

Pandemiemodelle

Jürgen Womser-Schütz, <https://github.com/JW-Schuetz>

Einfachstes SIR-Modell

Die Grundannahme ist: die Gesamtzahl der Individuen in der Population setzt sich aus den infizierten $\hat{I}(t)$, den infizierbaren $\hat{S}(t)$ und den wieder gesunden oder toten Individuen $\hat{R}(t)$ zusammen und ist konstant. Es gilt also die Bilanzgleichung

$$\hat{S}(t) + \hat{I}(t) + \hat{R}(t) = \text{const.} \quad (1)$$

Die konstante Gesamtpopulation wird mit $P = \hat{S}(t) + \hat{I}(t) + \hat{R}(t)$ bezeichnet.

Variable

$\hat{S}(t)$ susceptible, Anzahl der infizierbaren Individuen, d.h. jedes Individuum der Population, das nicht infiziert oder immun oder tot ist

$\hat{I}(t)$ infected, Anzahl der infizierten (und infektiösen) Individuen

$\hat{R}(t)$ recovered, Anzahl der wieder gesunden oder toten Individuen (und nun nicht mehr infektiösen) Individuen

Modellparameter

P Populationsgrösse, Anzahl der Individuen

$\hat{\alpha}$ Infektionsrate, $\hat{\alpha} \geq 0$

β Gesundungsrate, $\beta \geq 0$

Differentialgleichungen

Anfangsbedingungen

Es wird von einem quadratischen Lebensraum der Kantenlänge Q ausgegangen. In ihm sollen sich anfangs \hat{S}_Q infizierbare und \hat{I}_Q infizierte Individuen mit bei einer Gesamtpopulation von $P_Q = \hat{S}_Q + \hat{I}_Q$ Individuen gleichverteilt aufhalten.

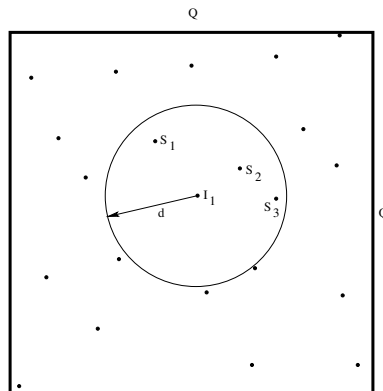


Abbildung 1: Zum Infizierten I_1 benachbarte infizierbare Individuen S_1 bis S_3

Berechnet werden soll die Anzahl der infizierbaren Individuum, die einen Abstand d zum nächsten Infizierten unterschreiten, dieses also infizieren könnten (siehe Abbildung 1).

Das ist noch zu tun!

Dynamik

Die Dynamik wird von dem folgenden autonomen Differentialgleichungssystem erster Ordnung beschrieben [1]

$$\begin{aligned}\frac{d\hat{S}(t)}{dt} &= -\hat{\alpha}\hat{S}(t)\hat{I}(t) \\ \frac{d\hat{I}(t)}{dt} &= \hat{\alpha}\hat{S}(t)\hat{I}(t) - \beta\hat{I}(t) \\ \frac{d\hat{R}(t)}{dt} &= \beta\hat{I}(t).\end{aligned}$$

Wegen

$$\frac{d}{dt} [\hat{S}(t) + \hat{I}(t) + \hat{R}(t)] = 0$$

ist die Bilanzgleichung (1) erfüllt und P ist konstant.

Normierung auf die Anzahl P der Individuen der Gesamtpopulation liefert zunächst

$$\begin{aligned}\frac{1}{P^2} \frac{d\hat{S}(t)}{dt} &= -\hat{\alpha} \frac{\hat{S}(t)}{P} \frac{\hat{I}(t)}{P} \\ \frac{1}{P^2} \frac{d\hat{I}(t)}{dt} &= \hat{\alpha} \frac{\hat{S}(t)}{P} \frac{\hat{I}(t)}{P} - \frac{\beta}{P} \frac{\hat{I}(t)}{P} \\ \frac{1}{P^2} \frac{d\hat{R}(t)}{dt} &= \frac{\beta}{P} \frac{\hat{I}(t)}{P}\end{aligned}$$

mit den auf P normierten Größen

$$\begin{aligned}S(t) &= \frac{\hat{S}(t)}{P} \\ I(t) &= \frac{\hat{I}(t)}{P} \\ R(t) &= \frac{\hat{R}(t)}{P}\end{aligned}\tag{2}$$

und mit der Abkürzung $\alpha = P\hat{\alpha}$ folgen die Differentialgleichungen

$$\frac{dS(t)}{dt} = -\alpha S(t) I(t)\tag{3}$$

$$\frac{dI(t)}{dt} = \alpha S(t) I(t) - \beta I(t)\tag{4}$$

$$\frac{dR(t)}{dt} = \beta I(t).\tag{5}$$

Es gilt wieder $S(t) + I(t) + R(t) = 1$.

Anfangsbedingungen

Es sollen zum Zeitpunkt $t = 0$ die Bedingungen $S(0) = S_0$, $I(0) = I_0$ und $R(0) = 0$ gelten.

Daraus folgt

$$I_0 + S_0 = 1.\tag{6}$$

Folgerungen

Wegen $\frac{dS(t)}{dt} \leq 0$ gilt für alle Zeiten $t \geq 0$ die Ungleichung $S_0 \geq S(t)$. Damit folgt aus der 2. DGL (4)

$$\frac{dI(t)}{dt} \leq I(t)(\alpha S_0 - \beta).$$

Falls also $S_0 \geq \frac{\beta}{\alpha}$ gilt, steigt die Anzahl der Infizierten an. Der Kehrwert von $\frac{\beta}{\alpha}$ wird Kontaktverhältnis

$$r = \frac{\alpha}{\beta} \quad (7)$$

genannt. Es beschreibt den Anteil der Population, der in Kontakt mit einem infizierten Individuum kommt. Eine weitere Kennzahl ist

$$R_0 = \frac{\alpha}{\beta} S_0 = r S_0 \quad (8)$$

sie wird Basis-Reproduktionszahl genannt. Sie ist grösser gleich 1, falls die Anzahl der Infizierten ansteigt. Sie beschreibt die Anzahl sekundärer Infektionen, die durch ein infiziertes Individuum verursacht wird.

Dividiert man die 2. DGL (4) durch die 1. DGL (3) ein, so ergibt sich

$$\frac{dI(t)}{dS(t)} = \frac{\beta}{\alpha S(t)} - 1. \quad (9)$$

Variablentrennung liefert

$$dI(t) = \left[\frac{\beta}{\alpha S(t)} - 1 \right] dS(t).$$

Durch Integration folgt die Lösung

$$I(t) = \frac{\beta}{\alpha} \ln S(t) - S(t) + c_0.$$

Für die Integrationskonstante c_0 folgt aus den Anfangsbedingungen mit Gleichung (6)

$$c_0 = 1 - \frac{\beta}{\alpha} \ln S_0$$

und man erhält insgesamt die Gleichung

$$I(t) = 1 - S(t) + \frac{\beta}{\alpha} \ln \frac{S(t)}{S_0}. \quad (10)$$

Die maximale Anzahl Infizierter tritt wegen Gleichung (9) für $\frac{\beta}{\alpha S(t)} = 1$ oder $S(t) = \frac{\beta}{\alpha}$ auf.

Setzt man dies in Gleichung (10) ein, erhält man mit der Definition (7)

$$I_{max} = 1 - \frac{1}{r} [1 + \ln(r S_0)]. \quad (11)$$

Wie gross darf r sein, damit höchstens I_{max} Personen infiziert werden?

Lösen der Gleichung (11) nach r liefert zunächst

$$1 + \ln(r S_0) + (1 - I_{max}) r = 0 \quad (12)$$

mit der Lösung

$$r(I_{max}) = \frac{\omega\left(\ln\left(\frac{1-I_{max}}{S_0}\right) - 1\right)}{1 - I_{max}}.$$

Dabei ist $\omega(x)$ hier, wie auch auch im Folgenden, die Wright- ω -Funktion (siehe z.B. [2] oder [3]).

Wie gross ist am Ende der Pandemie die Anzahl der infizierbaren Individuen?

Für das Ende der Pandemie, also für grosse Zeiten $T \gg 1$, gilt $I(T) = 0$, d.h. es gibt keine infizierten Individuen mehr.

Aus Gleichung (10) folgt mit $I(T) = 0$ zunächst

$$1 - S(t) + \frac{\beta}{\alpha} \ln \frac{S(t)}{S_0} = 0$$

mit der Lösung

$$S(T) = -\frac{1}{r} \omega [\ln(rS_0) - r].$$

Aus der Bilanzgleichung (1) folgt mit Hilfe der Gleichung (6) für die Anzahl der gesunden oder toten Individuen

$$R(T) = 1 - S(T).$$

Modellanpassung

Im Folgenden soll das oben beschriebene SIR-Modell an die für Deutschland zur Verfügung stehenden Daten angepasst werden.

Zur Modellierung des tatsächlichen Handelns (wie z.B. Veranstaltungsverbote, Kontaktsperren) werden Zeitintervalle definiert, deren Dynamik jeweils durch einen konstanten Parametersatz beschrieben werden. Es wird gefordert, dass die Modell-Lösungen auf diesen Zeitintervallen an ihren Rändern stetig ineinander übergehen.

Das ist noch zu tun!

SIR-Modell mit nicht konstanter Population

Das ist noch zu tun!

Literatur

- [1] <https://de.wikipedia.org/wiki/SIR-Modell>
- [2] The Wright ω function; Robert M. Corless, D. J. Jeffrey; AISC-Calculus 2002, LNAI 2385, pp. 76-89, 2002, Springer-Verlag
- [3] https://en.wikipedia.org/wiki/Wright_Omega_function