

Hintergründe zu der Szenarienentwicklung

Dezember 2020

Abstract

Die vorgeschlagenen Szenarien beruhen auf einem Standard-SIR-Modell mit angepassten Parametern. Daraus wird eine Definition von R_0 und R_{eff} abgeleitet. Mit diesen Erkenntnissen wird dann eine Formel für die Zahl der täglichen Neuinfektionen für ein konstantes R_{eff} hergeleitet, die dann für die einzelnen Szenarien genutzt wird.

Insbesondere wird untersucht, wie sich die Stärke der Kontaktreduktion auf die Länge des Halbierungsintervalls auswirkt.

1 SIR-Modell

Es wird das Standard-SIR-Modell mit konstanten Raten verwendet [1]:

$$\frac{d}{dt}S(t) = -\beta \cdot S(t) \cdot I(t) \quad (1)$$

$$\frac{d}{dt}I(t) = \beta \cdot S(t) \cdot I(t) - \nu I(t) \quad (2)$$

$$\frac{d}{dt}R(t) = \nu I(t) \quad (3)$$

Dabei beschreibt $S(t)$ die zum Zeitpunkt t noch nicht infizierte Bevölkerung, $I(t)$ die aktuell infektiöse Bevölkerung und $R(t)$ den Teil der Bevölkerung, die die Infektion bereits hinter sich hat. Hier wird der Einfachheit halber nicht zwischen Infektiosität und Infizierung unterschieden.

β ist die effektive Kontaktrate, für die gilt: $\beta = \tau \cdot c$. τ ist dabei die Transmissibilität, c die durchschnittliche Kontaktrate. ν ist die Entfernungsrates.

R_0 Für R_0 gilt per Definition [1]: $R_0 = \tau \cdot c \cdot d = \frac{\beta}{\nu}$, wobei $d = \frac{1}{\nu}$.

R_{eff} Die effektive Reproduktionszahl erlaubt eine Änderung der Reproduktionszahl durch anderes Verhalten, wie Kontaktreduktion, Masken oder Abstandsregeln.

Hier beschäftigen wir uns lediglich mit dem Fall einer Reduzierung und setzen:

$$R_{eff} = \alpha \cdot R_0, \quad \alpha \in [0, 1] \quad (4)$$

Um besser einzuschätzen, um wie viel die effektive Kontaktrate *zusätzlich* reduziert werden muss, sagen wir $\alpha = \mu \cdot \gamma$, wobei γ die Reduktion auf $R_{eff} = 1$ garantiert, wenn $\mu = 1$.

Mitte bis Ende November galt also ungefähr: $R_{eff,N} = \gamma \cdot R_0 = 1$

Für eine Reduzierung der Inzidenz müsste also gelten:

$$R_{eff} = \mu \cdot R_{eff,N}, \quad \mu < 1$$

2 Geschlossene Lösung für Neuinfektionen

Wir suchen nun eine geschlossene Lösung, um die Zahl der Neuinfektionen als Funktion von R_0 und α auszudrücken. Dazu nehmen wir eine Bevölkerung an, die größtenteils nicht infiziert ist oder war, sodass $S(t) = 1$ genähert werden kann. Dann gilt für (2):

$$\frac{d}{dt}I(t) = \beta \cdot I(t) - \nu \cdot I(t) = (\beta - \nu) \cdot I(t)$$

$\frac{d}{dt}I(t)$ stellt dabei aber insbesondere **nicht** die Zahl der täglichen Neuinfektionen dar. Stattdessen betrachtet es die Veränderung der Infektionen, das heißt sowohl Neuinfektionen aber auch neue Genesungen.

Die Zahl der täglich Neuinfizierten ergibt sich für $S(t) = 1$ stattdessen als $\dot{I}_{neu}(t) = \beta I(t)$.

$I(t)$ lässt sich aber geschlossen lösen zu

$$I(t) = e^{(\beta - \nu) \cdot t}$$

Damit gilt für die Zahl der täglichen Neuinfektionen $\dot{I}_{neu}(t)$:

$$\dot{I}_{neu}(t) = \beta \cdot e^{(\beta - \nu) \cdot t} \quad (5)$$

Das kann nun in Abhängigkeit von R_0 und d ausgedrückt werden mit $R_0 = \beta \cdot d$:

$$\dot{I}_{neu}(t) = \frac{R_0}{d} \cdot e^{\frac{R_0 - 1}{d} \cdot t} \quad (6)$$

3 Halbierungsintervalle

Von besonderem Interesse ist die Zeit, die benötigt wird, um eine Halbierung der Inzidenz zu ermöglichen. Nach dem Halbierungsintervall Δ gilt dann:

$$\dot{I}_{neu}(\Delta) = \frac{1}{2} \dot{I}_{neu}(0)$$

Somit hat ein Halbierungsintervall folgende Länge, wenn man R_{eff} statt R_0 einsetzt:

$$\Delta = \ln\left(\frac{1}{2}\right) \cdot \frac{d}{R_{eff} - 1} = \ln\left(\frac{1}{2}\right) \cdot \frac{d}{R_{eff,N}} \cdot \frac{1}{\left(\mu - \frac{1}{R_{eff,N}}\right)} \quad (7)$$

Da $R_{eff,N} = 1$ vereinfacht sich diese Gleichung zu:

$$\Delta = \ln\left(\frac{1}{2}\right) \cdot d \cdot \frac{1}{(\mu - 1)} \quad (8)$$

Eine qualitative Betrachtung ergibt also:

1. Für keinerlei zusätzliche Kontaktreduktion ($\mu \rightarrow 1$) wird nie eine Halbierung erreicht werden.
2. Selbst für eine vollständige Kontaktreduktion ($\mu \rightarrow 0$) kann das Halbierungsintervall nicht beliebig klein, aber zumindest minimal werden.

Allgemeine Verringerungsintervalle Für eine Verringerung der Inzidenz vom J_{start} zu J_{ende} ergibt sich folgender Zeitraum (mit dem gleichen Ansatz wie bei den Halbierungsintervallen):

$$\Delta_V = \ln\left(\frac{J_{ende}}{J_{start}}\right) \cdot \frac{d}{R_{eff} - 1} = \ln\left(\frac{J_{ende}}{J_{start}}\right) \cdot \frac{d}{R_{eff,N}} \cdot \frac{1}{\left(\mu - \frac{1}{R_{eff,N}}\right)} \quad (9)$$

Da $R_{eff,N} = 1$ vereinfacht sich aus dieser Ausdruck zu:

$$\Delta_V = \ln\left(\frac{J_{ende}}{J_{start}}\right) \cdot d \cdot \frac{1}{(\mu - 1)}$$

Ausgewählte Werte für Halbierungsintervalle Um einige Vorstellungen für die Effektivität zusätzlicher Kontaktreduktion zu bekommen, hier einige Beispielwerte mit $d = 4$, was der Generationszeit von vier Tagen, die vom RKI im Nowcasting verwendet wird, entspricht [2]. Die Rechtfertigung für diesen Wert ist im Anhang enthalten.

μ	Halbierungsintervall [Tage]
1	∞
0.9	28
0.8	14
0.7	9
0.6	7
0.5	6

Beispiel: Israel Selbst ein Halbierungsintervall von 7 Tagen ist durchaus zu schaffen, wie man am Beispiel Israel sieht.

Am 06. Oktober gab es landesweite eine 7-Tages-Inzidenz von 460,3; 25 Tage später am 31. Oktober lag sie nur noch bei 53,8 [3].

Damit ergibt sich eine tägliche Reduktion δ_d der Neuinfektionen auf 91,8% des Vortagwertes (Δ_V gibt den Zeitraum zwischen beiden Inzidenzen in Tagen an):

$$\delta_d = \sqrt[d]{\frac{J_{ende}}{J_{start}}} \quad (10)$$

Somit ergibt sich nach einer Woche Reduktion δ_w auf 54,8% des Vorwochenwertes mit folgender Formel:

$$\delta_w = \delta_d^7$$

4 Anhang

4.1 Verwendung der Generationszeit d

Es ist nicht ganz offensichtlich, dass die mittlere Generationszeit einfach als Parameter d verwendet werden darf.

Aus [4] ist allerdings bekannt, dass für die Reproduktionszahl $R = 1 + r \cdot T_c$ gilt, wobei T_c die mittlere Generationszeit ist. r beschreibt die Rate des exponentiellen Wachstums.

Wenn wir nun annehmen $d = T_c$, dann muss also gelten:

$$R_0 = R$$

$$\beta \cdot d = 1 + r \cdot T_c$$

Im SIR-Modell ist aber gerade $r = \beta - \nu = \beta - \frac{1}{d}$. Somit gilt:

$$\beta \cdot d = 1 + \left(\beta - \frac{1}{d}\right) \cdot T_c$$

$$\beta \cdot d = 1 + \left(\beta - \frac{1}{d}\right) \cdot d$$

$$\beta \cdot d = 1 + \beta \cdot d - \frac{1}{d} \cdot d$$

$$\beta \cdot d = 1 + \beta \cdot d - 1$$

$$\beta \cdot d = \beta \cdot d$$

Der größte Kritikpunkt besteht darin, dass bei dieser Definition anhand des SIR-Modells die Generationszeit als exponentiell verteilt angenommen wird, mit Mittelwert d [4].

Der Einfluss dieser Annahme sollte aber gering sein. In [5] wurde eine gammaverteilte Generationszeit mit Mittelwert von 4,8 Tagen und Standardabweichung von 2,3 Tagen. Die Ergebnisse sind im Wesentlichen identisch. Dort wurden folgende Ergebnisse erhalten:

R_{eff}	Halbierungsintervall [Tage]
1	∞
0.9	32
0.78	14
0.68	9,8

Bei gleicher Generationszeit würde man mit der Änderung von μ folgende Werte erhalten.

μ	Halbierungsintervall [Tage]
1	∞
0.9	33
0.78	15,1
0.68	10,4

Da gilt $R_{eff} = \mu \cdot R_{eff,N}$ und $R_{eff,N} = \gamma \cdot R_0 = 1$, gilt somit $R_{eff} = \mu$, zumindest für $R_{eff} < 1$. Damit wird sofort ersichtlich, dass die Unterschiede zwischen den Annahmen in [5] und unserem Modell vernachlässigbar sind.

References

- [1] James Holland Jones. *Notes On R0*. 2007. URL: <https://web.stanford.edu/~jhj1/teachingdocs/Jones-on-R0.pdf>.
- [2] Matthias an der Heiden and Osamah Hamouda. “Schätzung der aktuellen Entwicklung der SARS-CoV-2- Epidemie in Deutschland – Nowcasting”. In: *Epidemiologisches Bulletin* 2020.17 (2020), pp. 10–15. DOI: <http://dx.doi.org/10.25646/6692.4>.
- [3] Zeit Online. *Coronavirus in Deutschland und der Welt – alle Zahlen im Überblick*. 2020. URL: <https://www.zeit.de/wissen/gesundheit/coronavirus-echtzeit-karte-deutschland-landkreise-infektionen-ausbreitung#die-verlaeuft-der-pandemie-im-vergleich>. Stand 29. Dezember 16:32 Uhr.
- [4] Wallinga J and Lipsitch M. “How generation intervals shape the relationship between growth rates and reproductive numbers”. In: *Proc. R. Soc. B*. 274 (2007), pp. 599–604. DOI: <https://doi.org/10.1098/rspb.2006.3754>.
- [5] Christan Althaus. *Ein Thread zu Verdoppelungs- und Halbwertszeiten bei SARSCoV2*. URL: https://twitter.com/C_Althaus/status/1327567433142558725?s=20. Abgerufen am 29. Dezember.