

# Verkehrsökonomie Bachelor-Kurs

## Vorlesung 03: Modelle der Infektionsausbreitung

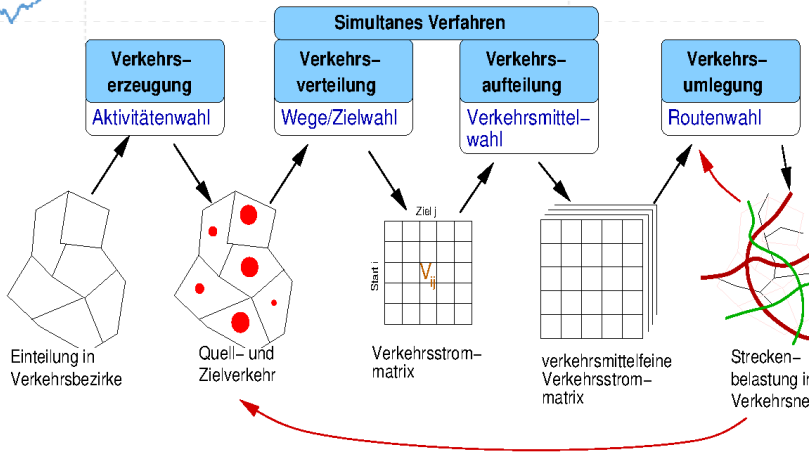
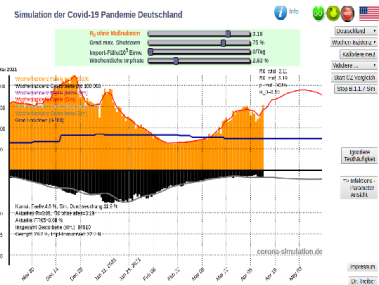
10,000

1,000

100



Simulation der Covid-19 Pandemie Deutschland



### 3.1. Modellierung Allgemein

Sowohl die Mikro- als auch die Makrosimulation betrachten verschiedene Infektionsphasen (auch **Kompartimente**, engl.: *compartments* genannt) und deren *Übergänge*

### 3.1. Modellierung Allgemein

Sowohl die Mikro- als auch die Makrosimulation betrachten verschiedene Infektionsphasen (auch **Kompartimente**, engl.: *compartments* genannt) und deren Übergänge

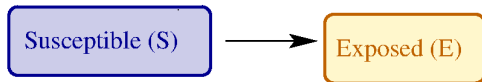
1. Infizierbar (*Susceptible, S*)

Susceptible (S)

### 3.1. Modellierung Allgemein

Sowohl die Mikro- als auch die Makrosimulation betrachten verschiedene Infektionsphasen (auch **Kompartimente**, engl.: *compartments* genannt) und deren Übergänge

1. Infizierbar (*Susceptible, S*)
2. Infiziert, noch nicht ansteckend (*Exposed, E*)



### 3.1. Modellierung Allgemein

Sowohl die Mikro- als auch die Makrosimulation betrachten verschiedene Infektionsphasen (auch **Kompartimente**, engl.: *compartments* genannt) und deren Übergänge

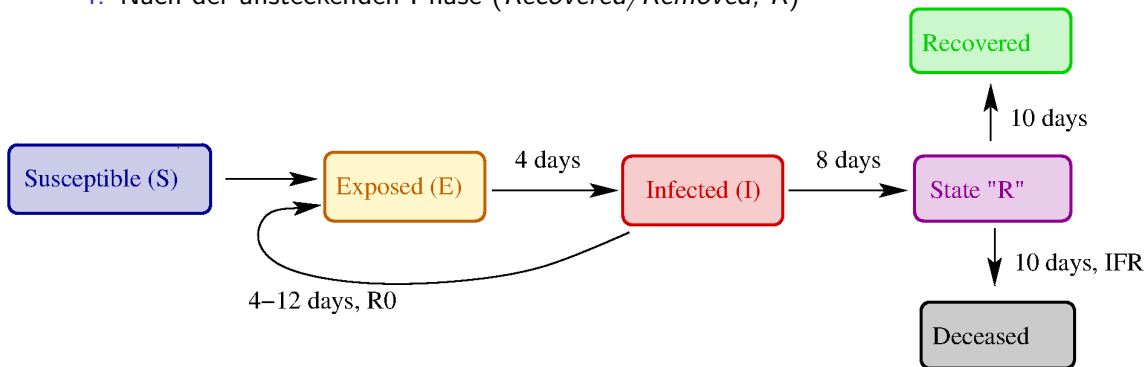
1. Infizierbar (*Susceptible, S*)
2. Infiziert, noch nicht ansteckend (*Exposed, E*)
3. Infiziert, ansteckend (*Infected, I*)



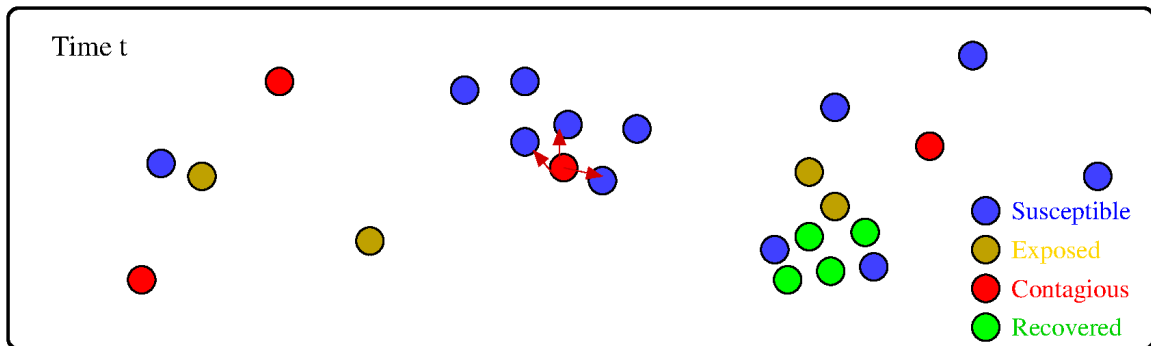
### 3.1. Modellierung Allgemein

Sowohl die Mikro- als auch die Makrosimulation betrachten verschiedene Infektionsphasen (auch **Kompartimente**, engl.: *compartments* genannt) und deren Übergänge

1. Infizierbar (*Susceptible, S*)
2. Infiziert, noch nicht ansteckend (*Exposed, E*)
3. Infiziert, ansteckend (*Infected, I*)
4. Nach der ansteckenden Phase (*Recovered/Removed, R*)



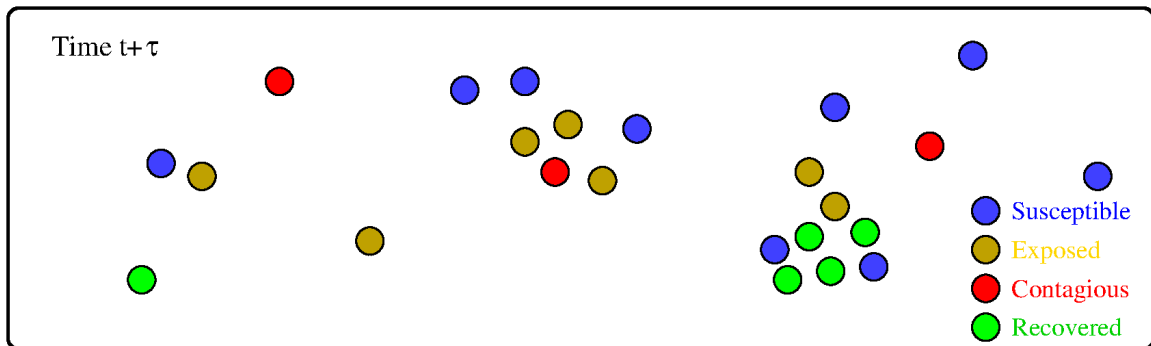
## 3.2. Mikroskopische Modellierung



*Mikromodell*  $\Rightarrow$  die kleinste sinnvolle dynamische Einheit wird betrachtet

- ▶ Zeit  $t$ : *Superspreading*-Ereignis
- ▶ Zeit  $t + \tau$ : Drei Infizierte, noch nicht Ansteckende in der mittleren Gruppe
- ▶ Zeit  $t + 2\tau$ : Einer der Infizierten bewegt sich zur anderen Gruppe
- ▶ Zeit  $t + 3\tau$ : Alle 7 Infizierten werden ansteckend
- ▶ Zeit  $t + 4\tau$ : neue Ansteckungen in beiden Gruppen

## 3.2. Mikroskopische Modellierung

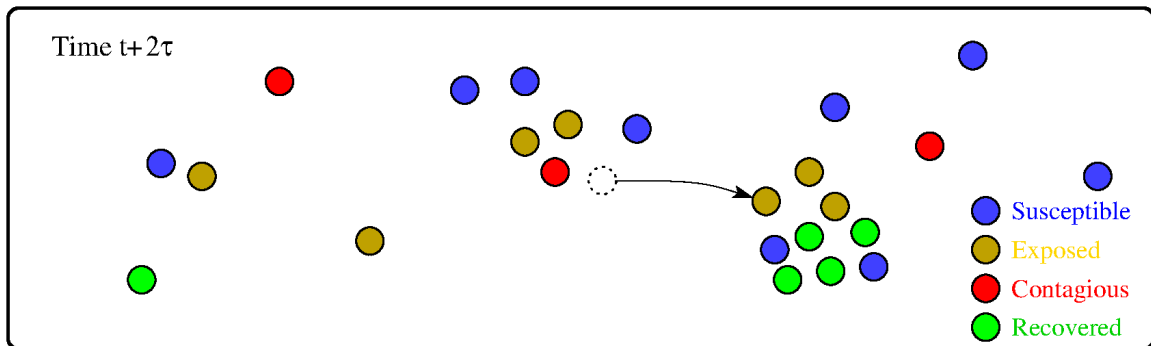


*Mikromodell*  $\Rightarrow$  die kleinste sinnvolle dynamische Einheit wird betrachtet

- ▶ Zeit  $t$ : *Superspreading*-Ereignis
- ▶ Zeit  $t + \tau$ : Drei Infizierte, noch nicht Ansteckende in der mittleren Gruppe
- ▶ Zeit  $t + 2\tau$ : Einer der Infizierten bewegt sich zur anderen Gruppe
- ▶ Zeit  $t + 3\tau$ : Alle 7 Infizierten werden ansteckend
- ▶ Zeit  $t + 4\tau$ : neue Ansteckungen in beiden Gruppen



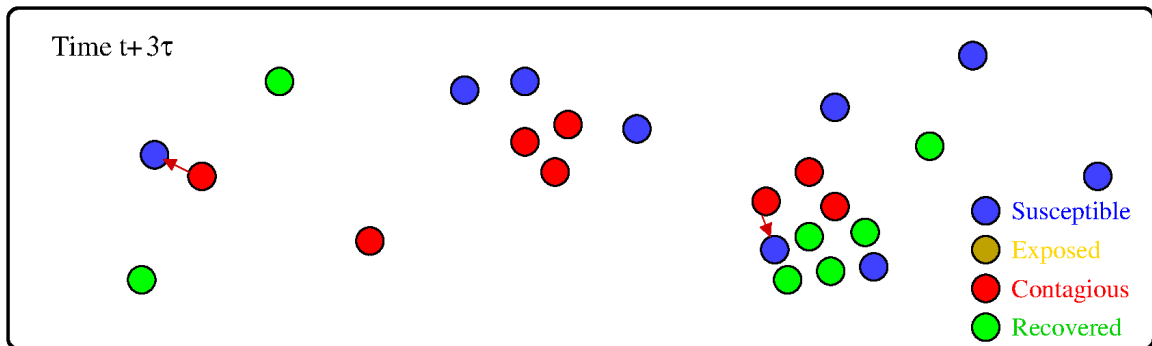
## 3.2. Mikroskopische Modellierung



*Mikromodell*  $\Rightarrow$  die kleinste sinnvolle dynamische Einheit wird betrachtet

- ▶ Zeit  $t$ : *Superspreading*-Ereignis
- ▶ Zeit  $t + \tau$ : Drei Infizierte, noch nicht Ansteckende in der mittleren Gruppe
- ▶ Zeit  $t + 2\tau$ : Einer der Infizierten bewegt sich zur anderen Gruppe
- ▶ Zeit  $t + 3\tau$ : Alle 7 Infizierten werden ansteckend
- ▶ Zeit  $t + 4\tau$ : neue Ansteckungen in beiden Gruppen

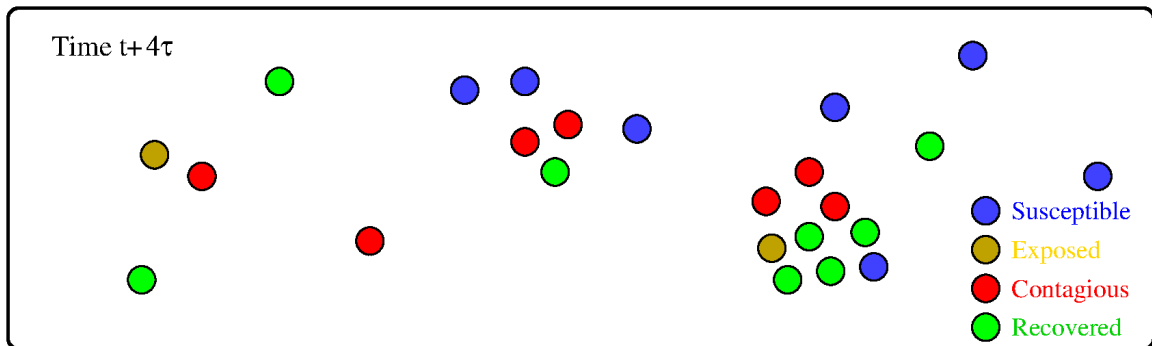
## 3.2. Mikroskopische Modellierung



*Mikromodell*  $\Rightarrow$  die kleinste sinnvolle dynamische Einheit wird betrachtet

- ▶ Zeit  $t$ : *Superspreading*-Ereignis
- ▶ Zeit  $t + \tau$ : Drei Infizierte, noch nicht Ansteckende in der mittleren Gruppe
- ▶ Zeit  $t + 2\tau$ : Einer der Infizierten bewegt sich zur anderen Gruppe
- ▶ Zeit  $t + 3\tau$ : Alle 7 Infizierten werden ansteckend
- ▶ Zeit  $t + 4\tau$ : neue Ansteckungen in beiden Gruppen

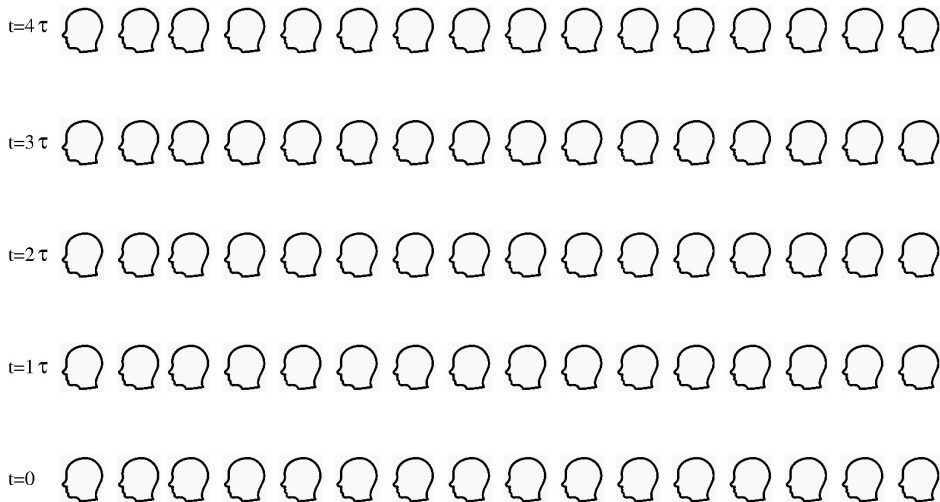
## 3.2. Mikroskopische Modellierung



*Mikromodell*  $\Rightarrow$  die kleinste sinnvolle dynamische Einheit wird betrachtet

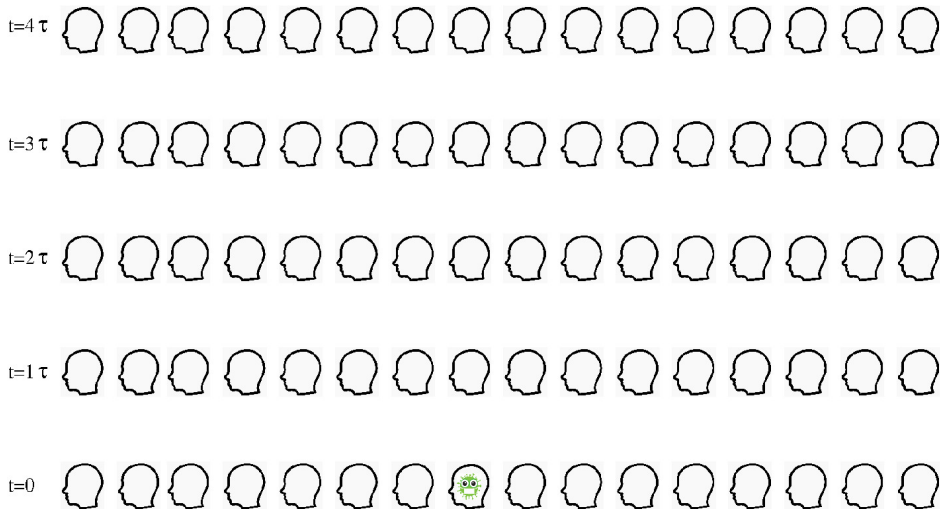
- ▶ Zeit  $t$ : *Superspreading*-Ereignis
- ▶ Zeit  $t + \tau$ : Drei Infizierte, noch nicht Ansteckende in der mittleren Gruppe
- ▶ Zeit  $t + 2\tau$ : Einer der Infizierten bewegt sich zur anderen Gruppe
- ▶ Zeit  $t + 3\tau$ : Alle 7 Infizierten werden ansteckend
- ▶ Zeit  $t + 4\tau$ : neue Ansteckungen in beiden Gruppen

### 3.3 Mikroskopische Basis für die Makromodelle: Mechanismus für eine Reproduktionszahl $R_0 = 2$ ohne Immunität



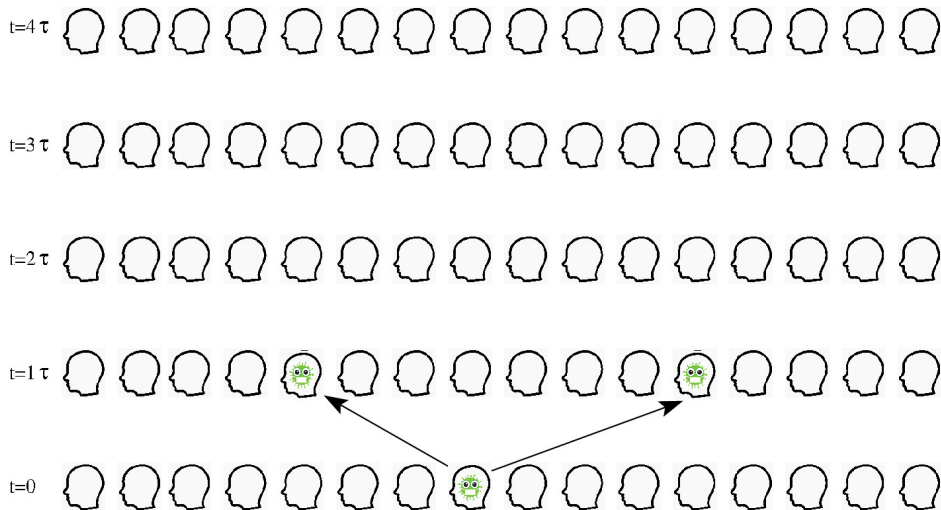
Ausgangspunkt: ungeschützte Population

### 3.3 Mikroskopische Basis für die Makromodelle: Mechanismus für eine Reproduktionszahl $R_0 = 2$ ohne Immunität



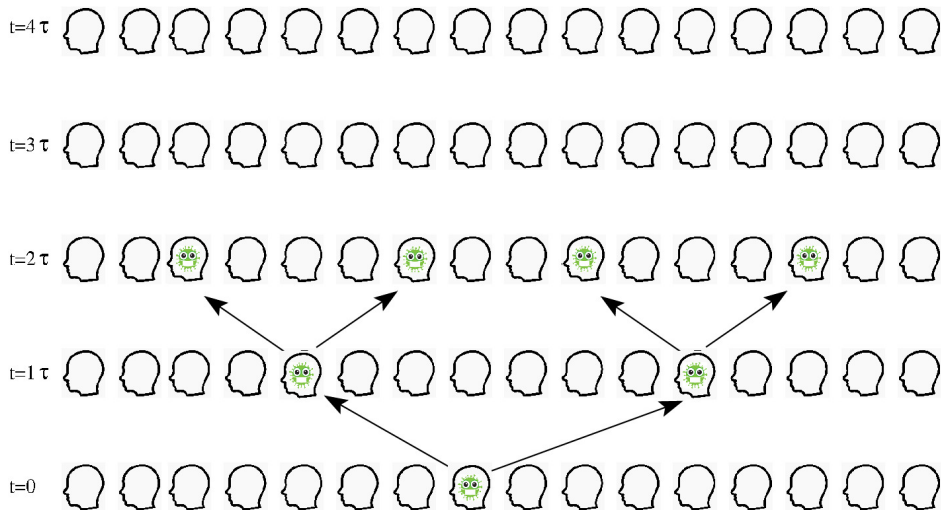
$t = 0$ : Start mit infiziertem **Patient Null**

### 3.3 Mikroskopische Basis für die Makromodelle: Mechanismus für eine Reproduktionszahl $R_0 = 2$ ohne Immunität



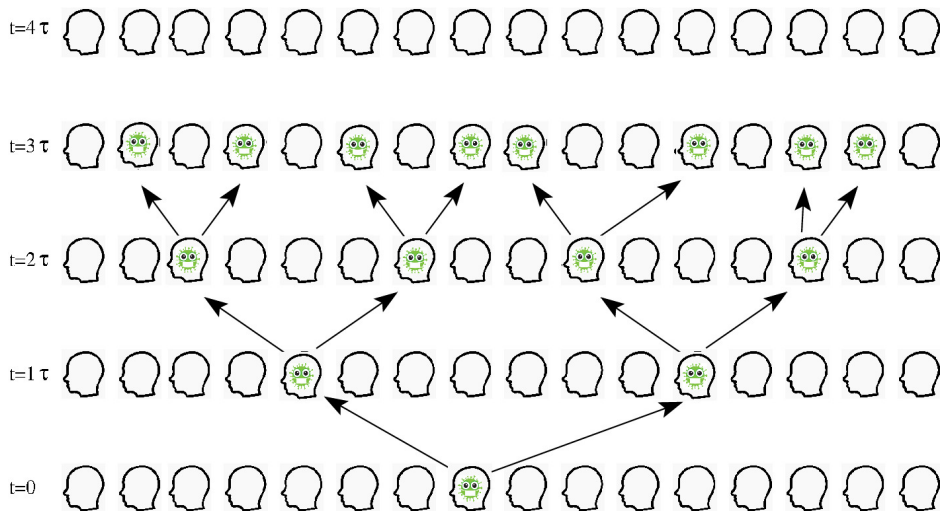
$t = 1$ : Im Verlauf einer Infektionsgeneration von z.B.  $\tau = 7$  Tage steckt ein Infizierter zwei weitere an

### 3.3 Mikroskopische Basis für die Makromodelle: Mechanismus für eine Reproduktionszahl $R_0 = 2$ ohne Immunität



$t = 2$ : **Exponentielle** Kaskade: Infiziertenzahl  $n = n_0 \exp(\ln(R)t/\tau)$

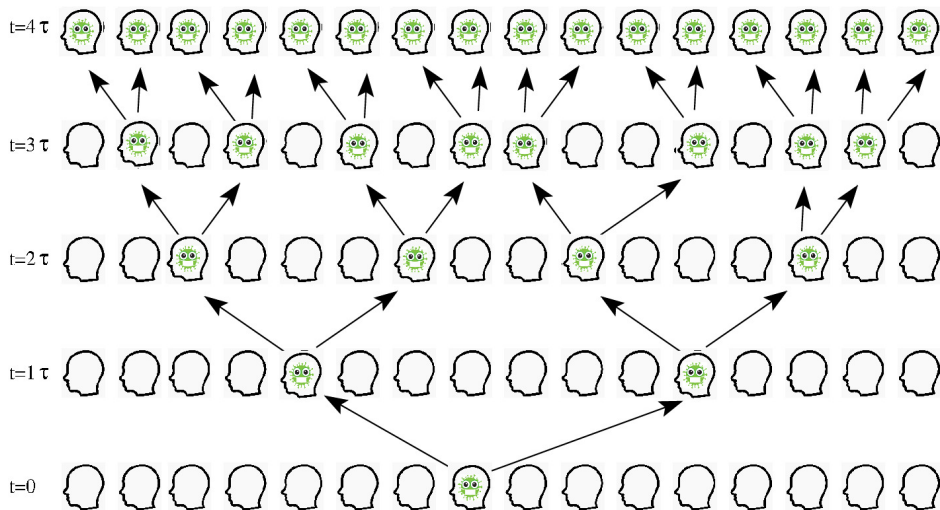
### 3.3 Mikroskopische Basis für die Makromodelle: Mechanismus für eine Reproduktionszahl $R_0 = 2$ ohne Immunität



$t \geq 3$ : Allmähliche **Sättigung**, **effektiver  $R$ -Wert** sinkt, s-förmige Infektionskurve, Mehrfachinfektionen

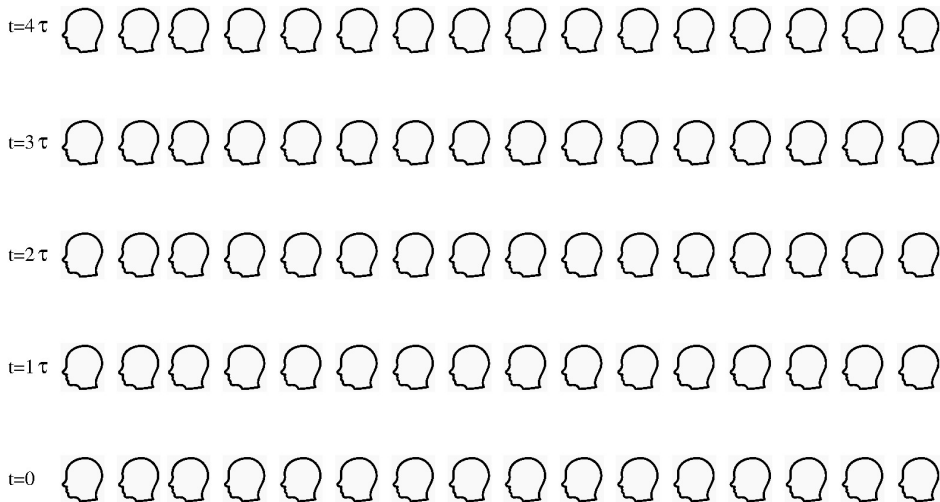


### 3.3 Mikroskopische Basis für die Makromodelle: Mechanismus für eine Reproduktionszahl $R_0 = 2$ ohne Immunität



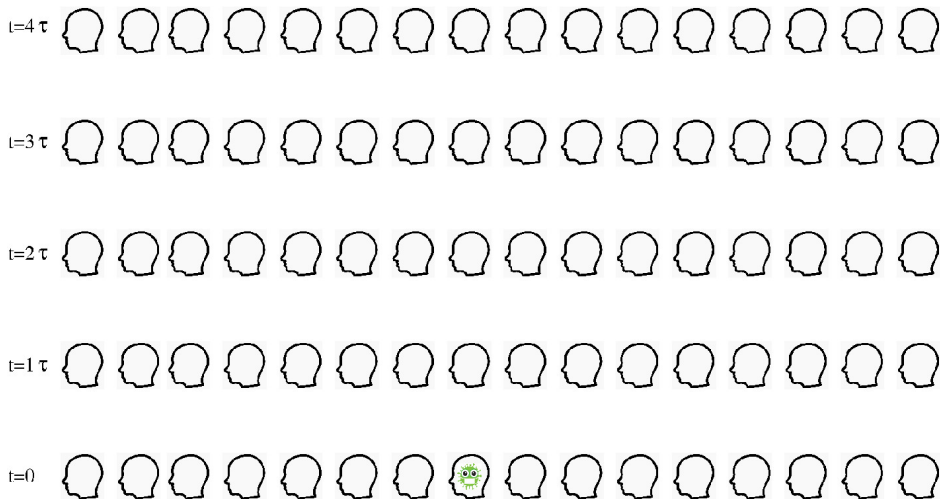
$t \geq 3$ : Allmähliche **Sättigung**, **effektiver  $R$ -Wert** sinkt, s-förmige Infektionskurve, Mehrfachinfektionen

## Infektionsdynamik für eine Reproduktionszahl $R_0 = 2$ mit Immunität



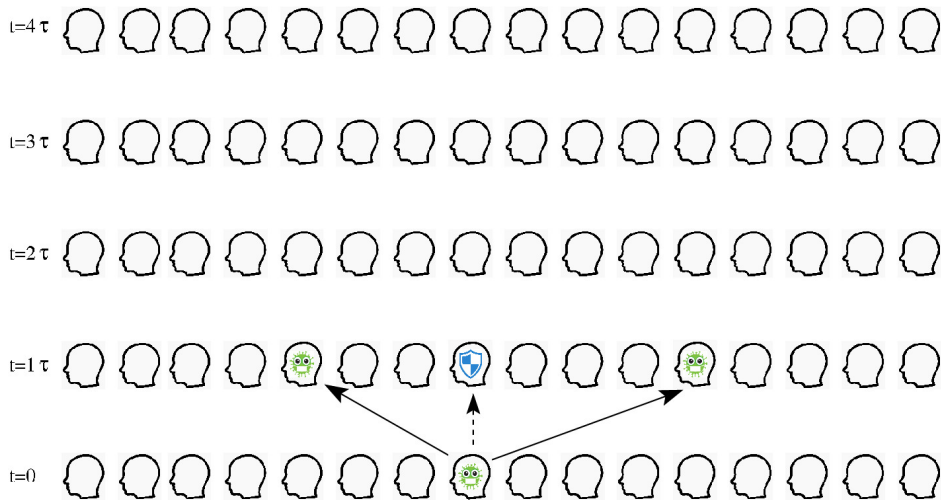
Ausgangspunkt: ungeschützte Population

## Infektionsdynamik für eine Reproduktionszahl $R_0 = 2$ mit Immunität



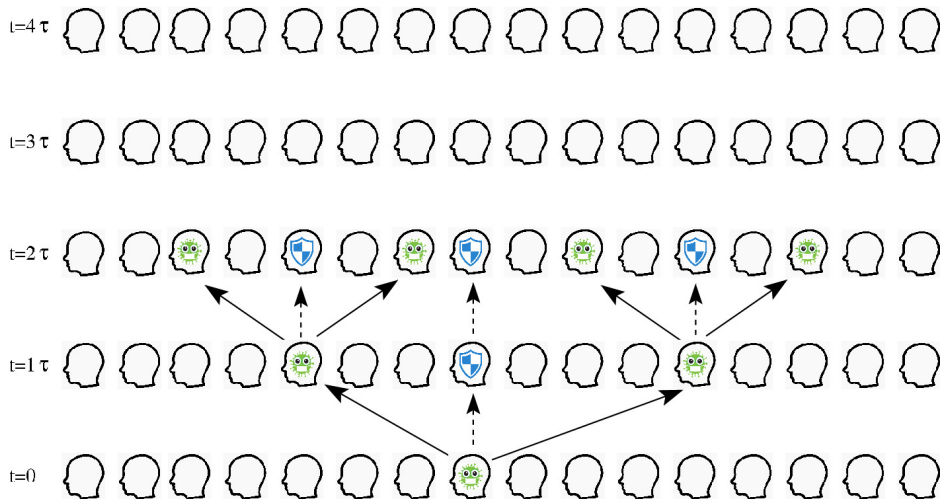
$t = 0$ : Start mit infiziertem *Patient Null*

## Infektionsdynamik für eine Reproduktionszahl $R_0 = 2$ mit Immunität



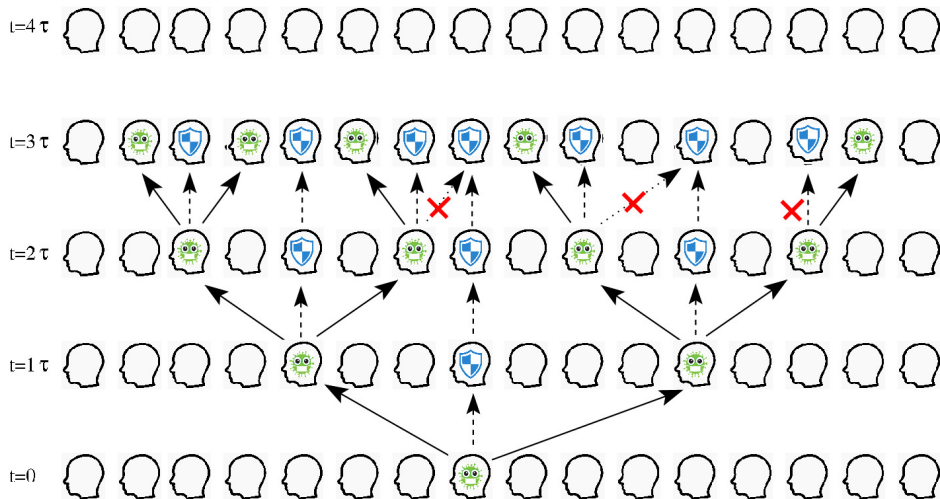
Ein Infizierter steckt wieder zwei weitere an, *wird aber selbst* **immun**

## Infektionsdynamik für eine Reproduktionszahl $R_0 = 2$ mit Immunität



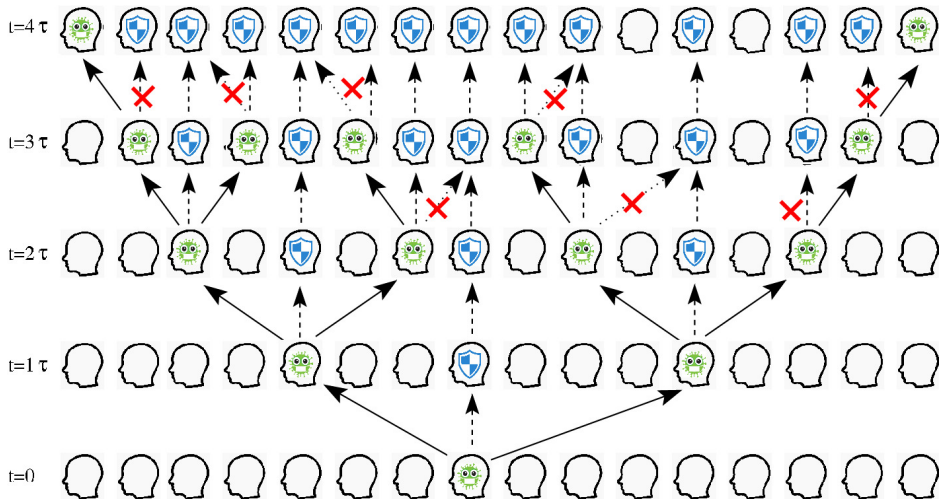
Die exponentielle Kaskade startet wie im Fall ohne Immunität, aber die **Durchseuchung** (Zahl der Schutzschilder) nimmt zu

## Infektionsdynamik für eine Reproduktionszahl $R_0 = 2$ mit Immunität



Der böse Virus trifft nun vermehrt auf immune Personen  $\Rightarrow$  effektiver  $R$ -Wert sinkt, der exponentielle Verlauf geht in Sättigung

## Infektionsdynamik für eine Reproduktionszahl $R_0 = 2$ mit Immunität



Der Erreger findet immer weniger ansteckbare Personen  $\Rightarrow$  die Infektion *trocknet aus*, einige bleiben im Gegensatz zum ersten Modell uninfiziert

## 3.4 Makromodelle 1. SI-Modell

Im Gegensatz zu Mikromodellen sind die dynamischen Variablen der Makromodelle **aggregierte Größen**, hier die *Anteilswerte* der verschiedenen Kompartimente in der Population.

Annahme: Die Dynamik der *Population selbst* (Wachstum und Schrumpfung durch Geburten, Todesfällen und Migration) ist viel langsamer als die Infektionsdynamik  $\Rightarrow$  aus den Bilanzen der Personen (Erhaltungssätze) folgen direkt Bilanzen für die Anteilswerte

- ▶ im **SI-Modell** gibt es nur die zwei Kompartimente *susceptible* ( $S$ ) und *infected* ( $I$ ).  $I$  schließt alle Zustände nach Infektion ein wie krank, erholt oder gestorben
- ▶ Es gibt nur Übergänge  $S \rightarrow I$ , nicht  $I \rightarrow S$ :



## 3.4 Makromodelle 1. SI-Modell

Im Gegensatz zu Mikromodellen sind die dynamischen Variablen der Makromodelle **aggregierte Größen**, hier die *Anteilswerte* der verschiedenen Kompartimente in der Population.

Annahme: Die Dynamik der *Population selbst* (Wachstum und Schrumpfung durch Geburten, Todesfällen und Migration) ist viel langsamer als die Infektionsdynamik  $\Rightarrow$  aus den Bilanzen der Personen (Erhaltungssätze) folgen direkt Bilanzen für die Anteilswerte

- ▶ im **SI-Modell** gibt es nur die zwei Kompartimente *susceptible* ( $S$ ) und *infected* ( $I$ ).  $I$  schließt alle Zustände nach Infektion ein wie krank, erholt oder gestorben
- ▶ Es gibt nur Übergänge  $S \rightarrow I$ , nicht  $I \rightarrow S$ :

## 3.4 Makromodelle 1. SI-Modell

Im Gegensatz zu Mikromodellen sind die dynamischen Variablen der Makromodelle **aggregierte Größen**, hier die *Anteilswerte* der verschiedenen Kompartimente in der Population.

Annahme: Die Dynamik der *Population selbst* (Wachstum und Schrumpfung durch Geburten, Todesfällen und Migration) ist viel langsamer als die Infektionsdynamik  $\Rightarrow$  aus den Bilanzen der Personen (Erhaltungssätze) folgen direkt Bilanzen für die Anteilswerte

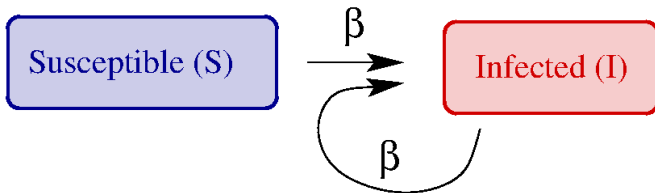
- ▶ im **SI-Modell** gibt es nur die zwei Kompartimente *susceptible* (S) und *infected* (I). I schließt alle Zustände nach Infektion ein wie krank, erholt oder gestorben
- ▶ Es gibt nur Übergänge  $S \rightarrow I$ , nicht  $I \rightarrow S$ :

### 3.4 Makromodelle 1. SI-Modell

Im Gegensatz zu Mikromodellen sind die dynamischen Variablen der Makromodelle **aggregierte Größen**, hier die *Anteilswerte* der verschiedenen Kompartimente in der Population.

Annahme: Die Dynamik der *Population selbst* (Wachstum und Schrumpfung durch Geburten, Todesfällen und Migration) ist viel langsamer als die Infektionsdynamik  $\Rightarrow$  aus den Bilanzen der Personen (Erhaltungssätze) folgen direkt Bilanzen für die Anteilswerte

- ▶ im **SI-Modell** gibt es nur die zwei Kompartimente *susceptible* (S) und *infected* (I). I schließt alle Zustände nach Infektion ein wie krank, erholt oder gestorben
- ▶ Es gibt nur Übergänge  $S \rightarrow I$ , nicht  $I \rightarrow S$ :



## Gleichungen des SI-Modells

- ▶ Alle Infizierten werden *sofort und für alle Zeiten* ansteckend
- ▶ Die *Ansteckungsrate*  $\beta$  (Personen pro Zeiteinheit, die ein Infizierter ansteckt, wenn alle im S-Zustand sind) ist konstant **Wie hoch ist dann der R-Wert?**

⇒ Änderungsrate der Zahl  $N_I$  der Infizierten gleich der negativen Änderungsrate der Zahl  $N_S$  der ansteckbaren Personen:

$$\frac{dN_I}{dt} = -\frac{dN_S}{dt} = \beta N_I \left( \frac{N_S}{N} \right)$$

Mit dem Erhaltungssatz  $N_S + N_I = N = \text{const.}$  und den Anteilswerten  $S = N_S/N$  und  $I = N_I/N \Rightarrow$

$$\begin{aligned} \frac{dI}{dt} &= +\beta IS, \\ \frac{dS}{dt} &= -\beta IS \end{aligned} \quad \text{SI model}$$

bzw mit  $S + I = 1$ :

$$\frac{dI}{dt} = \beta I(1 - I)$$

⇒ Klassisches Modell für beschränktes Wachstum mit Sättigungswert 1

## Gleichungen des SI-Modells

- ▶ Alle Infizierten werden *sofort und für alle Zeiten* ansteckend
- ▶ Die *Ansteckungsrate*  $\beta$  (Personen pro Zeiteinheit, die ein Infizierter ansteckt, wenn alle im S-Zustand sind) ist konstant **Wie hoch ist dann der R-Wert?**

⇒ Änderungsrate der Zahl  $N_I$  der Infizierten gleich der negativen Änderungsrate der Zahl  $N_S$  der ansteckbaren Personen:

$$\frac{dN_I}{dt} = -\frac{dN_S}{dt} = \beta N_I \left( \frac{N_S}{N} \right)$$

Mit dem Erhaltungssatz  $N_S + N_I = N = \text{const.}$  und den Anteilswerten  $S = N_S/N$  und  $I = N_I/N \Rightarrow$

$$\begin{aligned} \frac{dI}{dt} &= +\beta IS, \\ \frac{dS}{dt} &= -\beta IS \end{aligned} \quad \text{SI model}$$

bzw mit  $S + I = 1$ :

$$\frac{dI}{dt} = \beta I(1 - I)$$

⇒ Klassisches Modell für beschränktes Wachstum mit Sättigungswert 1

## Gleichungen des SI-Modells

- ▶ Alle Infizierten werden *sofort und für alle Zeiten* ansteckend
- ▶ Die *Ansteckungsrate*  $\beta$  (Personen pro Zeiteinheit, die ein Infizierter ansteckt, wenn alle im S-Zustand sind) ist konstant **Wie hoch ist dann der R-Wert?**

⇒ Änderungsrate der Zahl  $N_I$  der Infizierten gleich der negativen Änderungsrate der Zahl  $N_S$  der ansteckbaren Personen:

$$\frac{dN_I}{dt} = -\frac{dN_S}{dt} = \beta N_I \left( \frac{N_S}{N} \right)$$

Mit dem Erhaltungssatz  $N_S + N_I = N = \text{const.}$  und den Anteilswerten  $S = N_S/N$  und  $I = N_I/N \Rightarrow$

$$\begin{aligned} \frac{dI}{dt} &= +\beta IS, \\ \frac{dS}{dt} &= -\beta IS \end{aligned} \quad \text{SI model}$$

bzw mit  $S + I = 1$ :

$$\frac{dI}{dt} = \beta I(1 - I)$$

⇒ Klassisches Modell für beschränktes Wachstum mit Sättigungswert 1

## Gleichungen des SI-Modells

- ▶ Alle Infizierten werden *sofort und für alle Zeiten* ansteckend
- ▶ Die *Ansteckungsrate*  $\beta$  (Personen pro Zeiteinheit, die ein Infizierter ansteckt, wenn alle im S-Zustand sind) ist konstant **Wie hoch ist dann der R-Wert?**

⇒ Änderungsrate der Zahl  $N_I$  der Infizierten gleich der negativen Änderungsrate der Zahl  $N_S$  der ansteckbaren Personen:

$$\frac{dN_I}{dt} = -\frac{dN_S}{dt} = \beta N_I \left( \frac{N_S}{N} \right)$$

Mit dem Erhaltungssatz  $N_S + N_I = N = \text{const.}$  und den Anteilswerten  $S = N_S/N$  und  $I = N_I/N \Rightarrow$

$$\begin{aligned} \frac{dI}{dt} &= +\beta IS, \\ \frac{dS}{dt} &= -\beta IS \end{aligned} \quad \text{SI model}$$

bzw mit  $S + I = 1$ :

$$\frac{dI}{dt} = \beta I(1 - I)$$

⇒ Klassisches Modell für beschränktes Wachstum mit Sättigungswert 1

## Gleichungen des SI-Modells

- ▶ Alle Infizierten werden *sofort und für alle Zeiten* ansteckend
- ▶ Die *Ansteckungsrate*  $\beta$  (Personen pro Zeiteinheit, die ein Infizierter ansteckt, wenn alle im S-Zustand sind) ist konstant **Wie hoch ist dann der R-Wert?**

⇒ Änderungsrate der Zahl  $N_I$  der Infizierten gleich der negativen Änderungsrate der Zahl  $N_S$  der ansteckbaren Personen:

$$\frac{dN_I}{dt} = -\frac{dN_S}{dt} = \beta N_I \left( \frac{N_S}{N} \right)$$

Mit dem Erhaltungssatz  $N_S + N_I = N = \text{const.}$  und den Anteilswerten  $S = N_S/N$  und  $I = N_I/N \Rightarrow$

$$\begin{aligned} \frac{dI}{dt} &= +\beta IS, \\ \frac{dS}{dt} &= -\beta IS \end{aligned} \quad \text{SI model}$$

bzw mit  $S + I = 1$ :

$$\frac{dI}{dt} = \beta I(1 - I)$$

⇒ Klassisches Modell für beschränktes Wachstum mit Sättigungswert 1



## Lösung des SI-Modells

Ansatz:

$$\text{Odds ratio } y = \frac{I}{1 - I}$$

Einsetzen:

## Lösung des SI-Modells

Ansatz:

$$\text{Odds ratio} \quad y = \frac{I}{1-I}$$

Einsetzen:

$$\frac{dy}{dt} = \frac{d}{dt} \left( \frac{I}{1-I} \right)$$

## Lösung des SI-Modells

Ansatz:

$$\text{Odds ratio} \quad y = \frac{I}{1-I}$$

Einsetzen:

$$\frac{dy}{dt} = \frac{d}{dt} \left( \frac{I}{1-I} \right)$$

Quotientenregel

$$\frac{1-I - (-I)}{(1-I)^2} \frac{dI}{dt}$$

## Lösung des SI-Modells

Ansatz:

$$\text{Odds ratio } y = \frac{I}{1-I}$$

Einsetzen:

$$\begin{aligned} \frac{dy}{dt} &= \frac{d}{dt} \left( \frac{I}{1-I} \right) \\ \text{Quotientenregel} &= \frac{1-I - (-I)}{(1-I)^2} \frac{dI}{dt} \\ &= \frac{1}{(1-I)^2} \frac{dI}{dt} \end{aligned}$$

## Lösung des SI-Modells

Ansatz:

$$\text{Odds ratio } y = \frac{I}{1-I}$$

Einsetzen:

$$\begin{aligned} \frac{dy}{dt} &= \frac{d}{dt} \left( \frac{I}{1-I} \right) \\ \text{Quotientenregel} &= \frac{1-I - (-I)}{(1-I)^2} \frac{dI}{dt} \\ &= \frac{1}{(1-I)^2} \frac{dI}{dt} \\ &= \beta \frac{I}{1-I} \end{aligned}$$

## Lösung des SI-Modells

Ansatz:

$$\text{Odds ratio } y = \frac{I}{1-I}$$

Einsetzen:

$$\begin{aligned} \frac{dy}{dt} &= \frac{d}{dt} \left( \frac{I}{1-I} \right) \\ \text{Quotientenregel} &= \frac{1-I - (-I)}{(1-I)^2} \frac{dI}{dt} \\ &= \frac{1}{(1-I)^2} \frac{dI}{dt} \\ &= \beta \frac{I}{1-I} = \beta y \end{aligned}$$

## Lösung des SI-Modells

Ansatz:

$$\text{Odds ratio} \quad y = \frac{I}{1-I}$$

Einsetzen:

$$\begin{aligned} \frac{dy}{dt} &= \frac{d}{dt} \left( \frac{I}{1-I} \right) \\ \text{Quotientenregel} &= \frac{1-I - (-I)}{(1-I)^2} \frac{dI}{dt} \\ &= \frac{1}{(1-I)^2} \frac{dI}{dt} \\ &= \beta \frac{I}{1-I} = \beta y \end{aligned}$$

⇒ Modell des unbeschränkten Wachstums für  $y$  mit Lösung  $y = y_0 e^{\beta t}$

## Lösung des SI-Modells

Ansatz:

$$\text{Odds ratio} \quad y = \frac{I}{1-I}$$

Einsetzen:

$$\begin{aligned} \frac{dy}{dt} &= \frac{d}{dt} \left( \frac{I}{1-I} \right) \\ &\stackrel{\text{Quotientenregel}}{=} \frac{1-I - (-I)}{(1-I)^2} \frac{dI}{dt} \\ &= \frac{1}{(1-I)^2} \frac{dI}{dt} \\ &= \beta \frac{I}{1-I} = \beta y \end{aligned}$$

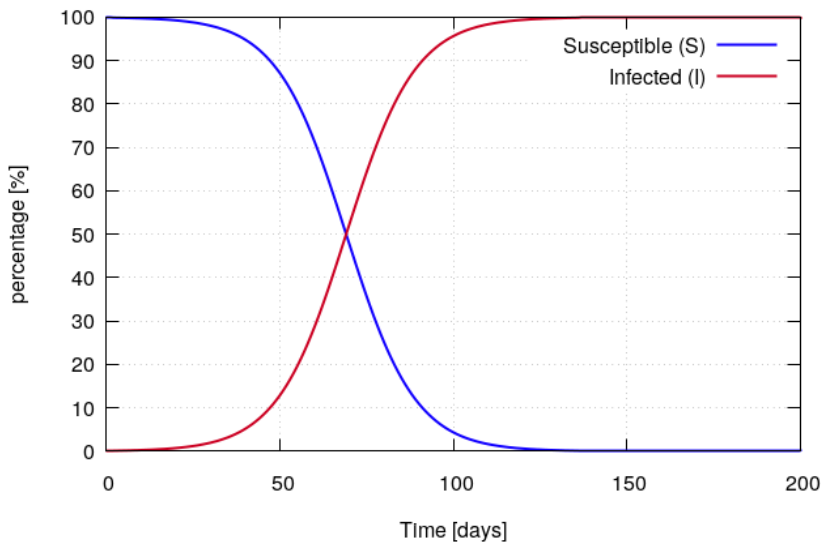
⇒ Modell des unbeschränkten Wachstums für  $y$  mit Lösung  $y = y_0 e^{\beta t}$

$$\text{Einsetzen:} \quad I(t) = \frac{y}{1+y} = \frac{y_0 e^{\beta t}}{1+y_0 e^{\beta t}}, \quad y_0 = \frac{I_0}{1-I_0}$$



## Lösung graphisch

SI model,  $\beta=0.1/\text{day}$ ,  $I(0)=0.1\%$



### 3.4.2 SIR model

Im Gegensatz zum SI-Modell fallen die Personen nach einer typischen Zeit aus dem aktiven Infektionsgeschehen heraus, d.h. sind weder ansteckbar noch ansteckend: *Kompartiment R*, was *recovered* (erholt), *removed* (gestorben) oder *restrained* (noch ansteckend, aber in Quarantäne) bedeuten kann:

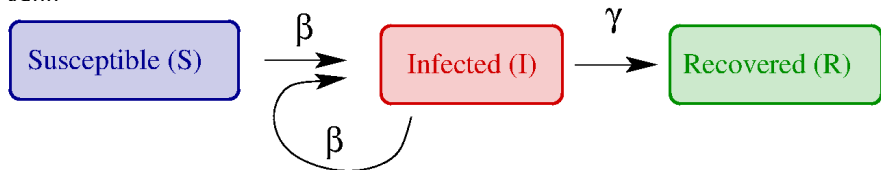
► Erhalt der Bevölkerungszahl:  $S + I + R = 1$

? Zeigen Sie, dass die anfängliche Reproduktionszahl  $R_0$  durch  $R_0 = \beta/\gamma$  gegeben ist.

! Anfänglich ( $S = 1$ ) infiziert jede infizierte Person  $\beta$  andere Personen pro Tag, aber wird nach einer exponentialverteilten Zeit  $\tau_{\text{IX}} \leftarrow \text{Exp}(\gamma)$  nicht mehr ansteckend  $\Rightarrow$  Infiziertenzahl =  $\beta E(\tau_{\text{IX}}) = \beta/\gamma$

### 3.4.2 SIR model

Im Gegensatz zum SI-Modell fallen die Personen nach einer typischen Zeit aus dem aktiven Infektionsgeschehen heraus, d.h. sind weder ansteckbar noch ansteckend: *Kompartiment R*, was *recovered* (erholt), *removed* (gestorben) oder *restrained* (noch ansteckend, aber in Quarantäne) bedeuten kann.



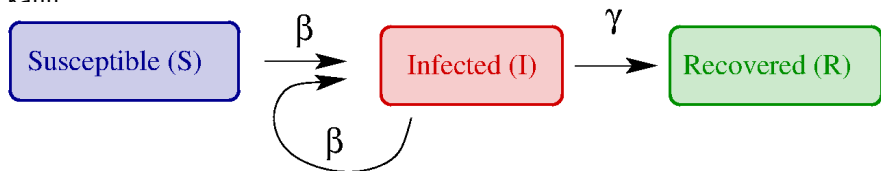
► Erhalt der Bevölkerungszahl:  $S + I + R = 1$

? Zeigen Sie, dass die anfängliche Reproduktionszahl  $R_0$  durch  $R_0 = \beta/\gamma$  gegeben ist

! Anfänglich ( $S = 1$ ) infiziert jede infizierte Person  $\beta$  andere Personen pro Tag, aber wird nach einer exponentialverteilten Zeit  $\tau_{1/\gamma} \leftarrow \text{Exp}(\gamma)$  nicht mehr ansteckend  $\Rightarrow$  Infiziertenzahl =  $\beta E(\tau_{1/\gamma}) = \beta/\gamma$

### 3.4.2 SIR model

Im Gegensatz zum SI-Modell fallen die Personen nach einer typischen Zeit aus dem aktiven Infektionsgeschehen heraus, d.h. sind weder ansteckbar noch ansteckend: *Kompartiment R*, was *recovered* (erholt), *removed* (gestorben) oder *restrained* (noch ansteckend, aber in Quarantäne) bedeuten kann.



$$\frac{dS}{dt} = -\beta IS,$$

$$\frac{dI}{dt} = +\beta IS - \gamma I, \quad \text{SIR-Modell}$$

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

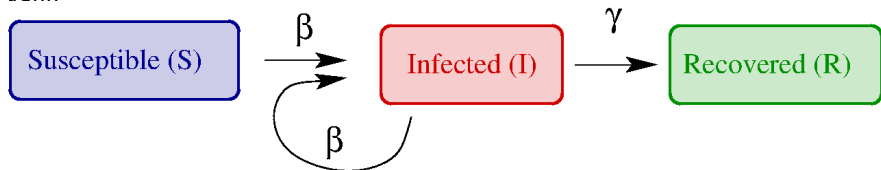
► Erhalt der Bevölkerungszahl:  $S + I + R = 1$

? Zeigen Sie, dass die anfängliche Reproduktionszahl  $R_0$  durch  $R_0 = \beta/\gamma$  gegeben ist

! Anfänglich ( $S = 1$ ) infiziert jede infizierte Person  $\beta$  andere Personen pro Tag, aber wird nach einer exponentialverteilten Zeit  $\tau_R \sim \text{Exp}(\gamma)$  nicht mehr ansteckend  $\Rightarrow$  Infiziertenzahl  $= \beta E(\tau_R) = \beta/\gamma$

### 3.4.2 SIR model

Im Gegensatz zum SI-Modell fallen die Personen nach einer typischen Zeit aus dem aktiven Infektionsgeschehen heraus, d.h. sind weder ansteckbar noch ansteckend: *Kompartiment R*, was *recovered* (erholt), *removed* (gestorben) oder *restrained* (noch ansteckend, aber in Quarantäne) bedeuten kann.



$$\frac{dS}{dt} = -\beta IS,$$

$$\frac{dI}{dt} = +\beta IS - \gamma I, \quad \text{SIR-Modell}$$

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

► Erhalt der Bevölkerungszahl:  $S + I + R = 1$

? Zeigen Sie, dass die anfängliche Reproduktionszahl  $R_0$  durch  $R_0 = \beta/\gamma$  gegeben ist

! Anfänglich ( $S = 1$ ) infiziert jede infizierte Person  $\beta$  andere Personen pro Tag, aber wird nach einer exponentialverteilten Zeit  $\tau_R \sim \text{Exp}(\gamma)$  nicht mehr ansteckend  $\Rightarrow$  Infiziertenzahl  $= \beta E(\tau_R) = \beta/\gamma$

### 3.4.2 SIR model

Im Gegensatz zum SI-Modell fallen die Personen nach einer typischen Zeit aus dem aktiven Infektionsgeschehen heraus, d.h. sind weder ansteckbar noch ansteckend: *Kompartiment R*, was *recovered* (erholt), *removed* (gestorben) oder *restrained* (noch ansteckend, aber in Quarantäne) bedeuten kann.



$$\frac{dS}{dt} = -\beta IS,$$

$$\frac{dI}{dt} = +\beta IS - \gamma I, \quad \text{SIR-Modell}$$

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

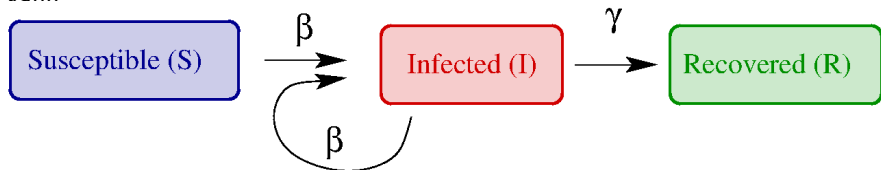
► Erhalt der Bevölkerungszahl:  $S + I + R = 1$

? Zeigen Sie, dass die anfängliche Reproduktionszahl  $R_0$  durch  $R_0 = \beta/\gamma$  gegeben ist

! Anfänglich ( $S = 1$ ) infiziert jede infizierte Person  $\beta$  andere Personen pro Tag, aber wird nach einer exponentialverteilten Zeit  $\tau_R \sim \text{Exp}(\gamma)$  nicht mehr ansteckend  $\Rightarrow$  Infiziertenzahl  $= \beta E(\tau_R) = \beta/\gamma$

### 3.4.2 SIR model

Im Gegensatz zum SI-Modell fallen die Personen nach einer typischen Zeit aus dem aktiven Infektionsgeschehen heraus, d.h. sind weder ansteckbar noch ansteckend: *Kompartiment R*, was *recovered* (erholt), *removed* (gestorben) oder *restrained* (noch ansteckend, aber in Quarantäne) bedeuten kann.



$$\frac{dS}{dt} = -\beta IS,$$

$$\frac{dI}{dt} = +\beta IS - \gamma I, \quad \text{SIR-Modell}$$

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

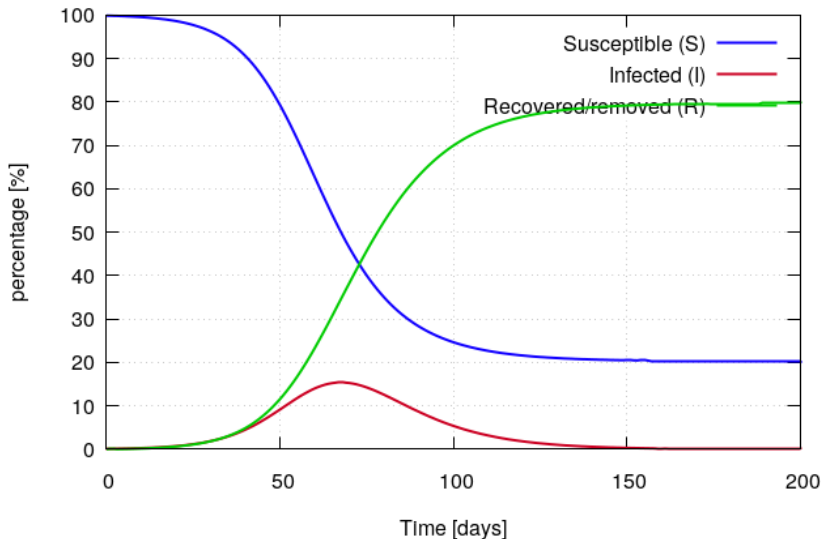
► Erhalt der Bevölkerungszahl:  $S + I + R = 1$

? Zeigen Sie, dass die anfängliche Reproduktionszahl  $R_0$  durch  $R_0 = \beta/\gamma$  gegeben ist

! Anfänglich ( $S = 1$ ) infiziert jede infizierte Person  $\beta$  andere Personen pro Tag, aber wird nach einer exponentialverteilten Zeit  $\tau_R \sim \text{Exp}(\gamma)$  nicht mehr ansteckend  $\Rightarrow$  Infiziertenzahl =  $\beta E(\tau_R) = \beta/\gamma$

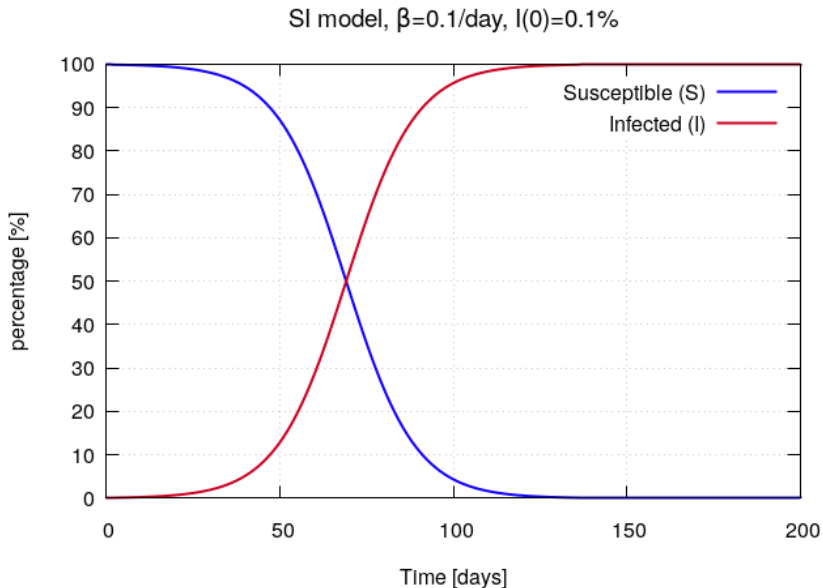
## Lösungen der SI- and SIR-Modelle im Vergleich

SIR model,  $\beta=0.2/\text{day}$ ,  $\gamma=0.1/\text{day} \Rightarrow R_0=2$ ,  $I(0)=0.1\%$

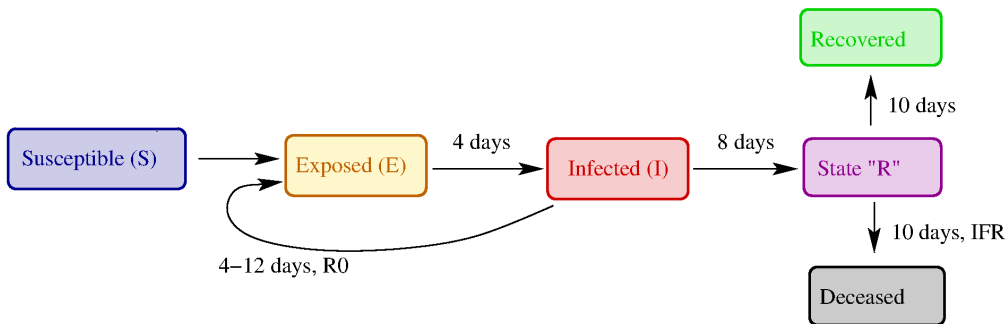




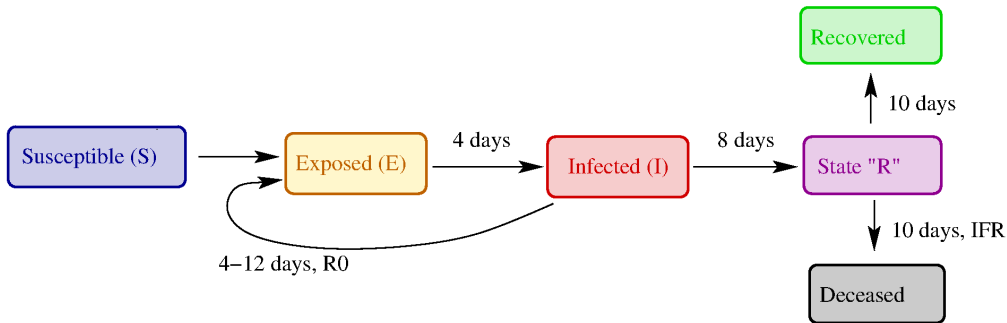
## Lösungen der SI- and SIR-Modelle im Vergleich



### 3.4.3 SEIR-Modell mit expliziten Verzögerungszeiten

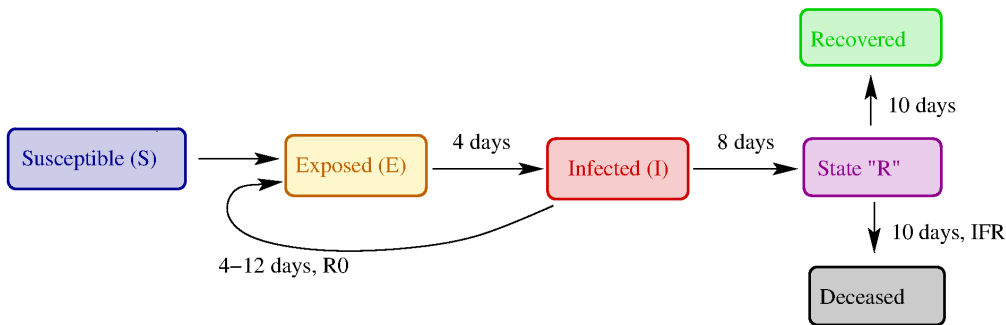


### 3.4.3 SEIR-Modell mit expliziten Verzögerungszeiten



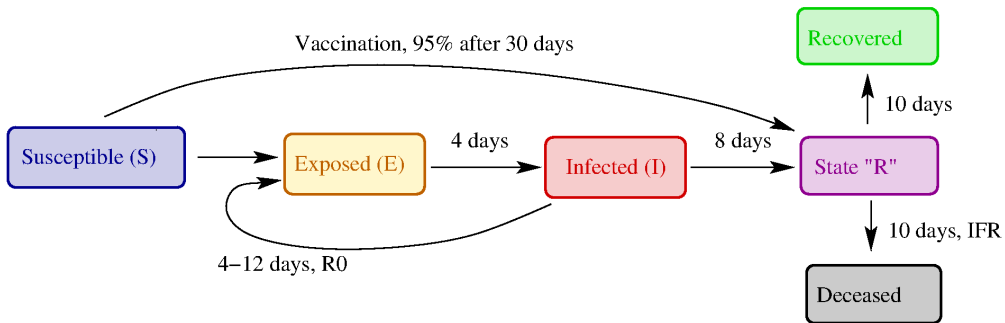
- ▶ Jeder Ansteckende (I) infiziert nach z.B. 4-12 Tagen  $R_0$  andere S-Personen *falls alle anderen noch ansteckbar (S) sind*

### 3.4.3 SEIR-Modell mit expliziten Verzögerungszeiten



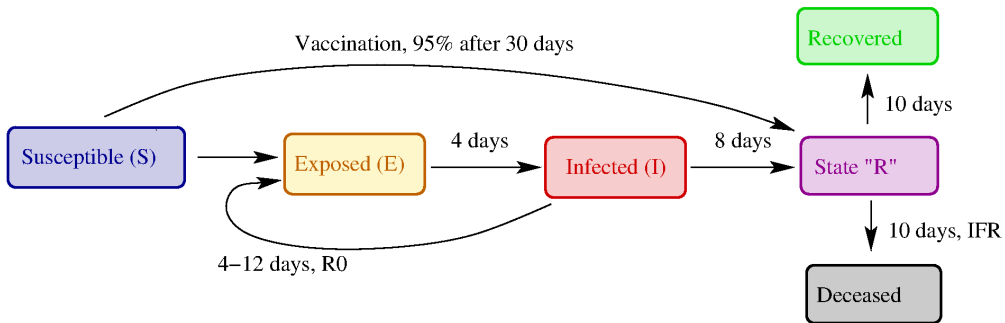
- ▶ Jeder Ansteckende (I) infiziert nach z.B. 4-12 Tagen  $R_0$  andere S-Personen *falls alle anderen noch ansteckbar (S) sind*
- ▶ Bevor eine infizierte Person selbst ansteckend wird, ist sie einige Zeit im *Exposed* Kompartiment

### 3.4.3 SEIR-Modell mit expliziten Verzögerungszeiten



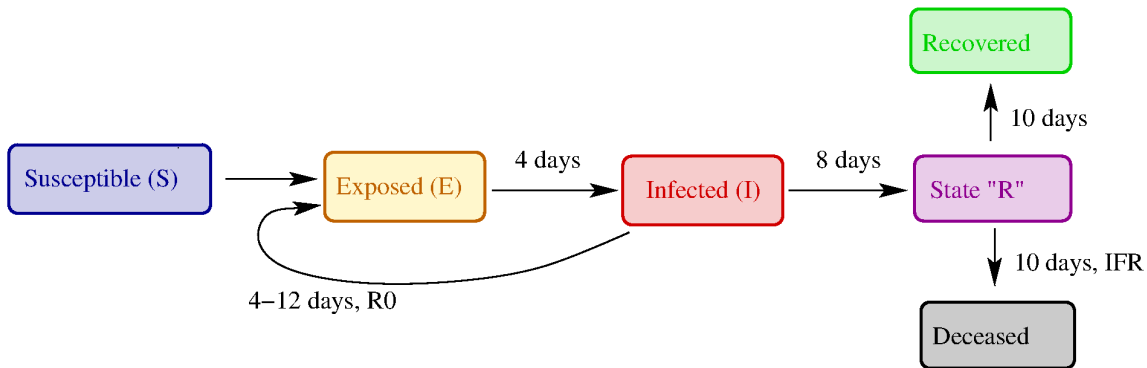
- ▶ Jeder Ansteckende (I) infiziert nach z.B. 4-12 Tagen  $R_0$  andere S-Personen *falls alle anderen noch ansteckbar (S) sind*
- ▶ Bevor eine infizierte Person selbst ansteckend wird, ist sie einige Zeit im *Exposed* Kompartiment
- ▶ Bereits infizierte, ansteckende, geheilte *oder geimpfte* Personen sind nicht ansteckbar (Annahme!)  $\Rightarrow$  *effektive* Reproduktionsfaktor  $R$  u.U. viel kleiner als  $R_0$

### 3.4.3 SEIR-Modell mit expliziten Verzögerungszeiten



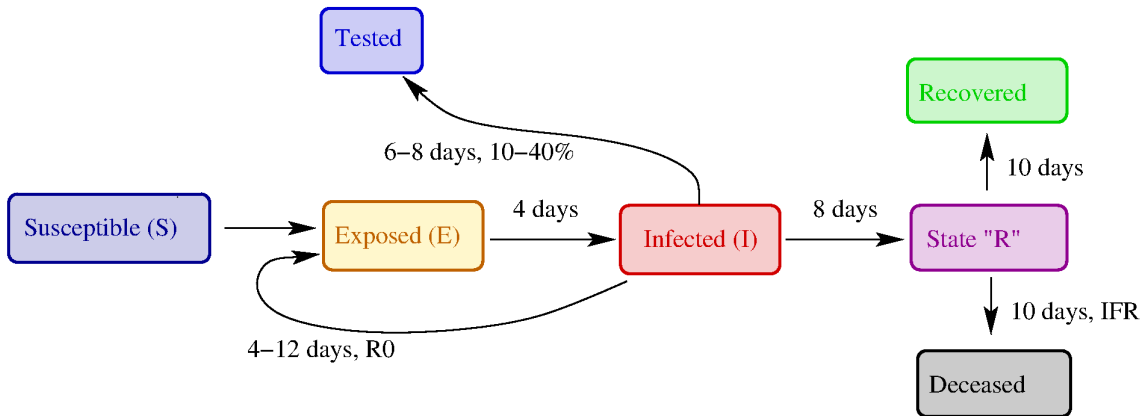
- ▶ Jeder Ansteckende (I) infiziert nach z.B. 4-12 Tagen  $R_0$  andere S-Personen *falls alle anderen noch ansteckbar (S) sind*
- ▶ Bevor eine infizierte Person selbst ansteckend wird, ist sie einige Zeit im *Exposed* Kompartiment
- ▶ Bereits infizierte, ansteckende, geheilte *oder geimpfte* Personen sind nicht ansteckbar (Annahme!)  $\Rightarrow$  *effektive* Reproduktionsfaktor  $R$  u.U. viel kleiner als  $R_0$
- ▶ Wie beim SIR-Modell fallen die Personen in R aus der aktiven Infektionsdynamik heraus

## 3.5 Infektionen vs. Beobachtungen



- Das Infektionsgeschehen: Was ist beobachtbar?

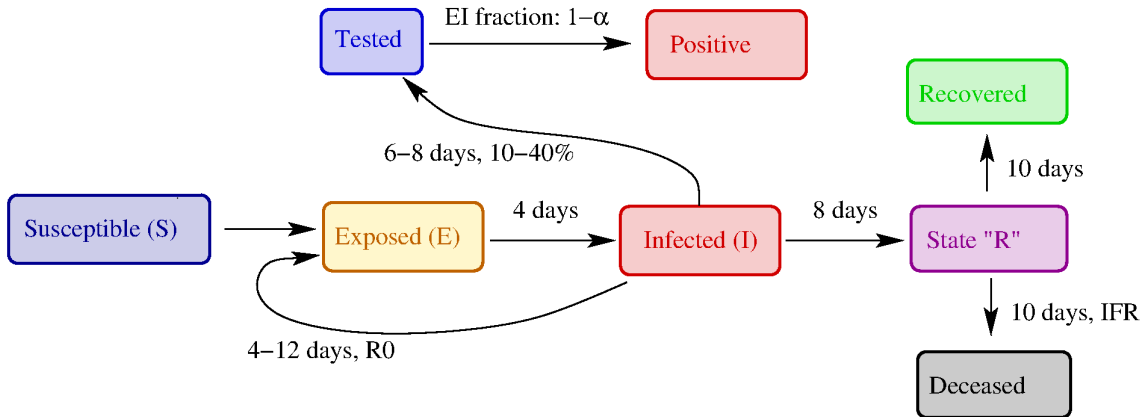
### 3.5 Infektionen vs. Beobachtungen



- ▶ Das Infektionsgeschehen: Was ist beobachtbar?
- ▶ Prinzipiell E- und I-Zustand mit PCR oder Antigentests, R mit Antikörpertest (und natürlich Todesfälle)

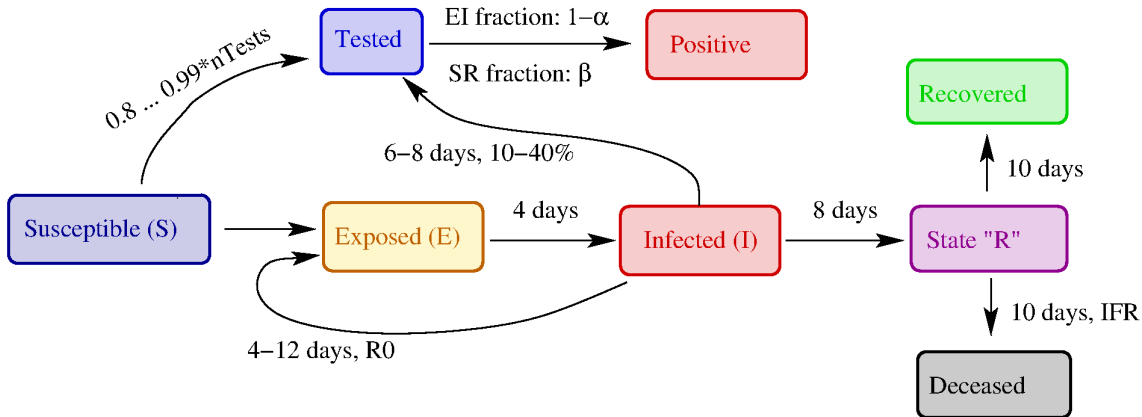


### 3.5 Infektionen vs. Beobachtungen



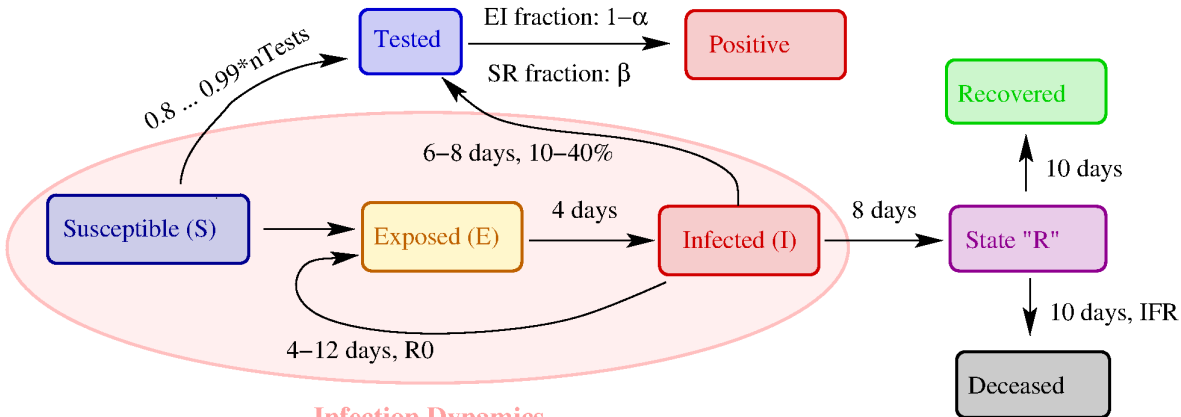
- ▶ Das Infektionsgeschehen: Was ist beobachtbar?
- ▶ Prinzipiell E- und I-Zustand mit PCR oder Antigentests, R mit Antikörpertest (und natürlich Todesfälle)
- ▶ Test-Sensitivität  $1 - \alpha = \text{Prob}(\text{positiv} \mid \text{infiziert})$

### 3.5 Infektionen vs. Beobachtungen



- ▶ Das Infektionsgeschehen: Was ist beobachtbar?
- ▶ Prinzipiell E- und I-Zustand mit PCR oder Antigentests, R mit Antikörpertest (und natürlich Todesfälle)
- ▶ Test-Sensitivität  $1 - \alpha = \text{Prob}(\text{positiv} \mid \text{infiziert})$
- ▶ Test-Spezifität  $1 - \beta = \text{Prob}(\text{negativ} \mid \text{nicht infiziert})$ ; zwischen 80 % und 99 % der Getesteten sind *nicht* infiziert!

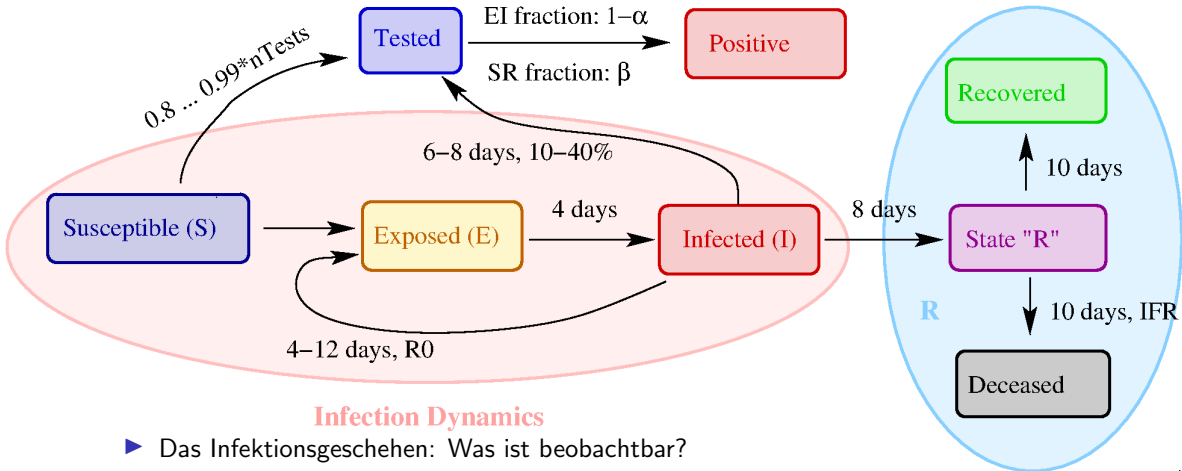
### 3.5 Infektionen vs. Beobachtungen



#### Infection Dynamics

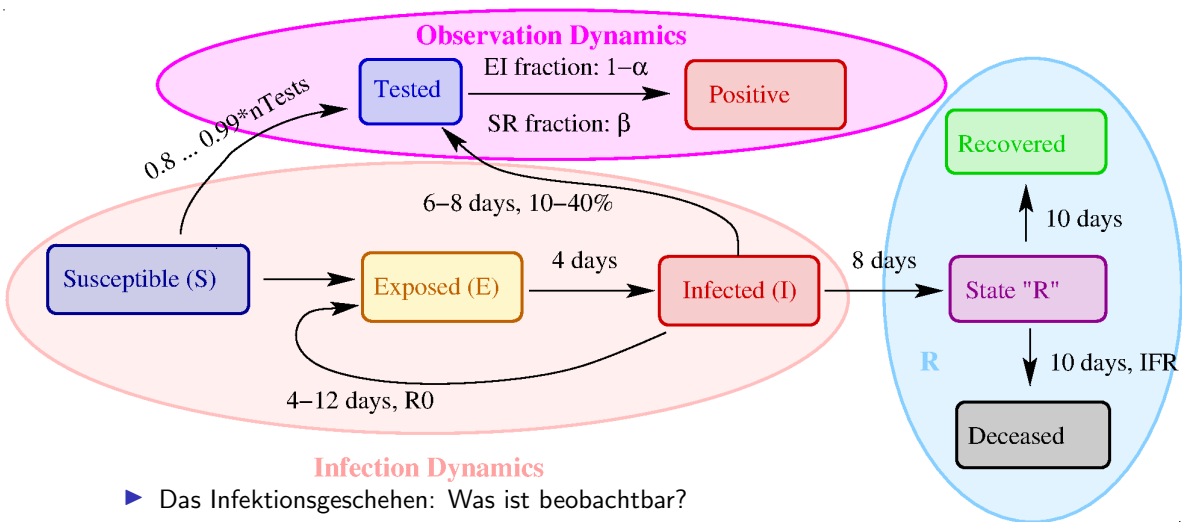
- ▶ Das Infektionsgeschehen: Was ist beobachtbar?
- ▶ Prinzipiell E- und I-Zustand mit PCR oder Antigentests, R mit Antikörpertest (und natürlich Todesfälle)
- ▶ Test-Sensitivität  $1 - \alpha = \text{Prob}(\text{positiv} \mid \text{infiziert})$
- ▶ Test-Spezifität  $1 - \beta = \text{Prob}(\text{negativ} \mid \text{nicht infiziert})$ ; zwischen 80 % und 99 % der Getesteten sind *nicht* infiziert!

### 3.5 Infektionen vs. Beobachtungen



#### Infection Dynamics

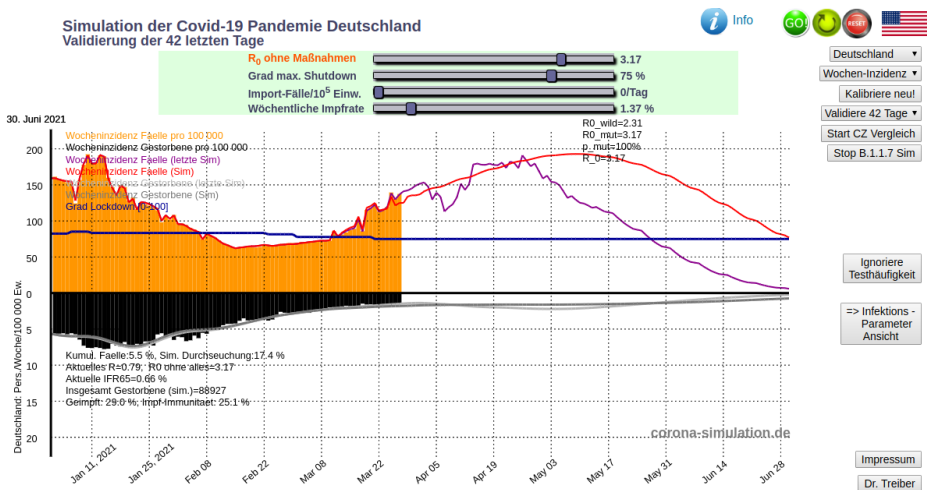
- ▶ Das Infektionsgeschehen: Was ist beobachtbar?
- ▶ Prinzipiell E- und I-Zustand mit PCR oder Antigentests, R mit Antikörpertest (und natürlich Todesfälle)
- ▶ Test-Sensitivität  $1 - \alpha = \text{Prob}(\text{positiv} \mid \text{infiziert})$
- ▶ Test-Spezifität  $1 - \beta = \text{Prob}(\text{negativ} \mid \text{nicht infiziert})$ ; zwischen 80 % und 99 % der Getesteten sind *nicht* infiziert!



### Infection Dynamics

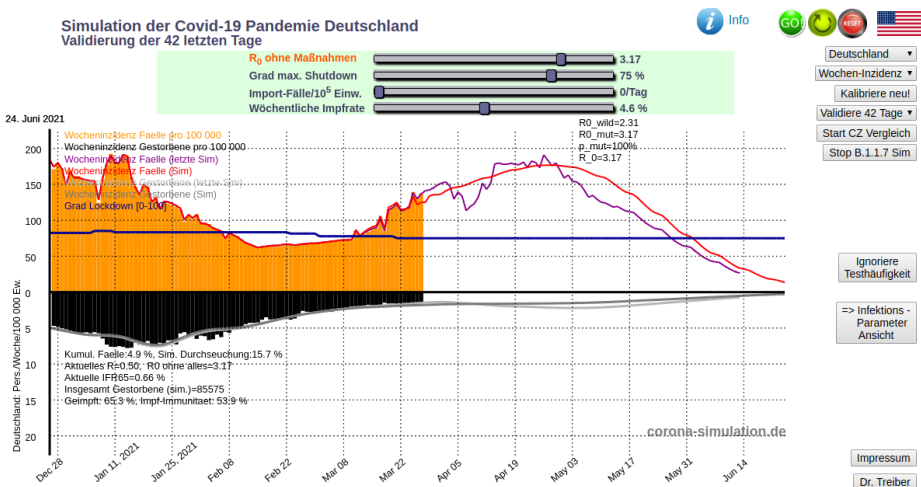
- ▶ Das Infektionsgeschehen: Was ist beobachtbar?
- ▶ Prinzipiell E- und I-Zustand mit PCR oder Antigentests, R mit Antikörpertest (und natürlich Todesfälle)
- ▶ Test-Sensitivität  $1 - \alpha = \text{Prob}(\text{positiv} \mid \text{infiziert})$
- ▶ Test-Spezifität  $1 - \beta = \text{Prob}(\text{negativ} \mid \text{nicht infiziert})$ ; zwischen 80 % und 99 % der Getesteten sind *nicht* infiziert!

## 3.6 Anwendung: Szenarienprojektion



Simulation vom 2021-05-07 (violett) vs Validierung 6 Wochen (rot)

## 3.6 Anwendung: Szenarienprojektion



Simulation vom 2021-05-07 (violett) vs Validierung 6 Wochen mit Erhöhung der Impfrate von 1.4 % auf 4.6 % (rot)