

### 4.3 SIR Endemien

Bisher haben wir angenommen, dass die epidemiologische Dynamik auf einer schnelleren Zeitskala stattfindet als die Populationsdynamik des Wirtsorganismus. Über längere Zeiträume ist diese Sichtweise nicht mehr haltbar und wir müssen Geburten und (nicht durch die Krankheit bedingte) Tode mit in das Modell einbeziehen. Ausgehend vom SIR Modell erhalten wir dann die folgenden Gleichungen:

$$\dot{S}(t) = -\beta \frac{S(t)I(t)}{N(t)} + bN(t) - dS(t), \quad (1a)$$

$$\dot{I}(t) = \beta \frac{S(t)I(t)}{N(t)} - \gamma I(t) - dI(t), \quad (1b)$$

$$\dot{R}(t) = \gamma I(t) - dR(t), \quad (1c)$$

mit einer Rate  $d$  für von der Krankheit unabhängige Tode und einer Geburtenrate  $b$ . Dabei nehmen wir an, dass alle Neugeborenen suszeptibel sind. Wir nehmen auch an, dass sich Geburten in allen Kompartimenten  $S$ ,  $I$  und  $R$  mit der gleichen Rate ereignen. Das heißt insbesondere, dass alle Individuen in  $R$  noch am Leben sind und gegen die Krankheit immun – und nicht etwa an der Krankheit verstorben. Für die Dynamik der Gesamtpopulation ergibt sich dann

$$\dot{N}(t) = \dot{S}(t) + \dot{I}(t) + \dot{R}(t) = (b - d)N(t) \quad \Rightarrow \quad N(t) = N_0 \exp[(b - d)t]. \quad (2)$$

Ein exponentieller Anstieg oder Abfall ist über einen längeren Zeitraum natürlich unrealistisch. Wir brauchen also einen Mechanismus der Populationskontrolle. Die einfachste Lösung ist, dass wir annehmen, dass die Geburten- und Todesraten gleich sind,  $b = d$ . Wir können dann wieder zu den reskalierten Größen  $s = S/N$ ,  $p = I/N$  und  $r = R/N$  übergehen,

$$\dot{s}(t) = -\beta s(t)p(t) + b(1 - s(t)), \quad (3a)$$

$$\dot{p}(t) = (\beta s(t) - \gamma - b)p(t), \quad (3b)$$

$$\dot{r}(t) = \gamma p(t) - br(t). \quad (3c)$$

Mit der Randbedingung  $s(t) + p(t) + r(t) = 1$  ist das effektiv wieder ein 2-dimensionales dynamisches System. Wir machen die folgenden Beobachtungen:

- Im Unterschied zum SIR Modell ohne Populationsdynamik haben wir jetzt ein positives Wachstum der Suszeptiblen durch neue Geburten. Im Unterschied zum Räuber-Beute Modell (??) ist dies aber kein Wachstum pro Kopf ( $\sim s(t)$ ), sondern nimmt mit steigendem Anteil an Suszeptiblen  $\sim (1 - s(t))$  ab.
- Aus der Gleichung für  $\dot{p}$  sehen wir, dass der Anteil der Infektiösen wächst oder schrumpft bei

$$\dot{p}(t) \geq 0 \quad \Leftrightarrow \quad \mathcal{R}(t) = \frac{\beta s(t)}{\gamma + b} \geq 1 \quad (4)$$

Die effektive Reproduktionszahl  $\mathcal{R}(t) = \beta s(t)T_I$  ist wieder die erwartete Anzahl der Sekundärinfektionen mit Infektionsrate  $\beta s(t)$  und  $T_I = (\beta + b)^{-1}$  als erwarteter Infektionsdauer bis eine infizierte Person entweder wieder gesund wird (mit Rate  $\gamma$ ) oder stirbt (mit Rate  $b$ ). Entsprechend ist die Basisreproduktionszahl für den Punkt  $s(t) = 1$

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\beta}{\gamma + b}. \quad (5)$$

- Wir können die Dynamik wieder in der  $s$ - $p$  Ebene betrachten. Für  $p = 0$  erhalten wir die Bedingung  $b(1 - s(t)) = 0 \Rightarrow s(t) = 1$ . Damit ist

$$(s_1^*, p_1^*) = (1, 0)$$

der einzige Gleichgewichtspunkt auf dieser Achse. Für  $p > 0$  erhalten wir für  $\mathcal{R}_0 > 1$  ein weiteres Gleichgewicht bei

$$(s_2^*, p_2^*) = \left( \frac{1}{\mathcal{R}_0}, \frac{b}{\beta}(\mathcal{R}_0 - 1) \right).$$

- Für die Stabilität können wir wieder die Jacobimatrix betrachten,

$$\mathbf{J} = \begin{pmatrix} -\beta p - b & -\beta s \\ \beta p & \beta s - \gamma - b \end{pmatrix}. \quad (6)$$

Für  $(s_1^*, p_1^*)$  ist

$$\mathbf{J}(1, 0) = \begin{pmatrix} -b & -\beta \\ 0 & \beta - \gamma - b \end{pmatrix}. \quad (7)$$

Das krankheitsfreie Gleichgewicht ist (wie erwartet) stabil für  $\mathcal{R}_0 = \beta/(\gamma + b) < 1$ . Für das zweite, innere Gleichgewicht ist

$$\mathbf{J}\left(\frac{1}{\mathcal{R}_0}, \frac{b(\mathcal{R}_0 - 1)}{\beta}\right) = \begin{pmatrix} -b\mathcal{R}_0 & -\frac{\beta}{\mathcal{R}_0} \\ b(\mathcal{R}_0 - 1) & 0 \end{pmatrix} \quad (8)$$

mit Eigenwerten

$$\Lambda_{\pm} = \frac{-b\mathcal{R}_0 \pm \sqrt{b^2\mathcal{R}_0^2 - 4\beta b(1 - \mathcal{R}_0^{-1})}}{2}. \quad (9)$$

Für  $\mathcal{R}_0 < 1$  sind die Realteile beider Eigenwerte negativ und das Gleichgewicht ist stabil. Es kann sowohl ein stabiler Knoten sein als auch eine stabile Spirale (für höhere Infektionsraten  $\beta \gtrsim \gamma$ ).

Wie erwartet führen zusätzliche Geburten im SIR Modell also dazu, dass wir für  $\mathcal{R}_0 > 1$  nun ein stabiles internes Gleichgewicht haben, an dem es einen konstanten Anteil an Infktiosen in der Bevölkerung gibt. Die Krankheit ist damit *endemisch* geworden. Da meistens  $b \ll \beta$  ist, ist dieser Anteil in der Regel sehr klein. Er reicht aber oft als "Reservoir" aus, dass (vor allem bei hohem  $\mathcal{R}_0$ ) fast alle Individuen früher oder später infiziert werden. Das ist das typische Muster der hochansteckenden sogenannten "Kinderkrankheiten" mit lebenslanger Immunität, wie Masern ( $\mathcal{R}_0 \approx 12$ -13) oder Windpocken ( $\mathcal{R}_0 \approx 9$ -10).

## Impfungen

Im SIR Modell mit Geburten müssen wir berücksichtigen, dass typischerweise nicht einfach ein fester Anteil der Bevölkerung geimpft wird, sondern ein möglichst großer Prozentsatz an Kleinkindern bald nach der Geburt. Sei dieser Anteil wieder  $\kappa_I$ . Wenn wir annehmen, dass die Impfung so früh erfolgt, dass eine Infektion davor unwahrscheinlich ist, dann ändert sich das dynamische System (3) zu

$$\dot{s}(t) = -\beta s(t)p(t) + b(1 - \kappa_I - s(t)), \quad (10a)$$

$$\dot{p}(t) = (\beta s(t) - \gamma - b)p(t), \quad (10b)$$

$$\dot{r}(t) = \gamma p(t) - br(t) + b\kappa_I. \quad (10c)$$

Ein Anteil  $\kappa_I$  der Geburten führt also nicht mehr zu einem Zuwachs von  $s(t)$ , sondern direkt zu  $r(t)$ . Man kann zeigen (Übungsaufgabe), dass für das Erreichen der Herdenimmunität gerade wieder gelten muss

$$\kappa_I \geq \hat{\kappa}_I = 1 - \frac{1}{\mathcal{R}_0}. \quad (11)$$

Dabei ist  $\mathcal{R}_0$  der Wert aus dem Modell ohne angenommene Impfungen (5). In dieser Form ist das Resultat dann das gleiche wie beim SIS Modell und beim SIR Modell ohne Geburten (??). Es gilt also ziemlich allgemein.

## Übungsaufgaben 11

**Aufgabe 11.1** Endemisches SIR Modell mit Impfungen. Betrachte das durch die Gleichungen (10) definierte Modell.

- (a) Berechne alle Gleichgewichtspunkte und ihre Stabilität (Jacobi-Matrix).
- (b) Begründe die Gleichung für die Herdenimmunität.

**Aufgabe 11.2** Endemisches SEIR Modell. Wir erweitern das endemische SIR Modell aus der Vorlesung um eine Klasse  $E$  mit infizierten, aber noch nicht infektiösen Individuen während ihrer Latenzzeit (analog Aufgabe 10.2). Während dieser Zeit gibt es jetzt zwei unabhängige Risiken: Individuen werden mit Rate  $\delta$  infektiös und können mit einer Rate  $d = b$  sterben (letzteres wie in allen Kompartimenten).

- (a) Stelle wieder das System der Differentialgleichungen auf, sowohl für absolute Größen, als auch nach Reskalierung mit der Populationsgröße.
- (b) Wie groß ist dann die mittlere Aufenthaltsdauer in den Kompartimenten  $E$  und  $I$ ?
- (c) Begründe die folgende Formel für die Basisreproduktionszahl:

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\delta}{b + \delta} \frac{\beta}{b + \gamma}. \quad (12)$$

Was ist dann die genaue Definition von  $\mathcal{R}_0$ , wenn wir die Basisreproduktionszahl über die Sekundärinfektionen definieren wollen? Hinweis: Berechne dazu die Wahrscheinlichkeit, lebend durch Kompartiment  $E$  zu kommen.

- (d) Bestimme die Gleichgewichte und ihre Stabilität.