

Seminar Stochastische Epidemiologie
Sommersemester 2011
Das Standard-SIR-Modell

G. Ta

7. Mai 2011

1 Einführung

1.1 Wichtige Begriffe kurz erläutert

1.1.1 Stochastischer Prozess

Ein stochastischer Prozess ist eine Folge von Zufallsvariablen, die durch die Funktion $X(t)$ mit $t \in T$, wobei $T \in \{\mathbf{N}_0, \mathbf{R}_+\}$ beschrieben wird. T ist also die Menge aller möglichen Zeitpunkte und wird als *Parameterraum* bezeichnet. Ist $T \in \mathbf{N}_0$, dann ist das System *diskret in Zeit* und falls $T \in \mathbf{R}_+$, dann ist das System *kontinuierlich in Zeit*.

Desweiteren gibt es einen *Zustandsraum* Z , der die Menge aller Zustände definiert, die das System annehmen kann, wobei sich dieses System zu einem Zeitpunkt nur genau in einem Zustand befinden kann. Wenn Z eine abzählbare Menge ist, dann bezeichnet man das System als *diskret in Raum*, sonst *kontinuierlich in Raum*.

Ist das System *diskret in Zeit* und *Raum*, so spricht man auch von einer *stochastischen Kette*.

1.1.2 Markow-Kette und Markow-Eigenschaft

Eine Markow-Kette ist ein spezieller *stochastischer Prozess*, den man mit *diskreten Zeitparametern* betrachtet und wo meistens der *Zustandsraum diskret* ist. Das Besondere an der Markow-Kette ist die Eigenschaft, dass die Werte an einem beliebig gemessenen Zeitpunkt t_j nur von den Werten in den Zeitpunkten t_j und t_{j+1} festgelegt sind und von den früheren Werten unabhängig sind. Der Zusammenhang, dass der zukünftige Zustand nur vom gegenwärtigen Zustand abhängt und nicht von früheren Zustände, nennt man *Markow-Eigenschaft*.

Eine Markow-Kette wird über *Anfangsverteilung*, *Übergangswahrscheinlichkeit* und *Zustandsraum* bestimmt. Eine Folge X_n heißt *Markow-Kette*, wenn sie die folgende Bedingung für die *Markow-Eigenschaft* erfüllt:

$$P(X_{n+1} = k | X_0 = e_0, X_1 = e_1, \dots, X_n = e_n) = P(X_{n+1} = k | X_n = e_n).$$

1.1.3 Poisson-Prozess

Eine Zufallsvariable X mit der Wahrscheinlichkeitsfunktion

$$P(X = k) = \frac{\lambda^k}{k!} e^{-\lambda}, \quad k = 0, 1, \dots$$

heißt *Poisson-verteilt* mit Parameter λ , wobei $\lambda > 0$ ist.

Der *Poisson-Prozess* ist ein stochastischer Prozess, mit dem man die Häufigkeit bestimmter Zufallsereignisse in einem bestimmten Zeitintervall ermitteln kann, wobei X_t die Anzahl der Ereignisse im Intervall $[0, t]$ ist. Man spricht von einem *Poisson-Prozess* mit der Intensität μ , wobei $\lambda = \mu t$ ist, wenn folgende Bedingungen erfüllt sind:

1. Wahrscheinlichkeit, dass im Intervall der Länge t eine bestimmte Anzahl von Ereignissen beobachtet wird, sei nur von der Länge und nicht von der Lage des Intervalls abhängig (*Stationarität*)
2. Die Anzahl von Ereignissen in disjunkte Zeitintervallen seien stochastisch unabhängig (*Homogenität*)
3. für hinreichend kleine Intervalle der Länge Δt gilt $X_{\Delta t} = 0$ oder $X_{\Delta t} = 1$ (*Ordinarität*):

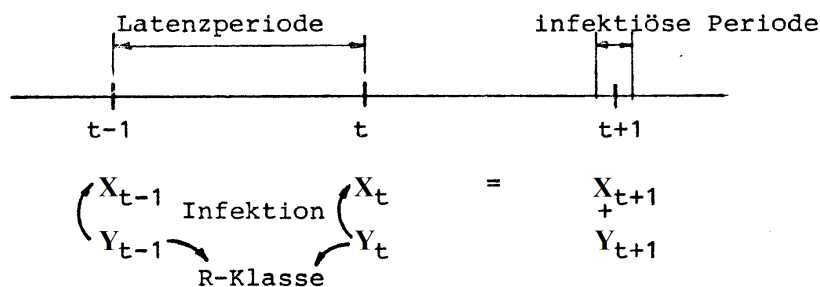
$$P(X_{\Delta t} = 1) \approx \mu \Delta t, \quad \mu > 0$$

dann gilt:

$$P(X_t = k) = \frac{\mu t^k}{k!} e^{-\mu t}, \quad k = 0, 1, \dots$$

1.2 Das Reed-Frost-Modell

Das Reed-Frost-Modell ist das einfachste stochastische, epidemische Modell, um Infektionskrankheiten zu beschreiben. Die Anwendung dieses Modells eignet sich besonders für kleine Populationen und wird auch als Ketten-Binomial-Modell bezeichnet.



Seien X_t, Y_t, R_t Zufallsvariablen zum Zeitpunkt t , mit $t = 0, 1, 2, \dots$ und X_t die Anzahl der anfälligen Personen, die zum Zeitpunkt $(t - 1)$ infiziert wurden und zum Zeitpunkt t infektiös werden, dann wird (s_t, i_t) als *Zustand* zum Zeitpunkt t mit $X_t = s_t$ und $Y_t = i_t$ definiert. Y_t ist die Anzahl der infektiösen Individuen zum Zeitpunkt t und $R(t) = r_t$ ist die Anzahl der Individuen, von denen keine Infektion mehr ausgeht nachdem sie immun oder gestorben sind. Es gilt $s_t + i_t + r_t = N$, wobei N die Gesamtzahl der Population ist.

Nun berechnen wir die Wahrscheinlichkeit für den Übergang von t in $t + 1$, d.h. $X_{t+1} = s_{t+1}$ und $Y_{t+1} = i_{t+1}$, wobei $s_{t+1} = s_t - i$ und $i_{t+1} = i$ ist.

Die Wahrscheinlichkeit zum Zeitpunkt t , dass ein infiziertes Individuum I' während der Infektionsphase die Infektion auf ein bestimmtes anfälliges Individuum S' überträgt ist p und die Wahrscheinlichkeit, dass keine Infektion stattfindet, ist $q = 1 - p$.

Mit der Wahrscheinlichkeit

$$Q_t = (1 - p)^{i_t} = q^{i_t}$$

wird S' von keinem der Infizierten I' infiziert. Damit die Epidemie beendet ist, darf keine Infektion an ein anfälliges Individuum erfolgen. Die Wahrscheinlichkeit, dass es also zum Zeitpunkt $t + 1$ keine I-Individuen gibt, ist durch

$$P(X_{t+1} = s_t, Y_{t+1} = 0 | s_t, i_t) = Q_t^{s_t}$$

gegeben. Die Wahrscheinlichkeit, dass es zum Zeitpunkt $t + 1$ genau ein I-Individuum gibt, ist

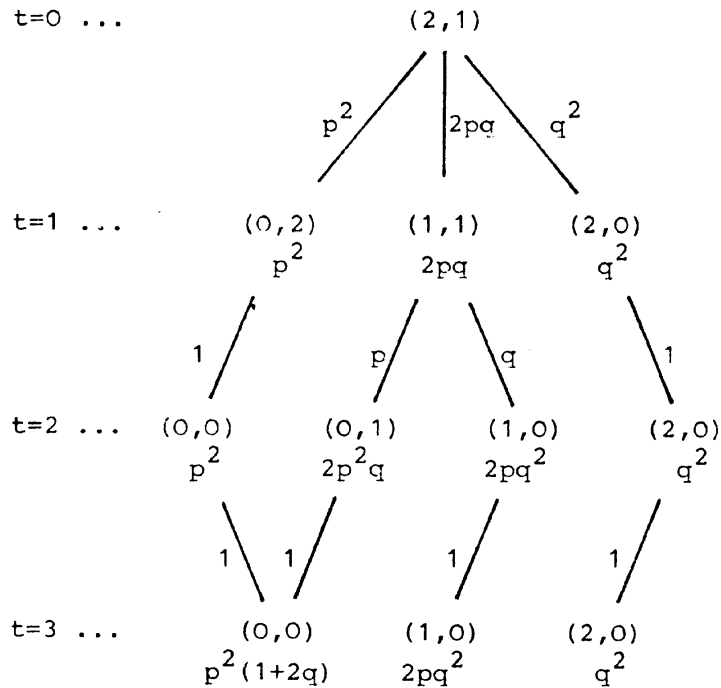
$$P(X_{t+1} = s_t - 1, Y_{t+1} = 1 | s_t, i_t) = \binom{s_t}{1} Q_t^{s_t-1} (1 - Q_t)$$

und allgemein gilt, dass es zum Zeitpunkt $t + 1$ genau i infizierte Personen gibt

$$P(X_{t+1} = s_t - i, Y_{t+1} = i | s_t, i_t) = \binom{s_t}{i} Q_t^{s_t-i} (1 - Q_t)^i.$$

Wenn (s_t, i_t) zum Zeitpunkt t bekannt ist, kann man also mit dieser Formel die Wahrscheinlichkeit für die Übergänge aller möglichen Folgezustände (s_{t+1}, i_{t+1}) zum Zeitpunkt $t + 1$ berechnet werden. Desweiteren kann man bei gegebenem Anfangszustand (s_0, i_0) die Wahrscheinlichkeiten von $P(s_t, i_t)$ für alle möglichen Zustände (s_t, i_t) für $t = 1, 2, \dots, k$ berechnen. Die Epidemie endet nach dem Zeitpunkt r , wenn $X_{r+1} = s_r$ gilt, d.h. nach spätestens $s_0 + 1$ Perioden gibt es keine infizierten Personen mehr.

Beispiel mit $s_0 = 2, i_0 = 1$:



Der Zustand $(0,0)$ beim Zeitpunkt $t = 3$ geht von $t = 2$ entweder von $(0,0)$ oder $(0,1)$ hervor, d.h die Wahrscheinlichkeit bleibt von $P(s_2 = 0, i_2 = 0)$ erhalten oder es findet ein Übergang von $(0,1)$ nach $(0,0)$ statt. Also folgt

$$\begin{aligned}
 P(s_3 = 0, i_3 = 0) &= P(s_3 = 0, i_3 = 0 | s_2 = 0, i_2 = 0)P(s_2 = 0, i_2 = 0) \\
 &+ P(s_3 = 0, i_3 = 0 | s_2 = 0, i_2 = 1) \\
 &= 1p^2 + 2p^2q.
 \end{aligned}$$

Um die Wahrscheinlichkeit einer bestimmten Kette, z.B. $(2,1) \rightarrow (1,1) \rightarrow (0,1)$ zu berechnen multipliziert man einfach die Übergangswahrscheinlichkeiten der Zustände, also im Beispiel

$$2pq \times p = 2p^2q.$$

Zusammenfassung:

Das Reed-Frost-Modell ist ein stochastisches, epidemisches Modell zur Beschreibung von Infektionskrankheiten und ist ein Spezialfall des SIR-Modells. Es eignet sich eher für kleine Populationen, da es kompliziert wird die Wahrscheinlichkeiten für große Populationen zu berechnen.

2 Das Standard-SIR-Modell

Das Standard-SIR-Modell ist ein grundlegendes, einfaches Modell um die Ausbreitung einer Infektionskrankheit in einer Population zu beschreiben. Dabei nehmen wir an, dass die Population geschlossen und homogen ist. Desweiteren werden Auswirkungen der Inkubationszeit, Veränderung des Krankheitsbildes, verschiedene Infektiosität und vorübergehende oder partielle Immunität nicht beachtet.

Das S steht für *susceptible* (=anfällig, empfänglich), das I für *infective* (=infektiös) und das R für *removed* (=immun, gestorben).

2.1 Definition des Modells

Wir nehmen an, dass es zu Beginn m infizierte Personen und n anfällige Personen gibt. Die Infektionsphasen I aller Individuen sind unabhängig und identisch verteilt, wobei der Erwartungswert ι und die Varianz σ^2 ist. Der Kontakt eines konkreten Infizierten zu einem bestimmten Individuum erfolgt zu den Zeitpunkten eines *homogenen Poisson-Prozesses* mit der Intensität λ/n . Dieser epidemologische Prozess bezeichnen wir mit $E_{n,m}(\lambda, I)$. Sobald die Infektionsphase eines Individuums beendet ist, wird es als *immun* betrachtet und spielt keine Rolle mehr beim weiteren Verlauf der Epidemie. Wenn es keine Infizierten mehr gibt, dann endet die Epidemie.

Die Basisreproduktionszahl R_0 ist eine weitere wichtige Kenngröße und gibt den Erwartungswert der erwarteten Anzahl von Infektionen an, die durch einen Infektiösen verursacht wird. Hier ist $R_0 = \iota\lambda$, wobei ι die durchschnittliche Länge der Infektionsphase ist und λ die Rate eines Infizierten, der während der Infektionsphase Kontakt zu einer anfälligen Person hat. Desweiteren definiert Z die Gesamtanzahl der anfälligen Personen, die während der Epidemie infiziert wurden.

2.2 Sellke-Konstruktion

Die Sellke-Konstruktion ist eine alternative Darstellung des Standard-SIR-Modells. Wir beobachten die Gesamtzahl des 'Infektionsdrucks', der von den Infizierten erzeugt wird. Jedes anfällige Individuum besitzt einen kritischen Belastungswert durch die Aussetzung der Infektion. Sobald der Infektionsdruck diese Schwelle erreicht, wird die Person angesteckt. Diese Schwelle bezeichnen wir als Grenzwert des Individuums.

Seien $-(m-1), -(m-2), \dots, 0$ die infizierten Personen und $1, 2, \dots, n$ die Anzahl der anfälligen Personen zu Beginn und $I_{-(m-1)}, I_{-(m-2)}, \dots, I_n$ die unabhängigen Infektionsphasen der Infizierten. Ferner seien Q_1, Q_2, \dots, Q_n die individuelle Schwellenwerte, die identisch und unabhängig exponential mit $E(Q_1) = 1$ verteilt sind.

Die Anzahl der infizierten Personen zum Zeitpunkt t ist $Y(t)$ und sei

$$A(t) = \frac{\lambda}{n} \int_0^t Y(u) du$$

der *Infektionsdruck*, der auf anfällige Personen zum Zeitpunkt t ausgeübt wird. Die i -te Person infiziert sich, wenn $A(t) = Q_i$ für $i = 1, 2, \dots, n$. Die j -te anfällige Person bleibt für die Zeit I_j infektiös und ist danach geheilt und immun oder gestorben. Das Ende der Epidemie tritt ein, wenn es keine infizierten Personen mehr gibt. Die Steigung von $A(t)$ ist proportional zu der Anzahl der Infektionsphasen zum Zeitpunkt t , d.h. proportional zu der Anzahl der Infizierten zum Zeitpunkt t .

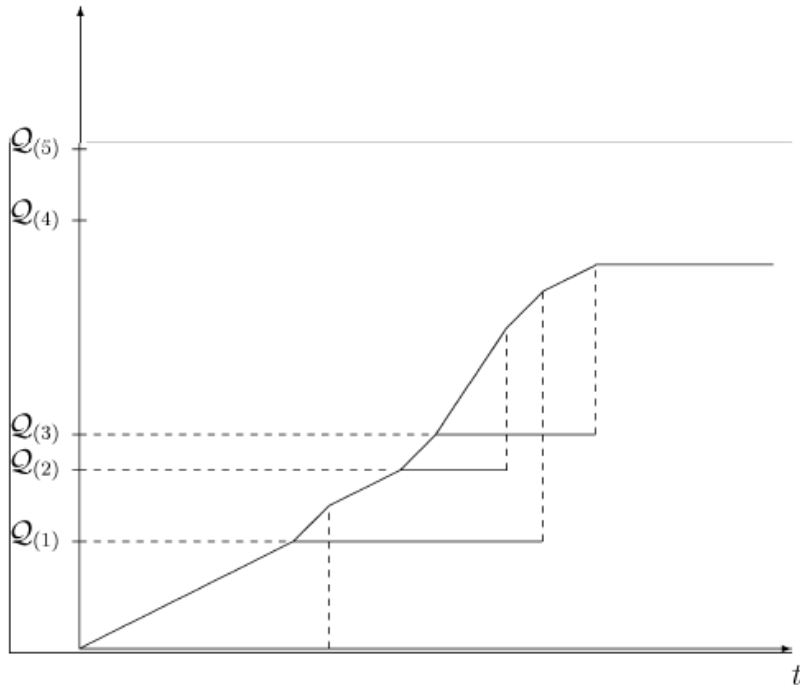


Abbildung 1: Auf der Y-Achse sind die Schwellenwerte der Größe nach sortiert und auf der X-Achse ist die Zeit t . $A(t)$, also der Infektionsdruck wird hier für $m = 1$ dargestellt. Die horizontale Linien sind die Länge in t der ansteckenden Periode der Individuen. Man beachte, dass der Infektionsdruck den Schwellenwert $Q_{(4)}$ nicht erreicht, sodass sich die Gesamtzahl der Infizierten Z sich auf 3 beschränkt.

Weshalb ist diese Konstruktion ein SIR-Modell?

Die Wahrscheinlichkeit, dass sich die anfällige Person i zum Zeitpunkt t während dem Intervall $(t, t + \Delta t)$ ansteckt, ist

$$\lambda y \Delta t / n + o(\Delta t).$$

Es gilt

$$P(Q_i \leq A(t + \Delta t) | Q_i > A(t)) = 1 - P(Q_i > A(t + \Delta t) - A(t)) \quad (1)$$

$$= 1 - e^{-[A(t + \Delta t) - A(t)]} \quad (2)$$

$$= 1 - \exp\left(-\frac{\lambda}{n} \Delta t + o(\Delta t)\right) \quad (3)$$

$$= 1 - (1 - \lambda y \Delta t / n + o(\Delta t)) \quad (4)$$

$$= \lambda y \Delta t / n + o(\Delta t). \quad (5)$$

Bei (1) wird die Gedächtnislosigkeit der Zufallsvariable $Q_i \sim \text{Exp}(1)$ ausgenutzt

$$P(Q > b | Q > a) = P(Q > b - a), \quad b > a$$

und (3) bekommen wir durch

$$A(t + \Delta t) - A(t) = \frac{\lambda}{n} \left[\int_0^{t+\Delta t} Y(u) du - \int_0^t Y(u) du \right] = \frac{\lambda}{n} \int_t^{t+\Delta t} Y(u) du.$$

Durch die *Markow-Eigenschaft* und da keine neue Infektionen in kurzer Zeit stattfinden kann, ist $Y(u) = y$ im Intervall $(t, t + \Delta t)$ und es folgt

$$\frac{\lambda}{n} \int_0^{\Delta t} Y(u) du = \frac{\lambda}{n} y \Delta t + o(\Delta t).$$

(3) \rightarrow (4), da $\exp(x) \approx 1 + x$, für $x \approx 0$.

2.3 Markow-Darstellung

Betrachtet man den Markow-Prozess $(X, Y) = \{(X(t), Y(t)) | t \geq 0\}$, seien $X(t)$ und $Y(t)$ die Anzahl der anfälligen bzw. infizierten Personen zum Zeitpunkt t und seien die Infektionsperioden $I \sim \text{Exp}(\gamma)$ verteilt, dann erhalten wir die folgende Übergangstabelle:

| von | in | mit Rate |
|----------|------------------|-------------------|
| (i, j) | $(i - 1, j + 1)$ | $\lambda i j / n$ |
| | $(i, j - 1)$ | γj |

wobei n die Anzahl der anfälligen Personen zu Beginn der Epidemie ist, γ der Parameter der Exponentialverteilung von I und λ ist die Rate, mit der ein Infizierter Kontakt zu anderen Individuen hat. Dieses Modell wird auch als *allgemeines stochastisches Modell* bezeichnet.

2.4 Exakte Berechnung

Sei P_k^n die Wahrscheinlichkeit, dass k der zu Beginn anfälligen Personen am Ende infiziert wurden. Betrachten wir das Standard-SIR-Modell $E_{n,m}(\lambda, I)$, sei Z die Endgröße der Epidemie und $A = A(\infty) = \frac{\lambda}{n} \int_0^\infty Y(u) du$ der gesamtener 'infection pressure'. Mithilfe der *Sellke-Konstruktion* lassen sich Z und A wie folgt darstellen, um den Zusammenhang zu sehen:

$$Z = \min\{i : Q_{(i+1)} > \frac{\lambda}{n} \sum_{j=-(m-1)}^i I_j\}$$

wobei $Q_{(1)}, Q_{(2)}, \dots, Q_{(n)}$ die Rangstatistik von Q_1, Q_2, \dots, Q_n ist und

$$A = \frac{\lambda}{n} \sum_{j=-(m-1)}^Z I_j,$$

wobei das nur eine andere Schreibweise für $A(\infty)$ ist, da wir alle auftretenden Infektionsphasen summieren.

Das Ziel ist es nun, P_k^n zu berechnen.

Hilfsmittel: *Waldsche Identität*

$$E[e^{-\theta A} / \phi(\lambda\theta/n)^{Z+m}] = 1, \quad \theta \geq 0,$$

wobei $\phi(\theta) = E[\exp(-\theta I)]$ die Laplace Transformation von I ist.

Beweis:

$$\begin{aligned} \phi(\lambda\theta/n)^{n+m} &= \left(E \left[\exp\left(-\frac{\lambda}{n}\theta I\right) \right] \right)^{n+m} \\ &= E \left[\exp\left(-\frac{\lambda}{n}\theta I_{-(m-1)}\right) \right] \times \cdots \times E \left[\exp\left(-\frac{\lambda}{n}\theta I_n\right) \right] \\ &= E \left[\exp\left(-\frac{\lambda}{n}\theta I_{-(m-1)}\right) \times \cdots \times \exp\left(-\frac{\lambda}{n}\theta I_n\right) \right] \\ &= E \left[\exp\left(\sum_{j=-(m-1)}^n -\frac{\lambda}{n}\theta I_j \right) \right] = E \left[\exp\left(-\frac{\lambda}{n}\theta \sum_{j=-(m-1)}^n I_j\right) \right] \\ &= E \left[\exp\left(-\frac{\lambda}{n}\theta \left(\sum_{j=-(m-1)}^Z I_j + \sum_{j=Z+1}^n I_j \right) \right) \right] \\ &= E \left[\exp\left(-\theta \left(A + \frac{\lambda}{n} \sum_{j=Z+1}^n I_j \right) \right) \right] = E \left[\exp(-\theta A) \exp\left(-\theta \frac{\lambda}{n} \sum_{j=Z+1}^n I_j\right) \right] \\ &= E \left[\exp(-\theta A) E \left[\exp\left(-\theta \frac{\lambda}{n} \sum_{j=Z+1}^n I_j\right) \right] \right] = E \left[\exp(-\theta A) (\phi(\lambda\theta/n))^{n-Z} \right] \end{aligned}$$

Alle Rechenschritte darf man machen, da alle I_j unabhängig und identisch verteilt sind, für $j \geq Z + 1$ sind die I_j unabhängig von A und Z . Daraus folgt nun

$$\begin{aligned}\phi(\lambda\theta/n)^{n+m} &= E \left[\frac{\exp(-\theta A) (\phi(\lambda\theta/n))^{n-Z} \phi(\frac{\lambda\theta}{n})^{Z+m}}{\phi(\frac{\lambda\theta}{n})^{Z+m}} \right] \\ &= E \left[\frac{\exp(-\theta A) \phi(\frac{\lambda\theta}{n})^{n+m}}{\phi(\frac{\lambda\theta}{n})^{Z+m}} \right] \\ &= \phi(\frac{\lambda\theta}{n})^{n+m} E \left[\frac{\exp(-\theta A)}{\phi(\frac{\lambda\theta}{n})^{Z+m}} \right].\end{aligned}$$

Wir dürfen $\phi(\frac{\lambda\theta}{n})^{n+m}$ vorziehen, weil es hier eine Konstante ist. Dividieren wir nun auf beiden Seiten durch $\phi(\frac{\lambda\theta}{n})^{n+m}$, liefert uns das die Behauptung

$$1 = E \left[\frac{\exp(-\theta A)}{\phi(\frac{\lambda\theta}{n})^{Z+m}} \right]$$

q.e.d

Jetzt sind wir in der Lage $P^n = (P_0^n, \dots, P_n^n)$ berechnen, wobei P_k^n die Wahrscheinlichkeit ist, dass k der n zu Beginn anfälligen Personen letztendlich infiziert wurden.

Sei \mathbf{K} die Menge $\{1, 2, \dots, k\}$ für jedes $k \geq 1$ und $\mathbf{0}$ die leere Menge. Wir erinnern uns, dass die anfälligen Personen zu Beginn der Epidemie mit $1, 2, \dots, n$ bezeichnet werden. P_k^n ist die Wahrscheinlichkeit, dass k Anfälle während der Epidemie infiziert wurden und $P_{\mathbf{K}}^n$ ist die Wahrscheinlichkeit, dass genau die Menge \mathbf{K} infiziert wurde. Wir erhalten somit

$$P_k^n = \binom{n}{k} P_{\mathbf{K}}^n \quad , \quad P_k^l = \binom{l}{k} P_{\mathbf{K}}^l.$$

Für ein festes k wählen wir nun ein l , so dass $0 \leq k \leq l \leq n$ gilt und $\mathbf{K} \subseteq \mathbf{L} \subseteq \mathbf{N}$ impliziert.

Das Ereignis, dass eine Epidemie in \mathbf{N} genau die Menge \mathbf{K} ansteckt, ist das selbe Ereignis, dass eine Subepidemie in \mathbf{L} genau die Menge \mathbf{K} ansteckt. Diese infizierten k Personen und die m anfänglich Infizierten haben also keine Person aus $\mathbf{N} \setminus \mathbf{L}$ angesteckt. Sei $A^l = a$ der Infektionsdruck, der von der Subepidemie erzeugt wird und aus der *Sellke-Konstruktion* ist bekannt, dass die Wahrscheinlichkeit nicht infiziert zu werden

$$P(Q_i > a) = \exp(-a)$$

ist, da die Q_i unabhängig, identisch und exponential mit $E(Q_i) = 1$ verteilt sind.

Es folgt somit

$$P_{\mathbf{K}}^n = P_{\mathbf{K}}^l E[\exp(-A^l(n-l)) | Z^l = k],$$

wobei Z^l die Endgröße der Subepidemie in \mathbf{L} ist. Durch Umstellung von

$$\frac{P_k^n}{\binom{n}{k}} = P_{\mathbf{K}}^n \quad \text{bzw.} \quad \frac{P_k^l}{\binom{l}{k}} = P_{\mathbf{K}}^l$$

und Einsetzen erhalten wir

$$\frac{\binom{l}{k} P_k^n}{\binom{n}{k}} = P_k^l E[\exp(-A^l(n-l)) | Z^l = k]. \quad (1)$$

Jetzt wenden wir die *Waldsche Identität* auf die Subepidemie mit $\theta = n-l$ an, um

$$E[e^{-A(n-l)} / \phi(\lambda(n-l)/n)^{Z^l+m}] = 1$$

zu erhalten und sei $B := [e^{-A(n-l)} / \phi(\lambda(n-l)/n)^{Z^l+m}]$, dann gilt

$$\begin{aligned} E(B) &= E(E(B|Z)) \\ &= \sum_{k=0}^l E(B|Z=k) P(Z=k). \end{aligned}$$

Unter der Bedingung der Endgröße Z^l folgt somit

$$\sum_{k=0}^l \frac{P_k^n E(\exp(-A^l(n-l)) | Z^l = k)}{[\phi(\lambda(n-l)/n)]^{k+m}} = 1, \quad (2)$$

Aus (1) und (2) folgt

$$\sum_{k=0}^l \frac{\binom{l}{k} P_k^n}{\binom{n}{k} [\phi(\lambda(n-l)/n)]^{k+m}} = 1. \quad (3)$$

Jetzt schreiben wir noch $\binom{l}{k} / \binom{n}{k}$ um

$$\begin{aligned} \frac{\binom{l}{k}}{\binom{n}{k}} &= \frac{\frac{l!}{k!(l-k)!}}{\frac{n!}{k!(n-k)!}} = \frac{l!}{k!(l-k)!} \frac{k!(n-k)!}{n!} \\ &= \frac{l!}{k!(l-k)!} \frac{k!(n-k)!}{n!} \frac{(n-l)!}{(n-l)!} \\ &= \frac{(n-k)!}{(l-k)!(n-k-(l-k))!} \frac{l!(n-l)!}{n!} \\ &= \frac{(n-k)!}{(l-k)!(n-k-(l-k))!} \cdot \frac{n!}{l!(n-l)!} \\ &= \frac{\binom{n-k}{l-k}}{\binom{n}{l}} \end{aligned}$$

Als Lösung erhält man dann in (3) eingesetzt und mit $\binom{n}{l}$ multipliziert:

$$\sum_{k=0}^l \frac{\binom{n-k}{l-k} P_k^n}{[\phi(\lambda(n-l)/n)]^{k+m}} = \binom{n}{l}, \quad 0 \leq l \leq n.$$

Mit dieser Formel können wir nun die Wahrscheinlichkeiten für die Endgrößen der Epidemie *rekursiv* berechnet werden.

Beispiel:

Sei die Anzahl der anfälligen Personen $n = 10$, die Anzahl der Infizierten $m = 1$ und die Rate $\lambda = 2$ zu Beginn einer Epidemie gegeben. Nun sei die Infektionphase $I \sim Exp(1)$. Wir wollen nun P_0^{10} und P_1^{10} mit der Formel von oben bestimmen.

Zunächst bestimmen wir P_0^n , also sei $l = 0$

$$\begin{aligned} \sum_{k=0}^0 \frac{\binom{10-k}{0-k} P_k^{10}}{[\phi(2(10-0)/10)]^{k+1}} &= \binom{10}{0} \\ \frac{P_0^{10}}{[\phi(2)]} &= \binom{10}{0} \\ P_0^{10} &= [\phi(2)] \end{aligned}$$

wobei $\phi(2)$ die Laplacetransformation von I an der Stelle 2 ist. Die Laplacetransformation von I lautet hier für ein $\theta \geq 0$

$$\begin{aligned} \phi(\theta) &= \int_0^\infty e^{-\theta x} f(x) dx \\ &= \int_0^\infty e^{-\theta x} \lambda e^{-\lambda x} dx \\ &= \int_0^\infty \lambda e^{-(\theta+\lambda)x} dx \\ &= \frac{\lambda}{\theta + \lambda} \underbrace{\int_0^\infty (\theta + \lambda) e^{-(\theta+\lambda)x} dx}_{=1} \\ &= \frac{\lambda}{\theta + \lambda} \stackrel{\lambda=1}{=} \frac{1}{\theta + 1}. \end{aligned}$$

Damit ist $P_0^{10} = \phi(2) = \frac{1}{3}$.

Für P_1^{10} gilt nun

$$\begin{aligned} \sum_{k=0}^1 \frac{\binom{10-k}{1-k} P_k^{10}}{[\phi(2(10-1)/10)]^{k+1}} &= \binom{10}{1} \\ &= [\dots] \\ P_1^{10} &\stackrel{Maple}{\approx} 11.458 \quad . \end{aligned}$$

3 Ausblick

Die Voraussetzungen für das Standard-SIR-Modell entsprechen offenbar nicht der Realität. Was wäre, wenn die Annahme dass ein Individuum nach der Infektion nicht wieder anfällig wird, falsch ist? In der Wirklichkeit leidet ein Individuum öfters an der selben Infektionskrankheit. Wie wirkt sich diese Änderung auf dieses Modell aus?

Literatur

- [1] H.Andersson, T.Britton, *Stochastic Epidemic Models and Their Statistical Analysis*. LNS, Springer, 2000.
- [2] Christian Siegel, *Facharbeit: Markow-Ketten*, <http://www.siegel-christian.de/seiten/facharbeit/markow.html>
- [3] Dana Uhlig, *Poisson Verteilung*, <http://www-user.tu-chemnitz.de/dana/lehre/ss08/fohlen/poisson.pdf>
- [4] Werner Timischl, *Modelle der mathematischen Epidemiologie*, <http://www.oemg.ac.at/DK/Didaktikhefte/1982%20Band%209/Timischl1982.pdf>