

Pandemien modellieren

1 Motivation

„Nach der Pandemie ist vor der Pandemie!“

In Anbetracht der vergangenen Jahre gibt es wahrscheinlich nur wenige Aussagen, die uns noch mehr verunsichern könnten. Die durch SARS-CoV-2 ausgelöste, weltweite Corona-Pandemie hat uns in den letzten Jahren so stark beeinflusst, eingeschränkt und Verhaltensweisen nachhaltig verändert wie kaum ein anderes Thema. Insbesondere die Epidemiologie, die sich mit derartigen Krankheiten und insbesondere deren Ursachen, Ausbreitung, beeinflussenden Faktoren sowie ihrer Bekämpfung auseinandersetzt, spielte eine zentrale Rolle bei der Ausgestaltung von Präventions- und Eindämmungsmaßnahmen. Doch ist es möglich, die Entwicklungen des zukünftigen Infektionsgeschehens mithilfe von Modellen vorherzusagen? Wie sehen aussagekräftige mathematische Modelle für solche Phänomene aus? Welches Vorhersage-Potential haben diese Modelle und welchen Beitrag leisten sie zur Analyse von Pandemieverläufen? Diese Fragen lassen sich im Rahmen eines fächerübergreifenden Unterrichtsprojekts unter Beteiligung der Fächer Biologie und Mathematik interdisziplinär untersuchen. Die multiperspektivische Betrachtung fördert neben den fachspezifischen Kompetenzen auch spezielle Gestaltungskompetenzen, die über das Themengebiet und die bearbeiteten Inhalte hinaus gehen, zur eigenen Urteilsbildung und dem eigenständigen Erschließen eines komplexen Themengebiets beitragen und so insbesondere eine Bildung für nachhaltige Entwicklung (BNE) vorantreiben (Grundmann 2017, S.2; PL RLP 2021, S.15, S.19, S.30; Fehnker 2010, S.90). Zur Unterstützung eines solchen Projektunterrichts werden in diesem Beitrag mathematische Grundlagen naturwissenschaftlich-mathematischer Modelle zur Vorhersage von Epidemien zusammengestellt.

2 Mathematisch-Naturwissenschaftliches Modellieren

Der Einfluss von Modellen auf unseren Lebensalltag war während der Pandemie besonders greifbar. Sie trugen zum Verständnis komplexer Sachverhalte bei und ermöglichten Abschätzungen zum weiteren Verlauf des Infektionsgeschehens. Auf dieser Grundlage wurden von der Politik Maßnahmenpakete zur Eindämmung der Pandemie beschlossen, die alle Menschen direkt und sehr persönlich betrafen. Was aber macht ein solches Modell aus?

Bei mathematisch-naturwissenschaftlichen Modellierungen wird ein reales Phänomen durch die Wahl verschiedenster Modellierungsannahmen in ein mathematisches Modell transferiert, mit dem man arbeiten kann. Dieses Modell wird im Anschluss in mehreren Zyklen sukzessive und systematisch optimiert, um immer bessere Vorhersagen treffen zu können. Zur Visualisierung der Transfervorgänge werden diese oft in Modellierungskreisläufen schematisch festgehalten. Während rein mathematische Modellierungskreisläufe sich in der Regel als Wechselspiel zwischen Realität und Mathematik verstehen, schaltet das integrierte

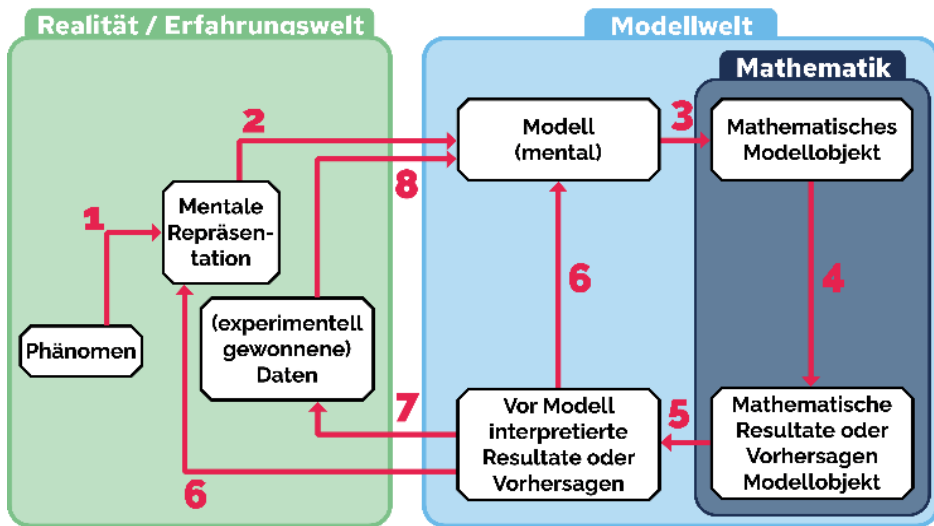


Abb. 1: Naturwissenschaftlich-mathematischer Modellierungskreislauf (eigene Darstellung, vereinfacht nach Meister & Upmeyer zu Belzen 2018). Dargestellt sind die Schritte: 1 Wahrnehmung des Phänomens, 2 Aktivierung von Erfahrungen, 3 Mathematisieren, 4 mathematische Kompetenzen nutzen, 5 Interpretieren, 6 Validieren, 7 naturwissenschaftliche Untersuchung durchführen, 8 Modell ändern oder beibehalten

Modell naturwissenschaftlich-mathematischer Modellierung (vereinfacht nach Meister & Upmeyer zu Belzen 2018) eine Modellebene dazwischen. Es unterscheidet zwischen mathematischen und naturwissenschaftlichen Betrachtungen und eignet sich für den Einsatz in fächerübergreifenden Disziplinen wie der Epidemiologie.

Die Modellierung startet mit der *Wahrnehmung* eines realen Phänomens – hier der durch SARS-CoV-2 ausgelösten Pandemie und der Motivation, das Infektionsgeschehen vorhersagen zu können. Das *mentale Modell*, welches aus biologischen Grundlagen hervorgeht (bspw. molekularer Aufbau - & Infektionsverhalten von SARS-CoV-2), mündet durch *Mathematisierungen* in einem *mathematischen Modell*, welches durch Modellierungsannahmen definiert wird. Das Modell lässt sich mithilfe *mathematischer Kompetenzen* analysieren, die gewonnenen Ergebnisse *interpretieren* und zu *Resultaten oder Vorhersagen außerhalb der Mathematik* übersetzen. Innerhalb des „kleinen Kreislaufs“ der Modellwelt (vgl. Abbildung 1) erfolgt eine Optimierung dieses grundlegenden Modells bis zu einem bestimmten Exaktheitsgrad ggf. in mehreren Schleifen. Die mathematischen Hintergründe, Herleitungen und Interpretationen spielen dabei eine wichtige Rolle. Abschließend werden weitere denkbare Verbesserungen aufgegriffen, die zu einer adäquateren Abbildung der Realität – jedoch auch zu einem komplexeren Modell – führen würden. Gleichzeitig berücksichtigt der Kreislauf auch die *Planung und Durchführung einer naturwissenschaftlichen Untersuchung* auf Basis der interpretierten Resultate, wobei die dabei *experimentell gewonnenen Daten* als Ausgangspunkt zur Verbesserung dienen.

3 Anregungen zum fachlichen biologischen Hintergrund

Naturwissenschaftlich-mathematische Modellierungen beginnen mit der Wahrnehmung des Phänomens und einer darauf aufbauenden Ausgestaltung eines mentalen Modells. Im Falle von SARS-CoV-2 sind insbesondere Teile des biologischen Hintergrunds und daraus ableitbare Modellierungsannahmen interessant. Leitend können hier folgende Fragen sein:

- Wie wird SARS-CoV-2 übertragen?
- Wie effektiv sind diese Übertragungsmechanismen?
- Warum sind sie so effektiv? Welche biologischen Eigenschaften spielen eine Rolle?
- Wie hoch muss eine Impf-/Genesungsquote mindestens sein, damit von Herdenimmunität gesprochen werden kann? Ist diese Quote durch den Einsatz von Impfstoffen realisierbar?

Im Rahmen des Projektunterrichts bietet es sich an, diese Aspekte zunächst aus der Sicht des Faches Biologie genauer zu beleuchten. Zum einen kann SARS-CoV-2 den Aufhänger darstellen, um Viren allgemein, deren taxonomische Einordnung, die Entstehung von Zoonosen, den charakteristischen Replikationsmechanismus von SARS-CoV-2, die dabei beteiligten Proteine oder auch die Bekämpfung von Viren mit Hilfe von Impfstoffen zu betrachten. Zum anderen werden die getroffenen mathematischen Modellierungsannahmen dadurch untermauert. Eine Zusammenstellung biologischer Grundlagen findet sich unter https://mathe-labor.de/wp-content/uploads/stationen/corona_2022_zusatz_biologie.pdf.

4 Modellierungen in der Epidemiologie

Charakteristisch für Modellierungen in der Epidemiologie ist der Aufbau aussagekräftiger Modelle. Sie entstehen im interdisziplinären Austausch zwischen verschiedenen wissenschaftlichen Fachgebieten. So sind beispielsweise mikrobiologische Erkenntnisse und das Wissen um verschiedene epidemiologische Zustände als Modellierungsannahmen Grundlagen für mathematische Betrachtungen und den Aufbau mathematischer Modelle.

4.1 Grundlegende Modellierungsannahmen

Zur mathematischen Beschreibung von Infektionskrankheiten werden oft dynamische Modelle verwendet. Sie unterteilen die Anzahl N der Personen der Gesamtbevölkerung nach ihrem Gesundheitszustand (oft als epidemiologische Zustände bezeichnet) in Gruppen. Jede Person gehört zu jedem Zeitpunkt genau einer dieser Gruppen an, sodass sich zeitabhängige Funktionen ergeben. Nachfolgend werden die Gruppen *Susceptible* (Infizierbare) (S), *Infected* (Infizierte) (I) und *Removed* (Genesene und Verstorbene, im Folgenden kurz „Genesene“) (R) in Abgrenzung zueinander beschrieben:

$S(t)$: Anzahl der zum Zeitpunkt t noch potenziell für die Krankheit empfänglichen (infizierbaren) Individuen in der Gesamtbevölkerung (*Infizierbare*).

$I(t)$: Anzahl der zum Zeitpunkt t infizierten / ansteckenden Individuen in der Gesamtbevölkerung (*Infizierte*).

$R(t)$: Anzahl der zum Zeitpunkt t genesenen bzw. verstorbenen Individuen in der Gesamtbevölkerung – diejenigen Personen, die keine Auswirkungen mehr auf das Infektionsgeschehen haben (*Genesene*).

Die Summe der Anzahlen der Individuen in den Gruppen entspricht zu jedem Zeitpunkt t der Anzahl N aller Personen der Gesamtbevölkerung:

$$S(t) + I(t) + R(t) = N \quad (1)$$

Modelle, die diese Gruppen beinhalten, werden aufgrund der oben gewählten Bezeichnungen oft als sogenannte SIR-Modelle bezeichnet (Murray, 2002, S. 319–320).

Wechselwirkungen und Interaktionen zwischen den Gruppen werden bei mathematischen Modellierungen oft durch gewöhnliche Differentialgleichungen (DGL) bzw. Systeme voneinander abhängiger Differentialgleichungen definiert. Dabei handelt es sich um Gleichungen, in denen sowohl eine Funktion $y(t)$, als auch ihre Ableitungen $y'(t)$, $y''(t)$ vorkommen und die in der Lage sind, die momentane Änderung einer Größe $y(t)$ zu beschreiben (Hütt 2001, 33–31; Vogt 1994, S. 165). Diskret gedacht, werden aus *momentanen* Änderungen dann „Änderungen in einer bestimmten Zeiteinheit“, diese sind leichter vorzustellen. Ein System gekoppelter Differentialgleichungen liegt vor, wenn Differentialgleichungen in Kombination miteinander vorkommen, voneinander abhängig sind und sich gegenseitig beeinflussen.

Der Prozess $S \rightarrow I \rightarrow R$ und die Wechsel zwischen den einzelnen Gruppen werden in Form eines Flussdiagramms (vgl. Abbildung 2) festgehalten. Die Wechsel finden nicht willkürlich statt: Der Wechsel von S nach I wird als *Infektion* und der Wechsel von I nach R als *Genesung* bezeichnet. Neben den noch im System befindlichen Personen



Abb. 2: Schematische Darstellung des SIR-Modells als Flussdiagramm

sind insbesondere spezifische (als konstant angenommene) Übergangsraten – fortan als Infektions- und Genesungsrate bezeichnet – für die Wechsel ausschlaggebend:

Infektionsrate k : Sie gibt die Anzahl effektiver Kontakte eines Individuums an. Also solchen, bei denen es zu einer Infektion kommt, wenn der Kontakt zwischen Individuen aus der Gruppe der Infizierbaren (S) und der Gruppe der Infizierten (I) stattfindet. Sie berechnet sich demnach aus den durchschnittlichen Kontakten einer Person (κ), und der Wahrscheinlichkeit einer Infektion bei solchen Kontakten (ρ). Mathematisch formuliert entspricht dies dem Produkt $k = \kappa \cdot \rho$.

Genesungsrate w : Sie gibt den Anteil der Individuen aus der Gruppe der Infizierten (I) an, der in die Gruppe der Genesenen (R) wechselt und wird als Kehrwert der Infektionsdauer definiert.

Es gilt $k, w \in \mathbb{R}_0^+$, mit $k(t) > 0, w(t) > 0$ für $t \geq 0$. Insbesondere die Infektionsrate muss im Laufe einer Pandemie, beispielsweise durch geänderte (Eindämmungs-) Maßnahmen angepasst werden (Wolff, 2020; Jones 2007)). Unter Berücksichtigung der Wechsel zwischen den Gruppen und in Erweiterung zu Gleichung (1) ergibt sich, dass alle Personen, die eine Gruppe „verlassen“ einer anderen Gruppe hinzugefügt werden müssen. Die Summe aller Änderungen zwischen den Gruppen ist also Null, weil sich die Anzahl der Personen in der Gesamtbevölkerung in diesem Modell nicht ändert. Dies lässt sich mathematisch wie folgt formulieren:

$$\Delta S(t) + \Delta I(t) + \Delta R(t) = 0 \quad (2)$$

4.2 Zusätzliche Modellierungsannahmen

Zusätzlich müssen noch einige weitere wichtige Prämissen geklärt werden, die insbesondere der Komplexitätsreduktion und einer Minimierung des Rechenaufwands dienen. (1) Jede Person besitzt im Rahmen der Modellierung das gleiche Infektionsrisiko und weist die gleichen Charakteristika gegenüber der Krankheit auf, weshalb Infektions- und Genesungsrate für die Bevölkerung als einheitlich angenommen werden können. Diese Bevölkerungsstruktur bezeichnet man auch als *homogen*. Gleichzeitig wird von einer *abgeschlossenen*, isolierten Population ausgegangen, die demographische Faktoren (Geburten, Migrationen etc.) außer Acht lässt. Da SIR-Modelle meist nur über kurze Zeiträume betrachtet werden – infolge sich verändernder Datenlagen, dem Auftreten neuer Mutationen und angepasster Maßnahmen –, sind beide Annahmen plausibel (Heidrich, 2021, S. 133). (2) Personen können nach durchgestandener Infektion im Modell nicht mehr infiziert werden, d.h. sie verbleiben in der Gruppe **R** der Genesenen. Auch diese Annahme ist für die Betrachtung kurzer Zeiträume realistisch (Murray, 2002, S. 319–320). (3) Personen sind unmittelbar nach ihrer Infektion ansteckend und sind beim Wechsel von **I** nach **R** sofort immun gegenüber der Krankheit. Zusätzliche Gruppen (z. B. latent infizierte Personen) werden zur Minimierung des Rechenaufwandes außer Acht gelassen. (4) Der Ausgangspunkt der Infektionsausbreitung wird von der Wahl der Anfangsbedingungen beeinflusst. Es ist notwendig, dass sich mindestens eine infizierte Person im System befindet, da sonst keine Infektionen und erst recht keine Epidemie ausgelöst wird. Zum Startpunkt der Betrachtungen $t_0 = 0$ gilt für die einzelnen Gruppen (Wolff, 2020, 2ff):

$$S(t_0) = S_0 \text{ mit } 0 < S_0$$

$$I(t_0) = I_0 \text{ mit } 0 < I_0$$

$$R(t_0) = R_0 \text{ mit } 0 \leq R_0 \text{ im Regelfall gilt } R_0 = 0$$

4.3 Basisreproduktionszahl und R-Wert

Zur Charakterisierung der Ausbreitungsgeschwindigkeit wird die Basisreproduktionszahl r_0 verwendet. Sie gibt Auskunft über die mittlere Anzahl an Sekundärfällen, die eine infizierte Person (während sie ansteckend ist) in einer nichtimmunen Bevölkerung auslöst. Jones (2007) beschreibt ihre Abhängigkeiten folgendermaßen:

$$r_0 \sim \left(\frac{\text{Infektion}}{\text{Kontakt}} \right) \cdot \left(\frac{\text{Kontakte}}{\text{Zeit}} \right) \cdot \left(\frac{\text{Zeit}}{\text{Infektion}} \right) \quad (3)$$

Dementsprechend ist sie abhängig von der Wahrscheinlichkeit einer Infektion bei Kontakten zwischen Personen aus Gruppe **S** und **I**, dem durchschnittlichen Kontakt zwischen diesen Personen und der Dauer einer Infektion. Eine formale Definition der Basisreproduktionszahl r_0 , die sich im Verlauf der Pandemie nicht ändert, folgt später. Um auch während des Infektionsgeschehens Auskunft darüber geben zu können, wie viele Menschen von einer infizierten Person im Durchschnitt angesteckt werden, wird der r -Wert (auch Nettoerproduktionszahl) verwendet. Ohne Maßnahmen gilt:

$$r = r_0 \cdot \frac{S(t)}{N} \quad (4)$$

mit $\frac{S(t)}{N}$ = Anteil der Infizierbaren in der Gesamtbevölkerung zum Zeitpunkt t

Ist $r < 1$ gehen die Fallzahlen zurück, weshalb Eindämmungsmaßnahmen das Ziel verfolgen, den Wert unter 1 zu senken und so das Infektionsgeschehen zu kontrollieren.

5 Herleitung des SIR-Modells

Durch Optimierungen in mehreren Schritten innerhalb des „kleinen Kreislaufs“ der Modellwelt der naturwissenschaftlich-mathematischen Modellierung (vgl. Abbildung 1) wird nun schrittweise das **SIR**-Modell hergeleitet.

5.1 Infektionsausbreitung bei unbeschränkter Gesamtbevölkerung – Exponentielles Wachstum

Im ersten Schritt wird dazu das exponentielle Wachstum betrachtet. Die Gruppe **R** der Genesenen wird zunächst außer Acht gelassen – es handelt sich lediglich um ein **SI**-Modell. Zur Beschreibung der Infizierten zum nächsten Zeitpunkt $t + \Delta t$ wird, ausgehend von einem Startwert I_0 , folgende rekursive Darstellung verwendet:

$$I(t + \Delta t) = I(t) + k \cdot I(t) \cdot \Delta t \quad (5)$$

Der Wert der Infizierten im Zeitpunkt $t + \Delta t$ ergibt sich aus der Summe der Infizierten zum Zeitpunkt t und einem prozentualen Zuwachs. Letzterer berechnet sich aus der Infektionsrate k und der Schrittweite Δt , die den prozentualen Zuwachs auf einen Zeitschritt Δt bezieht. Je kleiner Δt , desto genauer wird die Lösung, d. h. desto mehr nähert sich diese Lösung der „exakten“ Lösung an. Tatsächlich wäre das Resultat nach Umformungen und einem Grenzübergang $\Delta t \rightarrow 0$ eine Differentialgleichung, deren Lösung die e-Funktion wäre. Infolgedessen handelt es sich bei der kumulierten Anzahl effektiver Kontakte der Gruppe **I** um exponentielles Wachstum, welches die Infektionsausbreitung im Rahmen einer Pandemie jedoch nur für einen sehr kurzen Zeitraum sinnvoll abbildet. Dies kann gut anhand eines Zeitdiagramms wie in Abbildung 3 nachvollzogen werden. Hier zeigt sich: Je höher die Infektionsrate (und damit auch Basisreproduktionszahl) ist, desto stärker ist der Anstieg der Infizierten. Für realistischere Pandemieverläufe müssen demnach mehr der zuvor genannten Annahmen berücksichtigt werden (nach Ableitinger, 2010, S. 74; Vogt, 1994, S. 166, S. 171–172).

Für den Schulunterricht und die Modellierung im Rahmen von Corona ist die Darstellung (5) in Form einer Differenzengleichung vollkommen ausreichend, da Infektionszahlen immer in entsprechenden zeitlichen Abständen angegeben werden. Solche Differenzengleichungen lassen sich zudem problemlos per Tabellenkalkulation implementieren, numerisch lösen und grafisch darstellen.

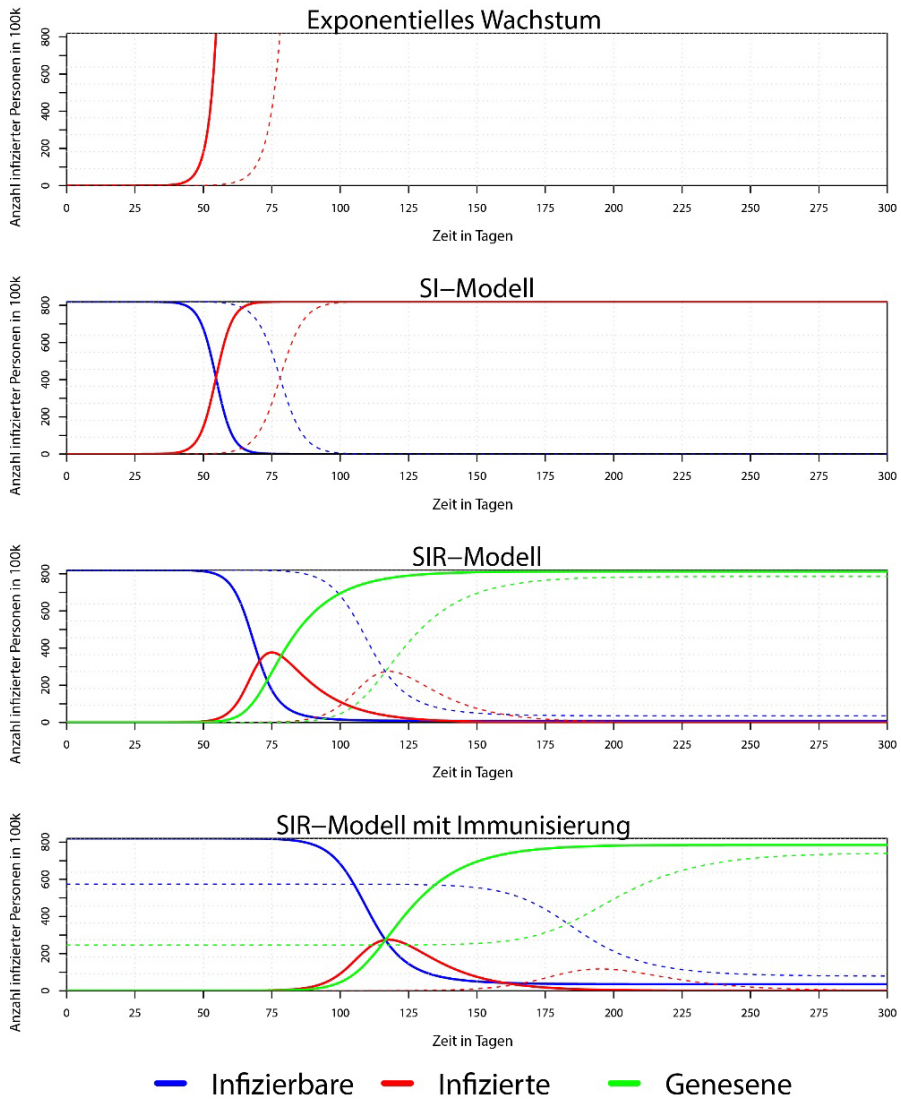


Abb. 3: Darstellung der Modelle in Form von Zeitdiagrammen

(Es werden jeweils zwei exemplarische Lösungen dargestellt, eine mit durchgezogenen (—) und eine mit gestrichelten (---) Linien.) Dabei gelten folgende Parameter: $N = 82\,000\,000$, $I_0 = 1000$, $k = 0.33$, $k_{\text{eff}} = 0.231$, $w = 0.07$ im SIR-Modell mit Immunisierung gilt in beiden Fällen $k = 0.231$, jedoch $R_0 = 24\,600\,000$ ($\hat{=} 30\%$)

5.2 Infektionsausbreitung bei beschränkter Gesamtbevölkerung – Beschränktes logistisches Wachstum

Auch in diesem Modell wird die Gruppe der **R** der Genesenen noch außer Acht gelassen. Stattdessen wird das exponentielle Wachstum bei beschränkter Gesamtbevölkerung N untersucht. In Analogie zur Erhaltungsgleichung (1) gilt hier:

$$N = S(t) + I(t) = \text{const} \quad (6)$$

Anders als zuvor ist die Anzahl der Neuinfektionen nun proportional zum Produkt der Anzahl der Infizierten $I(t)$ und dem Anteil $\frac{S(t)}{N}$ der Infizierbaren an der Gesamtpopulation. Es kann nicht mehr davon ausgegangen werden, dass jede Person gemäß der Infektionsrate ansteckt, da es vorkommen kann, dass Kontaktpersonen ab einem bestimmten Zeitpunkt bereits infiziert sind und nicht erneut infiziert werden können. Dieser Überlegung, dass lediglich ein Anteil der kumulierten Kontakte der Infizierten innerhalb eines Zeitschrittes auf die Kontakte mit der Gruppe der Infizierbaren (**S**) zurückgeführt werden kann, wird durch $\frac{S(t)}{N}$ Rechnung getragen. Gleichung (5) lässt sich somit folgendermaßen anpassen:

$$I(t + \Delta t) = I(t) + k \cdot I(t) \cdot \frac{S(t)}{N} \cdot \Delta t \quad (7)$$

Unter Berücksichtigung der angepassten Erhaltungsgleichungen (2) ergibt sich daraus das folgende System von Differenzengleichungen:

$$\begin{aligned} S(t + \Delta t) &= S(t) - k \cdot I(t) \cdot \frac{S(t)}{N} \cdot \Delta t \\ I(t + \Delta t) &= I(t) + k \cdot I(t) \cdot \frac{S(t)}{N} \cdot \Delta t \end{aligned} \quad (8)$$

Dieses System beschreibt die Infektion (den Wechsel von **S** nach **I**), wobei die Richtung durch das Vorzeichen festgelegt wird (Minuszeichen = Personen, die eine Gruppe verlassen, Pluszeichen = Personen, die einer Gruppe hinzugefügt werden). Demnach wird der Wechsel von **S** nach **I** im zweiten Teil des Terms berücksichtigt. Alle Personen, die die Gruppe **S** verlassen werden der Gruppe **I** hinzugefügt. Unter Berücksichtigung der zum Zeitpunkt t in **S** bzw. **I** befindlichen Personen, ergeben sich daraus die Werte zum Zeitpunkt $t + \Delta t$.

Zur besseren Visualisierung wurden auch hier zwei mögliche Lösungen in Abbildung 3 (**SI**-Modell) in Form eines Zeitdiagramms dargestellt. Es wird keine Genesung der Infizierten berücksichtigt, sodass immer mehr Personen der Gesamtbevölkerung N der Gruppe **I** zugehörig sind. Eine höhere Infektionsrate beschleunigt die Infektionsausbreitung. Das Wachstum verlangsamt sich jedoch mit sinkender Anzahl empfänglicher Personen im System, da die Wahrscheinlichkeit eines infektiösen Kontakts zwischen Personen der Gruppe **S** und der Gruppe **I** abnimmt.

5.3 Das SIR-Modell

Das zuvor erläuterte Modell wird nun zu dem von Kermack und McKendrick 1927 erstmals veröffentlichten klassischen **SIR**-Modell erweitert. Hier wird nun auch die Gruppe **R** der Genesenen berücksichtigt, sodass die Ausbreitung von Epidemien mathematisch wie folgt beschrieben werden kann:

$$S(t + \Delta t) = S(t) - k \cdot I(t) \cdot \frac{S(t)}{N} \cdot \Delta t \quad (9)$$

$$I(t + \Delta t) = I(t) + \left(k \cdot I(t) \cdot \frac{S(t)}{N} - w \cdot I(t) \right) \cdot \Delta t$$

$$R(t + \Delta t) = R(t) - w \cdot I(t) \cdot \Delta t$$

In den Änderungen von S und I wird das logistische Wachstum (Wechsel von S nach I) beachtet. Gleichzeitig beschreibt der Term $w \cdot I(t)$ den Wechsel aus der Gruppe I der Infizierten in die Gruppe R der Genesenen (Wolff, 2020).

In Abbildung 3 (**SIR**-Modell) sind zwei exemplarische Lösungen des Systems (9) dargestellt. Sie unterscheiden sich lediglich durch die Infektionsrate k und die davon abhängige Basisreproduktionszahl r_0 . Je größer die Infektionsrate k , desto mehr Personen werden innerhalb eines kurzen Zeitraums infiziert – der Höhepunkt der Infektionen findet dann früher statt und fällt insgesamt höher aus. Diese Erkenntnisse unterstützen die Argumentation im April 2020: Ziel der „flatten the curve“-Strategie war es, den Höhepunkt der Infizierten hinauszuzögern und möglichst niedrig zu halten, um eine Überforderung des Gesundheitssystems unter allen Umständen zu vermeiden.

5.4 Berechnung der Basisreproduktionszahl

Woran lässt sich aber erkennen, ob sich eine Infektion ausbreiten und damit womöglich auch eine Epidemie stattfinden wird oder eben nicht? Kurz gesagt betrachten wir dazu, ob die Änderung der Infizierten innerhalb eines Zeitschritts Δt größer als Null ist. Demnach also ob für $\frac{\Delta I}{\Delta t}$ aus (9) gilt $\frac{\Delta I}{\Delta t} > 0$ (dies entspricht dem letzten Teil der Gleichung):

$$k \cdot I(t) \cdot \frac{S(t)}{N} - w \cdot I(t) > 0 \Leftrightarrow \frac{k}{w} \cdot I(t) \cdot \frac{S(t)}{N} > I(t) \quad (10)$$

Da zu Beginn einer Pandemie noch nahezu alle Personen der Gruppe S zugehörig sind, und $S_0 \approx N$ angenommen werden kann, vereinfacht sich der Ausdruck dann zu

$$\frac{k}{w} > 1 \text{ mit } r_0 = \frac{k}{w} \quad (11)$$

Dies deckt sich ebenfalls mit den zuvor getätigten Überlegungen zu r_0 (Kap. 4.3), da die Infektionsrate k als Kontaktrate zwischen Personen von S und I und der Wahrscheinlichkeit einer Infektion bei solchen Kontakten und gleichzeitig die Genesungsrate als Kehrwert der Infektionsdauer definiert wurden (Jones 2007). Insgesamt macht das r_0 zu einem wichtigen Parameter für die Kontrolle einer Pandemie, da sie Rückschlüsse auf notwendige Immunisierungsquote und Vorhersagen für die Entwicklung des Infektionsgeschehens zulässt.

5.5 Mögliche Verbesserungen des SIR-Modells

Impfungen können einen effizienten Weg zur Senkung der Basisreproduktionszahl r_0 bzw. zur Minimierung des r -Wertes darstellen. Sie schützen einerseits vor schweren Verläufen und tragen andererseits zu einer erheblichen Reduktion der Virustransmission bei. Dadurch ergibt sich ein Schutzeffekt für die Gesellschaft – oft spricht man bei ausreichend hoher Impfquote in diesem Zusammenhang von Herdenimmunität. Im SIR-Modell lässt sich der Einfluss von Impfungen auf zwei verschiedene Weisen berücksichtigen – wobei eine Kombination ebenfalls denkbar wäre:

1. Hinzufügen eines Terms für die Veränderung der Infizierbaren (S), der mit einer bestimmten Impfrate Personen einer neuen Gruppe „Geimpft“ oder der Gruppe R der Genesenen zuführt.

- 2 Verringerung der Infizierbaren (S) (um einen bestimmten Prozentsatz) bereits zu Beginn des Infektionsgeschehens – bspw. durch Massenimpfungen. Personen gehören dann schon vor dem Ausbruch des Infektionsgeschehens einer neuen Gruppe „Geimpft“ oder der Gruppe „Genesene“ (R) an und können dort keinen weiteren Beitrag zum Infektionsgeschehen leisten.

In Abbildung 3 (**SIR-Modell mit Immunisierung**) ist Möglichkeit 2 realisiert. Die Infektions- und Genesungsraten wurden nach den von Heidrich (2021, S. 146) vorgeschlagenen Werten gewählt, wodurch der r_0 -Wert mit 3,3 beziffert wird. Zum Vergleich ist im Hintergrund (gestrichelt) der Infektionsverlauf des **SIR-Modells** mit Immunisierung dargestellt. Es ist zu erkennen, dass eine höhere Impfquote zu Beginn des Infektionsgeschehens einen deutlich gemäßigteren Verlauf zur Folge hat bzw. im Falle einer Impfquote von 65 Prozent, die für den Wildtyp von SARS-CoV-2 veranschlagt wurde, ein pandemischer Verlauf nahezu ausbleiben würde. Natürlich können die dargestellten Verläufe nur dann angenommen werden, wenn keine Impfdurchbrüche, also Erkrankungen trotz Impfung, auftreten (dies war Modellierungsannahme, entspricht jedoch nicht der Realität).

6 Umsetzung im Projektunterricht

Das Thema eignet sich für einen fächerübergreifenden, projektorientierten Unterricht ab der 10.Jahrgangsstufe. Dabei können verschiedene Aspekte von einzelnen Gruppen detailliert untersucht werden, sodass das Gesamtprodukt in einer naturwissenschaftlich-mathematischen Modellierung mündet. Angedockt an die einzelnen Teilschritte der Modellierung bieten sich dabei die Arbeit in folgenden Gruppen an:

- **Gruppe 1:** Detailliert mit molekularbiologischen Grundlagen von Viren – speziell von SARS-CoV-2 – auseinandersetzen und Gründe für deren Verbreitung erarbeiten.
- **Gruppe 2:** Im Austausch mit Gruppe 1 Modellierungsannahmen und damit ein mentales Modell entwickeln, sowie Grundlagen für die Mathematisierung schaffen.
- **Gruppe 3:** Das System von Differenzengleichungen des SIR-Modells analog zu Kapitel 6 mathematisch herleiten, durchdringen und die Abhängigkeiten erfassen.
- **Gruppe 4:** Das SIR-Modell anhand einer visuellen Darstellung des Gleichungssystems (9) analog zu Abbildung 3 mithilfe geeigneter Programme (bereits mit der Tabellenkalkulation in GeoGebra möglich) untersuchen und Auswirkung einzelner Parameter (Infektionsrate, Genesungsrate etc.) durch systematische Variation erkunden.
- **Gruppe 5:** Das SIR-Modell an reale Daten, die im Rahmen der Pandemie dokumentiert wurden anzupassen, um daraus Zukunftsvorhersagen treffen und womöglich verbesserte (bzw. sich zeitlich verändernde) Infektions- und Genesungsraten ableiten.

7 Umsetzung innerhalb einer Lernumgebung

Fokus des Beitrags war es, die notwendigen (mathematischen) Grundlagen für einen Projektunterricht aufzubereiten und zusammenzustellen. Alternativ zu dieser Umsetzung als Projekt ist es auch möglich, bereits konzipierte und erprobte Materialien in Form einer Lernumgebung zu nutzen. Das Mathematik-Labor „Mathe ist mehr“ der RPTU in Landau bietet eine (digitale) Lernumgebung auf der Internetseite (<https://mathe-labor.de/stationen/corona->

[2022/](#) an, die sich an den in Abbildung 1 vorgestellten Phasen einer angeleiteten naturwissenschaftlich-mathematischen Modellierung orientiert und die in Abschnitt 5 vorgestellten Modelle unter Beachtung und Rückgriff auch auf den biologischen Hintergrund schrittweise herleitet. Dort werden, zusätzlich zu den Arbeitsaufträgen, gestaffelte Hilfestellungen in einem Hilfeheft, Videos, Simulationen, Zusatzmaterial für den biologischen Hintergrund und ein Verlaufsplan bereitgestellt. Zu den mathematischen Teilen dieser Lernumgebung kann ergänzend auf einen Praxisartikel (Ossadnik & Roth 2023) mit didaktischem Kommentar und aufbereiteten Materialien zurückgegriffen werden.

Alles in allem wurde in diesem Artikel eine Thematik vorgestellt, die unabhängig von einer Erarbeitung im Zuge eines Projektunterrichts oder einer Lernumgebung einen wichtigen Beitrag zu einer stärkeren Fokussierung einer BNE in der Schule leisten kann. Die mehrperspektivische Betrachtung fokussiert vor allem die bereits angesprochenen Gestaltungs- bzw. Nachhaltigkeitskompetenzen. Sie spielen eine wichtige Rolle bei der Erfassung und Bewältigung von Herausforderungen, die sich nicht durch das Abarbeiten vorgefertigter Schemata oder Algorithmen lösen lassen und ermöglichen die Erschließung, Entwicklung und Interpretation von naturwissenschaftlich-mathematischen Modellen und um Schlussfolgerungen für die Realität und das zukünftige Handeln abzuleiten. Lernende können so auch bei der Konfrontation mit ähnlichen Problemen oder Situationen diese durchdringen, Wissen übertragen und sich andere Thematiken selbst in analoger Weise erarbeiten (Grundmann 2017, S.2; PL RLP 2021, S.15, S.19, S.30; Fehnker 2010, S.90).

Literatur

- Ableitinger, Christoph (2010): Biomathematische Modelle im Unterricht: Fachwissenschaftliche und didaktische Grundlagen mit Unterrichtsmaterialien. Wiesbaden. Vieweg + Teubner Verlag. https://doi.org/10.1007/978-3-8348-9770-1_5
- Fehnker, Ute (2010): Bildung für nachhaltige Entwicklung. Ein Beitrag zur Entwicklung der Fachdidaktik Biologie und der curricularen Praxis des Biologieunterrichts. Bremen. Universität Bremen – Fachdidaktik Biologie. <http://nbn-resolving.de/urn:nbn:de:gbv:46-ep000106951>
- Grundmann, Diana (2017): Bildung für nachhaltige Entwicklung in Schulen verankern. Wiesbaden. Springer. <https://doi.org/10.1007/978-3-658-16913-8>
- Heidrich, Peter (2021). Analysis and Numerical Simulations of Epidemic Models on the Example of COVID-19 and Dengue. Koblenz. <https://nbn-resolving.org/urn:nbn:de:kola-21851>
- Hütt, Marc-Thorsten (2001): Datenanalyse in der Biologie: Eine Einführung in Methoden der nichtlinearen Dynamik, fraktalen Geometrie und Informationstheorie. Springer. <https://doi.org/10.1007/978-3-642-56631-8>
- Jones, James Holland (2007): Notes on R_0. Stanford. Stanford University - Department of Anthropological Sciences. <https://web.stanford.edu/~jhj1/teachingdocs/Jones-on-R0.pdf>
- Meister, Johannes & Upmeyer zu Belzen, Annette (2018): Naturwissenschaftliche Phänomene mit Liniendiagrammen naturwissenschaftlich-mathematisch modellieren. In: M. Hammann & M. Lindner (Hrsg.), Lehr- und Lernforschung in der Biologiedidaktik: Band 8. Halle-Wittenberg. Studien Verlag.
- Murray, James D. (2002): Mathematical biology I: An Introduction (Third Edition). Interdisciplinary applied mathematics: Volume 17. Springer.
- Ossadnik, Henrik & Roth, Jürgen (2023): Pandemien modellieren – Interdisziplinär Wissen vernetzen und Positionen diskutieren. In: Mathematik lehren, 237(2023). 33 – 39
- Pädagogisches Landesinstitut Rheinland-Pfalz (PL RLP) (2021): Bildung für nachhaltige Entwicklung curricular verankern. Orientierung für Lehrplankommissionen, Fachkonferenzen und Lehrerbildung. Speyer. Pädagogisches Landesinstitut
- Prüss, Jan & Wilke, Mathias (2019): Gewöhnliche Differentialgleichungen und dynamische Systeme (2. Aufl.). Grundstudium Mathematik. Birkhäuser. <https://doi.org/10.1007/978-3-030-12362-8>
- Vogt, Herbert (1994). Grundkurs Mathematik für Biologen. Stuttgart. Vieweg + Teubner Verlag. <https://doi.org/10.1007/978-3-322-84865-9>
- Wolff, Michael (2020): Mathematische Bemerkungen zu einem epidemiologischen Modell im Zusammenhang mit der Corona-Pandemie. Bremen. Universität Bremen. <http://dx.doi.org/10.13140/RG.2.2.20564.35209>