

TECHNISCHE UNIVERSITÄT KAISERSLAUTERN

MATHEMATISCHE MODELLIERUNG

SOMMERSEMESTER 2020

Ausbreitung von Covid-19 unter Berücksichtigung verschiedener Faktoren

Autor

Tim PROKOSCH
prokosch@rhrk.uni-kl.de

Projektleiter

Dr. Falk TRIEBSCHE

27. Mai 2020

Abstract

Im Verlauf der vorliegenden Arbeit werden verschiedenste Modelle zur Nachstellung von realen Infektionsprozessen und Pandemien motiviert und deren Ergebnisse diskutiert. Grundlage für diese Arbeit liefert hierbei die derzeitige *SARS-CoV-2* Pandemie, welche im Verlauf der letzten Wochen und Monate für massive Änderungen im Alltag sorgte. Zusätzlich zu den diversen Modellen werden Approximationen der Echtdaten dargelegt und deren Prognosen in Anbetracht des derzeitigen Verlaufs untersucht. Abschließend wird erörtert, welche der untersuchten Maßnahmen in welcher Weise und unter welchen Voraussetzungen Wirkung zeigen.

Stichworte: Covid-19, SARS-CoV-2, Coronavirus

GitLab: <https://gitlab.rhrk.uni-kl.de/prokosch/projekt-covid-19>

Inhaltsverzeichnis

1	Was ist Covid-19?	1
2	Erste Modelle	2
2.1	Exponentielles Wachstum	2
2.2	Beschränktes Wachstum	5
3	SIR* - Modelle	8
3.1	Standardmodell nach McKendrick und Kermack	9
3.2	Variable SIR-Modelle	13
4	Algorithmische Modelle	17
4.1	Monte-Carlo Simulation	17
5	Projektevaluation	25
5.1	Weiteres Vorgehen im Bezug auf COVID-19	25
5.2	Revision der verwendeten Methoden	26
	Literatur	28
	Abbildungsverzeichnis	29
	Modellverzeichnis	30

1 Was ist Covid-19?

Unter dem Ausdruck *Covid-19* versteht man die durch den neuartigen Coronavirus *SARS-CoV-2* ausgelöste Atemwegserkrankung [Bun20a]. Der zunächst unter dem Namen *2019-nCoV* bekannte Virus [Ban20], ist nach heutigem Kenntnisstand in der chinesischen Millionenstadt Wuhan im Dezember 2019 ausgebrochen. Im Januar 2020 kam es dann erstmals zu Erkrankungen im Landkreis Starnberg in Bayern durch Geschäftsreisende aus Wuhan, welche den Virus unwissentlich nach Deutschland brachten [Bun20a; Bun20b]. Im Falle von *SARS-CoV-2* handelt es sich um eine rezente Art innerhalb einer seit den 1960er bekannten Klasse von Viren, welche aufgrund ihrer charakteristischen Kranz- oder Kronenartigen (*lat. corona*) Form (vgl. Abb. 1) überwiegend als Coronaviren bezeichnet werden [Bun20a]. Durch die zunächst ungebremsste Ausbreitung des neuarti-

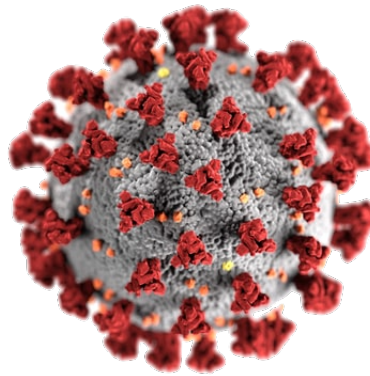


Abbildung 1: Illustration eines Exemplars der Klasse der Coronaviren [Cen20].

gen Virus wurde bereits am 11. März 2020 dessen Expansion als Pandemie eingestuft [Rob20b], was vielerorts zu diversen Maßnahmen zur Eindämmung führte, welche unter anderem bis Dato anhalten. Zu den ergriffenen Maßnahmen in Deutschland zählen unter anderem die

- ▶ Kontaktbeschränkungen unterschiedlicher Ausmaße,
- ▶ Ausgangssperren- und -beschränkungen,
- ▶ Maskenpflicht im öffentlichen Raum,
- ▶ Schließungen diverser öffentlicher Einrichtungen und die
- ▶ Entwicklung der Corona-Warn-App

[Bay20]. Auch wird bereits an einem Impfstoff gegen das neuartige Virus geforscht, welcher aber voraussichtlich nicht innerhalb der nächsten zwölf Monate der Allgemeinheit zur Verfügung stehen wird, da ebendieser sich einer Reihe von Tests unterziehen muss, bevor er der Öffentlichkeit zur Verfügung gestellt werden kann [Bun20a]. Da somit eine großflächige Immunisierung der Bevölkerung außer Frage steht, steht derzeit die Verzögerung der Expansion von *SARS-CoV-2* an erster Stelle. Dies hat auch zur Folge,

dass parallel die Überlastung der lokalen Gesundheitssysteme verhindert werden kann, was zusätzlich dem Ziel der Ausbremsung des Virus beiträgt. Welche Methoden diesem Vorhaben am ehesten zum Erfolg verhelfen, wird im Folgenden unter der Betrachtung verschiedener mathematischer Modelle ermittelt.

2 Erste Modelle

2.1 Exponentielles Wachstum

Für das Aufstellen eines ersten Modells betrachtet man zunächst die kumulativen Infiziertenzahlen für Deutschland, welche seitens des *European Centre for Disease Prevention and Control* der Öffentlichkeit zur Verfügung gestellt werden. Angesichts der innerhalb der ersten drei Monate erhobenen Daten, liegt nahe, zunächst ein Modell mit exponentiellem Wachstum für die Entwicklung der Pandemie in Betracht zu ziehen (vgl. Abb. 2). Für

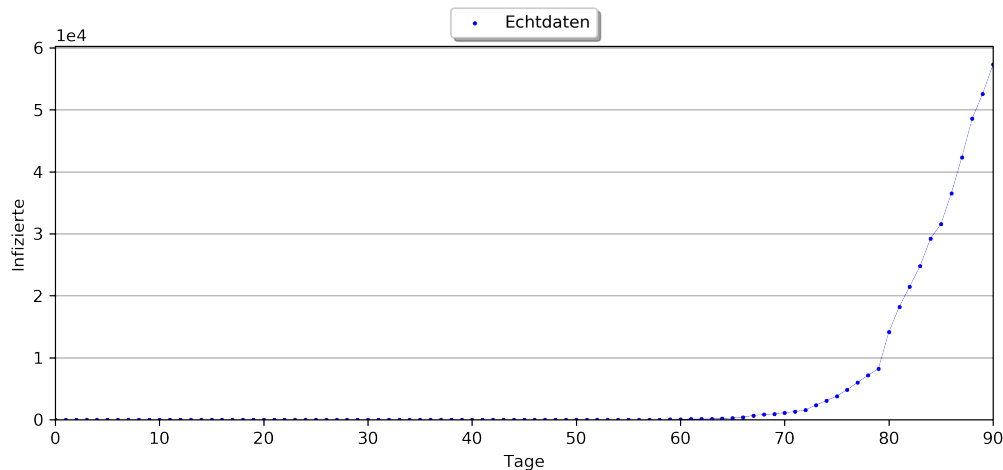


Abbildung 2: Infektionszahlen in Deutschland seit dem 31.12.2020 [Ros+20].

die Umsetzung eines solchen Wachstums werden im Folgenden jeweils ein zeitdiskretes und ein analoges kontinuierliches Modell verwendet.

Zeitdiskretes Modell

Im Folgenden sei $T \in \mathbb{R}^{14 \times 14}$ gegeben durch

$$T := (t_{ij}) \quad \text{mit} \quad t_{ij} = \begin{cases} \mathfrak{R}_0 \delta^{-1} & , \text{ falls } i = 0 \\ 1 & , \text{ falls } i = j + 1 \\ 0 & \text{sonst} \end{cases}$$

und $\mathfrak{R}_0, \delta \in \mathbb{R}^+$. Ferner sei $i \in \mathbb{R}^{14}$. Die Modellierungsfunktion ist nun gegeben durch

$$\mathcal{M}_d : \begin{cases} \mathbb{N}_0 \rightarrow \mathbb{R}^{14} \\ n \mapsto T^n i \end{cases}.$$

Für die mittlere Infektionsdauer δ ist nach derzeitigen Studien ein Wert von 14 (Tagen) zu erwarten [vgl. Deu20, *Verlauf der Krankheit*]. Ferner ergibt sich für den Wert der Basisreproduktionszahl \mathfrak{R}_0 ein Spektrum von 2 bis 3.3 [Rob20c]. Um eine optimale Approximation, im Sinne der Korrelation der Modellwerte zu den Echtwerten, zu erzielen, wählt man $\mathfrak{R}_0 = 2.181$. Angesichts der vom Modell gelieferten Werte innerhalb der ersten

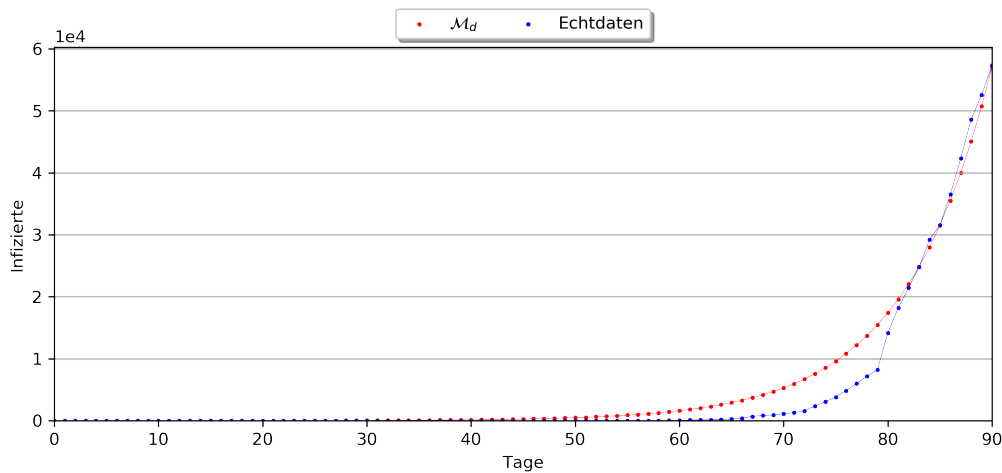


Abbildung 3: Infektionszahlen in Deutschland seit dem 31.12.2020 [Ros+20]. \mathcal{M}_d : $\delta = 14$, $\mathfrak{R}_0 = 2.181$; Korrelationskoeffizient: 0.9867

drei Monate (vgl. Abb. 3), scheint das aufgestellte Modell eine zufriedenstellende Approximation für die Infektionszahlen zu liefern. Um diese Approximation zu verbessern, verfolgt man nun den Ansatz eines kontinuierlichen Modells.

Kontinuierliches Modell

Im Folgenden sei das Anfangswertproblem A gegeben durch

$$A : \begin{cases} \dot{I} = \beta I \\ I(0) = I_0 \end{cases}$$

mit $\beta, I_0 \in \mathbb{R}^+$.

Mittels einer Separation der Variablen erhält man zusammen mit $\alpha \in \mathbb{R}$

$$\begin{aligned} \frac{dI}{I} &= \beta \, dt \\ \int \frac{dI}{I} &= \int \beta \, dt \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
\ln(|I|) &= \beta t + c \\
|I| &= \exp(\beta t + c) \\
|I| &= \alpha \exp(\beta t).
\end{aligned}
\tag{*}$$

Da die Anzahl an bisherigen Infektionen stets nicht-negativ ist, setzt man nun zusammen mit (*)

$$\mathcal{M}_c : \begin{cases} \mathbb{R}_0^+ \rightarrow \mathbb{R}^+ \\ t \mapsto I_0 \exp(\beta t) \end{cases}.$$

Unterzieht man \mathcal{M}_c nun der gleichen Optimierung wie schon \mathcal{M}_d , so erhält man für die Parameter I_0 und β die Werte $I_0 = 0.0725$ und $\beta = 0.152$. Vergleicht man die Mo-

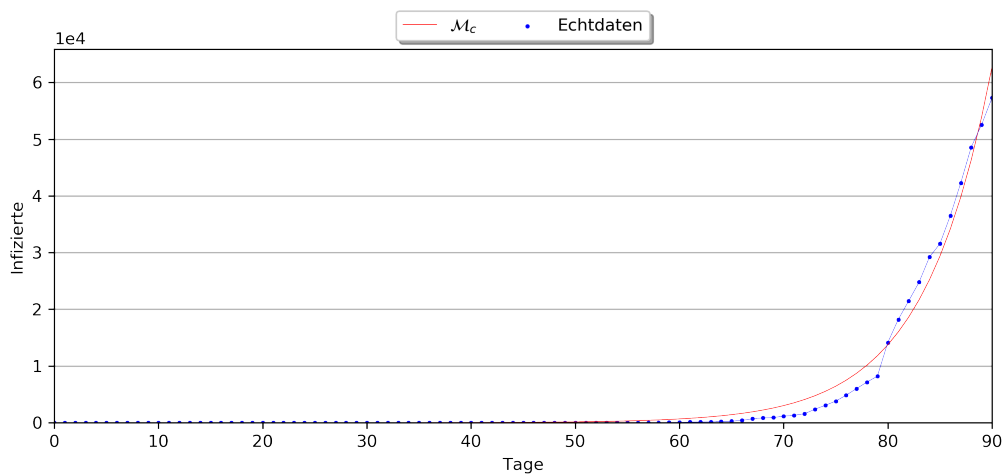


Abbildung 4: Infektionszahlen in Deutschland seit dem 31.12.2020 [Ros+20]. \mathcal{M}_c : $I_0 = 0.0725$, $\beta = 0.152$; Korrelationskoeffizient: 0.9942

delldaten, so fällt auf, dass letzteres eine bessere Approximation liefert (vgl. Abb. 3/4, *Korrelationskoeffizient*).

Um nun wertvolle Informationen über den Verlauf der Pandemie zu erhalten, gilt es die Modelle zur Extrapolation von Daten zu verwenden. Hierzu werden im Folgenden die Prognosen betrachtet, welche die beiden Modelle für die folgenden Monate liefern und mit den bis dahin vorliegenden Echtdaten verglichen. Tut man dies, so fällt sofort auf, dass bereits gegen Ende des bereits von Studien erfassten Zeitraums die Prognosen beider Modelle signifikant von den Echtwerten abweichen (vgl. Abb. 5). Demnach würden bereits nach 138 beziehungsweise 152 Tagen alle Bürger Deutschlands [Sta19] und nach 168 beziehungsweise 190 Tagen anschließend die gesamte Weltbevölkerung [Div19] zu einem gewissen Zeitpunkt infiziert gewesen sein. Darüber hinaus besitzen beide Modelle keine obere Schranken für die Infiziertenzahl, weshalb sowohl im zeitdiskreten als auch im kontinuierlichen Modell die Infiziertenzahl ab einem bestimmten Zeitpunkt über jegliche Grenze wachsen wird.

Exponentielle Modelle werden somit einem sinnvollen Modell für die Entwicklung der

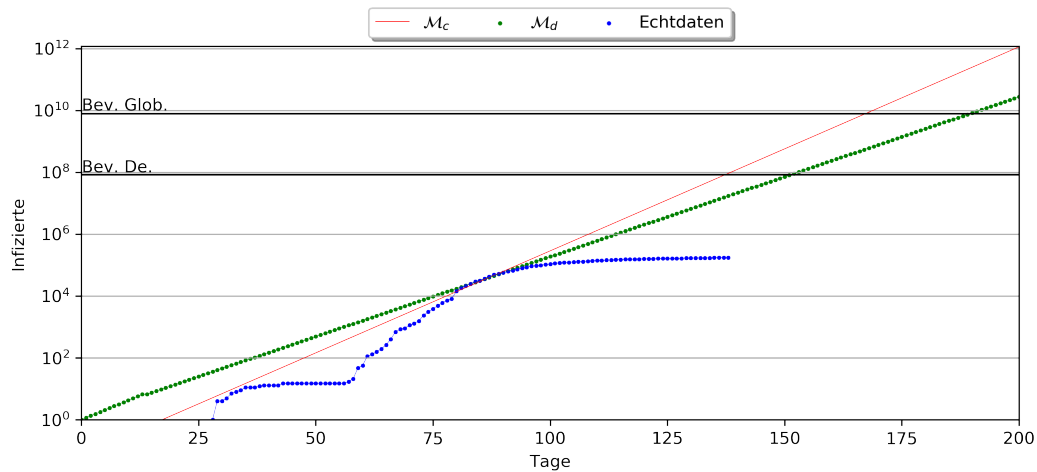


Abbildung 5: Infektionszahlen in Deutschland seit dem 31.12.2020 [Ros+20]. \mathcal{M}_d : $\delta = 14$, $\mathfrak{R}_0 = 2.181$. \mathcal{M}_c : $I_0 = 0.0725$, $\beta = 0.152$.

Pandemie nicht genüge tun. Um das Problem nun des Unbeschränkten Wachstums zu umgehen wird im Folgenden ein Ansatz mit beschränkten Modellen verfolgt.

2.2 Beschränktes Wachstum

Betrachtet man nun den gesamten bisher durch Studien erfassten Zeitraum, so sind bereits die Charakteristika eines beschränkten beziehungsweise logistischen Wachstums zu erkennen (vgl. Abb. 6). Es liegt nun nahe, dies als den nächsten Ansatz zu wählen und

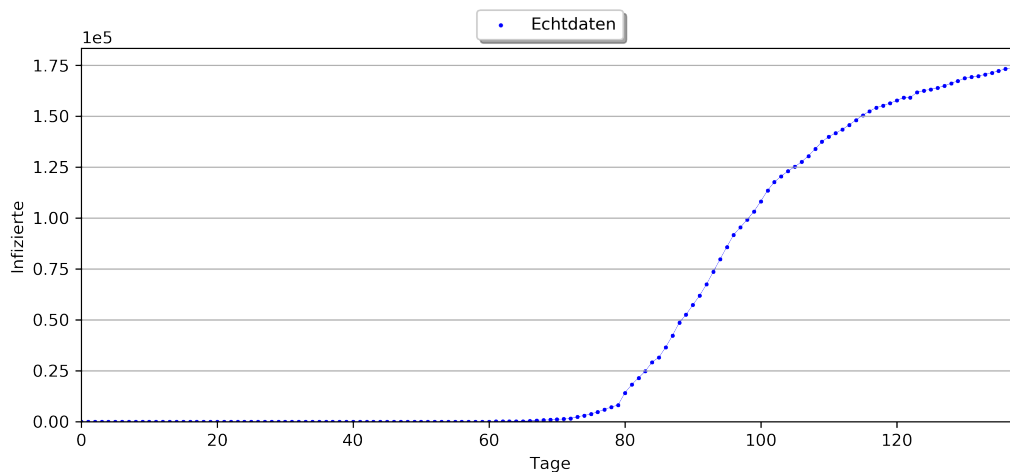


Abbildung 6: Infektionszahlen in Deutschland seit dem 31.12.2020 [Ros+20].

somit ein präziseres Modell zu erhalten, dessen Prognosen qualitativ besser sind als die der vorigen.

Zeitdiskretes Modell

Im Folgenden sei $(I_n)_{n \in \mathbb{N}_0} \in \mathbb{R}^{\mathbb{N}_0}$ rekursiv definiert durch

$$I_n := \begin{cases} 1 & , \text{ falls } n = 0 \\ \alpha I_{n-1} \cdot \left(1 - \frac{\beta I_{n-1}}{\kappa}\right) & , \text{ falls } n > 0 \end{cases}$$

mit $\alpha \in]1; 2]$, $\beta \in [\alpha^{-1}; \kappa]$ und $\kappa \in [1; \infty[$. Ferner sei nun die zeitdiskrete Modellierungsfunktion \mathfrak{M}_d erklärt mit

$$\mathfrak{M}_d : \begin{cases} \mathbb{N}_0 \rightarrow \mathbb{R}_0^+ \\ t \mapsto I_t \end{cases}.$$

Da in den hier aufgeführten Modellen die Infektionszahlen für Deutschland betrachtet werden, wählt man für die Kapazität κ die derzeitige Bevölkerungszahl Deutschlands und setzt $\kappa = 83000000$ [Sta19]. α und β werden nun wie zuvor so gewählt, dass eine optimale Approximation erzielt wird; hierbei jedoch mit größerer Gewichtung der Differenzen im späteren Verlauf des Zeitraums. Beim Vergleich der Modellwerte zu den

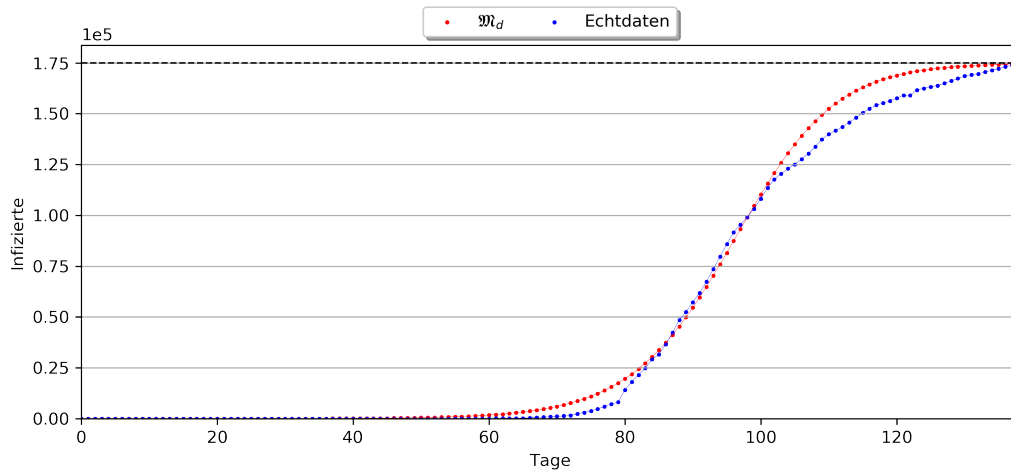


Abbildung 7: Infektionszahlen in Deutschland seit dem 31.12.2020 [Ros+20]. \mathfrak{M}_d : $\alpha = 1.133$, $\beta = 55.7$, $\kappa = 83 \cdot 10^6$; Korrelationskoeffizient: 0.9986

Echtwerten fällt auf, dass der annähernd logistische Verlauf des Modells zwar zu Beginn des dritten Monats nach Aufzeichnungsbeginn gute Approximationen liefert, jedoch anschließend signifikant schneller abflacht als die von Studien erfassten Werte (vgl. Abb. 7). Somit würde laut den Modellprognosen die Zahl der Infektionen nicht mehr merklich über die gegen Ende des erfassten Zeitraums vorhandene wachsen. Der Verlauf der Echtwerte lässt jedoch vermuten, dass dies nicht der Fall sein wird und in Zukunft die Zahl der bisher Infizierten weiterhin zunehmen wird. Um diese Schwäche des verwendeten Modells auszugleichen, wird im Folgenden kontinuierlichen Modell ein Ansatz verfolgt, welcher dieses Verhalten den Echtwerte reflektiert.

Kontinuierliches Modell

Im folgenden sei die Modellierungsfunktion \mathfrak{M}_c gegeben mit

$$\mathfrak{M}_c : \begin{cases} \mathbb{R}_0^+ \rightarrow \mathbb{R}_0^+ \\ t \mapsto \begin{cases} 0 & , \text{ falls } t \leq \gamma \\ \exp\left(\alpha - \frac{\beta^3}{(t-\gamma)^3}\right) & \text{sonst} \end{cases} \end{cases}$$

mit $\alpha, \beta, \gamma \in \mathbb{R}$ und $\beta > 0$.

Aufgrund der zu erwartenden Werte ist es hier sinnvoll dieses Modell dem dazu äquivalenten Modell \mathfrak{M}_c^* mit

$$\mathfrak{M}_c^* : \begin{cases} \mathbb{R}_0^+ \rightarrow \mathbb{R}_0^+ \\ t \mapsto \begin{cases} 0 & , \text{ falls } t \leq \gamma \\ \alpha \exp\left(-\frac{\beta}{(t-\gamma)^3}\right) & \text{sonst} \end{cases} \end{cases}$$

vorzuziehen. Optimiert man nun erneut die entsprechenden Parameter, so ergibt sich

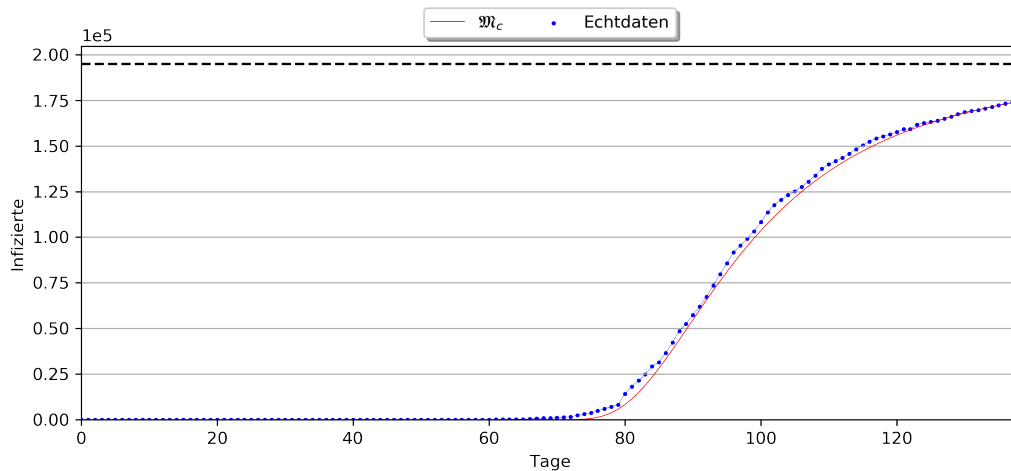


Abbildung 8: Infektionszahlen in Deutschland seit dem 31.12.2020 [Ros+20]. \mathfrak{M}_c : $\alpha = 12.179$, $\beta = 41.273$, $\gamma = 50.889$; Korrelationskoeffizient: 0.9996

eine Modellierungsfunktion, welche angesichts des Korrelationskoeffizienten eine bemerkenswert gute Approximation der Echtwerte liefert (vgl. Abb. 8). Unter Betrachtung der Prognosen, welche das Modell liefert, ist die Gesamtzahl der bisherigen Infektionen nach oben durch

$$\lim_{t \rightarrow \infty} \mathfrak{M}_c(t) = \exp(\alpha) \approx 194650$$

beschränkt. Um die Qualität der Prognosen des Modells beurteilen zu können, betrachten wir die Prozentuale Abweichung des Modells von den Echtwerten am 27.06.2020 (Tag

180 nach Aufzeichnungsbeginn), so erhalten wir für $\iota_{180} := 193243$ [Rob20a]

$$1 - \frac{\iota_{180}}{\mathfrak{M}_c(180)} \approx 0.025 = 2.5\%.$$

Genauer liegt an Tag 180 nach Aufzeichnungsbeginn der Echtwert circa um 4849 über den Modellprognosen. Ferner ergibt sich mit

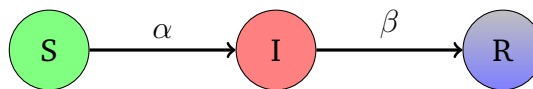
$$\mathfrak{M}_c^{-1} : \begin{cases}]0; \exp(\alpha)[\rightarrow]\gamma; \infty[\\ \iota \mapsto \gamma + \frac{\beta}{\sqrt[3]{\alpha - \ln(\iota)}} \end{cases},$$

dass die Studienwerte von Tag 180 nach den Vorhersagen des Modells erst im Verlauf von Tag $\mathfrak{M}_c^{-1}(\iota_{180}) \approx 264$ erreicht werden.

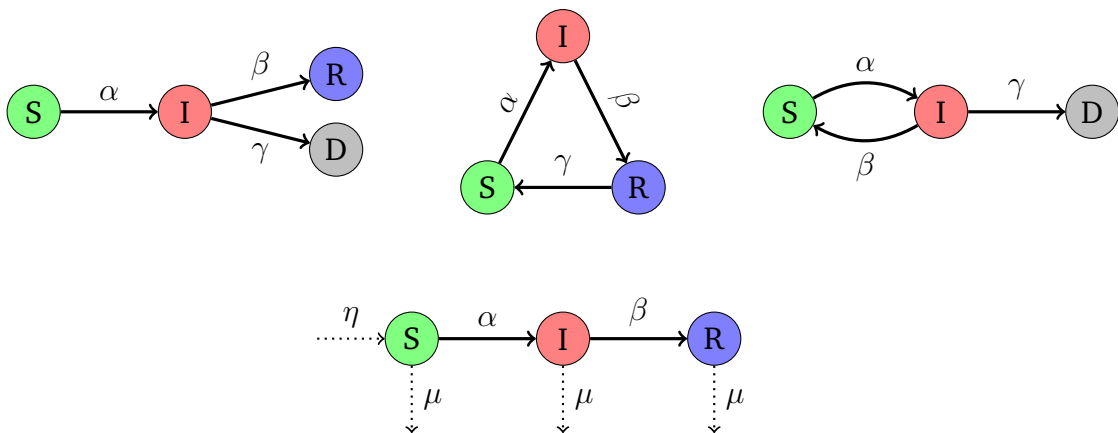
Um nun einen detaillierteren Einblick in den Verlauf und die Entwicklung der Pandemie zu erlangen, werden im Folgenden Modelle betrachtet, welche nicht die kumulative Anzahl an Infektionen, sondern die Anzahl an gegenwärtigen Infektionen, gesund Gewordenen und noch Anfälligen modelliert.

3 SIR* - Modelle

In diesem Abschnitt werden Modelle aus der Klasse der *SIR-Modelle* behandelt. Die Motivation hinter *SIR-Modellen*, stehend für *Susceptible* (Suszeptibel/Anfällig), *Infected* (Infiziert) und *Recovered/Removed* (Genesen/Entfernt), ist der Prozess



mit $\alpha, \beta \in [0; \infty[$. Alternativ gibt es verwandte Klassen von Modellen, welche unter anderem durch die Prozesse



mit $\alpha, \beta, \gamma, \eta, \mu \in [0; \infty[$. Im Folgenden wird sich aufgrund der an *Covid-19* orientierten Modellierung auf Prozesse der Form *SIR* ~~und *SIRD*~~ beschränkt. Modelle mit Prozessen

der Form *SIRS*, *SISD* oder *IOSIR* eignen sich aufgrund der gewählten Parameter überwiegend für die Modellierung von Infektionskrankheiten mit einer potenziellen Reinfizierung (üblicherweise bakterieller Natur) oder Krankheiten, welche in ihrer Dauer in der Größenordnung der mittleren Lebensspanne der Individuen innerhalb der betrachteten Population liegt.

3.1 Standardmodell nach McKendrick und Kermack

Zunächst wird das Modellierungsproblem unter dem Standpunkt des ursprünglichen *SIR-Modells* nach W. O. Kermack und A. G. McKendrick betrachtet. Dieses Modell setzt voraus, dass die Population $N \in \mathbb{R}^+$ konstant ist und somit

$$S + I + R = N$$

für $S, I, R : \mathbb{R}_0^+ \rightarrow \mathbb{R}_0^+$ und jeden Zeitpunkt $t \in \mathbb{R}_0^+$ gilt; überdies wird in der betrachteten Population eine homogene Struktur vorausgesetzt, die nicht von Altersdifferenzen oder sozialen Gebilden geprägt ist [Wei04]. Unter diesen Voraussetzungen und der Forderung einer instantanen Inkubation ergibt sich das primitive *SIR-Modell* durch

$$\text{SIR} : \begin{cases} \dot{S} = -\alpha SI & , S(0) = S_0 \\ \dot{I} = \alpha SI - \beta I & , I(0) = I_0 \\ \dot{R} = \beta I & , R(0) = R_0 \end{cases}$$

mit $\alpha, \beta \geq 0$ (im Folgenden bezeichnet durch $\langle S_0, I_0, R_0 \rangle_{\alpha, \beta}$). Ferner gilt in diesem Modell für die Basisreproduktionszahl \mathfrak{R}_0 der Zusammenhang

$$\mathfrak{R}_0 = \frac{\alpha S_0}{\beta} \quad \text{beziehungsweise} \quad \mathfrak{R} = \frac{\alpha S}{\beta}$$

[Wei04]. Für einen ersten Einblick in das Verhalten des Modells, wählt man im Folgenden das Modell $\langle 99.9, 0.1, 0 \rangle_{0.001, 0.035}$ und löst das Gleichungssystem mittels der *Runge-Kutta-Methode* [Zel98] (vgl. Abb. 9). Da im Allgemeinen keine analytische Lösungen für alle drei Funktionen S, I und R existieren und in der Regel $R_0 = 0$ gilt, wird im Folgenden das approximative Modell

$$\widetilde{\text{SIR}} : \begin{cases} \tilde{S} = \alpha \tanh(\beta(t + \gamma)) + \delta \\ \tilde{I} = N - (\tilde{S} + \tilde{R}) \\ \tilde{R} = \begin{cases} 0 & , \text{ falls } t \leq \theta \\ \exp\left(\zeta - \frac{\eta^3}{(t-\theta)^3}\right) & , \text{ falls } t > \theta \end{cases} \end{cases}$$

mit $\alpha, \beta, \gamma, \delta, \zeta, \eta, \theta \in \mathbb{R}_0^+$ verwendet, um eine Näherung für die in Deutschland vorliegend Studienwerte zu *Covid-19* zu berechnen. Eine solche Näherung mit Hilfe des ur-

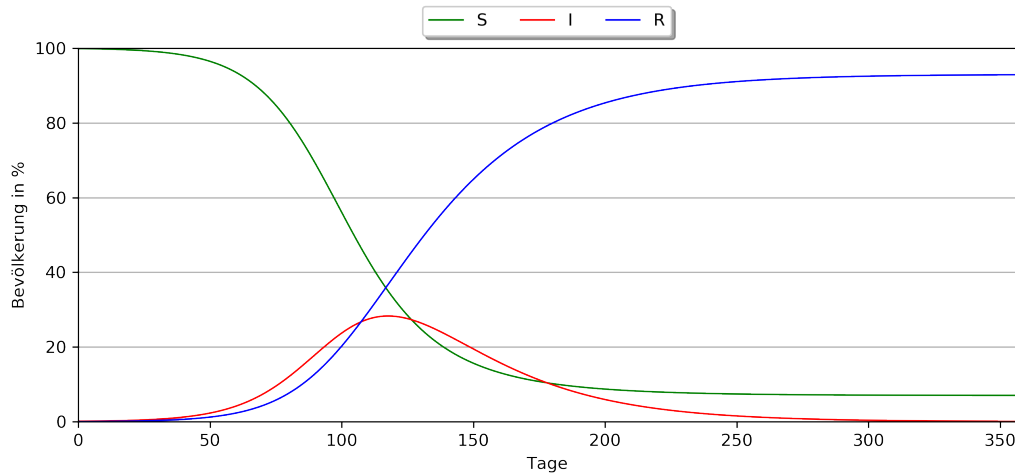


Abbildung 9: Numerische Lösung des *SIR-Modell* $\langle 99.9, 0.1, 0 \rangle_{0.001, 0.035}$ ($\mathcal{R}_0 \approx 2.85$).

sprünglichen Modells zu errechnen ist mit gewöhnlichen Methoden nicht zielführend, da die Zahlen der Anfälligen und die der Infizierten und Genesenen in Deutschland um mehrere Magnituden auseinander liegen (vgl. Abb. 10). Zudem erfüllt Deutschland die

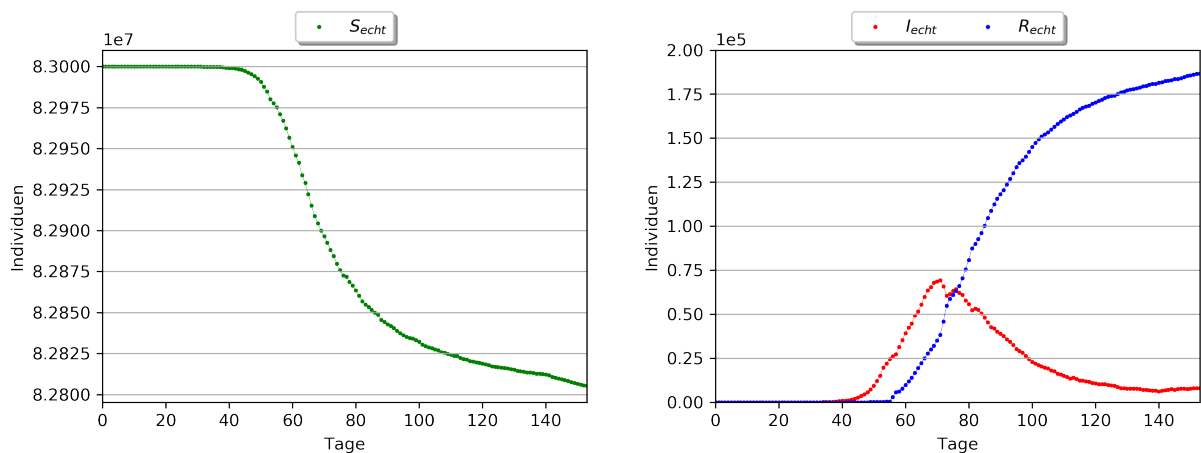


Abbildung 10: *Covid-19*-Daten in Deutschland seit dem 27.01.2020 [Tim+20] mit $N = 8.3 \cdot 10^7$ [Sta19].

Vorraussetzungen des *SIR-Modells* **nicht** in vollem Umfang, weswegen auch eine Optimierung von $\langle S_0, I_0, R_0 \rangle_{\alpha, \beta}$ über α und β keine signifikant besseren Ergebnisse liefert. Optimieren wir nun die Parameter $\alpha, \beta, \gamma, \delta, \zeta, \eta$ und θ so, dass eine maximale Korrelation der jeweiligen Daten vorliegt, so erhält man ein Modell, welches innerhalb der ersten zwei Monate gute Approximationen liefert, aber circa ab dem 70. Tag in der Zahl der Suszeptiblen und Infizierten signifikant von den Echtwerten abweicht (vgl. Abb. 11). Betrachtet man angesichts dieser Diskrepanz jedoch die Daten der ersten großflächigen Maßnahmen, sprich dem ersten Bundeslandübergreifenden *Lockdown* am 22.03.2020 [Mit20], so fällt auf, dass zwar die Zahlen zunächst mit denen des Modells übereinstimmen, aber anschließend nach 14 Tagen, der mittleren Infektiositätsperiode von SARS-CoV-2 [vgl. Deu20, *Verlauf der Krankheit*], die festgestellten Abweichungen eintreten. Es

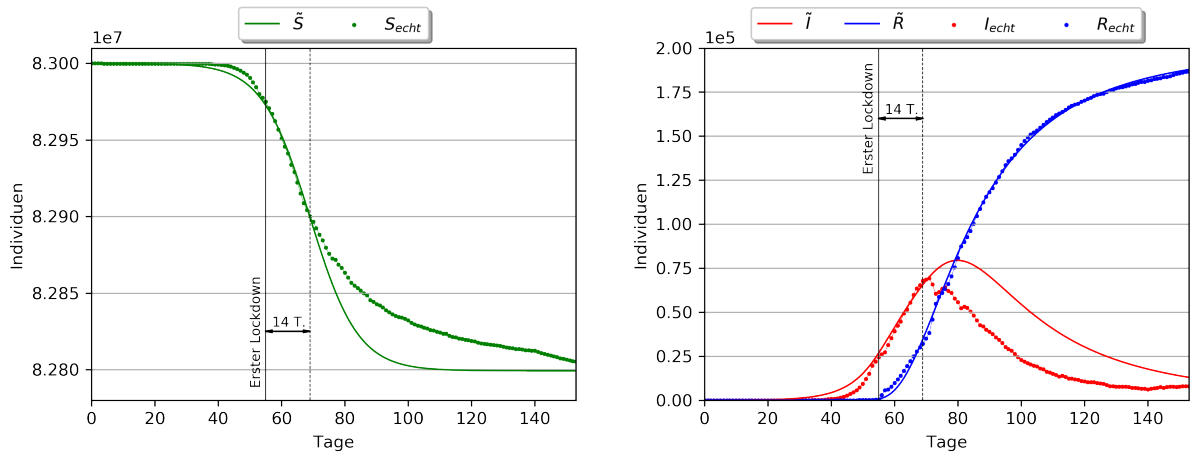


Abbildung 11: Covid-19-Daten in Deutschland seit dem 27.01.2020 [Tim+20] mit $N = 8.3 \cdot 10^7$ [Sta19], Kennzeichnung des ersten Lockdowns am 22.03.2020 [Mit20] und approximativem \widetilde{SIR} -Modell mit $\alpha = -100404$, $\beta = 0.066$, $\gamma = -69$, $\delta = 82899617$, $\zeta = 12.21$, $\eta = 51.33$ und $\theta = 26.44$; Korrelationskoeffizienten: $r_S = 0.9965$, $r_I = 0.9148$, $r_R = 0.9998$

ist also zu vermuten, dass dies bereits ein erstes Indiz dafür ist, dass die vorgenommenen Maßnahmen in der Tat Effekt gezeigt und den weiteren Anstieg der Infektionszahlen gebremst haben.

Um nun die Einflüsse der einzelnen Parameter besser einschätzen zu können, werden im Folgenden eine Reihe von *SIR-Modellen* unter Einbezug verschiedener aber stets fester Werte für α und β betrachtet und deren Unterschiede diskutiert. Hierbei ist vorwegzunehmen, dass die Werte für α und β unrealistisch groß gewählt werden, um die Unterschiede der verschiedenen Parametrisierungen deutlich zu machen.

Betrachtung der Infektiosität α

Zunächst werden Variationen der Infektiosität α betrachtet. Seien hierzu α_1 , α_2 und α_3 gewählt mit

$$\alpha_1 = 0.002, \alpha_2 = 0.001 \text{ und } \alpha_3 = 0.0005.$$

Ferner sei $\beta = 0.035$. Betrachtet man die entstehenden Schaubilder (vgl. Abb. 12), so fällt auf, dass eine Variation der Infektiosität in Richtung null überwiegend eine Stauchung des Graphen der Infiziertenzahl nach sich zieht und sich dessen globales Extremum nach rechts verschiebt. Insgesamt verzögert sich also die Ausbreitung der Infektion und es werden insgesamt weniger Individuen gleichzeitig an der Infektion erkranken. Variiert man α hingegen in Richtung der positiven reellen Achse, so ist genau umgekehrtes zu beobachten. Auch ist anzumerken, dass eine geringere Infektiosität dazu führt, dass ein gewisser Teil der Population nie infiziert wird und somit

$$\lim_{t \rightarrow \infty} S(t) > 0$$

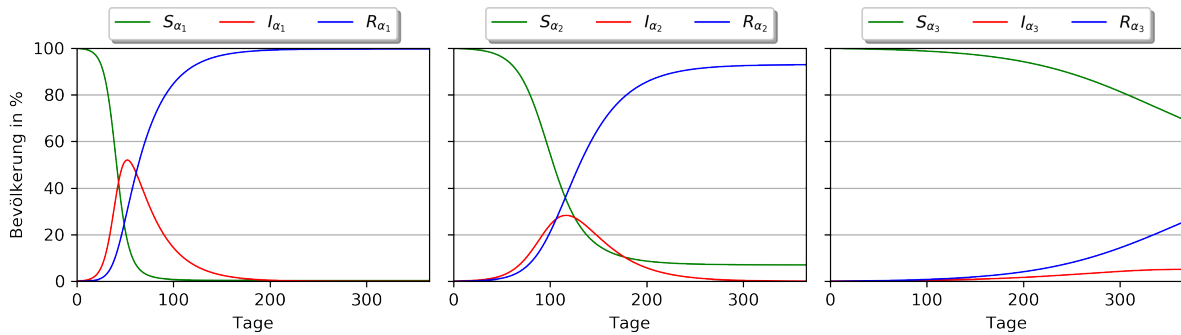


Abbildung 12: Auswirkungen der Variation der Infektiosität α mit $\alpha_1 = 0.002$, $\alpha_2 = 0.001$, $\alpha_3 = 0.0005$ und $\beta = 0.035$.

gilt. Dieser Effekt ist jedoch nicht so stark ausgeprägt wie der zuvor angesprochene.

Betrachtung der Genesungszahl β

Seien nun β_1, β_2 und β_3 gewählt mit

$$\beta_1 = 0.07, \beta_2 = 0.035 \text{ und } \beta_3 = 0.0175$$

und sei $\alpha = 0.001$. Im Gegensatz zu den vorangegangenen Variationen der Infektiosität

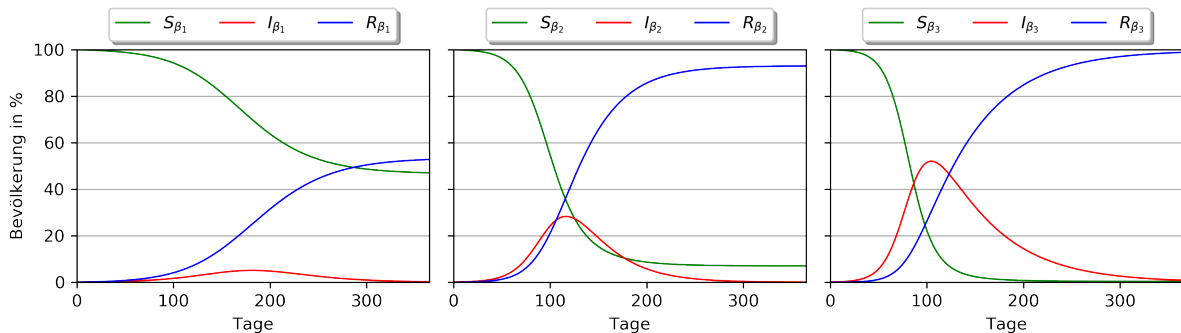


Abbildung 13: Auswirkungen der Variation der Genesungszahl β mit $\beta_1 = 0.07$, $\beta_2 = 0.035$, $\beta_3 = 0.0175$ und $\alpha = 0.001$.

tät α fällt auf, dass bei der Variation der Genesungszahl β derjenige Effekt, welcher in den zuvor entstandenen Schaubildern nur in kleinem Ausmaß erkennbar war, hier nun den überwiegenden Anteil darstellt (vgl. Abb. 13). Somit sorgt eine höhere Genesungszahl dafür, dass ein größerer Teil der Population nie infiziert wird. Ebenso gilt, dass ein kleineres β dafür sorgt, dass die maximale Anzahl gleichzeitig Infizierter größer ist, als für größere β . Im Gegensatz zur Variation von α wird hierbei jedoch der Zeitpunkt des Auftretens dieses Extremums signifikant weniger beeinflusst.

Verhältniserhaltende Variation

Abschließend betrachten wir das Modell unter den Parameterwerten

$$\alpha_1 = 0.002, \alpha_2 = 0.001, \alpha_3 = 0.0005 \text{ und } \beta_1 = 0.07, \beta_2 = 0.035, \beta_3 = 0.0175.$$

Betrachtet man die Effekte dieser Art von Variation, so ist zu beobachten, dass die Aus-

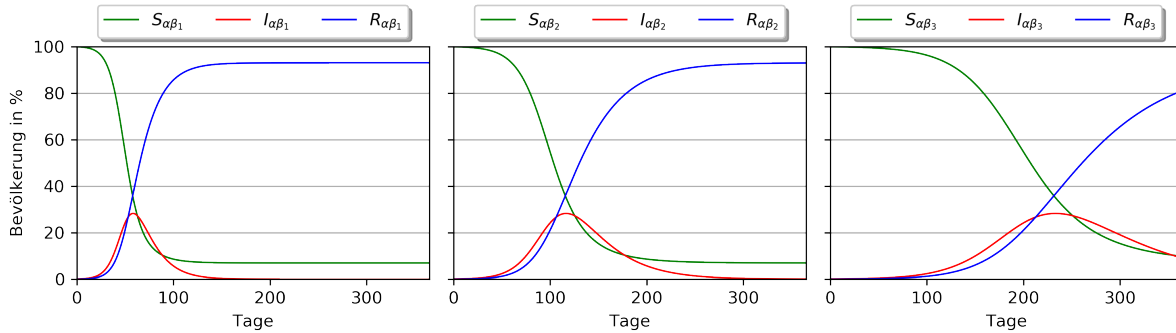


Abbildung 14: Auswirkungen der Verhältniserhaltenden Variation der Infektiosität α und der Genesungszahl β mit $\alpha_1 = 0.002, \alpha_2 = 0.001, \alpha_3 = 0.0005$ und $\beta_1 = 0.07, \beta_2 = 0.035, \beta_3 = 0.0175$.

wirkungen der separaten Variation von α und β beide auch in dieser auftreten (vgl. Abb. 14). Es ist sowohl die Verschiebung des Extremums der Infiziertenkurve als auch der anfallende Anteil an Individuen, welche nie an der Infektion erkrankt sind zu erkennen. Im Kontrast zu den vorigen Variationen ändert sich hierbei die Größe des Anteil an nie Infizierten beziehungsweise die maximale Anzahl an zugleich Infizierten nur unmerklich. Eine verhältniserhaltende Variation der Infektiosität und der Genesungszahl zieht somit im Grunde eine zeitliche Streckung beziehungsweise Stauchung des Ausbreitungsprozesses der Krankheit nach sich.

Wie aber bereits in den Studienwerten zur Ausbreitung von SARS-CoV-2 zu erkennen war (vgl. Abb. 11), sind diese Parameter im zeitlichen Verlauf nicht konstant. Aus diesem Grund werden im Folgenden Abschnitt nicht statische Versionen des *SIR-Modells* und deren Auswirkungen untersucht.

3.2 Variable SIR-Modelle

Im Zuge der zuvor erkannten Notwendigkeit nicht-statischer Parameter im *SIR-Modell*, werden nun Modelle mit $\alpha, \beta : \mathbb{R}_0^+ \rightarrow \mathbb{R}_0^+$ anstelle von $\alpha, \beta \in \mathbb{R}_0^+$ betrachtet. Gleichzeitig wird behandelt welche Ursachen einen solchen zeitlichen Verlauf für α beziehungsweise β bedingen können. Als Referenzverlauf für die einzelnen funktionalen Parametrisierungen wählen wir das Modell $\langle 99.9, 0.1, 0 \rangle_{0.001, 0.025}$ und dessen Schaubild (vgl. Abb. 15).

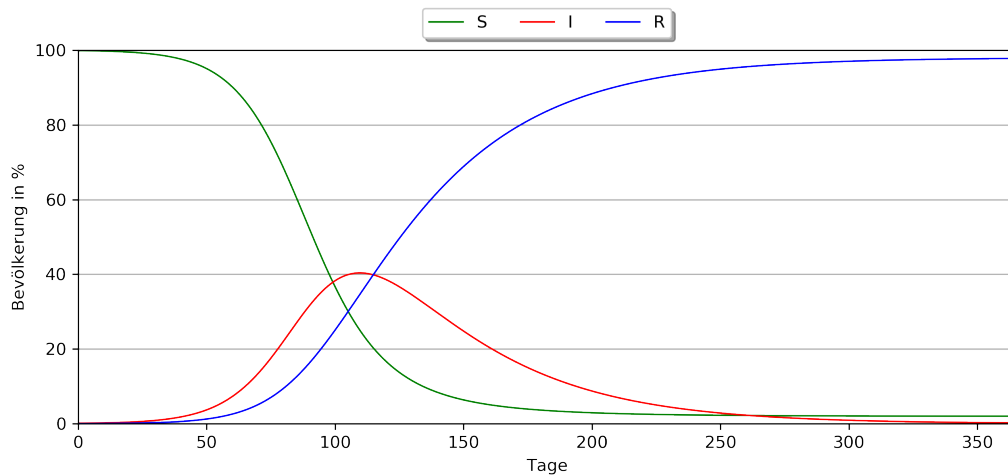


Abbildung 15: Numerische Lösung des *SIR-Modell* $\langle 99.9, 0.1, 0 \rangle_{0.001, 0.025}$ ($\mathcal{R}_0 \approx 4$).

Variable Infektionsrate - Maskenschutz und *Social Distancing*

Im Folgenden seien α und β definiert durch

$$\alpha(t) = \begin{cases} 0 & , \text{ falls } t \leq 100 \\ \frac{1}{2} \exp\left(-\frac{5}{(t-100)^2}\right) & , \text{ falls } t > 100 \end{cases} \quad \text{und } \beta(t) = 0.025. \quad (\text{I})$$

Das durch diese Parametrisierung entstehende Schaubild besitzt einige der in Abbildung 10 beobachteten Abweichungen vom Standard *SIR-Modell* (vgl. Abb. 16). Konkret be-

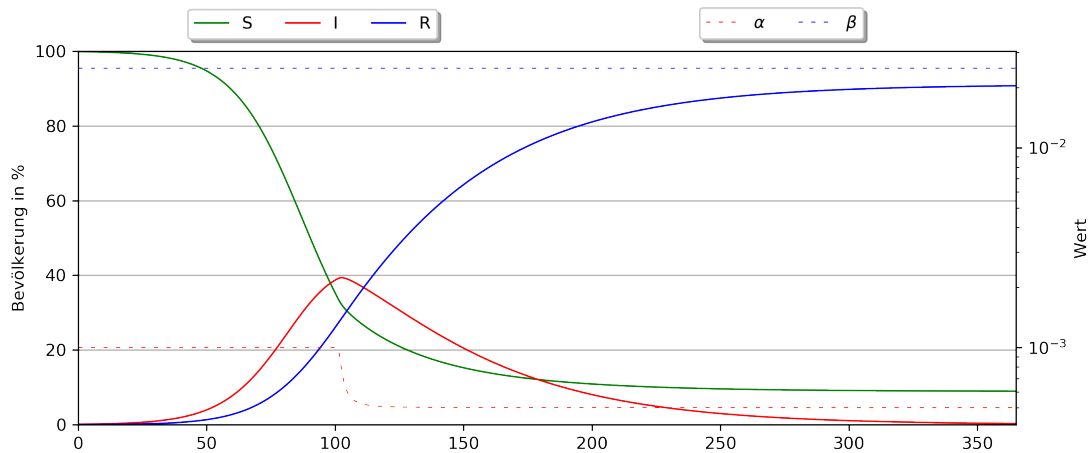


Abbildung 16: Numerische Lösung des *SIR-Modell* $\langle 99.9, 0.1, 0 \rangle_{\alpha, \beta}$ ($\mathcal{R}_0 \approx 4$) mit α und β wie in (I).

deutet dies, dass eine Parametrisierung von α , welche ab einem Zeitpunkt $t_0 > 0$ abrupt im Wert fällt (hier auf die Hälfte des Initialwerts), einen frühzeitigen Abfall der Infiziertenkurve nach sich zieht. Zudem ist zu beobachten, dass die Zahl der Anfälligen nun signifikant langsamer fällt. Dies unterstützt die These, dass die am 22. März 2020 veranlassten *Lockdowns* die Ausbreitung der *Covid-19* Pandemie Effekt gezeigt haben. Jedoch

fällt auf, dass im Gegensatz zu den Echtwerten der Pandemie die Abflachung der Kurve sofort zu beobachten ist, anstatt mit einer Verzögerung. Dies ist dadurch zu begründen, dass das *SIR-Modell* keine Inkubationszeit berücksichtigt und somit alle Infektionen sofort erfasst werden.

Da durch eine Maskenpflicht ein ähnlicher Effekt, genauer eine forcierte Minderung der Infektiosität, herbeiführt wird, wäre ein ähnlicher Effekt zu beobachten.

Variable Immunisierung - Überlastung des Gesundheitssystems

Nun sollen die Effekte eines überlasteten Gesundheitssystems untersucht werden. Hierzu wird angenommen, dass die Systeme der beobachtete Population eine reguläre Kapazität von 20% der Gesamtpopulation besitzen. Wird diese Kapazität überschritten, so steigt die Chance, dass die Infektion tödlich verläuft. Anzumerken ist hierbei, dass die Zahl der letalen Fälle mit in die Klasse *R* zählen. Seien hierzu nun α und β gegeben mit

$$\alpha(t) = 0.001 \quad \text{und} \quad \beta(t) = 0.025 \cdot \begin{cases} 1 & , \text{ falls } I(t) \leq 20 \\ I(t) - 19 & , \text{ falls } I(t) > 20 \end{cases} \quad (\text{II})$$

Betrachtet man erneut das durch dieses Modell entstehende Schaubild, so ist klar zu erkennen, dass die Kurve der Infiziertenzahl massiv abflacht und die der ‘Genesenen’ etwas stärker anwächst als zuvor (vgl. Abb. 17). Dies impliziert zwar eine durchschnittlich klei-

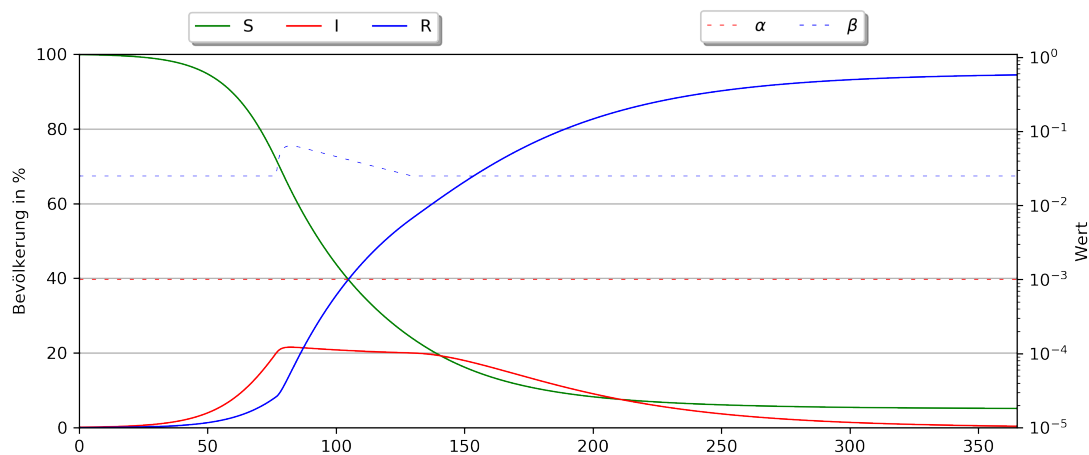


Abbildung 17: Numerische Lösung des *SIR-Modell* $\langle 99.9, 0.1, 0 \rangle_{\alpha, \beta}$ ($\mathfrak{R}_0 \approx 4$) mit α und β wie in (II).

nere Zahl an zugleich Infizierten, jedoch aber auch, dass am Ende des Zeitraums nahezu 95% der Bevölkerung zu einem (unterschiedlichen) Zeitpunkt an der Infektion erkrankt waren. Nehmen wir an, dass 5% der Infektionen letal sind, so wären im Vergleich zu dem durch (I) beschriebenen Modell rund 0.25% mehr Infektionen tödlich geendet. Bei einer Bevölkerung von $8.3 \cdot 10^7$ Menschen wären dies rund 210000 zusätzliche Todesfälle.

Einführung eines Impfstoffes

Um abschließend die Einführung eines Impfstoffes zu modellieren wählen wir ein alternatives Modell $\langle S_0, I_0, R_0 \rangle_{\alpha, \beta, \gamma}$ mit

$$\text{SIR}^* : \begin{cases} \dot{S} = -\alpha SI - \gamma & , S(0) = S_0 \\ \dot{I} = \alpha SI - \beta I & , I(0) = I_0 \\ \dot{R} = \beta I + \gamma & , R(0) = R_0 \end{cases}$$

und $\alpha, \beta, \gamma : \mathbb{R}_0^+ \rightarrow \mathbb{R}_0^+$. Ferner wird angenommen, dass ein Impfstoff nach 150 Tagen zur Verfügung gestellt werden kann und fortan täglich bis zu 1% der Gesamtbevölkerung geimpft werden können. Mit diesen Voraussetzungen ergibt sich

$$\alpha(t) = 0.001, \quad \beta(t) = 0.025 \quad \text{und} \quad \gamma(t) = \begin{cases} 0 & , \text{falls } t \leq 150 \\ \min(S(t), 1) & , \text{falls } t > 150 \end{cases}. \quad (\text{III})$$

Betrachtet man nun wieder das Schaubild, so ist klar zu erkennen, dass im Zeitraum unmittelbar nach Verteilung des Impfstoffes die Zahl an Anfälligen und somit im Umkehrschluss die Anzahl der Genesenen rapide sinkt beziehungsweise wächst (vgl. Abb. 18). Im Gegensatz zu den anderen Parametrisierungen wird hierbei garantiert, dass für

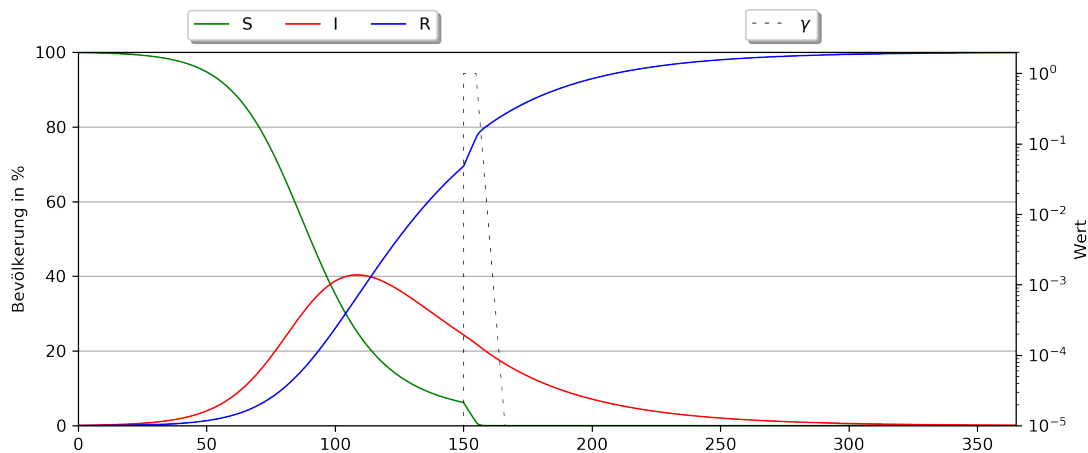


Abbildung 18: Numerische Lösung des *SIR*-Modell* $\langle 99.9, 0.1, 0 \rangle_{\alpha, \beta, \gamma}$ ($\mathfrak{R}_0 \approx 4$) mit α, β und γ wie in (III).

S und R die Grenzwertaussagen

$$\lim_{t \rightarrow \infty} S(t) = 0 \quad \text{und} \quad \lim_{t \rightarrow \infty} R(t) = N = 100$$

gelten. Somit ist ein Wiederausbrechen der Infektionskrankheit ausgeschlossen.

Bringt man nun alle funktionalen Parametrisierungen aus (I), (II) und (III) in ein Modell, so ergibt sich das folgende Schaubild. Betrachtet man die Graphen der Parameterfunktio-

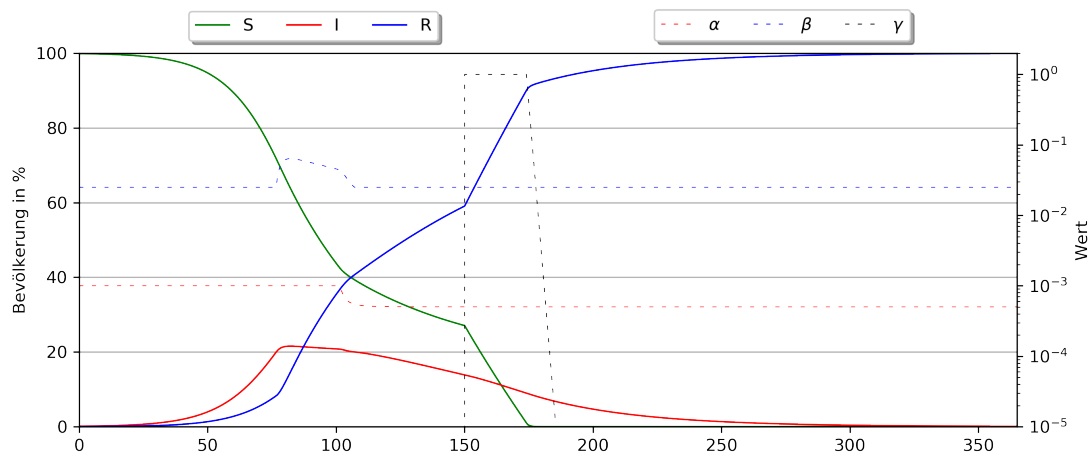


Abbildung 19: Numerische Lösung des SIR^* -Modell $\langle 99.9, 0.1, 0 \rangle_{\alpha, \beta, \gamma}$ ($\mathfrak{R}_0 \approx 4$) mit α wie in (I), β wie in (II) und γ wie in (III).

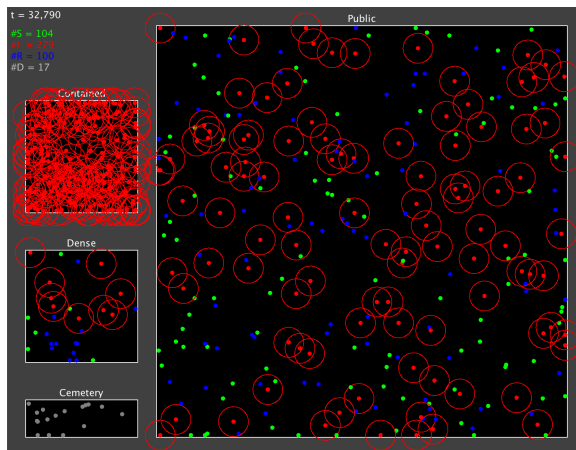
nen, so kann man erkennen, dass sich die einzelnen Auswirkungen der vorigen Modelle auch auf dieses übertragen aber mitunter gegenseitig beeinflussen (vgl. Abb. 19). Somit kann bereits mit nur drei Parameterabbildungen eine komplexe Entwicklung einer Infektionskrankheit modelliert werden.

Ein großer Faktor in der Ausbreitung von Krankheiten, der Zufall, wurde bisher von keinem der betrachteten Modelle berücksichtigt. Dies liegt daran, dass rein mathematische Modelle statischer Natur sind; unter den gleichen Anfangsbedingungen wird stets das selbe Ergebnis geliefert. Ändert man die Initialbedingungen nur hinreichend klein, so wird auch das Ergebnis nicht stark von den vorigen abweichen. In der Anwendung können aber bereits kleine Deviationen der Ausgangswerte zu einem signifikant anderen Ergebnis führen; ein solcher Prozesse ist also chaotisch. Um dieses und andere Konzepte nun umsetzen zu können werden im Folgenden verschiedene Algorithmische Modelle betrachtet.

4 Algorithmische Modelle

4.1 Monte-Carlo Simulation

Um nun eine möglichst realistische Simulation im Bezug auf die Ausbreitung der *Covid-19* Pandemie zu erstellen, wurde im Zuge dessen ein Java-Projekt (<https://gitlab.rhrk.uni-kl.de/prokosch/projekt-covid-19/-/tree/master/Skripte/COVID-Sim>) erstellt, welches einen Großteil der bisher angesprochenen Konzepte umsetzt und zusätzlich noch einige Funktionen beinhaltet, welche die Ralitätätsnähe der Simulation weiter verbessern; so wird zum Beispiel die chaotische Bewegung der Individuen durch *Perlin Noise* [Per02] simuliert. Um das Programm benutzerfreundlicher zu gestalten, wurde hierzu das Folgende GUI (*Graphical User Interface*) implementiert.



- *grün, rot, blau und grau:*
Suszeptible, Infizierte, Genesene und Tote
- *Public, Contained, Dense und Cemetery:*
Öffentliche Plätze, Quarantänezone, dichte Räume (z.B. Supermärkte oder Parks) und Friedhof
- *t, S, I, R und D:*
Zeit seit Simulationsbeginn, Anzahl der Suszeptiblen, Infizierten, Genesenen und Toten

Ferner ist es möglich im Code selbst die Parameter der Simulation anzupassen, indem man diese im Folgenden Codeabschnitt anpasst.

```
public static void main(String[] args) {
    TreeMap<String, Property> simProperties = new TreeMap<>();
    simProperties.put("n", new Property<Integer>(500));
    simProperties.put("dt", new Property<Double>(0.005));
    simProperties.put("virus", new Property<Virus>(new COVID19()));
    simProperties.put("containmentChance", new Property<Double>(2.0));
    simProperties.put("gatheringChance", new Property<Double>(0.1));
    simProperties.put("distancingFactor", new Property<Double>(1.5));
    simProperties.put("behaviourChangeStart", new Property<Integer>(500));
    simProperties.put("behaviourChangeCancel", new Property<Integer>(0));

    // Restlicher Code
}
```

Hierbei sind

- *n* die Anzahl der Individuen innerhalb der Simulation,
- *dt* der Zeitschritt, in welchem die Berechnungen durchgeführt werden,
- *virus* der für die Simulation verwendete Virus,
- *containmentChance* (*cC*) die Chance, dass ein Infizierter innerhalb der Infektionsperiode in Quarantäne (*Contained*) muss,
- *gatheringChance* (*gC*) die Chance, dass eine beliebige (lebendige) Person innerhalb eines Tages in eine dicht besuchte Region (*Dense*) muss und dort für kurze Zeit bleibt,
- *distancingFactor* (*dF*) der Faktor, mit welchem sich die Personen im Falle von *Social Distancing* versuchen zu distanzieren,
- *behaviourChangeStart* (*bCS*) die Anzahl an Infizierten, die nötig ist, um *Social Distancing* zu veranlassen und
- *behaviourChangeCancel* (*bCC*) die Anzahl an Infizierten, unter welcher *Social Di-*

stancing beendet wird.

Im Folgenden werden die unterschiedlich parametrisierten Simulationen durch $\langle cC, gC, dF, bCS, bCC \rangle$ bezeichnet. Fortan werden $n = 500$, $dt = 0.005$ und $virus = \text{COVID19}$ gesetzt. Ferner gilt für die Parameter des Virus *COVID19*

- $infectionRadius = 20$,
- $R0 = 3$,
- $mortalityRate = 0.0467$ [Joh20],
- $resusceptibilityRate = 0$ und
- $infectionPeriod = 14$.

Eine Simulation beginnt im Schnitt mit 99.8% Anfälligen und 0.2% Infizierten Personen und läuft, bis die Zahl der Infizierten auf null fällt. Anschließend wird eine *Comma Seperated Values* (.csv) Datei und ein entsprechendes Schaubild erzeugt. Alle fünf Simulationen wird über alle bisherigen Simulationen gemittelt und ein Schaubild generiert, welches die gemittelten Werte im Bereich der am kürzesten gelaufenen Simulation darstellt. Im Folgenden werden die Mittelwertschaubilder nach fünf Simulationen betrachtet.

Referenzsimulation - $\langle 0, 0.1, 0, 500, 0 \rangle$

Referenzsimulation ohne Eingriffe durch Quarantäne oder *Social Distancing*. Ähnlichkeit

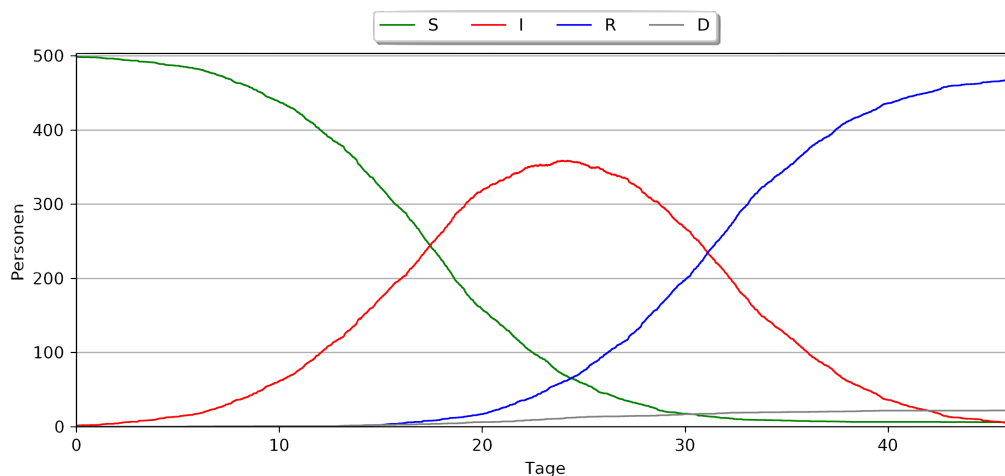


Abbildung 20: Schaubild der Referenzsimulation $\langle 0, 0.1, 0.5, 0, 0 \rangle$

zum Verlauf des gewöhnlichen *SIR-Modells* ist klar erkennbar.

Konsequentes (leichtes) *Social Distancing* - $\langle 0, 0.1, 0.5, 0, 0 \rangle$

Eingriff durch *Social Distancing* in leichtem Ausmaß. Personen versuchen sich aus dem Weg zu gehen, jedoch nur schwach. Deutliche Verminderung der maximalen Zahl zugleich Infizierter und Verschiebung des Maximums nach rechts (vgl. Abb. 20 & 21).

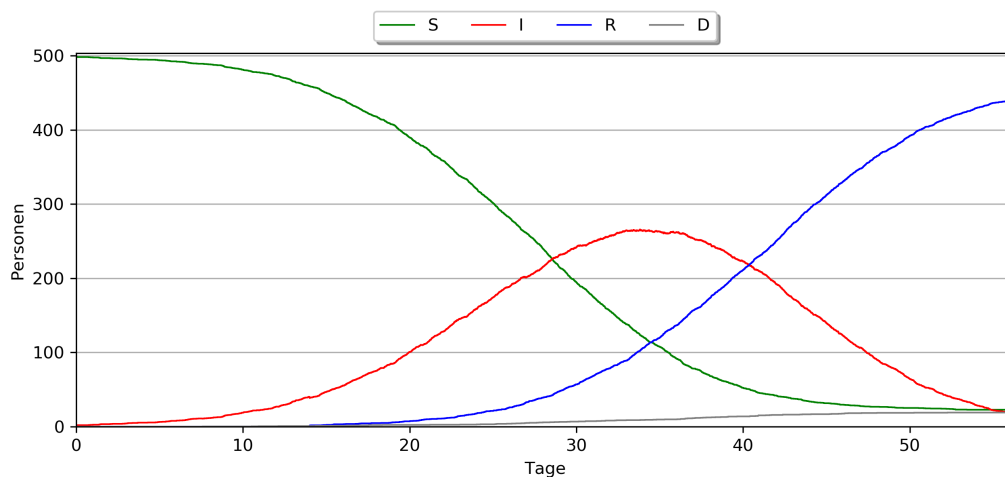


Abbildung 21: Simulation mit leichtem *Social Distancing*; Parameter: $\langle 0, 0.1, 0.5, 0, 0 \rangle$

Konsequentes (mittleres) *Social Distancing* - $\langle 0, 0.1, 1.0, 0, 0 \rangle$

Eingriff durch *Social Distancing* in mittlerem Ausmaß. Personen versuchen sich nun möglichst aus dem Weg zu gehen. Signifikante Abflachung der Infiziertenkurve im Vergleich

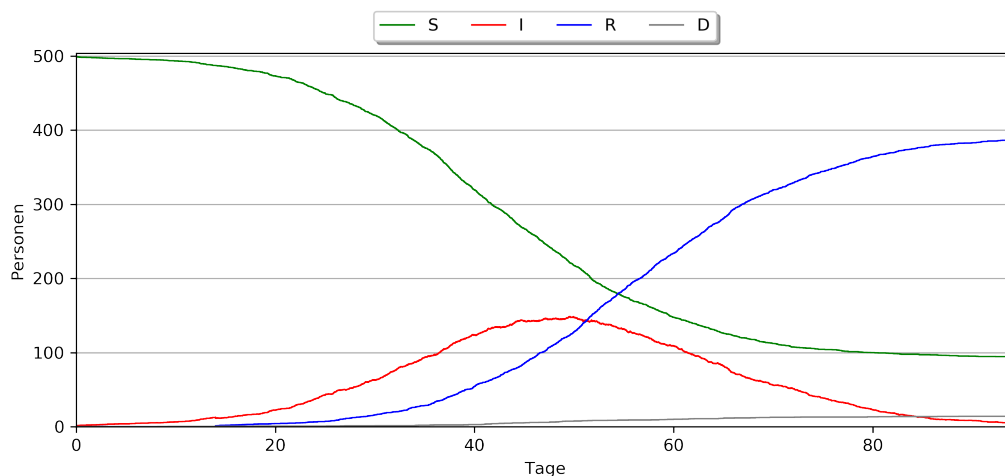


Abbildung 22: Simulation mit mittlerem *Social Distancing*; Parameter: $\langle 0, 0.1, 1.0, 0, 0 \rangle$

zur Referenzsimulation und weitere Verschiebung des Maximums nach rechts (vgl. Abb. 20 & 22). Zudem ist der Anteil der nie Infizierten am Ende des Zeitraums signifikant höher.

Konsequentes (starkes) *Social Distancing* - $\langle 0, 0.1, 2.0, 0, 0 \rangle$

Eingriff durch *Social Distancing* in starkem Ausmaß. Kontakt zwischen Personen nun fast ausgeschlossen. Kurve der Infizierten nun nahezu verschwunden; kein erkennbares Maximum (vgl. Abb. 23). Nur ein Bruchteil der Infizierbaren wurden letztendlich infiziert und es existieren kaum verzeichnete Tode. Simulationslänge sehr unterschiedlich; von 14 bis hin zu 300 Tagen (Simulationen unter 30 Tagen wurden nicht in die Statistik miteinbezogen).

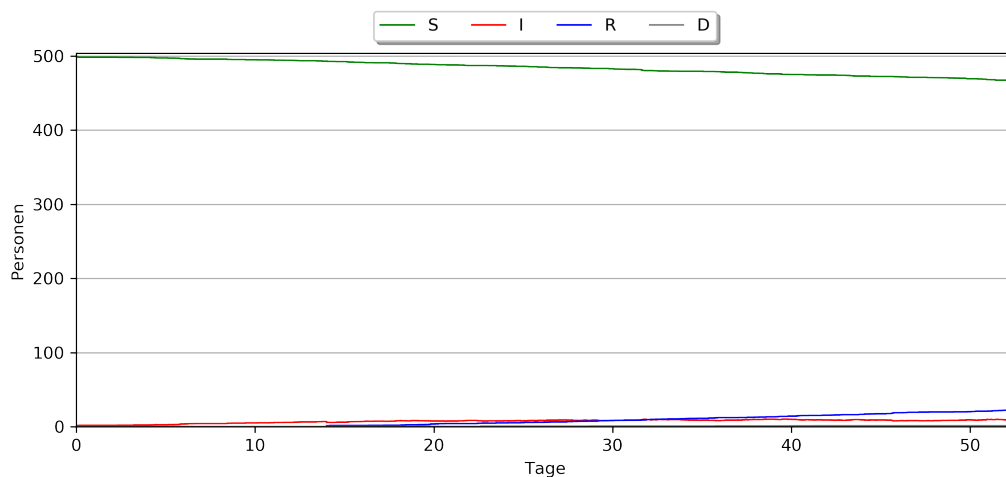


Abbildung 23: Simulation mit starkem *Social Distancing*; Parameter: $\langle 0, 0.1, 2.0, 0, 0 \rangle$

Quarantänisieren von Infizierten (50%) - $\langle 0.5, 0.1, 0.0, 500, 0 \rangle$

Eingriff durch das Quarantänisieren von rund 50% der Infizierten im Verlauf der Infektion. Ausschließlich eine geringfügige Verschiebung des Maximums der Infiziertenkurve

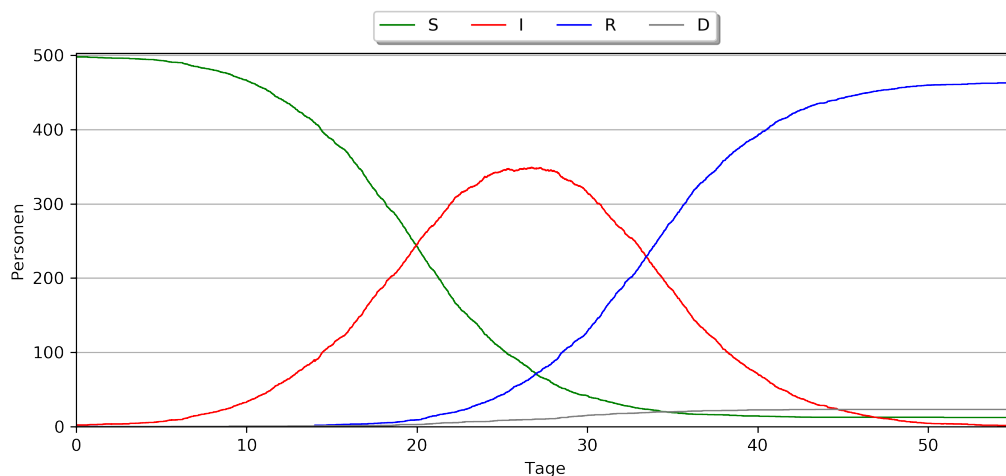


Abbildung 24: Simulation mit quarantänisieren von rund 50% der Infizierten; Parameter: $\langle 0.5, 0.1, 0.0, 500, 0 \rangle$

nach rechts und insignifikant mehr nie Infizierte (vgl. Abb. 24).

Quarantänisieren von Infizierten (100%) - $\langle 1.0, 0.1, 0.0, 500, 0 \rangle$

Eingriff durch das Quarantänisieren von rund 100% der Infizierten im Verlauf der Infektion. Es wird versucht jeden Infizierten zu erkennen und im Verlauf der Infektion zu quarantänisieren. Erkennbare Minderung des Maximums der Zahl zugleich Infizierter und rund doppelt so viel noch Anfällige am Ende des dargestellten Zeitraums (vgl. Abb. 24 & 25).

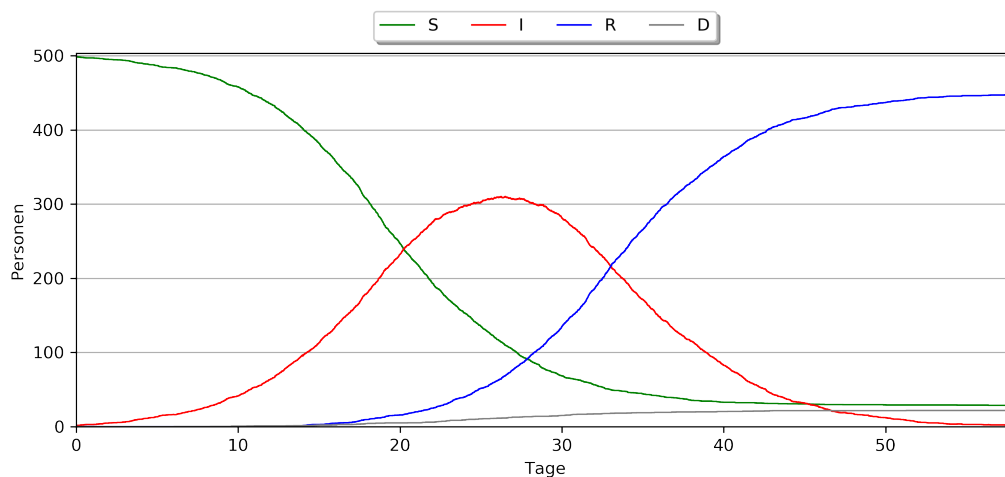


Abbildung 25: Simulation mit quarantäisieren von rund 100% der Infizierten; Parameter: $\langle 1.0, 0.1, 0.0, 500, 0 \rangle$

Quarantänisieren innerhalb der ersten fünf Tage - $\langle 3.0, 0.1, 0.0, 500, 0 \rangle$

Eingriff durch quarantänisieren von rund 100% der Infizierten innerhalb der ersten 5 Tage. Da nahezu jeder Infizierte innerhalb der ersten fünf Tage erkannt und quarantä-

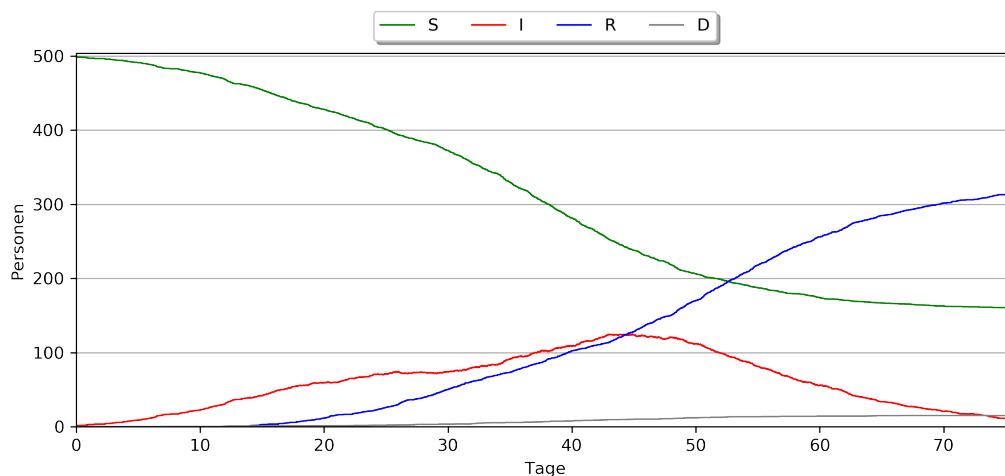


Abbildung 26: Simulation mit quarantäisieren von rund 100% der Infizierten innerhalb der ersten 5 Tage der Infektion; Parameter: $\langle 3.0, 0.1, 0.0, 500, 0 \rangle$

nisiert wird, fällt die Infiziertenkurve in diesem Fall verhältnismäßig flach aus (vgl. Abb. 26). Zudem bleibt ein signifikanter Anteil am Ende des dargestellten Zeitraums anfällig für die Infektion.

Sperren dicht besuchter Plätze - $\langle 0.0, 0.0, 0, 500, 0 \rangle$

Eingegriffen wird durch das Sperren oft besuchter öffentlicher Plätze oder Einrichtungen wie Parks oder Supermärkten. Ein klarer Unterschied zwischen der Referenzsimulation und dieser ist in der Maximalen Zahl zugleich Infizierter zu erkennen; auch fällt die Zahl der Infizierten insgesamt ein wenig langsamer (vgl. Abb. 20 & 27).

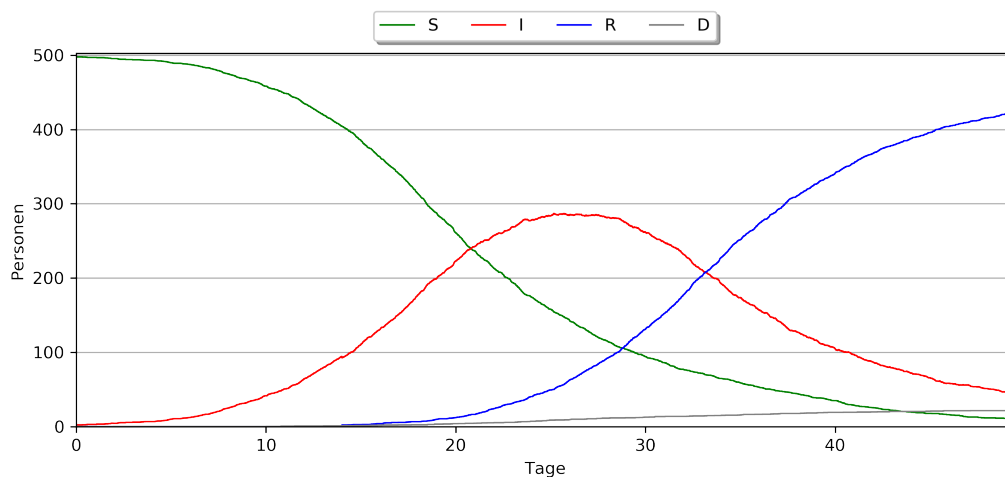


Abbildung 27: Sperren häufig besuchter Plätze mit hoher Personendichte und Besuchsfrequenz; Parameter: $\langle 0.0, 0.0, 0.0, 500, 0 \rangle$

Stark alternierendes Social Distancing - $\langle 0.0, 0.1, 2.0, 20, 20 \rangle$

Eingreifen durch aperiodischen Ein- und Aussetzen der *Social Distancing* Maßnahmen. Die Verläufe von S und R sind nahezu linear mit nur schwer erkennbarer Krümmung.

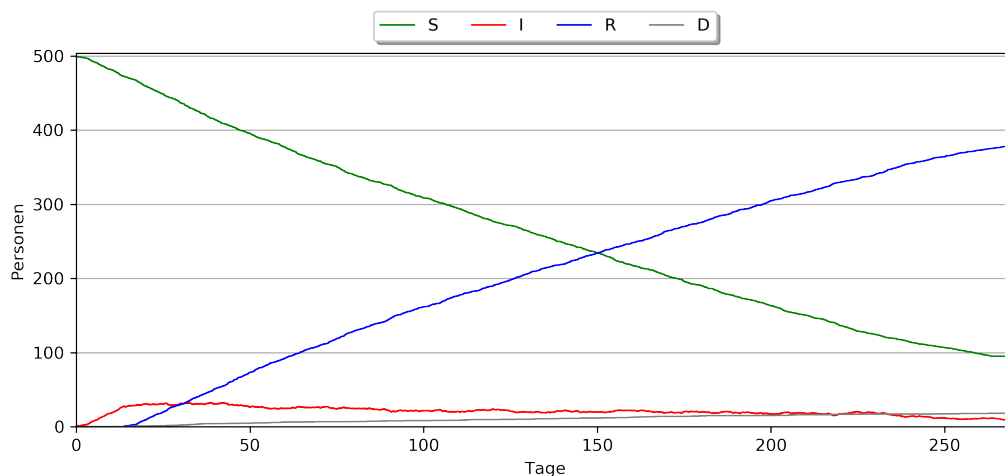


Abbildung 28: Schnell wechselndes Verhalten der Personen zwischen *Social Distancing* und normalem Umhergehen; Parameter: $\langle 0.0, 0.1, 2.0, 20, 20 \rangle$

Zudem wächst die Zahl der zugleich Infizierten nie über mehr als 40, fällt dafür aber sehr langsam mit immer wiederkehrenden Aufschwüngen (vgl. Abb. 28). Zudem fällt die Zahl der durch die Infektion verstorbenen im Vergleich zur Referenzsimulation relativ niedrig aus (vgl. Abb. 20).

Leicht alternierendes Social Distancing - $\langle 0, 0.1, 2.0, 30, 15 \rangle$

Eingreifen durch aperiodischen Ein- und Aussetzen der *Social Distancing* Maßnahmen mit kleinem Puffer zwischen Verhaltenswechseln. Der Verlauf der Kurven verhält sich zum Großteil analog zu dem aus Abbildung 28 mit dem Unterschied, dass hier die Krümmung der Kurven deutlich zu erkennen ist und die Anstiege in den Infektionszahlen aus-

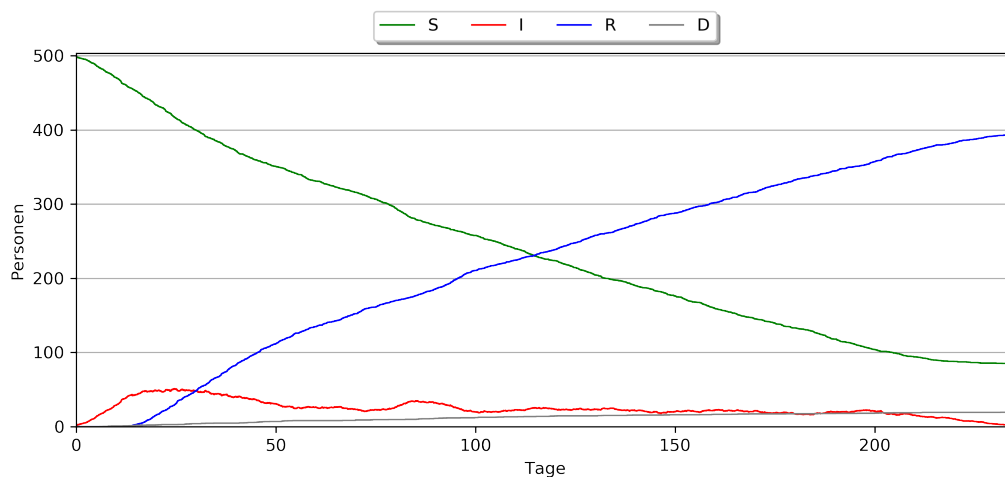


Abbildung 29: Langsam wechselndes Verhalten der Personen zwischen *Social Distancing* und normalem Umhergehen; Parameter: $\langle 0.0, 0.1, 2.0, 30, 15 \rangle$

geprägter und klar auszumachen sind (vgl. Abb. 30).

Allumfassende Simulation - $\langle 1.0, 0.0, 1.5, 30, 0 \rangle$

Eingriffe in die Verhaltensweisen durch Quarantänisierung, Schließung viel Besuchter Plätze und konsequent mittelstarkem *Social Distancing* ab einem gewissen Punkt. Das

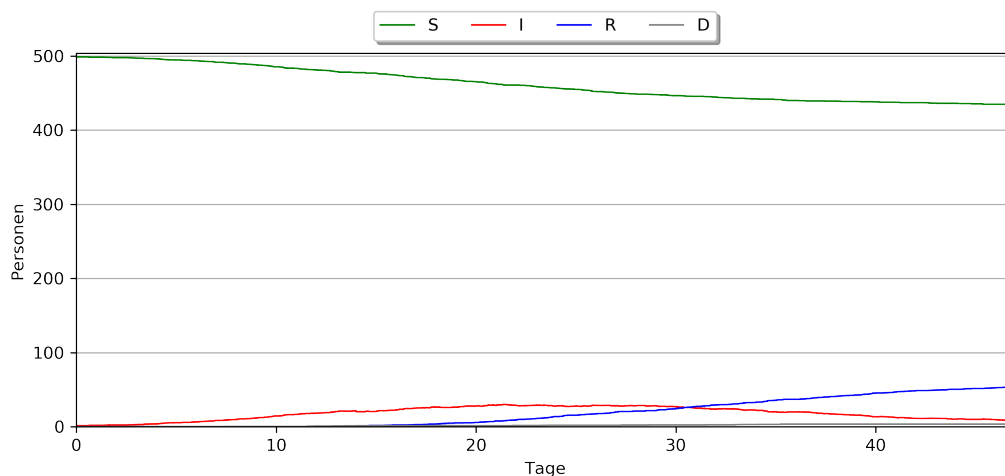


Abbildung 30: Verwenden aller zuvor angesprochenen Maßnahmen; Parameter: $\langle 1.0, 0.0, 1.5, 30, 0 \rangle$

Schaubild zeigt, dass die Effekte der einzelnen Maßnahmen kumulativ sind und nicht destruktiv interferieren. Dies hat zur Folge, dass die Maximale Zahl zugleich Infizierter sehr niedrig ist und ein Großteil der Bevölkerung nie infiziert wird, im Gegenzug hierzu aber somit auch anfällig bleibt.

5 Projektevaluation

5.1 Weiteres Vorgehen im Bezug auf COVID-19

Betrachtet man zusammenfassend die durch die verschiedenen Modelle entstandenen Schaubilder, so erkennt man, dass die wohl effektivste Methode zur Ausbremsung der Pandemie die Senkung der Infektiosität ist (vgl. Abb. 12 & 16). Eine solche Minderung lässt sich, wie bereits angesprochen, durch konsequente *Social Distancing* Maßnahmen (vgl. Abb. 21 - 23) oder das Einsetzen von intensiven Quarantänemaßnahmen (vgl. Abb. 26) und einer Maskenpflicht erreichen. Ein nur zeitlich begrenztes *Social Distancing*, welchen hin und wieder ausgesetzt wird, hat hingegen zur Folge, dass sich die Ausbreitung der Pandemie zwar in der Anzahl der zugleich Infizierten in Grenzen hält, jedoch aber den gesamten Prozess massiv in die Länge zieht (vgl. Abb. 28 & 30). Auch entstehen durch das Alternieren zwischen normalem Verhalten und dem Ausüben von *Social Distancing* periodische Rückfälle, welche sich durch einen erneuten Anstieg in den Infektionszahlen abzeichnen (vgl. Abb. 30).

Eine Weitere Maßnahme, welche nur in vollem Umfang Wirkung zeigt ist die Impfpflicht (vgl. Abb. 18), welche auf eine Veröffentlichung des Impfstoffen hin folgt. Werden nur Teile der Bevölkerung geimpft, so bleiben stets Menschen übrig, welche eine Anfälligkeit gegen das Virus aufweisen und somit zu potentiellen Rückfällen verhelfen können. Dies stellt ebenso eine Gefahr für die bereits geimpften Personen dar, da ein weiterer Ausbruch zu möglichen Mutationen des Virus führen kann, gegen welche noch keine Anti-Körper ausgebildet wurden; es kann also zu einer zweiten Epidemie oder sogar Pandemie kommen.

Ein weiterer Entscheidender Faktor ist hierbei die Auslastung des Gesundheitssystems; ist dieses überlastet, so kann es zu massiven Einbrüchen in den Überlebenschancen kommen (vgl. Abb. 17). Auch eine solche Überlastung kann durch mehrere der oben genannten Methoden verhindert werden, da durch diese die Ausbreitung der Pandemie verlangsamt werden kann.

Obligatorisch für den Erfolg all dieser Methoden ist jedoch die Beteiligung jedes Individuum der betrachteten Population. Wie bereits erwähnt entstehen hierbei durch Impfgegner oder Menschen, welche sich **nicht** an die Maskenpflicht oder *Social Distancing* Maßnahmen halten massive Risiken für den Rest der Bevölkerung verursachen. Dies äußert sich zum Beispiel durch eventuelle Anstiege der Infektionszahlen oder potentielle Überlastungen des örtlichen Gesundheitssystems, welche in diesem Fall nicht nur ausschließlich diejenigen, welche von der durch den Virus ausgelösten Infektion betroffen sind, sondern auch anderweitig erkrankte signifikant gefährden.

5.2 Revision der verwendeten Methoden

Basis für die Erstellung und Auswertung der Modelle lieferten selbstgeschriebene Python und Maple Skripte, welche an vielen Stellen der Arbeit Anwendung gefunden haben. Ein großes Problem hierbei stellte hierbei eher die den Ansprüchen genügende Visualisierung als die implementierung der mathematischen Konzepte dar. So hat es einige Zeit gedauert, ansprechende Diagramme für die verschiedenen Modelltypen zu erstellen und dennoch ein Design beizubehalten, welches sich konsistent durch die gesamte Arbeit zieht.

Auch gab es am Anfang einige Fehlversuche beim erstellen realistischer Modelle (siehe GitLab unter *Maple/Corona_Zeitdiskret_SIR_(FAIL).mw*), welche zu massiven Zeiteinbußen führten, weswegen gewisse Kapitel gestrichen wurden. Auch war ein gewisser Programmieraufwand für die Extraktion von Daten aus externen Websites nötig und unter mitunter zeitintensiv (siehe GitLab unter *Skripte/extractData.js*).

Ein Großteil der Bearbeitungszeit floss jedoch in das Schreiben und Designen der *Covid-19 Simulation* (siehe GitLab unter *Skripte/COVID-Sim*). Diese wurde mehrfach überarbeitet und um mehrere Konzepte erweitert, welche an vielen Stellen auch mühsames *Debugging* mit sich brachten.

Grundsätzlich kann man jedoch mit der Qualität der Ergebnisse, besonders in Anbetracht der Nähe der Referenzsimulation zu den mathematischen Modellen, sehr zufrieden sein, auch wenn durch den hier zusätzlich eingeflossenen Aufwand die Ausarbeitung der Kapitel *Das SIRD-Modell - Integration der Letalität, Markov-Prozesse und Zelluläre Automaten* nicht mehr möglich machte.

Literatur

- [Ban20] Tanja Banner. *Coronavirus Sars-CoV-2: Lungenkrankheit Covid-19 breitet sich weiter aus*. 2020. URL: <https://www.fr.de/wissen/coronavirus-sars-cov-2-lungenkrankheit-covid-19-breitet-sich-weiter-aus-china-infektion-13537570.html>.
- [Bay20] Bayrisches Staatsministerium für Gesundheit und Pflege. *Maßnahmen*. 2020. URL: <https://www.stmgp.bayern.de/coronavirus/massnahmen/>.
- [Bun20a] Bundesministerium für Gesundheit. *Basiswissen zum Coronavirus*. 2020. URL: <https://www.zusammengegegencorona.de/informieren/basiswissen-coronavirus/#faqitem=183c2581-bd4d-50ad-9cb7-cd96f11cf692>.
- [Bun20b] Bundesministerium für Gesundheit. *Coronavirus SARS-CoV-2: Chronik der bisherigen Maßnahmen*. 2020. URL: <https://www.bundesgesundheitsministerium.de/coronavirus/chronik-coronavirus.html>.

- [Cen20] Centers for Disease Control. 2020. URL: <https://unsplash.com/s/photos/coronavirus>.
- [Deu20] Deutsche Familienversicherung. *Coronavirus – Symptome, Verlauf, Behandlung*. 2020. URL: <https://www.deutsche-familienversicherung.de/krankenhauszusatzversicherung/ratgeber/artikel/coronavirus-symptome-verlauf-behandlung/>.
- [Div19] UN DESA (Population Division). *Prognose Zur Entwicklung Der Weltbevölkerung Von 2010 Bis 2100 (In Milliarden)**. Statista. 2019. URL: <https://de.statista.com/statistik/daten/studie/1717/umfrage/prognose-zur-entwicklung-der-weltbevoelkerung/>.
- [Joh20] Johns Hopkins University. *Letalitätsrate Beim Coronavirus (Covid-19) In Den Am Stärksten Betroffenen Ländern (Stand: 8. Juni 2020)*. 2020. URL: <https://de.statista.com/statistik/daten/studie/1103785/umfrage/mortalitaetsrate-des-coronavirus-nach-laendern/>.
- [Mit20] Mitteldeutscher Rundfunk. *Chronik der Corona-Krise*. 2020. URL: <https://www.mdr.de/nachrichten/politik/corona-chronik-chronologie-coronavirus-100.html#sprung2>.
- [Per02] Ken Perlin. *Understanding Perlin Noise*. SIGGRAPH paper. 2002. URL: <https://mrl.nyu.edu/~perlin/noise/>.
- [Rob20a] Robert Koch Institut. *Aktueller Lage-/Situationsbericht des RKI zu COVID-19*. 2020. URL: https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Situationsberichte/Gesamt.html.
- [Rob20b] Robert Koch Institut. *Risikobewertung zu COVID-19*. 2020. URL: https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Risikobewertung.html.
- [Rob20c] Robert Koch Institut. *SARS-CoV-2 Steckbrief zur Coronavirus-Krankheit-2019 (COVID-19)*. 2020. URL: https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Steckbrief.html.
- [Ros+20] Max Roser u. a. “Coronavirus Pandemic (COVID-19)”. In: *Our World in Data* (2020). URL: <https://ourworldindata.org/coronavirus>.
- [Sta19] Statistisches Bundesamt. *Bevölkerungsstand; Bevölkerung nach Geschlecht und Staatsangehörigkeit*. 2019/20. URL: <https://www.destatis.de/DE/Themen/Gesellschaft-Umwelt/Bevoelkerung/Bevoelkerungsstand/Tabellen/zensus-geschlecht-staatsangehoerigkeit-2019.html>.
- [Tim+20] Marie-Louise Timcke u. a. *Coronavirus-Monitor*. 2020. URL: <https://interaktiv.morgenpost.de/corona-virus-karte-infektionen-deutschland-weltweit/>.

- [Wei04] Eric Weisstein. *Kermack-McKendrick Model*. MathWorld—A Wolfram Web Resource. 2004. URL: <https://mathworld.wolfram.com/Kermack-McKendrickModel.html>.
- [Zel98] Michael Zeltevic. *Runge-Kutta Methods*. 1998. URL: http://web.mit.edu/10.001/Web/Course_Notes/Differential_Equations_Notes/node5.html.

Abbildungsverzeichnis

1	Illustration eines Exemplars der Klasse der Coronaviren [Cen20].	1
2	Infektionszahlen in Deutschland seit dem 31.12.2020 [Ros+20].	2
3	Infektionszahlen in Deutschland seit dem 31.12.2020 [Ros+20]. \mathcal{M}_d : $\delta = 14$, $\mathfrak{R}_0 = 2.181$; Korrelationskoeffizient: 0.9867	3
4	Infektionszahlen in Deutschland seit dem 31.12.2020 [Ros+20]. \mathcal{M}_c : $I_0 = 0.0725$, $\beta = 0.152$; Korrelationskoeffizient: 0.9942	4
5	Infektionszahlen in Deutschland seit dem 31.12.2020 [Ros+20]. \mathcal{M}_d : $\delta = 14$, $\mathfrak{R}_0 = 2.181$. \mathcal{M}_c : $I_0 = 0.0725$, $\beta = 0.152$	5
6	Infektionszahlen in Deutschland seit dem 31.12.2020 [Ros+20].	5
7	Infektionszahlen in Deutschland seit dem 31.12.2020 [Ros+20]. \mathfrak{M}_d : $\alpha = 1.133$, $\beta = 55.7$, $\kappa = 83 \cdot 10^6$; Korrelationskoeffizient: 0.9986	6
8	Infektionszahlen in Deutschland seit dem 31.12.2020 [Ros+20]. \mathfrak{M}_c : $\alpha = 12.179$, $\beta = 41.273$, $\gamma = 50.889$; Korrelationskoeffizient: 0.9996	7
9	Numerische Lösung des <i>SIR-Modell</i> $\langle 99.9, 0.1, 0 \rangle_{0.001, 0.035}$ ($\mathfrak{R}_0 \approx 2.85$).	10
10	<i>Covid-19</i> -Daten in Deutschland seit dem 27.01.2020 [Tim+20] mit $N = 8.3 \cdot 10^7$ [Sta19].	10
11	<i>Covid-19</i> -Daten in Deutschland seit dem 27.01.2020 [Tim+20] mit $N = 8.3 \cdot 10^7$ [Sta19], Kennzeichnung des ersten <i>Lockdowns</i> am 22.03.2020 [Mit20] und approximativem \widetilde{SIR} -Modell mit $\alpha = -100404$, $\beta = 0.066$, $\gamma = -69$, $\delta = 82899617$, $\zeta = 12.21$, $\eta = 51.33$ und $\theta = 26.44$; Korrelationskoeffizienten: $r_S = 0.9965$, $r_I = 0.9148$, $r_R = 0.9998$	11
12	Auswirkungen der Variation der Infektiosität α mit $\alpha_1 = 0.002$, $\alpha_2 = 0.001$, $\alpha_3 = 0.0005$ und $\beta = 0.035$	12
13	Auswirkungen der Variation der Genesungszahl β mit $\beta_1 = 0.07$, $\beta_2 = 0.035$, $\beta_3 = 0.0175$ und $\alpha = 0.001$	12
14	Auswirkungen der Verhältniserhaltenden Variation der Infektiosität α und der Genesungszahl β mit $\alpha_1 = 0.002$, $\alpha_2 = 0.001$, $\alpha_3 = 0.0005$ und $\beta_1 = 0.07$, $\beta_2 = 0.035$, $\beta_3 = 0.0175$	13
15	Numerische Lösung des <i>SIR-Modell</i> $\langle 99.9, 0.1, 0 \rangle_{0.001, 0.025}$ ($\mathfrak{R}_0 \approx 4$).	14

16	Numerische Lösung des <i>SIR-Modell</i> $\langle 99.9, 0.1, 0 \rangle_{\alpha, \beta}$ ($\mathfrak{R}_0 \approx 4$) mit α und β wie in (I).	14
17	Numerische Lösung des <i>SIR-Modell</i> $\langle 99.9, 0.1, 0 \rangle_{\alpha, \beta}$ ($\mathfrak{R}_0 \approx 4$) mit α und β wie in (II).	15
18	Numerische Lösung des <i>SIR*-Modell</i> $\langle 99.9, 0.1, 0 \rangle_{\alpha, \beta, \gamma}$ ($\mathfrak{R}_0 \approx 4$) mit α, β und γ wie in (III).	16
19	Numerische Lösung des <i>SIR*-Modell</i> $\langle 99.9, 0.1, 0 \rangle_{\alpha, \beta, \gamma}$ ($\mathfrak{R}_0 \approx 4$) mit α wie in (I), β wie in (II) und γ wie in (III).	17
20	Schaubild der Referenzsimulation $\langle 0, 0.1, 0.5, 0, 0 \rangle$	19
21	Simulation mit leichtem <i>Social Distancing</i> ; Parameter: $\langle 0, 0.1, 0.5, 0, 0 \rangle$	20
22	Simulation mit mittlerem <i>Social Distancing</i> ; Parameter: $\langle 0, 0.1, 1.0, 0, 0 \rangle$	20
23	Simulation mit starkem <i>Social Distancing</i> ; Parameter: $\langle 0, 0.1, 2.0, 0, 0 \rangle$	21
24	Simulation mit quarantäisieren von rund 50% der Infizierten; Parameter: $\langle 0.5, 0.1, 0.0, 500, 0 \rangle$	21
25	Simulation mit quarantäisieren von rund 100% der Infizierten; Parameter: $\langle 1.0, 0.1, 0.0, 500, 0 \rangle$	22
26	Simulation mit quarantäisieren von rund 100% der Infizierten innerhalb der ersten 5 Tage der Infektion; Parameter: $\langle 3.0, 0.1, 0.0, 500, 0 \rangle$	22
27	Sperren häufig besuchter Plätze mit hoher Personendichte und Besuchsfrequenz; Parameter: $\langle 0.0, 0.0, 0.0, 500, 0 \rangle$	23
28	Schnell wechselndes Verhalten der Personen zwischen <i>Social Distancing</i> und normalem Umhergehen; Parameter: $\langle 0.0, 0.1, 2.0, 20, 20 \rangle$	23
29	Langsam wechselndes Verhalten der Personen zwischen <i>Social Distancing</i> und normalem Umhergehen; Parameter: $\langle 0.0, 0.1, 2.0, 30, 15 \rangle$	24
30	Verwenden aller zuvor angesprochenen Maßnahmen; Parameter: $\langle 1.0, 0.0, 1.5, 30, 0 \rangle$	24

Modelle

1	Zeitdiskretes Modell (Exponentiell): \mathcal{M}_d	3
2	Kontinuierliches Modell (Exponentiell): \mathcal{M}_c	4
3	Zeitdiskretes Modell (Beschränkt): \mathfrak{M}_d	6
4	Kontinuierliches Modell (Beschränkt): \mathfrak{M}_c	7
5	Transitionsgraph <i>SIR-Modell</i>	8
6	Transitionsgraph <i>SIRD-Modell</i>	8
7	Transitionsgraph <i>SIRS-Modell</i>	8
8	Transitionsgraph <i>SISD-Modell</i>	8
9	Transitionsgraph <i>IOSIR-Modell</i>	8
10	Primitives <i>SIR-Modell</i>	9
11	Approximation des <i>SIR-Modells</i>	9

12	<i>SIR-Modell</i> mit zeitabhängigem Parameter α	14
13	<i>SIR-Modell</i> mit zeitabhängigem Parameter β	15
14	<i>SIR(*)-Modell</i> mit Integration eines Impfstoffes	16
15	<i>SIR(*)-Modell</i> mit allen zuvor verwendeten Parameterabbildungen	17
16	Modellierung durch Monte-Carlo Simulation	18