

Epidemiologische Grundmodelle

Inhaltsverzeichnis

1 Das klassische SIR-Modell	1
1.1 Modelldefinition	1
1.2 Beziehung zur Reproduktionszahl	1
1.3 Exponentielle Anfangsphase	1
1.4 Peakhöhe der Infektiösen	2
1.5 Ausmaß der Epidemie	2
1.6 Infektiöse Zeit	2
2 Das klassische SEIR-Modell	3
2.1 Modelldefinition	3
3 Berechnung	4

1 Das klassische SIR-Modell

1.1 Modelldefinition

Die Population von N Individuen wird aufgespalten in die Anteile S, I, R mit

$$S + I + R = N. \quad (1.1)$$

Die Ausbreitung der Krankheit verläuft nun gemäß

$$S' = -\frac{1}{N}\beta SI, \quad (1.2)$$

$$I' = \frac{1}{N}\beta SI - \gamma I, \quad (1.3)$$

$$R' = \gamma I. \quad (1.4)$$

Hierbei handelt es sich um ein autonomes System von gewöhnlichen Differentialgleichungen für $S(t), I(t), R(t)$. Wie bei jedem autonomen System ist durch die Gleichungen ein dynamisches System beschrieben.

Weil dieses Modell noch keine demografische Dynamik enthält, ist N eine Konstante. Günstig ist daher die Verwendung der relativen Größen $s := S/N, i := I/N, r := R/N$. Das System nimmt damit die Gestalt

$$s' = -\beta si, \quad (1.5)$$

$$i' = \beta si - \gamma i, \quad (1.6)$$

$$r' = \gamma i \quad (1.7)$$

an.

1.2 Beziehung zur Reproduktionszahl

Die *effektive Reproduktionszahl* ist definiert gemäß $R_q := R_0 s$, wobei R_0 die *Basisreproduktionszahl* ist. Hierbei ist $q := 1 - s$, so dass man $R_q = R_0$ für $q = 0$ erhält. Man nennt q den immunen Anteil der Population.

Die Reproduktionszahl steht natürlich im Zusammenhang mit dem weiteren Verlauf der Epidemie. Zur Herleitung fragen wir, unter welchem Umstand sich die Epidemie bei $i \neq 0$ nicht weiter ausbreitet. Dazu muss $i' = 0$ sein.

Eingesetzt in (1.6) bedeutet das

$$0 = (\beta s - \gamma)i \Leftrightarrow 0 = \beta s - \gamma \Leftrightarrow s = \gamma/\beta. \quad (1.8)$$

Nun bedeutet $i' = 0$ aber auch $R_q = 1$, und daher

$$1 = R_q = R_0 s = R_0 \frac{\gamma}{\beta}. \quad (1.9)$$

Wir finden die Beziehung

$$R_0 = \beta/\gamma. \quad (1.10)$$

1.3 Exponentielle Anfangsphase

Ist am Anfang der Epidemie $s \approx 1$, verläuft die Ausbreitung der Krankheit exponentiell. Dies lässt sich leicht einsehen. Setzt man $s = 1$ in (1.6) ein, ergibt sich nämlich

$$i' = \lambda i, \quad \lambda := \beta - \gamma. \quad (1.11)$$

Das ist die Dgl. von Exponentialfunktionen, d. h. der Lösungen $i(t) = i(0) e^{\lambda t}$.

Mathematisch kann man das noch ein wenig genauer herausarbeiten. Dazu werden die Größen zum Zustandsvektor $x = (s, i, r)$ zusammengefasst. Das System ist dann abstrakt beschrieben in der Form $x' = f(x)$. Ist nun x_0 eine Ruhelage des dynamischen Systems, genügt die Dynamik in der Nähe dieser Ruhelage unter gewissen Voraussetzungen näherungsweise dem linearen System $x' = J_0 x$. Hierbei ist $J_0 := Df(x_0)$ die Jacobimatrix von f an der Stelle x_0 .

Eine Ruhelage ist definiert durch $x'(t) = 0$ und wird bei den epidemiologischen Modellen auch als Gleichgewicht (engl. *equilibrium*) bezeichnet. Dieses kann stabil oder instabil sein.

Der Funktionswert $f(x)$ ist hier die Zusammenfassung der rechten Seiten der Gleichungen (1.5) bis (1.7) zu einem Tupel. Darin darf (1.7) entfallen, redundant weil von den anderen beiden Gleichungen entkoppelt. Das macht

$$f\left(\begin{pmatrix} s \\ i \end{pmatrix}\right) := \begin{pmatrix} -\beta si \\ \beta si - \gamma i \end{pmatrix}. \quad (1.12)$$

Somit ergibt sich

$$Df = \begin{pmatrix} -\beta i & -\beta s \\ \beta i & \beta s - \gamma \end{pmatrix}. \quad (1.13)$$

Auswertung der Matrix an der Ruhelage $(s, i) = (1, 0)$ führt zum linearen System

$$\begin{pmatrix} s' \\ i' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0 & -\beta \\ 0 & \beta - \gamma \end{pmatrix} \begin{pmatrix} s \\ i \end{pmatrix}. \quad (1.14)$$

Das System enthält (1.11) wie gewünscht.

Es gibt noch eine zweite Ruhelage, nämlich $(s, i) = (0, 0)$. Die Auswertung der Matrix bei dieser führt zum System

$$\begin{pmatrix} s' \\ i' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0 & 0 \\ 0 & -\gamma \end{pmatrix} \begin{pmatrix} s \\ i \end{pmatrix}. \quad (1.15)$$

Demnach verläuft das Abklingen der Epidemie näherungsweise exponentiell gemäß $i' = -\gamma i$. Zum gleichen Ergebnis gelangt man durch Einsetzen von $s \approx 0$ in (1.6).

Größe	Einheit	Erklärung
t	d	Zeit in Tagen
N	indv	Population
S	indv	Anfällige, engl. <i>susceptibles</i>
E	indv	Exponierte, engl. <i>exposed</i>
I	indv	Infektiöse, engl. <i>infectious</i>
R	indv	Erholte, engl. <i>recovered</i>
α	1/d	Kehrwert der Latenzzeit
β	1/d	Transmissionsrate
γ	1/d	Erholungsrate
μ	1/d	Sterberate

Tabelle 1: Größen der Modelle SIR und SEIR.

1.4 Peakhöhe der Infektiösen

Mit (1.6) und (1.5) gewinnt man die Dgl.

$$\frac{di}{ds} = \frac{i'(t)}{s'(t)} = \frac{\beta si - \gamma i}{-\beta si} = -1 + \frac{1}{R_0 s}, \quad (1.16)$$

deren Lösung

$$i - i_0 = -(s - s_0) + \frac{1}{R_0}(\ln s - \ln s_0) \quad (1.17)$$

man durch Separation der Variablen erhält. Umformung dieser Gleichung liefert

$$(i + s)R_0 - \ln s = (i_0 + s_0)R_0 - \ln s_0 = \text{const.} \quad (1.18)$$

D. h. die Funktion

$$F(t, (s, i)) := (i + s)R_0 - \ln s \quad (1.19)$$

ist eine erstes Integral der Bewegung. Eine nichtkonstante, stetig differenzierbare, skalarwertige Funktion $F(t, x)$ heißt *erstes Integral der Bewegung* eines Systems von Differentialgleichungen erster Ordnung, $x' = f(t, x)$, wenn F lokal konstant für jede Lösung $x(t)$ ist, d. h. $\frac{d}{dt}F(t, x(t)) = 0$.

Da hier ein dynamisches System vorliegt, bedeutet dies, dass das erste Integral der Bewegung auf den Phasenraum-Trajektorien $x(t) := (s(t), i(t))$ konstant ist.

Bei i_{\max} muss $R_0 s = 1$ bzw. $s = 1/R_0$ sein, womit wir

$$i_{\max} = i_0 + s_0 - \frac{1}{R_0} - \frac{1}{R_0} \ln(R_0 s_0) \quad (1.20)$$

aus (1.18) erhalten.

1.5 Ausmaß der Epidemie

Mit (1.5) und (1.7) gewinnt man die Dgl.

$$\frac{ds}{dr} = \frac{s'(t)}{r'(t)} = \frac{-\beta si}{\gamma i} = -R_0 s. \quad (1.21)$$

Diese besitzt die Lösung

$$s = s(r_0) e^{-R_0(r-r_0)}. \quad (1.22)$$

Nach Ablauf der Epidemie gilt $i = 0$, also $s = 1 - r$. Man gelangt zu

$$1 - r = s(r_0) e^{-R_0(r-r_0)}. \quad (1.23)$$

Dieser Gleichung, *Final size equation* genannt, kommt eine über das SIR-Modell hinausgehende Bedeutung zu.

Die Gleichung lässt sich in die Form

$$(r - 1)R_0 e^{(r-1)R_0} = -s(r_0)R_0 e^{(r_0-1)R_0} \quad (1.24)$$

bringen, welche von der mathematischen Gestalt $ye^y = x$ ist. Die Anwendung der lambertschen W-Funktion formt diese Gleichung nach y um, liefert also $y = W(x)$. Demnach erhält man

$$r = 1 + \frac{1}{R_0} W(-s(r_0)R_0 e^{(r_0-1)R_0}). \quad (1.25)$$

Unter der Annahme $r_0 = 0$ und $s(r_0) = 1$ hängt r nur von R_0 ab.

Zur praktischen Berechnung des hier relevanten Teils der W-Funktion betrachtet man das quadratische Taylorpolynom der Funktion $f(w) := we^w - x$ an der Stelle -1 und bestimmt von diesem die Nullstelle, auf welche noch einmal die Fixpunktiteration $w \mapsto xe^{-w}$ angewendet wird. Das Resultat ist

$$w = x \exp(1 - \sqrt{2ex + 2}).$$

Eine gute Näherung der W-Funktion erhält man nun als

$$W(x) \approx \varphi^n(w),$$

wobei φ^n die n -te Iteration des Newtonverfahrens

$$\varphi(w) = w - \frac{f(w)}{f'(w)} = \frac{xe^{-w} + w^2}{w + 1}$$

ist. Bereits bei $n = 4$ ist der Wert überall in etwa so genau wie doppelt genaue Fließkommazahlen es erlauben.

1.6 Infektiöse Zeit

Der Kehrwert der Erholungsrate γ ist interpretierbar als die mittlere Zeit, die ein Individuum infektiös bleibt. Zur Untersuchung sei $p(t - t_0)$ die Wahrscheinlichkeit, dass ein zum Zeitpunkt t_0 infiziertes Individuum zum Zeitpunkt t noch infektiös ist. Hierbei gelte $p(t) = 0$ für $t < 0$.

Wir würden nun gerne in Erfahrung bringen, welcher Gestalt p denn ist. Dazu schalten wir die Transmission zum Zeitpunkt $t = 0$ ab, setzen also ab diesem Zeitpunkt $\beta = 0$. Dann gilt einerseits $i(t) = i(0)p(t)$ und laut (1.6) andererseits $i' = \gamma i$. Einsetzen der Lösung $i(t) = i(0)e^{-\gamma t}$ liefert

$$p(t) = e^{-\gamma t}. \quad (1.26)$$

Die Wahrscheinlichkeit zum Zeitpunkt t nicht mehr infektiös zu sein, $F(t) = 1 - p(t)$ für $t \geq 0$, ist demnach die Verteilungsfunktion einer Exponentialverteilung. Zu dieser gehört die Dichte $f(t) = \gamma e^{-\gamma t}$ und der Erwartungswert $E(X) = 1/\gamma$. In der Tat ist $1/\gamma$ die mittlere infektiöse Dauer.

Nun drängt sich natürlich die Frage auf, wie sich das Modell so verallgemeinern lässt, dass p beliebig sein darf. Unabhängig davon ob β konstant ist oder nicht sei

$$(\beta si)(t) := \beta(t)s(t)i(t).$$

Zum Zeitpunkt t sind von $i(0)$ noch $i(0)p(t)$ verblieben. Zu jedem Zeitpunkt τ kommen $(\beta si)(\tau)$ hinzu, wovon zum Zeitpunkt t noch $(\beta si)(\tau)p(t - \tau)$ verbleiben. Das macht

$$i(t) = i(0)p(t) + \int_0^t (\beta si)(\tau)p(t - \tau) d\tau. \quad (1.27)$$

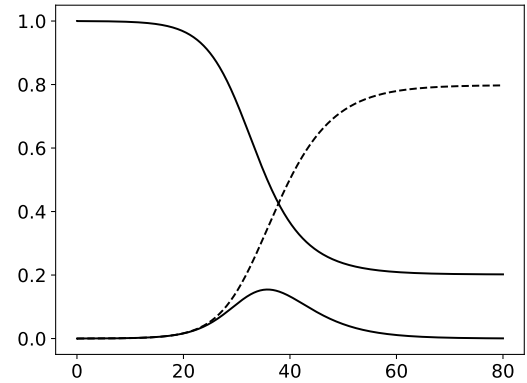
Das Integral kann als Faltung von βsi und p betrachtet werden. Die Träger der Funktionen müssen dafür Teilmengen von $[0, \infty)$ sein, damit das Integrationsintervall äquivalent von \mathbb{R} auf $[0, t]$ eingeschränkt werden kann.

Aus (1.5) erhält man zudem

$$s(t) = s(0) - \int_0^t (\beta si)(\tau) d\tau. \quad (1.28)$$

Die Gleichungen (1.28) und (1.27) bilden nun ein nichtlineares System von volterraschen Integralgleichungen. Zur numerischen Lösung betrachtet man dieses System als Fixpunktgleichung $x = \varphi(x)$ mit $x(t) = (s(t), i(t))$. Die Picard-Iteration $x_{k+1} = \varphi(x_k)$ sollte dann gegen die Lösung konvergieren. Als Startfunktion wählt man die konstante Funktion $x_0(t) := (s_0, i_0)$.

Die Darstellung der Funktionen $x_k(t)$ als lineare Interpolation aus äquidistanten Stützstellen erlaubt hierbei die Benutzung normaler Quadraturverfahren. Der Programmieraufwand bleibt damit gering.



Parameter: $R_0 = 2$, $\gamma = 1/4$, $\beta = R_0\gamma$,
 $s_0 = 0$, $i_0 = 10000/N$, $N = 83200000$.

Abbildung 1: Epidemieverlauf im SIR-Modell.

2 Das klassische SEIR-Modell

2.1 Modelldefinition

Die Ausbreitung der Krankheit verläuft gemäß

$$S' = -\frac{1}{N}\beta SI, \quad (2.1)$$

$$E' = \frac{1}{N}\beta SI - \alpha E, \quad (2.2)$$

$$I' = \alpha E - \gamma I, \quad (2.3)$$

$$R' = \gamma I. \quad (2.4)$$

Umformuliert in relative Größen ist

$$s' = -\beta si, \quad (2.5)$$

$$e' = \beta si - \alpha e, \quad (2.6)$$

$$i' = \alpha e - \gamma i, \quad (2.7)$$

$$r' = \gamma i. \quad (2.8)$$

3 Berechnung

```
from numpy import array as vector

# Explizites Euler-Verfahren
def euler_method(f,t0,x0,t1,h):
    t = t0; x = x0
    a = [[t,x]]
    for k in range(0,1+int((t1-t0)/h)):
        t = t0 + k*h
        x = x + h*f(t,x)
        a.append([t,x])
    return a

def sir_model(beta,gamma):
    def f(t,x):
        s,i,r = x
        return vector([
            -beta*s*i,
            beta*s*i - gamma*i,
            gamma*i
        ])
    return f

def sir_simulation(beta,gamma,i0,days,step=0.1):
    x0 = vector([1.0-i0,i0,0.0])
    model = sir_model(beta,gamma)
    return euler_method(model,0,x0,days,step)

def diagram(simulation):
    import matplotlib.pyplot as plot
    figure,axes = plot.subplots()
    t,x = zip(*simulation())
    s,i,r = zip(*x)
    axes.plot(t,s, color = "#000000")
    axes.plot(t,i, color = "#000000")
    axes.plot(t,r, color = "#000000",
        linestyle = '--')
    plot.show()

# N: Einwohnerzahl von Deutschland 2019/2020
def simulation1():
    R0 = 2.0; gamma = 1/4.0; N = 83200000
    return sir_simulation(
        beta = R0*gamma, gamma = gamma,
        i0 = 10000.0/N, days = 80)

diagram(simulation1)
```

Abbildung 2: Simulation mittels SIR-Modell