Modellierung eines verallgemeinterten SEIR-Modells mit prävalenzabhängigen Kontaktraten

Janina Rastetter Mansur Daschaew Maren Raus

Statistische Methoden in der Epidemiologie

14.02.2022

SEIR-Modell:

S	susceptible
E	exposed
I	infectious
D	detected
R	recovered

$$\frac{dS}{dt} = -\beta \frac{SI}{N}$$

$$\frac{dE}{dt} = \beta \frac{SI}{N} - \alpha E$$

$$\frac{dI}{dt} = \alpha E - \gamma I - \delta I$$

$$\frac{dD}{dt} = \delta I - \gamma D$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I + \gamma D$$

Parameter

Übergangsrate α:	Kehrwert der mittlere Latenzzeit
Transmissionsrate β:	Kehrwert der mittleren Zeit zwischen Kontakten
Erholungsrate γ:	Kehrwert der mittleren infektiösen Zeit
Testrate δ:	

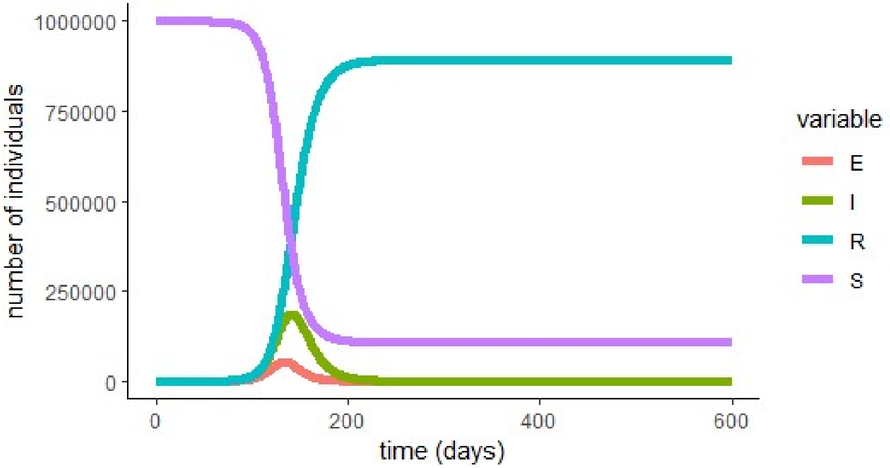
Schätzung für Transmissionsrate:

$$\beta \approx \frac{R_0}{\gamma}$$

(R_0 Reproduktionszahl)

Startwerte:

- Populationsgröße N
- S = N-1, I = 1, E = R = 0



Kontaktrate $\beta(t)$

$$\beta(t) = \beta_0[(1-\phi)f(t;\theta) + \phi]$$

- $f(t;\theta)$ abfallende Funktion von 1 nach 0
- $\beta(0) = \beta_0$ und $\beta(t)$ nimmt ab bis $\phi\beta_0$
- $\phi \in [0, 1)$: nicht vermeidbare Reduktion

$\beta(t)$

exponentielle, harmonische oder hyperbolische Funktion:

$$\beta_{exp}(t) = \beta_0[(1-\phi)e^{-qt} + \phi] \qquad , 0 < q \leq 1$$

$$\beta_{harm}(t) = \beta_0[(1-\phi)(1+q\nu t)^{-1} + \phi]$$

$$\beta_{hyper}(t) = \beta_0[(1-\phi)(1+q\nu t)^{-1/\nu} + \phi]$$

- q: Halbwertzeit
- v: durchschnittliche Zeit bis $\beta = \frac{1}{2}\beta_0(1-\phi)$
- $q = 0$: β bleibt konstant
- $q > 0$: sub-exponentielles Wachstum der Epidemie

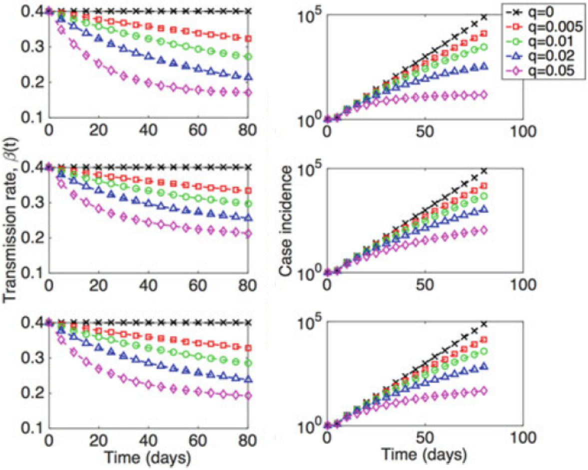
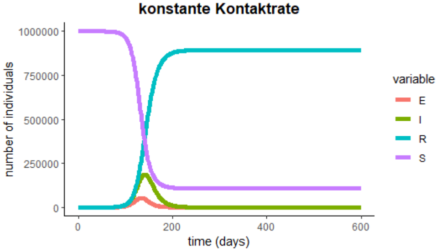
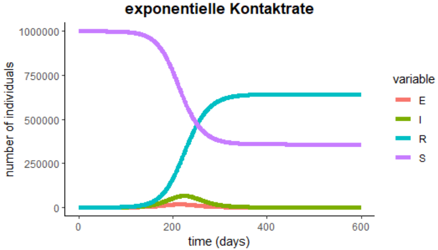
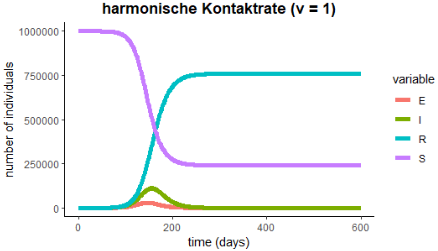


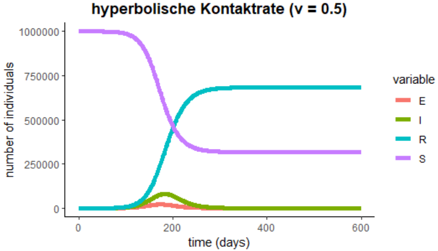
Figure: erste Zeile: β_{exp}, zweite Zeile: β_{harm}, dritte Zeile: β_{hyper}

Auswirkungen auf den Pandemieverlauf

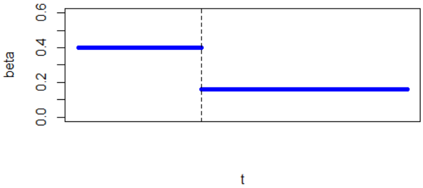


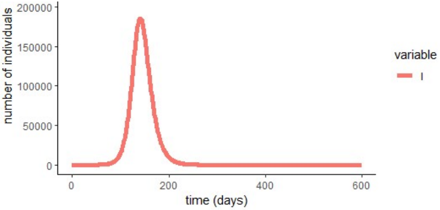




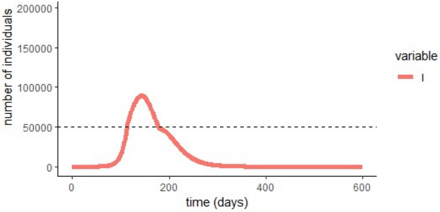


- Kontaktrate verändert sich nicht kontinuierlich, sondern abrupt
- Zeitpunkt ist von der Inzidenz abhängig
- Bedingung an $\beta(t)$: $\beta(t) = \begin{cases} \phi\beta_0 \text{ falls } I(t) > \tau N \\ \beta_0 \end{cases}$, wobei $\phi \in (0, 1)$ und $\tau \in (0, 1)$.
  τ: Anteil der Gesamtbevölkerung, der höchstens infiziert sein soll

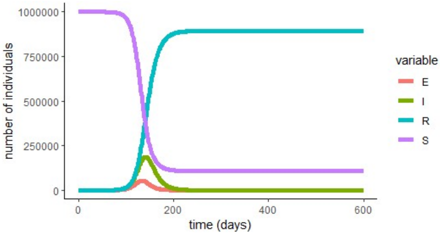




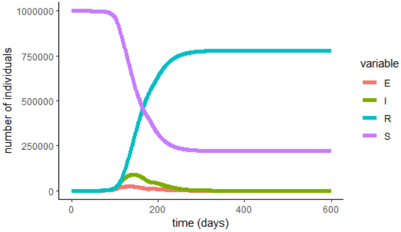
(a) Infizierte



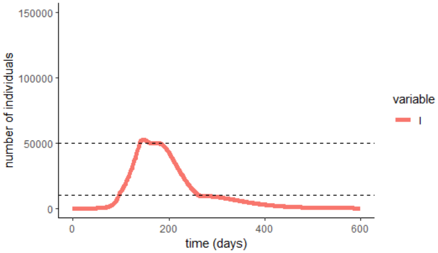
(b) Infizierte bei Lockdown für $I(t) > 0.05N$



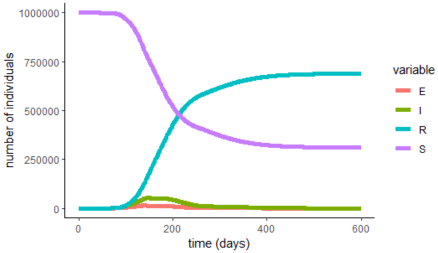
(c) Pandemieverlauf



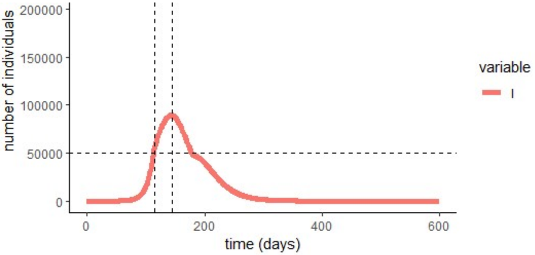
(d) Pandemieverlauf bei Lockdown für $I(t) > 0.05N$



(a) Infizierte



(b) Epidemieverlauf



- verschiedener Zeitpunkt (zu früh/zu spät), adäquate Wahl der Schranke τN
- Zeitspanne zwischen Beginn des Lockdown und Peak
- Entsprechung zu Alarmstufen-Modell, Richtwerte pro 100 000 Einwohner
- nicht in Abhängigkeit von I, sondern von D