

Nicht-Konstante Anfälligkeit

Theresa Hausner und Katharina Schachmatov

3. Juni 2011

1 Einleitung

In unserem Vortrag befassen wir uns mit einer speziellen Form des multi-type epidemic models, welches bereits in vorangegangenen Arbeiten vorgestellt wurde. Wir nehmen an, dass alle Individuen die gleiche Verteilung der Zeit, in der man ansteckend ist, haben und dass für die Kontaktparameter $\{\lambda_{ij}\}$ gilt: $\lambda_{ij} = \lambda_j$. Dies bedeutet, dass alle Infizierten in gleichem Maße ansteckend sind. Die Individuen unterscheiden sich nur in der Stärke der Anfälligkeit. Insbesondere vergleichen wir die Gesamtgröße (:=Summe aller Infizierten im Laufe der Epidemie) einer Population mit unterschiedlicher Anfälligkeit mit der Gesamtgröße einer entsprechenden einheitlichen Population. Die Tatsache, dass man nicht weiß, welches Modell das richtige ist, regt solch einen Vergleich an. Nebenbei benutzen wir die Coupling-Methode, um ein überraschendes Ergebnis über exponential-verteilte Variablen zu bekommen. Zu diesem Ergebnis sind unabhängig voneinander bereits Proschan und Sethuraman (1976) und Ball (1985) gekommen. Der untere Beweis ist inspiriert von Barbour, Lindvall und Rogers (1991).

Zuerst beweisen wir ein Lemma und dann das Haupttheorem hinsichtlich exponentialverteilter Variablen. Anschließend sehen wir, welche drastischen Konsequenzen dies für den Vergleich der Gesamtgrößen zwischen verschiedenen Bevölkerungen hat.

2 Lemma zur stochastischen Ordnung von zwei exponential-verteilten Zufallsvariablen

Sei $\xi_1 \sim Exp(\lambda_1)$, $\xi_2 \sim Exp(\lambda_2)$ und η_1 und $\eta_2 \sim Exp(\bar{\lambda})$, wobei $\bar{\lambda} = (\lambda_1 + \lambda_2)/2$. Ferner nehme man an, dass alle diese Zufallsvariablen unabhängig sind. Dann existiert ein coupling $(\xi'_1, \xi'_2, \eta'_1, \eta'_2)$, sodass $(\xi'_1, \xi'_2) \stackrel{D}{=} (\xi_1, \xi_2)$, $(\eta'_1, \eta'_2) \stackrel{D}{=} (\eta_1, \eta_2)$. Für dieses coupling gilt die stochastische Ordnung

$$\eta'_{(1)} \leq \xi'_{(1)}, \eta'_{(2)} \leq \xi'_{(2)} \text{ fast sicher.}$$

Insbesondere folgt, dass $\eta_{(i)} \stackrel{D}{\leq} \xi_{(i)}$, $i = 1, 2$.

Beweis:

Zunächst zeigen wir, wie man eine stetige Zufallsvariable konstruieren kann. Man nimmt hierfür eine gleichverteilte Zufallsvariable U . Dann bildet man von einer beliebigen Verteilungsfunktion F die Inverse F^{-1} und wertet diese an der Stelle U aus. Die dabei entstandene Zufallsvariable $X := F^{-1}(U)$ hat die Verteilungsfunktion F . Diese Art, Zufallsvariablen zu konstruieren wird im Laufe des Beweises mehrmals verwendet.

Bevor wir aber die Zufallsvariablen konstruieren, werfen wir einen Blick auf

die Verteilung der Ordnungsstatistiken. Es folgt unmittelbar aus der Definition von Zufallsvariablen, dass

$$P(\xi_{(1)} > t) = P(\xi_1 > t, \xi_2 > t) \quad (1)$$

$$P(\xi_1 > t, \xi_2 > t) \stackrel{\text{id}}{=} P(\xi_1 > t)P(\xi_2 > t)$$

$$P(\xi_1 > t)P(\xi_2 > t) \stackrel{\text{Def}}{=} e^{-\lambda_1 t} e^{-\lambda_2 t}$$

$$e^{-\lambda_1 t} e^{-\lambda_2 t} = e^{-\bar{\lambda} t} e^{-\bar{\lambda} t} \quad (2)$$

$$e^{-\bar{\lambda} t} e^{-\bar{\lambda} t} \stackrel{\text{Def}}{=} P(\eta_1 > t)P(\eta_2 > t)$$

$$P(\eta_1 > t)P(\eta_2 > t) \stackrel{\text{id}}{=} P(\eta_1 > t, \eta_2 > t)$$

$$P(\eta_1 > t)P(\eta_2 > t) \stackrel{(1)}{=} P(\eta_{(1)} > t)$$

Zu (1): Die Wahrscheinlichkeit, dass die kleinere Zufallsvariable von beiden größer ist als t , ist gleich der Wahrscheinlichkeit, dass beide Zufallsvariablen größer sind als t .

$$\text{Zu (2): } e^{-\lambda_1 t} e^{-\lambda_2 t} = e^{-(\lambda_1 + \lambda_2)t} = e^{-\frac{2(\lambda_1 + \lambda_2)t}{2}} \stackrel{(*)}{=} e^{-2\bar{\lambda}t} = e^{-\bar{\lambda}t} e^{-\bar{\lambda}t}$$

$$\text{Zu (*): } \frac{\lambda_1 + \lambda_2}{2} = \bar{\lambda}$$

Somit haben wir gezeigt, dass die ersten Ordnungsstatistiken identisch verteilt sind. Die Gedächtnislosigkeit der exponentialverteilten Zufallsvariablen in Verbindung mit der Tatsache, dass η_1 und η_2 denselben Intensitätsparameter $\bar{\lambda}$ haben, impliziert:

$$P(\eta_{(2)} > t + u | \eta_{(1)} = u) \stackrel{(**)}{=} e^{-\bar{\lambda}t}$$

$$\begin{aligned} \text{zu (**): } P(\eta_{(2)} > t + u | \eta_{(1)} = u) &= P(\eta_2 > \eta_1) * P(\eta_2 > t + u | \eta_1 = u) \\ &+ P(\eta_2 < \eta_1) * P(\eta_1 > t + u | \eta_2 = u) = 0.5 * P(\eta_2 > t) + 0.5 * P(\eta_1 > t) \\ &= 0.5 * e^{-\bar{\lambda}t} + 0.5 * e^{-\bar{\lambda}t} = e^{-\bar{\lambda}t} \end{aligned}$$

Um die entsprechende Wahrscheinlichkeit für $\xi_{(2)}$ zu bestimmen, müssen wir erst entscheiden, welche Variable kleiner ist. Wir führen dazu $\alpha = \lambda_1 / (\lambda_1 + \lambda_2)$ ein, also $\lambda_1 = \alpha 2\bar{\lambda}$ und $\lambda_2 = (1 - \alpha)2\bar{\lambda}$. Beachte, dass $\alpha = P(\xi_1 < \xi_2)$, denn: $\xi_1 \sim \text{Exp}(\lambda_1)$, $\xi_2 \sim \text{Exp}(\lambda_2)$, also

$$\begin{aligned} P(\xi_1 < \xi_2) &= \int_0^\infty \int_0^y \lambda_1 \lambda_2 e^{-\lambda_1 x} e^{-\lambda_2 y} dx dy = \int_0^\infty -\lambda_2 e^{-(\lambda_1 + \lambda_2)y} + \lambda_2 e^{-\lambda_2 y} dy \\ &= -\frac{\lambda_2}{\lambda_1 + \lambda_2} + 1 = \frac{\lambda_1}{\lambda_1 + \lambda_2} = \alpha \end{aligned}$$

Daraus folgt

$$P(\xi_{(2)} > t + u | \xi_{(1)} = u) = \underbrace{\alpha e^{-(1-\alpha)2\bar{\lambda}t} + (1-\alpha)e^{-\alpha 2\bar{\lambda}t}}_{:=f(\alpha)} \quad (3)$$

$$P(\eta_{(2)} > t + u | \eta_{(1)} = u) = e^{-\bar{\lambda}t} \quad (4)$$

(3) gilt, da:

$$\begin{aligned} & P(\xi_{(2)} > t + u | \xi_{(1)} = u) \\ \stackrel{\text{Totale Wkt.}}{=} & P(\xi_2 > t + u | \xi_1 = u, \xi_1 < \xi_2) + P(\xi_1 > t + u | \xi_2 = u, \xi_1 \geq \xi_2) \\ = & P(\xi_1 < \xi_2)P(\xi_2 > t + u | \xi_2 > u) + P(\xi_1 \geq \xi_2)P(\xi_1 > t + u | \xi_1 > u) \\ = & P(\xi_1 < \xi_2)P(\xi_2 > t) + P(\xi_1 \geq \xi_2)P(\xi_1 > t) \\ = & \alpha e^{-\lambda_2 t} + (1-\alpha)e^{-\lambda_1 t} \\ = & \alpha e^{-(1-\alpha)2\bar{\lambda}t} + (1-\alpha)e^{-\alpha 2\bar{\lambda}t} \end{aligned}$$

Setzt man nun $\alpha = 1/2$ in f ein, so erhält man $e^{-\bar{\lambda}t}$, was der rechte Teil von (4) ist. Es ist leicht zu zeigen, dass f eine konvexe Funktion ist, die ihr Minimum bei $\alpha = 1/2$ annimmt.

$$\text{Bew: } f''(\alpha) = \underbrace{2\bar{\lambda}t}_{>0} \left(\underbrace{e^{-(1-\alpha)2\bar{\lambda}t}}_{>0} \underbrace{(2 + \alpha 2\bar{\lambda}t)}_{>0} + \underbrace{e^{-\alpha 2\bar{\lambda}t}}_{>0} \underbrace{(2 - 2\bar{\lambda}t(\alpha - 1))}_{>0} \right),$$

da $\bar{\lambda}, \alpha, t > 0$.

Daher folgt, dass

$$P(\eta_{(2)} > t + u | \eta_{(1)} = u) \leq P(\xi_{(2)} > t + u | \xi_{(1)} = u).$$

Nun betrachten wir das Coupling. Seien U_1, \dots, U_4 *i.i.d.* gleichverteilte Zufallsvariablen. Wir konstruieren die ersten Ordnungsstatistiken $\xi'_{(1)}$ und $\eta'_{(1)}$ mit Hilfe der Inversen Funktionen an der Stelle U_1 (die Tatsache, dass die Verteilungen gleich sind, impliziert, dass $\xi'_{(1)} \equiv \eta'_{(1)}$). Im nächsten Schritt konstruieren wir $\xi'_{(2)}$ und $\eta'_{(2)}$, indem wir $\xi'_{(2)}$ durch die Inverse Funktion der bedingten Verteilung von $\xi'_{(2)}$, gegeben $\xi'_{(1)}$, an der Stelle U_2 definieren. Dasselbe führen wir für $\eta'_{(2)}$ durch. Nun folgt, dass $\eta'_{(2)} \leq \xi'_{(2)}$. Schließlich benutzen wir U_3 und U_4 um zu bestimmen, ob $\xi'_{(1)}$ oder $\xi'_{(2)}$ bzw. $\eta'_{(1)}$ oder $\eta'_{(2)}$ kleiner ist. Da $\eta'_{(1)}$ und $\eta'_{(2)}$ identisch verteilt sind, sei $\eta'_1 = \eta'_{(1)}$ mit der Wahrscheinlichkeit 0.5. Formaler ausgedrückt:

$$\eta'_1 = \eta'_{(1)} \mathbf{1}_{(U_3 \leq 0.5)} + \eta'_{(2)} \mathbf{1}_{(U_3 > 0.5)}$$

$$\eta'_2 = \eta'_{(1)} \mathbf{1}_{(U_3 > 0.5)} + \eta'_{(2)} \mathbf{1}_{(U_3 \leq 0.5)}$$

Wähle aus ξ'_1 und ξ'_2 jenes, welches $\xi'_{(1)}$ entspricht, sodass die bedingten Wahrscheinlichkeiten übereinstimmen. Dies geschieht wie folgt:

$$\xi'_1 = \xi'_{(1)} \mathbf{1}_{(U_4 \leq P(\xi_1 \leq \xi_2 | \xi_{(1)}, \xi_{(2)}))} + \xi'_{(2)} \mathbf{1}_{(U_4 > P(\xi_1 \leq \xi_2 | \xi_{(1)}, \xi_{(2)}))}$$

$$\xi'_2 = \xi'_{(1)} 1_{(U_4 > P(\xi_1 \leq \xi_2 | \xi_{(1)}, \xi_{(2)}))} + \xi'_{(2)} 1_{(U_4 \leq P(\xi_1 \leq \xi_2 | \xi_{(1)}, \xi_{(2)}))}.$$

Es ist leicht zu prüfen, dass dieses Coupling die Folgerungen des Theorems erfüllt. Die Aussage über die Verteilung in diesem Theorem ist einfach zu zeigen, sobald das Coupling konstruiert wurde:

$$P(\eta_{(i)} > t) = P(\eta'_{(i)} > t) \leq P(\xi'_{(i)} > t) = P(\xi_{(i)} > t)$$

Die Ungleichheit folgt trivialerweise, da ja $\eta'_{(i)} \leq \xi'_{(i)}$ fast sicher gilt.

•

Das obige Lemma wird mehrmals im folgenden Theorem verwendet.

3 Theorem zur stochastischen Ordnung

Seien X_1, \dots, X_n und Y_1, \dots, Y_n unabhängige exponential-verteilte Zufallsvariablen: $X_i \sim \text{Exp}(\lambda_i)$ und $Y_i \sim \text{Exp}(\bar{\lambda})$, $i = 1, \dots, n$, wobei $\bar{\lambda} = (\lambda_1 + \dots + \lambda_n)/n$. Dann existiert ein Coupling $(X'_1, \dots, X'_n, Y'_1, \dots, Y'_n)$, sodass

$$(X'_1, \dots, X'_n) \stackrel{D}{=} (X_1, \dots, X_n) \text{ und } (Y'_1, \dots, Y'_n) \stackrel{D}{=} (Y_1, \dots, Y_n)$$

und für die

$$Y'_{(j)} \leq X'_{(j)}, j = 1, \dots, n \text{ fast sicher gilt.}$$

Insbesondere folgt, dass

$$Y_{(j)} \stackrel{D}{\leq} X_{(j)}, j = 1, \dots, n.$$

Beweis:

Starte mit der unabhängigen Folge X_1, \dots, X_n . Wähle die ersten beiden Variablen X_1 und X_2 und benutze das Lemma um ξ_1 und ξ_2 so zu konstruieren, dass sie folgende Eigenschaften erfüllen:

1. sie sind unabhängig und beide exponential-verteilt mit demselben Parameter $(\lambda_1 + \lambda_2)/2$
2. $\min(\xi_1, \xi_2) \stackrel{D}{\leq} \min(X_1, X_2)$
3. $\max(\xi_1, \xi_2) \stackrel{D}{\leq} \max(X_1, X_2)$

Dadurch haben wir eine Folge $(\xi_1, \xi_2, X_3, \dots, X_n)$ von unabhängigen exponential-verteilten Variablen mit den Parametern $(\frac{\lambda_1 + \lambda_2}{2}, \frac{\lambda_1 + \lambda_2}{2}, \lambda_3, \dots, \lambda_n)$ konstruiert, die kleinere Ordnungsstatistiken als die ursprüngliche Folge hat.

Dies wiederholt man mehrmals unter Verwendung der Paare mit den jeweils

größten und kleinsten λ -Werten, was bewirkt, dass die Ordnungsstatistiken reduziert werden und die Parameter sich $\bar{\lambda}$ nähern.

Im Grenzfall konvergieren die Ordnungsstatistiken gegen Z_1, \dots, Z_n , welche die gleiche Verteilung haben wie die Ordnungsstatistiken von n unabhängigen exponential-verteilten Zufallsvariablen mit demselben Parameter $\bar{\lambda}$.

Durch zufällige Umordnung dieser Variablen erhält man eine Stichprobe mit der gleichen Verteilung wie Y_1, \dots, Y_n und diese Stichprobe erfüllt die Aussage des Theorems. Der Beweis ist vollständig. •

Dieses Theorem ist allgemeiner Art und bezieht sich nicht auf epidemische Modelle. Im folgenden Korollar wird erklärt, welche Bedeutung das obige Theorem für den Vergleich der beiden Verteilungen hat, bzgl. der Gesamtgröße der einer einheitlichen Population und einer mit unterschiedlichen Anfälligkeiten. Dies wurde ursprünglich von Ball im Jahre 1985 abgeleitet. Nun bezeichnen wir mit $(X(t), Y(t))$ die Anzahl der Anfalligen, bzw. Infizierten zum Zeitpunkt t im Falle einer Standard-SIR-Epidemie. Analog sind $(\tilde{X}(t), \tilde{Y}(t))$ die entsprechenden Anzahlen im Falle einer Multitype-Epidemie.

4 Anwendung des Theorems in der Epidemiologie

Betrachte das epidemische Standard-SIR-Modell $E_{n,m}(\lambda, I)$ für eine einheitliche Bevölkerung und das epidemische Multitype-Modell $E_{\mathbf{n},\mathbf{m}}(\Lambda, \mathbf{I})$. Dabei unterscheiden sich die verschiedenen Typen des Multitype-Modells nur in der Stärke der Anfälligkeit. Die beiden Modelle haben jedoch die gleiche Verteilung der infiziösen Zeit und haben am Anfang die gleiche Anzahl an Infizierten und Anfalligen (das heißt, alle Ansteckungsphasen haben die gleiche Verteilung wie I und $\sum_i m_i = m$, $\sum_i n_i = n$ und $\lambda_{ij} = \lambda_j$). Desweiteren nehme man an, dass λ und $\{\lambda_j\}$ folgendermaßen in Beziehung stehen: $\lambda = \sum_j n_j \lambda_j / n$. Dann ist es möglich die Varianten $(X'(t), Y'(t))$ und $(\tilde{X}'(t), \tilde{Y}'(t))$ der zwei Epidemien so zu konstruieren, dass gilt:

$$X'(t) \leq \tilde{X}'(t), \text{ für alle } t, \text{ fast überall.}$$

Daraus folgt für die Gesamtgrößen: $Z' \geq \tilde{Z}'$, fast überall. Insbesondere folgt, dass

$$X(t) \stackrel{D}{\leq} \tilde{X}(t) \text{ und } Z \stackrel{D}{\geq} \tilde{Z}$$

für $n, m \geq 1$ und $t \geq 0$.

Beweis:

Der Beweis folgt unmittelbar aus einer geringfügigen Modifikation der Sellke-Konstruktion. Da die Individuen sich nur in der Stärke der Anfälligkeit (d.h. $\lambda_{ij} = \lambda_j$) unterscheiden, genügt der in (6.1) definierte Infektionsdruck $A_j(t)$, der auf j -Individuen ausgeübt wird, der Gleichung:

$$A_j(t) = (\lambda_j/n) \sum_i \int_0^t Y_i(u) du = (\lambda_j/\lambda) \tilde{A}(t),$$

wobei

$$\tilde{A}(t) = (\lambda/n) \sum_i \int_0^t Y_i(u) du.$$

Die unabhängigen und exponential-verteilten individuellen Schwellenwerte $\{Q_{jk}\}$ sind alle so definiert, dass sie den gleichen Intensitätsparameter 1 haben. Wenn wir stattdessen die Schwellenwerte der j -Individuen ($Q_{j,1}, \dots, Q_{j,n_j}$) so definieren, dass sie die Parameter λ_j/λ , $j = 1, \dots, k$ besitzen, dann können wir annehmen, dass alle Individuen denselben Infektionsdruck $\tilde{A}(t)$ haben. Für diese modifizierte Sellke-Konstruktion folgt aus Theorem 6.2, dass wir individuelle Schwellenwerte für beide Epidemien konstruieren können, sodass die Ordnungsstatistiken für die einheitliche Population kleiner sind als die des Modells mit unterschiedlicher Anfälligkeit. Da wir von der gleichen Realisierung der *i.i.d* Ansteckungsphasen für beide Epidemien ausgehen, folgt, dass der Infektionsdruck $A(t)$ für die einheitliche Population den Infektionsdruck $\tilde{A}(t)$ für das inhomogene Modell übersteigt für jedes t unter Heranziehung eines ähnlichen Beweises, welcher in Abschnitt 3.3 für die Monotonie benutzt wurde. Dies impliziert, dass sogar mehr Individuen in einem homogenen Modell infiziert werden, und so weiter.

•

5 Fazit

Die gewonnenen Erkenntnisse sind nur für eine theoretische Sicht der Dinge interessant. In der Praxis ist es jedoch schwierig die Anfälligkeiten der verschiedenen Gruppen zu kennen, denn dies bedarf einer Reihe von Untersuchungen etc., um den tatsächlichen Gesundheitszustand (bzw. Stärke des Immunsystems) zu bestimmen.

Ist die durchschnittliche Anfälligkeit das einzige, das bekannt ist, geht man also von einem einheitlichen Modell aus. Dann besagt das Theorem, dass die Anzahl der Infizierten am höchsten ist. Das einheitliche Modell berechnet sozusagen den worst case. Sprich, wenn man die Gesamtgröße bei einer einheitlichen Population berechnen möchte, so wird die kleinste Verschiedenartigkeit in der Anfälligkeit die Gesamtgröße bereits positiv beeinflussen, also diese verringern.

Andersson und Britton (1998) haben erörtert, dass die Kalibrierung beim Vergleich der verschiedenen Modelle, die das gleiche arithmetische Mittel der Anfälligkeit haben, kein fairer Vergleich ist. In der Tat ist es fairer, wenn man bei der Sellke-Konstruktion von dem gleichen Populationsschnitt der erwarteten individuellen Schwellenwerte ausgeht. Die Schwellenwerte sind exponentialverteilt, also hat ein Schwellenwert mit Parameter λ_i einen Erwartungswert λ_i^{-1} . Laut diesem Argument sollte eine Population mit Parametern $(\lambda_1, \dots, \lambda_n)$ mit einer einheitlichen Population verglichen werden, die den Parameter $\lambda_H = (n^{-1} \sum_i \lambda_i^{-1})^{-1}$ hat. Das bedeutet, dass eine alternative Kalibrierung anzunehmen ist, bei der das Harmonische Mittel übereinstimmen sollte. Andersson und Britton führten diesen Beweis 1998 durch und kamen zu der Schlussfolgerung, dass es kein eindeutig überzeugendes Ergebnis für alle n, m und für alle t gibt. Sie kommen zu einem dominierenden Ergebnis, bei dem für feste m die Wahrscheinlichkeit für eine größere Gesamtgröße minimiert wird in Hinsicht auf eine einheitliche Population. Das zweite Ergebnis gilt nur für die Gesamtgröße mit der Annahme, dass in größeren Populationen größere Endgrößen entstehen. In diesem Fall behaupten sie, dass in einer einheitlichen Population die Anzahl der Infizierten am Ende dann größer ist, wenn die Krankheit hoch ansteckend ist. Wohingegen diese Anzahl verringert wird, falls die Krankheit weniger ansteckend ist. Also je ansteckender die Krankheit, desto mehr Infizierte zählt man am Ende, was eigentlich auch der Realität entspricht. Präziser ausgedrückt: die beiden zeigen, dass

- für $\lambda_h \nu \geq 2(1 - e^{-2}) \approx 2.31$ die Gesamtgröße eines einheitlichen Modells größer ist als die Gesamtgröße eines Multitype-Modells, wobei die beiden dasselbe harmonische Mittel der Anfälligkeit haben.
- für $\lambda_H \nu < 2(1 - e^{-2})$ dagegen erhält man bei einem einheitlichen Modell eine kleinere Gesamtgröße als bei einem Multitype-Modell.

$\lambda_H \nu$ ist dabei das Harmonische Mittel multipliziert mit dem Erwartungswert der Infektionsphasen.

6 Beispiel

In unserem Vortrag wurde die Gesamtgröße einer einheitlichen Population eingeführt. Um zu sehen ob der Unterschied entscheidend ist, untersuchen wir hier die großen Populationsgrenzen der Gesamtgröße in einigen Beispielen. Dabei benutzen wir die Gleichungen 4.1 und 6.2 aus dem Werk H. Andersson, T. Britton *Stochastic Epidemic Models and Their Statistical Analysis* LNS, Springer, 2000. Nehme an, der anfängliche Anteil der Infizierten ist zu vernachlässigen ($\mu = \mu_i = 0$) und ohne Beschränkung der Allgemeinheit sei $\nu = 1$.

Gleichung(4.1): $1 + \mu - \tau = e^{-\lambda\tau}$, $\mu :=$ Anteil Infizierter am Anfang, $\tau :=$ Anteil aller Infizierten am Ende

Gleichung(6.2): $1 + \mu_j - \tau_j = e^{-\sum_i \pi_i \tau_i \lambda_{ij}}$, $\mu_j :=$ Anteil Infizierter am Anfang mit Anfälligkeit j ; $\tau_j :=$ Anteil aller Infizierten am Ende mit Anfälligkeit j

Zunächst vergleichen wir die Gesamtgröße einer einheitlichen Population, mit $\lambda = 1.5$, mit der Gesamtgröße einer Population, in der die Hälfte der Bevölkerung die Anfälligkeitsrate $\lambda_1 = 1$ und die andere Hälfte die $\lambda_2 = 2$ hat (dies bedeutet, dass diese dasselbe arithmetische Mittel haben)

Berechnung von τ für die homogene Population:

$$1 - \tau = e^{-1.5\tau} \xrightarrow{\text{Maple}} \tau \approx 0.58281164$$

Berechnung von $\tau := (\tau_1 + \tau_2)/2$ für die inhomogene Population:

$$1 - \tau_1 = e^{-(0.5\tau_1\lambda_1 + 0.5\tau_2\lambda_1)} \quad (5)$$

$$1 - \tau_2 = e^{-(0.5\tau_2\lambda_1 + 0.5\tau_2\lambda_2)} \quad (6)$$

$$(5)+(6) \quad 2 - (\tau_1 + \tau_2) = e^{-0.5\lambda_1(\tau_1 + \tau_2)} + e^{-0.5\lambda_2(\tau_1 + \tau_2)}$$

$$2 - (\tau_1 + \tau_2) = e^{-0.5(\tau_1 + \tau_2)} + e^{-(\tau_1 + \tau_2)} \xrightarrow{\text{Maple}} \tau \approx 0,536811015$$

Das Ergebnis zeigt uns, dass die Gesamtgröße einer einheitlichen Population tatsächlich größer ist.

Im Folgenden führen wir die gleichen Schritte durch, ersetzen dabei 1.5 durch 3, 1 durch 0.5 und 2 durch 5.5.

Berechnung von τ für die homogene Population:

$$1 - \tau = e^{-3\tau} \xrightarrow{\text{Maple}} \tau \approx 0,94047979$$

Berechnung von $\tau := \tau_1 + \tau_2$ für die inhomogene Population (analog zu a)):

$$2 - (\tau_1 + \tau_2) = e^{-0.25(\tau_1 + \tau_2)} + e^{-2.75(\tau_1 + \tau_2)} \xrightarrow{\text{Maple}} \tau \approx 0.61552196$$

Hier ist sogar ein noch deutlicherer Unterschied zu erkennen.

7 Ausblick

Der Vergleich der Gesamtgrößen einer einheitlichen Population gegenüber einer inhomogenen Population hat zu dem überraschenden Ergebnis geführt, dass die Anzahl der Infizierten am Ende bei einem einheitlichen Modell größer ist als die Anzahl bei einem Multitype-Modell. Dabei wurde nur die Anfälligkeit berücksichtigt. Es wäre nun interessant herauszufinden, wie sich die jeweiligen Gesamtgrößen verhalten, wenn man die Übertragungsrate mit berücksichtigt. Bleibt die Gesamtgröße dieselbe, wenn man die Anfälligkeitsrate auf die Hälfte reduziert, dabei aber die Übertragungsrate verdoppelt?

Literatur

- [1] H. Andersson, T. Britton *Stochastic Epidemic Models and Their Statistical Analysis*. LNS, Springer, 2000. [Abschnitt 6.1]