

Haushaltsmodelle

Tobias Bluhmki, Steffen Selker

30. Mai 2011

Inhaltsverzeichnis

1	Einleitung Haushaltsmodelle	2
1.1	Allgemein	2
1.2	Mathematisch	3
2	Wiederholung der bekannten Tools	3
2.1	Markov-Eigenschaft	3
2.2	Erzeugendenfunktion	3
2.3	Laplace-Transformation	3
2.4	Verbreitung einer Krankheit	4
3	Mathematische Modellierung der Haushaltsmodelle	4
3.1	Exkurs: Gontcharoff-Polynome	4
3.2	Erweiterung des SIR-Modell	4
3.2.1	Herleitung von $\mathbb{E}[T]$	5
3.2.2	Erweiterung auf zwei Ebenen	6
3.3	Erweiterte Betrachtung der Verzweigungsprozesse angewandt auf Haushaltsmodelle	8
4	Ausblick	10
5	Variablenliste	10
6	Literaturliste	11

1 Einleitung Haushaltsmodelle

1.1 Allgemein

Wir beschäftigen uns mit einer homogenen Population von Individuen, die in disjunkte, in sich geschlossene Gruppen (Haushalte) aufgeteilt sind. Wie schon im SIR-Modell sind die einzelnen Individuen entweder anfällig (susceptible), infektiös (infectious) oder werden nicht mehr betrachtet (removed).

Haushaltsmodelle sind statistische Modelle zur Beschreibung von Epidemien, bei denen bekannte Verfahren (SIR-Modell, Galton-Watson-Prozess, Verzweigungsprozesse) auf zwei parallelen Ebenen angewandt werden. Die globale Ebene beschreibt dabei die Prozesse, die haushaltsübergreifend stattfinden. Im Gegensatz dazu beschreibt die lokale Ebene Vorgänge innerhalb jedes einzelnen Haushaltes. Hierbei ist wichtig, dass die Wahrscheinlichkeit Individuen des gleichen Haushaltes (lokal) zu infizieren deutlich höher ist als die Übertragung auf Individuen anderer Haushalte (global).

Im Gegensatz zu dem klassischen SIR-Modell sind die Haushaltsmodelle durch diese getrennte Betrachtungsweise realitätsnäher. Intuitiv ist bereits klar, dass sich eine Krankheit innerhalb von Familien oder einer Schule deutlich schneller ausbreitet als über die Gruppengrenzen (Ausbreitung innerhalb einer ganzen Stadt/ eines Landes) hinaus.

Die Berechnung des Haushaltsmodells ist wichtig für Vorhersagen des Verlaufs und der Endgröße einer Epidemie und daraus resultierend für die Entwicklung von möglichen Impfstrategien oder anderen prophylaktischen Maßnahmen. Diese 'Epidemien' müssen nicht zwangsläufig Krankheiten in einer menschlichen oder tierischen Population sein, die Ausbreitung von z.B. Computerviren kann so auch modelliert werden.

Ziel unserer Ausführungen ist die Berechnung, wieviele Individuen sich während des gesamten Verlaufs der Epidemie anstecken und die Wahrscheinlichkeit dafür, dass überhaupt eine globale (haushaltsübergreifende) Epidemie ausbricht.

Wir werden zeigen, dass die Berechnung der gesuchten Zielgrößen ähnlich verläuft wie in den einfachen Modellen, obwohl nun die zwei Ebenen gleichzeitig betrachtet werden. Da es sich um eine Erweiterung der bisherigen Modelle handelt, werden wir zunächst wichtige Aspekte wiederholen und dabei einige schon angeführte Formeln, teilweise alternativ, herleiten. Diese mathematischen Ausdrücke werden wir danach an unser Haushaltsmodell anpassen.

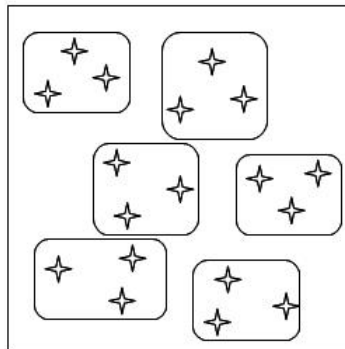


Abbildung 1: Grundannahmen

1.2 Mathematisch

Mathematisch beschreiben wir das Modell folgendermaßen: Wir betrachten eine homogene (einheitliche) Population von N Individuen, die in m Gruppen zu je M Individuen aufgeteilt ist. Diese Gruppen werden als disjunkt angenommen (trivialerweise gilt dann $N = M \cdot m$). Weiter seien p_G bzw. p_L die Wahrscheinlichkeiten ein anderes Individuum global ($\hat{=}$ wie oben erwähnt haushaltsübergreifend) bzw. lokal ($\hat{=}$ haushaltsintern) zu infizieren. Man beachte, dass ein Individuum einer Gruppe sowohl durch globale als auch lokale Wahrscheinlichkeit angesteckt werden kann. Weiterhin ist $p_G \leq p_L$, aber in den meisten Fällen ist $p_G \ll p_L$. Die Anzahl der Individuen, die während der Infektionsphase angesteckt werden, werden durch zwei Poisson-Prozesse mit den Raten λ_G/N bzw. λ_L angenommen. Weiterhin nehmen wir an, dass die infektiöse Phase unmittelbar nach der Ansteckung anbricht (d.h. keine Latenzzeit).

2 Wiederholung der bekannten Tools

Da die Haushaltsmodelle eine Erweiterung der schon erwähnten bekannten Verfahren sind, werden wir hier kurz die wichtigsten benötigten Aspekte und Definitionen wiederholen, da diese immer wieder in den späteren Rechnungen auftauchen und verwendet werden.

2.1 Markov-Eigenschaft

Für die späteren mathematischen Betrachtungen benötigen wir die Gedächtnislosigkeit der Exponentialverteilung und die daraus resultierende Markov-Eigenschaft

$$P(X_{t+1} = x_{t+1} | X_0 = x_0, \dots, X_t = x_t) = P(X_{t+1} = x_{t+1} | X_t = x_t).$$

2.2 Erzeugendenfunktion

Außerdem ist die Erzeugendenfunktion einer Zufallsvariablen X wichtig, da deren erste Ableitung an der Stelle $s = 1$ gleich dem Erwartungswert von X ist. Die Erzeugendenfunktion ist definiert durch

$$\varphi_X(s) = \mathbb{E}[s^X],$$

mit der Eigenschaft

$$\varphi_X'(1) = \mathbb{E}[X].$$

2.3 Laplace-Transformation

Eine weitere Art von Transformation von Zufallsvariablen, die wir für die spätere Beweisführung brauchen, ist die Laplace-Transformation. Für eine beliebige Zufallsvariable X ist diese definiert durch

$$\phi(\theta) = \mathbb{E}[\exp(-\theta X)], \quad \theta \geq 0.$$

2.4 Verbreitung einer Krankheit

Sei R eine Zufallsvariable, die die Nachkommenanzahl eines Individuums einer Population beschreibt. Auf das Haushaltsmodell bezogen, ist diese Population die Epidemie. Die „Nachkommen“ eines infizierten Individuums sind folglich die Personen, die es angesteckt hat. Weiterhin definieren wir uns $R_* = \mathbb{E}(R)$ als erwartete Nachkommenanzahl eines Individuums. Ein Verzweigungsprozess (Galton-Watson-Prozess) ist subkritisch, falls $R_* < 1$, kritisch, falls $R_* = 1$ und superkritisch, falls $R_* > 1$ ist. In den ersten zwei Fällen stirbt die Epidemie mit einer Wahrscheinlichkeit von 1 aus; im superkritischen Fall bekanntermaßen nur mit einer Restwahrscheinlichkeit τ . Dies ist die kleinste Lösung von $f_R(s) = s$ in $[0, 1]$, wobei $f_R(s)$ die Erzeugendenfunktion von R ist.

3 Mathematische Modellierung der Haushaltsmodelle

3.1 Exkurs: Gontcharoff-Polynome

Für unsere alternative Betrachtung des klassischen SIR-Modells benötigen wir die sog. *Gontcharoff-Polynome* bzgl. einer Folge $U = u_0, u_1, \dots$ aus reellen Zahlen. Es ist $G_0(x|U) = 1$ und für $i = 1, 2, \dots$ lassen sich die Polynome $G_i(x|U)$ folgendermaßen schreiben:

$$G_i(x|U) = \int_{u_0}^x \int_{u_1}^{\xi_0} \int_{u_2}^{\xi_1} \dots \int_{u_{i-1}}^{\xi_{i-2}} d\xi_0 d\xi_1 d\xi_2 \dots d\xi_{i-1}.$$

Daraus folgt die Differenzierungseigenschaft (bewiesen durch Lefèvre und Picard[1])

$$G_i^{(j)}(x|U) = G_{i-j}(x|U_j), \quad 0 \leq j \leq i$$

wobei U_j die Folge $U \setminus \{u_0, \dots, u_{j-1}\}$ und $G_i^{(j)}(x|U)$ die j -te Ableitung von $G_i(x|U)$ darstellen.

3.2 Erweiterung des SIR-Modell

Die folgenden Betrachtungen basieren auf dem SIR-Modell, bei welchem (wie bereits eingangs erwähnt) infektiöse Individuen (infectious) anfällige (susceptibles) anstecken. Nach einer gewissen Zeit werden die Infektiösen aus dem Modell entfernt (removed). Für genauere Informationen verweisen wir auf den Seminarvortrag von Herrn Ta.

Ziel: Berechnung der Wahrscheinlichkeit, dass in Gruppen von n gesunden Individuen während der Epidemie k Individuen infiziert werden, d.h. $P(T = k)$, wobei T eine Zufallsvariable beschreibt, die die Endgröße der Epidemie angibt.

Es seien n die Anzahl von anfälligen, a die Anzahl von infektiösen Individuen zu Beginn des Modells ($t = 0$) und T die Anzahl der Individuen, die im Verlauf der Epidemie infiziert wurden. Weiter seien T_j Zufallsvariablen, die die Infektionszeit des Individuums j beschreiben. Weiter sei T_A eine Zufallsvariable, die die Summe der infektiösen Zeiten ($T_A = \sum_{j=-(a-1)}^k T_j$) angibt. Die T_j sind unabhängig und identisch verteilt.

Um unser Ziel zu erreichen, berechnen wir zunächst den Erwartungswert von T , erst nur mit lokalem Einfluss, danach erweitert mit dem globalen Einfluss.

3.2.1 Herleitung von $\mathbb{E}[T]$

Dafür benötigen wir die Laplace-Transformation von T_j (vgl. 2.2). Durch die darin enthaltene Exponentialfunktion wird die Gedächtnislosigkeit erreicht, die für die Markov-Eigenschaft unerlässlich ist.

Weiterhin betrachtet wir die Erzeugendenfunktion der Zufallsvariable $n-T$. Man beachte, dass $n-T$ die Anzahl der Individuen angibt, welche über den ganzen Verlauf der Epidemie gesund bleiben.

Definiert man sich nun eine Funktion, die die Eigenschaften von Laplace-Transformation und Erzeugendenfunktion vereint, erhält man

$$\begin{aligned}\phi_{n,a}(s, \theta) &= \mathbb{E}[s^{n-T} \exp(-\theta T_A)] \\ &= \sum_{i=0}^n \frac{n!}{(n-i)!} \phi(\theta + \lambda_L i)^{n+a-i} G_i(s|U), \quad \theta \geq 0,\end{aligned}\tag{1}$$

wobei die Folge U durch $u_i = \phi(\theta + \lambda_L i)$, $i = 0, 1, \dots$ gegeben ist.

Die letzte Gleichheit wurde von Picard und Lefèvre[1] gezeigt.

Sei nun $\mu_{n,a} = \mathbb{E}[T]$. Wenn man $\phi_{n,a}(s, \theta)$ nach s differenziert und $s = 1, \theta = 0$ aus dem oben genannten Grund setzt, erhält man unter Verwendung der Differenzierungseigenschaft der Gontcharoff-Polynome (vgl. 3.1)

$$\begin{aligned}\mu_{n,a} &= \#Kranke \\ &= \#Susceptibles - \#Gesundgebliebene \\ &= n - \sum_{i=1}^n \frac{n!}{(n-i)!} q_i^{n+a-i} \alpha_i,\end{aligned}$$

wobei

$$q_i = \phi(\lambda_L i), \quad \alpha_i = G_{i-1}(1|V) \text{ und } V = \{v_i\} \text{ mit } v_i = \phi(\lambda_L(i+1)) = q_{i+1} \quad (i = 0, 1, \dots).$$

Diese q_i 's beschreiben die Wahrscheinlichkeit, dass in einer Gruppe von i Anfälligen und einem Infektiösen alle i anfälligen Individuen gesund bleiben („escape probability“). Aus der Definition folgt unmittelbar, dass $q_i \geq q_{i+1} \quad \forall i \geq 0$.

3.2.2 Erweiterung auf zwei Ebenen

Jetzt erweitern wir unser Modell so, dass ein anfälliges Individuum auch von außerhalb der eigenen Population angesteckt werden kann (globaler Einfluss).

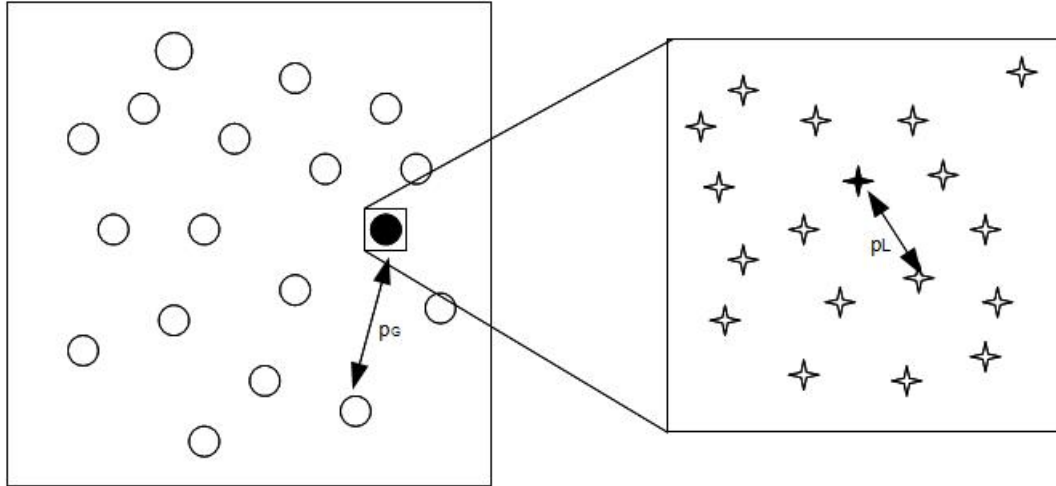


Abbildung 2: Beschreibung d. Modells

Addy, Longini und Haber[2] haben 1991 gezeigt, dass dieses erweiterte Modell die gleiche Verteilung aufweist wie das obige, wobei man $1 - \pi = P(\text{Ansteckung von Außen})$ definiert.

Durch diesen zusätzlichen Einfluss, welcher im Folgenden durch die Zufallsvariable Y beschrieben wird, werden in unserem neuen Modell die Startgrößen a bzw n so verändert, dass die Anzahl der Infektiösen zu Beginn durch $a + Y$ und die Anzahl der Anfälligen zu Beginn durch $n - Y$ beschrieben werden. Dabei gilt $Y \sim \text{Bin}(n, 1 - \pi)$.

Sei $\tilde{\phi}_{n,a}(s, \theta) = \mathbb{E}[s^{n-T} \exp(-\theta T_A)]$, $\theta \geq 0$ aus den gleichen Gründen wie beim einfachen Modell. Verwendet man dies, erhält man für das erweiterte Modell

$$\tilde{\phi}_{n,a}(s, \theta) = \sum_{k=0}^n \binom{n}{k} \pi^k (1 - \pi)^{n-k} \sum_{i=0}^k \frac{k!}{(k-i)!} \phi(\theta + \lambda_L i)^{n+a-i} G_i(s|U),$$

wobei der Binomialterm die durch Y veränderten Anfälligen darstellt.

Mit ein wenig Algebra und der Vertauschung der Summen erhalten wir

$$\begin{aligned}
\tilde{\phi}_{n,a}(s, \theta) &= \sum_{k=0}^n \binom{n}{k} \pi^k (1-\pi)^{n-k} \sum_{i=0}^k \frac{k!}{(k-i)!} \phi(\theta + \lambda_L i)^{n+a-i} G_i(s|U) \\
&\stackrel{\text{Summen-}}{\text{Vertauschung}} \sum_{i=0}^n \phi(\theta + \lambda_L i)^{n+a-i} G_i(s|U) \sum_{k=i}^n \binom{n}{k} \pi^k (1-\pi)^{n-k} \frac{k!}{(k-i)!} \\
&= \sum_{i=0}^n \phi(\theta + \lambda_L i)^{n+a-i} G_i(s|U) \sum_{k=i}^n \frac{n!}{k!(n-k)!} \frac{k!}{(k-i)!} \pi^k (1-\pi)^{n-k} \\
&\stackrel{\text{Index-}}{\text{Shift}} \sum_{i=0}^n \phi(\theta + \lambda_L i)^{n+a-i} G_i(s|U) \sum_{j=0}^{n-i} \frac{n!}{(n-(j+i))!j!} \pi^{j+i} (1-\pi)^{n-(j+i)} \\
&\stackrel{\text{nahrhafte}}{\text{1}} \sum_{i=0}^n \phi(\theta + \lambda_L i)^{n+a-i} G_i(s|U) \pi^i \frac{n!}{(n-i)!} \underbrace{\sum_{j=0}^{n-i} \frac{(n-i)!}{((n-i)-j)!j!} \pi^j (1-\pi)^{(n-i)-j}}_{\substack{=1, \text{ da } \text{Bin}(n-i, \pi)}} \\
&= \sum_{i=0}^n \phi(\theta + \lambda_L i)^{n+a-i} G_i(s|U) \pi^i \frac{n!}{(n-i)!}.
\end{aligned}$$

Wie man sofort erkennt, unterscheidet sich dieser Ausdruck von (1) nur durch π^i . Analog zum Vorigen setzt man $\tilde{\mu}_{n,a} = \mathbb{E}[T]$ und infolgedessen erhält man

$$\tilde{\mu}_{n,a} = n - \sum_{i=1}^n \frac{n!}{(n-i)!} q_i^{n+a-i} \pi^i \alpha_i.$$

Dadurch kommen wir nun zum Ziel dieses Abschnitts, nämlich $P(T = k) =: \tilde{P}_k^n$ ($k = 0, \dots, n$) zu berechnen. Dazu setzen wir $\theta = 0$ und differenzieren $\tilde{\phi}_{n,a}(s, \theta)$ $(n-k)$ -mal nach s :

$$\tilde{P}_k^n = \frac{1}{(n-k)!} \sum_{i=n-k}^n \frac{n!}{(n-i)!} q_i^{n+a-i} \pi^i G_{i-n+k}(0|U_{n-k}), \quad k = 0, 1, \dots, n.$$

Addy, Hongini und Haber[2] fanden 1991 einen Weg diesen Ausdruck auch ohne Gontcharoff-Polynome zu schreiben. Außerdem zeigten sie, dass sich \tilde{P}_k^n auch durch folgende Gleichung und folglich rekursiv berechnen lässt:

$$\sum_{i=0}^k \frac{\binom{n-i}{k-i} \tilde{P}_i^n}{q_{n-k}^{a+1} \pi^{n-k}} = \binom{n}{k}, \quad k = 0, 1, \dots, n.$$

Damit ist das erste Ziel erreicht: Es gibt nun eine Möglichkeit, die Wahrscheinlichkeit zu berechnen, dass in Gruppen von n gesunden Individuen während der Epidemie k Individuen infiziert werden.

3.3 Erweiterte Betrachtung der Verzweigungsprozesse angewandt auf Haushaltsmodelle

Im Folgenden gelten die obigen Annahmen und es wird zusätzlich angenommen, dass die Anzahl der Gruppen m und somit auch die Gesamtpopulation N sehr groß ist. Die Gruppengröße M sei weiterhin konstant.

Falls zu Beginn der Epidemie (initial stages) gruppenübergreifende (d.h. globale) Infektionen stattfinden, ist die Wahrscheinlichkeit sehr groß, dass das infizierte Individuum in einer noch komplett gesunden Gruppe lebt (folgt intuitiv aus der Größe von m). Deshalb kann man zu diesen Zeitpunkten eine Kopplung zwischen epidemischen und Verzweigungsprozess anwenden, wobei die komplett gesunden Gruppen mit gesunden Individuen des 'gewöhnlichen' Verzweigungsprozesses gleichgesetzt werden.

Ziel: Wir wollen die Wahrscheinlichkeit berechnen, dass eine globale Epidemie überhaupt ausbricht, d.h. fast alle Gruppen im Laufe der Epidemie infiziert werden. Also wollen wir einen expliziten Ausdruck für $P(\text{globale Epidemie})$ berechnen.

Da wir sehr viele Gruppen betrachten, ist das (Zeit-)Intervall, auf dem die Kopplung von Verzweigungs- und epidemiologischen Prozess möglich ist, sehr groß, d.h. die erste „ghost“-Gruppe (siehe Vortrag A. Grandjean) tritt erst sehr spät auf.

Wie oben erwähnt, kann eine globale Epidemie nur ausbrechen, wenn der Verzweigungsprozess superkritisch ist. Als allererstes berechnen wir aus den vorherigen Formeln den Wert R_* , der folglich als ein *Schwellenwert* für eine multiple Epidemie angesehen werden kann.

Die Kontaktrate nach außen wird als eine Poisson-verteilte Zufallsvariable mit Parameter $\lambda_G T_A$ angenommen und durch Anwendung der Wald'schen Identität (siehe Vorträge S. Häberle und G. Ta) erhält man

$$\begin{aligned} R_* &= \lambda_G \mathbb{E}[T_A] \\ &= \lambda_G (1 + \mathbb{E}[T]) \mathbb{E}[T_j] \\ &= \lambda_G (1 + \mu_{M-1,1}) \mathbb{E}[T_j], \end{aligned}$$

wobei $\mu_{M-1,1} = \mathbb{E}[T]$ das Gleiche wie in 3.2.1 darstellt.

Die Wahrscheinlichkeit eines großen Ausbruchs hängt folglich u.a. davon ab, wieviele Individuen zu Beginn der Epidemie krank sind und aus welchen Gruppen diese stammen. Deshalb betrachtet man drei aufeinander aufbauende Schritte um $P(\text{globale Epidemie})$ zu erhalten:

Schritt 1:

Zunächst betrachten wir den Fall, dass genau eine Person in genau einer Gruppe anfänglich infiziert ist. Dann kann unter Betrachtung der Galton-Watson-Theorie die Wahrscheinlichkeit für eine globale Verbreitung mittels $P(\text{globale Epidemie}) = 1 - \tau_1$ aufstellen. Dabei ist τ_1 der kleinste Fixpunkt der Erzeugendenfunktion $f_R(s)$.

Im Folgenden betrachten wir mit $\psi_{M,a}(\theta) = \mathbb{E}[\exp(-\theta T_A)]$ die Laplace-Transformation von T_A . Für den Fall, dass mehr als ein Individuum infiziert ist, benötigen wir zunächst:

$$\begin{aligned} f_R(s) &= \mathbb{E}[s^R] \\ &= \mathbb{E}[\mathbb{E}[s^R | T_A]] && \text{(Turmeigenschaft bedingter Erwartungswerte)} \\ &= \mathbb{E}[\exp(-\lambda_G T_A (1-s))] && (T_A \text{ exponentialverteilt)} \\ &= \psi_{M-1,1}(\lambda_G (1-s)). \end{aligned}$$

Schritt 2:

Nun ist $1 - \tau_i$ ($i = 1, \dots, M$) die Wahrscheinlichkeit einer globale Epidemie bei i Infizierten zu Beginn ($\Rightarrow M - i$ Gesunde). Alle Infizierten befinden sich in der selben Gruppe. Sei Z die Anzahl aller gruppenübergreifenden Infektionen, die von der infizierten Gruppe ausgehen ($\hat{=}$ Größe der ersten Generation im Galton-Watson-Prozess). Dann gilt für τ_i :

$$\begin{aligned} \tau_i &= \mathbb{E}[\tau_1^Z] \\ &= \mathbb{E}[\mathbb{E}[\tau_1^Z | T_A]] \\ &= \mathbb{E}[\exp(-\lambda_G T_A (1 - \tau_1))] \\ &= \psi_{M-i,i}(\lambda_G (1 - \tau_1)). \end{aligned}$$

Dies gilt aus den gleichen Gründen wie im Fall $a = 1$ und $\psi_{M-i,i}$ lässt sich auf $\psi_{M-1,1}$ in Schritt 1 zurückführen.

Schritt 3:

Als letztes werden die i infizierten Individuen in a_i Gruppen aufgeteilt, wobei a_i die Anzahl der Gruppen ist, in denen genau i Infizierte sind. Aufgrund der Verteilungseigenschaften von Verzweigungsprozessen (siehe Vortrag L. Beggel) betrachtet man die Verzweigungsprozesse für jede Gruppe einzeln.

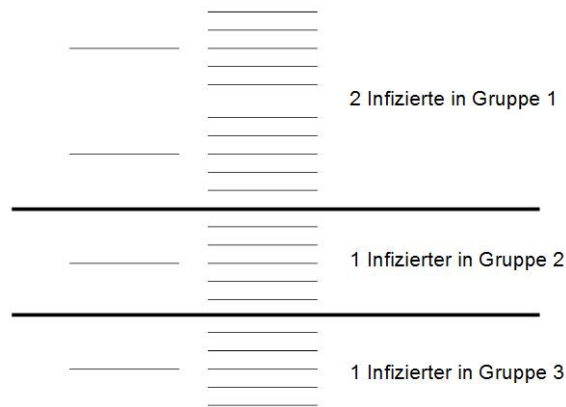


Abbildung 3: Trennung d. Verzweigungsprozesse

Durch die Trennung lässt sich die Berechnung auf Schritt 2 zurückführen:

$$\begin{aligned} P(\text{globale Epidemie}) &= 1 - P(\text{keine globale Epidemie}) \\ &= 1 - P(\text{keine Gruppe verursacht eine globale Epidemie}) \\ &= 1 - (\tau_1^{a_1} \dots \tau_M^{a_M}) \\ &= 1 - \prod_{i=1}^M \tau_i^{a_i} = 1 - \tau. \end{aligned}$$

Damit haben wir eine einfache Formel zur Berechnung der Ausbruchswahrscheinlichkeit einer globalen Epidemie gefunden. Die Größe $1 - \tau$ lässt sich folglich über die Schritte 1 und 2 auf R_* zurückführen.

4 Ausblick

Es wäre interessant zu sehen ob sich ein Modell finden lässt, das die Realität noch besser und exakter beschreibt, obwohl das Haushaltsmodell schon exaktere Formulierungen und Schlussfolgerung zulässt als die vorangegangenen Modelle. Ein Beispiel wäre die Betrachtung von mehr als zwei Ebenen (Differenzierung der Definition 'lokal') oder von nicht disjunkten Haushalten. Was würde passieren, wenn die Gruppen als nicht homogen angenommen werden, die Gruppengrößen nicht konstant oder die Kontakte bzw. Schwellenwerte anders verteilt sind?

5 Variablenliste

a	<i>Anzahl der zu Beginn der Epidemie infizierten Personen</i>
λ_G	<i>Parameter für Poisson-Prozess der globalen Kontakte</i>
λ_L	<i>Parameter für Poisson-Prozess der lokalen Kontakte</i>
m	<i>Anzahl der Gruppen in der betrachteten Population</i>
M	<i>Größe der Gruppen</i>
n	<i>Anzahl der zu Beginn der Epidemie anfälligen Personen</i>
N	<i>Größe der Gesamtpopulation</i>
p_G	<i>Wkt. einer globalen Ansteckung</i>
p_L	<i>Wkt. einer lokalen Ansteckung</i>
π	<i>Wkt. Ansteckung von außerhalb der Gruppe zu vermeiden</i>
π	<i>Wkt. Ansteckung von außerhalb der Gruppe zu vermeiden</i>
R	<i>Reproduktionsrate der Epidemie</i>
τ	<i>Aussterbewahrscheinlichkeit der Epidemie</i>
T_j	<i>Länge der infektiösen Phase des j-ten Individuums</i>
T_A	$\sum T_j$
T	<i>Anzahl der Personen, die sich im Verlauf d. Epidemie angesteckt haben</i>

6 Literaturliste

- [1] Lefèvre, C. and Picard, P., 1990, 'A non-standard family of polynomials and the final size distribution of the Reed-Frost epidemic processes'
- [2] Addy, C.L., Longini, I.M. and Haber M., 1991, 'A generalized stochastic model for the analysis of infectious disease final size data'
- [3] Ball, F.G., Mollison, D. and Scalia-Tomba, G., 1997, 'Epidemics with two levels of mixing'
- [4] Seminarvorträge von Ta, G., Beggel, L., Weinhold, L., Grandjean, A. und Häberle, S.