

Entwicklung und Analyse einer stufigen SVIR-Baummodellierung

Amelie Flothow¹, Kurt Chudej^{1,2*}

¹Lehrstuhl für Wissenschaftliches Rechnen, Universität Bayreuth, 95440 Bayreuth, Germany; *kurt.chudej@uni-bayreuth.de

²Forschungszentrum Modellierung und Simulation (MODUS), Universität Bayreuth, 95440 Bayreuth, Germany

Abstract. Eine neue Baummodellierung für imperfekte zeitlich nachlassende Impfungen bei SIR-Krankheitsmodellen wird entwickelt. Theoretische und numerische Ergebnisse werden präsentiert.

1 Einleitung

Mathematische Krankheitsmodelle mit Impfungen werden seit langem untersucht [1]. Bei mathematischen Modellen von imperfekten und zeitlich nachlassenden Massenimpfungen zur Bekämpfung von durch Vektoren verursachten Krankheiten gibt es mathematische Probleme, die Gleichgewichte symbolisch für beliebige Parameterwerte zu berechnen [2].

Dies motiviert die Untersuchung von neuartigen Baummodellierungen, zunächst für mathematische SIR-Krankheitsmodelle mit imperfekten und zeitlich nachlassenden Massenimpfungen für Mensch-zu-Mensch übertragene Krankheiten. Dies geschieht um die Vor- und Nachteile der neuen Modellierung besser herauszuarbeiten.

2 Standard-SVIR-Modellierung

Die konstante Gesamtbevölkerung N wird aufgeteilt in die Gesunden, aber für die Krankheit empfänglichen Menschen S , die infizierten und infizierenden Menschen I , die wieder gesundeten und für die Krankheit immunen Menschen R sowie die geimpften (und dadurch gegen die Krankheit immunen) Menschen V . Mit μ^{-1} wird die Sterbe- und Geburtenrate bezeichnet. Der Krankheitsübertragungsparameter ist mit β bezeichnet. Mit η^{-1} wird die (mittlere) Dauer der Infektiosität bezeichnet. Die Größe ψ gibt die Impfrate der empfänglichen Menschen S an (Massenimpfung). Mit θ^{-1} wird die (mittlere) Wirkungsdauer der Impfung bezeichnet. Danach fällt man aus dem Kompartiment V wieder ins

Kompartiment S zurück. Obwohl man sich im Kompartiment der geimpften Menschen V befindet, kann man mit der um σ verringerten Wahrscheinlichkeit gegenüber den Menschen in S trotzdem erkranken.

Das SVIR-Modell in Abbildung 1 wird durch das nichtlineare Differentialgleichungssystem mathematisch dargestellt

$$\begin{aligned}\dot{S} &= N\mu + \theta V - (\beta \frac{I}{N} + \psi + \mu)S \\ \dot{V} &= \psi S - (\theta + \sigma \beta \frac{I}{N} + \mu)V \\ \dot{I} &= \beta \frac{I}{N} S + \sigma \beta \frac{I}{N} V - (\eta + \mu)I \\ \dot{R} &= \eta I - \mu R.\end{aligned}\tag{1}$$

Sei die Menge

$$\Omega = \{(S, V, I, R) \in \mathbb{R}_{\geq 0}^4 \mid S + V + I + R \leq N\}.\tag{2}$$

definiert.

Satz 1. Die konvexe Menge Ω und $\mathbb{R}_{\geq 0}^4$ sind positiv invariant bzgl. des Differentialgleichungssystems (1). Zudem besitzt das Differentialgleichungssystem (1) die Invariante

$$N = S(t) + V(t) + I(t) + R(t) \quad \forall t.\tag{3}$$

Um die folgenden Rechnungen einfacher darzustellen, benutzen wir die Entdimensionalisierung

$$s = S/N, \quad i = I/N, \quad v = V/N, \quad r = R/N\tag{4}$$

die zum entdimensionalisierten Differentialgleichungssystem

$$\begin{aligned}\frac{d}{dt}s &= \mu + \theta v - (\beta i + \psi + \mu)s \\ \frac{d}{dt}v &= \psi s - (\theta + \sigma \beta i + \mu)v \\ \frac{d}{dt}i &= \beta i s + \sigma \beta i v - (\eta + \mu)i\end{aligned}\tag{5}$$

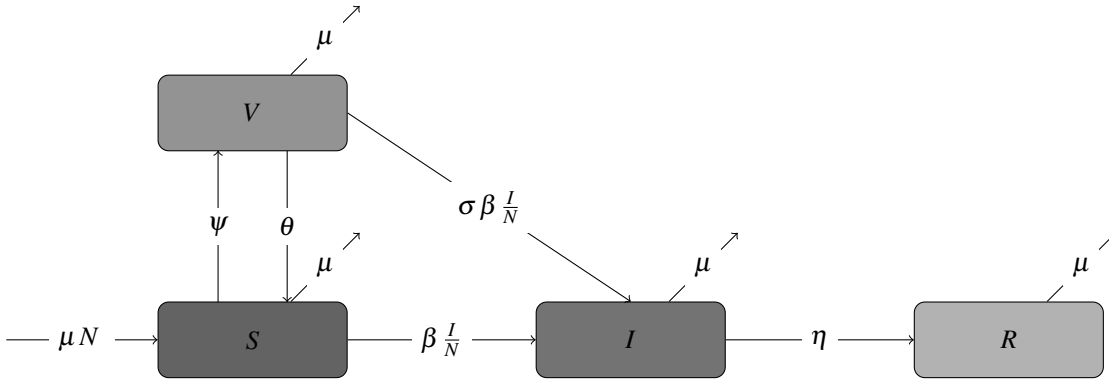


Abbildung 1: Graphische Darstellung der Standard-SVIR-Modellierung.

$$\frac{d}{dt}r = \eta i - \mu r,$$

mit der Invariante

$$1 = s(t) + v(t) + i(t) + r(t) \quad \forall t. \quad (6)$$

führt.

Uns interessieren nun die Gleichgewichtspunkte des Differentialgleichungssystems (5). Aufgrund der Invariante (6) reicht es für die Gleichgewichtslösungen, dass in drei der vier Kompartimente keine Änderung zu verzeichnen ist. Bei der Berechnung der Gleichgewichte treten erste Schwierigkeiten auf. So lässt sich mit Maple zunächst nur das krankheitsfreie Gleichgewicht (DFE) berechnen. Durch das Hinzufügen der Bedingung, dass keines der Kompartimente negativ sein darf, werden auch zwei krankheitsbehaftete Gleichgewichte berechnet. Diese sind von der Form

$$e^* = (s^*, v^*, i^*). \quad (7)$$

Das krankheitsfreie Gleichgewicht (DFE) lautet

$$e_1^* = \left(\frac{\theta + \mu}{\mu + \psi + \theta}, \frac{\psi}{\mu + \psi + \theta}, 0 \right). \quad (8)$$

Die krankheitsbehafteten Gleichgewichte sind nur definiert, sofern die Kompartimente nicht negativ sind. Die Bedingungen dazu sind schreibintensiv und werden nicht explizit ausformuliert. Zur Darstellung der krankheitsbehafteten Gleichgewichte werden einige Abkürzungen eingeführt, siehe Abbildung 2. Falls durch die gewählten Parameter die Existenz der beiden Gleichge-

wichte oder eines Gleichgewichts gegeben ist, gilt

$$e_2^* = \left(\frac{1}{2} \frac{\mathcal{C} - \mathcal{B}}{\mu(\sigma - 1)\beta}, \frac{1}{2} \frac{\mathcal{D} + \mathcal{B}}{\mu\sigma(\sigma - 1)\beta}, \frac{-(\psi\sigma + \mu + \theta)\mathcal{B} + \mathcal{E}}{\beta\sigma(\mathcal{D} + \mathcal{B})} \right), \quad (13)$$

$$e_3^* = \left(\frac{1}{2} \frac{\mathcal{C} + \mathcal{B}}{\mu(\sigma - 1)\beta}, \frac{1}{2} \frac{\mathcal{D} - \mathcal{B}}{\mu\sigma(\sigma - 1)\beta}, \frac{(\psi\sigma + \mu + \theta)\mathcal{B} + \mathcal{E}}{\beta\sigma(\mathcal{D} - \mathcal{B})} \right). \quad (14)$$

Zur Berechnung von \mathcal{R}_0 wird der Ansatz mit der Next-Generation Matrix angewendet [3]. Dazu wird das infizierende Kompartiment i der SVIR-Modellierung in Formel (5) selektiert und in die passende Form gebracht.

$$\mathcal{F} = (\beta s i + \sigma \beta v i), \quad \mathcal{V} = ((\eta + \mu) i). \quad (15)$$

Dann werden die Jacobimatrizen berechnet.

$$F = (\beta s^* + \sigma \beta v^*), \quad V = (\eta + \mu). \quad (16)$$

Mit der Inversen von V ,

$$V^{-1} = \left(\frac{1}{\eta + \mu} \right) \quad (17)$$

ergibt sich

$$K = FV^{-1} = \frac{\beta s^* + \sigma \beta v^*}{\eta + \mu}. \quad (18)$$

Einsetzen des krankheitsfreien Gleichgewichts (DFE) ergibt die Basisreproduktionszahl

$$\mathcal{R}_0 = \rho(K) = \frac{\beta s^* + \sigma \beta v^*}{\eta + \mu} = \frac{1}{\eta + \mu} \frac{\beta(\theta + \mu + \sigma \psi)}{\theta + \mu + \psi}. \quad (19)$$

Gäbe es keinen Impfstoff, wäre $\psi = 0$ und $\theta = 0$. Dann geht die Formel (19) der Basisreproduktionszahl in die bekannte Formel des SIR-Modells über [1].

$$\mathcal{B} := \sqrt{\begin{aligned} &(\sigma - 1)^2 \mu^4 + 2((\eta + \psi - \beta)\sigma - \eta - \theta)(\sigma - 1)\mu^3 \\ &+ ((\eta^2 + (4\psi - 2\beta)\eta + (\psi + \beta)^2)\sigma^2 + (-2\eta^2 + (-4\psi + 2\beta - 4\theta)\eta \\ &\quad + 2\theta(\psi + \beta))\sigma + \eta^2 + 4\eta\theta + \theta^2)\mu^2 + 2\eta(\psi(\eta + \psi + \beta)\sigma^2 \\ &\quad + ((-\psi - \theta)\eta + 2\theta(\psi + \beta/2))\sigma + \theta(\eta + \theta))\mu + \eta^2(\psi\sigma + \theta)^2 \end{aligned}} \quad (9)$$

$$\mathcal{C} := ((\mu + \psi)\sigma - \mu + \theta)\eta + \mu(\mu + \psi + \beta)\sigma - \mu^2 + \mu\theta \quad (10)$$

$$\mathcal{D} := ((\mu - \psi)\sigma - \mu - \theta)\eta + \mu(\mu - \psi - \beta)\sigma - \mu^2 - \mu\theta \quad (11)$$

$$\mathcal{E} := (-\sigma + 1)\mu^3 + (\sigma^2\psi + (-\eta + \beta - \theta)\sigma + \eta + 2\theta)\mu^2 + (\psi(\eta + \psi + \beta)\sigma^2 - \theta(\eta - 2\psi - \beta)\sigma + 2\eta\theta + \theta^2)\mu + \eta(\psi\sigma + \theta)^2 \quad (12)$$

Abbildung 2: Formeln

3 Neue Baummodellierung

Die neuartige Baummodellierung bricht den Zyklus im Standard-SVIR-Impfmodell auf. Lässt die Impfwirkung nach einiger Zeit nach, da $\theta \neq 0$ ist, so wird in der üblichen SVIR-Modellierung ein Mensch wieder dem ursprünglichen Kompartiment S zugeordnet. In der neu strukturierten stufigen Baummodellierung wird er dem Kompartiment S_2 der nächsthöheren Stufe zugeordnet. Das ursprüngliche Kompartiment wird durch S_1 gekennzeichnet. Auch der Transfer eines Menschen, der trotz einer aktiven Impfung infiziert wird, da $\sigma \neq 0$ gilt, transferiert nicht in das Kompartiment I_1 , sondern wird einem neuen Kompartiment \tilde{I}_1 zugeordnet. Nach einer infektiösen Phase der Dauer η^{-1} gehen Menschen in das, ebenfalls neue, Kompartiment \tilde{R}_1 über. Weitere Stufen werden analog hinzugefügt. In Abbildung 3 ist eine 2-stufige SVIR-Modellierung dargestellt. Durch die gestrichelte Linie ist die erste Stufe von der zweiten Stufe unterteilt. Die Kompartimente erhalten die Stufenzahl als Index. Für die 2-stufige SVIR-Baummodellierung entsteht das folgende Differentialgleichungssystem:

Erste Stufe:

$$\begin{aligned} \dot{S}_1 &= \mu N - (\beta \frac{f(I)}{N} + \psi + \mu) S_1 \\ \dot{V}_1 &= \psi S_1 - (\sigma \beta \frac{f(I)}{N} + \theta + \mu) V_1 \\ \dot{I}_1 &= \beta \frac{f(I)}{N} S_1 - (\eta + \mu) I_1 \\ \dot{R}_1 &= \eta I_1 - \mu R_1 \end{aligned} \quad (20)$$

$$\begin{aligned} \dot{\tilde{I}}_1 &= \sigma \beta \frac{f(I)}{N} V_1 - (\eta + \mu) \tilde{I}_1 \\ \dot{\tilde{R}}_1 &= \eta \tilde{I}_1 - \mu \tilde{R}_1 \end{aligned}$$

Zweite Stufe:

$$\begin{aligned} \dot{S}_2 &= \theta V_1 - (\beta \frac{f(I)}{N} + \psi + \mu) S_2 \\ \dot{V}_2 &= \psi S_2 - (\sigma \beta \frac{f(I)}{N} + \theta + \mu) V_2 \\ \dot{I}_2 &= \beta \frac{f(I)}{N} S_2 - (\eta + \mu) I_2 \\ \dot{R}_2 &= \eta I_2 - \mu R_2 \\ \dot{\tilde{I}}_2 &= \sigma \beta \frac{f(I)}{N} V_2 - (\eta + \mu) \tilde{I}_2 \\ \dot{\tilde{R}}_2 &= \eta \tilde{I}_2 - \mu \tilde{R}_2 \end{aligned} \quad (21)$$

Aufgrund der Umstrukturierung der Modellierung zu einer Modellierung mit einer gerichteten Baumstruktur gibt es nicht mehr „das eine“ Kompartiment der infektiösen Menschen I bzw. i . Durch die Funktion $f(I)$ werden im folgenden *verschiedene* Varianten definiert, wie infektiöse Menschen bei der Übertragung des Erregers (näherungsweise) berücksichtigt werden. Die vier betrachteten Fälle sind für n -stufige Baummodellierungen definiert durch

$$f(I) = \begin{cases} I_1 & \text{Fall 1,} \\ I_1 + \tilde{I}_1 & \text{Fall 2,} \\ \sum_{j=1}^n I_j & \text{Fall 3,} \\ \sum_{j=1}^n I_j + \tilde{I}_j & \text{Fall 4.} \end{cases} \quad (22)$$

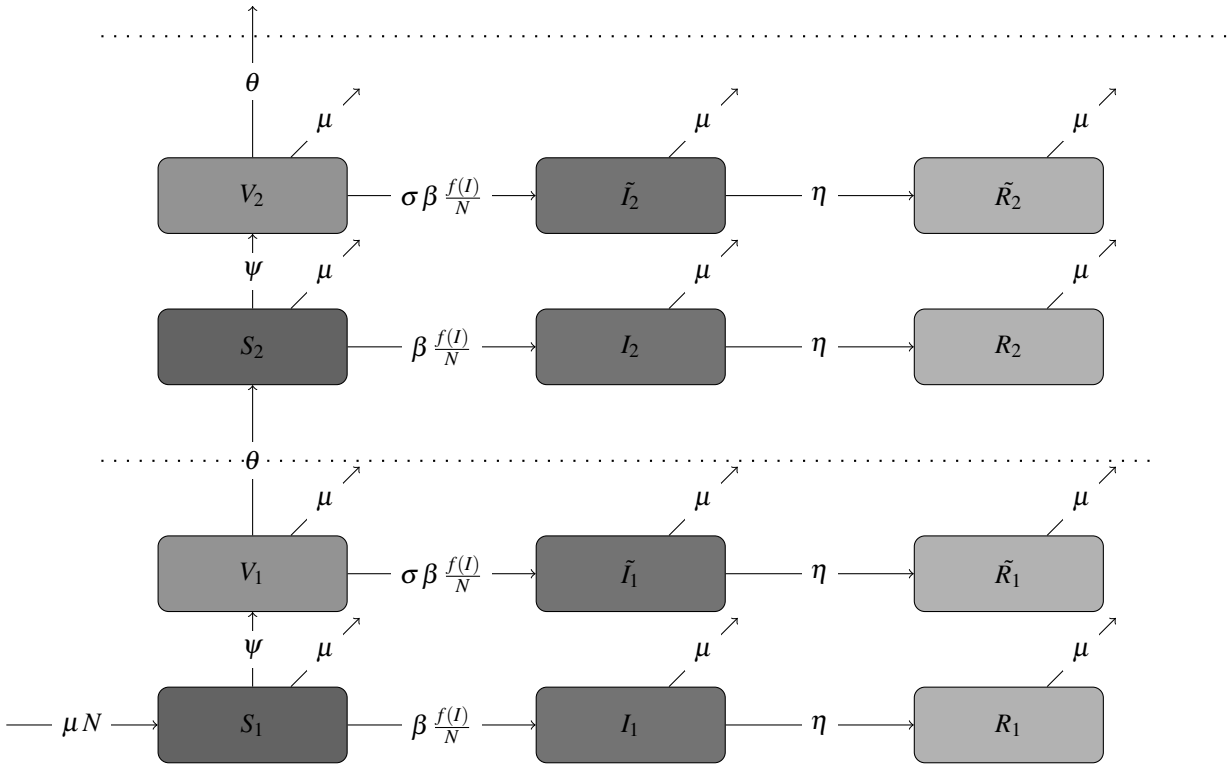


Abbildung 3: Graphische Darstellung der 2-stufigen SVIR-Baummodellierung.

In den verschiedenen Versionen werden unterschiedliche infizierende Kompartimente berücksichtigt. So enthält Fall 1 nur das Kompartiment I_1 . Ist ein ausreichend großer Anteil der Menschen (aus I im Standard-SVIR-Modell) in I_1 , könnte es ausreichen dieses Kompartiment für die Beschreibung des Übergangs in infektiöse Kompartimente zu verwenden. In Fall 2 werden die beiden infektiösen Kompartimente $I_1 + \tilde{I}_1$ der ersten Stufe verwendet und in Fall 3 werden die infektiösen Kompartimente I_j aller Stufen $j \in \{1, \dots, n\}$ verwendet. Der Fall 4 berücksichtigt alle infektiösen Kompartimente der Modellierung. Es ist zu erwarten, dass mit $f(I)$ im Fall 4 die besten Annäherungsergebnisse an die Kompartimentsgrößen im zeitlichen Verlauf resultieren. Die verschiedenen Möglichkeiten der Wahl von $f(I)$ und verschieden-stufige SVIR-Baummodellierungen werden verglichen.

Auch hier werden die Rechnungen an einem analog entdimensionalisierten Differentialgleichungssystem vorgenommen. Die Funktion $f(i)$ sei analog zu $f(I)$ definiert, in dem i_k, \dots jeweils durch i_k, \dots ersetzt wird.

Erste Stufe:

$$\begin{aligned}
 \frac{d}{dt} s_1 &= \mu - (\beta f(i) + \psi + \mu) s_1 \\
 \frac{d}{dt} v_1 &= \psi s_1 - (\sigma \beta f(i) + \theta + \mu) v_1 \\
 \frac{d}{dt} i_1 &= \beta f(i) s_1 - (\eta + \mu) i_1 \\
 \frac{d}{dt} r_1 &= \eta i_1 - \mu r_1 \\
 \frac{d}{dt} \tilde{i}_1 &= \sigma \beta f(i) v_1 - (\eta + \mu) \tilde{i}_1 \\
 \frac{d}{dt} \tilde{r}_1 &= \eta \tilde{i}_1 - \mu \tilde{r}_1
 \end{aligned} \tag{23}$$

Zweite Stufe:

$$\begin{aligned}
 \frac{d}{dt} s_2 &= \theta v_1 - (\beta f(i) + \psi + \mu) s_2 \\
 \frac{d}{dt} v_2 &= \psi s_2 - (\sigma \beta f(i) + \theta + \mu) v_2 \\
 \frac{d}{dt} i_2 &= \beta f(i) s_2 - (\eta + \mu) i_2 \\
 \frac{d}{dt} r_2 &= \eta i_2 - \mu r_2
 \end{aligned} \tag{24}$$

$$\begin{aligned}\frac{d}{dt}\tilde{i}_2 &= \sigma\beta f(i)v_2 - (\eta + \mu)\tilde{i}_2 \\ \frac{d}{dt}\tilde{r}_2 &= \eta\tilde{i}_2 - \mu\tilde{r}_2\end{aligned}$$

Zunächst werden einige theoretischen Analysen an der n -stufigen SVIR-Baummodellierung durchgeführt. Sei

$$\Omega = \{(S_1, V_1, I_1, R_1, \tilde{I}_1, \tilde{R}_1, \dots, \quad (26)$$

$$S_n, V_n, I_n, R_n, \tilde{I}_n, \tilde{R}_n) \in \mathbb{R}_+^{6n} \mid \quad (27)$$

$$\sum_{j=1}^n (S_j + V_j + I_j + R_j + \tilde{I}_j + \tilde{R}_j) \leq N\}.$$

Satz 2. Die konvexe Menge $\mathbb{R}_{\geq 0}^{6n}$ und Ω sind für das Differentialgleichungssystem der n -stufigen SVIR-Baummodellierung (20, 21) positiv invariant.

Beweis. Das zugehörige entdimensionalisierte n -stufige SVIR-System (23, 24) kann in die Form $\frac{dx}{dt} = A(x)x + b$ gebracht werden mit

$$x = (x_1, \dots, x_n)^T \text{ mit } x_j = (s_j, v_j, i_j, r_j, \tilde{i}_j, \tilde{r}_j) \quad (28)$$

für $j = 1, \dots, n$.

Für eine übersichtlichere Darstellung wird die Übertragungsfunktionen durch $g(i) := \beta f(i)$ abgekürzt. Für jede der n Stufen gilt, siehe Abbildung 4.

Bei der Definition der additiven Faktoren wird zwischen Stufe eins und den restlichen Stufen unterschieden. Es gilt

$$b_1 = (\mu, 0, 0, 0, 0, 0), \quad (29)$$

$$b_j = (0, 0, 0, 0, 0, 0) \quad \forall j \geq 2. \quad (30)$$

Die Matrix $A(x)$ für die n -stufige SVIR-Modellierung ist zusammenfassend definiert durch

$$\begin{aligned}A(x) &= \text{diag}(A_j(x_j)) \text{ für } j = 1, \dots, n, \\ \text{mit } a_{(6(j-1)+1, 6(j-2)+2)} &= \theta \quad \forall j \geq 2 \quad (31) \\ \text{die restlichen Einträge sind null.}\end{aligned}$$

An der Struktur der Matrizen $A_j(x_j)$ ist erkennbar, dass diese wegen $x \in \mathbb{R}_+^{6n}$ Metzler-Matrizen sind. Durch die vorliegende Verknüpfung der Matrizen ist auch $A(x)$ eine Metzler-Matrix. Auch die Bedingung $b \geq 0$ ist erfüllt. Somit sind die Bedingungen von [4, 5] erfüllt. \square

Unter Einführung der vordefinierten Größen

$$\begin{aligned}\mathcal{T} &:= \mu\beta - \mu\eta - \psi\eta - \mu^2 - \psi\mu \\ \mathcal{S} &:= (\beta\mu\sigma - \eta\mu\sigma - \eta\psi\sigma - \\ &\quad - \mu^2\sigma - \mu\psi\sigma + \eta\mu + \mu^2)\end{aligned}$$

und der definierenden Sequenzen

$$\begin{aligned}\bar{e}_1 &= \frac{\mu}{\mu+\psi}, \frac{\mu\psi}{(\mu+\theta)(\mu+\psi)}, 0, 0 \\ \hat{e}_1 &= \frac{\psi\theta\mu}{(\mu+\psi)^2(\mu+\theta)}, \frac{\mu\psi^2\theta}{(\mu+\theta)^2(\mu+\psi)^2}, 0, 0 \\ \bar{e}_2 &= \frac{\mu+\eta}{\beta}, \frac{\psi(\eta+\mu)^2}{\beta(\mathcal{S}+\theta(\eta+\mu))}, \frac{\mathcal{T}}{(\mu+\eta)\beta}, \frac{\sigma\psi\mathcal{T}}{\beta(\mathcal{S}+\theta(\eta+\mu))} \\ \hat{e}_2 &= \frac{\theta\psi(\mu+\eta)^3}{\mu\beta^2(\mathcal{S}+\theta(\mu+\eta))}, \frac{\psi^2\theta(\mu+\eta)^4}{\mu\beta^2(\mathcal{S}+\theta(\mu+\eta))^2}, \\ &\quad \frac{\mathcal{T}\theta\psi(\mu+\eta)}{\mu\beta^2(\mathcal{S}+\theta(\mu+\eta))}, \frac{\mathcal{T}\theta\psi^2(\mu+\eta)^2\sigma}{\mu\beta^2(\mathcal{S}+\theta(\mu+\eta))^2}\end{aligned}$$

lassen sich die Gleichgewichte der 1- bis 4-stufigen SVIR-Baummodellierung übersichtlich darstellen. Sie haben die Form $e^* = (s_1, v_1, i_1, \tilde{i}_1; s_2, v_2, i_2, \tilde{i}_2)$. In der Tabelle wird angegeben, ob die restlichen Einträge null sind (r.E.n.) oder falls ein Gleichgewicht mit *Maple* nicht berechenbar ist (m.M.n.b.).

In Tabelle 1 ist zu erkennen, dass mit *Maple* in Fall 1 und Fall 2 krankheitsfreie Gleichgewichte berechnet werden. Die krankheitsfreien Gleichgewichte der n -stufigen SVIR-Modellierungen stimmen in Fall 1 und Fall 2 und in den Kompartimenten der ersten Stufe im Gleichgewicht überein. Die Kompartimente der zweiten Stufe der krankheitsfreien Gleichgewichte stimmen auch in den mehrstufigen Modellierungen überein. Endemische Gleichgewichte werden nur in Fall 1 explizit berechnet. Auch hier stimmen die Kompartimente der erste Stufe aller stufigen SVIR-Modellierungen überein und die Kompartimente der zweiten Stufe im Gleichgewicht stimmen in den mehrstufigen Modellierungen überein.

Um Auskunft über eine Verbreitung oder eine Eindämmung der Krankheit zu erhalten, wird die Basisreproduktionszahl \mathcal{R}_0 errechnet. Falls $\mathcal{R}_0 < 1$ ist, so ist der krankheitsfreie Gleichgewichtspunkte (DFE) lokal asymptotisch stabil, für $\mathcal{R}_0 > 1$ ist er instabil [3]. Da für Fall 3 und Fall 4 von $f(I)$ die krankheitsfreien Gleichgewichte nicht explizit angegeben sind, wird \mathcal{R}_0 für die 2-stufige Modellierung für alle vier Fälle von $f(I)$ durch ein krankheitsfreies Gleichgewicht der Form $e^* = (s_1^*, v_1^*, i_1^*, \tilde{i}_1^*; s_2^*, v_2^*, i_2^*, \tilde{i}_2^*)$ angegeben. Die Berechnung von \mathcal{R}_0 folgt dem Vorgehen in [3].

Satz 3. Sofern ein krankheitsfreies Gleichgewicht der

$$A_j(\vec{x}_j) = \begin{pmatrix} -(g(i) + \psi + \mu) & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \psi & -(\sigma g(i) + \theta + \mu) & 0 & 0 & 0 & 0 \\ g(i) & 0 & -(\eta + \mu) & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \eta & -\mu & 0 & 0 \\ 0 & \sigma g(i) & 0 & 0 & -(\eta + \mu) & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \eta & -\mu \end{pmatrix} \quad (25)$$

Abbildung 4: Blockmatrix

| Fall | 1 stufig | 2 stufig | 3 stufig | 4 stufig |
|------|---|--|---|--|
| 1 | (\bar{e}_1) (\bar{e}_2) | $(\bar{e}_1; \hat{e}_1)$ $(\bar{e}_2; \hat{e}_2)$ | $(\bar{e}_1; \hat{e}_1; r.E.n.)$ $(\bar{e}_2; \hat{e}_2; r.E.n.)$ $e_3^*, e_4^* \text{ m.M.n.b.}$ | $(\bar{e}_1; \hat{e}_1; r.E.n.)$ $(\bar{e}_2; \hat{e}_2; r.E.n.)$ $e_3^* - e_8^* \text{ m.M.n.b.}$ |
| 2 | (\bar{e}_1) $e_2^* \text{ m.M.n.b.}$ | $(\bar{e}_1; \hat{e}_1)$ $e_2^* \text{ m.M.n.b.}$ | $(\bar{e}_1; \hat{e}_1; r.E.n.)$ $e_2^* - e_4^* \text{ m.M.n.b.}$ | Ausgabelänge |
| 3 | analog Fall 1 | Ausgabelänge | Ausgabelänge | Ausgabelänge |
| 4 | analog Fall 2 | Dauer Rechnung | Dauer Rechnung | Dauer Rechnung |

Tabelle 1: Symbolische Gleichgewichte stufiger SVIR-Baummodellierungen.

Form $e^* = (s_1^*, v_1^*, i_1^*, \tilde{i}_1^*, s_2^*, v_2^*, i_2^*, \tilde{i}_2^*)$ für das 2-stufige SVIR-Baummodell für $f(i)$ in Gleichung (23, 24) existiert, ist \mathcal{R}_0 mit dem Algorithmus aus [3] in den Fällen von $f(i)$ der Gleichung (22) definiert durch

$$\begin{aligned} f(i) \text{ in Fall 1: } \quad \mathcal{R}_0 &= \frac{\beta s_1^*}{\eta + \mu}, \\ f(i) \text{ in Fall 2: } \quad \mathcal{R}_0 &= \frac{\beta (s_1^* + \sigma v_1^*)}{\eta + \mu}, \\ f(i) \text{ in Fall 3: } \quad \mathcal{R}_0 &= \frac{\beta (s_1^* + s_2^*)}{\eta + \mu}, \\ f(i) \text{ in Fall 4: } \quad \mathcal{R}_0 &= \frac{\beta (\sigma (v_1^* + v_2^*) + s_1^* + s_2^*)}{\eta + \mu}. \end{aligned}$$

4 Numerische Simulation

Jetzt werden numerische Simulationen des SVIR-Original-Modells und der vier Fälle der neuen SVIR-Baummodellierung untersucht. Die folgenden Daten für Parameter und Anfangswerte werden benutzt (angelehnt an Daten des RKI zu Covid-19 von Ende März 2020)

$$\begin{aligned} N &= 83\,149\,300[-], \quad \beta = 0.31666 \left[\frac{1}{\text{Tag}} \right], \\ \eta &= \frac{1}{9} \left[\frac{1}{\text{Tag}} \right], \quad \mu = \frac{1}{80 \cdot 365} \left[\frac{1}{\text{Tag}} \right]. \end{aligned}$$

$$S(0) = S_1(0) = 83\,099\,118, \quad R(0) = R_1(0) = 1\,600,$$

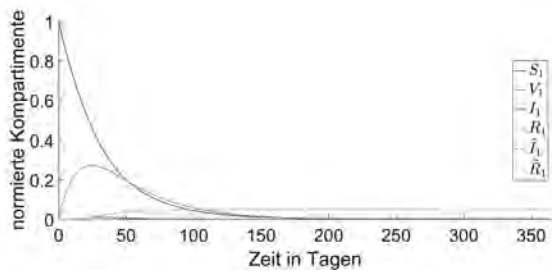
und alle übrigen Anfangswerte der Kompartimente sind zu Null gesetzt. Für ein *mathematisches Szenario* einer fiktiven Impfung wird angenommen, das ambitioniert täglich 3 % der empfänglichen Menschen geimpft werden und (leider) der Impfschutz bereits nach 20 Tagen endet. Damit sind die Kompartiments der späteren Stufen wichtig. Wenn eine Person aus S mit Wahrscheinlichkeit p erkrankt, dann erkrankt auch eine Person aus V mit Wahrscheinlichkeit σp .

$$\sigma = 0.3[-], \quad \theta = 0.05[d^{-1}], \quad \psi = 0.03[d^{-1}]$$

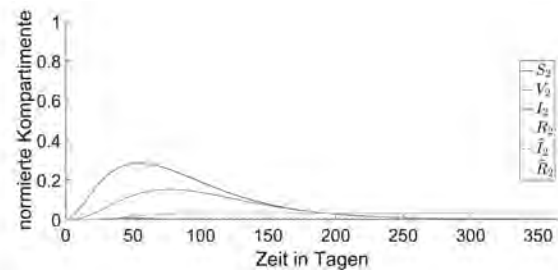
Die numerischen Simulationen werden mit *MATLAB* und dessen Routine *ode15s* erstellt. Zunächst werden die Zusammensetzung der Kompartimente aus Stufe eins und Stufe zwei der 2-stufigen SVIR-Baummodellierung gezeigt.

Die Verlaufskurven der 1- bis 4-stufigen SVIR-Baummodellierung zeigen deutlich, dass mit steigender Stufenanzahl die Approximationsgüte zunimmt. Beispielhaft sind $f(I)$ in Fall 1 und $f(I)$ in Fall 4 graphisch dargestellt.

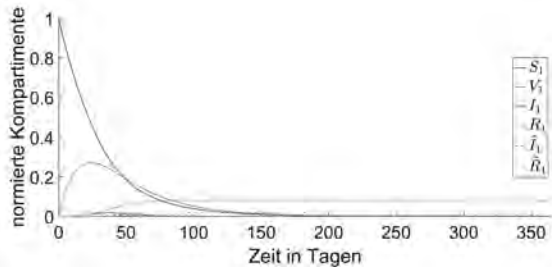
Ebenfalls die Verbesserung der Annäherungen der Kompartimentsverläufe in Fall 1 im Vergleich zu denen in Fall 4 ist deutlich zu erkennen. Insbesondere die langfristigen Anteile der gesunden Menschen (Kompartiment R) in Abbildung 6 und Abbildung 7 zeigen, dass mit steigender Stufenanzahl die Verlaufskurve besser



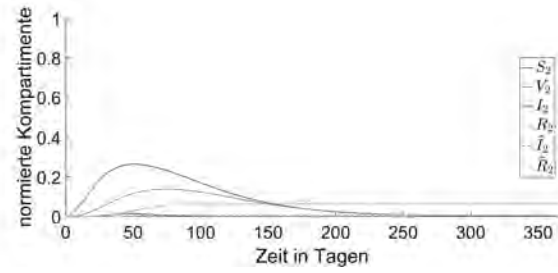
a) Stufe eins - Fall 1



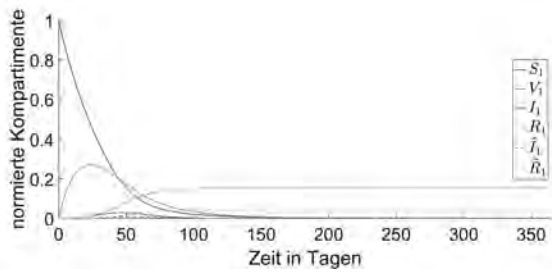
b) Stufe zwei - Fall 1



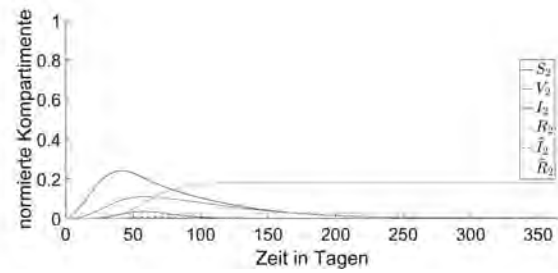
c) Stufe eins - Fall 2



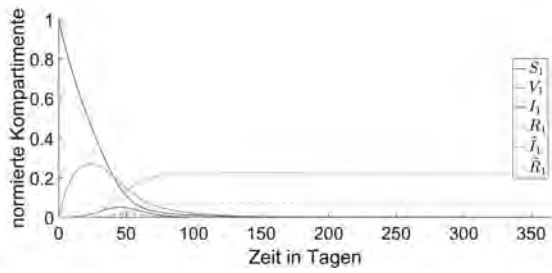
d) Stufe zwei - Fall 2



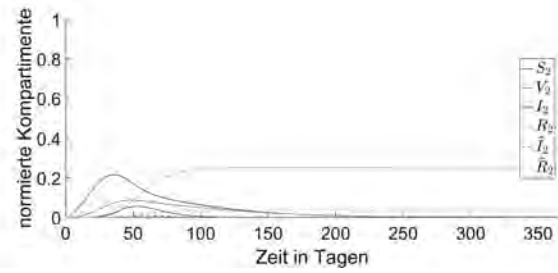
e) Stufe eins - Fall 3



f) Stufe zwei - Fall 3



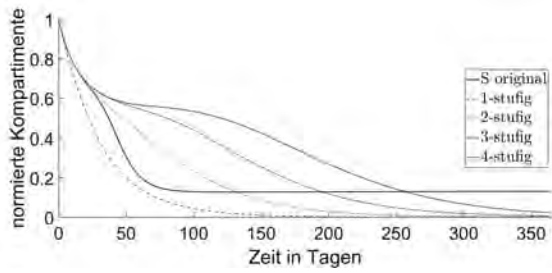
g) Stufe eins - Fall 4



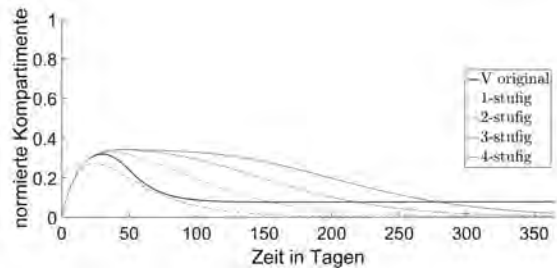
h) Stufe zwei - Fall 4

Abbildung 5: Vergleich der Verlaufskurven der ersten und zweiten Stufe der 2-stufige SVIR-Modellierung mit $f(I)$ in Fall 1 bis Fall 4.

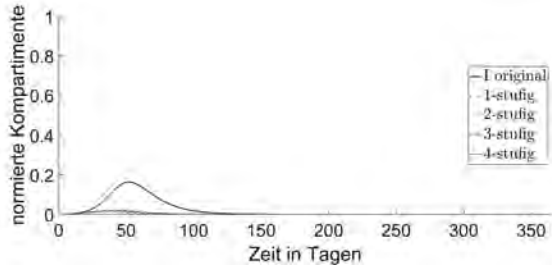
angenähert wird. Deutliche Unterschiede zeigen sich insbesondere bei der besonders wichtigen Kurve für die infierten und infizierenden Kompartimente bei den vier Fällen. Aber auch die Endwerte, die Approximationen des endemischen Gleichgewichts darstellen, unterscheiden sich z.T. erheblich.



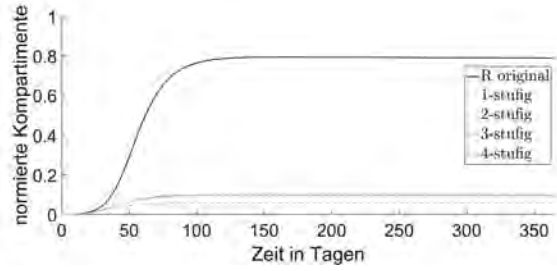
a) Kompartiment S



b) Kompartiment V

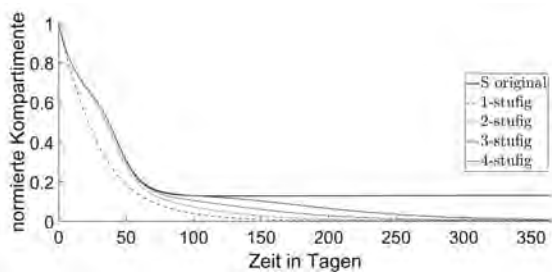


c) Kompartiment I

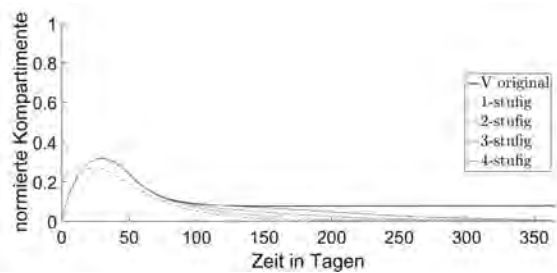


d) Kompartiment R

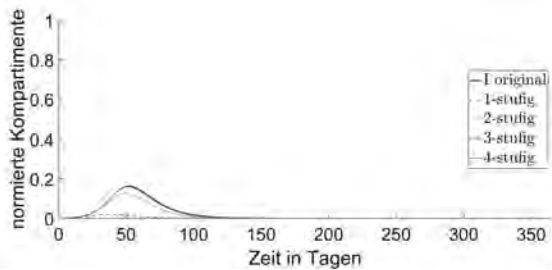
Abbildung 6: Vergleich der n-stufigen SVIR-Baummodellierung für $f(I)$ in Fall 1.



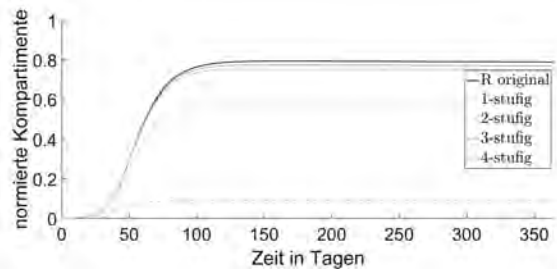
a) Kompartiment S



b) Kompartiment V



c) Kompartiment I



d) Kompartiment R

Abbildung 7: Vergleich der n-stufigen SVIR-Baummodellierung für $f(I)$ in Fall 4.

5 Fazit und Ausblick

Erste Untersuchungen ein SVIR-Kompartimentmodell mit zyklischer Dynamik, durch ein stufiges SVIR-

Kompartimentmodell mit gerichteter Baumstruktur zu ersetzen wurden dargestellt. Dazu wurden die Auswirkungen verschiedener Konstruktion von stufigen SVIR-Modellierungen ausgetestet und bewertet.

1- bis 4-stufige SVIR-Baummodellierungen wurden verglichen. Es ist zu erkennen, dass hierbei die 4-stufige SVIR-Baummodellierung in den ersten Tagen die beste Approximation liefert. Zusätzlich wurden vier verschiedene Konstellationen untersucht das infektiöse Kompartiment in der Übertragung der Infektion zu approximieren. Die Vergleiche zeigen, dass durch eine 4-stufige SVIR-Baummodellierung mit der Verwendung von $f(I)$ in Fall 4 in der ersten Zeit die beste Approximation resultiert.

Bei der hier besprochenen Mensch-zu-Mensch übertragenen Krankheit mit Impfung hat die Approximation der Gesamt-Infizierten bei der ungünstigen Wahl der kurzen Schutzdauer der Impfung noch nicht überzeugt. Bei längeren Schutzdauern der Impfung ist vermutlich die Approximationsgüte besser.

In einem nächsten Schritt wird die Idee auf eine durch Mücken übertragene Krankheit übertragen.

Literatur

- [1] Martcheva M. *An Introduction to Mathematical Epidemiology*. Springer, 2015.
- [2] Albrecht G, Fischer A, Chudej K. Analyse, Simulation und Optimale Steuerung eines mathematischen Dengue-Fieber Modells mit Impfung. *Tagungsband Workshop Heilbronn 2018 ASIM/GI Fachgruppen, ARGESIM Report*, vol. 54. ARGESIM Verlag: Wien, Österreich, 2018; 223–229.
- [3] Van den Driessche P, Watmough J. Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission. *Mathematical Biosciences* 2002; **180**(1-2):29–48.
- [4] Abate A, Tiwari A, Sastry S. Box invariance in biologically-inspired dynamical systems. *Automatica* 2009; **45**(7):1601–1610.
- [5] Mitkowski W. Dynamical properties of Metzler systems. *Bulletin of the Polish Academy of Sciences: Technical Sciences* 2008; **56**(4):309–312.