

Entwicklung epidemiologischer Modelle

SIR Modellierung von SARS

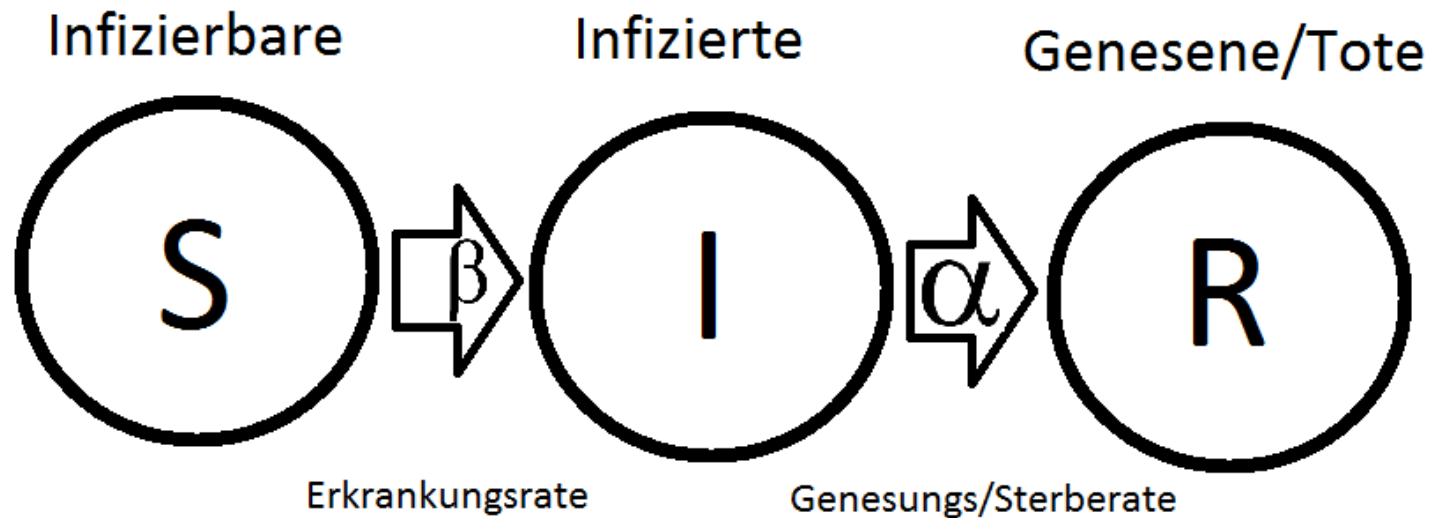
Inhalt

- Vorstellung des SIR Modells
- Explizites Euler Verfahren
- Programmierung mit MatLab
- Allgemeine Informationen zu SARS
- Vorbildstudie
- Erweiterung des SIR Modells
- Ausblick

Vorstellung des SIR Modells

- Einteilung der Gesamtbevölkerung (N) in
 1. Infizierbare (S)
 2. Infizierte (I)
 3. Genesene oder Tote (R)
- Übergangsraten
Erkrankungsrate $\beta =$
Ansteckungswahrscheinlichkeit (p) * Kontaktrate (c)
Genesungsrate α

Schaubild SIR Modell



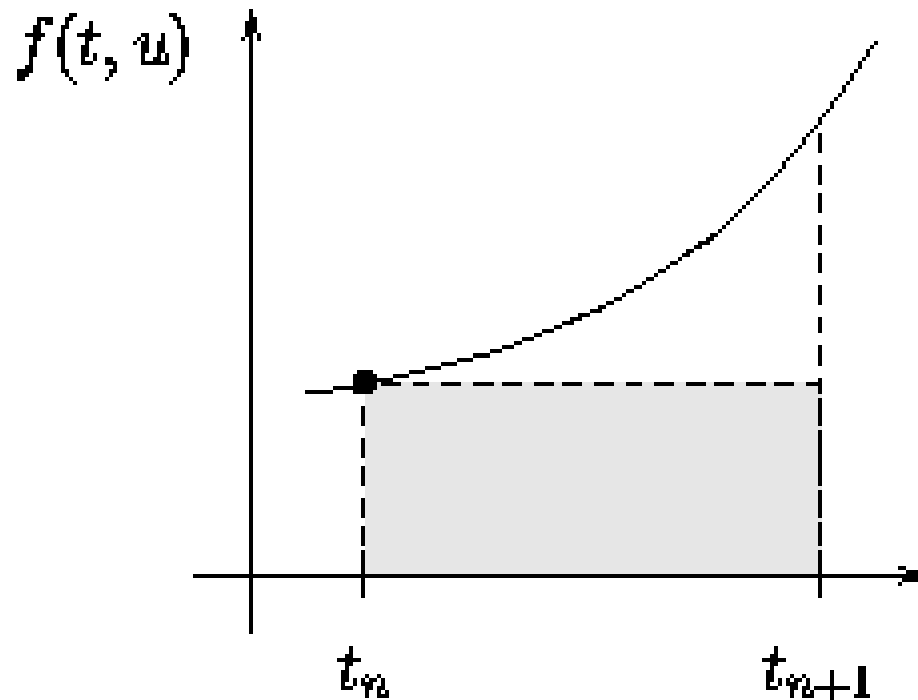
Resultierende Differentialgleichungen

- $S'(t) = -\beta IS$
 - $I'(t) = \beta IS - \alpha I$
 - $R'(t) = \alpha I$
-
- Annahme: Gesamtbevölkerung $(N) = \text{const}$
→ $N(t) = S(t) + I(t) + R(t)$

Explizites Euler Verfahren

- „Methode der kleinen Schritte“
- Computer können Integrale und Ableitungen nicht genau bestimmen, da sie theoretisch unendlich viele Rechenschritte zur exakten Lösung benötigen
 - Computer geben Näherung über vorgegebene Anzahl von Schritten an

Explizites Euler Verfahren



Programmierung mit MatLab

Zu beachten:

- Sinnvolle Benennung der Variablen (z.B. Infizierte)
- Realitätsnahe Ausgangswerte
- Ausgabewerte beachten

Programm

Variablen festlegen

```
Zeiteinheiten = 100;  
Zeitraite = 1;  
Zeitmatrix(1,:)= 0;  
Erkrankungsrate = 0.0001;  
Genesungsrate = 0.2;  
Ansteckbare_0 = 5000;  
Erkrankte_0 = 1;  
Genesene_0 = 0;  
Ansteckbare_t(1,:)= 0;  
Erkrankte_t(1,:)= 0;  
Genesene_t(1,:)= 0;  
Zeitmatrix(1,1)=1;  
Ansteckbare_t(1,1)= Ansteckbare_0;  
Erkrankte_t(1,1) = Erkrankte_0;  
Genesene_t(1,1) = Genesene_0;
```

Programm

for i = 1:Zeiteinheiten

Zeitmatrix(1,i+1)= i+1;

Ansteckbare_t(1,i+1) = Ansteckbare_t(1,i) + Zeirate * ((-Erkrankungsrate) *
Ansteckbare_t(1,i) *Erkrankte_t(1,i));

Erkrankte_t(1,i+1) = Erkrankte_t(1,i) + Zeirate * ((Erkrankungsrate) *
Ansteckbare_t(1,i) * Erkrankte_t(1,i) - (Genesungsrate * Erkrankte_t(1,i)));

Genesene_t(1,i+1) = Genesene_t(1,i) + Zeirate * (Genesungsrate *
Erkrankte_t(1,i));

end

Graphische Darstellung

```
subplot(1,3,1);
```

```
plot(Zeitmatrix,Ansteckbare_t)
```

```
subplot(1,3,2);
```

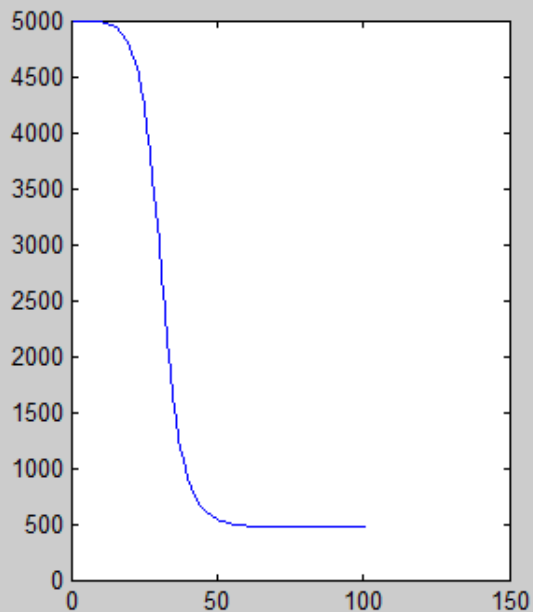
```
plot(Zeitmatrix,Erkrankte_t)
```

```
subplot(1,3,3);
```

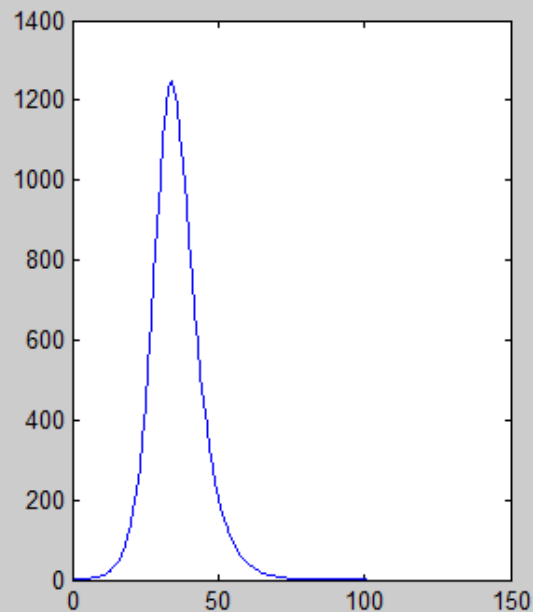
```
plot(Zeitmatrix,Genesene_t)
```

Graphische Darstellung

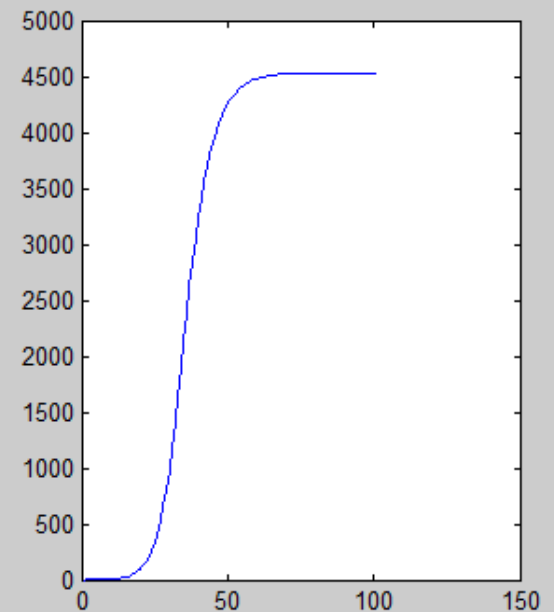
Ansteckbare



Erkrankte



Genesene/Tote



Allgemeine Informationen zu SARS

- Schweres akutes respiratorisches Atemwegssyndrom
- Symptome ähnlich einer schweren Lungenentzündung
- Hochansteckende Viruserkrankung, übertragen als Tröpfcheninfektion oder durch Körperkontakt
- Inkubationszeitraum 3-17 Tage
- Sehr widerstandsfähig → normale Hygienevorschriften wirkungslos → Hohe Erkrankungsrate bei Pflegepersonal
- Keine Möglichkeit, die Erkrankung schnell zu diagnostizieren (Schnelltests, etc. fehlen)
- Ausbruch in China Ende 2002, Ausrottung August 2003
- 774 Tote und 8098 Infizierte vor allem in Hong Kong, Singapur, Peking und Toronto

Vorbildstudie - Anwendung auf SARS

Vorbildstudie:

„Modelling strategies for controlling SARS outbreaks“,
20 October 2004,

Abba B. Gumel, Shigui Ruan, Troy Day, James Watmough, Fred Brauer, P. van den Driessche, Dave Gabrielson, Chris Bowman, Murray E. Alexander, Sten Ardal, JianhongWu und Beni M. Sahai

Ziel: Modellierung des SARS Ausbruches 2002 durch ein erweitertes SIR-Modell

Vorbildstudie – Zusammenstellung der Ergebnisse

- Quarantäne und Isolationsmaßnahmen sehr wirkungsvoll, wenn zeitnah und wirkungsvoll

→ Einführung der Reproduktionsrate:

R_0 = unkontrollierte Reproduktion

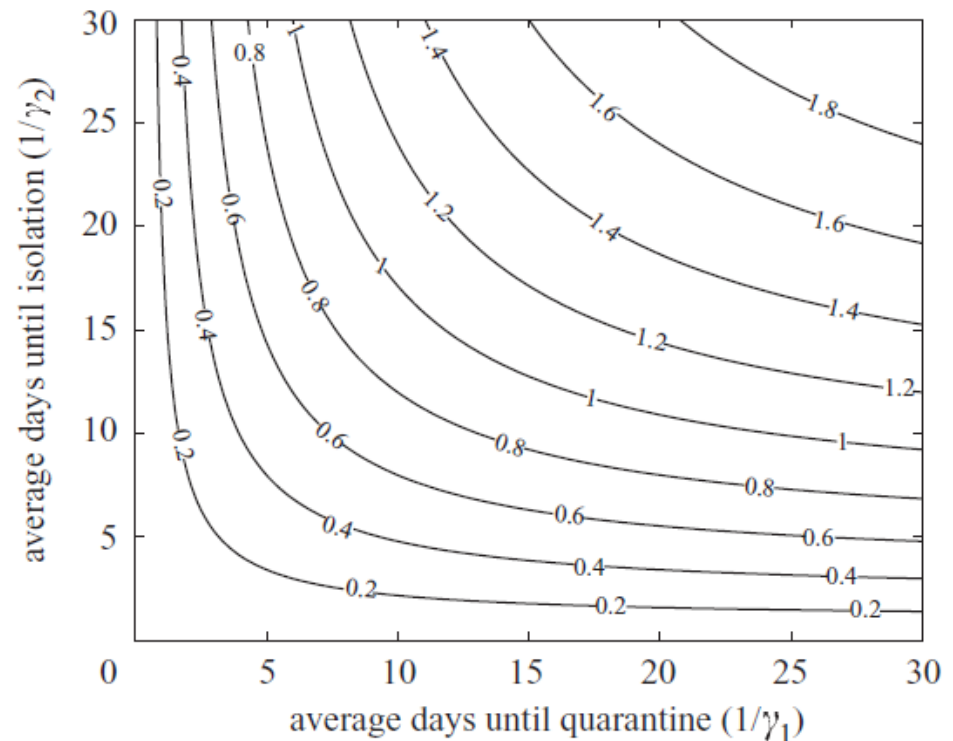
R_c = kontrollierte Reproduktion durch Quarantäne und Isolation

$R < 1$ → Krankheit stirbt aus

$R > 1$ → Krankheit bleibt in der Bevölkerung erhalten

Vorbildstudie – Zusammenstellung der Ergebnisse

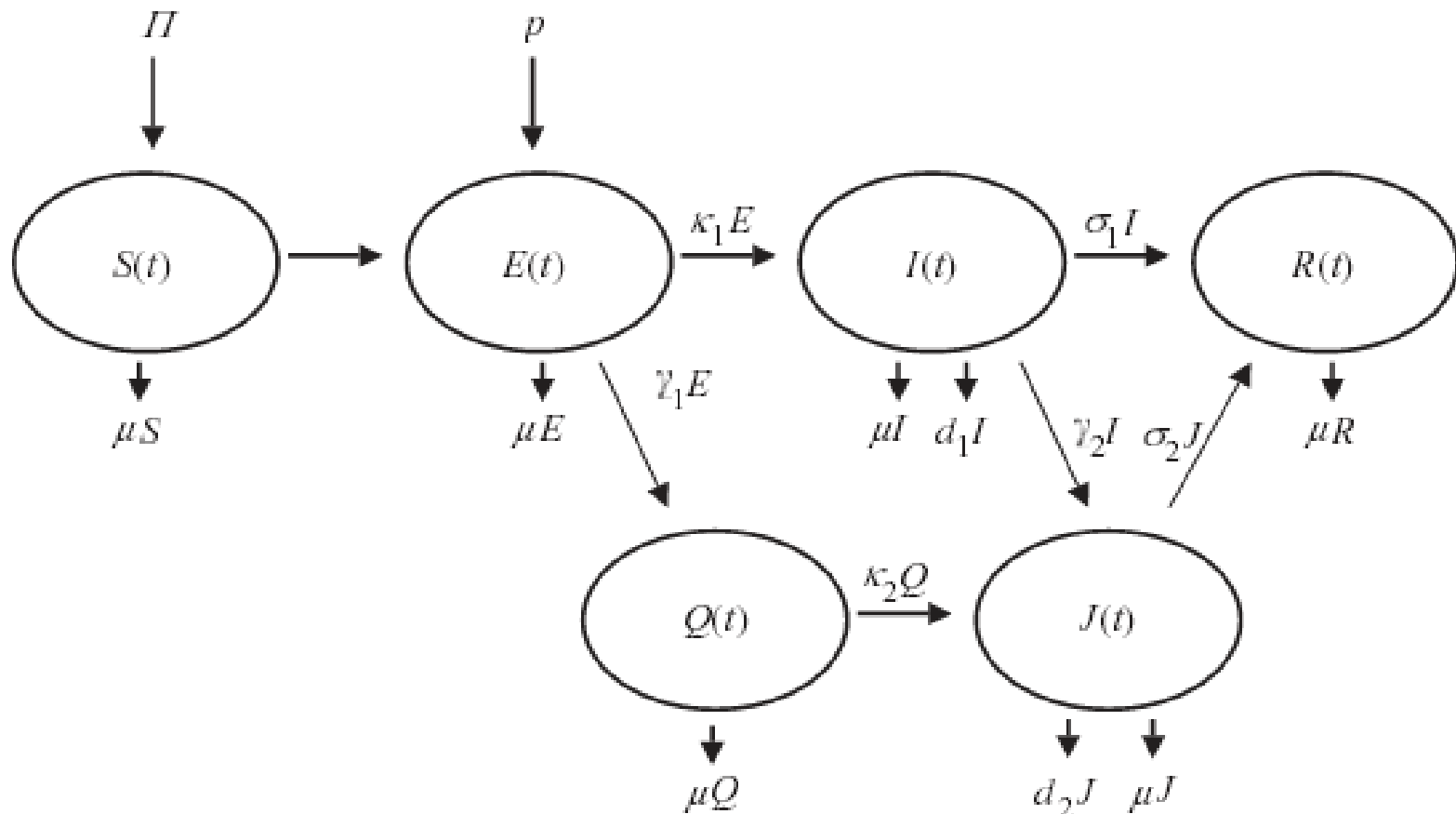
- Bei begrenzten Mitteln ist die Fokussierung auf Quarantäne oder Isolation am effektivsten



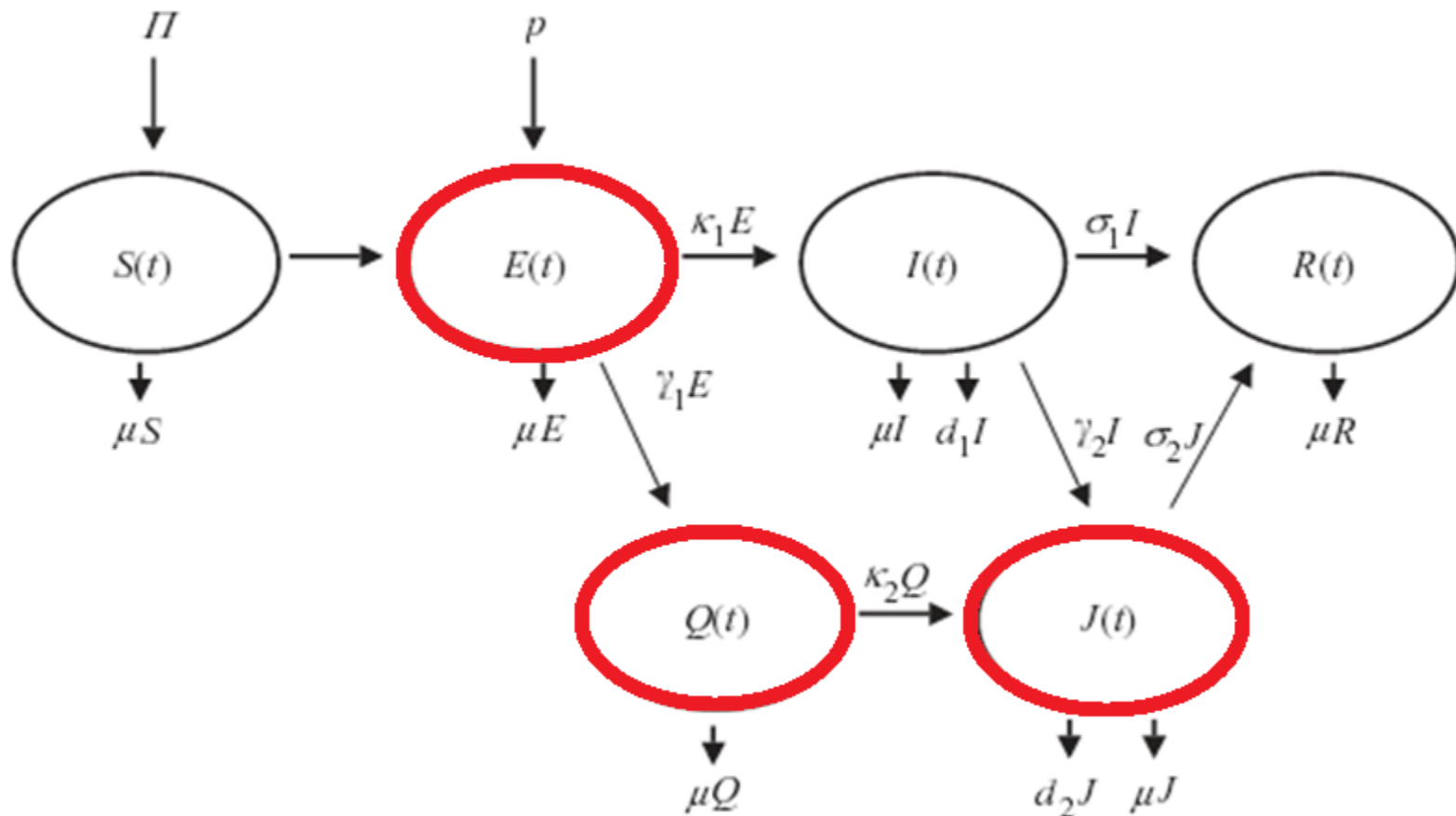
Erweiterung des SIR Modells

- Infizierbare (S)
- **Erkrankte ohne Symptome (E)**
- Erkrankte mit Symptomen (I)
- **Quarantäne (Q) => Personen, die Kontakt mit Infizierten hatten**
- **Isolierte (J)**
- Genesene (R)

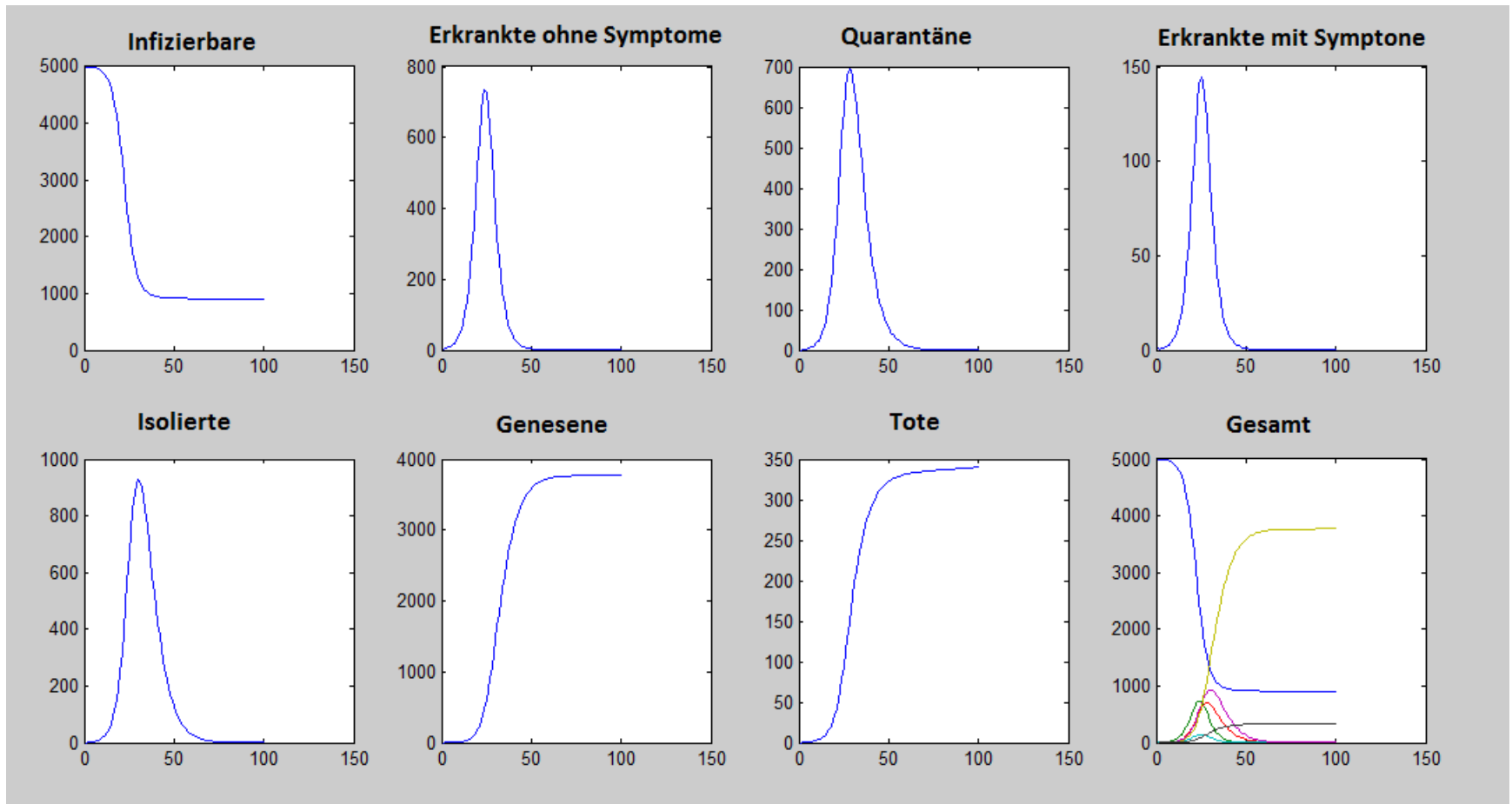
Erweitertes Schaubild



Erweitertes Schaubild



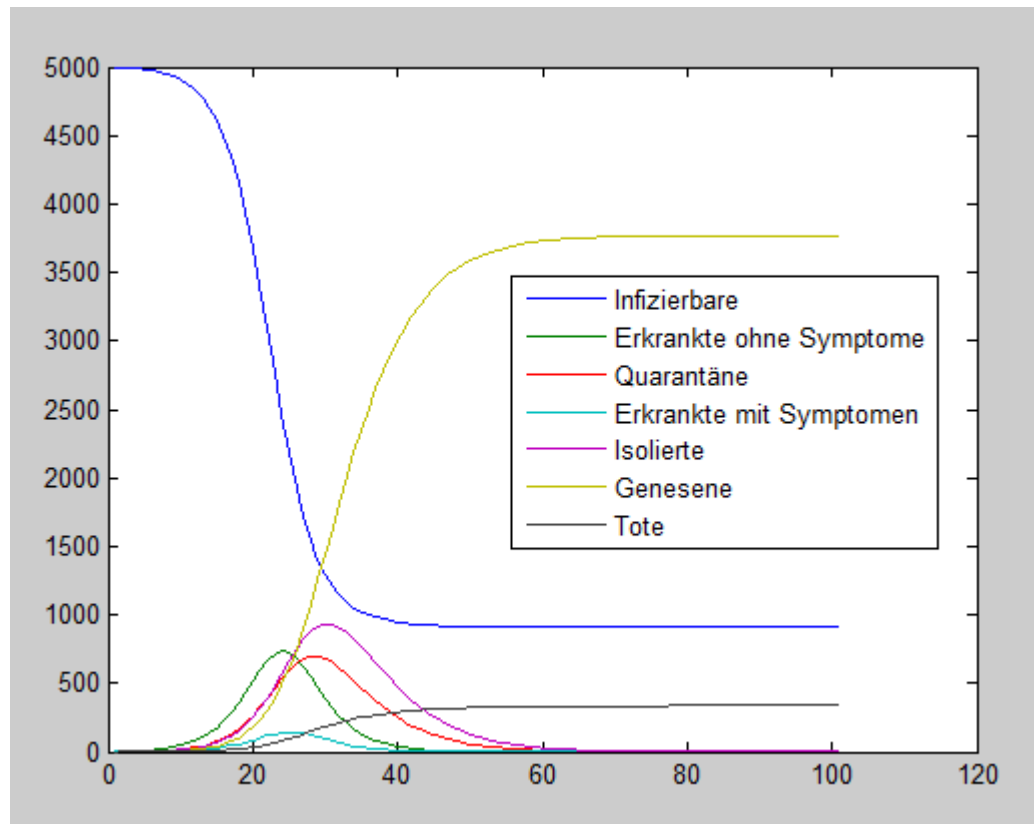
Plots



Gesamtplot

Befehl:

```
plot(Zeitmatrix,Ansteckbare_t,Zeitmatrix,Infizierte_t,Zeitmatrix,Isolierte_t,  
Zeitmatrix,Erkrankte_t,Zeitmatrix,Erkranktelsolierte_t,Zeitmatrix,Genesene_t,  
Zeitmatrix,Tote_t)
```



Ausblick

- Nachvollziehen der Studienergebnisse mit Hilfe des eigenen Programmes
- Modell erweitern durch die örtliche Krankheitsausbreitung (partielle Differentialgleichungen, Diffusionsprozesse)

$$\frac{\partial}{\partial t}u(x, t) - a\frac{\partial^2}{\partial x^2}u(x, t) = 0$$

Quellen

- „Introduction to Mathematical Epidemiology“
- „Modelling strategies for controlling SARS outbreaks“, 20 October 2004,

Abba B. Gumel, Shigui Ruan, Troy Day, James Watmough, Fred Brauer, P. van den Driessche, Dave Gabrielson, Chris Bowman, Murray E. Alexander, Sten Ardal, JianhongWu und Beni M. Sahai
- <http://www.exp.univie.ac.at/sc/ode/eulerexpl.png> (1.6.14)