nur) SARS-CoV-2-Infektionen, berechnet durch Division der Anzahl der C19-Todesfälle DPF pro Woche durch die Anzahl der positiven NAA-Tests NAApos pro derselben Woche. Als nächstes zeigt Abbildung 7 den Mittelwert der PFR-Werte (DPF/NAApos) pro Alterskohorte, wenn der Verlauf der registrierten Sterbefälle DPF im Vergleich zum Verlauf der registrierten Zahlen positiver Tests NAApos um bis zu 5 Wochen nach vorne verschoben wird. Für jede Alterskohorte sehen wir, dass die PFR zwischen 4- und 24-Tage-Schichten ein Minimum erreicht (wobei die unter 20-Jährigen weggelassen werden). Sowohl aus Gründen der Einfachheit als auch der Übersichtlichkeit und weil einerseits fast alle Minima sehr flach waren und andererseits in einer anderen Studie [34] eine C19-„Fall“-Todesverzögerung von 13 Tagen in Deutschland berechnet wurde. Für die über 60-Jährigen, um die unsere Werte aller über 50-Jährigen streuen (Abbildung 7), haben wir im Allgemeinen eine zweiwöchige Verzögerung gewählt, was zu den in Abbildung 8 dargestellten wöchentlichen PFR-Werten führt.

In Abbildung 8 fallen zwei Dinge ins Auge. Erstens kam es Anfang Oktober 2020 in den beiden Kohorten der über 80-Jährigen zu plötzlichen PFR-Abfällen um etwa eine Größenordnung, denen jeweils Mitte September ein Höhepunkt vorausging. Dies ist vermutlich ein Artefakt, das einfach auf die sehr geringe Zahl sowohl von Todesfällen als auch von NAA-positiven Personen zurückzuführen ist. Zweitens begannen die PFR-Werte nach einem ähnlichen Peak-Dip-Ereignis zwischen Ende Juli und Ende August 2021 allgemein zu sinken, zunächst nur leicht seit Oktober, und dann wurde der Rückgang seit Anfang Dezember 2021 besonders deutlich.

Welche Auswirkung es hat, dass die PFR-Werte Ende 2021, noch stärker im Jahr 2022 und in der Grippesaison 2021/22 so deutlich niedriger ausfielen als im Jahr 2020 bzw. der Saison 2020/21, wird in Tabelle 7 deutlich, in der arithmetische Mittelwerte (jährlich und saisonal) der schwankenden Zeitverläufe in Abbildung 8 dargestellt.

Unser Vorschlag, solche allgemein und deutlich sinkenden PFR-Werte zu interpretieren, ist, dass es nur bis zum Sommer oder vielleicht Herbst 2021 einen nahezu eins-zu-eins Zusammenhang zwischen „Fallzahlen“ (NAApos) und positiv getesteten Personen gab. Person und Jahr müssen zur Regel geworden sein. Wir haben dieses Problem in §3.3 aufgegriffen, in dem wir die Interpretation mehrerer Tests genutzt haben, um eine zusätzliche NAApos-Datenverarbeitung zu implementieren, die verarbeitete PFR-Werte für 2021 und 2021/22 ableitet, die sich als absolut vernünftig erweisen.

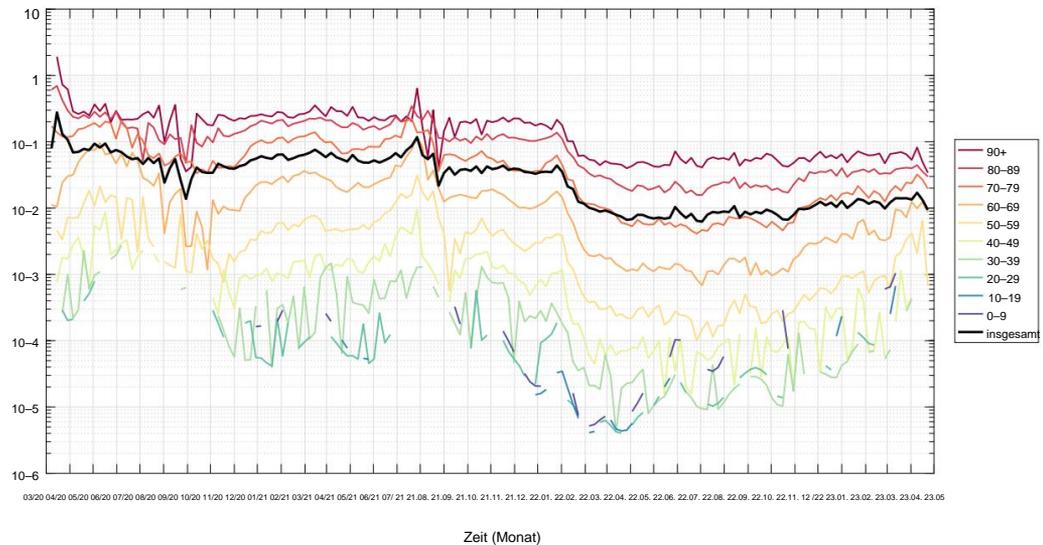


Abbildung 6. Für jede deutsche Alterskohorte zählen die rohen, wochenaufgelösten PFR - Werte im Zeitraum 05/2020 bis 07/2022 , d NAA-positive Tests, wie von deutschen Behörden veröffentlicht.

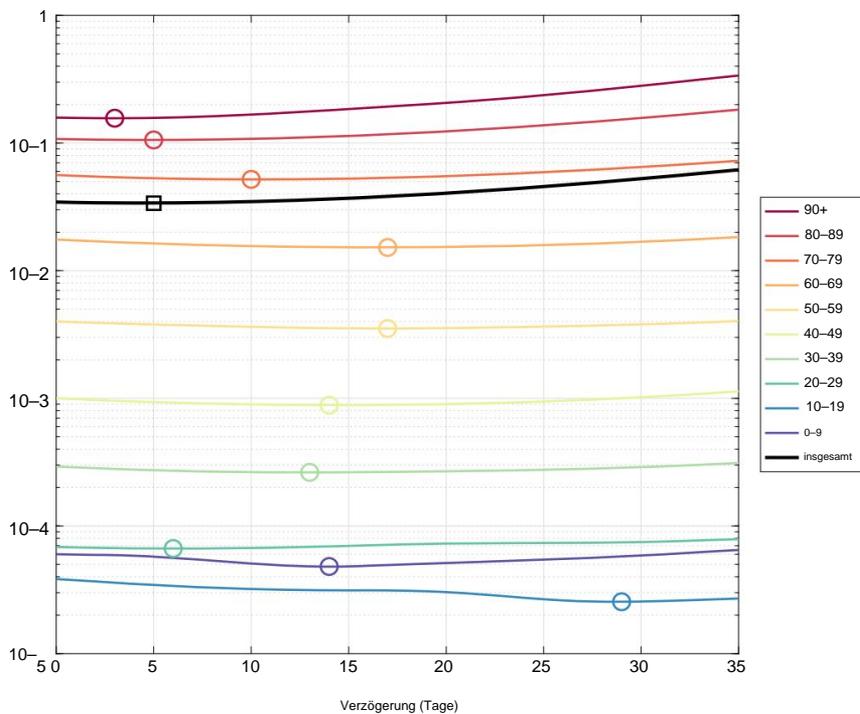


Abbildung 7. Für jede deutsche Alterskohorte der Mittelwert ihrer täglichen PFR-Werte (gemittelt über den Zeitraum 05/2020 bis 05/2021: Summe der Tagesverhältnisse  $DPF/NAA_{pos}$  dividiert durch die Anzahl der berücksichtigten Tage) im Vergleich zu einem variierenden Zeitpunkt Verschiebung des DPF-Kurses nach vorne gegenüber dem  $NAA_{pos}$ - Kurs; beide in Wochenauflösung registrierten Kurse wurden durch kubische Splines interpoliert, um die Tagesauflösung zu emulieren; Minima werden als Kreise oder Quadrate angezeigt.

In Tabelle 7 haben wir die PFR- und AMR-Werte (jährlich und grippe-saisonal), rPF und rAM jeweils für die Jahre 2019–2021 und die Grippe-saisons von 2019/20 bis 2021/22 gegenübergestellt. Die AMR-Werte der Grippe-saisons wurden mit 52/33 (33 Wochen pro Grippe-saison) skaliert, symbolisiert durch  $rAM,f$ , um sie sowohl mit den jährlichen AMR- als auch mit den PFR-Werten vergleichbar zu machen. Interessante Beobachtungen in Tabelle 7 sind im Folgenden zusammengefasst: Die ersten drei Punkte beziehen sich auf AM; In den folgenden werden AM- ( $rAM$ ,  $rAM,f$ ) und NAA-bedingte Sterberaten ( $rPF$ ) verglichen, d Ursache

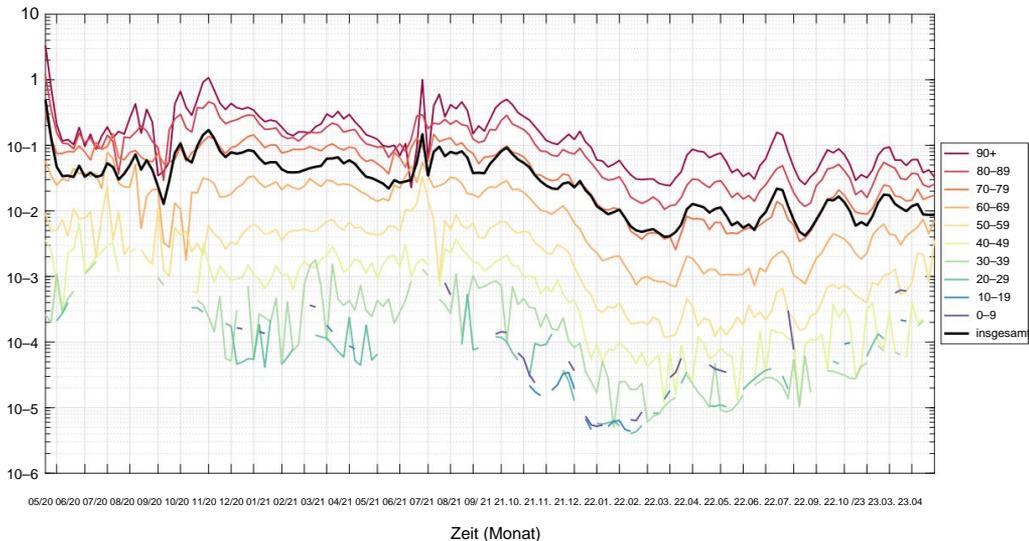


Abbildung 8. Für jede deutsche Alterskohorte die wochenaufgelösten PFR-Werte (DPF/NAApos) im Zeitraum 05/2020 bis 07/2022, grundsätzlich unter Anwendung einer Zeitverschiebung von zwei Wochen nach vorne auf den DPF.

(unbedingt: rAM bzw. rAM,f) und innerhalb des jeweiligen Intervalls (Jahr bzw. Grippesaison) sterben, nachdem ein NAA-Test positiv getestet wurde (bedingt: PFR). Aus den im vorstehenden Absatz genannten Gründen wird hier nicht auf die PFR-Werte des Jahres 2021 und der Grippesaison 2021/22 eingegangen.

- Alle AMR-Werte, die von 2019 bis 2021 leicht ansteigen, stimmen vollständig mit den entsprechend steigenden Gesamt-EMV-Werten überein, die aus Tabelle 1 hervorgehen. Die AMR-Werte in den Jahren 2020 und 2021 waren höher als im Jahr 2019 für diejenigen mit den höchsten AMR-Werten (90+ und 80–). 89 Kohorten), bis zum Alter von 30 Jahren nur geringfügig höher und bei der Kohorte 0–29 sogar geringfügig niedriger.
- Die AMR-Werte der Grippesaison (zweite und dritte Corona-Welle) 2020/21 sind in allen Kohorten 60+ moderat höher als in der Grippesaison 2019/2020, bei der Kohorte 30–59 sogar geringfügig höher niedriger für die Kohorte 0–29. Gleiches gilt für die Einstufung der AMR der Grippesaison 2020/21 im Vergleich zu den jährlichen AMR-Werten sowohl im Jahr 2020 als auch im Jahr 2021. Dies ist vor allem darauf zurückzuführen, dass die Grippesaison 2019/20 außergewöhnlich mild verlief (siehe noch einmal die Gesamtüberschusswerte in Tabelle 2), wobei die AMR-Werte in jeder Kohorte sogar niedriger waren als die f-jährlichen AMR-Werte in allen Jahren 2019–2021, mit Ausnahme des außergewöhnlich niedrigen AMR 2019 in den Kohorten über 80: Nicht nur die Die Grippesaison 2019/20 war sehr mild, aber auch das Vorjahr 2019 war offensichtlich außergewöhnlich mild (siehe auch Tabelle 1, die auf eine deutliche Gesamtuntersterblichkeit, negative EMC, im Jahr 2019 hinweist).
- Die AMR-Werte 2021/22 sind praktisch die gleichen wie in der Saison 2020/21, über alle Kohorten hinweg, was wiederum völlig im Einklang mit den jeweiligen EMC-Werten steht, die in diesen Saisons gemäß Tabelle 2 nahezu gleich sind.
- Im Jahr 2020 ist der PFR-Wert der Ältesten (90+: 0,2945) höher als alle AMR- und AMR-Werte in den Jahren 2019–2021 bzw. 2019/20–2021/2022. Interessanterweise war der PFR-Wert in der Grippesaison 2020/21 niedriger als im Jahr 2020 und sogar niedriger als die jeweiligen AMR-Werte in beiden Grippesaisonen 2020/21 und 2021/22.
- Die PFR-Werte der drei Kohorten 60–89 lagen alle zwischen zwei und dreieinhalb Mal höher als die jeweiligen AMR-Werte in den Jahren 2019 und 2020 bzw. AMR-Werte in der Grippesaison 2020/21, f. Interessanterweise waren die PFR-Werte dieser drei Kohorten wie in der Kohorte 90+ in der Grippesaison 2020/21 niedriger als im Jahr 2020.
- Für die Kohorte der 50- bis 59-Jährigen waren die PFR-Werte im Jahr 2020 und in der Grippesaison 2020/21 nur geringfügig höher als die jeweiligen AMR- und AMR-Werte. Für alle jüngeren Kohorten waren die PFR-Werte in beiden Intervallen f deutlich niedriger (nur ein Viertel bei den Jüngsten) als alle AMR-Werte von 2019 bis 2021 und die AMR-Werte der Grippesaisonen 2020/21 und 2021/22. F
- Die gesamten (nach Kohortenanteil gewichteten) PFR-Werte in Deutschland waren etwa doppelt so hoch wie die gesamten deutschen AMR-Werte, da sie von der NAA-bedingten Sterblichkeitsüberschreitung dominiert wurden

	100%	200%	300%	400%	500%	600%	700%	800%	900%	1000%
100%	100%	200%	300%	400%	500%	600%	700%	800%	900%	1000%
200%	200%	400%	600%	800%	1000%	1200%	1400%	1600%	1800%	2000%
300%	300%	600%	900%	1200%	1500%	1800%	2100%	2400%	2700%	3000%
400%	400%	800%	1200%	1600%	2000%	2400%	2800%	3200%	3600%	4000%
500%	500%	1000%	1500%	2000%	2500%	3000%	3500%	4000%	4500%	5000%
600%	600%	1200%	1800%	2400%	3000%	3600%	4200%	4800%	5400%	6000%
700%	700%	1400%	2100%	2800%	3500%	4200%	4900%	5600%	6300%	7000%
800%	800%	1600%	2400%	3200%	4000%	4800%	5600%	6400%	7200%	8000%
900%	900%	1800%	2700%	3600%	4500%	5400%	6300%	7200%	8100%	9000%
1000%	1000%	2000%	3000%	4000%	5000%	6000%	7000%	8000%	9000%	10000%

	100%	200%	300%	400%	500%	600%	700%	800%	900%	1000%
100%	100%	200%	300%	400%	500%	600%	700%	800%	900%	1000%
200%	200%	400%	600%	800%	1000%	1200%	1400%	1600%	1800%	2000%
300%	300%	600%	900%	1200%	1500%	1800%	2100%	2400%	2700%	3000%
400%	400%	800%	1200%	1600%	2000%	2400%	2800%	3200%	3600%	4000%
500%	500%	1000%	1500%	2000%	2500%	3000%	3500%	4000%	4500%	5000%
600%	600%	1200%	1800%	2400%	3000%	3600%	4200%	4800%	5400%	6000%
700%	700%	1400%	2100%	2800%	3500%	4200%	4900%	5600%	6300%	7000%
800%	800%	1600%	2400%	3200%	4000%	4800%	5600%	6400%	7200%	8000%
900%	900%	1800%	2700%	3600%	4500%	5400%	6300%	7200%	8100%	9000%
1000%	1000%	2000%	3000%	4000%	5000%	6000%	7000%	8000%	9000%	10000%

.....

## Anhang B. Optimale Anpassungsparameter

Siehe Tabellen 8 und 9.

## Anhang C. Numerische Extrapolation der Todeszahlen

Ziel dieses Anhangs ist es, eine Erklärung dafür zu geben, wie die verschiedenen von der WHO unterstützten Schätzungen der jährlichen Todeszahlen in den Jahren 2020 und 2021 [15,18,19] hätten erreicht werden können. Es ist wichtig zu beachten, dass das zugrunde liegende generalisierte additive Modell (GAM) phänomenologischer Natur ist, d Anzahl der Todesfälle zwischen 2015 und 2019.

Indem wir das Modell verdichten, indem wir (i) die Poisson-Stichprobe sowie (ii) die Variation innerhalb eines Jahres weglassen und (iii) uns auf jährliche statt auf wöchentliche Berichte verlassen, wollen wir die AMC für 2020 und 2021 schätzen. Die Modellgleichung [18, Gleichung 2] deutet darauf hin, dass anfänglich die Spline-Extrapolation verwendet wurde, die resultierende „Überschätzung jedoch aufgrund einer Kombination von Daten-/Modellproblemen zu hoch war“ [15], sodass sie schließlich durch eine lineare Regression ersetzt wurde. Basierend auf dem jährlichen AMC von 2015–2019 extrapolieren wir das AMC von 2020 (Zählung: 985.600) und 2021 (Zählung: 1.024.000) unter Anwendung von drei Methoden.

Zunächst wurde eine kubische Spline-Glättung mit der MatLab-Routine `csaps` mit einem Glättungsparameter von 1 durchgeführt, um die Interpolation sicherzustellen. Dieser Spline wurde dann mit der Routine `fnxtr` mit einer Glättebedingung der Ordnung 3 extrapoliert. Das Ergebnis dieser Methode stimmt gut mit dem ursprünglichen Ergebnis überein (Mai 2022).

Die WHO prognostiziert für 2020 (Hochrechnung: 914.500; WHO: 919.200) und 2021 (Hochrechnung: 888.600; WHO: 889.300) und würde zu einer Gesamt-EMC von etwa 200.000 führen. Zweitens war die natürliche Fortsetzung des Glättungsplines berechnet, d. h. die Koeffizienten aus dem Glättungspline wurden auf dem vergrößerten Intervall bis 2021 verwendet. Diese Methode liefert Werte, die sowohl für 2020 (Fortsetzung: 924.200; WHO: 929.900) als auch für 2021 nahe an der in [15,18] dargestellten WHO-Schätzung liegen (Fortsetzung: 956.900; WHO: 963.000), was zu einem EMC von etwa 120.000 führt. Drittens wurden die AMC-Daten von 2015–2019 durch eine lineare Funktion unter Verwendung des Routine-Polyfits mit einem Polynom vom Grad 1 angenähert. Die Werte von Diese Extrapolation liegt nahe an denen im neuesten WHO-Datensatz [19], wiederum sowohl für 2020 (Regression: 954.300; WHO: 951.100) als auch für 2021 (Regression: 961.600; WHO: 956.900), was zu einer EMC von etwa 100 000.

Abbildung 9 zeigt die oben skizzierten Ergebnisse. Obwohl alle drei Alternativen erhebliche Vereinfachungen der von der WHO empfohlenen Modelle darstellen, ist die Übereinstimmung bemerkenswert. Dieses Spielzeugbeispiel zeigt auch die Gefahr der Extrapolation eines phänomenologischen GAM, die in der zugrunde liegenden Quelle als Ermahnung formuliert ist [58]: „Extrapolation ist immer noch eine ziemlich gefährliche Sache, und wir sollten uns besser nicht zu lange darauf verlassen.“ Zukunft! Daher müssen die Ergebnisse der Hochrechnung validiert werden – beispielsweise durch Tests der Methode für frühere Jahre –, um ihre Aussagekraft sicherzustellen und Willkür zu vermeiden. Um Letzteres zu demonstrieren, wird eine zusätzliche vierte Extrapolationsmethode, eine lineare Regression, die die Jahre 2014–2019 als Grundlage verwendet, gezeigt; siehe auch [62]. Hier würden die Werte für 2020 (Regression: 968.500) und 2021 (Regression: 981.800) eine EMC von nur 59.300 ergeben, was die von der WHO empfohlenen EMC-Prognosen halbiert bzw. sogar verdrittelt.









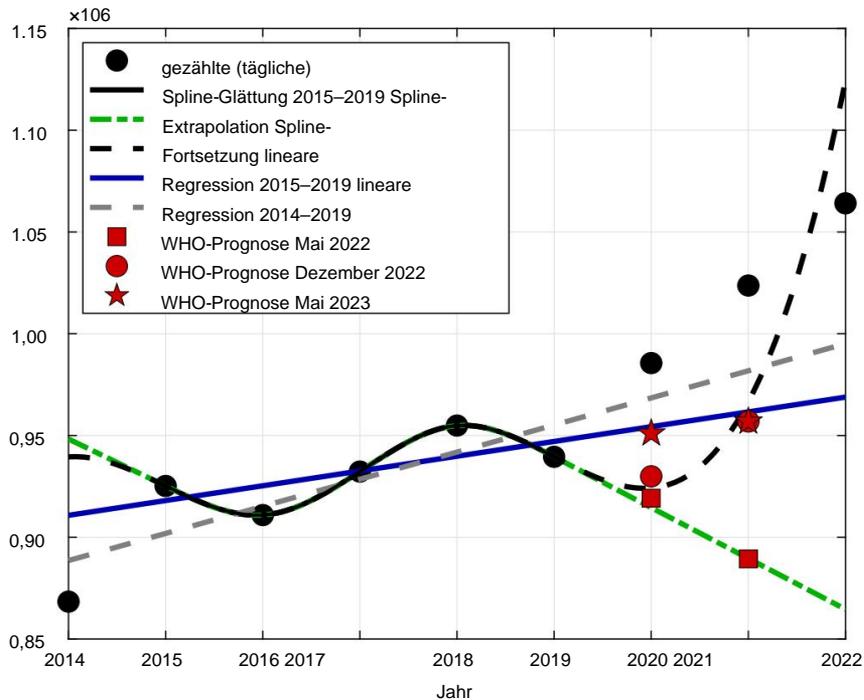


Abbildung 9. Vier Möglichkeiten, die jährlichen Sterbefallzahlen in Deutschland zwischen 2015 und 2019 zu extrapolieren. Erstens und zweitens kann die Verwendung eines Glättungssplines (schwarze Linie), seiner Extrapolation (grüne strichpunktete Linie) oder seiner Fortsetzung (schwarze gestrichelte Linie) erfolgen berechnet werden. Drittens wird eine lineare Regression (blaue Linie) auf Basis der Jahre 2015–2019 durchgeführt. Diese drei Methoden stimmen gut mit den Prognosen der WHO vom Dezember 2022 (rote Kreise), Mai 2022 (rote Quadrate) und Mai 2023 (rote Sterne) überein. Beachten Sie, dass für 2021 ein roter Kreis und ein Stern überlagert sind. Viertens ist zum Vergleich eine lineare Regression (graue gestrichelte Linie) auf Basis von 2014–2019 dargestellt.

## Verweise

- Anonym. 2022 Eine europäische Aktivität zur Überwachung der Sterblichkeit. EuroMOMO. Siehe <https://euromomo.eu/graphs-and-maps/>.
- Weitkunat R, Junker C, Caviezel S, Fehst K. 2021 Mortalitätsüberwachung in der Schweiz. *Swiss Med. Wkly.* 151, w30030. (doi:10.4414/SMW.2021.w30030)
- Taylor R, Lewis M, Powles J. 1998 Der australische Mortalitätsrückgang: ursachenspezifische Mortalität 1907–1990. *Aust. NZ J. Public Health* 22, 37–44. (doi:10.1111/j.1467-842X.1998.tb01142.x)
- Anonym. 1999 Erfolge im öffentlichen Gesundheitswesen, 1900–1999: Bekämpfung von Infektionskrankheiten. CDC MMRW. Siehe <https://www.cdc.gov/mmwr/preview/mmwrhtml/mm4829a1.htm>.
- Aungkulanon S, McCarron M, Lertindumrong J, Olsen SJ, Bundhamchareon K. 2012 Sterblichkeitsraten bei Infektionskrankheiten, Thailand, 1958–2009. *Emerg. Infizieren. Dis.* 18, 1794–1801. (doi:10.3201/eid1811.120637)
- Woolf SH, Schoemaker H. 2019 Lebenserwartung und Sterblichkeitsraten in den Vereinigten Staaten, 1959–2017. *JAMA* 322, 1996–2016. (doi:10.1001/jama.2019.16932)
- López-Cuadrado T, Uácer A, Palmera-Suárez R, Gómez-Barroso D, Savulescu C, González-Yuste P, Fernández-Cuenca R. 2015 Trends in der Sterblichkeitsrate bei Infektionskrankheiten, Spanien, 1980–2011. *Emerg. Infizieren. Dis.* 20, 783–789. (doi:10.3201/eid2005.131528)
- Kodama K, Salty Pepper T, Bastos FI, Bellido JG. 2012 Sklavensterblichkeit während der Cholera-Epidemie in Rio de Janeiro (1855–1856): eine vorläufige Analyse. *Hist. Cienc. Gesunde psychische Gesundheit* 19, 59–79. Englische Übersetzung. Siehe <https://www.skyelo.br/j/hcsm/a/96xHDChJMh3gRXWzQZQLXD/7lang=en>.
- Gavrilova NS, Gavrilov LA. 2020 Sterblichkeitsmuster während einer Pandemie: ein Beispiel für die Spanische Grippepandemie von 1918. *Bevölkerung. Wirtschaft.* 4, 56–64. (doi:10.3897/popecon.4.e53492)
- Dahal S, Jenner M, Dinh L, Mizumoto K, Viboud C, Chowell G. 2018 Übermäßige Sterblichkeitsmuster während der Grippepandemie 1918–1921 im Bundesstaat Arizona, USA. *Ann. Epidemiol.* 28, 273–280. (doi:10.1016/j.annepidem.2017.12.005)
- Leinsalu M, Vägerö D, Kunst AE. 2003 Estland 1989–2000: enormer Anstieg der Sterblichkeitsunterschiede je nach Bildung. *Int. J. Epidemiol.* 32, 1081–1087. (doi:10.1093/ije/dyg192)
- Luquero FJ et al. 2016 Sterblichkeitsraten während der Cholera-Epidemie, Haiti, 2010–2011. *Emerg. Infizieren. Dis.* 22, 410–416. (doi:10.3201/eid2203.141970)
- Anonymous. 2021 Ungeduld darf nicht zu Übermut werden—Spann rät trotz Erfolgen bei Pandemie-Eindämmung zu Vorsicht. *Handelsblatt* (auf Deutsch). Siehe <https://www.handelsblatt.com/politik/deutschland/corona-lage-ungeduld-darf-nicht-zu-uebermut-werden-spann-raet-trotz-erfolgen-bei-pandemie-eindaemmung-zu-vorsicht/27212466.html>.
- Anonymous. 2023 Sterbefälle—Fallzahlen nach Tagen, Wochen, Monaten, Altersgruppen, Geschlecht und Bundesländern für Deutschland 2016–2023. *Destatis* (auf Deutsch). Siehe <https://www.destatis.de/DE/Themen/Gesellschaft-Umwelt/Bevoelkerung/Sterbefaelle-Lebenserwartung/Tabellen/sonderauswertung-sterbefaelle.html> (abgerufen am 22. Mai 2023).
- Msemburi W, Karlinsky A, Knutson V, Aleshin-Guendel S, Chatterji S, Wakefield J. 2023 Die WHO schätzt die übermäßige Sterblichkeit im Zusammenhang mit der COVID-19-Pandemie. *Natur* 613, 130–137. (doi:10.1038/s41586-022-05522-2)
- Anonym. 2022 Methoden zur Schätzung der mit der COVID-19-Pandemie verbundenen Übersterblichkeit. *Weltgesundheitsorganisation* (letzter Zugriff 2. Dezember 2022); bei der WHO nicht mehr zugänglich; als ergänzendes Material bereitgestellt (SM1).

17. Anonym. 2022 Technische Beratungsgruppe zur COVID-19-Sterblichkeitsbewertung. Weltgesundheitsorganisation. Siehe <https://www.who.int/data/technical-advisory-group/covid-19-mortality-assessment> (abgerufen am 22. Mai 2023).
18. Knutson V, Aleshin-Guendel S, Karlinsky A, Msemburi W, Wakefield J. 2023 Schätzung der globalen und länderspezifischen Übersterblichkeit während der COVID-19-Pandemie. *Ann. Appl. Stat.* 17, 1353–1374. (doi:10.1214/22-AOAS1673)
19. Anonym. 2023 Weltweite Überzahl an Todesfällen im Zusammenhang mit COVID-19 (modellierte Schätzungen); Datendatei WHO\_COVID\_Excess\_Deaths\_EstimatesByCountry.xlsx (Arbeitsblatt „Land nach Jahr und Monat“, Spalte „erwarteter Mittelwert“, Deutschland). Weltgesundheitsorganisation. Siehe <https://www.who.int/data/sites/global-excess-deaths-associated-with-covid-19-modelled-estimates>
20. Anonymous. 2023 Coronavirus SARS-CoV-2—Todesfälle nach Sterbedatum. Robert-Koch-Institut (in German). See [https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges\\_Coronavirus/Projekte\\_RKI\\_COVID-19\\_Todesfaelle.xlsx](https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Projekte_RKI_COVID-19_Todesfaelle.xlsx) (accessed 23 May 2023).
21. Anonymous. 2020 Coronavirus-Krankheit-2019 (COVID-19) (SARS-CoV-2). Robert-Koch-Institut (in German). See [https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges\\_Coronavirus/Falldefinition.pdf?\\_\\_blob=publicationFile](https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Falldefinition.pdf?__blob=publicationFile) (accessed 22 May 2023).
22. Corman VM et al. 2020 Entdeckung des Romans von 2019 Coronavirus (2019-nCoV) durch Echtzeit-RT-PCR. *Eurosurveillance* 25, 2000045. (doi:10.2807/1560-7917.ES.2020.25.3.2000045)
23. Borger P et al. 2020: Externe Peer-Review des RTPCR-Tests zum Nachweis von SARS-CoV-2 deckt 10 große wissenschaftliche Mängel auf molekularer und methodischer Ebene auf: Konsequenzen für falsch positive Ergebnisse. Corman-Drosten Review Report eines internationalen Konsortiums von Wissenschaftlern in den Biowissenschaften (ICSLS).
24. Knabl L et al. 2021 Hoch SARS-CoV-2 Seroprävalenz bei Kindern und Erwachsenen im österreichischen Skigebiet Ischgl. *Komm. Med.* 1, 4. (doi:10.1038/s43856-021-00007-1)
25. Streeck H et al. 2020 Infektionssterblichkeitsrate von SARS-CoV2 bei einem Super-Spreading-Ereignis in Deutschland. *Nat. Komm.* 11, 5829. (doi:10.1038/s41467-020-19509-y)
26. Stringhini S et al. 2020 Seroprävalenz von Anti-SARS-CoV-2-IgG-Antikörpern in Genf, Schweiz (SEROCoV-POP): eine bevölkerungsbasierte Studie. *Lancet* 396, 313–319. (doi:10.1016/S0140-6736(20)31304-0)
27. Anonymous. 2021 Sterbefälle—Fallzahlen nach Tagen, Wochen, Monaten, Altersgruppen, Geschlecht und Bundesländern für Deutschland 2000–2015. Destatis (in German). See <https://www.destatis.de/DE/Themen/Gesellschaft-Umwelt/Bevoelkerung/Sterbefaelle-Lebenserwartung/Tabellen/sonderauswertung-sterbefaelle-endgueltige-daten.html> (accessed 22 May 2023).
28. Anonymous. 2023 Coronavirus SARS-CoV-2—COVID-19-Fälle nach Altersgruppe und Meldewoche. Robert-Koch-Institut (in German). See [https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges\\_Coronavirus/Daten/Altersverteilung.xlsx](https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Daten/Altersverteilung.xlsx) (accessed 23 May 2023).
29. Anonym. 2022 14. Bevölkerungsvorausberechnung für Deutschland. Destatis (auf Deutsch). Siehe <https://service.destatis.de/bevoelkerungspyramide> (abgerufen am 22. Mai 2023).
30. Anonymous. 2019 Bericht zur Epidemiologie der Influenza in Deutschland Saison 2018/19. Robert-Koch-Institut—Arbeitsgemeinschaft Influenza (in German). See <https://influenza.rki.de/saisonberichte/2018.pdf> (accessed 23 May 2023).
31. Anonym. 2022 ISO-Wochendatum. WIKIPEDIA. Siehe [https://en.wikipedia.org/wiki/ISO\\_weekly\\_date](https://en.wikipedia.org/wiki/ISO_weekly_date).
32. Anonymous. 2022 Alterspyramide (berechnet). Destatis (in German). See <https://service.destatis.de/bevoelkerungspyramide/> (accessed 22 May 2023). 33. zur Nieden F, Engelhart A. 2021 Sterbefallzahlen und Übersterblichkeit während der Corona-Pandemie in Deutschland (auf Deutsch). Siehe <https://www.destatis.de/DE/Methoden/WISTA-Wirtschaft-und-Statistik/2021/03/sterbefallzahlen-corona-pandemie-032021.pdf> (abgerufen am 6. Mai 2023).
34. Jin R. 2021 Die Verzögerung zwischen täglich gemeldeten COVID-19-Fällen und Todesfällen und ihr Zusammenhang mit dem Alter. *J. Public Health Res.* 10, 2049. (doi:10.4081/jphr.2021.2049)
35. Simpson EH. 1951 Die Interpretation von Interaktion in Kontingenztabellen. *JR-Stat. Soc. B (Method.)* 13, 238–241. (doi:10.1111/j.2517-6161.1951.tb00088.x)
36. Blyth CR. 1972 Über Simpsons Paradoxon und das Sicher-Ding-Prinzip. *Marmelade. Stat. Assoc.* 67, 364–366. (doi:10.1080/01621459.1972.10482387)
37. Wagner CH. 1982 Simpsons Paradoxon im wirklichen Leben. *Ich habe. Zustand.* 36, 46–48. (doi:10.1080/00031305.1982.10482778)
38. Henze N. 2021 Ein Simpson-Paradoxon bei Covid-19-Todesfallraten. *Stoch. Schule* 41, 33–35 (in German).
39. Nepomuceno MR, Klimkin I, Zhdanov DA, Alustiza-Galarza A, Shkolnikov VM. 2022 Sensitivitätsanalyse der Übersterblichkeit aufgrund der COVID-19-Pandemie. *Bevölkerung. Entwickler Rev.* 48, 279–302. (doi:10.1111/padr.12475)
40. Stang A, Standl F, Kowall B, Brune B, Böttcher J, Brinkmann M, Dittmer U, Jöckel KH. 2020 Excess mortality due to COVID-19 in Germany. *J. Infect.* 81, 797–801. (doi:10.1016/j.jinf.2020.09.012) 41. von Stillfried S, Bülow RD, Röhrig R, Boor P. 2022 Erster Bericht aus dem deutschen COVID-19-Autopsieregister. *Lancet Reg. Gesundheit* 15, 100330.
42. Anonymous. 2021 Epidemiologischer Steckbrief zu SARS-CoV-2 und COVID-19. Robert-Koch-Institut (in German). See [https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges\\_Coronavirus/Steckbrief.html](https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Steckbrief.html) (accessed 22 May 2023).
43. Ma Q, Liu J, Liu Q, Kang L, Liu R, Jing W, Wu Y, Liu M. 2021 Globaler Prozentsatz asymptomatischer SARS-CoV-2-Infektionen in der getesteten Bevölkerung und Personen mit bestätigter COVID-19-Diagnose: eine systematische Überprüfung und Metaanalyse. *JAMA Netw. Öffnen Sie* 4, e2137257. (doi:10.1001/jamanetworkopen.2021.37257)
44. Buñrago-García D et al. 2022 Vorkommen und Übertragungspotenzial asymptomatischer und präsymptomatischer SARS-CoV-2-Infektionen: Aktualisierung einer lebenden systematischen Überprüfung und Metaanalyse. *PLoS Med.* 19, e1003987. (doi:10.1371/journal.pmed.1003987)
45. Wang B et al. 2023 Asymptomatische SARS-CoV-2-Infektion nach Alter: eine globale systematische Überprüfung und Metaanalyse. *Pädiatr. Infizieren. Dis. J.* 42, 232–239. (doi:10.1097/INF.0000000000003791)
46. Doshi P. 2009 Kalibrierte Reaktion auf neu auftretende Infektionen. *Br. Med. J.* 339, b3471. (doi:10.1136/bmj.b3471)
47. Cohen D, Carter P. 2010 WHO und die „Verschwörungen“ der pandemischen Grippe. *Br. Med. J.* 340, c2912. (doi:10.1136/bmj.c2912)
48. Gesetz R. 2010 WHO und die pandemische Grippe „Verschwörungen“. *Br. Med. J.* 340, c3460. (doi:10.1136/bmj.c3460)
49. Doshi P. 2011 Die schwer fassbare Definition von Pandemie Influenza. *Stier. Weltgesundheitsorgan.* 89, 532–538. (doi:10.2471/BLT.11.086173)
50. Anonym. Grippepandemie 2009 Bereitschaft und Reaktion: ein Leitliniendokument der WHO. Weltgesundheitsorganisation. Siehe <https://www.who.int/publications/item/9789241547680> (abgerufen am 22. Mai 2023).
51. De Nicola G, Kauermann G, Hähle M. 2022 Zur berechnung der übersterblichkeit in deutschland während der COVID-19-Pandemie [English: On assessing excess mortality in Germany during the COVID-19 pandemic]. *ASIA Wirtschafts Sozialstatistisches Archiv* 16, 5–20. (doi:10.1007/s11943-021-00297-w)
52. De Nicola G, Kauermann G. 2022 Ein Update zur Übersterblichkeit im zweiten Jahr der COVID-19-Pandemie in Deutschland. *ASIA Wirtschafts Sozialstatistisches Archiv* 16, 21–24. (doi:10.1007/s11943-022-00303-9)
53. Kuhbandner C, Reitzner M. 2023 Schätzung der Übersterblichkeit in Deutschland im Zeitraum 2020–2022. *Cureus* 15, e39371. (doi:10.7759/cureus.39371)
54. Wang H et al. (die COVID-19 Excess Mortality Collaborators). 2022 Schätzung der Übersterblichkeit aufgrund der COVID-19-Pandemie: eine systematische Analyse der COVID-19-bedingten Sterblichkeit, 2020–21. *Lancet* 399, 1513–1536. (doi:10.1016/S0140-6736(21)02796-3)
55. Anonymous. 2022 Lebenserwartung, Sterbetafel. Destatis (in German). See [https://www.destatis.de/DE/Themen/Gesellschaft-Umwelt/Bevoelkerung/Sterbefaelle-Lebenserwartung/Tabellen/\\_tabellen-innen-lebenserwartung-sterbetafel.html](https://www.destatis.de/DE/Themen/Gesellschaft-Umwelt/Bevoelkerung/Sterbefaelle-Lebenserwartung/Tabellen/_tabellen-innen-lebenserwartung-sterbetafel.html) (accessed 22 May 2023).
56. Németh L, Jdanov DA, Shkolnikov VM. 2022 Eine webbasierte Open-Source-Anwendung zur Analyse der wöchentlichen Übersterblichkeit auf der Grundlage der Datenreihe zu kurzfristigen Sterblichkeitsschwankungen. *PLoS ONE* 16, e0246663. (doi:10.1371/journal.pone.0246663)
57. Prada JP, Maag LE, Siegmund L, Bencurova E, Liang C, Koutsilieris E, Dandekar T, Scheller C. 2022 Schätzung von R0 für die Ausbreitung von SARS-CoV-2 in Deutschland durch Übersterblichkeit. *Wissenschaft. Rep.* 12, 17221. (doi:10.1038/s41598-022-22101-7)
58. Holz SN. 2017 Verallgemeinerte additive Modelle: an Einführung mit R. London, UK: Chapman & Hall/CRC.
59. Zucs P, Buchholz U, Haas W, Uphoff H. 2005 Influenza-bedingte Übersterblichkeit in Deutschland, 1985–2001. *Emerg. Themen Epidemiol.* 2, 1–9. (doi:10.1186/1742-7622-2-6)
60. Zucs P et al. 2015 Aktualisierung der der Influenza zugeschriebenen Mortalität, bis einschließlich der Saison

- 2012/13. Epidemiologisches Bull. 3, 17–20 (in German). See [https://www.rki.de/DE/Content/ Infekt/ EpidBull/Archiv/2015/Ausgaben/03\\_15. pdf](https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/Archiv/2015/Ausgaben/03_15.pdf).
61. Sachs JD et al. 2022 Die Lancet-Kommission am Lehren für die Zukunft aus der COVID-19-Krise Pandemie. Die Lancette 400, 1224–1280. (doi:10. 1016/S0140-6736(22)01585-9)
62. Eder G. 2021 Ein statistischer Blick auf die Übersterblichkeit in Zeiten von Corona. NachDenkSeiten (in German). See [https://www. nachdenkseiten.de/?p=69639](https://www.nachdenkseiten.de/?p=69639).
63. Rockenfeller R, Günther M, Mörl F. 2023 Todesfälle sind übertrieben: Gesamt mortalität und NAA-Test-bedingte Mortalität in Deutschland während der SARS-CoV-2-Ära. Figshare. (doi:10.6084/ m9.figshare.c.6742241 )