Ausbreitung von Epidemien nach dem SIR-Modell

Josef Züger, Bündner Kantonsschule, josef.zueger@bks-campus.ch

Einführung

In der Phase des Fernunterrichts sah man in diversen Präsentationen Grafiken, welche den Verlauf der Pandemie darstellen sollten. Dabei wurde versucht zu belegen, wie sich die Bundesrätlichen Massnahmen oder solche von anderen Regierungen auf die Ausbreitung auswirken werden. So ist mir unter anderem nebenstehende Grafik aufgefallen und ich habe mir die Frage gestellt, welches denn die Modellannahmen sind, mit denen diese Grafiken erstellt werden. Auf der Suche bin ich auf das im Jahre 1927 von W. O. Kermack und A. G. McKandrick unter dem Titel „A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics“ veröffentlichte SIR-Modell gestossen. Dabei handelt es sich um ein System von Differentialgleichungen, mit denen die Ausbreitung von Epidemien dargestellt wird. Ich habe dieses Modell für meine Schülerinnen und Schüler aufbereitet und als freiwilligen Lesetext zur Verfügung gestellt. Es hat sich die Gelegenheit ergeben, Aktualität in den Mathematikunterricht zu bringen und Differentialrechnung in Anwendung zu sehen.

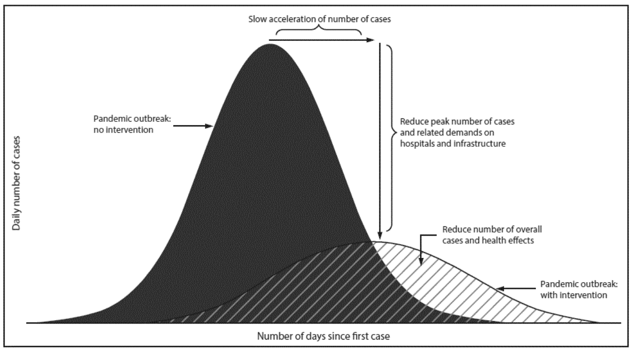


Abbildung 1: Vergleich des Verlaufs der Ansteckungen mit und ohne Massnahmen

(Quelle: https://www.cdc.gov/mmwr/volumes/66/rr/rr6601a1.htm)

Das SIR-Modell

Grundidee

Eine Population mit N Individuen wird in drei Gruppen aufgeteilt. Jedes Individuum gehört zu jedem Zeitpunkt t genau einer der drei Gruppen an. Die drei Gruppen sind:

Susceptibles: $S(t)$ ist die Anzahl der zum Zeitpunkt t infizierbaren, noch nicht angesteckten Individuen

Infected: $I(t)$ ist die Anzahl der zum Zeitpunkt t infizierten, allenfalls erkrankten, ansteckenden Individuen

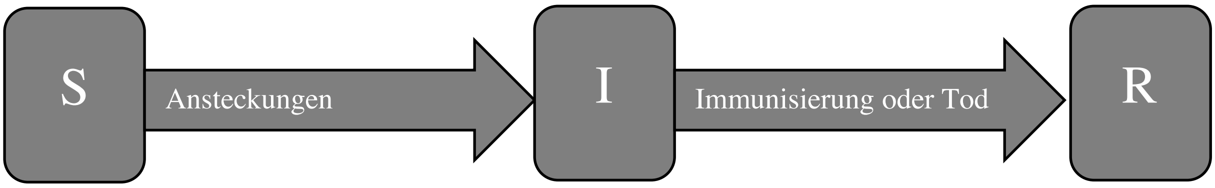
Removed: $R(t)$ ist die Anzahl der geheilten, immunisierten bzw. verstorbenen Individuen[1]

Offensichtlich ist, dass die Summe der Gruppengrössen der Gesamtgrösse der Population entsprechen muss.

$$S(t) + I(t) + R(t) = N \quad \forall t \in \mathbb{R}_0^+ \tag{1}$$

[1] Für den Verlauf der Epidemie ist es unerheblich, ob ein Individuum geheilt und immunisiert ist oder ob es verstorben ist. Der wichtige Aspekt ist, dass dieses Individuum nicht mehr ansteckend ist und auch nicht mehr angesteckt werden kann.

Dynamik des Systems



Die Anzahl Ansteckungen ist von vier Faktoren (im Modell direktproportional) abhängig:

1. Von der Anzahl der infizierbaren Individuen, also von $S(t)$.
2. Von der Anzahl der infizierten Individuen, also von $I(t)$.
3. Von einem Faktor α, der ein Mass dafür angibt, wie infektiös die Krankheit ist und wie viele Kontakte zwischen der Gruppe $S(t)$ und $I(t)$ stattfindet. Ein kleiner Wert bedeutet, dass die Krankheit schwer zu übertragen ist und/oder dass wenige Kontakte zwischen infizierbaren und infizierten Individuen stattfinden. Ein grosser Wert bedeutet, dass die Krankheit leicht zu übertragen ist und/oder dass viele Kontakte zwischen den Infizierbaren und den Infizierten stattfinden.[2]
4. Von der Länge des Zeitraums Δt, welchen man beobachtet.

Die Anzahl der Immunisierungen bzw. Todesfälle ist von drei Faktoren, im Modell ebenfalls direktproportional, abhängig:

1. Von der Anzahl der infizierten Individuen, also von $I(t)$.
2. Von einem Faktor β, der ein Mass dafür angibt, wie gross die Sterblichkeits- und Immunisierungsrate ist.[3]
3. Von der Länge des Zeitraums Δt, welchen man beobachtet

Betrachtet man die Populationsgrössen im Schritt vom Zeitpunkt t zum Zeitpunkt $t + \Delta t$, dann gelten im SIR-Modell folgende Beziehungen:

$$S(t+\Delta t) = S(t) - \underbrace{\alpha \cdot I(t) \cdot S(t) \cdot \Delta t}_{\text{Anzahl Ansteckungen}} \tag{2}$$

$$I(t+\Delta t) = I(t) + \underbrace{\alpha \cdot I(t) \cdot S(t) \cdot \Delta t}_{\text{Anzahl Ansteckungen}} - \underbrace{\beta \cdot I(t) \cdot \Delta t}_{\text{Anzahl Wechsel zu R}} \tag{3}$$

$$R(t+\Delta t) = R(t) + \underbrace{\beta \cdot I(t) \cdot \Delta t}_{\text{Anzahl Wechsel zu R}} \tag{4}$$

Addiert man zur Kontrolle (**2**), (**3**) und (**4**), bestätigt sich, dass das Modell

---

[2] Die bis zum Verfassungszeitpunkt am 30. März 2020 durch den Bundesrat erlassenen Massnahmen der Kontakverminderung zielen darauf ab, den Wert für α zu verkleinern.

[3] Als Wert für β wird im Modell üblicherweise der Kehrwert der durchschnittlichen Zeit T zwischen Ansteckung und Immunisierung bzw. Tod genommen. Wäre $I(t)$ konstant und T in Tagen angegeben, dann würden jeweils $\frac{I(t)}{T}$ Individuen täglich immun werden (oder sterben).

Gleichung (**1**) erfüllt.

Differentialgleichungssystem

Die Gleichungen (**2**), (**3**) und (**4**) werden üblicherweise als Differentialgleichungen notiert. Dazu bildet man die bekannten Differentialquotienten:

$$\lim_{\Delta t \to 0} \frac{S(t+\Delta t)-S(t)}{\Delta t} = \dot{S}(t) \qquad (5)$$

und erhält:

$$\begin{cases} \dot{S}(t) = -\alpha \cdot I(t) \cdot S(t) \\ \dot{I}(t) = \alpha \cdot I(t) \cdot S(t) - \beta \cdot I(t) \\ \dot{R}(t) = \beta \cdot I(t) \end{cases} \qquad (6)$$

Auch hier kann (**1**) überprüft werden. Bildet man die Summe der drei Differentialgleichungen, erhält man $\dot{S}(t) + \dot{I}(t) + \dot{R}(t) = 0$, was wiederum bedeutet, dass die Summe $S(t) + I(t) + R(t)$ konstant ist.

Die ganze Dynamik des Systems ist in den ersten beiden Gleichungen enthalten. Die dritte Gleichung sammelt so quasi alle Individuen, welche keinen Einfluss mehr auf die Dynamik der Epidemie haben.

Simulation mit Excel oder GeoGebra

Mittels Eulerverfahren kann nun die Lösung des Differentialgleichungssystems mit Anfangswertproblem näherungsweise bestimmt werden. Folgende Grafiken wurden mit Excel erstellt. Sie benutzen eine Schrittweite von $\Delta t = 1$, $S(0) = 999, I(0) = 1$, $R(0) = 0$ (Eine Gesamtpopulation mit $N = 1000$ und ein infiziertes Individuum) und $\beta = 0.2$.

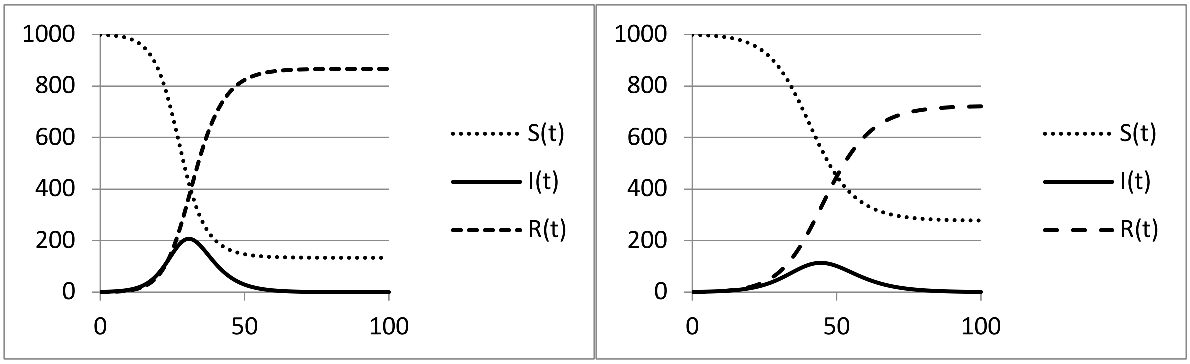


Abbildung 2: Verlauf mit $\alpha = 0.00045$ (links) und $\alpha = 0.00035$ (rechts)

Es zeigt sich, dass ein Verkleinern von α tatsächlich dazu führt, dass die Maximalzahl der gleichzeitig infizierten Individuen (und somit die Anzahl notwendiger Spitalbetten) reduziert werden kann.

Unter https://www.youtube.com/watch?v=k6nLfCbAzgo findet man ein Video, wie man das SIR-Modell in GeoGebra implementiert. Die entstehende Datei findet man unter https://www.geogebra.org/m/nbjfjtpv.