

Kritische Ausbruchgrößen infektiöser Krankheiten

Julia Krzykalla und Simon Fink

27. Mai 2011

Inhaltsverzeichnis

1	Einleitung	2
1.1	Motivation	2
1.2	Notation	2
1.3	SIR-Modell	2
2	Ausbruchgröße	3
2.1	Modell der unendlichen Bevölkerung	3
2.1.1	Wahrscheinlichkeiten für Infektion und Genesung . . .	3
2.1.2	Erwartungswerte für die Ausbruchgröße	4
2.1.3	Wahrscheinlichkeit, dass genau n Personen infiziert werden	4
2.2	Modell der endlichen Bevölkerung	7
2.2.1	Erwartungswert und Größenordnung der Ausbruchgröße	7
2.2.2	Verhalten für Ausbruchgrößen nahe Z_*	8
2.2.3	Größenordnung für die maximale Ausbruchgröße . . .	8
2.2.4	Betroffener Bevölkerungsanteil bei einem pandemischen Ausbruch	9
2.2.5	Bestätigung durch Monte-Carlo-Simulation	9
2.2.6	Allgemeines Verhalten für die Ausbruchgröße	10
2.2.7	Geltungsbereich der Skalengesetze	10
3	Dauer der Epidemie	11
3.1	Modell der unendlichen Bevölkerung	11
3.2	Modell der endlichen Bevölkerung	13
4	Ausblick	14
5	Literatur	14

1 Einleitung

1.1 Motivation

Für die Entwicklung jeder infektiösen Krankheit spielt der Schwellenwert α eine entscheidende Rolle. Als Schwellenwert bezeichnen wir diejenige Anzahl an Individuen, die ein Infizierter anstecken muss, damit die Krankheit mit gleicher Intensität fortbesteht, also eine bestimmte Infektionsrate. Bei Unterschreitung dieses Wertes wird der Ausbruch endemisch oder stirbt rasch aus, wird sie jedoch überschritten, besteht die Gefahr eines pandemischen Ausbruchs.

Ziel ist es nun, das Verhalten einer Krankheit nahe dieses Schwellenwertes zu untersuchen. Hierfür gehen wir davon aus, dass die Krankheit von einem einzelnen Infizierten in einer für die Krankheit anfälligen Bevölkerung ausgeht.

Als die zwei grundlegenden Größen für das Ausmaß einer Krankheit betrachten wir zum einen die Gesamtanzahl der von der Epidemie betroffenen Individuen, die so genannte Ausbruchgröße, und zum anderen die Gesamtdauer des Ausbruchs. Sie sind das Ergebnis eines stochastischen Prozesses und somit Zufallsvariablen. Genauer wollen wir Aussagen über ihre durchschnittliche Größe, also den Erwartungswert und den maximalen anzunehmenden Wert dieser beiden Zufallsvariablen treffen, abhängig von der Größe N der betroffenen Bevölkerung.

1.2 Notation

Im Verlauf unserer Überlegungen werden wir versuchen, für gewisse Merkmale einer Krankheit Größenordnungen anzugeben. Diese notieren wir in der Form $x \sim y$. Gemeint ist damit die O-Notation, also dass $x \in \mathcal{O}(y)$.

1.3 SIR-Modell

Ausgangspunkt für unsere Überlegungen bildet das SIR-Modell.

Demnach lässt sich eine Bevölkerung der Größe N in 3 Untergruppen aufteilen: die Gruppe der Personen unter Risiko, die Infizierten und die wieder Geheilten. Die Zugehörigkeit zu einer dieser Gruppen wechselt jedoch mit dem Fortschreiten der Epidemie, Gesunde werden neu infiziert bzw. bereits Infizierte werden geheilt.

Die Krankheitsübertragung von einem Infizierten auf einen Gesunden eignet sich mit einer Wahrscheinlichkeit von α/N , wobei α die Anzahl von Personen ist, die ein Infizierter in der Zeit seiner Krankheit durchschnittlich ansteckt. In einer Bevölkerung mit s Personen unter Risiko und i Infizierten geschieht das somit mit einer Rate von $\alpha si/N$. Auf der anderen Seite genesen Infizierte mit einer Rate von i , da jeder Einzelne mit der Rate 1 gesundet.

2 Ausbruchgröße

2.1 Modell der unendlichen Bevölkerung

2.1.1 Wahrscheinlichkeiten für Infektion und Genesung

Zu Beginn betrachten wir das Modell der unendlichen Bevölkerung.

In diesem Fall liegt die Schwelle bei $\alpha = 1$, denn steckt ein Infizierter im Durchschnitt mehr als eine Person an, bevor er wieder gesund wird bzw. stirbt ($\alpha > 1$), nimmt die Anzahl der Infizierten immer weiter zu und es kommt zu einer Epidemie. Liegt die Anzahl α allerdings unter 1, klingt die Krankheit langsam ab und stirbt aus.

Um nun Aussagen über die beiden gegenläufigen Prozesse der Infektion bzw. der Heilung treffen zu können, betrachten wir sie als zwei unabhängige Zufallsvariablen. Wir nehmen an, sie sind exponentialverteilt, das Infektionsergebnis X , mit dem Parameter α (der Infektionsrate), die Heilung Y mit dem Parameter $\beta = 1$. Die Wahrscheinlichkeit, dass eine infizierte Person eine weitere ansteckt, bzw. die Wahrscheinlichkeit, dass ein Infizierter gesundet entspricht also der Wahrscheinlichkeit, dass das Minimum der beiden Zufallsvariablen, also das zuerst eintretende Ereignis, gleich X (Infektion) bzw. Y (Heilung) ist. Somit gilt:

$$\begin{aligned}\mathbb{P}(\text{Infektion}) &= \mathbb{P}(\min\{X, Y\} = X) = \mathbb{P}(\min\{X, Y\} = X, Y > X) \\ &= \int \mathbb{P}(X = x, Y > x) \, dx = \int f_x(x) \underbrace{\mathbb{P}(Y > x)}_{1 - F_Y(x)} \, dx \\ &= \int \alpha e^{-\alpha x} e^{-x} \, dx = \int \alpha e^{-(\alpha+1)x} \, dx \\ &= \frac{\alpha}{\alpha + 1} \int (\alpha + 1) e^{-(\alpha+1)x} \, dx \\ &= \frac{\alpha}{\alpha + 1} \underbrace{\int f_{\min\{X, Y\}}(x) \, dx}_{=1} \\ &= \frac{\alpha}{\alpha + 1}\end{aligned}$$

Analog ergibt sich für die Heilung:

$$\mathbb{P}(\text{Heilung}) = \mathbb{P}(\min\{X, Y\} = Y) = \frac{1}{\alpha + 1}$$

2.1.2 Erwartungswerte für die Ausbruchgröße

Aus diesen Wahrscheinlichkeiten können wir nun eine Formel für die Ausbruchgröße aufstellen. Diese wird wiederum durch eine Zufallsvariable beschrieben, wir nennen sie Z . Für $\alpha = 1$ gilt:

$$\mathbb{E}Z = \frac{1}{\alpha + 1} + 2\frac{\alpha}{\alpha + 1}\mathbb{E}Z$$

Damit nämlich der Erwartungswert gleich bleibt, müssen auf einen Gesundungsvorgang zwei Infektionsvorgänge fallen.

Befinden wir uns hingegen unterhalb der Schwelle, ist also $\alpha < 1$, so wird im Laufe der Epidemie nur eine endliche Anzahl an Personen infiziert, der Erwartungswert für die Ausbruchgröße folgt direkt aus der oben hergeleiteten Formel durch Umstellen nach $\mathbb{E}Z$:

$$\begin{aligned}\mathbb{E}Z &= \frac{1}{\alpha + 1} + 2\frac{\alpha}{\alpha + 1}\mathbb{E}Z \\ \Leftrightarrow (1 + \alpha)\mathbb{E}Z &= 1 + 2\alpha\mathbb{E}Z \\ \Leftrightarrow (1 - \alpha)\mathbb{E}Z &= 1 \\ \Leftrightarrow \mathbb{E}Z &= \frac{1}{1 - \alpha}\end{aligned}$$

Für ein $\alpha > 1$ kommt es jedoch, wie vorher erwähnt, zu einem pandemischen Ausbruch, der einen bestimmten Anteil der Gesamtbevölkerung betrifft. Der Erwartungswert der Ausbruchgröße beträgt hier $\mathbb{E}Z = \rho N$, wobei $\rho \in \mathbb{Q} \cap (0, 1)$. Eine Größenordnung für diesen Anteil ρ werden wir später noch herleiten.

2.1.3 Wahrscheinlichkeit, dass genau n Personen infiziert werden

Betrachten wir wieder den Fall $\alpha = 1$. Unser nächstes Ziel ist es, eine Formel für die Wahrscheinlichkeit zu finden, dass die Ausbruchgröße genau den Wert n annimmt.

Zu Beginn der Epidemie ist bereits ein Individuum infiziert, für den Fall $n = 0$ gilt also: $G_0 = \mathbb{P}(Z = 0) = 0$.

Da ein Infizierter mit derselben Wahrscheinlichkeit eine weitere Person ansteckt, mit der er gesundet, erhalten wir: $G_1 = \mathbb{P}(Z = 1) = \frac{1}{2}$.

Die Wahrscheinlichkeiten für $n \geq 2$ definieren wir rekursiv. Dies spiegelt die Tatsache wider, dass aus der ersten Übertragung vom "Urinfizierten" auf eine Person der Bevölkerung zwei nahezu unabhängige Infektionsprozesse entstehen.

Damit die Epidemie insgesamt die Größe 2 hat, muss der Urinfizierte eine Person anstecken und dann beide, unabhängig voneinander gesunden, ohne

eine weitere Person anzustecken.

Mit A bezeichnen wir das Ereignis, dass der Urinfizierte nach der ersten Übertragung gesundet bevor er eine weitere Person anstecken kann (Größe der Teilepidemie: 1) und mit B das entsprechende Ereignis für den Neuinfizierten. Dann gilt für $n = 2$:

$$G_2 = \mathbb{P}(Z = 2) = \frac{1}{2} \underbrace{\mathbb{P}(\text{"A"})}_{\mathbb{P}(Z=1)} \underbrace{\mathbb{P}(\text{"B"})}_{\mathbb{P}(Z=1)} = \frac{1}{2} G_1 G_1$$

Für die allgemeine Formel werden also alle möglichen Kombinationen aufsummiert, wie sich die n Infizierten auf die beiden, sich unabhängig voneinander entwickelnden Infektionsprozesse, verteilen können, also die Wahrscheinlichkeit, dass sich aus dem Erstinfizierten genau m Infizierte ergeben mal der Wahrscheinlichkeit, dass der Zweitinfizierte nochmals $n - m$ Individuen ansteckt. Diese Summe wird schließlich noch mit der Anfangswahrscheinlichkeit multipliziert, dass der erste Infizierte überhaupt eine weitere Person ansteckt. Daraus ergibt sich folgende Rekursion:

$$G_n = \mathbb{P}(Z = n) = \frac{1}{2} \sum_{m=1}^{n-1} G_m G_{n-m}$$

Für die Erzeugendenfunktion dieser Wahrscheinlichkeiten gilt

$$f(z) = \sum_{n=0}^{\infty} \mathbb{P}(Z = n) z^n = \sum_{n \geq 1} G_n z^n = 1 - \sqrt{1 - z} \quad ,$$

wobei sich die letzte Gleichheit das Ergebnis der Potenzreihe ist. Der erste Summand der ersten Summe ist hier null, da es ohne einen ersten Infizierten keine Epidemie geben könnte.

Wir wollen nun eine Größenordnung für diese Wahrscheinlichkeiten finden. Dazu benötigen wir eine andere Darstellung von G_n , die wir mithilfe der Erzeugendenfunktion finden. Wenn man diese ableitet, erhält man

$$\begin{aligned} f^{(1)}(z) &= \sum_{n \geq 1} n G_n z^{n-1} \\ f^{(2)}(z) &= \sum_{n \geq 1} n(n-1) G_n z^{n-2} \\ &\vdots \\ f^{(k)}(z) &= \sum_{n \geq 1} \frac{n!}{(n-k)!} G_n z^{n-k} \end{aligned}$$

An der Stelle $z = 0$ bleibt lediglich der Summand mit $n = k$ übrig, alle anderen sind 0. Es gilt also

$$f^{(n)}(0) = n!G_n$$

und folglich

$$G_n = \frac{f^{(n)}(0)}{n!}$$

Als nächstes finden wir eine exakte Formel für die n -te Ableitung der Erzeugendenfunktion. Für die ersten vier Werte für n ergibt sich:

$$\begin{aligned} f(z) &= f^{(0)}(z) = 1 - \sqrt{1-z} \\ f^{(1)}(z) &= \frac{1}{2}(1-z)^{-\frac{1}{2}} \\ f^{(2)}(z) &= \frac{1}{2} \cdot \frac{1}{2}(1-z)^{-\frac{3}{2}} \\ f^{(3)}(z) &= \frac{1}{2} \cdot \frac{1}{2} \cdot \frac{3}{2}(1-z)^{-\frac{5}{2}} \\ f^{(4)}(z) &= \frac{1}{2} \cdot \frac{1}{2} \cdot \frac{3}{2} \cdot \frac{5}{2}(1-z)^{-\frac{7}{2}} \end{aligned}$$

An der Stelle $z = 0$ gilt also

$$f^{(n)}(0) = \frac{(2n-3)!!}{2^n}$$

wobei die doppelte Fakultät bedeutet, dass wir nur das Produkt über alle ungeraden Zahlen bilden. Diese kann man auf eine Formel mit einfachen Fakultäten zurückführen. Dazu werden folgende Beziehungen verwendet:

$$\begin{aligned} (2n)!! &= 2n \cdot 2(n-1) \cdot \dots \cdot 2 \cdot 1 = 2^n(n(n-1) \cdot \dots \cdot 1) = 2^n n! \\ (2n-1)!! &= \frac{(2n-1)!!(2n)!!}{(2n)!!} = \frac{(2n)!}{(2n)!!} = \frac{(2n)!}{2^n n!} \end{aligned}$$

Wenden wir dies nun auf unsere Formel für die n -te Ableitung der Erzeugendenfunktion an, so erhalten wir

$$\begin{aligned} f^{(n)}(0) &= \frac{(2n-3)!!}{2^n} = \frac{(2(n-1)-1)!!}{2^n} \\ &= \frac{(2(n-1))!}{2^{n-1}(n-1)!2^n} = \frac{(2(n-1))!}{2^{2n-1}(n-1)!} \end{aligned}$$

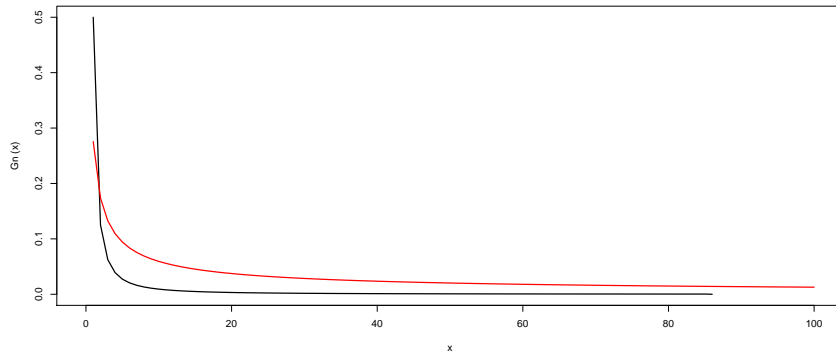
Eingesetzt in die Gleichung für G_n ergibt sich

$$\begin{aligned} G_n &= \frac{(2(n-1))!}{2^{2n-1}(n-1)!n!} \\ &\sim \frac{\sqrt{3}}{2\pi} n^{-\frac{3}{2}} \end{aligned}$$

$\frac{\sqrt{3}}{2\pi}$ ist eine Konstante und kann für die O-Notation vernachlässigt werden, da sie endlich ist. Man erhält schließlich die gesuchte Größenordnung für genügend große Ausbrüche $n \gg 1$, unser erstes Skalengesetz:

$$G_n \sim n^{-\frac{3}{2}} \quad (1)$$

Dass unser Skalengesetz eine gute Annäherung von oben darstellt, wird besonders im Schaubild deutlich:



2.2 Modell der endlichen Bevölkerung

2.2.1 Erwartungswert und Größenordnung der Ausbruchgröße

Nachdem wir für die eben hergeleiteten Formeln eine unendliche Bevölkerung vorausgesetzt hatten, betrachten wir nun das Verhalten der Zufallsvariablen in einer endlichen Bevölkerung. Hier gilt unter bestimmten Bedingungen immer noch die soeben hergeleitete Größenordnung von G_n , nämlich genau dann, wenn wir eine sehr große Bevölkerung betrachten und unsere Ausbruchgröße zwar wesentlich größer als 1 ist, jedoch ebenso die maximale Ausbruchgröße Z_* nicht übersteigt. Ein Überschreiten dieses Wertes Z_* ist nahezu unmöglich und somit $G_n = 0$ für $n > Z_*$. Für den Erwartungswert erhalten wir demnach

$$\mathbb{E}Z = \sum_{n=1}^{Z_*} nG_n$$

Um eine Größenordnung dieses Erwartungswerts zu bestimmen, schauen wir uns zunächst nur die einzelnen Summenglieder an. Für diese erhalten wir durch Umstellen der Größenordnung von G_n (1) die Größenordnung $nG_n \sim n^{-\frac{1}{2}}$.

Da wir für den Erwartungswert über sehr viele n summieren, entspricht die Summe in etwa dem Integral über die abgeleitete Größenordnung. Es gilt also:

$$\mathbb{E}Z = \sum_{n=1}^{Z_*} nG_n = \int_0^{Z_*} \frac{1}{\sqrt{n}} dn = 2\sqrt{Z_*} \sim Z_*^{\frac{1}{2}}$$

2.2.2 Verhalten für Ausbruchgrößen nahe Z_*

Da jeweils nur ein endlicher Anteil einer Bevölkerung jemals infiziert wird (also $Z_* \sim N$), könnte man daraus nun folgern, dass für den Erwartungswert der Ausbruchgröße gelte: $\mathbb{E}Z \sim N^{\frac{1}{2}}$. Dies ist aber nicht so, da sich die Infektionsrate mit zunehmender Anzahl der Infizierten verringert und letztlich gegen null strebt, wenn die Anzahl der Infizierten die Größenordnung Z_* erreicht. Nimmt man nämlich die Übertragungsrate vom Anfang zur Hand, ergibt sich bei $N - Z_*$ Personen unter Risiko eine totale Infektionsrate von $\frac{\alpha(N-Z_*)i}{N}$ und damit eine neue Infektionsrate von $\alpha_{\text{eff}} = 1 - \frac{Z_*}{N}$, denn

$$\frac{\alpha(N - Z_*)i}{N} = \alpha\left(1 - \frac{Z_*}{N}\right)i$$

Die Anzahl der Infizierten i kann man ohne Bedenken auf 1 setzen, da gemessen an der Gesamtdauer der Epidemie die Zeit, während der ein Individuum ein anderes anstecken kann, so kurz ist, dass man annehmen kann, dass immer nur eine einzelne Person gleichzeitig infektiös ist. Außerdem eliminieren wir das α , da mit Erreichen der maximalen Ausbruchgröße Z_* der ursprüngliche Infektionsprozess beendet ist. Einfaches Einsetzen

$$\frac{\alpha si}{N} = \frac{\alpha_{\text{eff}}(N - Z_*)i}{N - Z_*} = \alpha_{\text{eff}}$$

zeigt die Richtigkeit der Beziehung.

Die neue Infektionsrate ist nun kleiner 1, also wird die Epidemie an diesem Punkt endemisch. Diesen Effekt erhält man nur in einer endlichen Bevölkerung, da das Reservoir an Personen unter Risiko in einer unendlichen Bevölkerung nie ausgeschöpft ist.

2.2.3 Größenordnung für die maximale Ausbruchgröße

Den Erwartungswert der Ausbruchgröße in der endemischen Phase hatten wir bereits hergeleitet. Setzt man nun die neue Infektionsrate ein, erhält man:

$$\mathbb{E}Z = \frac{1}{1 - \alpha_{\text{eff}}}$$

und durch einfaches Umstellen der Formel für α_{eff} ergibt sich dafür die Größenordnung $\mathbb{E}Z \sim \frac{N}{Z_*}$.

Vergleicht man diese Größenordnung mit der von vorhin, erhält man unser nächstes Skalengesetz:

$$\begin{aligned} \mathbb{E}Z &\sim \frac{N}{Z_*} && \text{bzw.} && \mathbb{E}Z &\sim Z_*^{\frac{1}{2}} \\ &\Rightarrow && \frac{N}{Z_*} &= & Z_*^{\frac{1}{2}} \\ &\Leftrightarrow && N &= & Z_*^{\frac{3}{2}} \\ &\Leftrightarrow && Z_* &= & N^{\frac{2}{3}} \end{aligned} \tag{2}$$

2.2.4 Betroffener Bevölkerungsanteil bei einem pandemischen Ausbruch

Anhand dieses Ergebnisses kann man Schlüsse auf die Größenordnung des Bevölkerungsanteils bei einem pandemischen Ausbruch ziehen. Wie schon dargestellt lautet die Formel für den Erwartungswert eines solchen Ausbruchs $\mathbb{E}Z = \rho N$, wobei ρ eben diesen Bevölkerungsanteil beschreibt. Die Gleichsetzung dieses Erwartungswertes mit der maximalen Ausbruchgröße, dessen Skalengesetz (2) uns bereits bekannt ist, liefert

$$\begin{aligned} \mathbb{E}Z = \rho N &\approx Z_* \sim N^{\frac{2}{3}} \\ \Rightarrow \rho &\sim N^{-\frac{1}{3}} \end{aligned}$$

Anhand dieser Überlegung erhalten wir gleichzeitig ein Skalengesetz für den Erwartungswert der Ausbruchgröße:

$$\mathbb{E}Z \sim Z_*^{\frac{1}{2}} \sim (N^{\frac{2}{3}})^{\frac{1}{2}} = N^{\frac{1}{3}} \tag{3}$$

2.2.5 Bestätigung durch Monte-Carlo-Simulation

Die Autoren konnten das Ergebnis mit einer so genannten Monte-Carlo-Simulation bestätigen, bei denen am Computer mithilfe von Zufallszahlen-Generatoren synthetische Daten generiert werden. Auf diese Art und Weise lässt sich der gesamte Infektionsprozess simulieren, indem man die totale Wahrscheinlichkeit einer Infektion bzw. einer Heilung heranzieht. Bei einer Anzahl von s Personen unter Risiko geschieht eine Heilung mit einer totalen Wahrscheinlichkeit von $(1 + \frac{\alpha s}{N})^{-1}$, wobei wir wiederum annehmen, dass immer nur eine Person gleichzeitig infektiös ist. Im anderen Fall geschieht eine Infektion.

2.2.6 Allgemeines Verhalten für die Ausbruchgröße

Ein großer Vorteil unserer Ergebnisse ist, dass sie für jede Art von Epidemie herangezogen werden können, da sich die betrachteten Eigenschaften unabhängig von der Gesamtgröße der jeweiligen Population verhalten, somit lässt sich ohne Bedenken von der Beobachtung einer Stichprobe auf die Gesamtbevölkerung schließen. Denn normalisieren wir unsere Zufallsvariable, die die Ausbruchgröße beschreibt, entsprechend mit der maximal zu erwartenden Ausbruchgröße Z_* , siehe (2), so folgt der zentrale Grenzwertsatz

$$N^{-\frac{2}{3}} * \mathbb{E}Z \xrightarrow{N \rightarrow \infty} \mathcal{G}$$

für eine gegen unendlich strebende Gesamtbevölkerung. Das Ergebnis ist eine von der Bevölkerungsgröße N unabhängige, uns allerdings unbekanntes Verteilung. (ohne Beweis)

2.2.7 Geltungsbereich der Skalengesetze

Die hergeleiteten Skalengesetze, die die Eigenschaften der Ausbruchgröße beschreiben, gelten jedoch nicht nur direkt an der Schwelle ($\alpha = 1$), sondern auch in einer bestimmten Umgebung um die Schwelle. Setzen wir den Erwartungswert der Ausbruchgröße (3) mit dem Verhalten in der endemischen Phase ($\mathbb{E}Z = \frac{1}{(1-\alpha)}$) gleich, so erhalten wir

$$|1 - \alpha| \sim N^{-\frac{1}{3}} \tag{4}$$

Die Größe des Geltungsbereichs nimmt also mit zunehmender Bevölkerungsgröße ab. Für eine moderate Bevölkerung kann diese sogar relativ groß werden. Haben wir beispielsweise eine Bevölkerung der Größe $N = 10^3$, so gilt in etwa: $0.9 < \alpha < 1.1$ und für die maximale Ausbruchgröße erhalten wir: $Z_* = 10^2$, also ein Zehntel der Gesamtbevölkerung. Das Verhalten des Erwartungswerts der Ausbruchgröße nahe der Schwelle liefert außerdem eine weitere Erscheinungsform des Skalengesetzes für die Größe des Fensters. Tatsächlich erhalten wir nach Normierung des Erwartungswertes der Ausbruchgröße durch seine Größenordnung wiederum ein Gesetz der Großen Zahlen, wobei Q selbst noch unbekannt bleibt

$$N^{-\frac{1}{3}} * \mathbb{E}Z \xrightarrow{N \rightarrow \infty} Q$$

Im Vergleich ist der in (4) bestimmte Geltungsbereich größer als der kanonische Schätzer aus dem SIR-Modell ($|1 - \alpha| \sim N^{-\frac{1}{2}}$).

3 Dauer der Epidemie

3.1 Modell der unendlichen Bevölkerung

Aus den im ersten Teil hergeleiteten Skalengesetzen folgen direkte Aussagen über den Verlauf und insbesondere über die Dauer der Infektionsprozesse nahe dem Schwellenwert. Wir betrachten nun zuerst wieder das Modell der unendlichen Bevölkerung. Nahe der Schwelle treten Infektion und Genesung mit derselben Wahrscheinlichkeit auf, daher bleibt die Anzahl der Infizierten hier nahezu konstant. Die Wahrscheinlichkeit, dass zu einem Zeitpunkt t die Anzahl der Infizierten i beträgt, bezeichnen wir mit $\mathbb{P}_i(t)$. Für ihre Herleitung untersuchen wir die Änderungsrate dieser Wahrscheinlichkeit, die gegeben ist durch

$$\frac{\partial}{\partial t} \mathbb{P}_i = (i+1)\mathbb{P}_{i+1} + (i-1)\mathbb{P}_{i-1} - 2i\mathbb{P}_i$$

mit der Anfangsbedingung $\mathbb{P}_i(0) = \delta_{i,1}$.

Diese Formel ergibt sich durch die Berücksichtigung der folgenden Fälle:

1. Zum Zeitpunkt t hat sich die Anzahl der Infizierten von $i+1$ auf i verringert, es ist also einer der $i+1$ Infizierten gesund geworden.
 $\Rightarrow (i+1)\mathbb{P}(I(t) = i+1)$
2. Zum Zeitpunkt t hat sich die Anzahl der Infizierten von $i-1$ auf i erhöht, es hat also einer der $i-1$ Infizierten eine weitere Person angesteckt.
 $\Rightarrow (i-1)\mathbb{P}(I(t) = i-1)$
3. Zum Zeitpunkt t erhöht sich die Anzahl von i auf $i+1$ bzw. verringert sich von i auf $i-1$. Da diese beiden Fälle für unser Ereignis $\mathbb{P}_i(t)$ ungünstig sind, müssen ihre Wahrscheinlichkeiten abgezogen werden.
4. Zum Zeitpunkt t bleibt die Anzahl konstant i . Es findet also keine Veränderung statt, die Änderungsrate ist also gleich 0.

Daraus ergibt sich als Lösung der Differentialgleichung eine geometrische Wahrscheinlichkeit

$$\mathbb{P}_i(t) = \begin{cases} t^{i-1}(1+t)^{-(i+1)} & , \text{ falls } i \geq 1 \\ t(1+t)^{-1} & , \text{ falls } i = 0 \end{cases}$$

denn durch Einsetzen erhalten wir für $i \geq 1$:

linke Seite:

$$\frac{\partial}{\partial t} \mathbb{P}_i = \frac{\partial}{\partial t} (t^{i-1}(1+t)^{-(i+1)}) = (i-1)t^{i-2}(1+t)^{-(i+1)} - (i+1)t^{i-1}(1+t)^{-(i+2)}$$

rechte Seite:

$$\begin{aligned}
& (i+1)\mathbb{P}_{i+1} + (i-1)\mathbb{P}_{i-1} - 2i\mathbb{P}_i \\
&= (i+1)t^i(1+t)^{-(i+2)} + (i-1)t^{i-2}(1+t)^{-i} - 2it^{i-1}(1+t)^{-(i+1)} \\
&= (i+1)t^{i-1}(1+t)^{-(i+2)}t + (i-1)t^{i-2}(1+t)^{-(i+1)}(1+t) - 2it^{i-1}(1+t)^{-(i+1)} \\
&= (i+1)t^{i-1}(1+t)^{-(i+2)}t + (i-1)t^{i-2}(1+t)^{-(i+1)} \\
&\quad + \underbrace{(i-1)t^{i-1}(1+t)^{-(i+1)} - 2it^{i-1}(1+t)^{-(i+1)}}_{=-(i+1)t^{i-1}(1+t)^{-(i+1)} = -(1+t)(i+1)t^{i-1}(1+t)^{-(i+2)}} \\
&= (i+1)t^{i-1}(1+t)^{-(i+2)}(t - (1+t)) + (i-1)t^{i-2}(1+t)^{-(i+1)} \\
&= (i-1)t^{i-2}(1+t)^{-(i+1)} - (i+1)t^{i-1}(1+t)^{-(i+2)}
\end{aligned}$$

Der Fall $i = 0$ ergibt sich durch Integration:

$$\mathbb{P}_0(t) = \int \frac{\partial}{\partial t} \mathbb{P}_0(t) dt = \int \mathbb{P}_1(t) dt = \int \frac{1}{(1+t)^2} dt = \frac{t}{(1+t)}$$

Hieraus lässt sich direkt die Überlebenswahrscheinlichkeit der Epidemie ableiten, also die Wahrscheinlichkeit, dass der Ausbruch zum Zeitpunkt t noch aktiv ist, denn es gilt: $\mathbb{P}(t) = 1 - \mathbb{P}_0(t)$

$$\Rightarrow \mathbb{P}(t) = \frac{1}{(1+t)} \sim \frac{1}{t} \quad (5)$$

Als nächstes wollen wir den Erwartungswert der infizierten Personen zum Zeitpunkt t bestimmen. Dazu sei $\mathbb{E}I(t) = \sum k\mathbb{P}(I = k | \text{Epidemie aktiv})$ die erwartete Anzahl der Infizierten zum Zeitpunkt t . Diese ist, wie oben erläutert, konstant $\mathbb{E}I(t) = 1$. Also gilt für durchschnittliche Anzahl infizierter Personen, solange der Ausbruch aktiv ist,

$$\mathbb{E}I = \frac{\sum k\mathbb{P}(I = k | \text{Epidemie aktiv})}{\mathbb{P}(\text{Epidemie aktiv})} = \frac{\mathbb{E}I(t)}{\mathbb{P}(t)} = 1 + t$$

Sie wächst also linear mit der Zeit.

Da wir davon ausgehen, dass jeder Infizierte auch wieder gesundet, gilt für die Anzahl der Geheilten

$$r = \int_0^t (1+y) dy = \left[y + \frac{1}{2}y^2 \right]_0^t = \frac{1}{2}t^2 + t \sim t^2$$

Sie wächst also quadratisch mit der Zeit.

3.2 Modell der endlichen Bevölkerung

Betrachten wir endliche Bevölkerungen, so bleibt die Überlebenswahrscheinlichkeit der Epidemie größenordnungsmäßig wie im Modell der unendlichen Bevölkerung, also $\mathbb{P}(t, N) \sim \frac{1}{t}$, bis die maximale Ausbruchsdauer erreicht ist ($t \ll t_*$). Eine Dauer, die die maximale überschreitet wird strikt ausgeschlossen.

Um die maximale Dauer zu schätzen, vergleichen wir die zeitabhängige Ausbruchgröße Z , die in der Größenordnung der Anzahl der Geheilten entspricht ($Z \sim r \sim t^2$), mit der maximalen Ausbruchgröße Z_* , siehe (2), und erhalten

$$t_* \sim N^{\frac{1}{3}} \quad (6)$$

Dieses Ergebnis überschreitet sowohl die typische Dauer, als auch die durchschnittliche Dauer eines Ausbruchs deutlich. Letztere folgt einem logarithmischen Wachstum. Dafür nutzen wir zuerst die allgemeine Definition des Erwartungswerts

$$\mathbb{E}t = \int_0^\infty t \frac{\partial}{\partial t} \mathbb{P}(N, t) dt$$

Die Ableitung der Wahrscheinlichkeit wird hier verwendet, da wir nicht die Wahrscheinlichkeit benötigen, dass der Ausbruch bis zum Zeitpunkt t aktiv bleibt, sondern die, dass er genau zu diesem Zeitpunkt aktiv ist. Wie am Anfang des Kapitels beschrieben, bleibt (5) auch für endliche Bevölkerungen gültig. Außerdem haben wir festgestellt, dass ein Überleben der Epidemie nach t_* praktisch ausgeschlossen ist. Daher setzen wir t_* als obere Integrationsgrenze ein. Schließlich ergibt sich

$$\begin{aligned} \mathbb{E}t &= \int_0^{t_*} t \mathbb{P}_t dt = \int_0^{t_*} \frac{t}{(1+t)^2} dt \\ &= \left[\frac{1}{t+1} + \log(t+1) \right]_0^{t_*} \\ &= \underbrace{\frac{1}{t_*+1}}_{\rightarrow 0} + \underbrace{\log(t_*+1)}_{\log t_*} - 1 - \log 1 \end{aligned}$$

Daraus folgt

$$\mathbb{E}t \sim \frac{1}{3} \log N \quad (7)$$

Wie auch schon für die Ausbruchgröße erhalten wir nach Normierung durch die maximale Dauer ein Gesetz der Großen Zahlen für die Dauer des Ausbruchs

$$N^{-\frac{1}{3}} * \mathbb{E}t \xrightarrow{N \rightarrow \infty} \mathcal{P}$$

Jedoch ist diese Konvergenz nicht gleichförmig; für kurze Ausbrüche konvergiert es langsam, für lange schneller.

4 Ausblick

Wir haben nun ungefähre Aussagen über die Größenordnung der Ausbruchgröße und Dauer der Epidemie in einer Bevölkerung der Größe N hergeleitet. Außerdem haben wir feststellen können, dass diese Größen für eine gegen unendlich laufende Bevölkerung einem bestimmten Verhaltensmuster folgen, ihre genaue Verteilung blieb jedoch ungeklärt. Weiterhin wäre es interessant, ein Modell zu finden, bei dem auch äußere Faktoren wie Bevölkerungsdichte und Verkehrswege berücksichtigt werden.

5 Literatur

[1] E. Ben-Naim, P.L. Krapivsky, Size of Outbreaks Near the Epidemic Threshold. *Phys. Rev. E.*, 69, 2004