

## EINFÜHRUNG IN DIE MATHEMATISCHE MODELLIERUNG

# MODELLIERUNG EINER EPIDEMIEDYNAMIK AM BEISPIEL DER SCHWEINEGRIPPE

Dzubur Reicher Schmid

## 1 Einleitung

Die Schweinegrippe ist in aller Munde. Wie betrifft uns diese Epidemie und die wesentliche Frage: Können wir das Ausmaß der Epidemie erfassen und kontrollieren?

Unser Modellierungsprojekt befasst sich mit dem Thema Epidemiedynamik. Mit Hilfe eines ausgewählten mathematischen Modells wollen wir den Verlauf einer tödlichen Krankheit (H1N1) simulieren.

### 1.1 Was ist Influenza-A-Virus H1N1?

Es handelt sich hierbei um einen Subtyp des Influenzavirus, der bei Menschen, Schweinen sowie zahlreichen anderen Säugetierarten auftritt. Menschen und Schweine können von H1N1- Influenzaviren, welche sich durch die Spanische Grippe von 1918 etabliert haben, infiziert werden.

Bisher wurden laut World Health Organisation (Epidemic and Pandemic Alert and Response) weltweit aus 108 Ländern mehr als 55 800 Personen infiziert. 238 Todesfälle ereigneten sich auf Grund der Schweinegrippe. Die tödliche Epidemie forderte allein bis jetzt 115 Menschenleben in Mexiko.

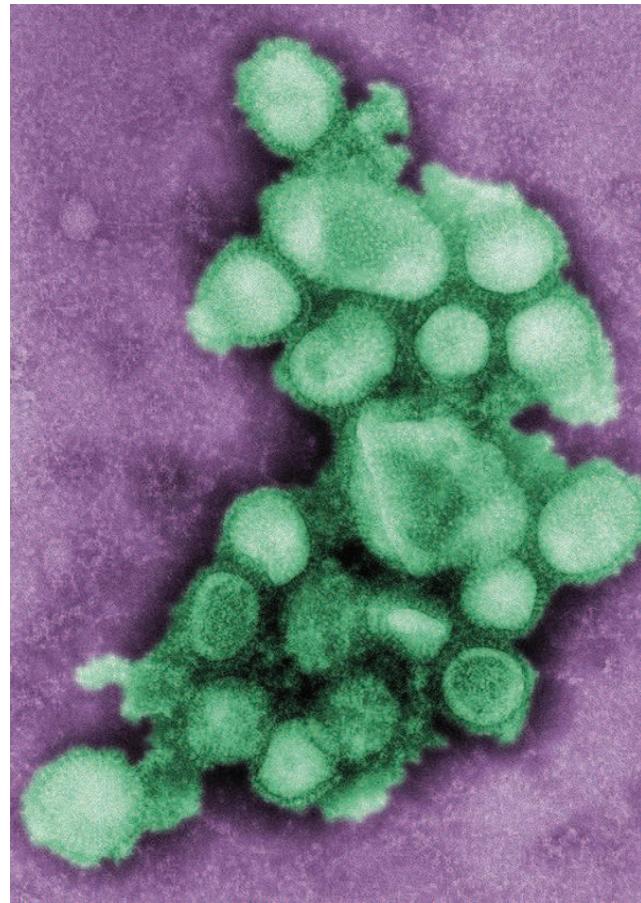


Abbildung 1: Der H1N1-Virus.

## 2 Ziel

Verschiedene Informationsquellen liefern Daten über die Schweineepidemie. Unter diesen Berichten befindet sich vor allem Material, das die Bevölkerung beängstigt und allgemeine Hysterie verursacht. Sind diese schockenden Berichterstattungen berechtigt? Unser Ziel ist es, solche Prognosen kritisch zu hinterfragen und Zukunftsszenarien mathematisch zu belegen/widerlegen.

Anhand verschiedener Strategien (mathematische Modelle) wollen wir das Ergebnis so gut wie möglich der Realität anpassen. Grafiken sollen die Annäherung zu realistischen Datensätzen visualisieren.

### **Charakterisierung unserer speziellen Situation:**

Kranke Personen infizieren gesunde Menschen. Wir setzen uns zum Ziel die Dynamik der Krankheit zu analysieren und ein Gleichgewicht zu berechnen.

### 3 Physikalische Grenzen

Die Weltbevölkerung stellt an sich die physikalische Grenze dar. Weiters spielen verschiedenste Faktoren eine große Rolle wie z.B.  $\alpha$  als Infektionsrate welche mitunter die Epidemiedynamik beeinflusst. Die Größen unserer Zustände nehmen auf den Hergang der Krankheit Einfluss. In folgender Grafik wird auf die Größe der Zustände Bezug genommen und indirekt der Verlauf der Epidemie gekennzeichnet.

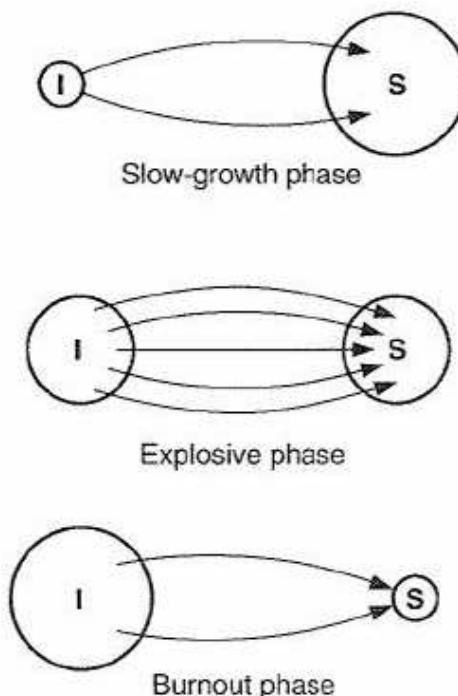


Figure 6.3. In logistic growth, the rate of new infections depends on the size of the susceptible and infected populations. When either population is small (top and bottom diagrams), new infections are rare. But when both populations are intermediate in size (middle diagram), infection rates are maximized.

Abbildung 2:

## 4 Angewandte Modelle

Die derzeitige Situation der Schweinegrippe erfordert eine mathematische Bearbeitung mit Hilfe des *SIR*-Modells. Wieso dieses Modell? Da es Tote gibt und Infizierte, die nicht geheilt werden können, ist die Anwendung des *SIS*-Modells nicht möglich. Die Schweinegrippe ist derzeitig nur in einem bestimmten Zeitintervall analysierbar und daher ist nur eine begrenzte Schlussfolgerung möglich. Heilmittel könnten die Situation erheblich verbessern und daher versuchten wir dies anhand des *SIS*-Modells zu demonstrieren. Dies führte zu keinem zufriedenstellenden Ergebnis.

### 4.1 Zum S-I-R Modell:

Wir beschreiben den Verlauf einer Infektion innerhalb einer Population anhand des SIR-Modells. Dabei nimmt man an es gäbe 3 Zustände, Infizierte, Infektiöse und Verstorbene, die selbstverständlich zeitabhängig sind. Jeder Mensch befindet sich zu jedem Zeitpunkt in einem dieser 3 Zustände. Das Modell sagt uns nun, wie lange sich eine Person im Mittel in den Verschiedenen Zuständen befindet, also mit welcher Geschwindigkeit der Übergang von einem Zustand in einen anderen Zustand stattfindet.

Diese 3 Zustände sind in unserem Fall:

**$S(t)$ ...Suszeptible (Infektiöse):**

Gesunde Personen, die für den Virus empfänglich sind.

**$I(t)$ ...Infizierte:**

Bereits angesteckte Personen, die den Virus in sich tragen und somit andere anstecken und die Infektion weiterverbreiten können.

**$R(t)$ ... Todesfälle:**

Verstorbene Personen, bilden Gruppe von Infizierten, die den Virus nicht mehr weiterverbreiten können.

Der Übergang erfolgt nach dem Schema:

$$\mathbf{S} \rightarrow \mathbf{I} \rightarrow \mathbf{R} \quad (1)$$

Wir nehmen an, die Populationsgröße  $N$  sei vor Ausbruch des Virus konstant, daher sind die Sterberate für natürliche Tode und die Geburtenrate zu jedem Zeitpunkt in etwa gleich groß. Damit unser Modell funktioniert, müssen wir aber auch während der Epidemie von einer konstanten Populationsgröße (also  $N(t) = N$ ) ausgehen. Da sich jeder Mensch zu jedem Zeitpunkt in einem der 3 Zustände befindet, zählen wir auch jene, die durch den Virus verstorben sind zur Population. Wir behandeln daher also das

Sterben durch den Virus wie einen Zustand, in dem sich die Bevölkerung befindet. Somit gilt

$$N = S(t) + I(t) + R(t) \quad (2)$$

### Mathematische Formulierung

Die mathematische Formulierung erfolgt durch Differentialgleichungen, die angeben, wie sich die Anzahlen der Personen im Laufe der Zeit verändern.

Die Verbreitung der Infektion ist durch das Zusammentreffen zwischen Infizierten und Infektiösen bedingt. Solche Kontakte sind von der Zahl der Personen in jeder der beiden Gruppen abhängig. Die Ausbreitungsgeschwindigkeit der Infektion, also der Wechsel von der Gruppe  $S$  zur Gruppe  $I$ , steht in Proportion zur Anzahl der Kontakte zwischen Gesunden und Kranken mit einer Proportionalitätskonstante  $\alpha$ .

$$S'(t) = -\alpha * S(t) * I(t) \quad (3)$$

Die Konstante  $\alpha$  ist die durchschnittliche Infektionsrate, sie hängt von einer Rate  $\lambda$  ab, mit der bei einem Kontakt die Krankheit übertragen wird und der Wahrscheinlichkeit, dass eine gesunde Person mit einer Infizierten zusammentrifft. Wir nehmen an, Kontakte zwischen Infizierten und Gesunden sind zufällig. Die Wahrscheinlichkeit, dass eine Person infiziert ist, ist  $I/N$  also Infizierte durch Populationsgröße. Mit genau dieser Wahrscheinlichkeit treffen Ansteckende und Gesunde zusammen. Also ist die Infektionsrate

$$\alpha = \lambda * \frac{I}{N}. \quad (4)$$

Mit eben demselben Abfall der Gesunden wächst die Anzahl der Infizierten, allerdings müssen wir davon noch diejenigen abziehen, die dem Virus erliegen. Die durchschnittliche Abfallrate der Infizierten ist eine Proportionalitätskonstante  $\beta$  (Sterberate).

$$I'(t) = \alpha * S(t) * I(t) - \beta * I(t) \quad (5)$$

Es gilt also, dass die Geschwindigkeit um ein Todesfall zu werden, proportional zur Anzahl der Infizierten ist, daher ist die dritte Differentialgleichung:

$$R'(t) = \beta * I(t). \quad (6)$$

Die Zeitdauer, in der jemand ansteckend ist, also zur Gruppe der Infizierten gehört, ist exponentiell verteilt mit dem Erwartungswert

$$\int_0^\infty e^{-\beta t} dt = \frac{1}{\beta}. \quad (7)$$

## Anfangsbedingungen

Zum Zeitpunkt  $t = 0$ , in dem der Virus ausbricht, gibt es logischerweise noch keine Toten durch diesen Virus, daher

$$R(0) = 0. \quad (8)$$

Damit sich die Infektion verbreitet, muss es am Anfang ansteckende und ansteckbare Personen geben, also

$$S(0) > 0, I(0) > 0. \quad (9)$$

Somit setzt sich die Population am Anfang nur aus Gesunden und Infizierten zusammen, demnach

$$N = N(0) = S(0) + I(0). \quad (10)$$

Da auch die Lösungen für Infektiöse, Infizierte und Todesfälle nicht negativ sind, muss wegen  $R'(t) = \beta * I(t)$  auch die Geschwindigkeit der Sterberate im Laufe der Epidemiedynamik größer Null sein. Was ja logischerweise bedeutet, je mehr sich die Infektion ausbreitet, desto mehr Todesopfer gehen auf ihre Rechnung. Also

$$R'(t) > 0. \quad (11)$$

## Grenzwerte

Für die Zeiten  $t > t_1 > 0$  wird bei einem tödlichen Virus ja die Anzahl der gesunden Menschen abnehmen, das heißt

$$S(t) > S(t_1) > S(0). \quad (12)$$

Da  $S(t)$  kontinuierlich ist und nur nicht-negative Werte annehmen kann, muss für diese monoton fallende Folge ein Grenzwert für  $t$  existieren.

$$\lim_{t \rightarrow \infty} S(t) = S(\infty) \quad (13)$$

Wir wissen, dass

$$I'(t) = \alpha * S(t) * I(t) - \beta * I(t) = I(t) * (\alpha * S(t) - \beta). \quad (14)$$

Wenn nun  $\alpha * S(0) < \beta$  ist, so ist  $I'(t)$ , also die Geschwindigkeit der Infektion, immer kleiner Null. Also existiert ein kritischer Punkt  $\beta/\alpha$  für die  $S$ -Personen  $\beta_0 = \alpha * S(0)/\beta$ , der erreicht werden muss, damit sich die Infektion verbreitet.

Ist  $\beta_0 < 1$ , so gilt immer  $I'(t) < 0$  und die Infektion löscht sich aus.

Ist aber  $\beta_0 > 1$ , hat man eine Epidemie und bei  $\beta_0 \geq 1$  ist ein Übergewicht der Krankheit möglich.

Da es sich in unserem Fall, da es sich um einen tödlichen Virus handelt, muss die Anzahl der Todesfälle logischerweise ansteigen, sie kann aber immer nur kleiner oder gleich der Gesamtpopulation  $N$  sein (gleich genau dann, wenn keiner überlebt). Demnach ist  $R(t)$  ebenso monoton und beschränkt, also existiert auch hier ein Grenzwert

$$\lim_{t \rightarrow \infty} R(t) = R(\infty) \quad (15)$$

Dieser muss eben in unserem Fall genau gegen  $N$  konvergieren.

Sowie auch für  $I$

$$\lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = I(\infty) \quad (16)$$

Mit diesem Grenzwert findet man eine Größe

$$\frac{I(\infty) + R(\infty)}{N} \quad (17)$$

die den Grad zeigt, wie sich die Infektion verbreitet hat.

Dividieren wir  $S'(t)$  durch  $R'(t)$  erhält man

$$\frac{\partial S}{\partial R} = -\frac{\alpha}{\beta} * S. \quad (18)$$

Da es sich deshalb um eine Exponentialfunktion handeln muss, erhalten wir also

$$S(R(t)) = S(0) * e^{-\frac{\alpha * R(t)}{\beta}} \quad (19)$$

wobei  $S(0)$  die Anzahl der gesunden Personen zur Zeit  $t = 0$  darstellt.

Da  $R(t)$  logischerweise immer  $\leq N$  ist, muss

$$S(t) \geq S(0) * e^{-\frac{\alpha * N}{\beta}} \quad (20)$$

gelten.

Das heißt, dass die Anzahl der gesunden Personen für  $t \mapsto \infty$   $S(\infty) > 0$  ist. Mit anderen Worten bedeutet das, dass es immer irgendwo gesunde Personen gibt.

Man kann auch durch die Differentialgleichungen die Lösung von  $I$ , abhängig von  $S$  lösen

$$\frac{\partial I}{\partial S} = 1 + \frac{\beta}{\alpha * S} \quad (21)$$

mit der Lösung

$$I(S(t)) = -S(t) + \frac{\beta}{\alpha} * \ln(S(t)). \quad (22)$$

Mit  $S(t) \mapsto S(\infty) > 0$  und  $I(t) \mapsto 0$  für  $t \mapsto \infty$  und mit der oben erhaltenen Formel für  $S(R(t))$  erhält man die nichtlineare Gleichung

$$S(\infty) = S(0) * e^{\frac{-\alpha}{\beta} * (N - S(\infty))} \quad (23)$$

Mit dieser Gleichung kann man näherungsweise  $S(\infty)$  bestimmen und damit auch  $R(\infty) = N - S(\infty)$  berechnen und damit die Verbreitung der Infektion messen.

### Die Lösung von $R(t)$

Die eigentlich einzig messbare Anzahl ist die der Verstorbenen. Die Differentialgleichung für  $R(t)$  ist nicht einfach zu lösen. Man kann sie numerisch oder mit analytischen Approximationen lösen. Wenn  $S(t)$  und  $I(t)$  und das konstante  $N$  bekannt sind, hat man für  $R$  die Differentialgleichung

$$R'(t) = \beta * (N - R(t) - S(t)) = \beta * (N - R(t) - S(0)) * e^{-\frac{\alpha * R(t)}{\beta}} \quad (24)$$

Man kann also dafür eine analytische Näherung der Lösung machen. Wenn man annimmt, dass  $\frac{\alpha * R(t)}{\beta}$  klein ist, kann man die Approximation

$$e^{-x} \approx 1 - x + \frac{x^2}{2} - \dots \quad (25)$$

machen und man bekommt die Näherung der Lösung:

$$R(t) \approx a + b * \tanh(c * (t - t_0) + d) \quad (26)$$

mit den Konstanten

$$a = \rho * \frac{N - 1 - \rho}{n - 1} \quad (27)$$

$$b = \frac{\rho}{n - 1} * \sqrt{(N - 1 - \rho)^2 + 2 * (N + 1)} \quad (28)$$

$$c = \frac{\beta}{2 * \rho} * \sqrt{(N - 1 - \rho)^2 + 2 * (N + 1)} \quad (29)$$

$$d = c * t_0 - \operatorname{arctanh}\left(\frac{a}{b}\right) \quad (30)$$

Hierbei ist

$$\rho = \frac{\beta}{\alpha} \quad (31)$$

die relative Removal Rate. Die Krankheit ist zur Zeit  $t = 0$  ausgebrochen und die Beobachtung hat zur Zeit  $t = t_0$  begonnen. Zur Zeit Null gibt es klarerweise noch keine Toten, also  $R(0) = 0$  und nur eine infizierte Person, von der der Virus ausgeht, also  $I(0) = 1$ .

## 4.2 Zum S-I-S Modell:

Nachdem wir uns zuerst angesehen haben, was passieren würde, wenn es keine Heilmittel gäbe für unseren Virus, beschäftigen wir uns nun mit einer anderen Annahme, bei der wir von einer Genesung der Infizierten durch ein geeignetes Heilmittel ausgehen.

In diesem Fall eignet sich das *SIS*-Modell am ehesten um die Annahme anzunähern. Bei diesem Modell gibt es nun nur mehr 2 Gruppen, die gesunden Personen  $S$  und die infizierten Personen  $I$ . Nach dem Heilungsprozess wechseln die Infizierten wieder in die Gruppe der Gesunden und sind damit wieder empfänglich für das Virus. Somit hat das Modell folgende Form:

$$S \rightarrow I \rightarrow S \quad (32)$$

### Mathematische Formulierung

Wie bereits im *SIR*-Modell macht auch beim *SIS*-Modell eine Mischung der Gruppen  $S$  und  $I$  die Verbreitung der Infektion aus, und wieder sind die Kontakte abhängig von der Anzahl der Individuen in jeder Gruppe mit der Proportionalitätskonstante  $\alpha$ .

Nach diesem Modell sehen unsere Differentialgleichung für die Änderungsraten für  $S$  und  $I$  wie folgt aus:

$$S'(t) = \mu_1 * N - \alpha * S(t) * I(t) - \mu_2 * S(t) + \gamma * I(t) \quad (33)$$

$$I'(t) = \alpha * S(t) * I(t) - \mu_2 * I(t) - \gamma * I(t) \quad (34)$$

$\mu_1 * N$  stellt die Anzahl der Neugeborenen pro Zeiteinheit dar. Wieso wir wieder von einer konstanten Bevölkerung ausgehen ist diesem eigentlich klar, wird aber noch erläutert. Dass man  $\mu_1$  mit  $N$  und nicht mit  $S$  multipliziert, heißt, dass auch infizierte Frauen Kinder kriegen können. Wir gehen aber davon aus, dass die Säuglinge dadurch nicht mit dem Virus angesteckt werden, sondern nur möglicherweise mit Folgekrankheiten geboren werden.

Die Anzahl der verstorbenen Individuen in jeder Gruppe pro Zeiteinheit werden durch  $\mu_2 * I$  und  $\mu_2 * S$  dargestellt. Wenn wir von Heilung ausgehen ist es gerechtfertigt mit der gleichen Konstante zu multiplizieren, da sie ja dann nicht mehr tödlich ist. Damit ist  $\mu_2$  die nur für Gesunde und Infizierte gleich wahrscheinliche Rate von Todesfällen, die nicht durch den Virus verursacht werden.

Man nimmt hier  $\mu = \mu_1 = \mu_2$  an und somit ist also die Gesamtpopulation wieder konstant (wie wir uns bereits logisch überlegt haben).

Die infizierten Personen werden mit einer Geschwindigkeit  $\gamma$ , die in Proportion zu  $I(t)$  steht, wieder gesund. Also ist  $1/\gamma$  der Erwartungswert der Krankheitsdauer, ebenso wie für unser  $\beta$  im *SIR*-Modell, also

$$\int_0^\infty e^{-\gamma t} dt = \frac{1}{\gamma}. \quad (35)$$

Die zu lösende Differentialgleichung lautet

$$I'(t) = \alpha * (N - I(t)) * I(t) - \mu * I(t) - \gamma * I(t) \quad (36)$$

$$= (N * \alpha - (\mu + \gamma)) * I(t) * (1 - I(t)/(N * (1 - (\mu + \gamma)/(N * \alpha)))) \quad (37)$$

Wenn man die 3 Variablen  $r$ ,  $B_0$  und  $K$  einführt, als

$$B_0 = N * \frac{\alpha}{\mu + \gamma} \quad (38)$$

$$r = N * \alpha * (1 - \frac{1}{B_0}) \quad (39)$$

$$K = N * (1 - \frac{1}{B_0}) \quad (40)$$

sieht man das logistische Wachstum

$$I'(t) = r * I(t) * (1 - \frac{I(t)}{K}) \quad (41)$$

Ist  $B_0 > 1$ , dann sind auch  $r > 0$ ,  $K > 0$ , und damit wird  $I$  sich  $K$  nähern, also geht  $I'(t)$  gegen Null, genau wie man es sich vom logistischen Wachstum erwartet.

Ist  $B_0 < 1$ , so sind auch  $r < 0$ ,  $K < 0$  und somit  $I'(t) < 0$  und dann geht  $I$  gegen Null.

Weil  $K = N * (1 - \frac{(\mu+\gamma)}{(N*\alpha)}) < 0$  sehr unrealistisch ist, kann man als Folgerung nehmen, dass es einen Grenzwert  $I(\infty) > 0$  geben muss.

Die Gleichung hat die Lösung

$$I(t) = \frac{K}{1 + (\frac{K}{I(0)} - 1) * e^{-rt}}. \quad (42)$$

Mit diesem Grenzwert findet man eine Größe

$$\frac{I(\infty) + R(\infty)}{N} \quad (43)$$

die den Grad zeigt, wie die Infektion sich verbreitet hat.

### 4.3 Zum Programm

Das folgende Programm basiert auf dem *SIR*-Modell

$$S \xrightarrow{\alpha} I \xrightarrow{\beta} R \quad (44)$$

aus Gleichung (24) folgt

$$R'(t) = \beta * (N - R(t)) - (N - R(0) - I(0)) * e^{-\frac{R(t)}{\rho}} \quad (45)$$

mit

$$\rho = \frac{\beta}{\alpha} \quad (46)$$

wobei wie vorhin beschrieben  $R(0) = 0$  und  $I(0) = 1$  gilt.

Durch diese Annahmen haben wir wie bereits beschrieben, die analytische Näherung erhalten. Wir nehmen an, dass die Krankheit zur Zeit  $t = 0$  ausgebrochen ist und Messdaten in der Form  $(z(i), R(z(i)))$  zur Verfügung stehen, wobei  $z(i)$  die Zeit nach Beobachtungsbeginn bezeichnet.

Nicht bekannt sind also:

1. Die Infektionsrate  $\alpha$  sowie die Sterberate  $\beta$
2. Deren Verhältnis zueinander  $\rho = \frac{\beta}{\alpha}$
3. Die Gesamtpopulation  $N$

Die Gesamtpopulation  $N$  beträgt in unserem Fall 6,7 Mrd. Dadurch erhält die Parameter-Indifikation, die sehr schwierig ist, eine gewisse Auflösung.

Startwerte zur Parameter-Indifikation sind vorzugeben (wie eben  $N=6,7$  Mrd), dann kann man die Lösungskurven mit Hilfe der Fehlerquadratmethode an die Messdaten anzupassen. Da von einer linearen Approximation ausgegangen wird, gehen wir von einem Polynom  $p(x) = ax + b$  aus, welches durch unsere Messdaten genähert wird

$$F(a, b) = \sum_{i=1}^m (p(x_i) - f_i)^2 = \sum_{i=1}^m (ax_i + b - f_i)^2. \quad (47)$$

Dabei ist  $F$  quadratisch in  $(a, b)$ . Damit  $F$  minimal wird, ist also notwendig und hinreichend, dass:

$$\frac{\partial F}{\partial a} = 2 \sum_{i=1}^m x_i (ax_i + b - f_i), \quad \frac{\partial F}{\partial b} = 2 \sum_{i=1}^m (ax_i + b - f_i) \quad (48)$$

Dazu kann ganz einfach in MATLAB der Befehl *lsqcurvefit* benutzt werden.

Gestartet wird mit dem vom Benutzer eingegebenen Wert für  $N$  sowie den angenommenen Werten  $\beta = 0.3$  und  $\rho = 0.8$ .

### 4.3.1 Matlab-Code

```

1
2 function y = SIR(parameter, data)
3
4   global N;
5
6   beta = parameter(1);
7   rho = parameter(2);
8
9   a = rho * (N - 1 - rho) / (N - 1);
10  b = rho / (N - 1) * sqrt((N - 1 - rho)^2 + 2 * (N - 1));
11  c = beta / (2 * rho) * sqrt((N-1-rho)^2 + 2 * (N - 1));
12  d = -atanh(a / b);
13
14  y = zeros(length(data), 1);
15
16  for k=1:length(data)
17    y(k) = a + b * tanh(c * data(k) + d);
18  end
19
20 end

```

Listing 1: Matlab-Code Funktion

```

1
2
3
4
5
6 clear all;
7 close all;
8
9 global N;
10
11 %% Settings
12
13 N = 6705000000;
14
15 % dead people over time
16 R = ...
17 [ 0, 0, 0, 8, 8, 8, 8, 10, 17, 20, 26, ...
18 30, 31, 44, 46, 48, 49, 53, 61, 61, 65, 65, ...
19 72, 72, 74, 79, 80, 85, 86, 86, 91, 91, 92, ...
20 95, 95, 99, 99, 99, 115, 115, 117, 117, 125, 125, ...
21 125, 139, 139, 139, 141, 144, 145, 145, 145, 163, ...

```

```

22    167, 167, 180 ] ;
23
24 % Time
25 t = 0:1:length(R) - 1;
26
27 M = length(R) ;
28
29 % Initial values for beta and rho
30 rho = 0.8 * N;
31 beta = 0.3;
32
33 % Create optimization structures
34 options = optimset( 'lsqcurvefit' );
35 optionsn = optimset( options , 'TolX',1e-6, ...
36                               'MaxIter',4000, ...
37                               'MaxFunEvals',8000) ;
38
39
40
41 upper_bound = [N N-1];
42 lower_bound = [0 0] ;
43
44 parameters = [beta rho];
45
46 % Solve non-linear least square problem with the sir function
47 [parameters , resnorm , resid , exitflag] = lsqcurvefit( 'SIR' , ...
48                               parameters
49                               , ...
50                               t , ...
51                               R' , ...
52                               lower_bound
53                               , ...
54                               upper_bound
55                               , ...
56                               optionsn );
57
58
59 rho = parameters(2);
60 beta = parameters(1);
61
62 alpha = beta / rho;
63
64 % Solve the differential equation
65 N_s = num2str(N);
66 alpha_s = num2str(alpha);

```

```

64 beta_s = num2str(beta);
65 rho_s = num2str(rho);
66
67
68 t_max = 1.1 * t(M);
69 k = round(M/3);
70 t_k = t(k);
71 R_k = R(k);
72
73
74 dot_s = [ '[-', alpha_s, '.*u(1).*u(2);', ...
75           alpha_s, '.*u(1).*u(2)-', ...
76           beta_s, '.*u(2);', ...
77           beta_s, '.*u(2)] '];
78
79 udot = inline(dot_s, 't', 'u');
80 vdot = inline([beta_s, '*(', ...
81               N_s, '-v-', ...
82               N_s, '-1)*exp(-v/ ', ...
83               rho_s, ')'), 't', 'v');
84
85 [T_u, U] = ode45(udot, [0 t_max], [N-1; 1; 0]);
86 [T_v, V] = ode45(vdot, [0 t_max], 0);
87
88 %% Plots
89
90 figure
91 plot(T_u, U(:, 2), 'g', ...
92       T_u, U(:, 3), 'b', ...
93       t, R, 'kx');
94
95 title('Lösung mit abgeschätzten Parametern \rho und \beta');
96 xlabel('Zeit t bis Ausbruch');
97 ylabel('Anzahl der Todesfälle');
98 hold on
99 % Line for the end of t
100 plot([t(M) t(M)], [0 R(M)], 'r')
101
102 figure
103 plot(T_v, V, 'b', ...
104       t, R, 'kx')
105 title('Lösung mit abgeschätzten Parametern \rho und \beta');
106 xlabel('Zeit t bis Ausbruch');
107 ylabel('Anzahl der Todesfälle');
108 hold on

```

```
109 % Line for the end of t
110 plot([t(M) t(M)], [0 R(M)], 'r')
```

Listing 2: Matlab-Code Plot

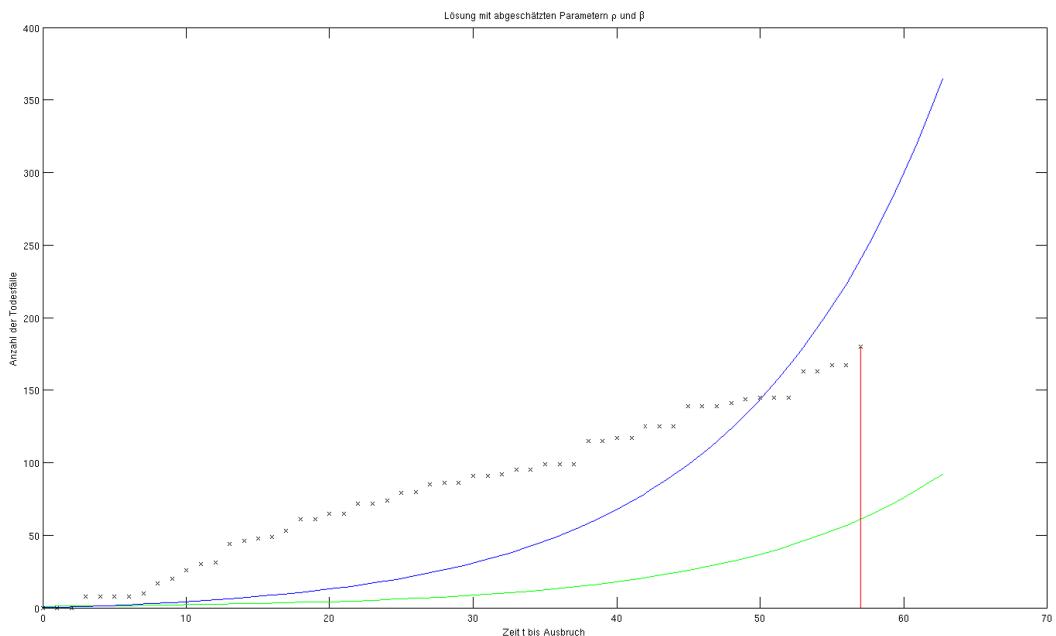


Abbildung 3: Auswertung der Daten

## 5 Zusammenfassung

Unser Projekt im Vergleich mit der Realität... Wir fokussieren nun die Daten bzw. Größen in unserem mathematischen Modell. Die Population wird als isoliert betrachtet und auf Einflüsse von Außerhalb wird nicht Bezug genommen.

Wir nennen nun Größen, die in unserem Modellierungsprojekt keine Rolle spielten, da diese den Umfang der Datenmenge überschritten hätten.

In unserem Modell wird zum Beispiel die Inkubationszeit nicht berücksichtigt. bereits Infizierte, die noch keine Symptome aufweisen, noch gar nicht als Infizierte erkannt werden und demzufolge noch keiner Behandlung bzw. Isolation unterworfen werden.

Unser Modell kann natürlich nicht global verwendet werden. Wir berücksichtigen weder Aspekte, die die medizinische Versorgung betreffen noch natürliche wie Alter bzw. Stärke des Immunsystems einer Person. Solche Aspekte sollten in die Parameter  $\alpha$  und  $\beta$  einfließen um ein möglichst realistischen Modell zu konstruieren.

Weitere Fragen, die uns im Zuge der Arbeit mit dem Modellierungsprojekt beschäftigten und deren Antwort zur Diskussion anregen:

- Wie wirkt sich die neue pharmazeutische Errungenschaft (Heilmittel) auf den Verlauf der Epidemie aus?
- Was wäre wenn die Wissenschaft ein Heilmittel gegen die Schweinegrippe entdecken würde?
- Ist es realistisch, dass bereits geheilte Personen nicht mehr infiziert werden können?
- Stimmen das Modell und die empirische Datenerhebung überein?

## 6 Linkssammlung

- Virus Abbildung  
<http://de.wikipedia.org/wiki/H1N1>
- World Health Organisation Report- Datenerhebung  
<http://www.who.int/csr/disease/swineflu/updates/en/index.html>
- ”Quantitative Systemwissenschaften II, Georg Propst  
<http://www.uni-graz.at/georg.propst/SN2.pdf>