

GF Math SIR Modell

June 16, 2020

1 Mathematische Modellierung von Epidemien — am Beispiel des SIR Modells

1.1 Mathematische Modelle

Aus aktuellem Anlass habe ich mich dazu entschlossen — etwas spät, aber nach dem Motto: “lieber spät als nie...” — im Grundlagenfach eine kleine Sequenz zu *Modellierung und Differenzialgleichungen* zu halten, welche sonst dem SF oder EF Angewandte Mathematik vorenthalten ist. Ich werde nicht alles Mathematische im Detail erklären, jedoch ab und zu für die Fortgeschrittenen kleine Hinweise einstreuen, damit man bei Interesse weiss, wo man ansetzen könnte. Diese Hinweise kann man aber getrost auch überhören, wenn man möchte.

1.1.1 Was ist ein Modell?

Modell Wikipedia :

Ein Modell ist ein vereinfachtes Abbild der Wirklichkeit. (Wikipedia)

Bei der mathematischen Modellierung wird aus der **Realität** durch Modellbildung ein **Modell** erstellt, das mit mathematischen Methoden ausgewertet werden kann. Das Ergebnis der Berechnungen im Modell muss dann wiederum interpretiert und auf die Wirklichkeit/Realität abgebildet werden.

1.1.2 Was kann ein Modell?

All models are wrong, but some are useful. (George Box)

Ein Modell stimmt *nie* mit der Wirklichkeit überein. Das wird auch nicht verlangt, wäre auch unmöglich, und es gibt viele Fehlerquellen, die gemeinhin nicht in der Mathematik liegen, sondern natürlichen Ursprungs sind (zB fehlerhafte Daten, oder verfälschte Messungen, oder...). Wieso nimmt man dann trotzdem ab und an ein Modell zur Hand? Man weiss aus Erfahrung, dass gewisse, simple Modelle die Realität ziemlich gut beschreiben können. Und es ist mit diesen Modellen möglich, zuverlässige Prognosen zu stellen.

1.1.3 Was ist ein SIR Modell?

Bei mathematischer Modellierung geht es darum, eine schematische, häufig grob vereinfachte, Abstraktion eines Sachverhalts vorzunehmen. Im Beispiel von Epidemien, um die es heute gehen soll, muss eine Gruppe von Menschen in unterschiedliche Klassen aufgeteilt werden. Eine einfache Aufteilung geht beispielsweise so, dass man die Bevölkerung in *Infizierte*, *Gesunde*, und *Genesene*

einteilt. Jedes Individuum gehört genau zu einer Gruppe. Im Englischen spricht man von **Susceptibles**, **Infected** und **Recovered**; kurz eben SIR. Im einfachsten Fall geht man davon aus, dass die Gesamtheit konstant bleibt und dass einmal Infected, die genesen, immun werden. Schematisch sieht dies so aus:

```
[1]: %%latex
\begin{center}
\fbox{
\includegraphics[trim=2.5cm 22cm 2.5cm 3.5cm, clip, width=\linewidth]{sirmodel.pdf}}
\end{center}
```



Vermutlich neu für die meisten von euch ist nun, dass es hier nicht um eine Momentaufnahme geht, sondern dass wir *Funktionen als Lösungen* eines dynamischen Systems suchen. Wir möchten zum Beispiel voraussagen können, wie viele zu einem Zeitpunkt t infiziert sein werden, oder vielleicht wie lange es dauert, bis alle infizierten immun sind. Mathematisch heisst das, dass wir Funktionen S , I und R in Abhängigkeit der Zeit t suchen, die uns solche Fragen beantworten können.

- $S(t)$: Anzahl der Empfänglichen zum Zeitpunkt t .
- $I(t)$: Anzahl der Infektiösen zum Zeitpunkt t .
- $R(t)$: Anzahl der Genesenen zum Zeitpunkt t .

1.1.4 Wie finden wir diese Funktionen?

Man sieht rasch, dass es schwierig ist, die Funktionen zu erraten. Jedoch: Wir können etwas über die zeitliche Änderung dieser Funktionen sagen.

- Die Anzahl Personen, welche an einem Tag gesunden ist proportional zur Anzahl der infizierten:

$$\dot{R}(t) = \beta \cdot I(t)$$

Wenn es im Schnitt k Tage dauert, bis man wieder fit ist, so hat β die Größenordnung $\frac{1}{k}$.

- Die Anzahl der Personen, die an einem Tag infiziert werden ist sowohl proportional zur Anzahl Infektiösen als auch zur Anzahl der Empfänglichen:

$$\dot{S}(t) = -\alpha \cdot S(t) \cdot I(t)$$

Den Proportionalitätsfaktor α kann man nicht so leicht abschätzen wie β . α hängt unter anderem sicherlich von der Art der Krankheit und von der Anzahl der Kontakte zwischen den Individuen ab.

- Nun ist klar, wie sich nach unserem Modell die Gruppe der Infizierten ändert:

$$\dot{I}(t) = \alpha \cdot S(t) \cdot I(t) - \beta \cdot I(t)$$

1.1.5 Der Übergang vom diskreten zum kontinuierlichen Modell

```
[3]: %%latex
\begin{center}
%\fbox{
\includegraphics[trim=2.5cm 2.5cm 2.5cm 2.5cm, clip,%
→width=\ linewidth]{herleitungdgl.pdf}
\includegraphics[page=2, trim=2.5cm 12cm 2.5cm 2.5cm, clip,%
→width=\ linewidth]{herleitungdgl.pdf} %
\end{center}
```

HERLEITUNG / MOTIVATION

S seien die Empfänglichen. Die zeitliche Änderung dieser Populationsgruppe sei proportional zur Größe von $S(t)$. Je mehr Empfängliche da sind, desto mehr können auch angesteckt werden. Ferner aber auch, so nehmen wir an, proportional zu den Infektösen $I(t)$ zum Zeitpunkt t ; man könnte auch argumentieren proportional zur Anzahl Begegnungen/Kontakte $S(t) \cdot I(t)$. Dabei nimmt S ab. Wir schreiben für eine kleine Zeitspanne Δt :

$$S(t + \Delta t) = S(t) - \alpha \cdot S(t) \cdot I(t) \cdot \Delta t$$

Bemerkung: Es ist auch illustrativ — zum Beispiel wenn man programmieren möchte —, wenn man obigen Sachverhalt in einer Art "Folgen & Reihen"-Schreibweise notiert:

$$S_{k+\Delta t} = S_k - \alpha S_k I_k$$

Für die Infektösen ist demnach

$$I(t + \Delta t) = I(t) + \alpha \cdot S(t) \cdot I(t) \cdot \Delta t$$

Jetzt nimmt man zusätzlich an, dass ein Kranke im Mittel in $\frac{1}{\beta}$ Tagen sich erholt, dass also in einer Zeitspanne Δt im Mittel $\beta \cdot I(t) \cdot \Delta t$ gesunden. Somit haben wir

$$I(t + \Delta t) = I(t) + \alpha S(t) I(t) \Delta t - \beta I(t) \Delta t$$

Damit haben wir noch die Recovered-Änderung mit

$$R(t + \Delta t) = R(t) + \beta I(t) \Delta t$$

Das Modell wird umso geschmeidiger/genauer, je kleinere Zeitabschnitte betrachtet werden. Daher stellen wir nach den Änderungsraten um und lassen $\Delta t \rightarrow 0$ gehen. Es folgt unmittelbar

$$\frac{S(t+\Delta t) - S(t)}{\Delta t} = -\alpha S(t) I(t)$$

$$\frac{I(t+\Delta t) - I(t)}{\Delta t} = \alpha S(t) I(t) - \beta I(t)$$

$$\frac{R(t+\Delta t) - R(t)}{\Delta t} = \beta I(t)$$

und für $\Delta t \rightarrow 0$:

$$\dot{S} = -\alpha S I$$

$$\dot{I} = \alpha S I - \beta I$$

$$\dot{R} = \beta I$$

1.1.6 Methode

Wir haben es mit einem diskreten Modell zu tun, dass wir mit kontinuierlichen Methoden angehen werden. Damit wird es "geschmeidiger", kann aber auch nicht plausible Werte liefern wie Fliesskomazahlen. Oft ist es in der Praxis so, dass man die Lösungen numerisch bestimmen muss, dass man also sowieso kleine Zeitschritte einbaut und nicht analytisch die Lösung findet. Uns ist aber ohnehin klar, dass es beispielsweise 14.2857 Gesunde nicht geben kann. Aber die Methode des Grenzwertübergangs liefert uns präzisere Daten.

Schliesslich wird jetzt noch einmal dieses Differentialgleichungssystem schlank im Überblick projiziert:

$$\dot{S} = -\alpha S I \tag{1}$$

$$\dot{I} = \alpha S I - \beta I \tag{2}$$

$$\dot{R} = \beta I \tag{3}$$

1.2 Plausibilität unseres SIR Modells

1.2.1 Einheitencheck

Stehe t wie üblich für die Zeit. Betrachten wir das Differentialgleichungssystem

$$\dot{S} = -\alpha SI \quad (4)$$

$$\dot{I} = \alpha SI - \beta I \quad (5)$$

$$\dot{R} = \beta I \quad (6)$$

so sehen wir, dass β die Einheit $[\frac{1}{t}]$ haben muss, da ja die linken Seiten die Einheit $[\frac{\text{Individuen}}{t}]$ haben. Etwas Ähnliches haben wir uns vorher schon überlegt. Analog findet man, dass α die Einheit $[\frac{1}{\text{Individuen} \cdot t}]$ hat.

1.2.2 Addieren der Gleichungen des Systems

Wir erhalten $(S + I + R)' = 0$. Das heisst, die Population ist konstant, wie wir angenommen haben.

1.2.3 Abschätzung der Startwerte und qualitative Verläufe

Ganz zu Beginn des Ausbruchs der Epidemie lässt sich unser System grob so formulieren:

$$\dot{S} = -\alpha SI \quad (7)$$

$$\dot{I} = \alpha SI \quad (8)$$

Es kann ja noch gar niemand genesen sein, wenn die Krankheit beispielsweise "neu" ist. Das heisst wir haben $R = 0$ und damit $\dot{R} = 0$. Ist zudem — und dies ist in der Praxis eigentlich immer gegeben — S zu Beginn viel grösser als I , so kann S für kleine t als konstant betrachtet werden. Ist nun S annähernd konstant, dann ist $\dot{S} \approx 0$ und daher haben wir:

$$\dot{I} = \gamma I \quad (9)$$

wobei, $\alpha S =: \gamma$.

Was für eine Funktion erfüllt diese Gleichung? Genau, das ist

$$I(t) = I_0 \cdot e^{\gamma t}.$$

Deshalb haben wir zu Beginn **exponentielles Wachstum**.

Ignoriert man R , wenn zum Beispiel der Genesungsprozess verhältnismässig lange dauert oder man nicht immun wird, dann haben wir

$$\dot{S} = -\alpha SI \quad (10)$$

$$\dot{I} = \alpha SI \quad (11)$$

Da wir annehmen, dass die Gesamtpopulation konstant bleibt, gilt $S + I = 1$ für alle Zeiten t , also $S = (1 - I)$. Somit ergibt sich, da wir eigentlich in diesem Fall nur eine Gleichung brauchen,

$$\dot{I} = \alpha(1 - I)I \quad (12)$$

was **logistisches Wachstum** bedeutet. Übrigens ist diese Gleichung analytisch lösbar, indem man die [Variablen trennt](#) und anschliessend mit Hilfe einer [Partialbruchzerlegung](#) einfache Integrale bereit stellt. Wir werden das im AM erledigen. Die Neugierigen können ja bereits Stift und Papier zur Hand nehmen und selber rechnen.

```
[3]: %%latex
\begin{center}
%\fbox{
\includgraphics[trim=2.5cm 2.5cm 2.5cm 6cm, clip,
width=\linewidth]{sirmodel.pdf}
\end{center}
```

Wachstumsverhalten (zu Beginn)

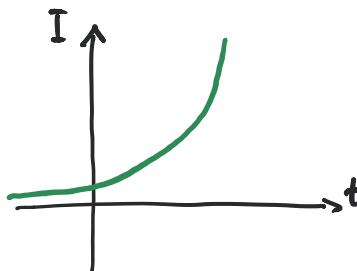
$$\dot{I} = p \cdot I$$

Die Änderung von I ist proportional zu I selbst.

Welche Funktion erfüllt diese Bedingung?

$$\rightarrow I(t) = I_0 \cdot e^{pt}$$

Qualitativ :



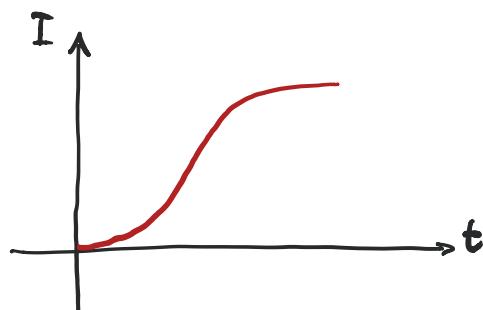
exponentiell

Eher auch zu Beginn, oder bei langer Genesungsphase $\rightarrow R \approx 0$

Grob ist dann $S+I = 100\%$, d.h. $S = 1-I$ und daher

$$\dot{I} = \alpha S I = \alpha I (1-I)$$

Qualitativ :



logistisch

1.3 Das SIR Modell für unser Beispiel — jetzt quantitativ

Ich habe die Gleichungen im nächsten Kapitel in Geogebra bereit gestellt. Dort wird durch das Programm dynamisch der Verlauf berechnet und geplottet. Bei den Schiebereglern kann man die Parameter α und β ändern. Es sei noch vermerkt, dass wir eigentlich nur die ersten beiden Gleichungen brauchen, die dritte Größe (z.B. R) ergibt sich jeweils aus der konstanten Populationsgröße.

Nun folgen diverse statische Plots mit Python, die interessante Details zeigen.

```
[4]: %matplotlib inline
%config InlineBackend.figure_format = 'pdf'
import matplotlib
matplotlib.rcParams["text.usetex"] = True
import matplotlib.pyplot as plt
import numpy as np
from numpy import zeros, linspace
from scipy.integrate import odeint
```

```
[5]: plt.style.use('seaborn')

# Populationsgrösse
N = 40_000
# Anzahl Infektiose zu Beginn, Anzahl Immune zu Beginn
I0, R0 = 1, 0
# Der Rest ist empfänglich
S0 = N - I0 - R0
# Ansteckungsrate und Genesungsrate (pro Person)
alpha, beta = 1.0, 1./20
# linspace (in Tage)
t = np.linspace(0, 65, 300)

# SIR Modell
def deriv(y, t, N, alpha, beta):
    S, I, R = y
    dSdt = -alpha/N * S * I
    dIdt = alpha/N * S * I - beta * I
    dRdt = beta * I
    return dSdt, dIdt, dRdt

# Anfangsbedingungen
y0 = S0, I0, R0
# Rekursive Integration über die Zeitspanne
ret = odeint(deriv, y0, t, args=(N, alpha, beta))
S, I, R = ret.T

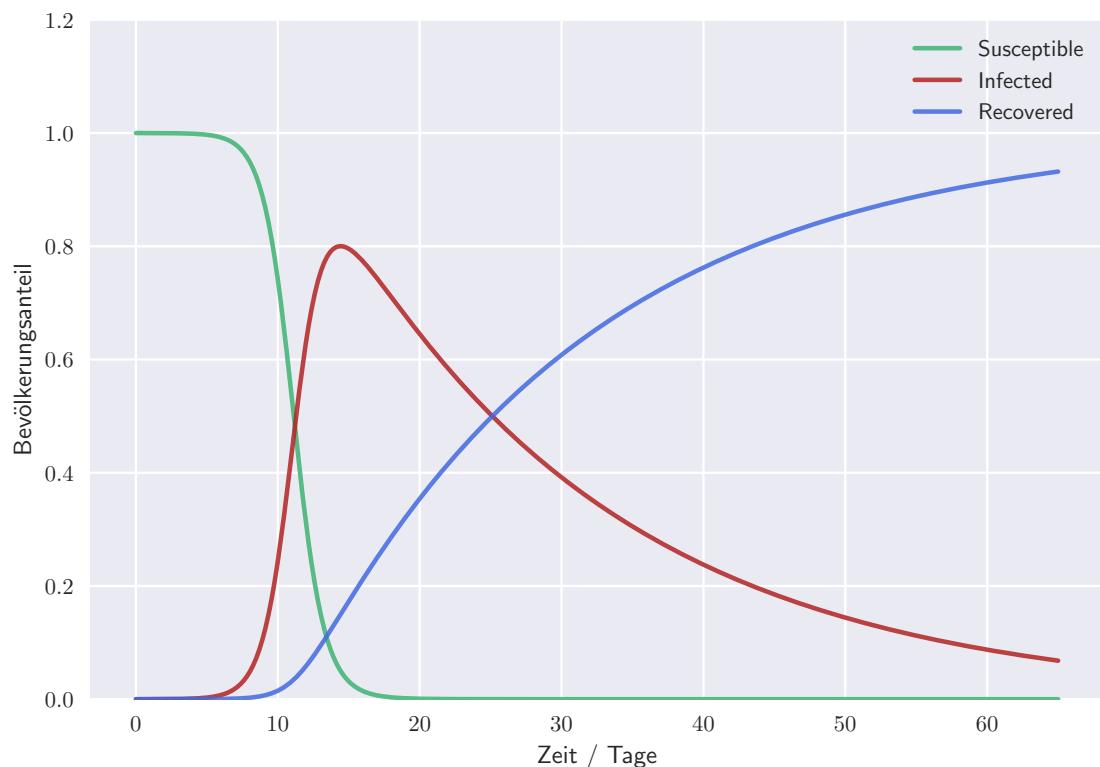
# Plotting S(t), I(t) and R(t)
fig = plt.figure(facecolor='w')
ax = fig.add_subplot(111, frame_on=True, axisbelow=True)
ax.plot(t, S/N, color="#3CB371", alpha=0.85, lw=2, label='Susceptible')
ax.plot(t, I/N, color="#B22222", alpha=0.85, lw=2, label='Infected')
ax.plot(t, R/N, color="#4169E1", alpha=0.85, lw=2, label='Recovered')
ax.set_xlabel(r'Zeit / Tage')
ax.set_ylabel(r'Bevölkerungsanteil')
ax.set_ylim(0,1.2)
```

```

fig.suptitle(r'SIR Modell mit $\alpha=1.0$', fontsize=20)
legend = ax.legend()
legend.get_frame().set_alpha(0.85)
plt.show()

```

SIR Modell mit $\alpha = 1.0$



```

[6]: plt.style.use('seaborn')

# Populationsgrösse
N = 40_000
# Anzahl Infektiose zu Beginn
I0, R0 = 1, 0
# Der Rest ist empfänglich
S0 = N - I0 - R0
# Ansteckungsrate und Genesungsrate (pro Person)
alpha, beta = 0.1, 1./20
# linspace (in Tage)
t = np.linspace(0, 365, 365)

# SIR Modell
def deriv(y, t, N, alpha, beta):

```

```

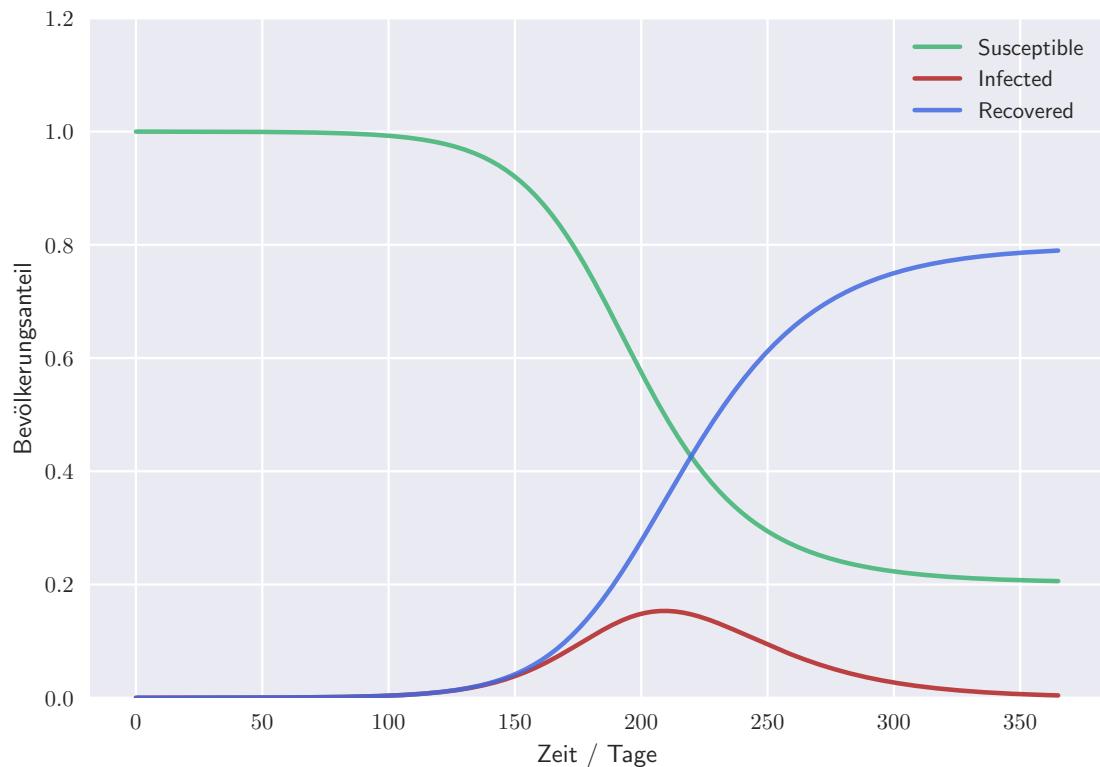
S, I, R = y
dSdt = -alpha/N * S * I
dIdt = alpha/N * S * I - beta * I
dRdt = beta * I
return dSdt, dIdt, dRdt

# Anfangsbedingungen
y0 = S0, I0, R0
# Rekursive Integration über die Zeitspanne
ret = odeint(deriv, y0, t, args=(N, alpha, beta))
S, I, R = ret.T

# Plotting S(t), I(t) and R(t)
fig = plt.figure(facecolor='w')
ax = fig.add_subplot(111, frame_on=True, axisbelow=True)
ax.plot(t, S/N, color="#3CB371", alpha=0.85, lw=2, label='Susceptible')
ax.plot(t, I/N, color="#B22222", alpha=0.85, lw=2, label='Infected')
ax.plot(t, R/N, color="#4169E1", alpha=0.85, lw=2, label='Recovered')
ax.set_xlabel(r'Zeit / Tage')
ax.set_ylabel(r'Bevölkerungsanteil')
ax.set_ylim(0,1.2)
fig.suptitle(r'SIR Modell mit $\alpha=0.1$', fontsize=20)
legend = ax.legend()
legend.get_frame().set_alpha(0.95)
plt.show()

```

SIR Modell mit $\alpha = 0.1$



Es ist also möglich, durch Ändern des Parameters α , den zeitlichen Verlauf der Krankheit innerhalb einer Population zu beeinflussen. Im ersten Beispiel ist der Peak der Infected markant und zwischenzeitlich sind mehr als 80% infiziert. Das muss man vermeiden! Im zweiten Beispiel wurde α reduziert auf einen Zentel, was zum Beispiel mit Massnahmen wie *Social Distancing*, *regelmäßig Händewaschen* etc. erreicht werden kann. Bemerkenswert ist auch, dass im letzten Beispiel nicht alle Susceptibles krank werden und die Krankheit ausstirbt. Beachte auch, dass man für den zeitlichen Verlauf aber viel mehr Geduld braucht.

1.3.1 Dynamisches Geogebrafile zum Spielen

```
[7]: from IPython.display import IFrame  
  
IFrame("https://www.geogebra.org/m/zn54bkmb",800,600)  
# Drück den roten Link um zum dynamischen Geogebra sheet geführt zu werden.
```

```
[7]: <IPython.lib.display.IFrame at 0x7f91302f9dd0>
```

1.3.2 Daten aus der Schweiz (Wikipedia)

Auf [dieser Site](#) sind einige Zahlen/Daten aus der Schweiz zum COVID-19 unter anderem auch graphisch präsentiert. Insbesondere kann hier zum Beispiel der exponentielle und logistische Verlauf gefunden werden.

1.3.3 Parameterschätzung — für den Kanton Bern anhand der März-Zahlen

Man kann nun zum Beispiel I anpassen, indem man die ersten bekannten Messwerte von I nimmt und ein [Curve Fitting](#) durchführt. In den ersten paar Tagen der Epidemie gilt wie oben gesehen näherungsweise $I(t) = I_0 \cdot e^{\gamma \cdot t}$. So erhält man eine Schätzung für γ und kann daraus eine Schätzung für α ermitteln, da zu Beginn $\gamma = \alpha \cdot S_0$.

Hier die Daten für den Kanton Bern im März (nachgewiesene Infektionen):

Datum im März	Zahl der nachgewiesenen Infektionen
14.	78
16.	123
18.	193
19.	282
20.	377
21.	418
23.	470
24.	532
25.	624

```
[8]: # x axis value list.
date_list = [0,2,4,5,6,7,9,10,11]
# y axis value list.
infections = [78,123,193,282,377,418,470,532,624]

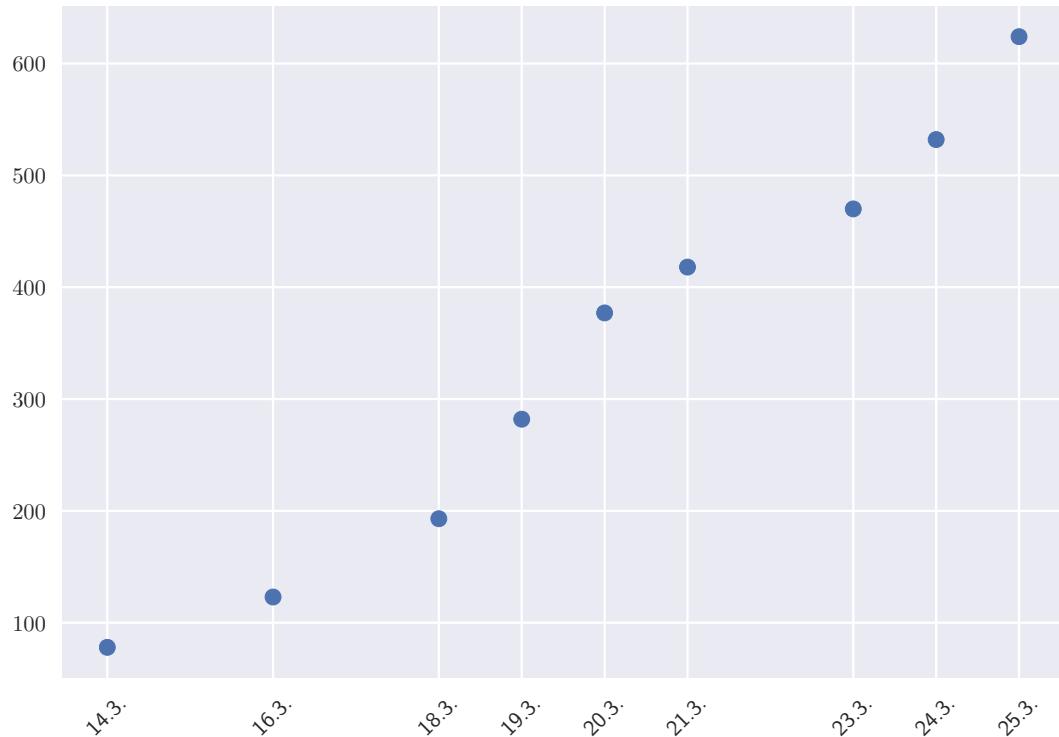
fig = plt.figure(facecolor='w')

plt.scatter(date_list, infections, s=50)
plt.xticks(date_list, ('14.3.', '16.3.', '18.3.', '19.3.', '20.3.', '21.3.', '23.  
→3.', '24.3.', '25.3.'), rotation=45)

fig.suptitle("Anzahl Neuinfektionen im Kanton Bern vom 14. bis 25. März",  
→fontsize=20)

plt.show()
```

Anzahl Neuinfektionen im Kanton Bern vom 14. bis 25. März



Leider hat der Kanton nicht für jeden Tag Daten, so dass ab und zu ein Tag ausgelassen wird. Ich habe ohne Rücksicht auf Verluste einfach diejenigen Werte kumuliert, die ich zur Verfügung hatte. Natürlich "fehlen" dann jeweils nach einem datenlosen Tag diese in der nächsten Aufsummierung. Für das erhobene fitting bedeutet das, dass der erhaltene Wert von γ konservativ ausfällt; also eine milde Schätzung ist.

[WolframAlpha](#) beispielsweise kann so ein Fitting für uns tun:

```
FindFit[{{0,78},{2,201},{4,394},{5,676},{6,1013},{7,1431},{9,1901},{10,2433},{11,3067}},  
78*Exp[c t], {c}, t],
```

wobei ich wie erwähnt die nachgewiesenen Infektionen kumuliert habe.

Es findet für den Ansatz $f(t) = 78 \cdot e^{ct}$ den Wert $c = 0.341643$, mit unserer Notation

$$\gamma = 0.341643.$$

```
[9]: # x axis value list.  
date_list = [0,2,4,5,6,7,9,10,11]  
# y axis value list.  
infections = [78,201,394,676,1013,1431,1901,2433,3067]
```

```

fig = plt.figure(facecolor='w')
plt.scatter(date_list, infections, s=50)

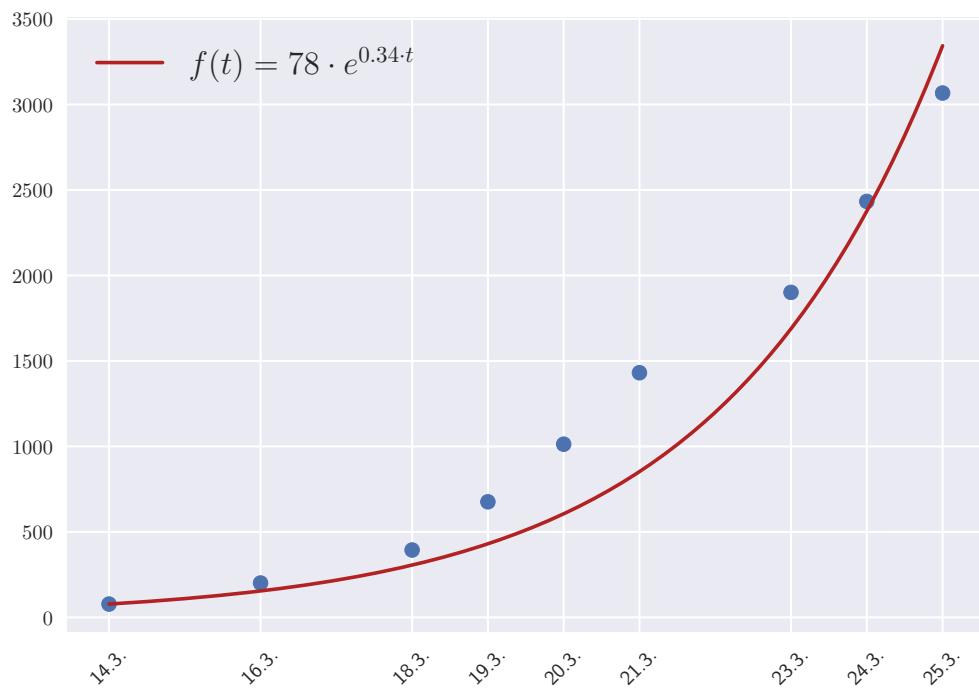
t = linspace(0, 11, 300)
plt.plot(t,78*np.exp(0.341643*t), color="firebrick", label=r"$f(t)=78\cdot e^{0.34\cdot t}$")
plt.xticks(date_list, ('14.3.', '16.3.', '18.3.', '19.3.', '20.3.', '21.3.', '23.3.', '24.3.', '25.3.'), rotation=45)

fig.suptitle("Anzahl (kummulierte) Neuinfektionen im Kanton Bern mit Fitting f", fontsize=20)
plt.legend(fontsize=16)

plt.show()

```

Anzahl (kummulierte) Neuinfektionen im Kanton Bern mit Fitting f



```

[10]: # Populationsgrösse
N = 1_035_000
# Anzahl Infektiöse zu Beginn
I0, R0 = 78, 0
# Der Rest ist empfänglich
S0 = N - I0 - R0
# Ansteckungsrate und Genesungsrate (pro Person)

```

```

alpha, beta = 0.341643, 1./20
# linspace (in Tage)
t = np.linspace(0, 120, 120)

# SIR Modell
def deriv(y, t, N, alpha, beta):
    S, I, R = y
    dSdt = -alpha/N * S * I
    dIdt = alpha/N * S * I - beta * I
    dRdt = beta * I
    return dSdt, dIdt, dRdt

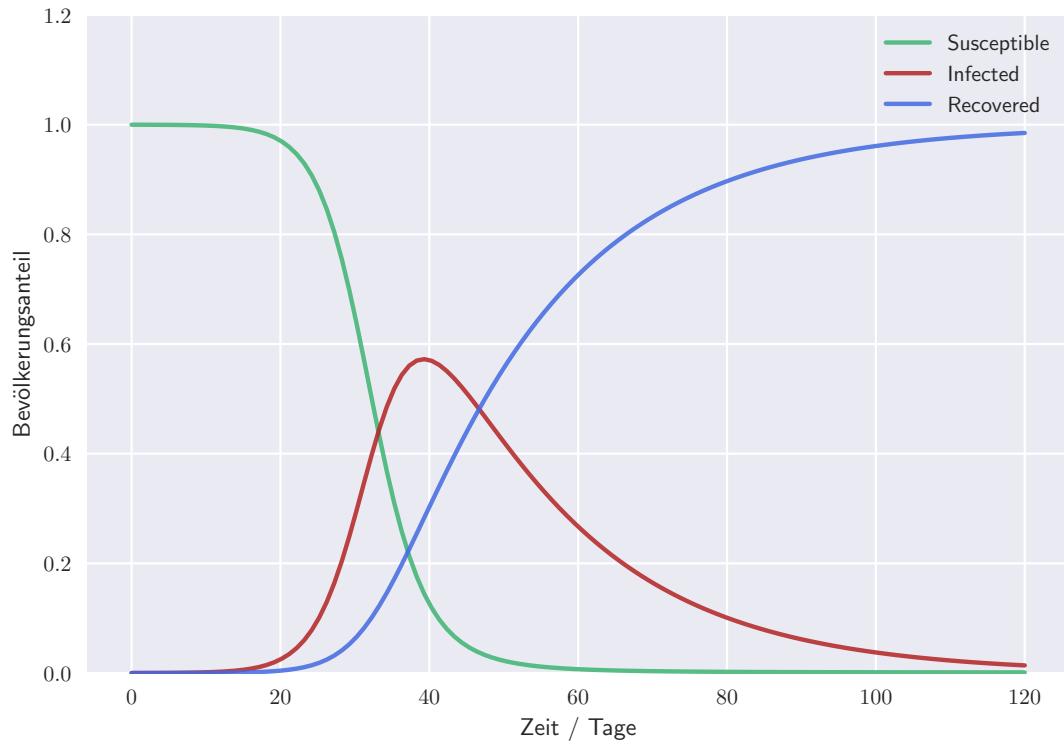
# Anfangsbedingungen
y0 = S0, I0, R0
# Rekursive Integration über die Zeitspanne
ret = odeint(deriv, y0, t, args=(N, alpha, beta))
S, I, R = ret.T

# Plotting S(t), I(t) and R(t)
fig = plt.figure(facecolor='w')
ax = fig.add_subplot(111, frame_on=True, axisbelow=True)
ax.plot(t, S/N, color="#3CB371", alpha=0.85, lw=2, label='Susceptible')
ax.plot(t, I/N, color="#B22222", alpha=0.85, lw=2, label='Infected')
ax.plot(t, R/N, color="#4169E1", alpha=0.85, lw=2, label='Recovered')
ax.set_xlabel(r'Zeit / Tage')
ax.set_ylabel(r'Bevölkerungsanteil')
ax.set_yticks([0, 0.2, 0.4, 0.6, 0.8, 1.0, 1.2])
fig.suptitle(r'SIR Model für Zahlen aus dem Kanton Bern mit $\alpha=0.' +
             r'341634$', fontsize=20)
legend = ax.legend()
legend.get_frame().set_alpha(0.85)

plt.show()

```

SIR Model für Zahlen aus dem Kanton Bern mit $\alpha = 0.341634$



Die Daten habe ich aus der Zeit der Schulschliessung. Man kann heute, 31.~Mai 2020, eine *Reproduktionszahl* von $R_0 = 1.22$ für Mitte März nachschlagen, als die Massnahmen bereits in Kraft waren. Vorher war diese Zahl bei etwa 3 anzusetzen und aufgrund des Fittings noch höher. Beachte auch, das das Fitting vermutlich anders ausgefallen wäre, wenn ich die beiden letzten Datenpunkte ausgelassen hätte. Was würde dies für unser Modell für α heissen?

Es ist $\gamma = \alpha \cdot S_0$, also kriegen wir etwas pingelig $\alpha = \frac{\gamma}{S(0)-I(0)} =$

[11]: $0.341643/(1_035_000-78)$

[11]: $3.301147332842475e-07$

Die Reproduktionszahl betrüge demnach $R_0 = \frac{\alpha}{\beta} \cdot S_0 =$

[12]: $(0.341643/(1_035_000-78))/(1/20)*1_035_000$

[12]: 6.833374978983922

Wollen wir wissen, welchem Wert α in etwa eine Reproduktionszahl von $R_0 = 3$ entspricht, so stellen wir nach α um:

[13]: $3/1_035_000*(1/20)*(1_035_000-78)$

[13]: 0.14998869565217393

Der Wert $\alpha = 0.15$ entspräche also ungefähr einem Wert der Reproduktionszahl von $R_0 = 3$ für unser Modell.

```
[14]: # Populationsgrösse
N = 1
# Anzahl Infektiose zu Beginn
IO, R0 = 0.001, 0.0
# Der Rest ist empfänglich
S0 = N - IO - R0
# Ansteckungsrate und Genesungsrate (pro Person)
alpha, beta = 1.5*10**(-1), 1./24
# linspace (in Tage)
t = np.linspace(0, 200, 365)

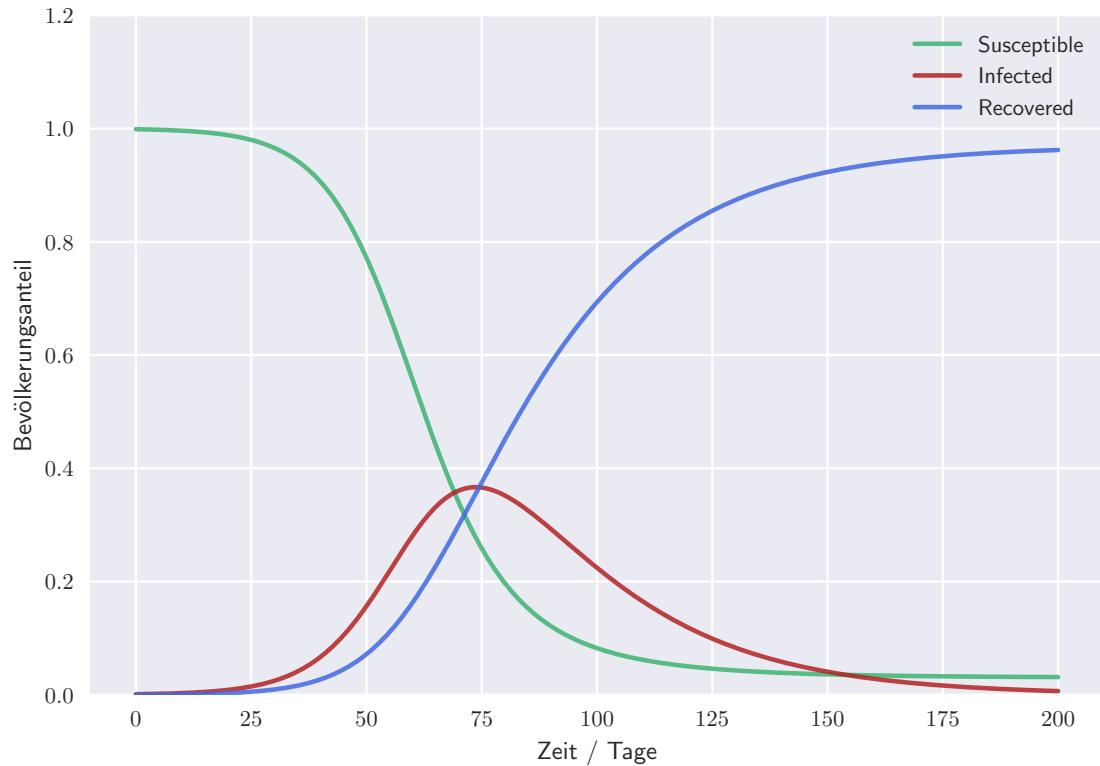
# SIR Modell
def deriv(y, t, N, alpha, beta):
    S, I, R = y
    dSdt = -alpha/N * S * I
    dIdt = alpha/N * S * I - beta * I
    dRdt = beta * I
    return dSdt, dIdt, dRdt

# Anfangsbedingungen
y0 = S0, IO, R0
# Rekursive Integration über die Zeitspanne
ret = odeint(deriv, y0, t, args=(N, alpha, beta))
S, I, R = ret.T

# Plotting S(t), I(t) and R(t)
fig = plt.figure(facecolor='w')
ax = fig.add_subplot(111, frame_on=True, axisbelow=True)
ax.plot(t, S/N, color="#3CB371", alpha=0.85, lw=2, label='Susceptible')
ax.plot(t, I/N, color="#B22222", alpha=0.85, lw=2, label='Infected')
ax.plot(t, R/N, color="#4169E1", alpha=0.85, lw=2, label='Recovered')
ax.set_xlabel(r'Zeit / Tage')
ax.set_ylabel(r'Bevölkerungsanteil')
ax.set_yticks([0, 1, 2])
fig.suptitle(r'SIR Modell mit $\alpha=0.15$', fontsize=20)
legend = ax.legend()
legend.get_frame().set_alpha(0.85)

plt.show()
```

SIR Modell mit $\alpha = 0.15$



Man will natürlich die Reproduktionszahl unter 1 bringen. Dies hiesse für α :

[15] : $1/1_035_000 * (1/20) * (1_035_000 - 78)$

[15] : 0.049996231884057975

also etwa 0.05. Der Verlauf wäre nun für ein R_0 knapp grösser 1.

```
[16]: # Populationsgrösse
N = 1
# Anzahl Infektiose zu Beginn
IO, R0 = 0.001, 0.0
# Der Rest ist empfänglich
S0 = N - IO - R0
# Ansteckungsrate und Genesungsrate (pro Person)
alpha, beta = 0.7*10**(-1), 1./24
# linspace (in Tage)
t = np.linspace(0, 365, 365)

# SIR Modell
```

```

def deriv(y, t, N, alpha, beta):
    S, I, R = y
    dSdt = -alpha/N * S * I
    dIdt = alpha/N * S * I - beta * I
    dRdt = beta * I
    return dSdt, dIdt, dRdt

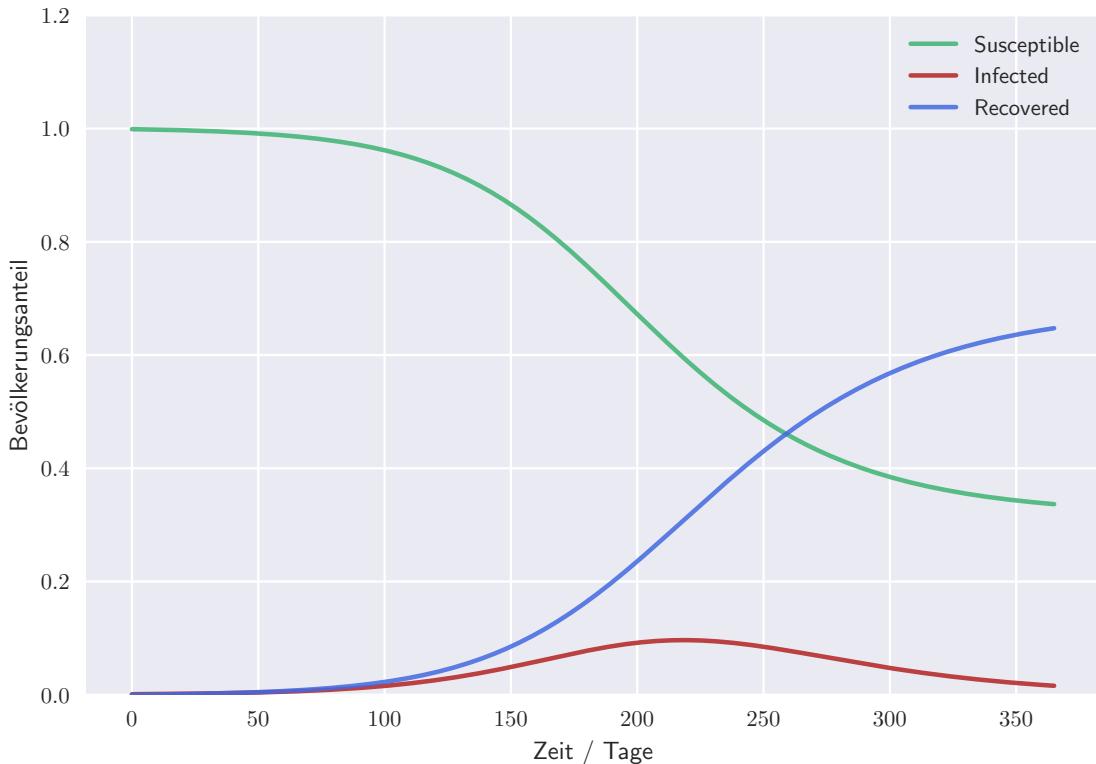
# Anfangsbedingungen
y0 = S0, I0, R0
# Rekursive Integration über die Zeitspanne
ret = odeint(deriv, y0, t, args=(N, alpha, beta))
S, I, R = ret.T

# Plotting S(t), I(t) and R(t)
fig = plt.figure(facecolor='w')
ax = fig.add_subplot(111, frame_on=True, axisbelow=True)
ax.plot(t, S/N, color="#3CB371", alpha=0.85, lw=2, label='Susceptible')
ax.plot(t, I/N, color="#B22222", alpha=0.85, lw=2, label='Infected')
ax.plot(t, R/N, color="#4169E1", alpha=0.85, lw=2, label='Recovered')
ax.set_xlabel(r'Zeit / Tage')
ax.set_ylabel(r'Bevölkerungsanteil')
ax.set_ylim(0,1.2)
fig.suptitle(r'SIR Modell mit  $\alpha=0.07$ ', fontsize=20)
legend = ax.legend()
legend.get_frame().set_alpha(0.95)

plt.show()

```

SIR Modell mit $\alpha = 0.07$



Natürlich kann man jetzt mit schickeren Modellen arbeiten. Wenn ihr Lust habt, so hoffe ich gezeigt zu haben, wie man von diesem Punkt aus hier die Modelle auch verfeinern kann. Stichworte zum Vertiefen sind *SEIR*, *SIRV*, *recursiv SIR*, *zelluläre Automaten* ...

Die "echten" Daten kann man zum Beispiel auf der offiziellen Site [COVID 19 Informationen Kanton Bern](#) einsehen und mit den Modellen vergleichen. Aber auch bei offiziellen Seiten immer gut selber gucken, welche Daten wie verwendet wurden.

Abschliessend noch einige mathematische Bemerkungen zu unserem SIR Modell.

1.4 Mathematische Analyse des SIR Modells

Es folgen noch einige Rechnungen, welche auch die Begriffe [Basisreproduktionszahl](#) und [Herdenimmunität](#) mathematisch greifbar werden lassen.

```
[17]: %%latex
\begin{center}
%\fbox{
\includegraphics[page=1, trim=2.5cm 2.5cm 2.5cm 2.5cm, clip, width=\linewidth]{reproduktionszahl.pdf}
```

```
\includegraphics[page=2, trim=2.5cm 9cm 2.5cm 2.5cm, clip, u
 ↪width=\linewidth]{reproduktionszahl.pdf}\%
\end{center}
```

Analyse des SIR Modells

zur Basisreproduktionszahl R_0 :

Wir setzen $\gamma := \frac{\alpha}{\beta}$ (Ansteckungsrate eines Infektösen über seine gesamte "Karriere")

$R_0 := \gamma \cdot S(0)$ (Anzahl Menschen, die ein Infektöser (maximal) ansteckt.)

Es ist $\dot{I} = \alpha IS - \beta I \leq \alpha IS(0) - \beta I$, da $S(t) \leq S(0) \quad \forall t \in \mathbb{R}_0^+$.

und $\dot{I} \leq \alpha IS(0) - \beta I = \alpha I \frac{R_0}{\gamma} - \beta I = \beta I R_0 - \beta I = \beta I (R_0 - 1)$

Wegen $\beta, I > 0$ nimmt I nur ab, falls $R_0 < 1$. In diesem Fall wird es nicht zu einer Epidemie kommen.

Wann ist dies der Fall?

$$R_0 = \gamma \cdot S(0) < 1$$

$$N_0 - I(0) - R(0) = S(0) < \frac{1}{\gamma} \quad \Leftrightarrow \quad R(0) > N_0 - I(0) - \frac{1}{\gamma}$$

D.h. kann man γ nicht ändern, so kann man $R(0)$ zum Beispiel durch Impfung erhöhen. Typische Werte liegen dann rasch im Bereich von 50% oder mehr. (\rightarrow Herdenimmunität)

Wie viele Menschen sind maximal zur selben Zeit infiziert?

$$\Rightarrow \dot{I} = \alpha IS - \beta I = (\alpha S - \beta) \cdot I \stackrel{!}{=} 0$$

$$\Leftrightarrow S = \frac{\beta}{\alpha} = \underline{\underline{\frac{1}{\gamma}}}$$

$$\text{Betrachte } I(S) \text{ und: } \frac{dI}{dS} = \frac{\frac{dI}{dt}}{\frac{dS}{dt}} = \frac{\alpha IS - \beta I}{-\alpha IS} = \frac{1}{\gamma S} - 1$$

$$\text{Integration liefert: } I(S) = -S + \frac{1}{g} \log(S) + C$$

und die Integrationskonstante erhalten wir durch die Anfangsbedingung

$$I(0) = I(S(0)) \stackrel{!}{=} -S(0) + \frac{1}{g} \log(S(0)) + C$$

$$\Leftrightarrow I(S) = -S + \frac{1}{g} \log(S) + I(0) + S(0) - \frac{1}{g} \log(S(0))$$

$$\begin{aligned} \text{Somit ist: } I_{\max} &= I\left(\frac{1}{S}\right) = -\frac{1}{S} + \frac{1}{g} \log\left(\frac{1}{S}\right) + I(0) + S(0) - \frac{1}{g} \log(S(0)) \\ &=: \underline{\underline{I_{\max}(S)}} \end{aligned}$$

Wie viele Menschen werden sich insgesamt anstecken?

Dann wird $I(t^*) \stackrel{!}{=} 0$ sein. Setze $S^* = S(t^*)$.

$$\text{Es ist } 0 \stackrel{!}{=} I(S^*) = -S^* + \frac{1}{g} \log(S^*) + I(0) + S(0) - \frac{1}{g} \log(S(0))$$

$$\text{und mit Lambert-W folgt: } S^* = -\frac{1}{g} W_0(-gS(0) \cdot e^{-gN_0})$$

$$\text{Für R folgt: } R(t^*) = N_0 - S^* = N_0 + \frac{1}{g} W_0(-gS(0) \cdot e^{-gN_0})$$

Lambert'sche W-Funktion