

Übung 03: Pandemieausbruch

Tobias Blesgen und Leonardo Thome

09.06.2021

Im Folgenden wollen wir eine simulierte Pandemieausbreitung von SARS-CoV-2 für verschiedene Parameter im SIR Modell betrachten. Das SIR Modell beschreibt den zeitlichen Verlauf mit folgendem Differentialgleichungssystem:

$$S'(t) = -\frac{\beta}{N}S(t)I(t) - \Gamma(t) + \delta V(t) \quad (1)$$

$$I'(t) = \frac{\beta}{N}S(t)I(t) - \alpha I(t) \quad (2)$$

$$R'(t) = \alpha I(t) \quad (3)$$

$$V'(t) = \Gamma(t) - \delta V(t) \quad (4)$$

Hierbei entspricht S der Zahl der noch nicht Infizierten, I der aktuell Kranken, R der Genesenen und V der Geimpften. Wir werden im Verlauf der Simulationen die Geimpfenzahl mit der Anzahl der Personen mit Zweitimpfung gleichsetzen, da ab diesem Punkt der vollständige Schutz eintritt. Des Weiteren ist N die Gesamtbevölkerung, R_0 entspricht der Basisreproduktionszahl, α der inversen Infektiositätszeit, $\beta = R_0 * \alpha$, Γ die Impfungsrate und δ die Rate, mit der Geimpfte erkranken.

Runge-Kutta 2 Verfahren

Um die differenziellen Gleichungssysteme auszuwerten, verwenden wir das Runge-Kutta Verfahren nach

$$x_{i+1} = x_i + \frac{h}{2}[f(t_i, x_i) + f(t_i + h, x_i + hf(t_i, x_i))]. \quad (5)$$

Wobei sich unser f aus den vier Anteilen von S, I, R und V zusammensetzt. Wir werden die Auswirkungen der Schrittweite am Ende der Auswertung genauer betrachten.

Vorerst wählen wir die Schrittweite $h = 1$, da dies direkt den Tagen entspricht. Dabei bietet uns das Runge-Kutta Verfahren numerische Stabilität und weist mit einem Verfahrensfehler von $\mathcal{O}(h^2)$ einen kleineren Fehler als das Eulerverfahren auf.

Implementation des DGS nach dem Runge-Kutta 2 Verfahren

```

#include<Rcpp.h>
#include<stdlib.h>
#include<vector>
#include<algorithm>

using namespace Rcpp;

// Wir verwenden Strukturen, um Funktionsargumente uebersichtlicher zu halten
typedef struct
{
    double S, I, R, V;
} Status;

typedef struct
{
    double alpha, beta, delta, N, gamma;
} Parameter;

// Template zum Zerschneiden der verwendeten Vektoren
template<typename T>
std::vector<T> slice(std::vector<T> const &v, int m, int n)
{
    auto erste = v.cbegin() + m;
    auto letzte = v.cbegin() + n + 1;

    std::vector<T> vektor(erste, letzte);
    return vektor;
}

// Berechnungsschritt der Ableitungen nach dem DGS
void f(Status alterStatus, Parameter parameter, Status& neuerStatus){
    double Gamma = std::min(parameter.gamma, alterStatus.I);
    neuerStatus.S = -parameter.beta * alterStatus.S * alterStatus.I/parameter.N
        - Gamma + parameter.delta * alterStatus.V;

    neuerStatus.I = parameter.beta * alterStatus.S * alterStatus.I/parameter.N
        - parameter.alpha * alterStatus.I;

    neuerStatus.R = parameter.alpha * alterStatus.I;

    neuerStatus.V = Gamma - parameter.delta * alterStatus.V;
}

// Ein Intergrationsschritt nach Runge-Kutta
void rkSchritt(Status& status, Parameter parameter, double h){
    Status fStatus;                // Standart Ableitung
    f(status, parameter, fStatus);

    Status f2Status;               // Mischterm Ableitung
    Status gemischt = {.S = status.S + h*fStatus.S,
                       .I = status.I + h*fStatus.I,
                       .R = status.R + h*fStatus.R,
                       .V = status.V + h*fStatus.V};
}

```

```

    f(gemischt, parameter, f2Status);
    status.V = status.V + h/2*(fStatus.V + f2Status.V);
    status.R = status.R + h/2*(fStatus.R + f2Status.R);
    status.S = status.S + h/2*(fStatus.S + f2Status.S);
    status.I = status.I + h/2*(fStatus.I + f2Status.I);
}

//[[Rcpp::export]]
Rcpp::List durchlauf(const int maxSchritte, const double h,
                    const double S, const double I, const double R,
                    const double V, const double alpha,
                    const double beta, const double delta,
                    const double N, const double gamma,
                    const double x0, const int I_min = 1){
    // Arrays der Werte zur späteren Ausgabe
    std::vector<double> xWerte(maxSchritte);
    std::vector<double> SWerte(maxSchritte);
    std::vector<double> IWerte(maxSchritte);
    std::vector<double> RWerte(maxSchritte);
    std::vector<double> VWerte(maxSchritte);
    // Quelltext
    Status status = {.S = S, .I = I, .R = R, .V = V};
    Parameter parameter = {.alpha = alpha, .beta = beta, .delta = delta, .N = N, .gamma = gamma};
    // Schleife bis zur Abbruchsbedingung
    for (int i = 0; i < maxSchritte; i++){
        xWerte[i] = x0 + i*h;
        SWerte[i] = status.S;
        IWerte[i] = status.I;
        RWerte[i] = status.R;
        VWerte[i] = status.V;
        rkSchritt(status, parameter, h);
    // Vorzeitige Abbruchbedingung für Sonderbedingung von I
    if(status.I < I_min && i>10){
        // Rückgabe für eine grafische Wiedergabe
        return List::create(Named("x") = slice(xWerte,0,i),
                           Named("S") = slice(SWerte,0,i),
                           Named("I") = slice(IWerte,0,i),
                           Named("R") = slice(RWerte,0,i),
                           Named("V") = slice(VWerte,0,i)
                           );
    }
}
// Rückgabe für eine grafische Wiedergabe
return List::create(Named("x") = xWerte, Named("S") = SWerte,
                   Named("I") = IWerte, Named("R") = RWerte,
                   Named("V") = VWerte
                   );
}

```

Auswertung

Pandemieverlauf ohne Gegenmaßnahmen

Für den Ausbruch einer Krankheit in Deutschland sind die Anfangswerte gegeben wie folgt:

$$N = 8.3 \cdot 10^7, S(0) = N - 5000, I(0) = 5000, \text{ und } R(0) = V(0) = 5000.$$

Betrachten wir nun den Verlauf ohne Gegenmaßnahmen, also $\Gamma = \delta = 0$ und den SARS-CoV-2 spezifischen Daten $R_0 \approx 2.9$ und $\alpha = \frac{1}{7 \text{ Tage}}$, so ergibt sich Abb. 1.

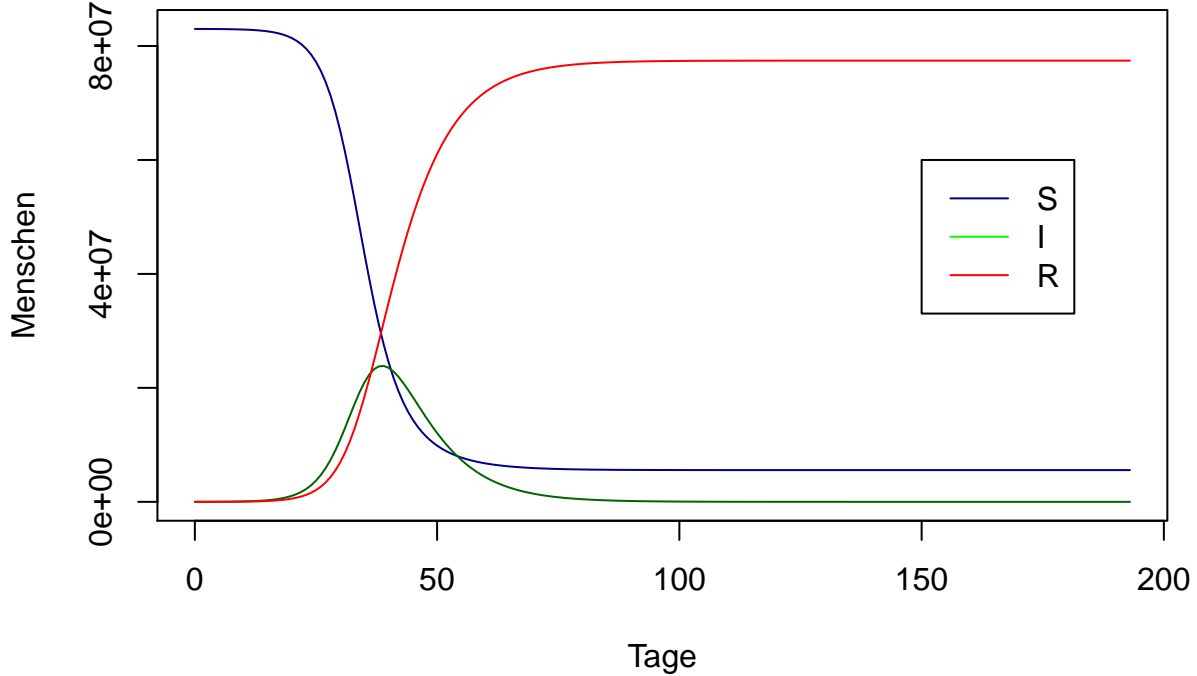


Abbildung 1: Entwicklungskurven für $R_0 = 2.9$

Abb. 1 bestätigt bereits, dass unsere Funktion die erwarteten Infektionskurven ausgibt. Betrachten wir nun die Kurven für $R_0 \in [1, 20]$, so können wir in Abb. 2 sehen, wie sich die Krankheit für große Basisreproduktionszahlen auf wenige Tage fokussiert und die Infektionszahlen in die Höhe steigen. Im Vergleich dazu sind die Kurven für kleine Basisreproduktionszahlen deutlich flacher, strecken sich jedoch auch über ein Vielfaches der Zeit. Für einen echten Krankheitsverlauf würde ersteres die Kapazitäten von Krankenhäusern und anderen Institutionen extrem belasten, während zweiteres lang andauernde Beschränkungen für soziale Interaktionen mit sich bringen könnte.

Nun wollen wir noch prüfen, ob sich die Verläufe nach der Herdenimmunität verhalten. Diese ist gegeben durch:

$$\frac{S}{N} = \frac{1}{R_0} \quad (6)$$

Dazu tragen wir am Ende der Pandemie (d.h. $I(t) < 1$) das Verhältnis der noch nicht Infizierten $S(t)$ gegenüber der Gesamtbevölkerung N in Abhängigkeit von R_0 auf. Zum Vergleich betrachten wir auch den nach der Herdenimmunität erwarteten Kurvenverlauf.

In Abb. 3 ist zu erkennen, dass der von uns simulierte Verlauf deutlich von der Herdenimmunität abweicht. Dies sollte an der sehr schnellen Verbreitung der Krankheit für große R_0 Werte liegen. Nach Abb. 2 ist zu erkennen, dass nach wenigen Wochen die Krankheit wieder abklingt. Dies liegt jedoch daran, dass alle gesunden Menschen schon angesteckt wurden und damit keine neuen Wirte mehr vorhanden sind. Diese kleine Menge an “gesunden” Menschen nach der Pandemie erklärt die große Abweichung zur Herdenimmunität, bei

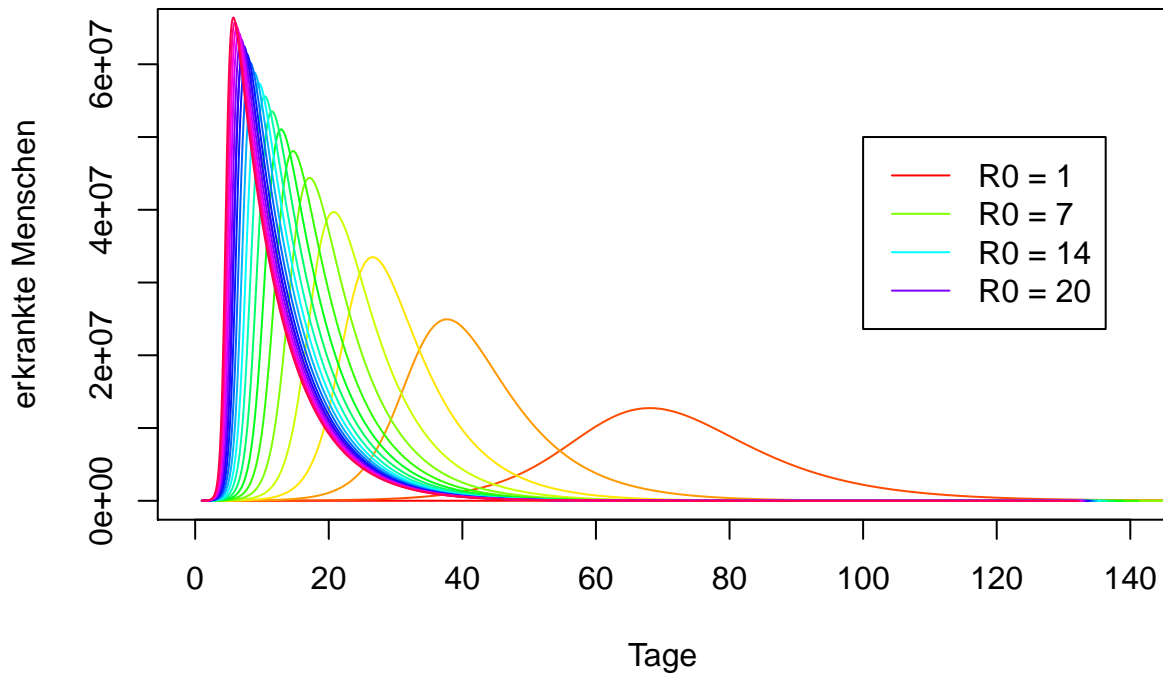


Abbildung 2: R_0 abhängige Infektionsverläufe

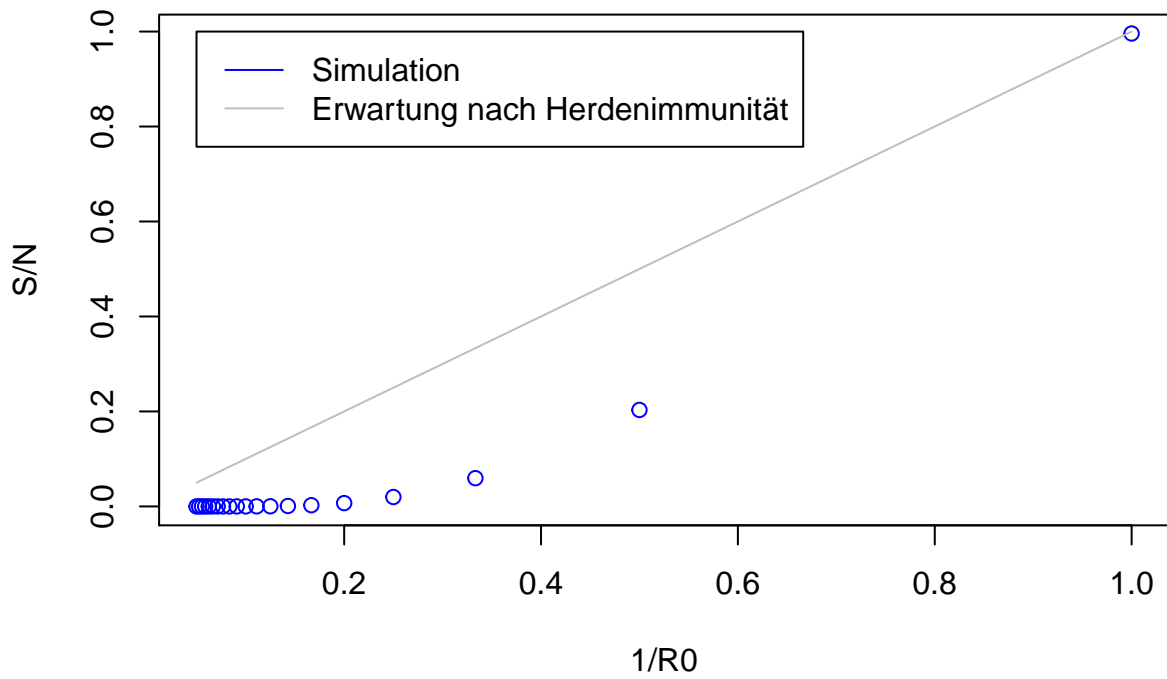


Abbildung 3: R_0 abhängige Herdenimmunität

der größere Teile der Bevölkerung nach der Pandemie nie erkrankt sind. Es ist jedoch zu erwähnen, dass die Simulation ihre Schwächen hat, da durch keine Gegenmaßnahmen das Infektionswesen während der ganzen Zeit für große R_0 Werte auch groß bleibt. Unter Einbeziehung von Gegenmaßnahmen sollte man sich der Erwartung nach Herdenimmunität nähern.

Mit Gegenmaßnahmen

Unter der Verwendung der Daten des RKI versuchen wir den COVID-19-Verlauf zu modellieren. Als Startwert wurden die Daten des 03.01.2021 [1] mit $I = 349500$, $R = 1765666$, $V = 238809$ verwendet. Des Weiteren wurde γ und N_0 als Treppenfunktion mit den Werten

Monat	Tag im Jahr	Impfungsrate γ	aktive Fälle I
Januar:	3	40665	349500
Februar:	37	61132	193200
März:	71	60776	127100
April:	110	57895	279400
Mai:	142	406455	167100
Juni:	152	337478	95900

Tabelle 1: RKI Daten zur Covid-19 Entwicklung von 3.1.21- 1.6.21 , [1] bis [6]

verwendet. $\frac{1}{\delta}$ wird auf 150 Tage gesetzt.

Um den Verlauf der Pandemie möglichst realitätsnah zu simulieren, wurden die R_0 Werte so angepasst, dass die aktiven Fälle der Simulation zum jeweiligen Zeitpunkt mit den Daten des RKI in Näherung übereinstimmen. Abweichung von $\Delta I = 300$ wurden als vernachlässigbar klein angenommen, da $I \gg \Delta I$ im betrachteten Bereich ist. Um den Pandemieverlauf besser betrachten zu können, haben wir im folgenden Diagramm nicht nur die 365 Tage vom Jahr 2021 aufgetragen, sondern Großteile des Jahres 2022 miteinbezogen.

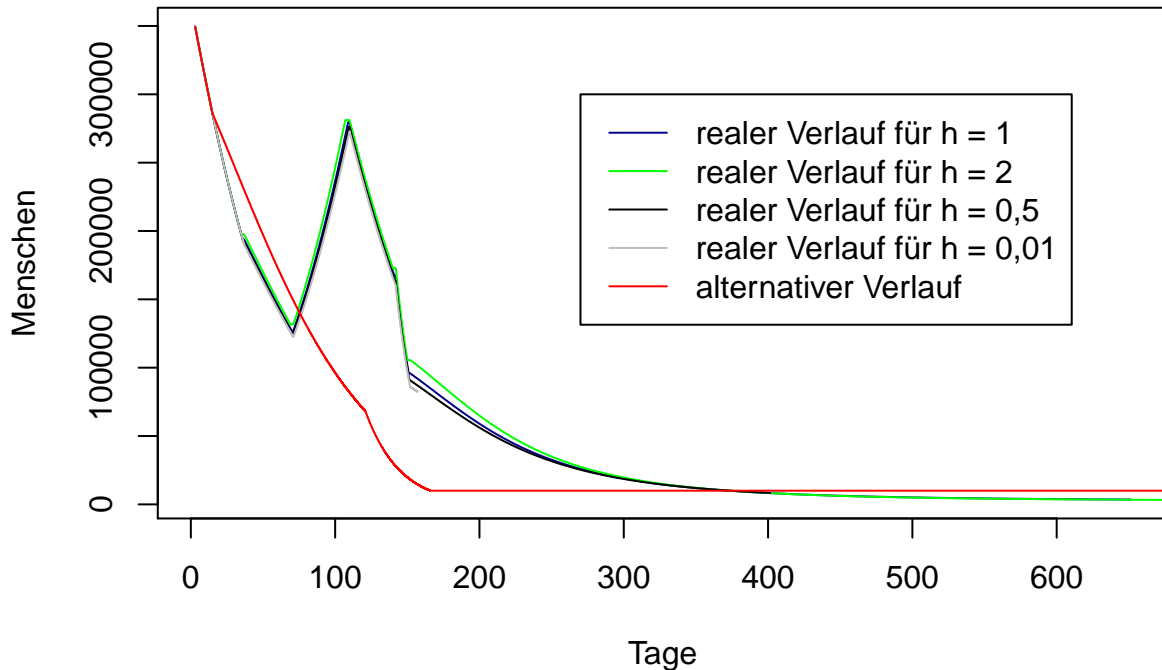


Abbildung 4: R_0 abhängige Herdenimmunität

Wie recht einfach an Abb. 4 zu sehen ist, wirkt sich die Schrittweite h nicht sehr stark auf die Projektion des Verlaufes für das restliche Jahr aus. Falls das h jedoch noch größer gewählt werden würde, wäre der Verlauf

nicht mehr unbedingt repräsentativ, da die genutzten Daten einen gewissen Abstand (weniger als 40 Tage) haben und die benutzte Datenmenge an sich schon recht knapp ist. Diese geringe Abhängigkeit von h zeigt jedoch, dass das genutzte Runge-Kutter Verfahren ein stabiles Verfahren ist, welches gute Werte produziert.

Nun können wir noch einen Vergleich unserer Simulation mit den RKI Daten zu einem hypothetischen Verlauf tätigen. Dabei wurde beim hypothetischen Verlauf der R_0 Wert Mitte Januar auf 0,5 gesenkt und so lange gehalten, bis $I < 1000$ ist und danach auf $R_0 = 1,2$ gehalten. Als Zusatzbedingung sinkt durch saisonale Effekte der R_0 auf 80%. In Abb. ?? ist zu erkennen, dass der hypothetische Verlauf einen stetigen Abfall der Infizierten darstellt. Dies ist an dem Verlauf des R_0 Wertes zu erwarten gewesen. Es ist auch auffällig, dass der hypothetische Verlauf für die ersten ca. 70 Tage eine in Näherung gleichen Verlauf hat wie der reale Verlauf. Jedoch hat der reale Verlauf ab ca. Tag 70 bis Tag 110 einen großen Anstieg der Infizierten und fällt dann wieder ab, erst stärker und ab ca. Tag 150 wieder schwächer. Am Ende des Jahres bei Tag 362 liegen beide Verläufe wieder sehr nah beieinander. Dies ist auch der Punkt, an dem die Pandemie nach der Simulation als abgeklungen bezeichnet werden kann, da der weitere Verlauf keine Verschlimmerung aufweist. Der im realen Verlauf auftauchende Peak lässt sich durch frühzeitige Lockerungen Anfang März erklären, was zu einem rapiden Anstieg von Infizierten führte (Lockerungsmaßnahmen [7]).

Fazit

Mit Hilfe des Runge-Kutta 2 Verfahrens konnten wir den Pandemieverlauf mit dem DGS in guter Näherung simulieren. Dabei stellten wir fest, dass große R_0 wie auch zu erwarten einen schnellen Anstieg der Infizierten zur Folge haben. Es war weitergehend zu erkennen, dass sich durch diese schnelle Verbreitung eine Diskrepanz zwischen der Simulation und der Herdenimmunität ergibt. Bei der Konstruktion des realen Verlaufs konnte man durch die Konstanz des Verlaufs unter Variation der Schrittweite eine Stärke des Runge-Kutta Verfahrens aufzeigen. Der zusätzliche hypothetische Verlauf wäre eine Alternative zum realen Verlauf gewesen, hätte aber weitere soziale Einschränkungen zur Folge gehabt. Wenn man keine Verschlimmerungen zu erwarten hat, kann man mit einem ungefähren Ende der Pandemie spätestens Ende des Jahres 2021 rechnen.

Literatur

- [1] *Täglicher Lagebericht des RKI zur Coronavirus-Krankheit-2019(COVID-19)*, Robert Koch Institut, https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Situationsberichte/Jan_2021/2021-01-03-de.pdf?__blob=publicationFile, Stand: 24.05.2021.
- [2] *Täglicher Lagebericht des RKI zur Coronavirus-Krankheit-2019(COVID-19)*, Robert Koch Institut, https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Situationsberichte/Feb_2021/2021-02-06-de.pdf?__blob=publicationFile, Stand: 24.05.2021.
- [3] *Täglicher Lagebericht des RKI zur Coronavirus-Krankheit-2019(COVID-19)*, Robert Koch Institut, https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Situationsberichte/Maerz_2021/2021-03-12-de.pdf?__blob=publicationFile, Stand: 24.05.2021.
- [4] *Täglicher Lagebericht des RKI zur Coronavirus-Krankheit-2019(COVID-19)*, Robert Koch Institut, https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Situationsberichte/Apr_2021/2021-04-20-de.pdf?__blob=publicationFile, Stand: 24.05.2021.
- [5] *Täglicher Lagebericht des RKI zur Coronavirus-Krankheit-2019(COVID-19)*, Robert Koch Institut, https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Situationsberichte/Mai_2021/2021-05-22-de.pdf?__blob=publicationFile, Stand: 24.05.2021.
- [6] *Täglicher Lagebericht des RKI zur Coronavirus-Krankheit-2019(COVID-19)*, Robert Koch Institut, https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Situationsberichte/Jun_2021/2021-06-01-de.pdf?__blob=publicationFile, Stand: 06.06.2021.
- [7] <https://www.bundesregierung.de/breg-de/themen/coronavirus/bund-laender-beschluss-1872126>