Epidemiologische Betrachtungen zur Covid-19-Pandemie 2020

5. März 2020

Inhaltsverzeichnis

1 Theorie

1.1 Die Reproduktionszahl

Die *Basisreproduktionszahl* R_0 ist die Anzahl der Individuen, die ein infiziertes Individuum im Mittel infiziert. Die tatsächliche Anzahl wird allerdings durch die *Nettoreproduktionszahl*

$$R_q = R_0(1-q). \tag{1.1}$$

beschrieben. Hierbei ist q der immune Anteil der Bevölkerung. Damit die Epedemie zum Stillstand kommt, muss $R_q < 1$ sein. Aus dem Ansatz $R_q = 1$ ergibt sich

$$q_c := q = 1 - \frac{R_q}{R_0} = 1 - \frac{1}{R_0}. \tag{1.2}$$

Ist dieser Anteil q_c der Bevölkerung immun, bricht die Epidemie also gar nicht erst aus. Man spricht von der *kritischen Immunisierungsschwelle* oder *Schwelle zur Herdenimmunität.*

Für bestimmte Krankheiten lässt sich R_0 abschätzen, wobei dieser Wert allerdings empfindlich vom Verhalten der Bevölkerung und eventueller Quarantäne abhängt.

1.2 Das SIR-Modell

Die Bevölkerung wird aufgeteilt in die Anteile S, I, R. Hierbei sind S die Anfälligen (engl. susceptibles), I die Infizierten (engl. infected) und R die Erholten (engl. recovered). Die Anteile S, I, R sind normiert, so dass $S + I + R = 1$ gilt. Die absolute Zahl ergibt sich durch Multiplikation des jeweiligen Anteils mit der Bevölkerungszahl N.

In einem Zeitschritt von t zu $t + h$ mit $h := \Delta t$ wird es zu einer Zunahme von I kommen. Diese Zunahme ist zunächst davon abhängig, wie viele Infizierte I und Anfällige S es gerade gibt. Sei S fest. Gäbe es zwischen den Anfälligen doppelt so viele Infizierte, würde dies zu der doppelten Zunahme führen. Sei nun umgekehrt I fest. Gäbe es nur halb so viele Anfällige, wäre es nur halb so wahrscheinlich, dass ein Infizierter einen Anfälligen infiziert. Demnach sollte die Zunahme proportional zu I und S sein, also zum Produkt IS. Die Proportionalitätskonstante sei β. Wir machen also den Ansatz

$$I_{t+h} = I_t + h\beta I_t S_t. \tag{1.3}$$

Man kann auch $h = 1$ setzen. Für die Anfälligen gilt dementsprechend $S_{t+h} = S_t - h\beta I_t S_t$. Nun muss man schließlich noch beachten, dass sich Infizierte mit der Zeit erholen. Die Abnahme der Infizierten ist proportional zur Zahl der Infizierten, unter der Annahme dass die Zahl aus Altinfektionen und Neuinfektionen besteht. Die Proportionalitätskonstante sei γ. Nun ergibt sich insgesamt das Modell

$$S_{t+h} = S_t - h\beta I_t S_t, \tag{1.4}$$
$$I_{t+h} = I_t + h\beta I_t S_t - h\gamma I_t, \tag{1.5}$$
$$R_{t+h} = R_t + h\gamma I_t. \tag{1.6}$$

Dies ist ein diskretes dynamisches System, gegeben durch ein nichtlineares System von Differenzengleichungen. Umformung der jeweiligen Gleichung bringt

$$\frac{S_{t+h} - S_t}{h} = -\beta I_t S_T \tag{1.7}$$
$$\frac{I_{t+h} - I_t}{h} = \beta I_t S_t - \gamma I_t, \tag{1.8}$$
$$\frac{R_{t+h} - R_t}{h} = \gamma I_t. \tag{1.9}$$

Für $h \longrightarrow 0$ ergibt sich

$$S' = -\beta IS, \tag{1.10}$$
$$I' = \beta IS - \gamma I, \tag{1.11}$$
$$R' = \gamma I. \tag{1.12}$$

Dies ist ein kontinuierliches dynamisches System, gegeben durch ein nichtlineares System von Differentialgleichungen. Aufgrund von $S + I + R = 1$ gilt

$$S' + I' + R' = 0. \tag{1.13}$$

Man bezeichnet β als *Erkrankungsrate* und γ als *Gesundungsrate.*

Angenommen es ist $I \approx 0$, aber $I > 0$. Unter welchem Umstand gibt es dann keine Neuerkrankungen? Dazu muss $I' = 0$ sein. Dieser Ansatz führt zu

$$0 = \beta IS - \gamma I \Leftrightarrow 0 = \beta S - \gamma \Leftrightarrow S = \frac{\gamma}{\beta}. \tag{1.14}$$

Aufgrund von $R + S \approx 1$ ist $q = R = 1 - S$. Einsetzen von q in Gleichung (1.1) bringt

$$R_q = R_0(1 - q) = R_0 S = R_0 \frac{\gamma}{\beta}. \tag{1.15}$$

Weil $R_q = 1$ sein muss, ergibt sich die Beziehung

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma}. \tag{1.16}$$

Interessant ist nun das Grenzverhalten

$$R(\infty) := \lim_{t \to \infty} R(t), \tag{1.17}$$

das eine Aussage macht, wie viele Individuen die Erkrankung bei Abwesenheit von Quarantäne durchmachen werden. Wie sich aus einer numerischen Simulation ergibt, führt ein Startzustand $S \approx 1$ und $I \approx 0$ zu $R(\infty) > q$. Bei $R_0 = 3$ ist z. B. $R(\infty) = 94\,\%$, obwohl $q = 66\,\%$ ist. Siehe Abb. 1.

1.3 Ermittlung der Modellparameter

Für das SIR-Modell sind die Parameter sicherlich bestimmbar, indem die numerische Lösung mit Messdaten verglichen wird. Variation der Parameter β und γ führt zu unterschiedlichen Fehlerquadratsummen, von diesen wird die minimale ermittelt.

Unabhängig vom genannten Ansatz folgen noch analytische Betrachtungen, womit sich die Parameter unter Umständen mit weniger Aufwand ermitteln lassen.

Am Anfang steigt die Zahl der Infektionen exponentiell. Die Kurve $I(t)$ ist in dieser Phase also beschrieben durch $I = I_0 e^{\lambda t}$, wobei man λ nach Linearisierung aus einer Regression ermitteln kann. Es gilt $I' = \lambda I$. Für die Dgl. ergibt sich die Faktorisierung

$$I' = \beta IS - \gamma I = (\beta S - \gamma)I. \tag{1.18}$$

Am Anfang der Phase ist in guter Näherung $S \approx 1$, vor allem bei großer Bevölkerungszahl. Demnach gilt

$$\lambda = \beta - \gamma. \tag{1.19}$$

Setzt man $\gamma = \beta / R_0$ ein, gelangt man zu

$$\lambda = \beta\Big(1 - \frac{1}{R_0}\Big) = \beta q_c. \tag{1.20}$$

Nun ist es allerdings schwierig, Daten für I zu bekommen. Was die WHO täglich herausgibt, ist die Anzahl der bestätigten Fälle, das entspricht $C := 1 - S = R + I$. Die Zahl der WHO ist nicht die Zahl der tatsächlichen Fälle, sollte aber zu ihr proportional sein. Der Proportionalitätsfaktor ergibt sich aus der ermittelten Fallsterblichkeit.

Trotzdem können wir an λ gelangen. Integration von Dgl. (1.12) bringt nämlich

$$R = \int_0^t \gamma I \, \mathrm{d}t = \gamma I_0 \int_0^t e^{\lambda t} \, \mathrm{d}t \tag{1.21}$$

$$= \frac{\gamma}{\lambda} I_0 e^{\lambda t} = \frac{\gamma}{\lambda} I. \tag{1.22}$$

Daher ist

$$C = R + I = \frac{\gamma}{\lambda} I + I = \Big(\frac{\gamma}{\lambda} + 1\Big) I_0 e^{\lambda t}. \tag{1.23}$$

Eine Regression der Daten zu C ergibt folglich die gleiche Vermehrungskonstante λ.

2 Daten

2.1 Daten zur Fallsterblichkeit

Tabelle 1: Bestätigte Covid-19-Fälle nach Daten der WHO. Kumuliert, am 2. März 2020.

Land	**Fälle**	**Tote**	**Verhältnis**
VR China	80134	2914	3.6 %
Iran	978	54	5.5 %
Italien	1689	35	2.1 %
Japan	960	12	1.2 %
Südkorea	4212	22	0.52 %
Rest	975	6	0.61 %
Welt	88948	3043	3.4 %
bereinigt*	6147	31	0.50 %

*Welt abzüglich VR China, Iran und Italien.

3 Abbildungen

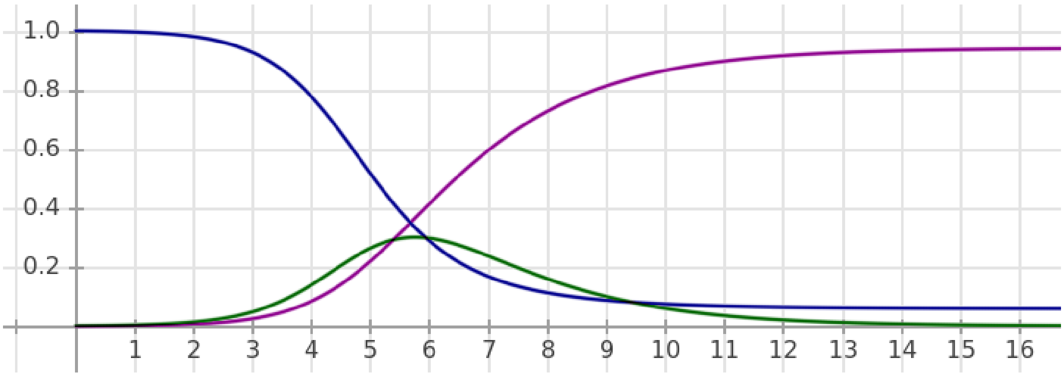

Abbildung 1: Simulation zum SIR-Modell. S in blau, I in grün, R in magenta. (→Link)
Anfangswerte: $S := 0.999, I := 0.001, R := 0$.
Parameter: $\beta := 2$ und $\gamma := \beta/R_0$ mit $R_0 := 3$.