

Epidemien als Graphen

Anke Hasselberg

03 Juni 2011

Inhaltsverzeichnis

1	Einleitung	1
2	Interpretation von zufälligen Graphen	1
2.1	Definitionen	1
2.2	Anwendung	2
3	Konstante Infektionszeit in Bernoulli-Zufällige-Graphen	3
3.1	Gegeben	3
3.2	Theorem	3
3.3	Folgerung	3
4	Epidemien und soziale Netzwerke	4
4.1	Epidemische Prozesse basierend auf festen Graphen	4
4.2	Bernoulli Netzwerke	5
5	Das zweidimensionale Gitter	9
5.1	Epidemien als Partikelsysteme auf Gittern	9
5.2	Kritische Infektionsrate	9
6	Ausblick	10

1 Einleitung

Graphen sind ein sehr nützliches Hilfsmittel zum besseren Verstehen von epidemischen, stochastischen Modellen. In einem solchen Modell stellen Punkte Individuen und Pfeile eine Verbindung zwischen ebenjenen dar. Ein erster Zusammenhang zwischen dem Standard SIR-Modell und den *zufälligen Graphen* wurde von Ludwig (1974) entdeckt.

Im Folgenden wird die Interpretation eines Standard SIR-Modells vorgestellt und gezeigt, dass der Spezialfall einer konstanten Infektionsperiode zu einer besonders schönen Klasse der zufälligen Graphen führt.

Zufällige Graphen können auch als Darstellungsweise von sozialen und anderen Kontakt-Netzwerken verwendet werden. In einer Population der Größe n , ist es im Allgemeinen eher unwahrscheinlich, wenn man zwei Individuen betrachtet, dass zwischen diesen beiden auch eine Verbindung besteht, insbesondere keine beidseitige Verbindung.

Daraus folgt allerdings, dass die Annahme der gleichmäßigen Durchmischung fallen gelassen wird. Falls man einen wiederholten Kontakt zwischen zwei Individuen „erlauben“ möchte, so bietet es sich an, dass ein Graph die Verknüpfungen zwischen den einzelnen Individuen darstellt. Eine Epidemie verbreitet sich dann entlang der Kontakte, wie in einem sozialen Netzwerk, aus. Durch diesen Aufbau hat jedes Individuum eine kleine *Nachbarschaft*, mit welcher es auch in einer *normalen Rate* in Kontakt steht.

2 Interpretation von zufälligen Graphen

2.1 Definitionen

Man nehme nun das Standard SIR -Modell mit $E_{n,m}(\lambda, I)$ an, mit

- n zu Beginn anfälligen, gefährdeten Individuen, indiziert mit $-(m-1), -(m-2), \dots, n$
- m zu Beginn infizierte Individuen .
- I_j ($j = -(m-1), -(m-2), \dots, n$)
- $P_i = 1 - e^{-\frac{\lambda_i I}{n}}$ die Wahrscheinlichkeit, dass ein infiziertes Individuum i mit einem gesunden Individuum j kontakt hat
- λ Ansteckungsgefahr auf I_j (konstant) \Rightarrow für jedes angeordnete Paar $(i, j)(i \neq j)$, welches als zwei Punkte dargestellt ist, wird eine Pfeil von i nach j mit Wahrscheinlichkeit p_i gezeichnet.
- existiert ein Pfeil \Rightarrow „Wenn i jemals infiziert ist, so wird i in seiner infektiösen Phase mit j kontakt haben.“

Hierbei ist wichtig zu beachten, dass die Pfeile strenggenommen nicht unabhängig sind. Betrachtet man allerdings die Variablen I_j , also nur bestimmte Intervalle, so sind die Pfeile bedingt unabhängig auf die Infektionszeit anzunehmen.

Es fällt auf, dass bei dieser Definition die Zeit als Einflussvariable nicht berücksichtigt wird, deshalb definiert man sich ein Λ , welches nur auf dem angegebenen Intervall existiert.

Der eben beschriebene Aufbau eines zufälligen Graphen kann auch als *gerichteter Graph* bezeichnet werden (mit vorausgesetzter Verteilung, welche abhängig vom „Grad“ (=Anzahl der abgehenden Pfeile) ist). Nun gelte:

- $\Lambda(t) = \{f : [0, \infty] \rightarrow \mathbf{R}\}$
- $\Lambda_i(t)$ Infektiösität vom Individuum i zum Zeitpunkt t nach der Infektion, (iid)

2.2 Anwendung

Aus den obigen Definitionen folgt, dass die Wahrscheinlichkeit, dass ein infiziertes Individuum i in seiner infektiösen Phase mit Individuum j kontakt hat, durch folgende Formel ausgedrückt werden kann:

$$p_i = 1 - e^{(-\frac{1}{n} \int_0^\infty \Lambda_i(t) dt)}$$

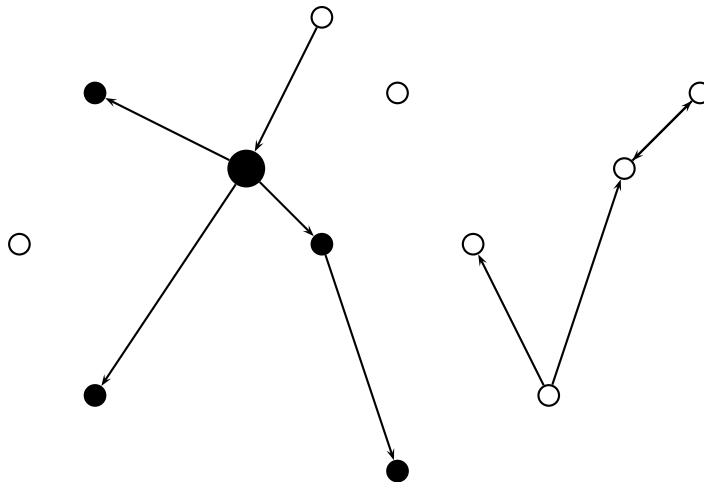
Beweis.

$$\begin{aligned} P(i \text{ infiziert } j \text{ nicht bis zur Zeit } t) &= 1 - P(i \text{ infiziert } j \text{ im Intervall } I) \\ 1 - e^{(-\frac{1}{n} \lambda I_i)} &= 1 - e^{(-\frac{1}{n} \int_0^\infty \Lambda_i(t) dt)} \end{aligned} \quad (1)$$

$$\text{da } \lambda I_i = \int_0^{I_i} \lambda dt$$

□

Mit Hilfe von diesen Bestimmungen ist es nun einfach auf die mittlere Reproduktion oder dem endgültigen Ergebnis einer Epidemie zu schließen. Der Unterschied zu bisherigen Annahmen ist, dass unser λ nicht als konstant vorausgesetzt werden muss, sondern im jeweiligen Intervall verschieden ist. Also kann die Infektiösität in einer infektiösen Phase unterschiedlich sein. Allerdings darf nicht vergessen werden, dass hier immer noch angenommen wird, dass die Population gleichmäßig gemischt ist, also jeder gleich gefährdet ist, was die realistische Anwendbarkeit einschränkt.



In der Abbildung auf Seite 2 wird ein Beispiel von einer homogen gemischten Population gezeigt. Der große schwarze Punkt stellt die Anzahl der zu Beginn infizierten Personen ($m=1$) dar. Die kleinen Punkte sind die *gefährdeten Individuen*, die schwarzen Punkte, sind die, die im Laufe der Studie angesteckt werden. Die nicht ausgefüllten Punkte, stehen für jene, die gesund bleiben.

3 Konstante Infektionszeit in Bernoulli-Zufällige-Graphen

Wenn die Infektionsperiode im Standard SIR-Modell konstant ist, braucht man für die Formulierung eines zufälligen Graphen die typischen Bernoulli-Zufälligen-Graphen.

3.1 Gegeben

- Menge bestehend aus N bestimmten Knoten
- p Wahrscheinlichkeit, dass eine Verbindung von zwei Knoten ohne Richtung besteht, iid
- D_i Grad eines Knotens (Anzahl abgehender Kanten)
- durchschnittliche Anzahl abgehender Knoten $\sim U(N-1, p)$ zur Einschränkung der Anzahl der Nachbarn, falls N groß wird
- $p = \frac{\beta}{N} (\beta > 0) \Rightarrow D_i \sim Poi(\beta)$, falls N groß (Gesetz der kleinen Zahlen)
- zwei Knoten i und j gehören zum gleichen *Komponent*, falls eine Verbindung zwischen ihnen besteht

Es ist klar, dass jeder zufällige Graph aus einer Anzahl von disjunkten Komponenten besteht.

3.2 Theorem

Satz 1. *Es gelte das $G(N,p)$ -Modell für zufällige Graphen. Angenommen, es gelte $p = p_N = \frac{\beta}{N}$, $N \rightarrow \infty$. Falls $\beta \leq 1$, dann wird ein zufällig ausgewählter Knoten zu einem Komponent mit Größe $O(1)$ gehören. Falls jedoch $\beta > 1$, dann konvergiert die relative Größe des größten Komponenten in Wahrscheinlichkeit zu einer Konstanten C , $0 < C < 1$, für $N \rightarrow \infty$. Also folgt, dass ein zufällig ausgewählter Knoten zu diesem größten Komponenten mit Wahrscheinlichkeit C gehört und er gehört zu einem Komponent der Größe $O(1)$ mit Wahrscheinlichkeit $1 - C$.*

3.3 Folgerung

Falls die Infektionswahrscheinlichkeit konstant ist, also $I \equiv \iota$ und die Wahrscheinlichkeit einen Pfeil von i nach j zu zeichnen für alle geordneten Paare $(i, j), i \neq j$ gleich ist, gilt, falls nur einer (wenn überhaupt) von den zwei Pfeilen für eine Krankheitsübertragung „benutzt“ wird, so kann man die zwei Pfeile auch als ungerichtete Kante zwischen i und j zeichnen. Die Bedeutung einer

solchen Kante lautet: Wenn i jemals infiziert wird, so auch j und umgekehrt. Mit dieser Definition und $N = n + m$ und $p = 1 - e^{-\frac{\lambda t}{n}}$ sind die Bedingungen für ein Model für zufällige Graphen erfüllt, mit welchem man nun auch Ergebnisse für einen epidemischen Prozess berechnen kann. Theorem 3.1 impliziert direkt, dass, falls die mittlere Reproduktion 1 übersteigt, steht die asymptotische Wahrscheinlichkeit einer starken Ausbreitung (Die Wahrscheinlichkeit, sich einen Knoten rauszusuchen, der zum größten Komponenten gehört) relativ zu der Größe einer starken Ausbreitung (die Größe des größten Komponenten).

Zu einem solchen Ergebnis kann man auch gelangen, indem man die Explosionswahrscheinlichkeit eines gerundeten, verzweigten Prozesses schätzt und das Ergebnis mit den Ergebnis der engültigen Größe der Gleichung vergleicht. Allerdings erhält man mit einer graphischen Annäherung eine bessere Einsicht in das Phänomen.

4 Epidemien und soziale Netzwerke

Bisher haben wir uns zum Berechnen des epidemischen Ausbruchs mit gerichteten und ungerichteten, zufälligen Graphen beschäftigt. Die Pfeile (Kanten) haben Kontakte zwischen den einzelnen Individuen dargestellt und die damit verbundene mögliche Weitergabe einer Krankheit. Nun werden wir zeigen, wie ein epidemischer Prozess anhand eines zufälligen Graph abläuft, wobei die Kanten eine Verbindung zwischen Individuen darstellen, diese Individuen nennt man *Nachbarn*. Zu Beginn werden die festen Verbindungen eines epidemischen Prozesses definiert. Darauf aufbauend können für größere Populationen Ergebnisse berechnet werden, falls das zu Grunde liegende Netzwerk aufgebaut ist wie ein Bernoulli-zufälliger Graph.

4.1 Epidemische Prozesse basierend auf festen Graphen

Man betrachtet nun eine abgeschlossene Population bestehend aus $N = n + m$ Individuen und stellt die Beziehung zwischen den einzelnen Nachbarn mit Hilfe eines ungerichteten Graphen G dar. Hierbei gilt: Es existiert eine Verbindung zwischen dem i ten und dem j ten Individuum genau dann, wenn i und j Nachbarn sind. Ein solcher Graph ist oft ein Ergebnis eines zufälligen Experiments. Man nehme nun an, dass die Struktur während eines epidemischen Ablaufs fest ist. Sei nun G die Adjazenzmatrix des Graphen G so, dass

$$G_{ij} = \begin{cases} 1 & i \text{ und } j \text{ sind verbunden} \\ 0 & \text{sonst} \end{cases}$$

Daraus folgt, dass G eine symmetrische, binäre Matrix $\in N \times N$ mit Nullen auf der Diagonalen ist.

Als nächstes definieren wir die Dynamik eines epidemischen Prozesses. Es seien zu Beginn m infizierte Individuen zufällig aus der Gesamtpopulation ausgewählt. Ein Individuum bleibt ansteckend für eine beliebig verteilte Zeitperiode I . In diesem Intervall hat dieses Individuum *enge Kontakte* mit jedem seiner Nachbarn gemäß der Knoten eines Poisson-Prozesses mit Parameter λ . Falls das kontaktierte Individuum gefährdet ist, so steckt sich dieses sofort an und wird damit ansteckend. Nach der Infektionsperiode genest das infizierte Individuum

wieder und ist ab diesem Zeitpunkt immun gegenüber neuen Infektionen. Alle Infektionsintervalle, sowie alle Poisson-Prozesse werden als voneinander unabhängig angenommen.

Man bezeichne nun folgende zwei verschiedene „Typen“ *anfällig* und *infektiös* mit X und Y . Im Allgemeinen setzen wir

$$A_i = \begin{cases} 1 & \text{das } i\text{te Individuum ist vom Typ A} \\ 0 & \text{sonst} \end{cases}$$

Man definiere sich dann eine Anzahl von Individuen, verbundenen Paaren und verbundenen Tripel mit gegebenen Eigenschaften:

$$[A]_n = \sum_{i=1}^{n+m} A_i \quad (2)$$

$$[AB]_n = \sum_{i,j=1}^{n+m} A_i G_{ij} B_j \quad (3)$$

$$[ABC]_n = \sum_{\substack{i,j,k=1 \\ i \neq k}}^{n+m} A_i G_{ij} B_j G_{jk} C_k \quad (4)$$

Beispielsweise ist $[XY]_n(t)$ die Anzahl der Nachbarn von i, j , falls zur Zeit t i anfällig und j infektiös ist. Falls die endgültige Anzahl von Nachbarn eines gegebenen Individuums beschränkt gehalten wird, sind alle obigen Größen $\in O(n)$. Man bemerke, dass $[AB]_n = [BA]_n$ und dass jedes Paar in $[AA]_n$ zweimal gezählt wird.

4.2 Bernoulli Netzwerke

Als Beispiel benutzen wir nun ein Bernoulli-Graphen-Modell als zugrundeliegendes Netzwerk. Setzt man dann $N = n + m$, die absolute Anzahl an Individuen, und $p = \frac{\beta}{n}$ (für $\beta \geq 0$). Für ein Ergebnis $G \in G(N, p)$ durchlaufen wir eine Epidemie, für welche einfachheitshalber angenommen wird, dass die Infektionsperiode exponentialverteilt ist mit Parameter γ . Für ein solches Modell kann die mittlere Reproduktion einfach berechnet werden. Wenn man nun ein infiziertes Individuum in eine anfällige Population, bestehend aus n Individuen „setzt“, so hat dieses Individuum im Durchschnitt β Nachbarn. Jeder dieser Nachbarn wird mit Wahrscheinlichkeit $\frac{\lambda}{\lambda + \gamma}$ angesteckt. Folglich ist

$$R_0 = \frac{\beta \lambda}{\lambda + \gamma} \quad (5)$$

Nachdem die grundlegenden Größen betrachtet wurden, wenden wir uns nun der zeitlichen Dynamik eines solchen Modells zu. Man nehme an, dass das Verhältnis von $\frac{m}{n}$ gegen eine nichttriviale Grenze μ geht, für $n \rightarrow \infty$.

Nehmen wir nun an, dass $\frac{[A]_n}{n}$, $\frac{[AB]_n}{n}$, $\frac{[ABC]_n}{n}$ alle gegen eine feste Grenze gehen für $n \rightarrow \infty$. Man bezeichne diese Grenzen als a , $[ab]$, $[abc]$, respektive.

Rand(1997) hat die folgenden Gleichungen hergeleitet:

$$\frac{dx}{dt} = -\lambda[xy], \quad (6)$$

$$\frac{dy}{dt} = \lambda[xy] + \gamma y, \quad (7)$$

$$\frac{d[xx]}{dt} = -2\lambda[xxxy], \quad (8)$$

$$\frac{d[xy]}{dt} = \lambda([xxxy] - [yxy] - [xy]) - \gamma[xy], \quad (9)$$

$$\frac{d[yy]}{dt} = 2\lambda([yxy] + [xy]) - 2\gamma[yy] \quad (10)$$

Als Beispiel zur Herleitung dieser Gleichungen beschreiben wir nun Gleichung (9), alle anderen können in ähnlicher Weise begründet werden.

Falls das Zentrale Individuum j in einer abgeschlossen Menge von drei Individuen XXY (i, j, k) vom Individuum k infiziert wird, bekommen wir ein XY -Paar (i, j). Auf der anderen Seite verlieren wir dadurch aber möglicherweise ein XY -Paar (j, k) auf drei verschiedene Möglichkeiten.

1. Das Individuum j in einer YXY -Dreiermenge (i, j, k) wird von i angesteckt,
2. k infiziert j direkt
3. k wird entfernt

Hieraus folgt nun direkt (9).

In unserem bisherigen System ist noch keine Beschreibung für die Dynamik der Zeit von den Variablen $[abc]$ abzulesen, deshalb ist es nicht sehr hilfreich. Glücklicherweise können die Gleichungen paarweise mit folgendem Hilfsmittel verbunden werden :

$$\mathbb{P}(A_i B_j C_k = 1) = \mathbb{P}(A_i = 1 \mid B_j C_k = 1) \mathbb{P}(B_j C_k = 1)$$

Aus der Formel für die bedingte Wahrscheinlichkeit folgt dann asymptotisch:

$$\begin{aligned} \mathbb{P}(A_i = 1 \mid B_j C_k = 1) &= \mathbb{P}(A_i = 1 \mid B_j = 1) \\ &= \frac{\mathbb{P}(A_i B_j = 1)}{\mathbb{P}(B_j = 1)} \end{aligned} \quad (11)$$

Nun setzen wir unsere obigen Überlegungen in unsere Gleichung ein, d.h. $\frac{\mathbb{P}(A_i B_j = 1)}{\mathbb{P}(B_j = 1)} = \frac{[ab]}{b}$, $\mathbb{P}(B_j C_k = 1) = [bc]$, folgt daraus:

$$[abc] = \frac{[ab][bc]}{b} \quad \forall a, b, c$$

Nun fügen wir diese Beziehung in unser obiges System ein und erhalten ein abgeschlossenes System mit fünf Variablen $x, y, [xx], [xy], [yy]$. Die Anfangswerte sind bestimmt durch $x(0) = 1, y(0) = \mu, [xx](0) = \beta, [xy](0) = \beta\mu, [yy](0) = \beta\mu^2$. Dieses System vereinfachen wir weiter. Zum Einen kann die Gleichung $[yy]$ weggelassen werden, da diese nicht in (6)-(10) gebraucht wird. Weiter

sieht man, dass wenn man die Differentialgleichung für x^2 mit der Differentialgleichung für $[xx]$ vergleicht folgt, dass $[xx] = \beta x^2$. Schließlich definieren wir noch $\hat{y} = \frac{[xy]}{y}$, die Anzahl der infizierten Nachbarn für ein typisch anfälliges Individuum. Daraus folgt dann:

$$\frac{d\hat{y}}{dt} = \frac{1}{x^2} \left(x \frac{d[xy]}{dt} - [xy] \frac{dx}{dt} \right) = (\beta\lambda x - \lambda - \gamma)\hat{y} \quad (12)$$

Beweis. Zuerst werden wir die Gleichung von rechts umformen, dann von links und uns am dann Ende in der Mitte treffen.

$$\begin{aligned} (\beta\lambda x - \lambda - \gamma)\hat{y} &= (\beta\lambda x - \lambda - \gamma) \frac{[xy]}{x} \\ &= \frac{\lambda[xy][xx]x}{xx^2} - \frac{\lambda[xy]}{x} - \frac{\gamma[xy]}{x} \end{aligned} \quad (13)$$

$$\begin{aligned} \frac{1}{x^2} \left(x \frac{d[xy]}{dt} - [xy] \frac{dx}{dt} \right) &= \frac{1}{x^2} (x\lambda([xxy] - [yxy] - [xy]) - \gamma[xy]) - [xy](-\lambda[xy]) \\ &= \frac{1}{x} (\lambda([xxy] - [yxy] - [xy]) - \gamma[xy]) + \frac{\lambda[xy][xy]}{x^2} \\ &\quad \text{mit } \frac{[xy][xy]}{x} = [yxy] \text{ ergibt sich} \\ &= \frac{1}{x^2} x\lambda[xxy] - \frac{\lambda[yxy]}{x} - \frac{\lambda[xy]}{x} - \frac{\gamma[xy]}{x} + \frac{\lambda[yxy]}{x} \\ &\quad \text{durch kürzen der Terme } \frac{\lambda[xy]}{x} \text{ und weiteren Umformungen} \\ &= \frac{\lambda[xy][xx]x}{xx^2} - \frac{\lambda[xy]}{x} - \frac{\gamma[xy]}{x} = (13) \end{aligned} \quad (14)$$

□

Das führt dann zu folgendem vereinfachten Differentialgleichungssystem:

$$\frac{dx}{dt} = -\lambda x \hat{y} \quad (15)$$

$$\frac{dy}{dt} = \lambda x \hat{y} - \gamma y \quad (16)$$

$$\frac{d\hat{y}}{dt} = (\beta\lambda x - \lambda - \gamma)\hat{y} \quad (17)$$

mit den zu Beginn definierten Anfangspunkten $x(0) = 1$, $y(0) = \mu$ und $\hat{y}(0) = \beta\mu$. Eine strenge Ableitung dieses Ergebnisses ist im Altmann (1998) aufgezeigt.

Für eine größenproportionale Gleichung τ , in welche das Verhältnis wie im Vortrag von Frau Geller und Frau Fisel beinhaltet ist, wird folgendermaßen beschrieben.

$$\frac{\lambda + \gamma}{\lambda} \log(x) = -\beta(1 + \mu - x) + \hat{y} \quad (18)$$

Beweis.

$$\begin{aligned}
\int_0^\infty \frac{(17)}{(15)} dx &= \int_0^\infty \frac{(\beta\lambda x - \lambda - \gamma)\hat{y}}{-\lambda x \hat{y}} \frac{d\hat{y}}{dx} = \int_0^\infty \frac{(\beta\lambda x - \lambda - \gamma)\hat{y}}{-\lambda x \hat{y}} dx \\
&= \int_0^\infty -\beta - \frac{1}{x} - \frac{\gamma}{\lambda x} dx \\
&= \int_0^\infty -\beta dx - \int_0^\infty \left(1 + \frac{\gamma}{\lambda}\right) \frac{1}{x} dx \\
&= \frac{\lambda + \gamma}{\lambda} \log(x)
\end{aligned}$$

□

Am Ende einer Epidemie gilt $\hat{y} = y = 0$, woraus folgt:

$$1 + \mu - \tau = e^{-\frac{\beta\lambda}{\lambda+\gamma}\tau} \quad (19)$$

Diese Gleichung ist von der gleichen Form wie die im Vortrag von Frau Geller und Frau Fisel. Die mittlere Reproduktion R_0 (5) kommt, wie gewünscht, in der Gleichung vor.

Es ist klar, dass es eine qualitative Differenz im Verhalten zwischen dem Standard SIR-Modell in einer gleichverteilt, gemischten Population (klein in der Pro-Kopf-Ansteckwahrscheinlichkeit, aber eine große Anzahl an Individuen, die in Kontakt stehen können) und das gleiche, epidemische Modell in einem sozialen Netzwerk (große Infektionswahrscheinlichkeit pro Kopf, aber nur eine kleine Anzahl von Individuen, die in Kontakt stehen können) gibt. Tatsächlich kann ein Individuum mit einer extrem großen Infektionsperiode eine große Anzahl von Individuen infizieren, falls die Population homogen und gemischt ist. In einem sozialen Netzwerk wird ein solches Individuum meistens alle Nachbarn anstecken, was vielleicht nur eine kleine Anzahl ist und wird auf der anderen Seite keinen Einfluss auf die Bandbreite der Krankheit haben. Um diese Gedanken zu begründen, muss zuerst das klassische Kermack-McKendrick Modell als Begrenzung von (18) für $\beta \rightarrow \infty$ ($\beta \hat{=}$ Anzahl der Nachbarn) und die Infektionsrate $\lambda \rightarrow 0$ ($\Rightarrow \beta\lambda \rightarrow b > 0$), benutzt werden. Mit (5) folgt

$$\frac{d}{dt} \left(\frac{\hat{y}}{\beta} - y \right) = -\gamma \left(\frac{\hat{y}}{\beta} - y \right) + R$$

wobei $R = -\frac{\lambda\hat{y}}{\beta}$ klein durch die Eigenschaften von λ und β festgeschrieben ist. Gronwall's-Ungleichung (Lemma 5.1) angewandt auf die Funktion $|\frac{\hat{y}}{\beta} - y|$ zeigt, dass $\frac{\hat{y}}{\beta}$ und y in ihren Beschränkungen übereinstimmen. Folglich ist die Variable \hat{y} uninteressant. Damit bleibt folgendes System bestehen:

$$\frac{dx}{dt} = -bxy, \quad (20)$$

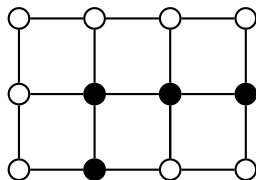
$$\frac{dy}{dt} = bxy - \gamma y, \quad (21)$$

welches wir als Kermack McKendrick-Modell wiedererkennen. Außerdem gilt, dass $R_0 = \frac{\beta\lambda}{\lambda+\gamma} \rightarrow \frac{b}{\gamma}$, was perfekt zu unseren Berechnungen von vorhin passt.

5 Das zweidimensionale Gitter

5.1 Epidemien als Partikelsysteme auf Gittern

Zu Beginn nehme man das zweidimensionale Gitter \mathbb{Z}^2 . Unser Graph G wird genau dann durch zeichnen einer Verbindung zweier Partikel $i, j \in \mathbb{Z}^2$ erhalten, wenn $|i - j| = 1$ gilt, sie also Nachbarn sind. Nun kann man einen epidemischen, markovischen Prozess wie in Abschnitt 3 auf G laufen lassen, man nehme hierbei o.B.d.A. an, dass $\gamma = 1$. Wir merken hierbei an, dass man keine Abfolge eines Prozesses eines immer größer und größer werdenden endlichen Graphen annimmt, sondern einen einzigen Prozess auf einem unendlichen Graphen. Wie so ein Graph aussieht, ist in folgender Abbildung ersichtlich (Das Gitternetz wird in jede Richtung unendlich fortgesetzt):



In unserem nächsten Abschnitt orientiert sich die Argumentation am Vorgehen von Cox und Durrett(1988). Dort werden wir die kritische Infektionsrate diskutieren, eine Anzahl, die sowohl mit der Anfangszahl als auch mit der asymptotischen Gestalt einer nicht aussterbenden Epidemie zusammenhängt.

5.2 Kritische Infektionsrate

Zum Erläutern der kritischen Infektionsrate werden wir zuerst einen gerichteten Graphen erstellen, um den Verlauf der Epidemie zu beschreiben, ohne Einfluss der zeitlichen Dynamik zu berücksichtigen. Wir wissen aus den obigen Gleichungen, dass ein gegebener Partikel i mit Mittelwert 1 infiziös sein wird (falls i jemals infiziert wird), falls die Infektionszeit als exponentialverteilt angenommen werden kann. Wenn i mit einem Nachbarn j während der infektiösen Phase Kontakt hat, sagt man, dass das gerichtete Paar (i, j) *offen* ist, ansonsten wird (i, j) als *geschlossen* definiert. Daraus folgt, dass C genau die Menge aller Knoten ist, die jemals infiziert werden, wenn wir mit der beginnenden Ansteckungsgefahr starten. Nun definieren wir uns die kritische Infektionsrate durch

$$\lambda_c = \inf\{\lambda : \mathbb{P}(|C| = \infty) > 0\} \quad (22)$$

Laut Definition gilt, dass ein großer Ausbruch eine positive Wahrscheinlichkeit hat, wenn $R_0 > 1$. Wenn also $0 < \lambda_c < \infty$ kann die mittlere Reproduktion einfach als $R_0 = \frac{\lambda}{\lambda_c}$ geschrieben werden (Diese Bezeichnung ist so in der Literatur noch nicht vorhanden). Es ist sehr schwer eine optimale Grenzen für λ_c , oder gleichermaßen die kritische Wahrscheinlichkeit $p_c = \frac{\lambda_c}{\lambda_c + 1} = \frac{\text{Rate des Ansteckens}}{\text{Rate des Genesens}}$ zu finden. Wenn man nun die sogenannte Null-Funktion und den Vergleichssatz von

Kuulasmaa (1982) benutzt, kann die Entwicklung wie folgt beobachtet werden. Für jede Teilmenge A von $\{i \in \mathbb{Z}^2 : |i| = 1\}$ sei

$$\phi(A) = \mathbb{P}(\text{alle Verbindungen } (0, i), i \in A, \text{ sind geschlossen})$$

Das führt dann zu

$$\phi(A) = \frac{1-p}{1-p+p|A|}, \quad \text{mit } p = \frac{\lambda}{\lambda+1}. \quad (23)$$

Wenn man nun p fixiert und zwei Durchflussprozesse mit den Null-Funktionen ϕ^0 und ϕ^1 definiert, mit den kritischen Wahrscheinlichkeiten p_c^0 respektive p_c^1 . Die erste Funktion wird durch Öffnen der unabhängigen Verbindungen mit Wahrscheinlichkeit p erzeugt. Also folgt offensichtlich

$$\phi^0(A) = (1-p)^{|A|}.$$

Das andere Extrem ist, dass man für jeden Partikel *alle* Verbindungen $(i, i+j)$, $|j| = 1$ mit Wahrscheinlichkeit p öffnet oder mit Wahrscheinlichkeit $1-p$ schließt. Also folgt:

$$\phi^1(A) = 1-p, \quad |A| \geq 1$$

Weiter lässt sich folgende Ungleichung leicht aus den gegebenen Formeln ableiten: $\phi^0(A) < \phi(A) < \phi^1(A)$, $\forall A$. Mit dem Satz über die Vergleichbarkeit folgt dann $p_c^0(A) < p_c(A) < p_c^1(A)$. Die Wahrscheinlichkeit $p_c^0 = \frac{1}{2}$, also fest (Vergleiche Kesten, 1982) im Gegensatz zu p_c^1 , welche nicht bekannt ist.

6 Ausblick

Besonders im Abschnitt 5 können viele Größen nur schlecht bestimmt oder beschränkt werden. Über einen Großteil der Werte lassen sich zwar Vermutungen anstellen, die entsprechenden Beweise dazu fehlen allerdings noch. So gibt es zum Beispiel noch keinen guten Schätzer für p_c^1 . Numerische Studien aus der Physik legen nahe, dass $p_c^1 \approx 0.5927$. Überträgt man das auf die Rate λ_c , so folgt $1 < \lambda_c < 1,4552$. Durch Simulationsstudien liefert Kuulasmaa ein engeres Koonfidenzintervall für λ_c . Danach liegt λ_c zwischen 1.12 und 1.25.

Literatur

- [1] Altmann, M.: The deterministic limit of infectious disease models with dynamic partner. *Math. Biosci.*, **150**,153-175. (1998)
- [2] Cox, J.T. and Durrett, R.: Limit theorems for the spread of epidemics and forest fires. *Stoch. Proc. Appl.* **30**, 171-191. (1988)
- [3] Kermack, W.O. and McKendrick, A. G.: A contribution to the mathematical theory of epidemics. *Proc. Roy. Soc. Lond. A* **115**, 700-721.
- [4] Kuulasmaa, K.: A The spatial general epidemic and locally dependent random graphs. *J. Appl. Prob.* **19**, 745-758. (1982)
- [5] Rand, D. A.: Correlation equations and pair approximations for spatial ecologies, in *Theoretical Ecology 2*. McGlade J., Ed., Blackwell Scientific Publishing. (1997)