

stimmte, wäre COVID-19 – abgesehen von Geschlechtskrankheiten – die erste Infektion in der Geschichte der Menschheit, die nicht von Kindern weiterverbreitet würde. Wie aktuellere Untersuchungen zeigten, infizieren sich Kinder genauso oft mit COVID-19 wie Erwachsene, haben dieselbe «Virenlast» (Menge an Viren im Körper) wie Erwachsene und sind auch genauso infektiös wie Erwachsene. Die meisten Kinder entwickeln jedoch keine lebensbedrohlichen Symptome – auch wenn es in einigen Fällen leider vorkommt. Wahrscheinlich hängt dies damit zusammen, wie effektiv das Immunsystem arbeitet und, wie es inzwischen scheint, ob die Infektion das Immunsystem veranlasst, den eigenen Körper anzugreifen, statt ihn zu verteidigen; eine Taktik, die das Virus nutzt. Kinder haben meist ein höchst effektives Immunsystem, ältere Menschen häufig nicht; dies gilt vor allem für ältere Menschen mit schweren Vorerkrankungen wie Herzerkrankungen, vielen Krebsformen, Lungenproblemen und anderen mehr. Tatsächlich könnten solche Probleme der Hauptgrund für schwere Symptome bei älteren Menschen sein, weniger das Alter selbst.

Das Hauptproblem bei der Modellierung von altersabhängigen Effekten oder überhaupt Effekten, die sich von Person zu Person unterscheiden, besteht nicht in der Aufstellung des Modells an sich, sondern darin, genügend verlässliche Daten zu finden, um sie ins Modell einzuspeisen. Kompartiment-Modelle können zusätzliche Kompartimente für unterschiedliche Altersgruppen mit jeweils unterschiedlichen Parametern enthalten. Eine ältere S-Person kann zu einer älteren I- bzw. R-Person werden, und Gleiches gilt für Kinder, wobei es unterschiedliche Parameter für jeden Wechsel zwischen den Gruppen gibt. Ein S-Kind kann jedoch nicht zu einem I- oder R-Erwachsenen werden – nicht im Zeitraum der Infektion, die sich im Verlauf von Wochen statt von Jahren abspielt. Das Modell muss überdies die Tatsache widerspiegeln, dass Erwachsene sich bei Kindern und Kinder sich bei Erwachsenen anstecken können.

Trotz dieser einschränkenden Annahmen können Kompartiment-Modelle oft als nützlicher Leitfaden dienen. Sie haben zudem den Vorteil, dass sie leicht zu berechnen sind. Es gibt raffiniertere Modelle, die auf der Komplexitätswissenschaft basieren und in denen jedes Individuum als

separater «Agent» mit eigenem Level an Immunität, Exposition etc. betrachtet wird. Sie zeigen, wie die Ausbreitung der Infektion durch Kontakte zwischen Agenten vorangetrieben wird. Die Agenten und ihre Kontakte lassen sich als Netzwerk darstellen, als eine Ansammlung von Punkten (die als Knoten oder Vertex bezeichnet werden): einer für jede Person, wobei Linien (sogenannte Kanten) Individuen verbinden, die miteinander in Kontakt kommen. Diese Netzwerke können auf statistischen Informationen basieren, zum Beispiel, wie häufig eine bestimmte Person mit einer anderen in Kontakt kommt oder wie viele Kontakte sie im Durchschnitt täglich hat. Sie können sich im Lauf der Zeit verändern. Um die Realität besser widerzuspiegeln, können sie auf «Big Data» fußen, den riesigen Informationsmengen, die sich heutzutage sammeln, speichern und computertechnisch verarbeiten lassen.

Noch besser ist, dass sich all diese Ansätze kombinieren lassen. Kürzlich haben Serina Chang und ihre Mitarbeiter im renommierten Wissenschaftsjournal *Nature* den Artikel «Mobility network models of COVID-19 explain inequities and inform reopening» veröffentlicht, der genau das beschrieb. Sie kombinierten das SEIR-Modell mit höchst detaillierten Netzwerkmodellen der Infektionsübertragung für verschiedene Treffpunkte und Menschengruppen. Dazu benutzten sie Mobiltelefonaten, um die Bewegungsprofile von 98 Millionen Amerikanern zu verfolgen, und stellten die Daten als Netzwerk dar, das die stündlichen Bewegungen von 56945 Personen zwischen 552758 Treffpunkten kartierte. Sie verwendeten dabei 5,4 Milliarden zeitlich veränderliche Kanten, die im Einstudentakt neu bestimmt wurden. In Kombination mit einem einfachen SEIR-Modell passten die Ergebnisse gut zu den Beobachtungen, obwohl die Bevölkerung ihr Verhalten im Lauf der Zeit veränderte.

Das resultierende Netzwerk sagte voraus, wie sich das Öffnen oder Schließen bestimmter Treffpunkte – Restaurants, Friseursalons, Sportstadien – auswirken würde. Wie das Modell zeigt, ist eine kleine Zahl «Superspreader»-Treffpunkte für einen Großteil aller Infektionen verantwortlich. Demnach sei es zur Infektionskontrolle vermutlich

effizienter, die Zahl der Menschen an solchen «Superspreader»-Punkten zu reduzieren, als die Mobilität allgemein einzuschränken. Das Modell sagt korrekt auch höhere Infektionsraten unter Angehörigen benachteiligter ethnischer und sozioökonomischer Gruppen voraus, für die es schwieriger ist, ihre Mobilität einzuschränken, und die stärker bevölkerte Orte besuchen müssen.

Solche Modelle können umfangreiche reale Daten benutzen, um Epidemien und Pandemien wirksam zu bekämpfen, auch wenn wir diese nicht verhindern können. Wir können mögliche Vorgehensweisen in einem Computermodell testen, bevor wir uns für eine Strategie entscheiden. In jüngerer Zeit wurden solche Methoden in Großbritannien eingesetzt, um Ausbrüche der Maul- und Klauenseuche bei Rindern zu kontrollieren. Und weiteres Modellieren im Anschluss hat die verwendete Strategie noch verfeinert.

Die Mathematik kann sogar neue Möglichkeiten zur Ressourcennutzung aufzeigen. In der Anfangsphase der COVID-19-Pandemie kam es zu einem Mangel an Tests, die herausfinden sollten, wer sich infiziert hatte. Wenn das Infektionsniveau niedrig ist, besteht eine Möglichkeit, Tests besser zu nutzen, indem man eine recht große Anzahl von Personen – sagen wir 100 – einem «Pooltest» (auch Batchtest) unterzieht, welcher ihre Proben zu einem Sammeltest zusammenführt. Ein einziger Test des gesamten Pools kann dann zeigen, dass niemand infiziert ist, oder er kann zeigen, dass jemand infiziert ist, ohne aber zu wissen, wer es ist. Die schlichte Vorgehensweise ist dann, jeden Teilnehmer einzeln zu testen. Bei dieser Methodik verbraucht man einen zusätzlichen Test, wenn der Pool positiv ist, spart aber 99, wenn er negativ ausfällt – was gewöhnlich zutrifft, solange das Infektionsniveau niedrig ist – wie zu Anfang einer Pandemie, wenn zudem Testmaterialien knapp sind.

Raffiniertere Methoden zur Sammelanalyse von Proben können die Zahl der Tests optimieren, die zur Identifikation von Infizierten erforderlich ist. Ein einfaches Schema dieser Art besteht darin, die 100 Personen auf ein 10×10 -Gitter zu verteilen und dann jeweils Proben

von Personen aus derselben Reihe und von Personen aus derselben Spalte zu kombinieren. Diese 20 Proben werden getestet. Ist niemand infiziert, sind alle Tests negativ. Wenn genau eine Person infiziert ist, sind genau zwei Tests positiv, nämlich die für die Reihe und die Spalte der betreffenden Person. Das offenbart dann sofort, welche Person infiziert ist. Sind zwei Personen infiziert, identifizieren Reihe und Spalte maximal vier Personen, die dann separat getestet werden können. Mathematiker untersuchen «Blockdesigns» dieses Typs seit Jahrzehnten.

Wird die Infektionsrate zu hoch, bringt es nichts mehr, Proben auf diese Art zu kombinieren, doch solange die Inzidenz recht niedrig ist, lassen sich auf diese Weise viele unnötige Tests einsparen. Sie ist daher im Frühstadium einer Pandemie am nützlichsten. Methoden dieser Art verlangen jedoch eine spezielle Ausrüstung, um Proben auf die richtige Weise zu mischen; daher muss alles im Vorhinein vorbereitet werden, insbesondere, wenn komplexe Blockdesigns zum Einsatz kommen.

In Zukunft können wir eine verstärkte Nutzung von künstlicher Intelligenz und maschinellem Lernen ins Auge fassen. Beispielsweise kann man einem Computer beibringen, Muster zu erkennen und Modelle zu konstruieren, die die Ausbreitung einer Infektion vorhersagen und die in Echtzeit auf den neuesten Stand gebracht werden können, sobald Informationen über die Infektion vorliegen.

All diese Methoden basieren auf mathematischen Strukturen und Prozessen, doch sie erfordern eine Vielzahl von Berechnungen. Daher wurden sie erst einsetzbar, als wirklich leistungsstarke Computer aufkamen. Die Fortschritte auf diesem Gebiet sind beeindruckend: Computerübersetzungen, Bilderkennung wie die von Gesichtern, Schach- und Go-Spielen, Ableitung der dreidimensionalen Struktur von Proteinen aus der in der DNA codierten Aminosäuresequenz.

Wenn Computer in dieser Weise eingesetzt werden, können indessen viele praktische und ethische Probleme auftreten. Hat eine Maschine erst einmal «gelernt», eine bestimmte Aufgabe auszuführen, ist es sehr schwer, genau zu verstehen, was der Computer eigentlich macht. Gesichtserkennungssysteme können zur Aufklärung oder Verhinderung

von Verbrechen verwendet werden, doch sie können auch Menschenrechte verletzen. Es ist also unsere Aufgabe zu kontrollieren, wie solche Methoden eingesetzt werden. Doch sie können sehr effizient sein, wenn wir sie in akzeptabler Weise gebrauchen.

Noch vor wenigen Jahrzehnten existierten viele dieser Methoden zur Bekämpfung einer Pandemie nicht. Sie sind keineswegs perfekt, doch sie ergänzen andere Methoden. Überdies liefern sie einigermaßen objektive Maßstäbe für Erfolg oder Misserfolg einer Maßnahme – was nicht alle Regierungen begrüßen. Der menschliche Faktor bringt Ungewissheiten ins Spiel, die schwieriger zu quantifizieren sind. Unsere Fähigkeit, Impfstoffe zu entwickeln und herzustellen, hat spektakulär zugenommen, sogar noch während der Pandemie. Jedoch haben einige Nationen weitaus mehr Vakzin zur Verfügung als andere, entweder weil letztere nicht über ausreichende finanzielle Mittel verfügen oder weil die Regierungen zu langsam reagiert haben. Die Impfbereitschaft spielt ebenfalls eine Rolle und hängt unter anderem davon ab, wie viele Menschen auf «Querdenker»-Desinformationen hereinfließen, ein tragischer Nebeneffekt eines anderen technologischen Fortschritts, des Internets. Aber selbst diese Eigenarten, die in der Natur des Menschen gründen, lassen sich bis zu einem gewissen Grad mathematisch analysieren, beispielsweise mithilfe von Big Data und Wahrscheinlichkeitstheorie.

Vor wenigen Jahrhunderten galten Seuchen und Pandemien als zufällige Naturereignisse und wurden häufig einer Gottheit zugeschrieben, die die Menschheit für angebliche Sünden strafte. Mit wachsendem medizinischem Wissen begannen wir allmählich zu verstehen, dass sie rational nachvollziehbare Gründe hatten. In diesem Stadium waren die wichtigsten Methoden zur Vorhersage wahrscheinlicher Auswirkungen statistischer Natur, doch inzwischen verfügen wir darüber hinaus über eine Vielzahl dynamischer und rechnerischer Instrumente. Ungewissheit wird unser Leben noch immer durcheinanderbringen, doch jahrhundertlang wissenschaftliche Forschung auf verschiedenen Gebieten – und die Mathematik spielt dabei eine wichtige Rolle – hat uns die Werkzeuge an die Hand gegeben, viele der