

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	1
1.5 Ausmaß der Epidemie	2

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

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

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).

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

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

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.

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.

Dieser Text steht unter der Lizenz Creative Commons CC0.