

Institut für Parallele und Verteilte Systeme

Universität Stuttgart
Universitätsstraße 38
D-70569 Stuttgart

Bachelorarbeit

SEIR-Simulation von Pooltests für Covid-19

Andreas Maier

Studiengang:	Informatik
Prüfer/in:	Prof. Dr. Dirk Pflüger
Betreuer/in:	Michael Rehme, M.Sc.

Beginn am:	21. August 2020
Beendet am:	22. Februar 2021

Kurzfassung

Diese Bachelorthesis beschäftigt sich mit der Erweiterung des Modells aus [WPR+20] um ein dynamischeres und realistischeres Infektionsgeschehen. Dabei wird das Modell um epidemiologische Modelle, wie das “SIR-Modell” und das “SEIR-Modell” erweitert und die Pool-basierten Testverfahren “2-level pooling” und “Binary-splitting” um eine Zeitabhängigkeit ergänzt. Außerdem wird das Modell mit der Möglichkeit der Modellierung von Impfungen und einer lediglich temporären Immunität erweitert. Zur Validierung der Dynamik und des Realismus des Modells werden verschiedene Infektionsgeschehen simuliert und miteinander verglichen.

Inhaltsverzeichnis

1	Einleitung	9
2	Methoden	11
2.1	Vorwissen	11
2.2	Testverfahren	12
2.3	Modellierung von Epidemien	15
2.4	Verknüpfung der Testverfahren mit dem Modell	20
3	Ergebnisse	23
3.1	Extremszenarien	29
3.2	Simulationen mit dem SIR-Modell	32
3.3	Simulationen mit dem SEIR-Modell	42
3.4	Modellerweiterungen	48
3.5	Diskussion	53
4	Zusammenfassung und Ausblick	55
	Literaturverzeichnis	57

Abkürzungsverzeichnis

COVID-19 “coronavirus disease 2019”. 9

ICPT “identified cases per tests”. 14

MERS “Middle East respiratory syndrome-related coronavirus”. 9

RKI Robert Koch Institut. 17

RND Redaktionsnetzwerk Deutschland. 9

SARS “Severe acute respiratory syndrome”. 9

1 Einleitung

Nichts beschäftigt die Allgemeinheit, sowie die Forschung, weltweit seit Ende 2019 so sehr wie die Infektionskrankheit “coronavirus disease 2019” (COVID-19). Dieses neuartige Virus besitzt eine hohe Ansteckungsrate, woraus, wie in Kapitel 3 zu sehen sein wird, schnell ein exponentielles Wachstum infizierter Personen resultieren kann. Dieses exponentielle Wachstum führte zu einer Epidemie, die sich in kurzer Zeit zu einer Pandemie entwickelte. Der Duden definiert eine Epidemie als eine “zeitlich und örtlich in besonders starkem Maß auftretende, ansteckende Massenerkrankung” [Duda], eine Pandemie ist wiederum laut Duden eine “Epidemie großen Ausmaßes” [Dudb], die sich weit, über verschiedene Länder hinweg, ausgebreitet hat. Diese Pandemie ergab in Kombination mit der hohen Mortalitätsrate des Virus, die nach [BMM20] höher ist als bei anderen Coronaviren wie z.B. “Severe acute respiratory syndrome” (SARS) und “Middle East respiratory syndrome-related coronavirus” (MERS) zusammen, weltweit, bis zu dem heutigen Tage, das Sterben von 2.100.667 Menschen [Elf21]. Daher ist es nicht verwunderlich, dass die Wissenschaft sich aktuell in einigen Forschungsbereichen größtenteils auf COVID-19 konzentriert. Allein zwischen dem 1. Januar und dem 30. Juni 2020, also einem Zeitraum von lediglich sechs Monaten, sind laut [STE20] schätzungsweise 23.634 wissenschaftliche Arbeiten zu diesem neuartigen Virus erschienen. Trotz der großen, weltweiten Forschungsarbeit gibt es aktuell noch immer kein Allzweckwerkzeug, das das Virus sofort stoppen könnte, was man daran festmachen kann, dass die Verbreitung von COVID-19 bis zu dem heutigen Tage weiterhin nicht vollständig eingedämmt werden konnte. Diese Eindämmung ist auf jeden Fall notwendig, um die Krankenhäuser zu entlasten und Risikopatienten zu schützen, um so das Gesundheitssystem vor einem Zusammenbruch, wie es zum Beispiel in Brasilien [Hei21] vor Kurzem der Fall war, zu bewahren, denn die Krankenhäuser werden bei einer hohen Anzahl an mit COVID-19 Infizierten überlastet. Eine Möglichkeit zur Eindämmung sind Impfungen, die seit kurzer Zeit in verschiedenen Staaten rund um den Globus Anwendung finden, jedoch wird die Verbreitung der COVID-19 Impfstoffe noch einige Zeit in Anspruch nehmen. Die Bundesregierung geht davon aus, dass, nach aktuellem Stand, erst “im Sommer 2021 jedem in Deutschland ein Impfangebot gemacht werden kann” [Die21], außerdem bleibt abzuwarten wie viele Personen sich gegen COVID-19 impfen lassen werden, da es laut Bundesregierung [Die21] keine Impfpflicht in Deutschland geben wird. In anderen Ländern sieht es auch nicht viel besser aus, das Redaktionsnetzwerk Deutschland (RND) warnt, dass beim aktuellen Tempo, die Impfungen in den USA zehn Jahre dauern würden [För20]. Man sieht also, dass Impfungen langfristig zur Eindämmung der Infektionskrankheit beitragen könnten, jedoch sollten diese nicht das einzige Mittel der Wahl sein. Um das Virus so effektiv wie möglich eindämmen zu können, werden zusätzlich zu den Impfungen weiterhin COVID-19-Tests benötigt. Für eine möglichst schnelle Eindämmung kommt man jedoch trotzdem nicht um zusätzliche Einschränkungen, bis hin zu Ausgangssperren herum, da sich eine Verbreitung der Infektionskrankheit bei einer hohen Anzahl Infizierter, was aktuell in Deutschland und rund um den Globus der Fall ist, kurzfristig nicht nur durch Testen und Impfungen stoppen lässt. Auf langfristiger Sicht sind diese jedoch ein probates Mittel. Dies entspricht genau der aktuellen Herangehensweise, zumindest in Deutschland. Aus diesem Grund sind diese Tests von großer Bedeutung bei der Eindämmung des Virus, durch diese können Infizierte in Quarantäne

geschickt werden, im Optimalfall noch bevor sie andere Personen anstecken oder zumindest so wenige Personen wie möglich. Jedoch sind die Testkapazitäten begrenzt, in Deutschland sind laut [Rad21] aktuell (KW3, 2021) täglich bis zu circa 339.447 Tests durchführbar, daher sollte mit diesen begrenzten Testressourcen so effizient umgegangen werden wie möglich. Mit der Suche nach möglichst effizienten Testverfahren beschäftigt sich die Studie von de Wolff et al. [WPR+20]. Jedoch bildet das Modell der genannten Studie das Infektionsgeschehen nicht komplett ab. Es wird betrachtet welches Testverfahren bei statischem Infektionsgeschehen (also Infizierte infizieren keine weiteren Personen), die meisten Infizierten entdeckt, dies wird mit unterschiedlichen Bevölkerungsgrößen und Infektionsraten, also unterschiedlicher Anzahl an Infizierten durchgeführt. Damit lässt sich betrachten welches Testverfahren für jeweilige Infektionsraten und Bevölkerungsgrößen, bei gegebenen Testkapazitäten und gegebener Zeit, am Besten geeignet ist. Bei diesen Testverfahren spielen besonders Testverfahren, die auf dem sogenannten Pooltesten basieren eine große Rolle. Dieses Pooltesten wurde im Jahre 1943 von Dorfman [Dor43] vorgestellt und spielt in dieser Thesis ebenfalls eine große Rolle. Jedoch bildet das Modell aus [WPR+20] natürlich nicht die Realität ab, denn während einer Pandemie liegt ein dynamisches Infektionsgeschehen vor, die Zahl der Infizierten wächst exponentiell. Infizierte, die nicht getestet und in Quarantäne geschickt wurden, infizieren, unter Umständen, immer weiter "gesunde" Personen und diese infizieren wiederum weitere Personen. Mit der Erweiterung dieses Modells um ein realitätsnäheres und dynamisches Infektionsgeschehen beschäftigt sich diese Bachelorthesis. Dabei sollen die Testverfahren aus [WPR+20] zunächst um eine Zeitabhängigkeit ergänzt werden und hierbei sichergestellt werden, dass Proben, die bereits entnommen wurden, nicht verfälscht werden können. Außerdem soll das Infektionsgeschehen aus [WPR+20] um Modelle zur Modellierung von Epidemien, wie das "SIR-Modell" und das "SEIR-Modell", erweitert werden, um ein dynamisches Infektionsgeschehen und die Eigenschaften von COVID-19, wie das Genesen nach einer Infektion und die Phase vor der Infektiosität modellieren zu können. Zusätzlich sollen Erweiterungen des "SIR-Modells" beziehungsweise des "SEIR-Modells", wie die zuvor erwähnte Impfung, modelliert werden, um ein möglichst realistisches Infektionsgeschehen darstellen zu können. Abschließend sollen für das Modell dieser Bachelorthesis Simulationen durchgeführt werden, um zum Einen aufzeigen zu können, dass dieses Modell ein realistischeres und dynamischeres Infektionsgeschehen als das Modell aus [WPR+20] modelliert und zum Anderen den Realismus und die Funktionsweise dieses Modells zu validieren.

In dieser Bachelorthesis werden zunächst in Abschnitt 2.1 wichtige Begriffe und wichtiges Vorwissen, das vor dem Einstieg ins Thema benötigt wird, erläutert. Daraufhin werden in Abschnitt 2.2 die Testverfahren, die im späteren Verlauf der Thesis miteinander verglichen werden, vorgestellt und erklärt. Im Anschluss, in Abschnitt 2.3, werden mögliche Modelle zur Modellierung von Epidemien, wie das SIR- und SEIR-Modell, vorgestellt und ausgeführt, ob diese für das Vorhaben geeignet oder ungeeignet sind. Anschließend geht es, in Abschnitt 2.4, um die Verknüpfung der geeigneten Modelle mit den erläuterten Testverfahren, dabei wird beschrieben wie diese miteinander interagieren und was dabei beachtet werden musste. Den Kern dieser Bachelorthesis bildet dann Kapitel 3, in welchem die Ergebnisse vorgestellt werden, in diesem Kapitel wird das Modell mit verschiedenen Testkapazitäten und unterschiedlich starker Verbreitung der Infektionskrankheit ausgeführt und die einzelnen Modelle und Testverfahren verglichen. Zum Schluss wird in Kapitel 4 noch eine kurze Zusammenfassung, ein kurzes Fazit und ein Ausblick für die Zukunft gegeben, außerdem werden mögliche Erweiterungen dieses Modells vorgestellt, die in der Zukunft von großer Wichtigkeit beziehungsweise interessant sein könnten.

2 Methoden

2.1 Vorwissen

COVID-19-Tests Für das Nachweisen von COVID-19, durch sogenannte PCR-Tests, wird nach [Bun21] “eine Probe aus den Schleimhäuten der Atemwege entnommen. Dies erfolgt durch einen Abstrich von der Rachenwand und/oder aus dem Nasen-Rachenraum. Aus den tiefen Atemwegen können Proben durch Hustenauswurf, Spülungen oder die Entnahme von Sekret aus der Luftröhre gewonnen werden”. Daraufhin wird die entnommene Probe ins Labor versendet und analysiert, dabei wird “Erbmaterial von Viren im Labor so stark vervielfältigt, dass es nachgewiesen werden kann, auch wenn es zuvor nur in geringen Mengen vorlag”[Bun21]. So kann nachgewiesen werden, ob die Person, welcher die Probe entnommen wurde, infiziert ist oder nicht.

Pooltests Das Pooltesten, welches im Jahre 1943 von Dorfman [Dor43] vorgestellt wurde, funktioniert sehr ähnlich zu dem normalen Testen. Auch hier werden PCR-Tests durchgeführt, dadurch ändert sich nichts an der Beschaffung der Probe. Die Probe wird ebenfalls ins Labor versendet und dort analysiert. Jedoch existieren hier nun sogenannte Pools, im Prinzip Gruppen von Personen, mit einer Poolgröße, hier mit k abgekürzt. Nun können nach [Wei20] Proben verschiedener Personen gleichzeitig getestet werden. Dafür werden maximal k Proben gleichzeitig entnommen, nun werden diese im Labor miteinander vermischt und erneut stark vervielfältigt. Ist das Ergebnis nun negativ muss nach [Wei20] nichts weiter getan werden, da somit jede Person des Pools negativ ist. Ist das Ergebnis positiv bedeutet das, dass mindestens eine Person des Pools mit dem Virus infiziert ist.

Differentialgleichungen Nach [PZ17] ist die Idee einer Differentialgleichung die Modellierung von Teilen der Umwelt durch Größen, wie zum Beispiel die Geschwindigkeit, und durch die dazugehörige Ableitung. Dabei beschreibt die Ableitung die Veränderung dieser Größe, also im Falle der Geschwindigkeit beschreibt die Ableitung die Veränderung dieser, in anderen Worten die Beschleunigung. Eine gewöhnliche Differentialgleichung ist dabei eine Differentialgleichung, “die eine unbekannte Funktion sowie deren Ableitung bezüglich einer unabhängigen Variable enthält” [PZ17], hierbei ist die unabhängige Variable häufig die Zeit. In dieser gewöhnlichen Differentialgleichung sind mehrere Ableitungen erlaubt, sofern diese ebenfalls nach dieser einzigen unabhängigen Variable abgeleitet werden. Auf Grund dessen, dass diese (gewöhnlichen) Differentialgleichungen Ableitungen enthalten, die die Änderung einer bestimmten Größe angeben, sind (gewöhnliche) Differentialgleichungen gut dafür geeignet Veränderungen zu beschreiben. Dabei wird eine gewöhnliche Differentialgleichung (1. Ordnung) für eine Funktion $y : [t_0, T] \rightarrow \mathbb{R}^m$ als eine Gleichung der Form

$$\frac{dy}{dt} = y'(t) = f(t, y(t)) \quad (2.1)$$

mit $f : [t_0, T] \times \mathbb{R}^m \rightarrow \mathbb{R}^m$ definiert. Es gibt viele unterschiedliche Möglichkeiten diese gewöhnlichen Differentialgleichungen zu lösen: Das implizite Euler-Verfahren, das explizite Euler-Verfahren, das Verfahren von Heun und viele mehr. Alle haben gemeinsam, dass sie sich schrittweise (iterativ) an die Lösung annähern, da es nicht möglich ist eine exakte Lösung dieser Gleichungen anzugeben, deshalb werden diese Verfahren “numerische Näherungsverfahren” genannt. Dabei gibt es eine Startbedingung, die nach [PZ17] mit $y^0 \in \mathbb{R}^m$ folgendermaßen definiert werden kann:

$$y(t_0) = y^0 \quad (2.2)$$

Ausgehend von dieser Startbedingung wird mit einer Schrittweite Δt eine bestimmte Anzahl Berechnungsschritte ausgeführt. Die gewöhnlichen Differentialgleichungen dieser Bachelorthesis werden mit Hilfe von “odeint”, einer Funktion aus der Python-Bibliothek “scipy” zum Lösen gewöhnlicher Differentialgleichungen, gelöst. Diese Funktion verwendet laut [Theb] zum Lösen der gewöhnlichen Differentialgleichungen den Algorithmus LSODA [HP05].

2.2 Testverfahren

COVID-19-Tests sind also, wie bereits erläutert wurde, fundamental wichtig, um eine Eindämmung der Infektionskrankheit erreichen zu können. Auf Grund der, in Relation zu einer Bevölkerungsgröße von circa 83.190.556 (Stand: 30.09.2020) [Sta21], begrenzten Testkapazitäten von aktuell (KW3, 2021) circa 339.447 Tests täglich [Rad21], ist es sinnvoll, die vorhandenen Testkapazitäten so effizient wie möglich zu verwenden. Ebenfalls eine wichtige Rolle spielt dabei die, seit Monaten, sogar an Wochenenden und an Feiertagen, auf Hochtouren laufenden Testlabore [Deu20] entlasten zu können. Für dieses Vorhaben existieren verschiedene Testverfahren, die alle dafür geeignet sind infizierte Personen zu identifizieren und in Quarantäne zu schicken, dabei jedoch unterschiedlich effizient sind.

De Wolff et al. stellen in [WPR+20] verschiedene Testverfahren vor, von denen die meisten für die Praxis geeignet sind, manche wiederum nicht. Diese Bachelorthesis beschränkt sich jedoch auf drei dieser Testverfahren: das individuelle Testverfahren, das “2-level-pooling” und das “Binary-splitting”. Diese sind für die Praxis geeignet, besitzen unterschiedliche Verfahrensansätze und, wie in Kapitel 3 zu sehen sein wird, sind sie ausreichend, um eine Validierung durchzuführen, ob die Erweiterung des Modells um ein realitätsnäheres und dynamisches Infektionsgeschehen geglückt ist. Außerdem bringen uns schon diese drei Verfahren interessante Vergleiche und Erkenntnisse, da sie unterschiedliche Verfahrensansätze haben. Diese Erkenntnisse lassen sich in vielen Punkten auf die anderen Verfahren übertragen, sodass diese drei Testverfahren für die Zwecke dieser Bachelorthesis ausreichend sind. Für Erkenntnisse, die über diese Bachelorthesis hinausgehen, lässt sich das Modell zudem bei Bedarf ohne viel Aufwand um die restlichen Testverfahren erweitern. Die restlichen Testverfahren, unter denen es ebenfalls für die Praxis durchaus geeignete Verfahren gibt, werden im

Ausblick in Kapitel 4 angeschnitten. Alle Testverfahren haben zum Ziel die Zahl der getesteten Personen zu maximieren, um dadurch so viele Infizierte wie möglich, möglichst effizient, zu identifizieren, da dies laut [WPR+20] Leben rettet.

Individuelles Testverfahren Das simpelste und auf jeden Fall bekannteste Testverfahren ist das individuelle Testverfahren. Hierbei ist der Ablauf, so wie man sich ein übliches Testen von mehreren Personen vorstellt und wie es auch in den meisten Staaten, auch in Deutschland, (noch) der Fall ist. Personen, die getestet werden sollen, werden einer nach dem anderen getestet. In Abbildung 2.1 ist beispielhaft eine Bevölkerung von acht Individuen zu sehen. Um nun bestimmen zu können wer von ihnen infiziert ist, müssen zunächst alle acht nacheinander getestet werden. Daraufhin kommt man zur Erkenntnis, dass zwei von diesen acht Personen mit dem Virus infiziert sind. Es werden also acht Tests benötigt, um lediglich zwei Infizierte identifizieren zu können. Geht man nun von einer Bevölkerung von 32 Personen aus, unter welchen weiterhin lediglich zwei Infizierte sind, benötigt man mit diesem Testverfahren 32 Tests, um zwei Infizierte zu identifizieren.

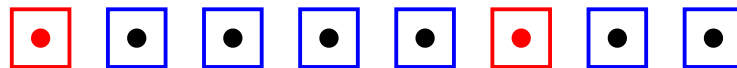


Abbildung 2.1: individuelles Testverfahren blau: gesunde Individuen, rot: infizierte Individuen
eigene Illustration, basierend auf [WPR+20]

2-level-pooling Ein etwas komplexeres Testverfahren, da es sich dabei um ein Pool-basiertes Testverfahren handelt, ist das “2-level-pooling”. Hierbei wird nach Dorfman (1943) [Dor43] zunächst der gesamte Pool, wie in Abschnitt 2.1 beschrieben, getestet. Wurde dieser positiv getestet, wird jedes Individuum des Pools getestet, um herauszufinden wer und wie viele Personen dieses Pools infiziert sind. Wird, analog zur Bevölkerung des individuellen Testverfahrens, eine maximale Poolgröße von acht angenommen, ist in Abbildung 2.2 der Verlauf eines positiv getesteten Pools zu sehen. Auch hier wird nun jedes Individuum einzeln getestet, man benötigt also ebenfalls acht Tests für lediglich zwei Infizierte und zudem noch den Test des gesamten Pools. Geht man jedoch erneut von einer Bevölkerung mit 32 Personen aus, darunter zwei Infizierte, die sich weiterhin im selben Pool befinden, benötigt man lediglich acht Tests und vier Pooltests.

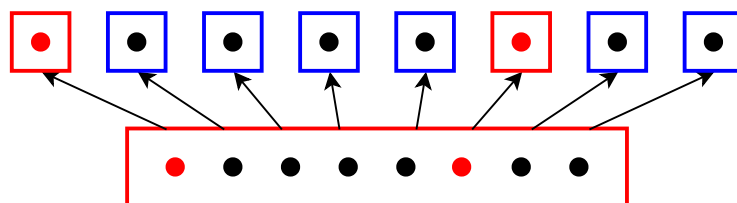


Abbildung 2.2: 2-level pooling blau: gesunder Pool, rot: infizierter Pool
eigene Illustration, basierend auf [WPR+20]

Binary-splitting Beim “Binary-splitting” handelt es sich ebenfalls um ein Pool-basiertes Testverfahren. Hierbei wird zuerst ebenfalls der gesamte Pool mit einem Pooltest getestet. Ist dieser positiv getestet worden, wird der Pool halbiert und es wird auf die beiden daraus entstehenden Gruppen ein Pooltest angewandt. Dies wird für jeden Pool mit einem positiven Pooltest rekursiv

durchgeführt, bis jedes einzelne Individuum als positiv oder negativ getestet gilt. Denn wird ein Pool negativ getestet, kann jede Person dieses Pools als negativ getestet identifiziert werden, wird ein Pool positiv getestet wird dieser halbiert. Es empfiehlt sich also, im Gegensatz zu dem “2-level-pooling”, eine Beschränkung für die maximale Poolgröße einzuhalten: Sie sollte, auf Grund der rekursiv-auszuführenden Halbierung, am Besten als Zweierpotenz gewählt werden. Angenommen, die maximale Poolgröße beträgt erneut acht, da der Pooltest in Abbildung 2.3 positiv war, wird der Pool in zwei Gruppen mit Poolgröße vier halbiert. Nun wird der erste der beiden Pools mit Poolgröße vier genommen und ein Pooltest darauf ausgeführt. Zu sehen ist nun, dass dieser Pool ebenfalls positiv ist, wodurch er erneut halbiert wird und zwei Pools der Poolgröße zwei herauskommen. Auch hier nimmt man nun den ersten der beiden Pools mit Poolgröße zwei, führt einen Pooltest durch, sieht dass dieser positiv ist und halbiert ihn, sodass lediglich zwei Individuen bleiben, die jeweils individuell getestet werden. Nun wird der andere Pool mit Poolgröße zwei genommen und ein Pooltest darauf ausgeführt, herauskommt, dass dieser negativ ist. Nun muss mit diesem Pool nichts weiter gemacht werden, da man die Erkenntnis erhält, dass alle Individuen dieses Pools negativ sind. Daraufhin nimmt man den zweiten Pool mit Poolgröße vier und verfährt auf die selbe Weise. Im Gesamten benötigt man für dieses Beispiel lediglich vier individuelle Tests und sieben Pooltests. Betrachtet man wieder dieselbe Bevölkerung mit 32 Personen, benötigt man für die drei Pools ohne Infizierte jeweils nur einen Pooltest und für den Pool mit den Infizierten, der dem Beispiel aus Abbildung 2.3 entspricht weiterhin vier individuelle Tests und sieben Pooltests.

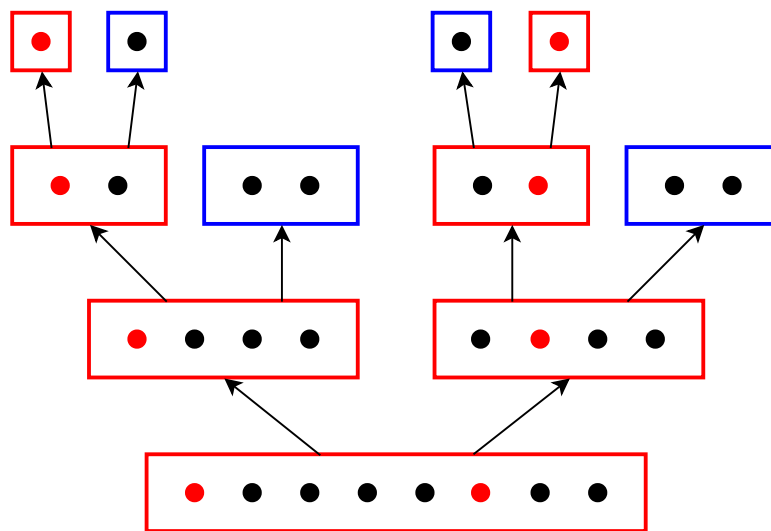


Abbildung 2.3: Binary splitting blau: gesunder Pool, rot: infizierter Pool
eigene Illustration, basierend auf [WPR+20]

De Wolff et al. kamen in [WPR+20] zur Erkenntnis, dass die Performance der Testverfahren stark von spezifischen Umständen, wie zum Beispiel der Größe und der Infektionsrate der Bevölkerung abhängt, denn für eine Infektionsrate von bis zu 2.5%, also noch relativ am Anfang einer Epidemie beziehungsweise Pandemie, ist “Binary-splitting” die beste Wahl aus diesen drei Verfahren. Steigt jedoch die Zahl der Infizierten und übersteigt dadurch die Infektionsrate 12%, so liefert nach [WPR+20] das “2-level-pooling” mit optimalisierter Poolgröße das bestmögliche Ergebnis. In dieser wissenschaftlichen Arbeit gilt ein Testverfahren besser als ein anderes Testverfahren, wenn die “identified cases per tests” (ICPT), also die identifizierten positiven COVID-19-Fälle pro Test, höher

sind. Die wichtigste Erkenntnis aus [WPR+20] ist jedoch, dass das individuelle Testverfahren für keine Infektionsrate und keine Bevölkerungsgröße die besten Ergebnisse geliefert hat. Zu sehen ist also, dass das aktuelle Testen der verschiedenen Staaten sehr ineffizient ist und durch das Umsetzen eines Pool-basierten Testverfahren die aktuell sehr wertvollen Testressourcen effizienter genutzt werden könnten. Schon im oben beschriebenen kleinen Beispiel mit der Bevölkerung von 32 Personen konnte man dies beobachten. Nach [WPR+20] bieten die Pool-basierten Testverfahren “eine signifikante Verbesserung der Geschwindigkeit und des Durchsatzes für das Testen von COVID-19, das aktuelle individuelle Testverfahren verschwendet völlig überflüssig kostbare Zeit und Testkapazitäten”, zudem reduzieren sie die Zahl der “Falsch Positiven” Fälle um 50%. “Falsch Positive” Fälle sind Fälle, in welchen Personen positiv getestet wurden, die jedoch nicht infektiös sind. Dies kann für zusätzlichen überflüssigen wirtschaftlichen Schaden sorgen, da somit Personen Behandlungen bekommen würden, die sie eigentlich gar nicht nötig haben. Zusätzlich zu dem wirtschaftlichen Schaden würden die Behandlungen dieser Personen wertvolle medizinische Ressourcen verschwenden, die ein COVID-19-Patient potentiell gebrauchen könnte. Laut [WPR+20] zeigen ihre Simulationen, dass die Eindämmung einer Pandemie solchen Ausmaßes wie COVID-19 nur mit Pool-basierten Testverfahren möglich sein wird und auch [Gon20] stützt die Behauptung, dass Pool-basierte Testverfahren zur Eindämmung der Pandemie beitragen können. Neben all den Vorteilen haben diese Pool-basierten Testverfahren natürlich auch ihre Nachteile. De Wolff et al. sprechen in [WPR+20] bereits an, dass die Pool-basierten Testverfahren logistisch schwerer zu handhaben sind, als das individuelle Testverfahren. In [MBM+20] werden noch weitere technische Probleme der Pool-basierten Testverfahren, wie zum Beispiel der Mangel an geschultem Personal oder das Problem, dass Proben die zu wenig Viren für das Pooltesten enthalten gegebenenfalls negativ getestet werden, obwohl diese beim normalen Testen eventuell ein positives Ergebnis erhalten hätten, vorgestellt.

2.3 Modellierung von Epidemien

Für das gewünschte dynamische Infektionsgeschehen benötigt man ein Modell, welches dies ermöglicht. Zu diesem Zweck gibt es verschiedene Populationsmodelle aus der Epidemiologie, die “die Entwicklung von Infektionskrankheiten in der Bevölkerung modellieren” [Pfl20]. Es werden nun drei verschiedene Populationsmodelle vorgestellt und herausgearbeitet, ob diese für den Zweck dieser Bachelorthesis geeignet sind oder nicht. Bei allen drei dieser Populationsmodelle gilt die Annahme einer Bevölkerung mit einer konstanten Größe N , zu jedem Zeitpunkt wird N also weder unter- noch überschritten, somit gehen keine Personen verloren und es entstehen nicht “aus dem Nichts” neue Personen.

2.3.1 SI-Modell

Das Standardmodell ist das “SI-Modell”. Hierbei teilt sich die Bevölkerung N nach [Pfl20] in zwei Gruppen auf: “Susceptible” und “Infected”. In der Gruppe der “Susceptible” befinden sich die Personen, die noch potentiell ansteckbar, also die noch gesund sind, während sich in der Gruppe der “Infected” der Teil der Bevölkerung befindet, der sich bereits angesteckt hat. Also setzt sich die Bevölkerung nach [Pfl20] wie folgt zusammen:

Sei dabei $t \in \mathbb{N}$ die Zeit in Stunden, $N(t)$ die Bevölkerungsgröße zu Zeitpunkt t und konstant, $S(t)$ die Anzahl der Individuen der “Susceptible” zu Zeitpunkt t und $I(t)$ die Anzahl der Individuen der “Infected” zu Zeitpunkt t .

$$\forall t : S(t) + I(t) = N(t). \quad (2.3)$$

Anhand der Formel ist sofort ersichtlich, dass sich die Bevölkerung tatsächlich zu jedem Zeitpunkt aus den beiden Gruppen “Susceptible” und “Infected” zusammensetzt. Um die Individuen nun von einer der Gruppen in die andere zu bewegen, was zu dem gewünschten dynamischen Infektionsgeschehen führen würde, benötigt man sogenannte Wachstumsraten, welche durch gewöhnliche Differentialgleichungen modelliert werden. Diese werden nach [Pfl20] wie folgt definiert:

$$\frac{dS}{dt} = -\frac{\beta}{N}S(t)I(t) \quad (2.4)$$

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\beta}{N}S(t)I(t). \quad (2.5)$$

Dabei ist β die “die Anzahl neuer Infektionen pro Zeiteinheit, die ein erster infektiöser Fall verursacht” [Pfl20], teilt man diese durch N , also der Bevölkerungszahl, erhält man die Rate mit welcher sich die Infektion verbreitet, sprich die Transmissionsrate. Dadurch erhält man durch die Multiplikation dieser Transmissionsrate mit den Werten der “Susceptible” und “Infected” zum Zeitpunkt t die Änderung, also die Wachstumsrate der “Infected”. Da nach Gleichung (2.3) die Erhaltung der Population gelten muss, ist die Wachstumsrate der “Susceptible” logischerweise die Negation davon, denn wäre der Wachstum der “Infected” zu einem beliebigen Zeitpunkt größer oder kleiner als die Schrumpfung der “Susceptible”, wäre Gleichung (2.3) nicht erfüllt. Anhand Gleichung (2.4) und Gleichung (2.5) ist zu sehen, dass durch das “SI-Modell” jedes Individuum potentiell infiziert werden kann, dies ist erwünscht, da COVID-19 potentiell jeden aus der Bevölkerung treffen kann, wenn die Immunität vorerst ausgeschlossen wird. Jedoch ist ebenfalls zu sehen, dass es keine Heilung gibt. Individuen gelangen, wie in Abbildung 2.4 zu sehen, mit der Transmissionsrate von der Gruppe der “Susceptible” in die Gruppe der “Infected” jedoch bleiben sie dort, es gibt keine Möglichkeit der Genesung. Dies ist zwar für einige Krankheiten, wie zum Beispiel HIV, für die es keine wirkliche Genesung gibt, wünschenswert, jedoch ist das für die Zwecke dieser Bachelorthesis unzureichend, da Personen nur für eine bestimmte Zeit mit COVID-19 infiziert sind und danach entweder genesen oder verstorben sind und somit den Virus nicht mehr verbreiten können. Außerdem sind Infizierte sofort ansteckend, Individuen gelangen sofort von den “Susceptible” zu den “Infected”, dies ist für COVID-19 ebenfalls nicht wünschenswert, da Personen nach der Infektion vorerst für einige Tage den Virus in sich haben ohne ansteckend zu sein. Das “SI-Modell” ist im Gesamten also ungeeignet und wird daher nicht weiter thematisiert.

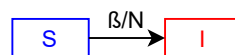


Abbildung 2.4: Bildliche Darstellung des Transfers beider Gruppen des SI-Modells.

2.3.2 SIR-Modell

Erweitert man das “SI-Modell” um eine dritte Gruppe, die Gruppe der “Recovered”, erhält man das “SIR-Modell”. Diese neue Gruppe enthält “die aus dem Krankheitsgeschehen “entfernten” Personen” [Pfl20]. Diese besteht aus Individuen, die genesen und dadurch immun geworden sind, egal ob temporär oder durchgehend und Individuen, die verstorben sind. Nach [Pfl20] setzt sich die Bevölkerung nun etwas anders zusammen:

Sei dabei $R(t)$ die Anzahl der Individuen der “Recovered”.

$$\forall t : S(t) + I(t) + R(t) = N(t). \quad (2.6)$$

Es gilt, wie zu sehen ist, weiterhin, dass sich die Anzahl der Bevölkerung aus der Anzahl der einzelnen Gruppen ergibt. Man benötigt laut [Pfl20] erneut Wachstumsraten, um die Individuen zwischen den Gruppen vernünftig hin- und herwechseln lassen zu können:

$$\frac{dS}{dt} = -\frac{\beta}{N}S(t)I(t) \quad (2.7)$$

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\beta}{N}S(t)I(t) - \gamma I(t) \quad (2.8)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I(t). \quad (2.9)$$

Auffallend ist, dass sich $\frac{dS}{dt}$ im Vergleich zu dem “SI-Modell” nicht verändert hat. Dies ergibt natürlich Sinn, da sich zwischen dem Austausch von $\frac{dS}{dt}$ und $\frac{dI}{dt}$ nichts verändert, es gilt weiterhin, dass Personen mit der Transmissionsrate von der Gruppe der “Susceptible” in die Gruppe der “Infected” wandern. Auf Grund der eingeführten Gruppe der “Recovered” ist nun, wie in Abbildung 2.5 abgebildet, ebenfalls ein Transfer zwischen “Infected” und “Recovered” nötig, damit Personen nach der Infektion genesen können und Immunität erhalten. Dafür wird nun eine weitere Variable γ eingeführt, die als “die Rate, mit der Personen genesen beziehungsweise sterben” [Pfl20] definiert ist. Diese Rate herauszufinden ist jedoch schwer, jedoch lässt sich der Kehrwert $\frac{1}{\gamma}$, “die mittlere infektiöse Zeit” [Pfl20], relativ einfach herausfinden, da dieser zumindest für Deutschland regelmäßig von dem Robert Koch Institut (RKI) veröffentlicht wird. Dadurch verlassen Personen mit dieser Rate γ die Gruppe der “Infected” und landen in der Gruppe der “Recovered”, wodurch Gleichung (2.8) und Gleichung (2.9) zustande kommen, da genau dieselbe Anzahl der Individuen, die “Infected” verlassen zu “Recovered” hinzugefügt werden müssen, um Gleichung (2.6) nicht zu verletzen.

Basisreproduktionszahl Eine wichtige Kennziffer, von welcher man besonders im Zusammenhang mit COVID-19 immer wieder hört, ist die “Basisreproduktionszahl”. Diese setzt sich nach [Pfl20] wie folgt zusammen:

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma} \quad (2.10)$$



Abbildung 2.5: Bildliche Darstellung des Transfers aller drei Gruppen des SIR-Modells.

Die Basisreproduktionszahl beschreibt “wieviele weitere Infektionen eine infizierte Person über die Gesamtdauer ihrer Infektion verursacht, wenn kein Mitglied der Population gegenüber dem Erreger immun ist” [Pfl20]. Dabei gilt, wenn $\beta > \gamma$, dann $R_0 > 1$. Die Zahl der neuen Infektionen pro Zeiteinheit ist größer als die Rate mit der infizierte Personen pro Zeiteinheit genesen beziehungsweise sterben, die Zahl der Infizierten nimmt also mit der Zeit zu und das Virus verbreitet sich. Wenn $\beta = \gamma$, was äquivalent zu $R_0 = 1$ ist, gilt, dass die Zahl der neuen Infektionen pro Zeiteinheit der Rate, mit der infizierte Personen pro Zeiteinheit genesen beziehungsweise sterben entspricht. Dadurch bleibt die Zahl der Infizierten mit der Zeit konstant, denn ein Infizierter infiziert im Schnitt genau eine weitere Person. Bei $\beta < \gamma$, was $R_0 < 1$ entspricht, nimmt die Zahl der Infizierten mit der Zeit ab und die Krankheit stirbt auf Dauer aus, weil die Rate, mit der infizierte Personen pro Zeiteinheit genesen beziehungsweise sterben die Zahl der neuen Infektionen pro Zeiteinheit übersteigt. Dadurch, dass sich die Basisreproduktionszahl durch Gleichung (2.10) aus β und γ zusammensetzen lässt, ist für β auch folgende Darstellung möglich:

$$\beta = \gamma * R_0 \quad (2.11)$$

Diese wird auch in der Modellierung dieser Bachelorthesis verwendet, denn sie hat den Vorteil, dass sich R_0 , wie γ , im Gegensatz zu β , relativ einfach finden lässt, da die Basisreproduktionszahl regelmäßig durch das RKI aktualisiert und veröffentlicht wird.

Für das “SIR-Modell” gelten, dadurch dass es sich um eine Erweiterung des “SI-Modell” handelt, dieselben Vorteile. Hinzu kommt, dass in diesem Modell nun zusätzlich durch die Gruppe der “Recovered” und der Rate γ die Genesung und eine (temporäre) Immunität modelliert werden. Dadurch ist dieses Modell für die Zwecke der Bachelorthesis geeignet, da es, auf Grund der Tatsache, dass mit COVID-19 infizierte Personen nach einer bestimmten Zeit sterben oder genesen und dann (kurzzeitig) immun sind, ein realistisches Infektionsgeschehen von COVID-19 abbilden kann. Wünschenswert wäre noch die Modellierung der Tatsache, dass Personen, die mit COVID-19 infiziert worden sind, den Virus erst noch eine gewisse Zeit in sich tragen, bevor sie selbst infektiös sind. Dies kann durch das “SIR-Modell” nicht modelliert werden.

2.3.3 SEIR-Modell

Fügt man nun zu dem “SIR-Modell” die Gruppe “Exposed” hinzu, erhält man das “SEIR-Modell”. Diese modelliert die Gruppe der Personen, “die bereits infiziert sind, aber selbst noch nicht infektiös” [Pfl20]. Nun gilt nach [Pfl20] die erweiterte Zusammensetzung der Population:

Sei dabei $E(t)$ die Anzahl der Individuen der “Exposed”.

$$\forall t : S(t) + E(t) + I(t) + R(t) = N(t). \quad (2.12)$$

Auch hier gilt also weiterhin, dass sich die Bevölkerung aus den einzelnen vier Gruppen des Modells zusammensetzt. Ebenfalls benötigt man nach [Pfl20] folgende gewöhnliche Differentialgleichungen, um den Austausch zwischen den einzelnen Gruppen modellieren zu können:

$$\frac{dS}{dt} = -\frac{\beta}{N}S(t)I(t) \quad (2.13)$$

$$\frac{dE}{dt} = \frac{\beta}{N}S(t)I(t) - aE(t) \quad (2.14)$$

$$\frac{dI}{dt} = aE(t) - \gamma I(t) \quad (2.15)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I(t). \quad (2.16)$$

Zu sehen ist, dass sich für $\frac{dS}{dt}$ und $\frac{dR}{dt}$ keine Änderungen ergeben. Dies liegt daran, dass man für $\frac{dS}{dt}$ weiterhin lediglich einen “Abfluss” von infizierten Personen mit der Transmissionsrate hat und für $\frac{dR}{dt}$ liegt es daran, dass Personen weiterhin mit Rate γ genesen und immun bleiben. Die neu eingeführte Gruppe übernimmt nun die Aufgabe der Gruppe “Infected” insofern, dass nun die Personen, die sich infizieren zunächst zu der Gruppe “Exposed” hinzugefügt werden. Dies geschieht, zu sehen in Abbildung 2.6, weiterhin mit der Transmissionsrate, da diese angibt wie viele Personen sich in einem Zeitschritt infizieren. Mit Rate a , dabei wird a in [Pfl20] als Kehrwert der “mittleren Latenzzeit” beziehungsweise der “präinfektiösen Zeit” beschrieben, wechseln Personen von der Gruppe “Exposed” nach “Infected”. Die “präinfektiöse Zeit” ist dabei laut [HDK+14] die Zeit in der Personen infiziert sind ohne selbst infektiös zu sein. Die Gruppe “Infected” besteht dabei weiterhin aus den Personen, die bereits infektiös sind. Das Wachstum dieser Gruppe modelliert man, indem man von den Individuen, die mit Rate a infektiös werden noch die Individuen abzieht, die mit Rate γ genesen.

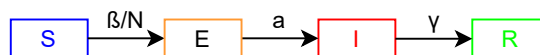


Abbildung 2.6: Bildliche Darstellung des Transfers aller vier Gruppen des SEIR-Modells.

Weiterhin übernimmt das “SEIR-Modell” die Vorteile des “SIR-Modells”. Zusätzlich sind die Infizierten nun nicht sofort ansteckend. Infizierte Individuen sind zunächst infiziert, aber noch nicht infektiös, bis die “präinfektiöse Zeit” überschritten ist und diese Individuen auch infektiös sind. Dadurch erfüllt das modellierte Infektionsgeschehen eine Eigenschaft von COVID-19, die das “SIR-Modell” nicht erfüllen konnte. Deshalb ist das “SEIR-Modell” ebenfalls für die Zwecke dieser Bachelorthesis geeignet.

2.3.4 Modellerweiterungen

Für die Zwecke dieser Bachelorthesis sind, wie festgestellt wurde, sowohl das “SIR-Modell”, als auch das “SEIR-Modell” geeignet. Diese lassen sich beide laut [Ash20] noch mit einigen Verfeinerungen erweitern, von welchen in dieser Bachelorthesis zwei umgesetzt wurden, die nun vorgestellt werden. Auf Grund aktueller Erkenntnisse [DMK+21], durch welche davon auszugehen ist, dass Personen,

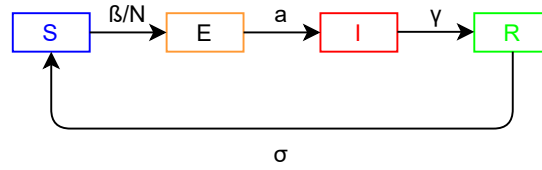


Abbildung 2.7: Bildliche Darstellung des Transfers aller vier Gruppen des SEIR-Modells bei temporärer Immunität mit Rate σ .

die bereits von der COVID-19-Erkrankung genesen sind, nur temporäre Immunität genießen, wurde das Modell dieser Bachelorthesis um eine temporäre Immunität erweitert. Dies wird nach [Ash20] durch eine Veränderung von $\frac{dS}{dt}$, sowie $\frac{dR}{dt}$ bewerkstelligt:

$$\frac{dS}{dt} = -\frac{\beta}{N}S(t)I(t) + \sigma R(t) \quad (2.17)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I(t) - \sigma R(t). \quad (2.18)$$

Da von der Veränderung lediglich $\frac{dS}{dt}$ und $\frac{dR}{dt}$ betroffen sind, ist diese für beide Modelle anwendbar. Dabei ist σ nach [Ash20] die Abnahmerate, der Kehrwert entspricht dabei der Zeit wie lange die Immunität besteht. Wie in Abbildung 2.7 zu beobachten, transferieren Individuen mit dieser Rate von “Recovered” nach “Susceptible”. Durch das Erscheinen der Impfstoffe ist es wünschenswert, wenn ein Modell, dass ein aktuelles und dynamisches Infektionsgeschehen abbilden möchte, diese Impfungen ebenfalls modelliert. Dadurch lässt sich betrachten welche Auswirkungen das Impfen auf das aktuelle Infektionsgeschehen haben kann und wie wichtig diese Impfungen sind. Impfungen lassen sich nach [Ash20] folgendermaßen modellieren:

$$S = (1 - p)(N - I) \quad (2.19)$$

$$R = p(N - I) \quad (2.20)$$

Für die Modellierung der Impfung multipliziert man also die Zahl der gesunden Personen $(N - I)$ mit dem Anteil der geimpften Personen in der Bevölkerung p und erhält so den Initialwert von R . Für den Initialwert von S multipliziert man die Zahl der gesunden Personen mit $(1 - p)$, also dem Anteil der nicht geimpften Personen in der Bevölkerung.

2.4 Verknüpfung der Testverfahren mit dem Modell

Die vorgestellten Testverfahren müssen nun mit dem “SIR-Modell”, sowie dem “SEIR-Modell” gekoppelt werden. Zunächst wird, wie in Abbildung 2.8 zu sehen, das gewünschte Testverfahren, zum Beispiel das “2-level pooling”, durchgeführt. Dabei werden so viele Tests durchgeführt, wie in einer Zeitspanne möglich sind. Das bedeutet, wenn die aktuelle Situation eine maximale Poolgröße

von zum Beispiel acht vorsieht, ein Pool positiv getestet worden ist und nur fünf Tests gleichzeitig durchgeführt werden können, werden aus diesem Pool fünf Personen getestet und die Durchführung des Testverfahrens ist beendet. Diese drei Personen, die im Pool bereits getestet wurden, aber noch nicht einzeln, können in der Zeitspanne zwischen den beiden Durchführungen nicht infiziert werden. Damit wird sichergestellt, dass die Proben nicht verfälscht werden, indem die Proben beim Pooltest negativ waren und plötzlich beim Testen der einzelnen Personen positiv. In der darauffolgenden Durchführung des Testverfahrens werden die drei übrigen Personen getestet und es können zwei Weitere aus dem nächsten positiv getesteten Pool getestet werden. Nachdem die gewählte Zeitspanne und damit die Durchführung des Testverfahrens beendet ist, gibt es eine gewisse Anzahl q an positiv getesteten Personen, im Falle von Abbildung 2.8 wäre $q = 1$. Mit dieser Zahl q werden nun die Gruppen des “SIR-Modells” beziehungsweise des “SEIR-Modells” angepasst. Dies geschieht dadurch, dass man die Zahl q , also die Anzahl der positiv getesteten Individuen, von der Anzahl der infizierten Personen in der Gruppe “Infected” abzieht und zu der Anzahl der genesenen Personen in der Gruppe “Recovered” hinzuaddiert. Die positiv getesteten Personen sind zwar noch nicht genesen, jedoch befinden diese sich nach dem Testen optimalerweise in Quarantäne und können somit keine weiteren Personen infizieren, weswegen diese aus der Gruppe “Infected” entfernt werden. Da nur infektiöse Personen positiv getestet werden können, werden diese positiv getesteten Personen selbst im “SEIR-Modell” lediglich von der Gruppe “Infected” und nicht von der Gruppe “Exposed” entfernt, da diese bekannterweise noch nicht infektiös sind. Nun wird, ausgehend von diesen veränderten Werten, das “SIR-Modell” beziehungsweise das “SEIR-Modell” für eine bestimmte Anzahl Berechnungsschritte ausgeführt. Wie bestimmt werden kann, wieviele Schritte ausreichend sind, wird in Kapitel 3 erläutert. Durch diese Ausführung verändern sich die Gruppen der Modelle, entsprechend Abschnitt 2.3, erneut. Dieses ganze Verfahren wird nun so oft ausgeführt wie es vorher festgelegt wurde. Zum Schluss werden die Grafiken zu den einzelnen Gruppen für das gewünschte Modell und Testverfahren erstellt.

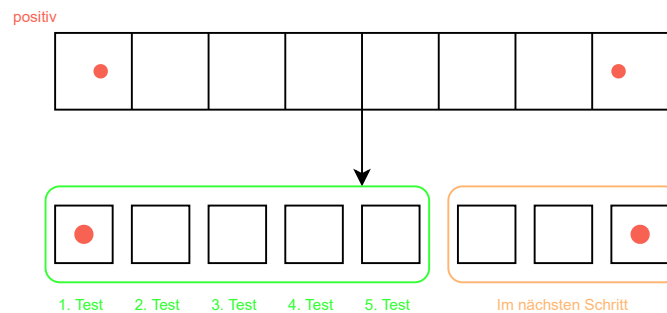


Abbildung 2.8: Bildliche Darstellung der Zeitabhängigkeit am Beispiel des 2-level pooling bei einer Testkapazität von 5 und einer maximalen Poolgröße von 8.

3 Ergebnisse

Es werden nun verschiedene Infektionsgeschehen mit gleichbleibender Bevölkerungsgröße simuliert. Die unterschiedlichen Infektionsgeschehen werden durch Veränderung der jeweiligen, in Abbildung 3.1 veranschaulichten, Eingabeparameter bewerkstelligt, dabei soll beobachtet werden welche Auswirkungen die Veränderungen der maximalen Poolgröße, Veränderungen der Basisreproduktionszahl und Veränderungen der Infektionsrate auf das Infektionsgeschehen haben. Dies soll sowohl für das “SIR-Modell”, als auch für das “SEIR-Modell” durchgeführt werden. Zudem sollen die Auswirkungen weiterer Modellerweiterungen für das “SEIR-Modell”, wie das Vorhandensein einer Impfung und die Einführung einer nur temporären Immunität nach der Genesung, beobachtet werden. Für das “SIR-Modell” resultieren dabei identische Beobachtungen. Dabei wird das Modell dieser Bachelorthesis mit den gewählten Eingabeparametern, welches in Abschnitt 2.4 vorgestellt wurde, zehn Mal ausgeführt und das daraus resultierende Ergebnis in Form von Grafiken ausgegeben. Wie in Abbildung 3.1 zu sehen, setzt sich das Ergebnis aus den Gruppen “Susceptible”, “Infected”, “Recovered” und, für das “SEIR-Modell”, “Exposed” zusammen. Dazu werden die gewöhnlichen Differentialgleichungen des “SIR-Modells” beziehungsweise des “SEIR-Modells” mit Hilfe von “odeint” gelöst. Zum Lösen mit Hilfe von “odeint” muss angegeben werden wieviele Schritte des entsprechenden Modells ausgeführt werden sollen, dabei bringt eine hohe Anzahl Schritte eine genauere Auflösung, also ein genaueres Ergebnis, jedoch benötigt das Modell dementsprechend mehr Zeit. Eine geringere Anzahl Schritte sorgt für eine kürzere Laufzeit des Modells, doch sorgt dies für eine ungenauere Auflösung, also ein ungenaueres Ergebnis. Um herauszufinden, welche Schrittzahl geeignet ist, wurde mit verschiedener Anzahl Schritte simuliert und beobachtet bei welcher Anzahl Schritte keine beträchtliche Veränderung der Simulationsergebnisse aufgetreten ist. Dabei konnte festgestellt werden, dass dies sowohl beim “SIR-Modell” als auch beim “SEIR-Modell” bei einer Anzahl von fünf der Fall ist, wodurch diese Anzahl gewählt wurde. Für die Simulationen dieser Thesis wurden zunächst feste Werte für γ und a gewählt, die möglichst groß genug sind, um interessante Ergebnisse zu erhalten, aus denen sich interessante Beobachtungen ableiten können. Dafür wurden die Werte $\gamma = 0.5$ und $a = 0.5$ gewählt, was bedeutet, dass Personen, die infiziert, aber noch nicht infektiös sind, erst nach zwei Tagen infektiös sind und, dass diese Infizierten wiederum nach zwei Tagen genesen. Der Wert für β wird in diesem Fall, wie bereits in Abschnitt 2.3 angesprochen, aus $R_0 * \gamma$ bestimmt. Außerdem gilt für alle Simulationen die Annahme, dass ein Testdurchlauf, in welchem so viele Tests parallel durchgeführt werden können, wie die Testkapazität zulässt, fünf Stunden dauert und, dass jeweils zehn Zeitschritte (also zehn Testdurchläufe) mit einer Schrittweite Δt von 0,5 durchgeführt werden.

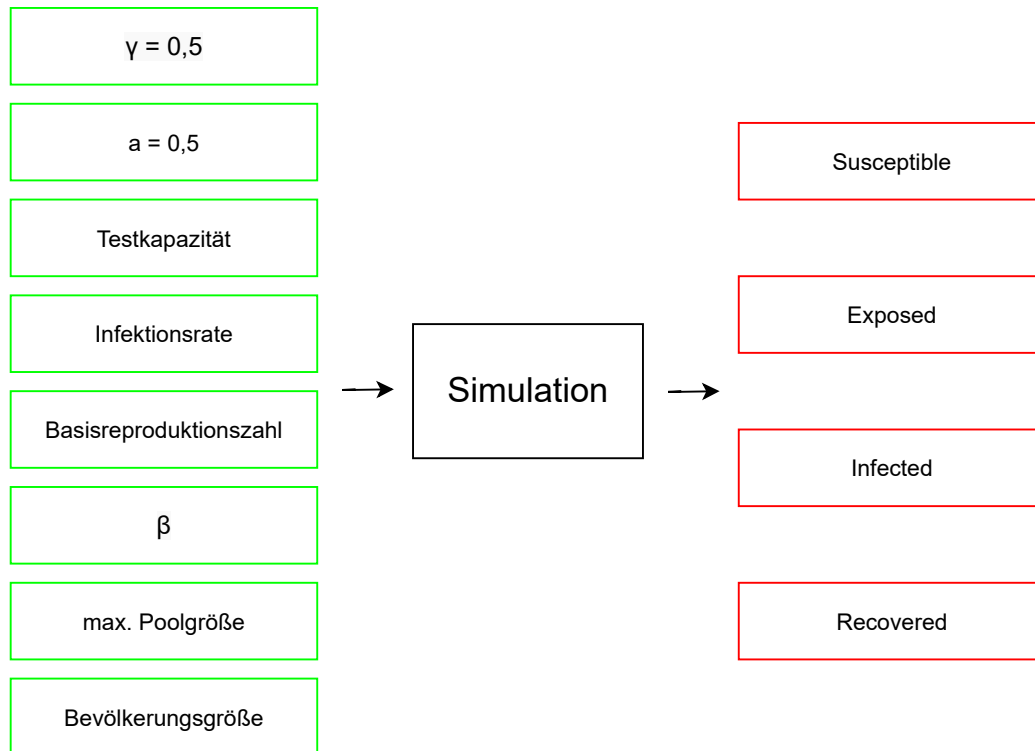


Abbildung 3.1: Bildliche Darstellung der Funktionsweise der Simulationen grün: Eingabe, rot: Ausgabe

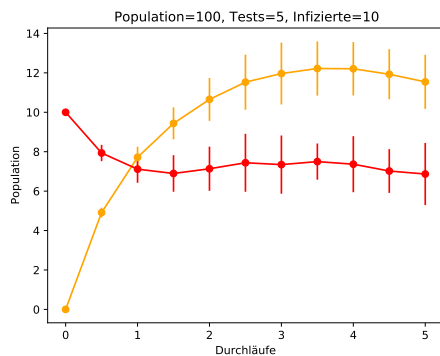
Bei diesen Simulationen gibt es eine kleine Einschränkung, die jedoch, wie gleich zu sehen sein wird, kein Problem darstellt, aber nicht unerwähnt bleiben und bei der Betrachtung der folgenden Simulationen nicht außen vor gelassen werden soll. Sowohl das “SIR-Modell” als auch das “SEIR-Modell” können, bedingt durch die Raten, wie zum Beispiel der Translationsrate $\frac{\beta}{N}$, Dezimalzahlen für die Werte aller Gruppen, also “Susceptible”, “Infected”, “Recovered” und “Exposed”, liefern. Jedoch wird die Population in dem Modell dieser Thesis als Liste und die einzelnen Individuen als Eintrag dieser Liste modelliert. Dabei wird für das Individuum eine 0 eingetragen, falls es infiziert ist und im anderen Fall, also falls das Individuum sich in “Susceptible” oder “Recovered” befindet, eine 1. Auf Grund dieser Tatsache muss diese Liste bei jeder Iteration nach dem Durchlauf der Schritte des “SIR-Modells” beziehungsweise des “SEIR-Modells” verändert werden, falls sich die Zahl der infizierten Personen verändert. Da eine Liste jedoch keine “Halb-” oder “Viertel-” Einträge haben kann, sondern nur “Ganze”, wird die Zahl der Infizierten auf die nächstgelegene ganze Zahl auf- oder abgerundet. Dadurch kommt es vor, dass die Bevölkerungszahl in manchen Iterationen um einen Wert von < 1 abweicht, dies ist jedoch bei einer Bevölkerung von 100.000 Personen vernachlässigbar, da dies in der Gesamtbetrachtung des Infektionsgeschehens keinen, beziehungsweise nur einen sehr kleinen, vernachlässigbaren, Unterschied macht.

Repräsentierbarkeit Um möglichst repräsentative Ergebnisse zu erhalten, wurde außerdem mit Hilfe der Funktion “random.seed” [Thea] der Python-Bibliothek “numpy” dafür gesorgt, dass die, als Liste dargestellte, Bevölkerung bei jeder Durchführung der Simulation übereinstimmt, also dass die infizierten Personen bei jeder Durchführung an derselben Stelle stehen. Damit wird sichergestellt,

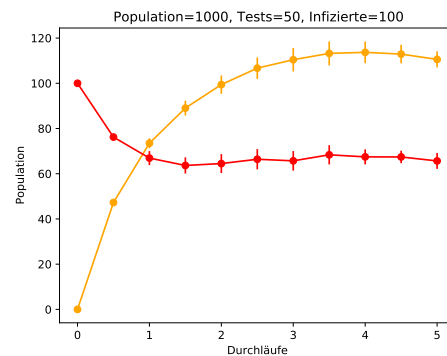
dass man zum Einen nicht bei jedem Aufruf andere Ergebnisse, die mal besser oder mal schlechter sind, erhält und zum Anderen, dass auch die drei Testverfahren mit identischer Bevölkerung arbeiten, um diese besser miteinander vergleichen zu können. Denn so kommt es nicht dazu, dass ein Testverfahren eine idealere Verteilung der infizierten Personen erhält und dadurch besser abschneidet, nicht weil es das effizientere Testverfahren im Allgemeinen ist. Eine wichtige Frage, die sich noch stellt, dreht sich darum welche Bevölkerungsgröße und Testkapazität repräsentativ für die Infektionssimulation eines Landes, wie zum Beispiel Deutschland, ist. Eine Bevölkerungszahl, wie in Deutschland, von circa 83.190.556 (Stand: 30.09.2020) [Sta21] würde bei der Durchführung der Simulationen sehr viel Zeit in Anspruch nehmen. Wie in Tabelle 3.1 zu sehen, benötigt allein schon eine Ausführung mit einer Bevölkerungsgröße von 10.000.000 und einer vergleichsweise geringen Testkapazität, denn die Testkapazität von Deutschland beträgt aktuell (KW3, 2021) circa 339.447 [Rad21], ungefähr fünf Minuten ¹, während eine Simulation mit einer Bevölkerungsgröße von 1.000.000 und einer Testkapazität von 50.000 schon knapp 50 Minuten in Anspruch nimmt. Dies ist zu viel Zeit, die benötigt wird, wenn mehrere Simulationen für verschiedene Poolgrößen, Infektionsraten, Basisreproduktionszahlen usw. sowohl für das “SIR-Modell” als auch das “SEIR-Modell” durchgeführt und verglichen werden sollen. Eine geringe Bevölkerungsgröße von zum Beispiel 100 würde, wie zu sehen ist, nicht so viel Zeit in Anspruch nehmen, jedoch stellt sich dabei die Frage, ob Beobachtungen einer so kleinen Bevölkerung auf große Bevölkerungen eines Staates übertragbar sein können. Dafür wurde das Modell mehrmals ausgeführt und der Erwartungswert und die Standardabweichung aus den Werten der Ausführungen bestimmt. Damit lässt sich feststellen, wie sehr die Werte nach den einzelnen Ausführungen voneinander abweichen. Das Ziel war dabei eine möglichst kleine Bevölkerung mit einer möglichst geringen Abweichung zu finden. Dabei wird die Abweichung, wie in Abbildung 3.2 zu sehen, dargestellt durch die vertikalen Linien an den Punkten. Wie in Abbildung 3.2a zu beobachten, ist die Abweichung, bei einer Bevölkerung mit einer Bevölkerungsgröße von 100 und einer Testkapazität von 5, wie vermutet, sehr groß, dadurch ist diese Bevölkerungsgröße nicht repräsentativ. Bei einer Bevölkerungsgröße von 1000 und einer Testkapazität von 50 ist in Abbildung 3.2b zu betrachten, dass die Abweichung nun schon deutlich geringer, fast nicht mehr sichtbar, ist. Erhöht man die Bevölkerungsgröße nun auf 10.000 und die Testkapazität auf 500 ist in Abbildung 3.2c zu beobachten, dass die Abweichung nun nochmal deutlich geringer, fast schon vernachlässigbar, ist. Steigert man diese Bevölkerungsgröße wiederum auf 100.000 und die Testkapazität auf 5000 ist in Abbildung 3.2d keinerlei Abweichung mehr zu sehen, dies bedeutet, dass sie zu gering ist, um sie in dieser Abbildung wahrzunehmen. Da man laut Tabelle 3.1 bei einem solchen Szenario immer noch bei einer Laufzeit von einigen Sekunden ist, beschränkt sich diese Bachelorthesis auf eine Bevölkerungsgröße von 100.000, die Testkapazität wird jedoch nicht auf 5000 festgelegt, da auch verschiedene Szenarien mit verschiedenen Testkapazitäten betrachtet werden sollen. Die Ergebnisse und Beobachtungen der Simulationen mit dieser Bevölkerungsgröße lassen sich dann im Prinzip auf größere Bevölkerungen, wie zum Beispiel die von Deutschland übertragen. Man könnte die Bevölkerung natürlich nochmals, auf 1.000.000, erhöhen, um noch repräsentativere Ergebnisse zu erhalten, jedoch wäre man dabei schon bei einer geringen Testkapazität von 500 bei einer Laufzeit von circa einer Minute, was deutlich zu lang wäre für die Zwecke dieser Bachelorthesis, die mehrere Simulationen benötigt. Es wurden zwar jeweils nur die Gruppe der “Exposed” und die Gruppe der “Infected” betrachtet, jedoch gilt dies, für alle Bevölkerungsgrößen und Testkapazitäten, für die Gruppe der “Susceptible” und

¹Windows 10 Pro Version 20H2, AMD Ryzen 5 1600 Six-Core Processor 3.20 GHz, 16 GB RAM, Nvidia GeForce GTX 1060 6 GB

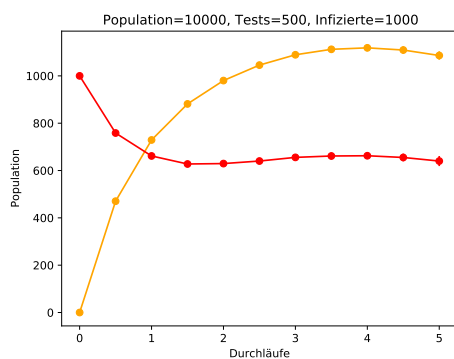
3 Ergebnisse



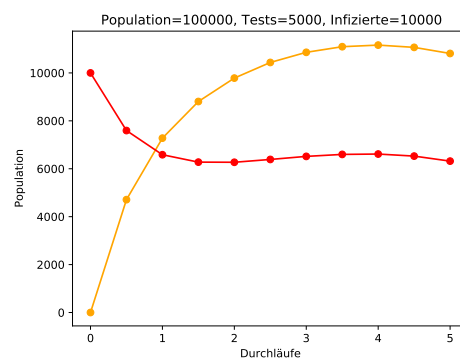
(a) Bevölkerungsgröße von 100, Testkapazität von 5 und 10 Infizierte.



(b) Bevölkerungsgröße von 1000, Testkapazität von 50 und 100 Infizierte.



(c) Bevölkerungsgröße von 10.000, Testkapazität von 500 und 1000 Infizierte.



(d) Bevölkerungsgröße von 100.000, Testkapazität von 5000 und 10000 Infizierte.

Abbildung 3.2: Grafische Darstellung der Erwartungswerte und Standardabweichungen, die aus den 10 Ausführungen der Simulation berechnet wurden, am Beispiel der Gruppe der Exposed(orange) und Infected(rot) des 2-level pooling für verschiedene Bevölkerungsgrößen und Testkapazitäten mit jeweils einer Infektionsrate von 10%, einer maximalen Poolgröße von 2 und einer Basisreproduktionszahl von 3.

für die Gruppe der “Recovered” analog, da bei einer größeren Bevölkerungsgruppe und größeren Testkapazitäten das Ergebnis nur genauer werden kann. Außerdem wurde nur das “2-level-pooling” betrachtet, jedoch verhält es sich für die anderen beiden Verfahren ähnlich. Dies liegt besonders daran, weil bei einer Poolgröße von zwei, die hier vorliegt, das “2-level pooling” und das “Binary splitting” exakt gleich funktionieren und daher dieselben Werte liefern.

Beitrag zur Wissenschaft In Abbildung 3.3 ist das Infektionsgeschehen zu sehen, welches das aktuelle Modell aus [WPR+20] abbildet. Direkt auffällig ist, dass im Vergleich zu Abbildung 3.11 und Abbildung 3.21 kein Transfer zwischen den Gruppen stattfindet. Es existiert lediglich die Zahl der Gesunden und die der Infizierten, dadurch gibt es ebenfalls keine Gruppe “Recovered”, in welche die getesteten Infizierten, sobald sie in Quarantäne müssen, hinzugefügt werden könnten. Dadurch, dass in der Simulation von Abbildung 3.3 die getesteten Personen aus der Bevölkerung entfernt

Bevölkerungsgröße	Testkapazität	Zeit
100	5	0,02s
1000	5	0,05s
1000	50	0,08s
10.000	5	0,37s
10.000	500	0,70s
100.000	5	3,41s
100.000	5000	12,82s
1.000.000	5	32,71s
1.000.000	500	59,84s
1.000.000	50000	2941,21s
10.000.000	5	325,00s

Tabelle 3.1: Zeitmessungen ¹ der Ausführungen der Simulationen des “SEIR-Modells” aller drei Testverfahren gleichzeitig mit verschiedenen Bevölkerungsgrößen und Testkapazitäten bei einer maximalen Poolgröße von 2 und einer Basisreproduktionszahl von 3.

¹ Windows 10 Pro Version 2004, AMD Ryzen 5 1600 Six-Core Processor 3.20 GHz, 16 GB RAM, Nvidia Geforce GTX 1060 6 GB

werden, sieht es auf dem ersten Blick so aus, dass die Pool-basierten Testverfahren schlechtere Ergebnisse liefern als das individuelle Testverfahren, weil die Zahl der Gesunden stärker sinkt. Betrachtet man jedoch die Zahl der Infizierten ist klar, dass die Pool-basierten Testverfahren hier ebenfalls besser abschneiden, da die Zahl der Infizierten für diese zurückgeht und für das individuelle Testverfahren konstant bleibt. Dies ist ein weiterer Kritikpunkt des alten Modells. Dadurch, dass es keinen Transfer zwischen Bevölkerungsgruppen gibt, wie es in Abbildung 3.11 und in Abbildung 3.21 der Fall ist, gibt es in diesem kein dynamisches Infektionsgeschehen, wodurch die konstante Zahl der Infizierten zu Stande kommt. Fügt man nun im alten Modell hinzu, dass die getesteten Personen nicht mehr aus dem System verschwinden, so lässt sich in Abbildung 3.4 zwar feststellen, dass die Pool-basierten Testverfahren nun besser abschneiden, so wie es auf Grund der geringeren Infektionszahlen auch sein sollte, jedoch steigt hier die Zahl der Gesunden mit der Zeit an. Dies liegt daran, dass es keine Gruppe gibt, in die die getesteten Infizierten hinzugefügt werden können. Dadurch können diese, wenn man die Zahl der Infizierten weiterhin senken möchte (was nötig ist um zu vergleichen welches Verfahren besser funktioniert), lediglich aus dem System entfernt werden, wodurch die Bevölkerungsgröße nicht mehr konstant ist. Sie können, wie in Abbildung 3.4 zu sehen ist, auch zu den Gesunden hinzugefügt werden, dadurch resultiert aber, das bereits angesprochene Problem, der steigenden Anzahl an gesunden Personen. Man sieht also, dass das aktuelle Modell aus [WPR+20] keine realistische Simulation eines Infektionsgeschehens zulässt, was durch diese Bachelorthesis nun behoben werden konnte. Zudem wurde die Zeitabhängigkeit der Testverfahren hinzugefügt durch welche es, wie bereits in Abschnitt 2.4 angesprochen, möglich ist, dass Personen, die beim Testen auf Grund fehlender Testressourcen nicht mehr im selben Testdurchlauf getestet werden, nun direkt im darauffolgenden Testdurchlauf getestet werden. Außerdem wurde, die zuvor mögliche, Verfälschung der Tests, die in Abschnitt 2.4 erläutert wurde, beseitigt.

3 Ergebnisse

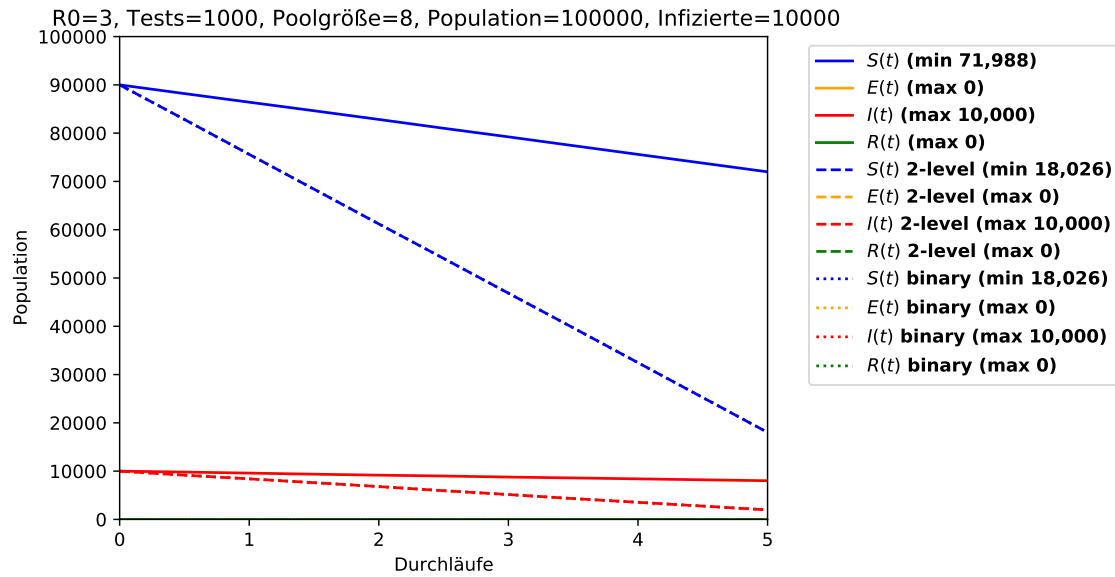


Abbildung 3.3: Simulation eines Infektionsgeschehens aus [WPR+20] bei einer Bevölkerungsgröße von 100.000, einer Testkapazität von 1000, einer Basisreproduktionszahl von 3, einer maximalen Poolgröße von 8 und einer Infektionsrate von 10%.

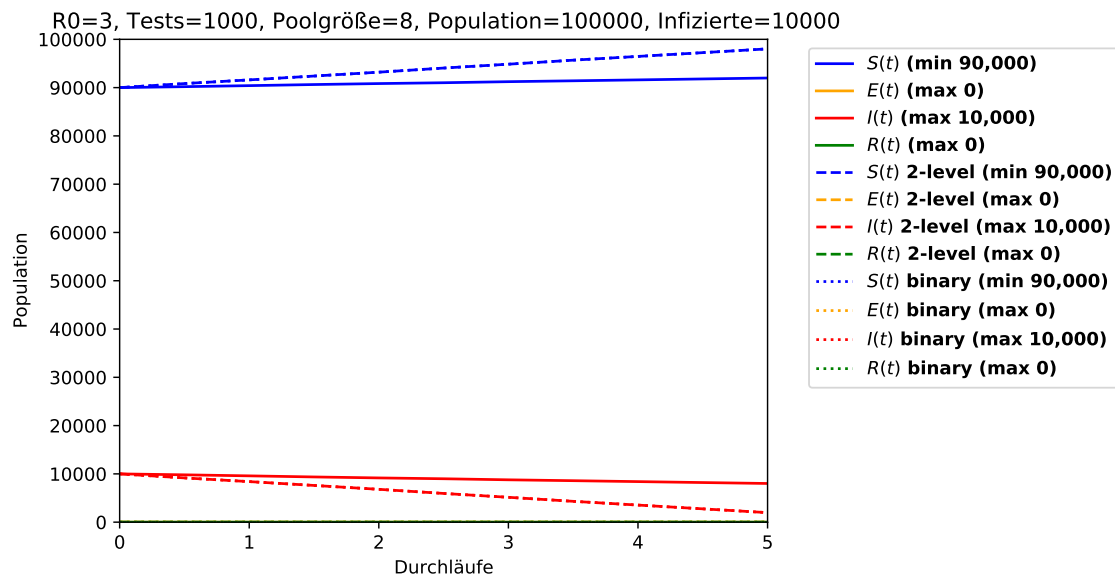


Abbildung 3.4: Simulation eines Infektionsgeschehens aus [WPR+20] ohne das Entfernen der getesteten Personen bei einer Bevölkerungsgröße von 100.000, einer Testkapazität von 1000, einer Basisreproduktionszahl von 3, einer maximalen Poolgröße von 8 und einer Infektionsrate von 10%.

3.1 Extremszenarien

Um die, in dieser Thesis schon häufig beworbene, Wichtigkeit von COVID-19-Tests nun ebenfalls grafisch, mit Hilfe des Modells zu zeigen, sollen zunächst zwei extreme Szenarien betrachtet werden.

Keine Tests Zunächst ist in Abbildung 3.5 und in Abbildung 3.6 zu betrachten, wie sich das Infektionsgeschehen entwickeln könnte, wenn keine Tests für dieses Virus existieren würden und die Basisreproduktionszahl hoch ist. Letzteres ist vor allem typisch für den Anfang einer Epidemie beziehungsweise Pandemie. Zu sehen ist, dass bei beiden Modellen die Zahl der Infizierten zunächst ansteigt und beim “SIR-Modell” kurz darauf wieder absteigt, außerdem sieht man, dass die Zahl der Gesunden, also der Gruppe der “Susceptible”, auf Grund der hohen Anzahl Infizierter, die sich gegenseitig ungehindert infizieren können, sehr schnell sinkt. Das Abnehmen der Infizierten beim “SIR-Modell” lässt sich dadurch erklären, dass die Zahl der Gesunden exponentiell sinkt und es dadurch immer weniger Personen gibt, die sich infizieren können. Beim “SEIR-Modell” ist das Sinken der Gesunden geringer, dies liegt daran, dass die Zahl der Infizierten im “SIR-Modell” zu jedem Zeitpunkt höher ist als die Zahl der Infizierten im “SEIR-Modell”. Der Grund dafür ist, dass die infizierten Personen zunächst einige Tage infiziert, aber noch nicht infektiös sind, dadurch verzögert sich das Infektionsgeschehen im Vergleich zum “SIR-Modell”. Besonders beim “SIR-Modell” in Abbildung 3.5 lässt sich also anhand des Verlaufs der Kurve der “Susceptible”, aber auch durch das enorme Ansteigen der Kurve der “Recovered”, beobachten, dass ohne vernünftiges Testen der Infektionskrankheit schon nach kurzer Zeit kaum noch Personen existieren, die weder infiziert sind noch infiziert waren. Da hierbei keinerlei Testkapazitäten vorhanden sind, sieht dieses Infektionsgeschehen bei allen drei Testverfahren identisch aus, wodurch diese sich in dieser Grafik überlappen und nur jeweils eine Kurve pro Gruppe zu sehen ist. Das liegt daran, dass ohne Tests selbst das effizienteste Testverfahren keine Auswirkungen haben kann.

Tests in Massen Im Gegensatz dazu gibt es beim gegenteiligen Extremverfahren COVID-19-Tests in Massen und somit genug Testkapazitäten, um alle infizierte Personen sofort gleichzeitig testen zu können. Dabei fällt auf, dass das Infektionsgeschehen nun nicht nur bei den verschiedenen Testverfahren identisch ist, wodurch sich die Graphen dieser Verfahren erneut überlappen, sondern, wie durch Abbildung 3.7 und Abbildung 3.8 zu sehen, auch bei den beiden epidemiologischen Modellen. Dadurch, dass man viel mehr Testkapazitäten als infizierte Personen hat, werden alle infizierte Personen sofort identifiziert und in Quarantäne geschickt, wodurch sich keine weitere Personen infizieren. Dabei spielt es auf Grund der hohen Anzahl der Tests keine Rolle welches Testverfahren man verwendet und dadurch, dass alle Infizierten direkt getestet werden, spielt es ebenfalls keine Rolle, ob man das “SIR-Modell” oder das “SEIR-Modell” wählt. Man sieht also deutlich: Ohne Tests lässt sich eine starke Ausbreitung in diesem Modell nicht verhindern und hätte man massenweise Tests könnte man sofort alle Individuen der Bevölkerung testen, somit würde man alle Infizierte testen und man hätte die Verbreitung des Virus sehr schnell eingedämmt. Die Funktion des Modells der Bachelorthesis wurde also für die beiden Extremszenarien nachgewiesen, da das Infektionsgeschehen so abgebildet wurde wie es von diesen beiden Szenarien zu erwarten war.

3 Ergebnisse

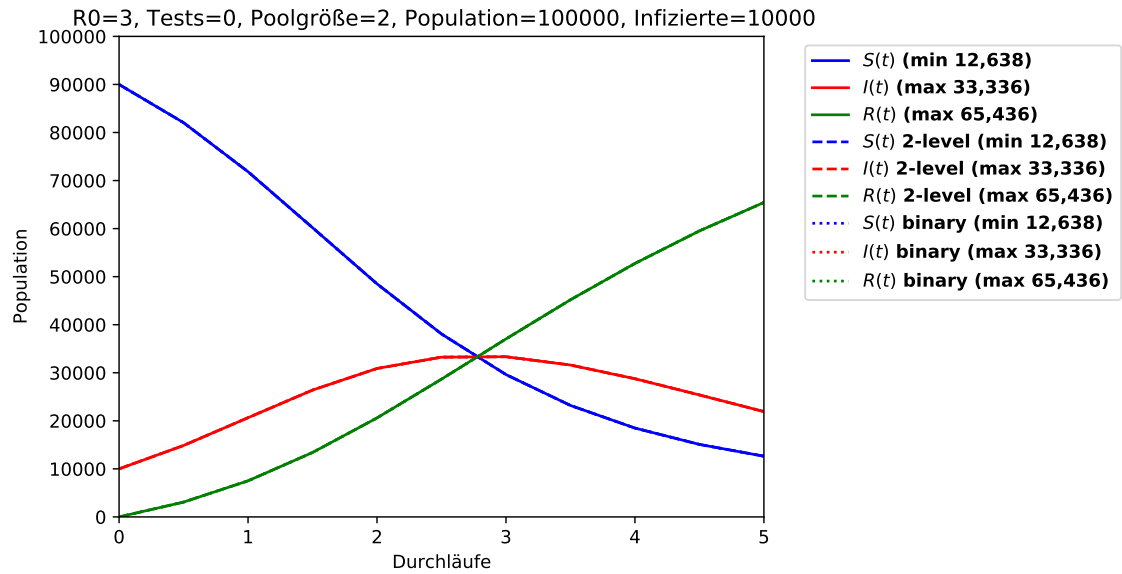


Abbildung 3.5: Simulation eines Infektionsgeschehens ohne COVID-19-Tests bei einer Bevölkerungsgröße von 100.000, einer Basisreproduktionszahl von 3 und einer Infektionsrate von 10% des SIR-Modells.

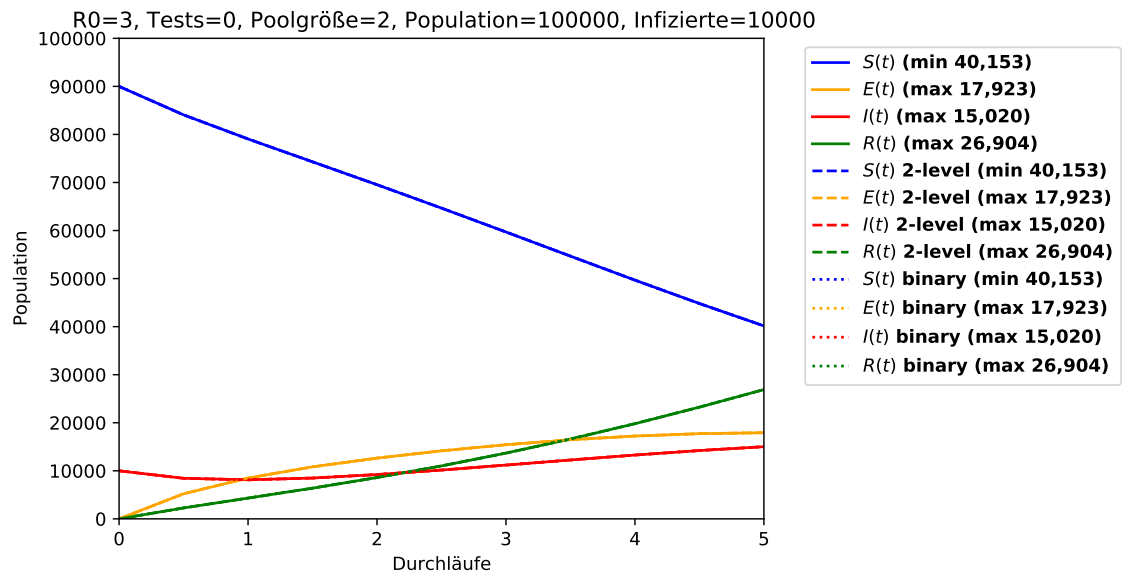


Abbildung 3.6: Simulation eines Infektionsgeschehens ohne COVID-19-Tests bei einer Bevölkerungsgröße von 100.000, einer Basisreproduktionszahl von 3 und einer Infektionsrate von 10% des SEIR-Modells.

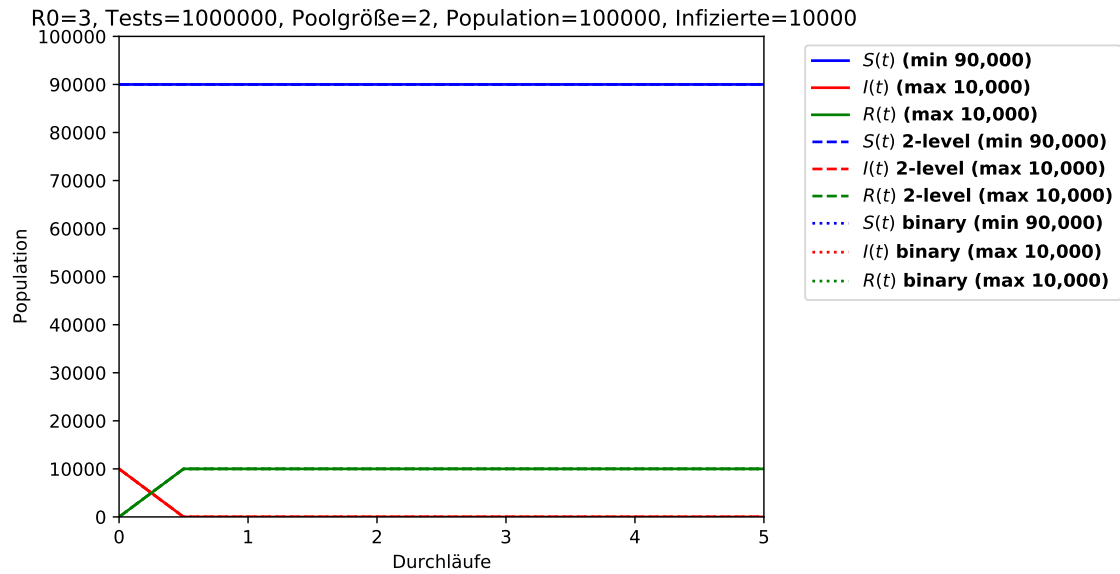


Abbildung 3.7: Simulation eines Infektionsgeschehens mit COVID-19-Tests in Massen bei einer Bevölkerungsgröße von 100.000, einer Basisreproduktionszahl von 3 und einer Infektionsrate von 10% des SIR-Modells.

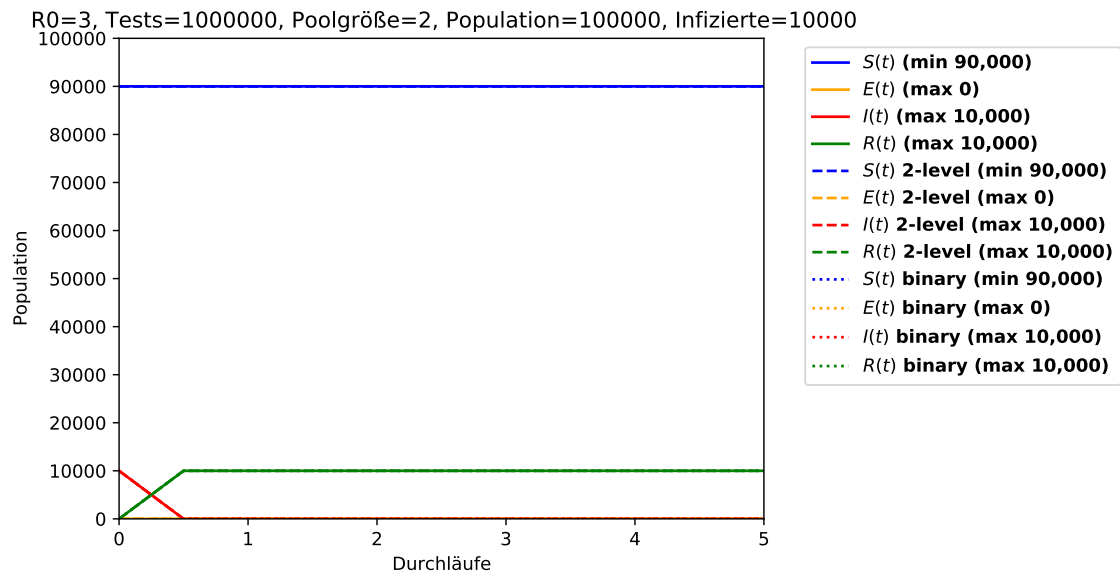


Abbildung 3.8: Simulation eines Infektionsgeschehens mit COVID-19-Tests in Massen bei einer Bevölkerungsgröße von 100.000, Basisreproduktionszahl von 3 und einer Infektionsrate von 10% des SEIR-Modells.

3.2 Simulationen mit dem SIR-Modell

Möchte man nun neben den Extremszenarien auch andere Szenarien betrachten, so gibt es sehr viele unterschiedliche Optionen, die allesamt interessante Beobachtungen liefern und interessante Vergleiche ermöglichen.

3.2.1 Veränderung der Poolgröße

Geringe maximale Poolgröße In Abbildung 3.9 ist das Infektionsgeschehen bei einer geringen maximalen Poolgröße von zwei mit einer Testkapazität von 5000 Tests und einer weiterhin hohen Basisreproduktionszahl $R_0 = 3$ für das “SIR-Modell” zu beobachten. Auffallend ist, dass bereits bei einer vergleichsweise geringen maximalen Poolgröße der Vorteil der Pool-basierten Testverfahren zu Trage kommt, da sowohl der Verlauf der Anzahl der Infizierten pro Zeiteinheit flacher ausfällt, und damit die Anzahl der Infizierten zu jedem Zeitpunkt geringer ist, als auch die Anzahl der Gesunden zu jedem Zeitpunkt höher ist. Dadurch, dass für die Pool-basierten Testverfahren in diesem Geschehen zu jedem Zeitpunkt sowohl die Anzahl der Gesunden höher ist, als auch die Zahl der Infizierten geringer ist, ist auch der Verlauf der Anzahl der Genesenen in der Gruppe der “Recovered” flacher, wenn auch nur minimal. Ebenfalls zu beobachten ist, dass dadurch, dass die maximale Poolgröße auf zwei gesetzt wurde, sich das “2-level pooling” und das “Binary-splitting”, wie bereits bei der Betrachtung der Extremszenarien angeschnitten, absolut identisch verhalten und identische Ergebnisse liefern. Dies kommt dadurch zustande, dass in diesem Fall bei einer Poolgröße von zwei das “2-level pooling” bei einem positiven Pool alle Individuen testet, also zwei Tests benötigt und das “Binary-splitting” diesen Pool halbiert und dadurch, dass nach der Halbierung die beiden Individuen getestet werden ebenfalls zwei Tests benötigt. Bei einer maximalen Poolgröße von zwei kann es auch vorkommen, dass es ein Pool mit der Größe eins gibt, bei diesem Pool verhalten sich ebenfalls beide Verfahren identisch, da dieses einzelne Individuum nur individuell getestet werden kann. Auch wenn bereits ein Vorteil im Vergleich zum individuellen Testverfahren erkennbar ist, ist dieser doch noch eher gering, natürlich ist ein geringer Vorteil immer noch deutlich besser als keiner, jedoch lässt sich dieser Vorteil noch erhöhen.

Mittelhohe maximale Poolgröße Erhöht man nun die maximale Poolgröße auf acht und lässt die restlichen Werte gleich, lässt sich in Abbildung 3.10 beobachten, dass das Infektionsgeschehen sich bereits sehr ähnlich zu dem Extremszenario, in welchem die Tests in Massen vorhanden waren, verhält. Obwohl man also für das individuelle Testverfahren und die Pool-basierten Testverfahren dieselbe Anzahl Tests zur Verfügung hat, ist bei dem individuellen Testverfahren weiterhin ein Infektionsgeschehen zu beobachten, in welchem bereits über zwei Drittel der Bevölkerung infiziert sind, während bei den Pool-basierten Testverfahren durch das Erhöhen der maximalen Poolgröße von zwei auf acht im selben Zeitraum die Verbreitung des Virus (zumindest temporär) eingedämmt worden ist und kaum eine Person, mit Ausnahme der Infizierten zum Startzeitpunkt, mit dem Virus infiziert wurde. Beide Pool-basierten Testverfahren arbeiten bei diesem Infektionsgeschehen gleich gut, jedoch liefert das “Binary-splitting” minimal bessere Ergebnisse. An diesem Punkt ergibt eine Erhöhung der maximalen Poolgröße keinen Sinn, da sich das Infektionsgeschehen ziemlich ähnlich verhalten würde, weshalb nun zunächst die Testkapazität von 5000 auf 1000 gesenkt werden soll. In Abbildung 3.11 ist nun also ein Infektionsgeschehen mit einer Testkapazität von 1000 und einer maximalen Poolgröße von acht abgebildet. Hier ist zu sehen, dass das individuelle Testverfahren,

auf Grund der geringeren Testkapazität, natürlich nochmal etwas schlechter funktioniert, wodurch nun weniger als ein Zehntel der Bevölkerung nicht infiziert waren oder sind. Jedoch liefern hier ebenfalls die Pool-basierten Testverfahren eher schlechte Ergebnisse, aber dennoch bessere als das individuelle Testverfahren. Auch hier sind die Ergebnisse beider Pool-basierten Testverfahren sehr ähnlich, jedoch hat auch hier das “Binary-splitting” leicht die Nase vorn.

Hohe maximale Poolgröße Erhöht man die maximale Poolgröße erneut, diesmal auf 32, was nach [YAT+20] noch zuverlässige Ergebnisse für COVID-19 liefert, resultiert daraus für die Pooling-basierten Testverfahren ein Infektionsgeschehen (Abbildung 3.12), welches eine zu starke Verbreitung des Virus verhindert. Trotz der vergleichsweise geringen Testkapazität von 1000, durch welche sich das Virus beim individuellen Testverfahren fast schon ungehindert verbreiten kann, sind bei den Pool-basierten Testverfahren trotz der zusätzlich sehr hohen Infektionsrate zu Beginn von 10% noch über die Hälfte der Bevölkerung von einer Infektion verschont geblieben. Außerdem geht bei den Pool-basierten Testverfahren die Zahl der Infizierten am Ende der verbildlichten Simulation gegen null, während sie beim individuellen Testverfahren zu jedem Zeitpunkt hoch ist und die meiste Zeit sogar die Zahl der Gesunden übersteigt. Man beobachtet also, dass das Virus bei einer höheren maximalen Poolgröße tatsächlich besser eingedämmt werden kann, als bei einer Geringeren. Jedoch ist eine höhere maximale Poolgröße auch mit größeren logistischen Schwierigkeiten verbunden, wenn es also logistisch möglich ist, sollte man sich eher für eine größere maximale Poolgröße entscheiden.

Man kann außerdem beobachten, dass die Pool-basierten Testverfahren tatsächlich für jede maximale Poolgröße ≥ 2 bessere Infektionsgeschehen abbilden als das individuelle Testverfahren. Bei einer maximalen Poolgröße von eins, zu sehen in Abbildung 3.13, arbeiten alle drei Testverfahren identisch, weil so bei allen drei Verfahren nur jede Person einzeln getestet wird, was genau dem individuellen Testverfahren entspricht. Beide Pool-basierten Testverfahren liefern also mit Modellierung der Zeitabhängigkeit beider Verfahren bei allen getesteten maximalen Poolgrößen sehr ähnliche Ergebnisse, die Ergebnisse des “Binary-splitting” waren zwar in allen Verfahren minimal besser, jedoch sind die Unterschiede so gering, dass sie keine Rolle spielen sollten.

3 Ergebnisse

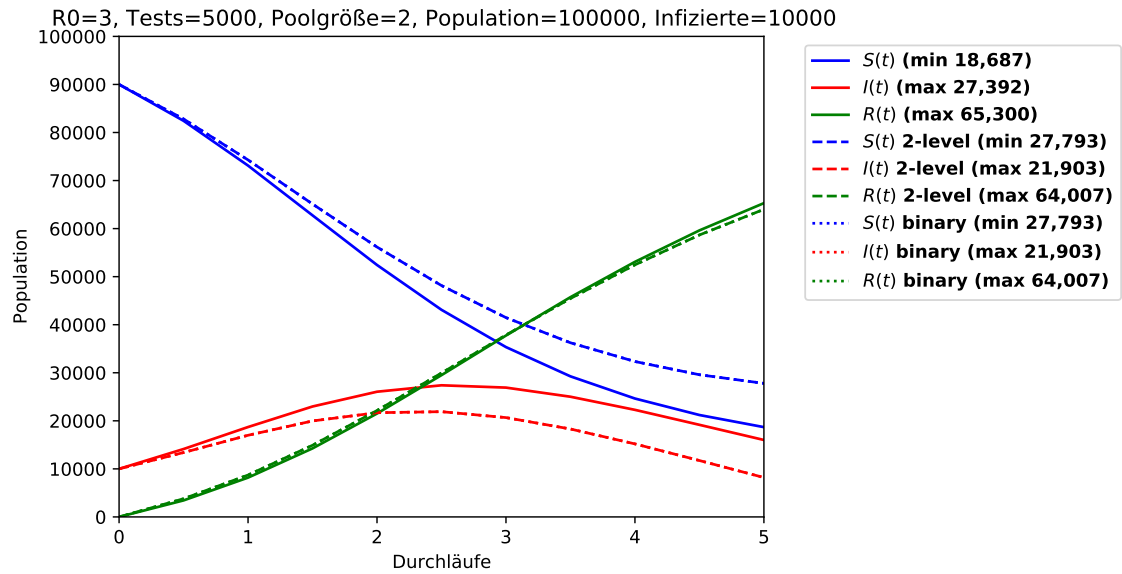


Abbildung 3.9: Simulation eines Infektionsgeschehens des SIR-Modells mit einer maximalen Poolgröße von 2 und einer Testkapazität von 5000 bei einer Bevölkerungsgröße von 100.000, einer Basisreproduktionszahl von 3 und einer Infektionsrate von 10%.

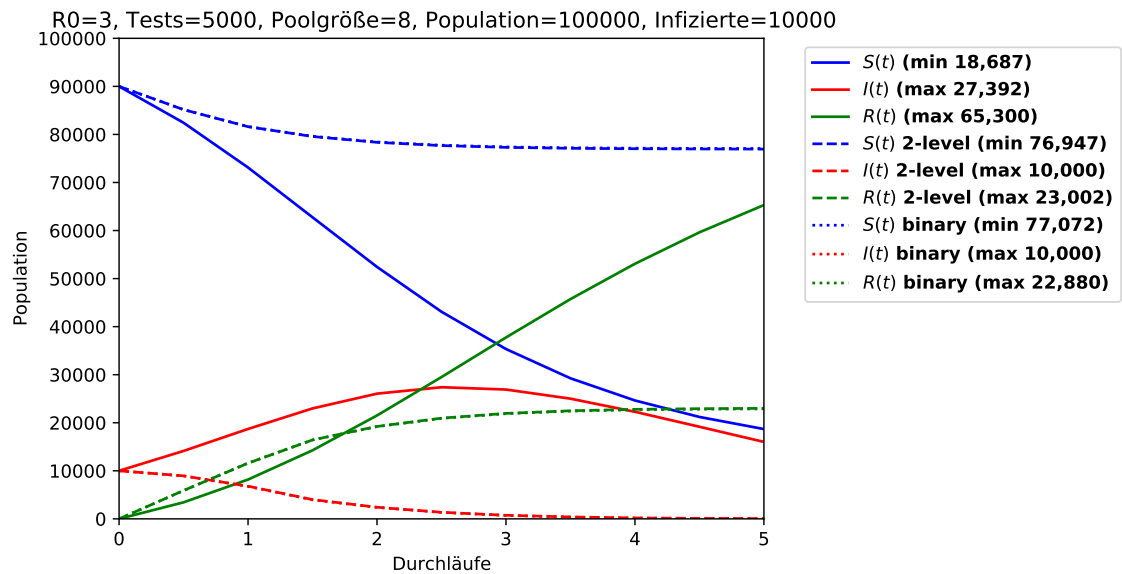


Abbildung 3.10: Simulation eines Infektionsgeschehens des SIR-Modells mit einer maximalen Poolgröße von 8 und einer Testkapazität von 5000 bei einer Bevölkerungsgröße von 100.000, einer Basisreproduktionszahl von 3 und einer Infektionsrate von 10%.

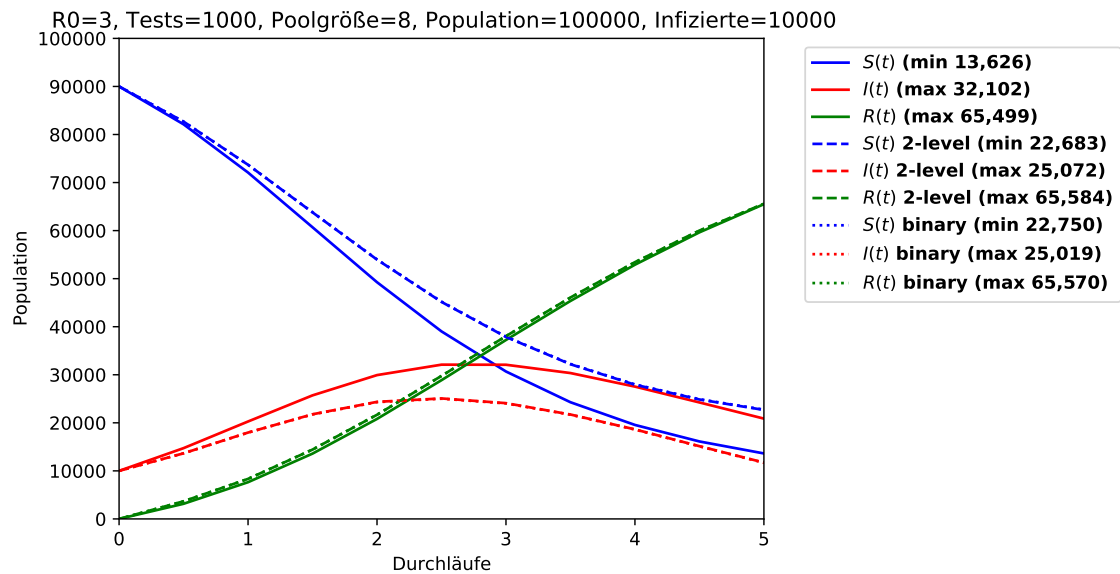


Abbildung 3.11: Simulation eines Infektionsgeschehens des SIR-Modells mit einer maximalen Poolgröße von 8 und einer Testkapazität von 1000 bei einer Bevölkerungsgröße von 100.000, einer Basisreproduktionszahl von 3 und einer Infektionsrate von 10%.

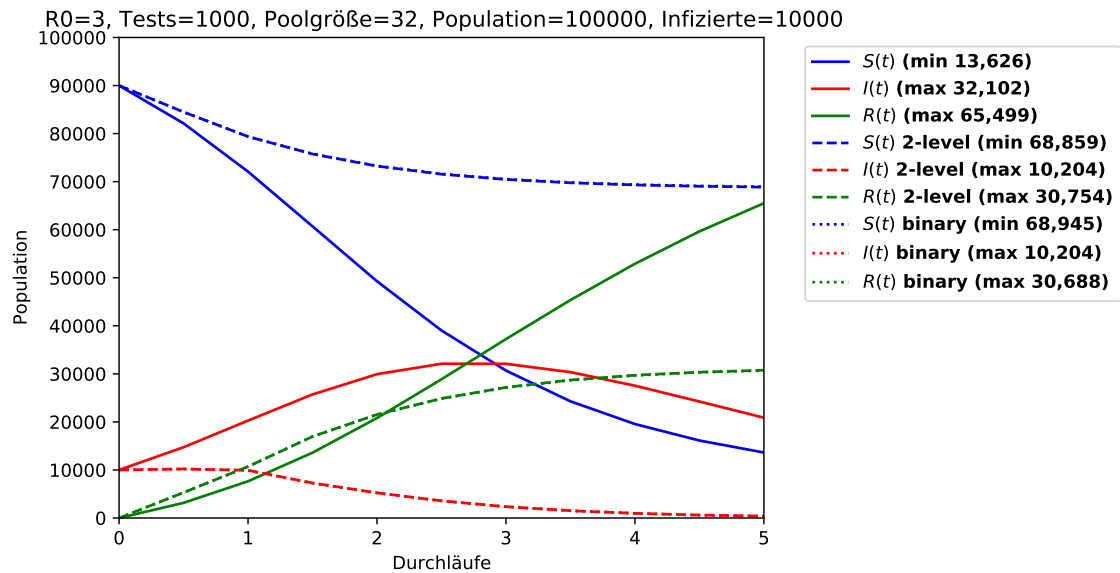


Abbildung 3.12: Simulation eines Infektionsgeschehens des SIR-Modells mit einer maximalen Poolgröße von 32 und einer Testkapazität von 1000 bei einer Bevölkerungsgröße von 100.000, einer Basisreproduktionszahl von 3 und einer Infektionsrate von 10%.

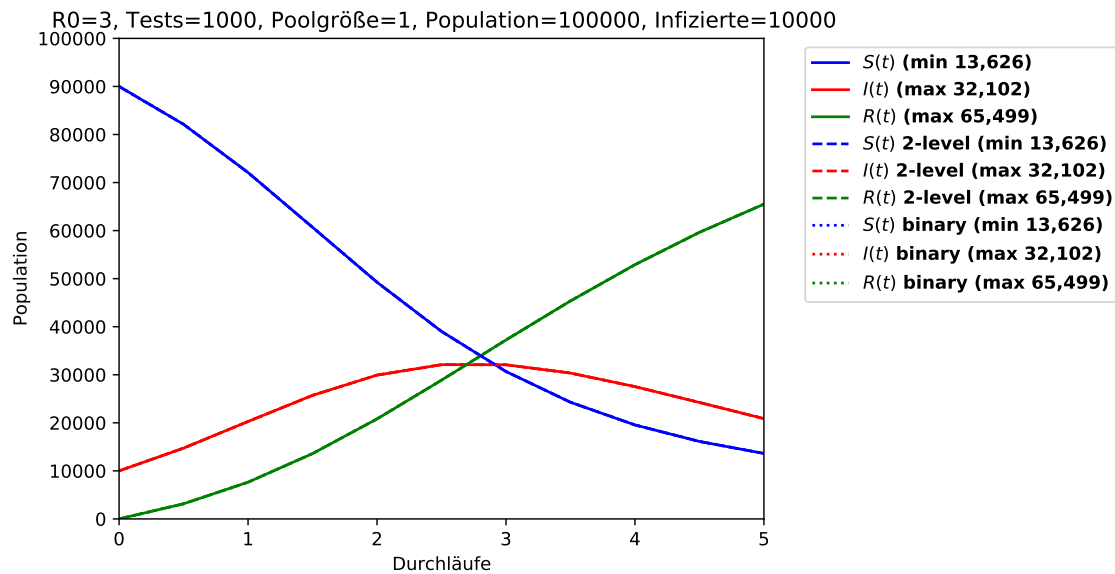


Abbildung 3.13: Simulation eines Infektionsgeschehens des SIR-Modells mit einer maximalen Poolgröße von 1 und einer Testkapazität von 1000 bei einer Bevölkerungsgröße von 100.000, einer Basisreproduktionszahl von 3 und einer Infektionsrate von 10%.

3.2.2 Veränderung der Basisreproduktionszahl

Würde man sich nun für die weitere Vergleiche und Beobachtungen dieser Bachelorthesis ebenfalls für eine maximale Poolgröße von 32 entscheiden, hätte man den Wunsch eines eingedämmten Infektionsgeschehens erreicht, falls man die Basisreproduktionszahl R_0 zum Beispiel auf 1,5 senken würde, siehe Abbildung 3.14. Doch würde dann ein weiteres Senken der Basisreproduktionszahl keine interessanten Auswirkungen haben, da das Virus bei $R_0 = 1,5$ schon sehr schnell eingedämmt wurde und es somit bei einer niedrigeren Basisreproduktionszahl lediglich etwas schneller dazu kommen würde. Das Senken der Basisreproduktionszahl ist in der Realität nicht einfach so ohne Weiteres möglich, dafür müsste die Verbreitung vorher durch das Testen oder andere Maßnahmen eingedämmt werden, jedoch sollen in dieser Thesis auch Infektionsgeschehen mit unterschiedlichen Basisreproduktionszahlen betrachtet werden, weswegen diese bedenkenlos gesenkt beziehungsweise erhöht werden. Entscheidet man sich für eine maximale Poolgröße von acht und eine Testkapazität von 1000, die in der vorherigen Simulation mit einer hohen Basisreproduktionszahl $R_0 = 3$ für ein Infektionsgeschehen gesorgt hat, das zwar deutlich bessere Ergebnisse liefert als das individuelle Testverfahren, jedoch die Verbreitung des Virus ebenfalls nicht gut genug kontrollieren konnte, lässt sich nun betrachten wie sich das Infektionsgeschehen bei verschiedenen geringeren Basisreproduktionszahlen verändert und diese resultierenden Infektionsgeschehen miteinander und mit dem vorherigen in Abbildung 3.11 mit $R_0 = 3$ vergleichen.

Mittelgroße Basisreproduktionszahl Bei einer Basisreproduktionszahl von 1,5 verändert sich das Infektionsgeschehen, wie in Abbildung 3.15 zu sehen, sodass die Kurven der “Susceptible”, “Infected” und “Recovered” für alle drei Testverfahren im Vergleich zu Abbildung 3.11 abflachen.

Eine niedrigere Basisreproduktionszahl, bei gleichbleibender Rate mit der Individuen genesen, bedeutet im Umkehrschluss durch die Formel von R_0 , dass die Translationsrate sinkt, wodurch weniger Individuen infiziert werden. Auch bei einer Basisreproduktionszahl von 1,5 sorgen die Pool-basierten Testverfahren für eine bessere Eindämmung des Virus als das individuelle Testverfahren. Weiterhin liefern beide Pool-basierten Testverfahren identische Ergebnisse, die Ergebnisse des “Binary-splitting” sind auch hier noch etwas besser.

Kleine Basisreproduktionszahl Senkt man die Basisreproduktionszahl nochmals, diesmal auf 0,75 lässt sich in Abbildung 3.16 beobachten, dass nun alle drei Testverfahren kaum eine Verbreitung des Virus zulassen. Dies lässt sich dadurch erklären, dass bei $R_0 = 0,75$ eine infizierte Person im Schnitt weniger als eine weitere Person infiziert, wodurch bei gleichbleibender Basisreproduktionszahl selbst ohne Tests das Virus mit der Zeit eingedämmt wird. Dennoch sind selbst hier die Pool-basierten Testverfahren effizienter und sorgen sehr schnell für eine Eindämmung, wodurch, neben den zu Beginn Infizierten, kaum Personen infiziert werden und die Zahl der Infizierten gegen null geht.

Festzustellen ist also, dass sich das Virus in diesem Modell beim Senken der Basisreproduktionszahl so verhält wie es auch in der Realität zu erwarten wäre: Die Infektionszahlen sinken und das Virus kann leichter eingedämmt werden. Auch hier lässt sich beobachten, dass die Pool-basierten Testverfahren bei jeder durchprobierten Basisreproduktionszahl für eine bessere Eindämmung des Virus sorgen, als das individuelle Testverfahren und, dass beide Pool-basierte Testverfahren mit Modellierung der Zeitabhängigkeit identische Ergebnisse liefern.

3 Ergebnisse

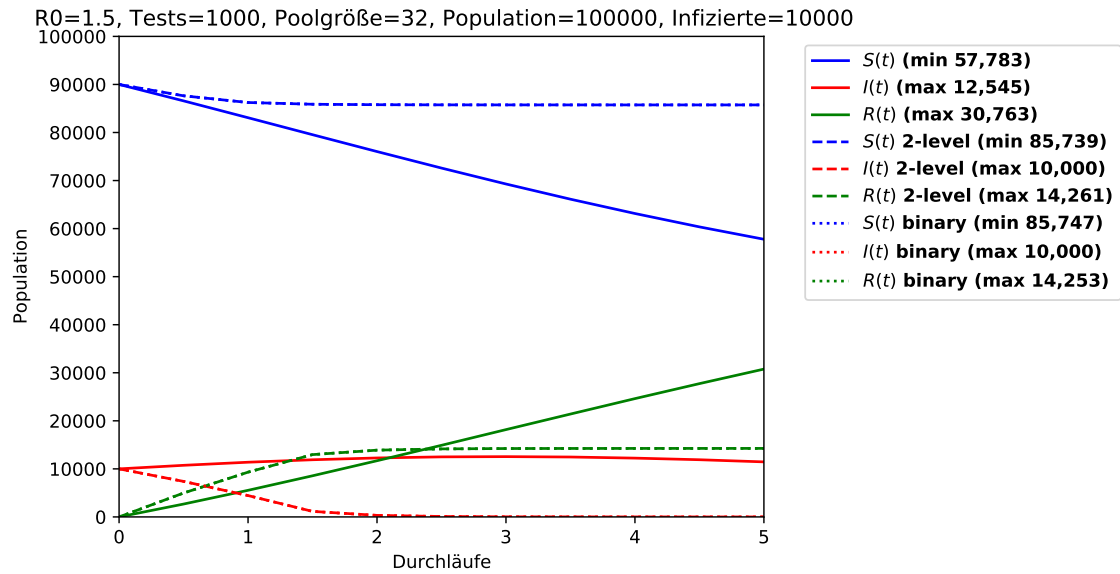


Abbildung 3.14: Simulation eines Infektionsgeschehens des SIR-Modells mit einer Basisreproduktionszahl von 1,5 und einer maximalen Poolgröße von 32 bei einer Bevölkerungsgröße von 100.000, einer Testkapazität von 1000 und einer Infektionsrate von 10%.

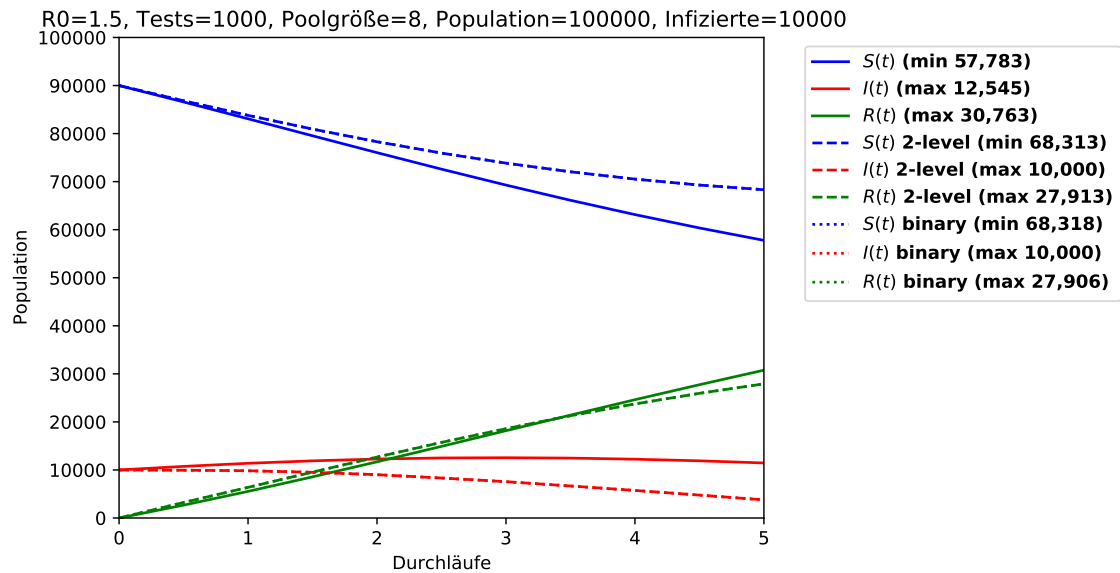


Abbildung 3.15: Simulation eines Infektionsgeschehens des SIR-Modells mit einer Basisreproduktionszahl von 1,5 und einer maximalen Poolgröße von 8 bei einer Bevölkerungsgröße von 100.000, einer Testkapazität von 1000 und einer Infektionsrate von 10%.

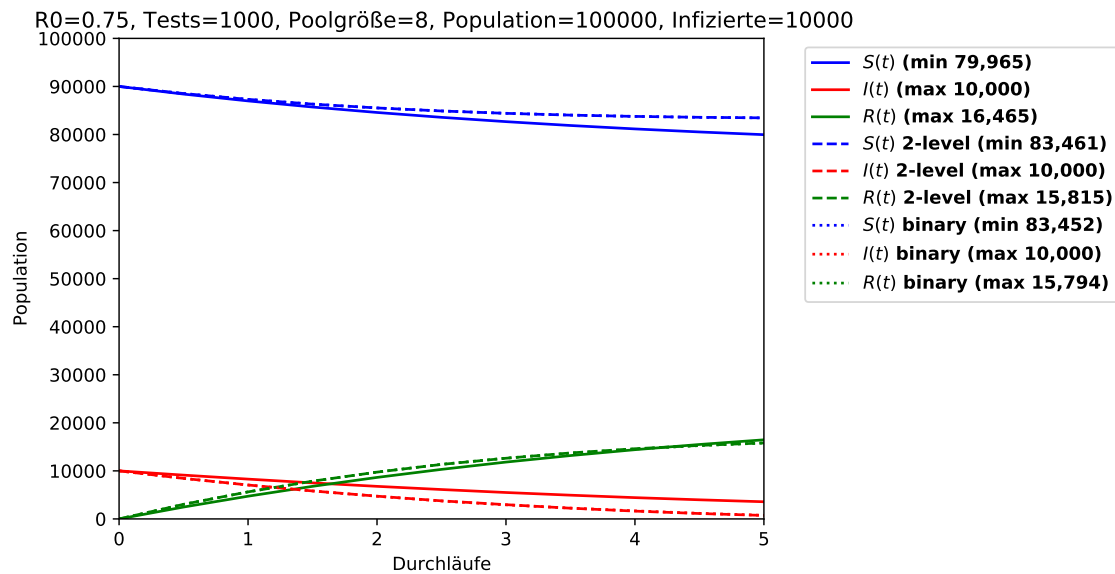


Abbildung 3.16: Simulation eines Infektionsgeschehens des SIR-Modells mit einer Basisreproduktionszahl von 0,75 und einer maximalen Poolgröße von 8 bei einer Bevölkerungsgröße von 100.000, einer Testkapazität von 1000 und einer Infektionsrate von 10%.

3.2.3 Veränderung der Infektionsrate

In den obigen Simulationen wurde jeweils eine feste Infektionsrate von 10% angenommen, diese ist ziemlich hoch. Vergleicht man dies zum Beispiel mit Deutschland, wo es laut [Rob21a] in den letzten sieben Tagen circa 60.577 Fälle (Stand: 9.2.2021), bei einer Bevölkerungsgröße von circa 83.190.556 (Stand: 30.09.2020) [Sta21], gab, wäre dies eine Infektionsrate von unter 0,1%. Deshalb soll nun ebenfalls überprüft werden, wie sich das Modell bei unterschiedlichen Infektionsraten verhält und ob dies ein realistisches Verhalten ist. Dafür wird weiterhin eine maximale Poolgröße von acht festgelegt und zusätzlich $R_0 = 3$. Bei einer hohen Basisreproduktionszahl infiziert eine einzelne infizierte Person mehrere andere Personen, deshalb lässt sich durch das Senken der Anzahl der infizierten Personen, mit Hilfe der Infektionsrate, besser beobachten wie sich das auf das Infektionsgeschehen auswirkt.

Mittelhohe Infektionsrate Zunächst soll die Infektionsrate, wie in Abbildung 3.17 abgebildet, auf 1% gesenkt werden. Zu sehen ist, dass zunächst eine Verzögerung der Verbreitung vorhanden ist, da die Zahl der Infizierten zunächst noch sehr gering ist und dadurch nicht so viele Individuen andere Individuen infizieren können. Jedoch steigt die Zahl der Infizierten sehr schnell an, wodurch die Zahl der Gesunden abnimmt und das Virus sich nun, so wie in den Simulationen davor, ausbreiten kann. Auffallend ist, dass alle drei Testverfahren zu Beginn, bei geringer Anzahl infizierter Personen, eine Weile dasselbe Geschehen abbilden, bis sich die Zahl der Infizierten erhöht und die Pool-basierten Testverfahren bessere Ergebnisse liefern, wie auch schon in Abbildung 3.11 zu betrachten war.

Geringe Infektionsrate Senkt man nun die Infektionsrate auf 0,1% lässt sich in Abbildung 3.18 beobachten, dass sich das Infektionsgeschehen im Vergleich zu Abbildung 3.17 deutlich mehr verzögert. Die Zahl der Infizierten ist zu Beginn so gering, dass das Virus einige Zeit benötigt, um sich zu verbreiten. Dadurch bilden alle drei Testverfahren zunächst, im Vergleich zu Abbildung 3.17 noch etwas länger, ein identisches Infektionsgeschehen ab, bis sich das Virus vermehrt hat und die beiden Pool-basierten Testverfahren wieder besser abschneiden. Auch hier bilden beide Pool-basierten Testverfahren, bis auf einen minimalen Unterschied, dasselbe Infektionsgeschehen ab.

Man beobachtet also, dass sich das Modell auch für verschiedene Infektionsraten der Realität entsprechend verhält, denn sinkt die Infektionsrate dauert es natürlich länger bis sich das Virus verbreitet. Durch die hohe Basisreproduktionszahl erhöht sich die Zahl der Infizierten nach einiger Zeit und das Infektionsgeschehen passt sich dem aus Abbildung 3.11 an. Auf Grund der Tatsache, dass zu Beginn eher wenige Infizierte existieren, fallen die meisten Tests am Anfang natürlich negativ aus, wodurch kaum infizierte Personen gefunden werden und sich das Infektionsgeschehen für alle drei Testverfahren identisch verhält. Mit zunehmender Anzahl infizierter Personen und zunehmender Zeit werden die Infizierten jedoch bei den Pool-basierten Testverfahren schneller gefunden und in Quarantäne geschickt, wodurch sie keine Personen mehr infizieren können und sich das Infektionsgeschehen bei diesen Verfahren zufriedenstellender entwickelt.

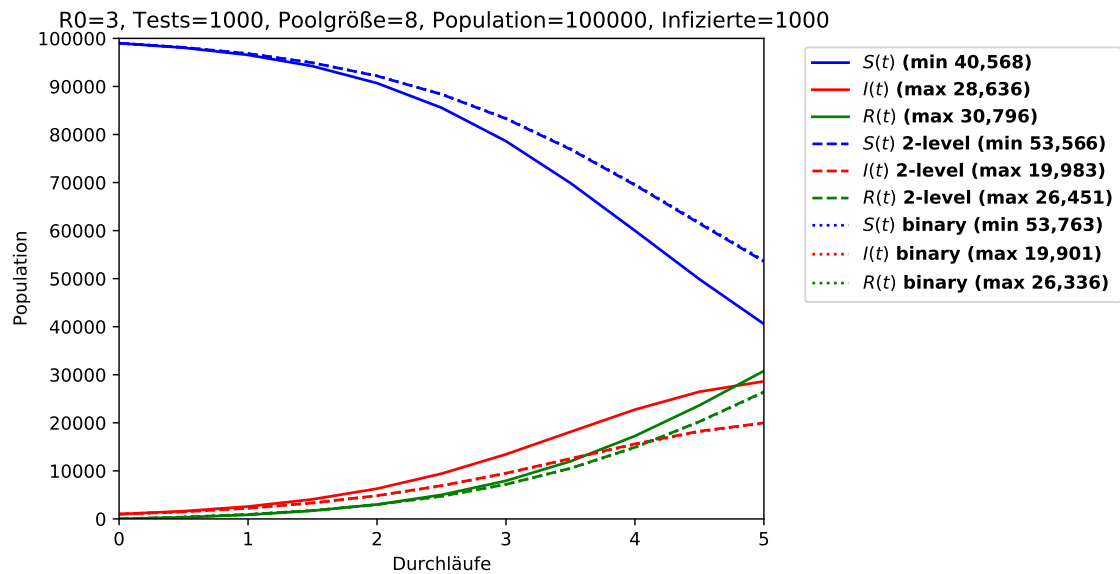


Abbildung 3.17: Simulation eines Infektionsgeschehens des SIR-Modells mit einer Infektionsrate von 1% bei einer Bevölkerungsgröße von 100.000, einer Testkapazität von 1000, einer Basisreproduktionszahl von 1,5 und einer maximalen Poolgröße von 8.

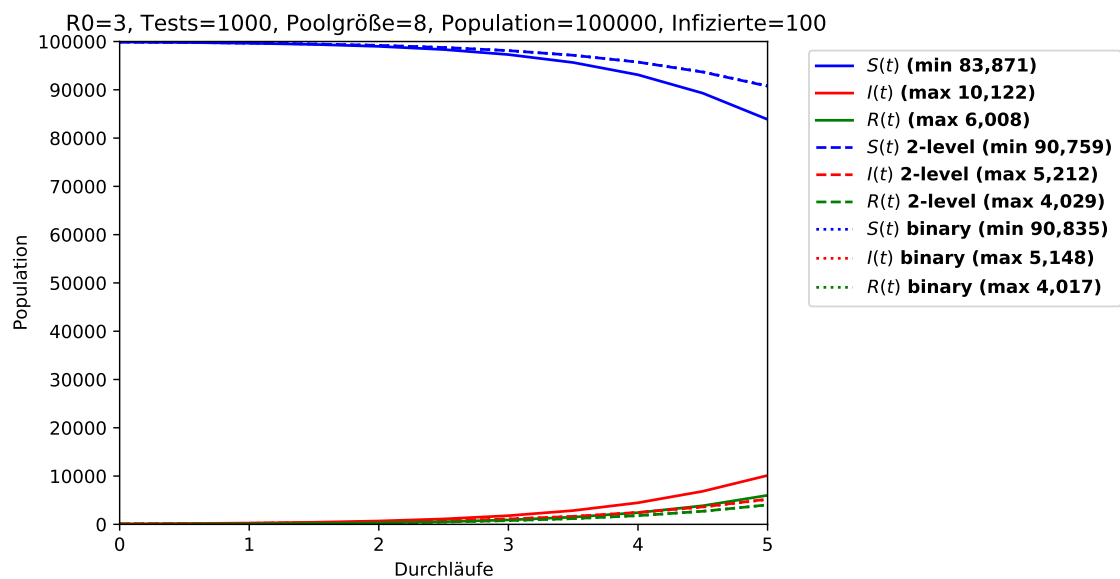


Abbildung 3.18: Simulation eines Infektionsgeschehens des SIR-Modells mit einer Infektionsrate von 0,1% bei einer Bevölkerungsgröße von 100.000, einer Testkapazität von 1000, einer Basisreproduktionszahl von 1,5 und einer maximalen Poolgröße von 8.

3.3 Simulationen mit dem SEIR-Modell

Dadurch, dass, außer bei den Extremszenarien, bisher nur das “SIR-Modell” betrachtet wurde, muss nun noch überprüft werden, ob das “SEIR-Modell” sich ebenfalls realistisch verhält. Beim “SEIR-Modell” stellt sich zunächst jedoch die Frage, ob die zu Beginn infizierten Personen der Gruppe “Exposed” oder der Gruppe “Infected” zugeordnet werden sollen. Für eine realistische Modellierung sind beides valide Möglichkeiten. In dieser Thesis befinden sich die infizierten Personen zu Beginn in der Gruppe der “Infected”. Diese Entscheidung wird darin begründet, dass im Falle von COVID-19, als die Personen noch infiziert aber nicht infektiös waren, also sich in der Gruppe “Exposed” befunden haben, noch keine Verbreitung des Virus stattgefunden hat. Die Personen hatten das Virus in sich, jedoch noch keine Symptome entwickelt und das Virus noch nicht verbreitet. Erst als sie infektiös wurden, Symptome entwickelt haben und die Verbreitung des Virus fortgeschritten ist, wurde gemerkt, dass Personen auf COVID-19 getestet werden sollten, um somit die Verbreitung eindämmen zu können. In [Pfl20] wurde die Simulation des “SEIR-Modells” durchgeführt, indem die infizierten Personen sich zunächst in “Exposed” befinden, dies hat ebenfalls funktioniert und führt, wie man sehen wird, zu ähnlichen Ergebnissen. Der einzige Unterschied liegt darin, dass die Verbreitung des Virus im Falle dieser Thesis schneller beginnt, als in [Pfl20], da die infizierten Personen direkt damit beginnen können sich gegenseitig zu infizieren, statt noch einige Zeit warten zu müssen, bis sie infektiös sind. Außerdem können alle Testverfahren infizierte Personen lediglich identifizieren, sobald sie infektiös sind, sich also in der Gruppe “Infected” befinden, deshalb werden die Tests der Personen aus der Gruppe “Exposed” ein negatives Ergebnis anzeigen. Aus diesem Grund werden in dem Modell dieser Thesis die Personen aus der Gruppe “Exposed” genauso behandelt. Dies bedeutet, dass in der Liste, die die Bevölkerung modelliert, für die Personen der Gruppe “Exposed” ebenfalls, wie für die Personen der Gruppen “Susceptible” und “Recovered”, eine 1 eingetragen wird und weiterhin nur für die Personen der Gruppe “Infected” eine 0.

Veränderung der maximalen Poolgröße Wie anhand von Abbildung 3.19, Abbildung 3.20, Abbildung 3.21 und Abbildung 3.22 zu sehen, verhält sich das “SEIR-Modell” beim Verändern der maximalen Poolgrößen sehr ähnlich zum “SIR-Modell”. Bei einer Testkapazität von 5000 und einer maximalen Poolgröße von zwei (Abbildung 3.19) ist zunächst auffällig, dass alle Testverfahren deutlich bessere Ergebnisse liefern als es beim “SIR-Modell” in Abbildung 3.9 der Fall war. Dies liegt daran, dass die Individuen, die infiziert werden zunächst in “Exposed” gelangen und niemanden infizieren können. Dadurch verbreitet sich das Virus langsamer und es gibt pro Zeiteinheit weniger Infizierte als beim “SIR-Modell”. Auch hier sorgen die beiden Pool-basierten Testverfahren, die durch die maximale Poolgröße von zwei erneut dasselbe Ergebnis liefern, für ein wünschenswerteres Infektionsgeschehen. Erhöht man bei gleichbleibender Testkapazität die maximale Poolgröße auf acht, lässt sich in Abbildung 3.20 bemerken, dass das Virus für die beiden Pool-basierten Testverfahren, wie in Abbildung 3.10, sehr schnell eingedämmt werden konnte, weshalb auch hier eine weitere Erhöhung der maximalen Poolgröße bei dieser Testkapazität keine interessanten Beobachtungen liefern würde. Erhöht man die maximale Poolgröße auf acht beziehungsweise auf 32 und senkt die Testkapazität auf 1000 lässt sich in Abbildung 3.21 beziehungsweise in Abbildung 3.22 erneut feststellen, dass alle drei Testverfahren bessere Ergebnisse liefern im Vergleich zum “SIR-Modell” in Abbildung 3.11 beziehungsweise in Abbildung 3.12 und, dass die

Pool-basierten Testverfahren weiterhin besser abschneiden. Ebenfalls lässt sich feststellen, dass bei einer Erhöhung der maximalen Poolgröße das Virus tatsächlich, analog zum “SIR-Modell”, besser eingedämmt werden kann.

Veränderung der Basisreproduktionszahl Legt man erneut eine maximale Poolgröße von acht mit einer Testkapazität von 1000 fest und betrachtet unterschiedliche Basisreproduktionszahlen, so lässt sich für $R_0 = 1,5$ in Abbildung 3.23 und $R_0 = 0,75$ in Abbildung 3.24 feststellen, dass die Zahl der Infizierten im Vergleich zu einem Infektionsgeschehen mit $R_0 = 3$ in Abbildung 3.21 deutlich zurückgegangen ist und so die Verbreitung des Virus, analog zum “SIR-Modell” in Abbildung 3.15 und in Abbildung 3.16, deutlich besser eingedämmt werden konnte. Auffallend ist außerdem, dass hier ebenfalls die Pool-basierten Testverfahren bei allen getesteten Basisreproduktionszahlen bessere Ergebnisse liefern. Man beobachtet also, dass beim “SEIR-Modell” ebenfalls aus einer sinkenden Basisreproduktionszahl ein zufriedenstellenderes Infektionsgeschehen resultiert, was realistisch ist.

Veränderung der Infektionsrate Bei fester Basisreproduktionszahl von $R_0 = 3$, fester Testkapazität von 1000 und einer festen minimalen Poolgröße von acht soll nun zuletzt überprüft werden, ob sich das “SEIR-Modell” auch für unterschiedliche Infektionsraten ähnlich wie das “SIR-Modell” und damit realitätsnah verhält. Senkt man die Infektionsrate von 10%, abgebildet in Abbildung 3.21, auf 1% (Abbildung 3.25) beziehungsweise auf 0,1% (Abbildung 3.26), so lässt sich ein ähnliches Verhalten wie bei der Simulation mit dem “SIR-Modell” aus Abbildung 3.17 beziehungsweise aus Abbildung 3.18 ablesen: Das gesamte Infektionsgeschehen verzögert sich. Jedoch tritt der Effekt stärker auf, da zusätzlich zu der Zeit, die eine kleinere Anzahl Infizierter benötigt, um das Virus zu verbreiten noch die Zeit, die Infizierte benötigen, um infektiös zu sein mitwirkt. Sehr stark lässt sich das in Abbildung 3.26 beobachten, wo die Verbreitung des Virus auf Grund beider Faktoren so viel Zeit in Anspruch nimmt, dass in dem Zeitraum der beobachtet wird noch gar kein wirkliches Infektionsgeschehen stattgefunden hat. Man stellt also fest, dass sich die Simulationen mit dem “SEIR-Modell” auch bei unterschiedlichen Infektionsraten realitätsnah verhalten.

Zusammenfassend lässt sich für die Simulationen mit dem “SEIR-Modell” also sagen, dass sie sich bei den beobachteten Szenarien so verhalten wie die Simulationen mit dem “SIR-Modell”, jedoch auf Grund der Eigenschaft der Gruppe “Exposed” mit einer gewissen Verzögerung beziehungsweise Einschränkung, wodurch sich das Virus nicht so schnell verbreiten kann.

3 Ergebnisse

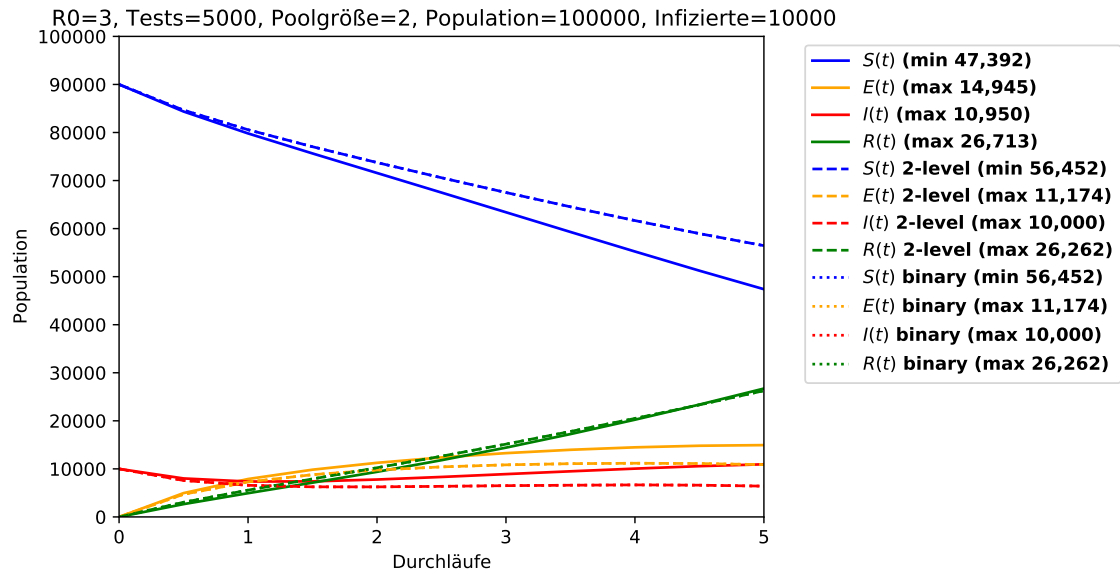


Abbildung 3.19: Simulation eines Infektionsgeschehens des SEIR-Modells mit einer maximalen Poolgröße von 2 und einer Testkapazität von 5000 bei einer Bevölkerungsgröße von 100.000, einer Basisreproduktionszahl von 3 und einer Infektionsrate von 10%.

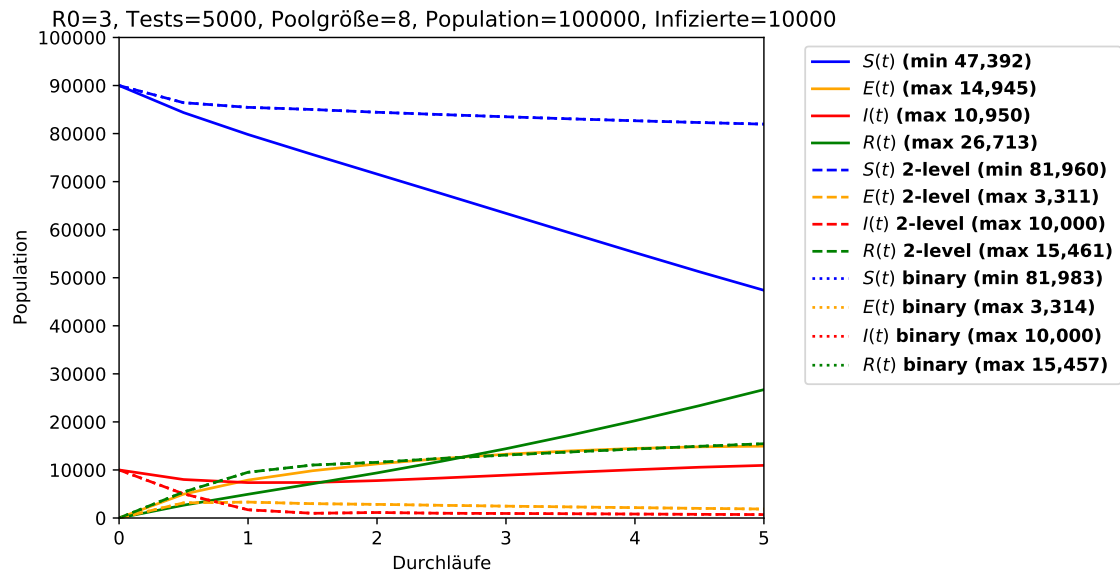


Abbildung 3.20: Simulation eines Infektionsgeschehens des SEIR-Modells mit einer maximalen Poolgröße von 8 und einer Testkapazität von 5000 bei einer Bevölkerungsgröße von 100.000, einer Basisreproduktionszahl von 3 und einer Infektionsrate von 10%.

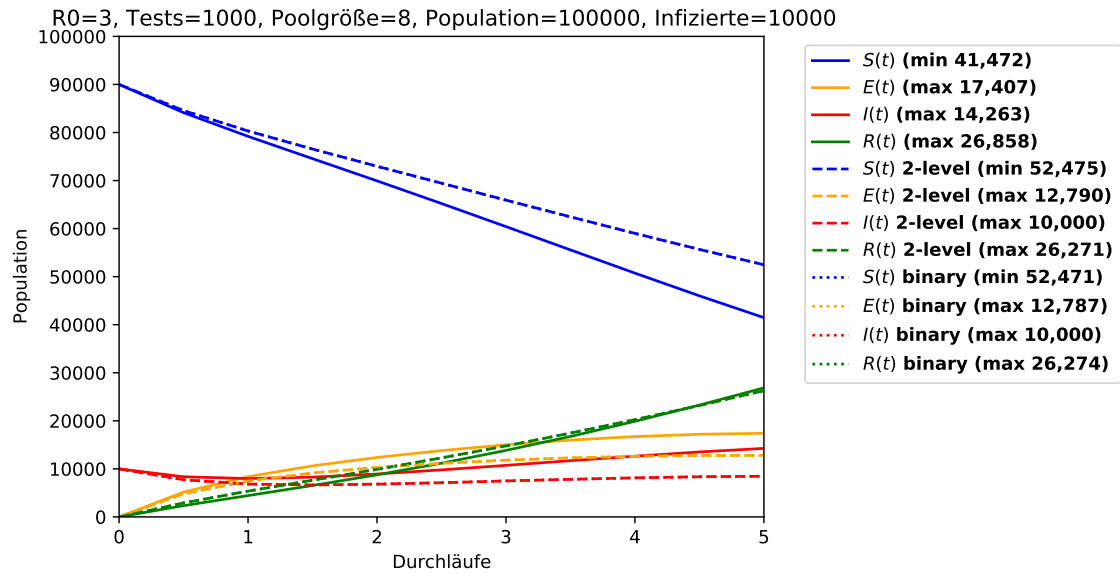


Abbildung 3.21: Simulation eines Infektionsgeschehens des SEIR-Modells mit einer maximalen Poolgröße von 8 und einer Testkapazität von 1000 bei einer Bevölkerungsgröße von 100.000, einer Basisreproduktionszahl von 3 und einer Infektionsrate von 10%.

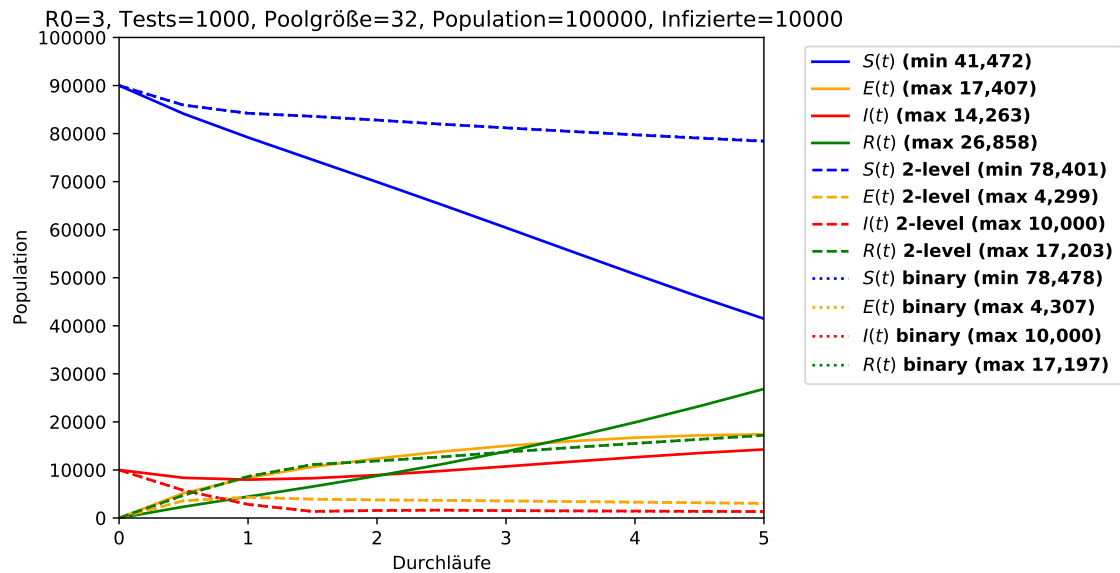


Abbildung 3.22: Simulation eines Infektionsgeschehens des SEIR-Modells mit einer maximalen Poolgröße von 32 und einer Testkapazität von 1000 bei einer Bevölkerungsgröße von 100.000, einer Basisreproduktionszahl von 3 und einer Infektionsrate von 10%.

3 Ergebnisse

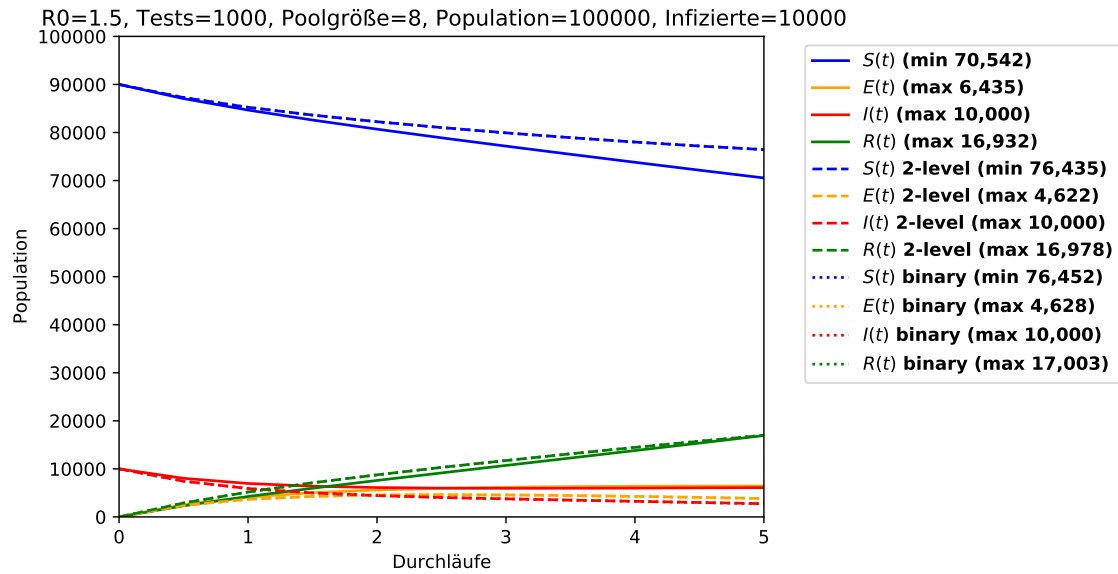


Abbildung 3.23: Simulation eines Infektionsgeschehens des SEIR-Modells mit einer Basisreproduktionszahl von 1,5 und einer maximalen Poolgröße von 8 bei einer Bevölkerungsgröße von 100.000, einer Testkapazität von 1000 und einer Infektionsrate von 10%.

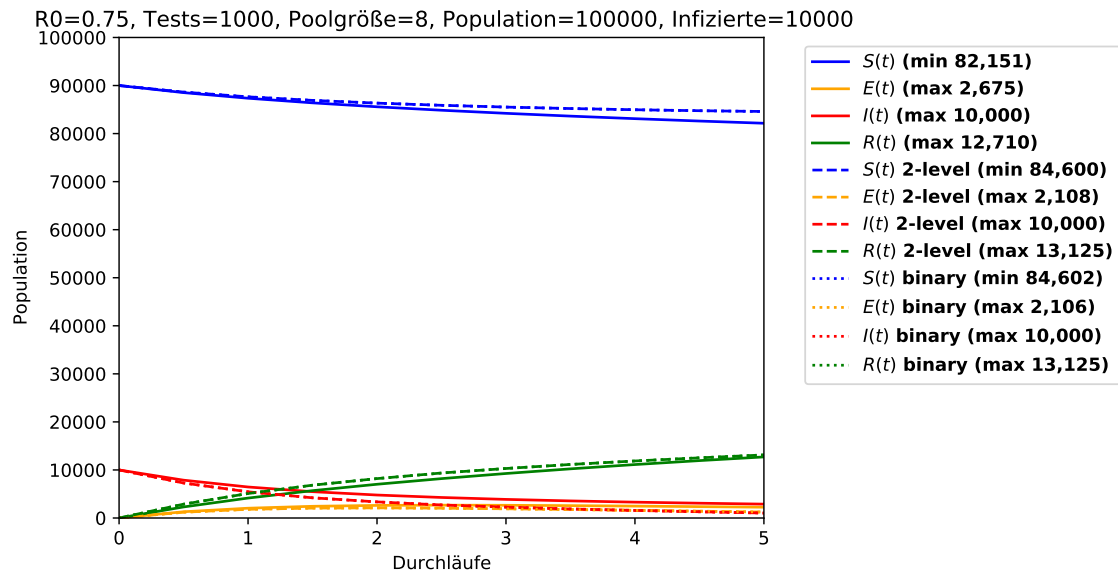


Abbildung 3.24: Simulation eines Infektionsgeschehens des SEIR-Modells mit einer Basisreproduktionszahl von 0,75 und einer maximalen Poolgröße von 8 bei einer Bevölkerungsgröße von 100.000, einer Testkapazität von 1000 und einer Infektionsrate von 10%.

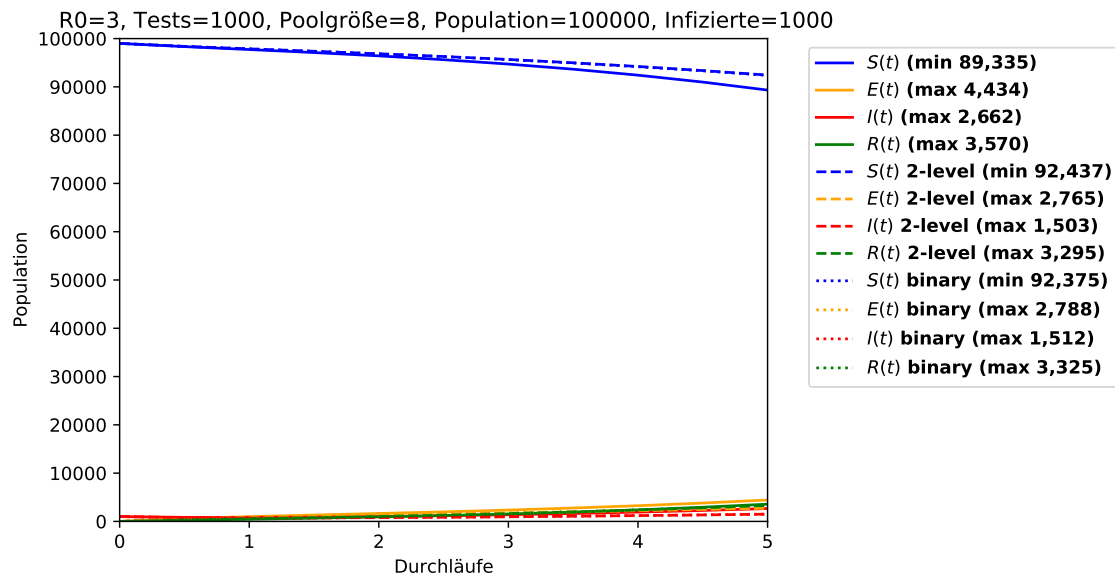


Abbildung 3.25: Simulation eines Infektionsgeschehens des SEIR-Modells mit einer Infektionsrate von 1% bei einer Bevölkerungsgröße von 100.000, einer Testkapazität von 1000, einer Basisreproduktionszahl von 3 und einer maximalen Poolgröße von 8.

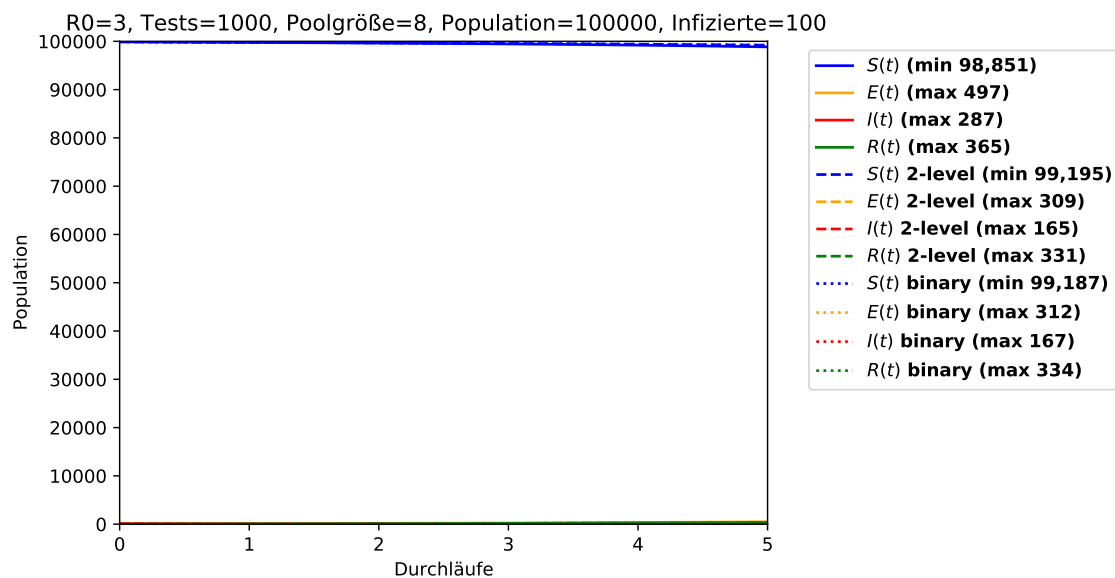


Abbildung 3.26: Simulation eines Infektionsgeschehens des SEIR-Modells mit einer Infektionsrate von 0,1% bei einer Bevölkerungsgröße von 100.000, einer Testkapazität von 1000, einer Basisreproduktionszahl von 3 und einer maximalen Poolgröße von 8.

3.4 Modellerweiterungen

Wie in Abschnitt 2.3 bereits vorgestellt, berechnet man die Zahl der Geimpften durch eine Impfwahrscheinlichkeit p , die angibt wie wahrscheinlich es ist, dass ein Individuum der Bevölkerung geimpft ist, multipliziert mit der Zahl der zu impfenden Personen. Meistens wird dafür, wie in [Ash20], die Zahl der aktuell infizierten Personen von der Bevölkerungszahl abgezogen, da davon ausgegangen wird, dass Personen, die sich infiziert haben eine permanente Immunität besitzen. Nun zeigten neuste Erkenntnisse der Wissenschaft [DMK+21], dass davon auszugehen ist, dass eine Immunität nach einer COVID-19-Infektion lediglich für circa fünf bis sechs Monate bestehen könnte. Dies rückt das Ganze in ein neues Licht, wodurch in dieser Modellierung die Zahl der infizierten Personen nicht abgezogen werden, denn wenn infizierte Personen einige Zeit nach ihrer Genesung erneut gefährdet sind sich zu infizieren, was in dieser Thesis ebenfalls modelliert werden soll, würde es keinen Sinn ergeben diese Personen nicht auch zu impfen.

Auswirkungen der Impfung Es soll nun betrachtet werden welche Auswirkungen Impfungen auf das Infektionsgeschehen haben können und ob das Modell dieser Thesis die Auswirkungen einer Impfung realitätsnah wiedergibt. Dafür wird das “SEIR-Modell” verwendet, weil es auf Grund der Gruppe der “Exposed”, die eine wichtige Eigenschaft von COVID-19 (Infizierte sind nicht direkt infektiös), modellieren, geeigneter für die Modellierung von COVID-19 ist. Es wird erneut eine feste Testkapazität von 1000, eine feste maximale Poolgröße von acht und eine Basisreproduktionszahl von $R_0 = 3$ festgelegt. Die Infektionsrate soll dabei für interessante Beobachtungen relativ hoch sein, weshalb sie auf 10% gesetzt wird. Wählt man zunächst einen geringen Wert für p , wie zum Beispiel $p = 0,015$, welcher der aktuelle (Stand: 12.02.2021) Wert für Deutschland ist [Rob21b] ($\frac{1.253.306 \text{ Geimpfte}}{83.190.556 \text{ Personen}}$), so kann man in Abbildung 3.27 beobachten, dass dieser natürlich kaum Einfluss hat. Das Infektionsgeschehen entwickelt sich identisch zu Abbildung 3.21, denn die Zahl der Geimpften ist so gering, dass sie nur ein sehr kleiner Teil der Bevölkerung ausmachen und sich ihr Vorhandensein somit kaum bemerkbar macht. Setzt man diesen Wert nun höher, zum Beispiel auf $p = 0,1$ so ist in Abbildung 3.28 bereits bemerkbar, dass die Kurve der “Exposed” und die Kurve der “Infected” abflacht. Dadurch, dass nun 10% der Bevölkerung geimpft sind, ist nun ein ziemlich großer Anteil der Bevölkerung immun gegen das Virus. Dies führt dazu, dass nun weniger potentiell zu infizierende Personen existieren und ist vergleichbar mit einer um 10% verkleinerten Bevölkerung. Erhöht man nun die Zahl der Geimpften drastisch auf $p = 0,5$ lässt sich in Abbildung 3.29 feststellen, dass die Zahl der Infizierten nun deutlich abgenommen hat, die Verbreitung des Virus jedoch immer noch nicht eingedämmt werden konnte. Eine Bevölkerung in welcher 50% der Personen geimpft ist, ist in diesem Szenario also ausreichend um die Verbreitung des Virus deutlich zu reduzieren, jedoch nicht um sie komplett einzudämmen. In Abbildung 3.30 ist ein Infektionsgeschehen mit einem Wert von $p = 0,7$ abgebildet, hier kann man sehen, dass die Zahl der Infizierten gegen null geht, wodurch das Virus also eingedämmt werden konnte. Es ist in diesem Szenario für eine Eindämmung des Virus also ausreichend, dass 70% der Bevölkerung geimpft wird, natürlich zählt hier jedoch, dass es noch besser wäre, wenn sich noch mehr Personen impfen würden, so ließe sich die Verbreitung des Virus noch schneller eindämmen. Das Modell verhält sich im Falle einer Impfung also ebenfalls korrekt, denn steigt die Zahl der geimpften Personen, sorgt dies für eine bessere Eindämmung der Verbreitung des Virus.

Auswirkungen der temporären Immunität Nun fehlt lediglich die Validierung ob die Modellierung der temporären Immunität ebenfalls realistisch ist. Dafür wird erneut das obige Szenario, sprich eine Testkapazität von 1000, eine Basisreproduktionszahl von 3, eine maximale Poolgröße von acht und eine Infektionsrate von 10% betrachtet. Geht man nun davon aus, dass die aktuellen Erkenntnisse [DMK+21] stimmen und die Immunität bereits nach circa fünf Monaten verschwunden sein könnte, was $\sigma = 0,006$, also $\sigma = \frac{1}{150}$ entsprechen würde, da fünf Monate circa 150 Tage sind, würde das Infektionsgeschehen, wie in Abbildung 3.31 abgebildet, aussehen. Man sieht, dass das im Vergleich zu Abbildung 3.21 kaum einen Unterschied macht. Die Mindestanzahl der “Susceptible” ist zwar bei allen Testverfahren minimal höher und die Höchstanzahl der “Recovered” bei allen Testverfahren minimal geringer, jedoch ist dies jeweils zu gering, um grafisch etwas beobachten zu können. Dies liegt daran, dass der Zeitraum der Simulation zu klein ist, um solche Auswirkungen betrachten zu können. Deshalb wird σ in Abbildung 3.32 für Anschauungszwecke auf 0,5 erhöht, was bedeuten würde, dass Personen bereits nach 2 Tagen ihre Immunität verlieren würden. Dies ist natürlich sehr unwahrscheinlich, jedoch lassen sich so interessante Beobachtungen machen. Zu sehen ist, dass die Zahl der “Recovered” deutlich zurückgegangen und die Zahl der “Susceptible” deutlich nach oben gegangen ist und sich dadurch ebenfalls die Zahl der “Exposed” und “Infected” erhöht hat. Dies lässt sich dadurch begründen, dass die Individuen mit Rate σ aus der Gruppe “Recovered” in die Gruppe “Susceptible” transferiert werden, weil Personen die genesen sind wieder infizierbar sein sollen. Deswegen existieren in der Bevölkerung zu jedem Zeitpunkt sehr wenig Personen, die Immunität besitzen, wodurch sich das Virus schneller verbreiten kann. Im Grunde entspricht dies genau dem gegenteiligen Effekt der Impfung, da Personen hier ihre Immunität verlieren. Man stellt also fest, dass sich das Modell auch bei der Modellierung der temporären Immunität richtig verhält.

3 Ergebnisse

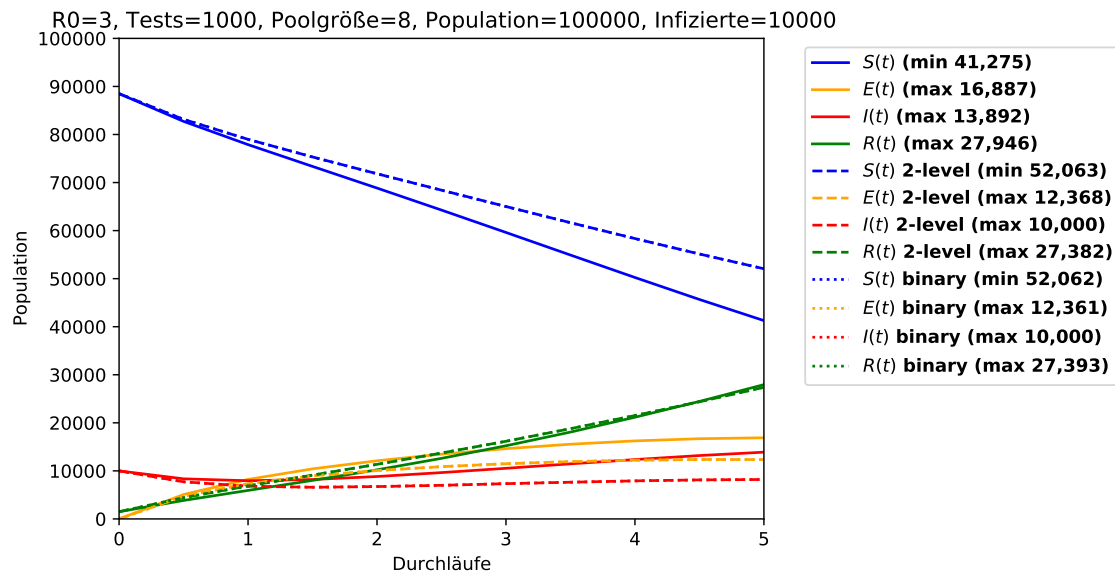


Abbildung 3.27: Simulation eines Infektionsgeschehens des SEIR-Modells mit der Annahme, dass 1,5% der Bevölkerung geimpft sind. Bei einer Bevölkerungsgröße von 100.000, einer Testkapazität von 1000, einer Basisreproduktionszahl von 3, einer maximalen Poolgröße von 8 und einer Infektionsrate von 10%.

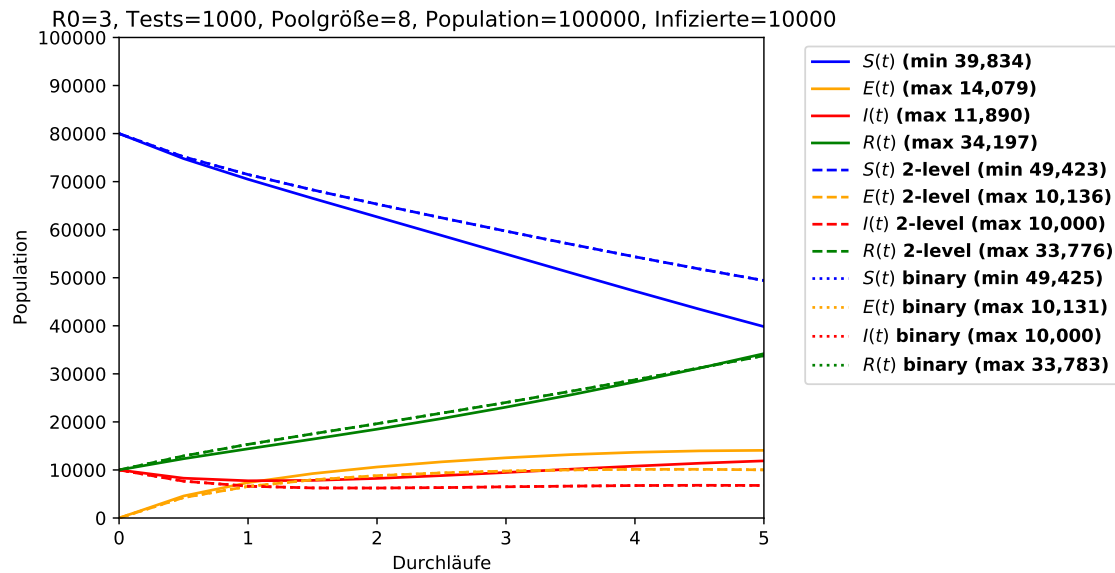


Abbildung 3.28: Simulation eines Infektionsgeschehens des SEIR-Modells mit der Annahme, dass 10% der Bevölkerung geimpft sind. Bei einer Bevölkerungsgröße von 100.000, einer Testkapazität von 1000, einer Basisreproduktionszahl von 3, einer maximalen Poolgröße von 8 und einer Infektionsrate von 10%.

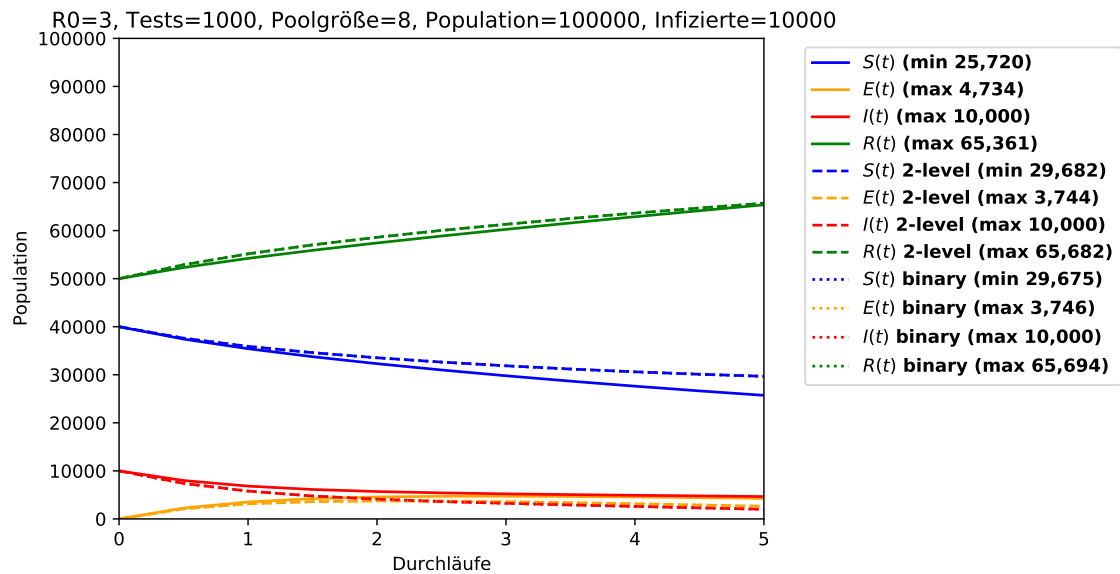


Abbildung 3.29: Simulation eines Infektionsgeschehens des SEIR-Modells mit der Annahme, dass 50% der Bevölkerung geimpft sind. Bei einer Bevölkerungsgröße von 100.000, einer Testkapazität von 1000, einer Basisreproduktionszahl von 3, einer maximalen Poolgröße von 8 und einer Infektionsrate von 10%.

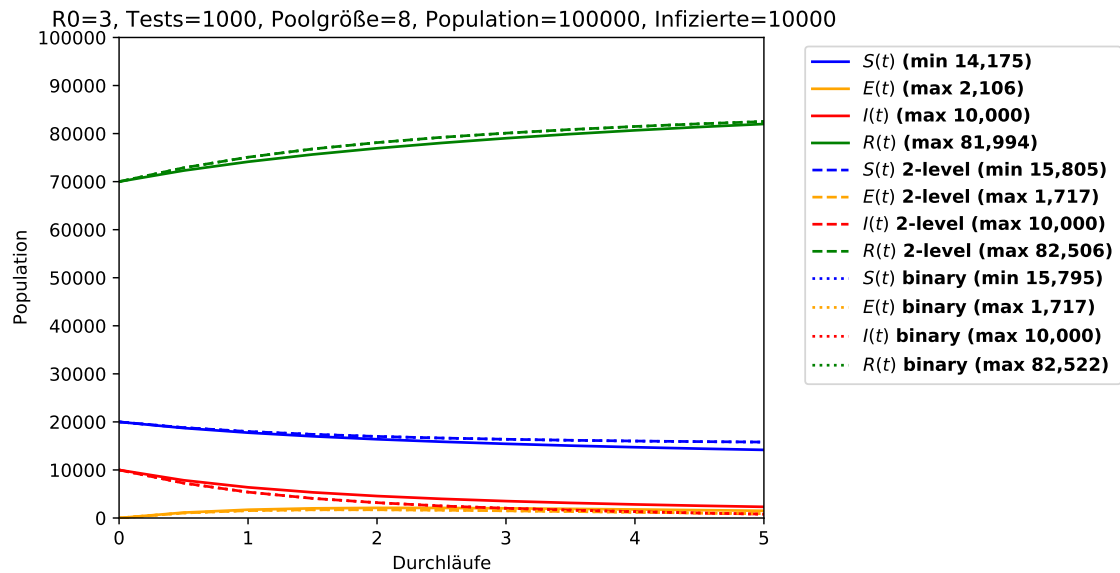


Abbildung 3.30: Simulation eines Infektionsgeschehens des SEIR-Modells mit der Annahme, dass 70% der Bevölkerung geimpft sind. Bei einer Bevölkerungsgröße von 100.000, einer Testkapazität von 1000, einer Basisreproduktionszahl von 3, einer maximalen Poolgröße von 8 und einer Infektionsrate von 10%.

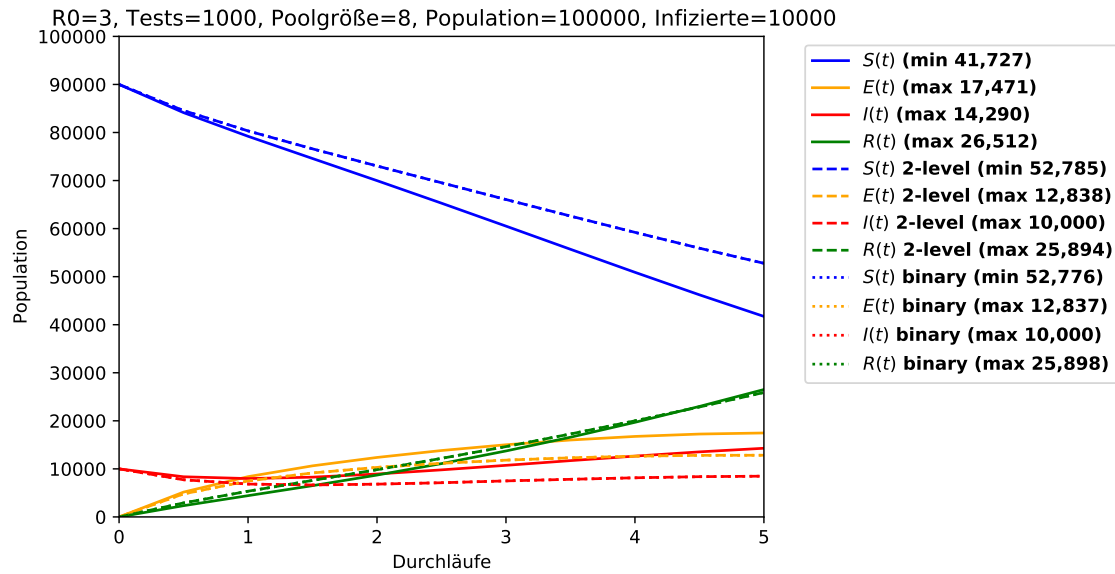


Abbildung 3.31: Simulation eines Infektionsgeschehens des SEIR-Modells mit der Annahme, dass genesene Personen ihre Immunität nach 5 Monaten verlieren. Bei einer Bevölkerungsgröße von 100.000, einer Testkapazität von 1000, einer Basisreproduktionszahl von 3, einer maximalen Poolgröße von 8 und einer Infektionsrate von 10%.

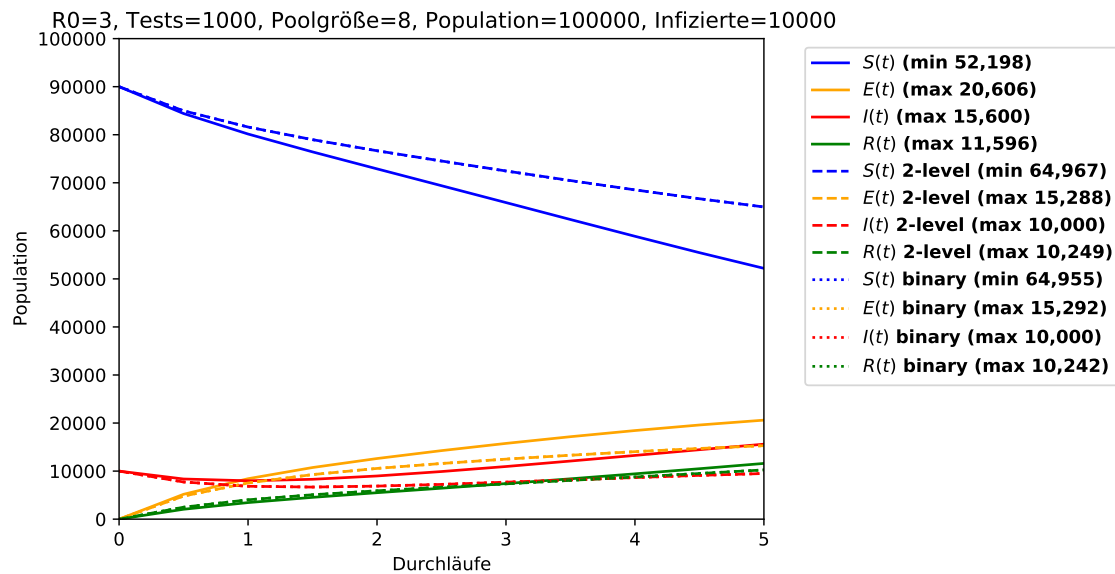


Abbildung 3.32: Simulation eines Infektionsgeschehens des SEIR-Modells mit der Annahme, dass genesene Personen ihre Immunität nach 2 Tagen verlieren. Bei einer Bevölkerungsgröße von 100.000, einer Testkapazität von 1000, einer Basisreproduktionszahl von 3, einer maximalen Poolgröße von 8 und einer Infektionsrate von 10%.

3.5 Diskussion

Das bereits vorhandene Modell aus [WPR+20] wurde also um ein dynamisches Infektionsgeschehen ergänzt, wodurch die Zahl der infizierten Personen nun nicht mehr konstant ist, sondern mit der Zeit variiert, je nach dem wie die Werte gewählt werden. Es wurden weitere Bevölkerungsgruppen hinzugefügt, wodurch sich Epidemien durch Viren wie COVID-19 besonders durch das “SEIR-Modell” realistischer modellieren lassen. Durch das Hinzufügen der Gruppen “Exposed” und “Recoverd” werden zusätzlich zwei wichtige Eigenschaften COVID-19s modelliert: Die verzögerte Infektiosität und das Genesen nach einer Infektion. Dieses Modell wurde durch Hinzunahme der Impfung und durch die Option einer temporären Immunität um die Möglichkeit eines noch realistischeren Infektionsgeschehens erweitert, da die Impfung immer mehr an Relevanz gewinnt und ein immer größer werdender Teil der Bevölkerung sich gegen COVID-19 impfen lässt und sollte sich der Verdacht einiger Forscher bezüglich der temporären Immunität bewahrheiten, sollte dies für ein möglichst realistisches Infektionsgeschehen ebenfalls berücksichtigt werden. Zusätzlich wurde durch das Hinzufügen der Zeitabhängigkeit der Testverfahren und durch das Beheben der möglichen Verfälschung der Proben dafür gesorgt, dass die Durchführung der Tests ebenfalls möglichst realistisch erfolgt. Es wurde veranschaulicht, dass sich das Infektionsgeschehen bei Änderung der Parameter realistisch verhält und daraus ein realistisches Ergebnis resultiert. Auf Grund der nachgewiesenen Repräsentierbarkeit bei einer Bevölkerungsgröße von 100.000 lassen sich nun Simulationen von realistischen Bevölkerungsgrößen erstellen und miteinander vergleichen. Das erklärte Ziel dieser Bachelorthesis einer Modellierung eines dynamischen und möglichst realistischen Infektionsgeschehens wurde also erreicht, wodurch nun vorhandene Forschungen, wie zum Beispiel [WPR+20] um dieses Infektionsgeschehen erweitert werden können. Auch für zukünftige Forschungen bezüglich weiterer möglicher Testverfahren oder für die Betrachtung der Auswirkungen der Tests für aktuelle oder noch entstehende COVID-19-Mutationen ist das Modell dieser Bachelorthesis geeignet. Außerdem wurde für die vorgestellten Szenarien gezeigt, dass zumindest drei der in [WPR+20] Pool-basierten Testverfahren selbst bei einem dynamischen Infektionsgeschehen effizienter funktionieren als das individuelle Testverfahren, was die in [WPR+20] bereits gezeigte These unterstützt. Es wurde ebenfalls gezeigt, dass die mit dem “SIR-Modell” gemachten Beobachtungen im Grunde auch für das “SEIR-Modell” gelten und umgekehrt, da das “SEIR-Modell” eine Erweiterung des “SIR-Modells” ist und sich die Infektionsgeschehen, bis auf eine durch die Gruppe der “Exposed” bedingte Verzögerung der Verbreitung, ähneln.

4 Zusammenfassung und Ausblick

Zunächst wurde benötigtes Vorwissen über das Testen im Allgemeinen, Pooltesting und (gewöhnliche) Differentialgleichungen vermittelt. Daraufhin wurden die drei Testverfahren, die für diese Bachelorthesis wichtig waren und mögliche Modelle für die Modellierung von Epidemien vorgestellt. Nach der Vorstellung der Modelle wurde herausgearbeitet, welche für die Zwecke dieser Bachelorthesis relevant waren, welche nicht und warum dies der Fall ist. Im Anschluss ging es dann um die Verknüpfung der Testverfahren mit den Modellen, dabei wurde vorgestellt, wie die Verknüpfung bewerkstelligt wurde und was dabei zu beachten galt. Schließlich ging es dann um den Kern dieser Bachelorthesis, es wurden mehrere Szenarien beschrieben und anhand dieser validiert, dass das Modell dieser Bachelorthesis ein realistisches dynamisches Infektionsgeschehen abbilden kann.

Ausblick

Es wurden in dieser Bachelorthesis zwar schon einige Modellerweiterungen vorgestellt und implementiert, jedoch existieren noch weitere Möglichkeiten das Modell der Bachelorthesis zu erweitern. Eine mögliche Erweiterung, die sich direkt an das bereits modellierte Impfen anschließt, wäre die Modellierung einer Impfungenauigkeit. Denn in dem Modell dieser Bachelorthesis sind Impfungen mit einer Erfolgsquote von 100% modelliert, jedoch ist dies in der Realität nicht der Fall. Dies könnte man erneut erweitern, indem man verschiedene Impfstoffe und ihre Effektivität modelliert, da diese von Impfstoff zu Impfstoff verschieden ist. Außerdem ist sich die Forschung aktuell noch im Unklaren, ob geimpfte Personen trotz ihrer Immunität weiterhin infektiös sind und damit andere infizieren könnten [McN20]. Sollte dies der Fall sein müsste man dieses Modell ebenfalls um diese Eigenschaft erweitern. Man könnte einzelne Bevölkerungsgruppen unterschiedlich modellieren und dabei beobachten wie sich das Virus innerhalb dieser Gruppen verbreitet. Ebenfalls ließen sich verschiedene Versionen und Mutationen von COVID-19 modellieren, da diese teilweise unterschiedlich schnell übertragbar sind, um so veranschaulichen zu können wie sich die einzelnen Mutationen verbreiten. Es wurden in dieser Thesis drei Testverfahren vorgestellt, wie jedoch in [WPR+20] zu sehen ist, existieren durchaus noch weitere Testverfahren, deren Betrachtung ebenfalls interessante Beobachtungen liefern können: Eine optimisierte Variante des “Binary-splitting”, das Matrix-basierte Pooltestverfahren “Purim” und “Sobel-R1”, welches auf der Annahme einer Binomialverteilung der Testergebnisse basiert.

Literaturverzeichnis

- [Ash20] N. Ashraf. *Extending the basic SIR Model in R*. <https://towardsdatascience.com/extending-the-basic-sir-model-b6b32b833d76>. Juli 2020 (zitiert auf S. 19, 20, 48).
- [BMM20] C. Bavishi, T. M. Maddox, F. H. Messerli. „Coronavirus disease 2019 (COVID-19) infection and renin angiotensin system blockers“. In: *JAMA cardiology* 5.7 (2020), S. 745–747 (zitiert auf S. 9).
- [Bun21] Bundeszentrale für gesundheitliche Aufklärung. *Tests auf eine Infektion mit dem Coronavirus SARS-CoV-2*. <https://www.infektionsschutz.de/coronavirus/basisinformationen/test-auf-sars-cov-2.html#c13339>. Feb. 2021 (zitiert auf S. 11).
- [Deu20] Deutsches Ärzteblatt. *Coronanothbetrieb über die Feiertage: Schnell ein Test vorm Fest?* <https://www.aerzteblatt.de/nachrichten/119424/Coronanothbetrieb-ueber-die-Feiertage-Schnell-ein-Test-vorm-Fest>. Dez. 2020 (zitiert auf S. 12).
- [Die21] Die Bundesregierung. *Die wichtigsten Fragen und Antworten zur Corona-Impfung*. <https://www.bundesregierung.de/breg-de/themen/coronavirus/coronavirus-impfung-faq-1788988>. Feb. 2021 (zitiert auf S. 9).
- [DMK+21] J. M. Dan, J. Mateus, Y. Kato, K. M. Hastie, E. D. Yu, C. E. Faliti, A. Grifoni, S. I. Ramirez, S. Haupt, A. Frazier et al. „Immunological memory to SARS-CoV-2 assessed for up to 8 months after infection“. In: *Science* (2021) (zitiert auf S. 19, 48, 49).
- [Dor43] R. Dorfman. „The detection of defective members of large populations“. In: *The Annals of Mathematical Statistics* 14.4 (1943), S. 436–440 (zitiert auf S. 10, 11, 13).
- [Duda] Duden. *Epidemie*. <https://www.duden.de/node/41032/revision/41061> (zitiert auf S. 9).
- [Dudb] Duden. *Pandemie*. <https://www.duden.de/node/107759/revision/107795> (zitiert auf S. 9).
- [Elf21] J. Elflein. *Number of novel coronavirus (COVID-19) deaths worldwide as of February 17, 2021, by country*. <https://www.statista.com/statistics/1093256/novel-coronavirus-2019ncov-deaths-worldwide-by-country/>. Feb. 2021 (zitiert auf S. 9).
- [För20] M. Förster. *Covid-19: Impfungen in den USA würden bei derzeitigem Tempo zehn Jahre dauern*. <https://www.rnd.de/gesundheit/covid-19-impfungen-in-den-usa-wurde-bei-derzeitigem-tempo-10-jahre-dauern-3IV5UMZE2RFZPIDJQEMBCHAJBM.html>. Dez. 2020 (zitiert auf S. 9).
- [Gon20] M. B. Gongalsky. „Early detection of superspreaders by mass group pool testing can mitigate COVID-19 pandemic“. In: *MedRxiv* (2020) (zitiert auf S. 15).

- [HDK+14] J. Horn, O. Damm, M. Kretzschmar, A. Karch, A. Siedler, B. Ultsch, F. Weidemann, W. Greiner, R. Mikolajczyk. „Mathematische Modellierung der Effekte des Varizellen-Impfprogramms in Deutschland“. In: (2014) (zitiert auf S. 19).
- [Hei21] C. Heinrich. *Das Sterben in Manaus sollte der Welt eine Warnung sein*. <https://www.spektrum.de/news/corona-pandemie-hatte-manaus-nicht-die-herdenimmunitaet-erreicht/1821164>. Jan. 2021 (zitiert auf S. 9).
- [HP05] A. Hindmarsh, L. Petzold. „LSODA, ordinary differential equation solver for stiff or non-stiff system“. In: (2005) (zitiert auf S. 12).
- [MBM+20] B. Mishra, B. Behera, M. Mohanty, A. Ravindra, J. Ranjan. „Challenges and issues of SARS-CoV-2 pool testing“. In: *The Lancet Infectious Diseases* 20.11 (2020), S. 1233 (zitiert auf S. 15).
- [McN20] A. McNamara. *Could people still be infectious after they’re vaccinated for COVID-19?* <https://www.cbsnews.com/news/covid-19-vaccine-infectious/>. Dez. 2020 (zitiert auf S. 55).
- [Pfl20] D. Pflüger. *Pandemie-Simulation, Modellbildung und Simulation, Sommersemester 2020*. Vorlesungsskript. Mai 2020 (zitiert auf S. 15–19, 42).
- [PZ17] D. Pflüger, S. Zimmer. *Numerische und Stochastische Grundlagen*. Vorlesungsskript. Okt. 2017 (zitiert auf S. 11, 12).
- [Rad21] R. Radtke. *Laborkapazität für Tests auf das Coronavirus (COVID-19) in Deutschland bis KW 6 2021*. <https://de.statista.com/statistik/daten/studie/1110951/umfrage/testkapazitaeten-fuer-das-coronavirus-covid-19-in-deutschland/>. Feb. 2021 (zitiert auf S. 10, 12, 25).
- [Rob21a] Robert Koch Institut. *COVID-19: Fallzahlen in Deutschland und weltweit*. https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Fallzahlen.html. Feb. 2021 (zitiert auf S. 39).
- [Rob21b] Robert Koch Institut. *Digitales Impfquotenmonitoring zur COVID-19-Impfung*. https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Daten/Impfquoten-Tab.html;jsessionId=907E57FE66A5E8C65FC3B118F2A0611E.internet121. Feb. 2021 (zitiert auf S. 48).
- [Sta21] Statistisches Bundesamt. *Bevölkerungsstand*. <https://www.destatis.de/DE/Themen/Gesellschaft-Umwelt/Bevoelkerung/Bevoelkerungsstand/Tabellen/zensus-geschlecht-staatsangehoerigkeit-2020.html>. Jan. 2021 (zitiert auf S. 12, 25, 39).
- [STE20] J. A. T. da Silva, P. Tsigaris, M. Erfanmanesh. „Publishing volumes in major databases related to Covid-19“. In: *Scientometrics* (2020), S. 1–12 (zitiert auf S. 9).
- [Thea] The SciPy community. *random.seed*. <https://numpy.org/doc/stable/reference/random/generated/numpy.random.seed.html> (zitiert auf S. 24).
- [Theb] The SciPy community. *scipy.integrate.odeint*. <https://docs.scipy.org/doc/scipy/reference/index.html> (zitiert auf S. 12).
- [Wei20] R. Weiner. *What is pool testing and how does it work?* https://www.washingtonpost.com/health/what-is-pool-testing-and-how-does-it-work/2020/06/26/33eee7ea-b7e4-11ea-a510-55bf26485c93_story.html. Juni 2020 (zitiert auf S. 11).

- [WPR+20] T. de Wolff, D. Pflüger, M. Rehme, J. Heuer, M.-I. Bittner. „Evaluation of pool-based testing approaches to enable population-wide screening for COVID-19“. In: *PloS one* 15.12 (2020), e0243692 (zitiert auf S. 3, 10, 12–15, 26–28, 53, 55).
- [YAT+20] I. Yelin, N. Aharony, E. S. Tamar, A. Argoetti, E. Messer, D. Berenbaum, E. Shafran, A. Kuzli, N. Gandali, O. Shkedi et al. „Evaluation of COVID-19 RT-qPCR test in multi sample pools“. In: *Clinical Infectious Diseases* 71.16 (2020), S. 2073–2078 (zitiert auf S. 33).

Alle URLs wurden zuletzt am 21. 02. 2021 geprüft.

Erklärung

Ich versichere, diese Arbeit selbstständig verfasst zu haben. Ich habe keine anderen als die angegebenen Quellen benutzt und alle wörtlich oder sinngemäß aus anderen Werken übernommene Aussagen als solche gekennzeichnet. Weder diese Arbeit noch wesentliche Teile daraus waren bisher Gegenstand eines anderen Prüfungsverfahrens. Ich habe diese Arbeit bisher weder teilweise noch vollständig veröffentlicht. Das elektronische Exemplar stimmt mit allen eingereichten Exemplaren überein.

Ort, Datum, Unterschrift