

# Epidemiologische Grundmodelle

## Inhaltsverzeichnis

<b>1 Das klassische SIR-Modell</b>	<b>1</b>
1.1 Modelldefinition . . . . .	1
1.2 Beziehung zur Reproduktionszahl . . . . .	1
1.3 Exponentielle Anfangsphase . . . . .	1
1.4 Peakhöhe der Infektiösen . . . . .	1

## 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).

### 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>
$\alpha$	1/d	Kehrwert der Latenzzeit
$\beta$	1/d	Transmissionsrate
$\gamma$	1/d	Erholungsrate
$\mu$	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 ein 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.