

Stochastische Modellierung der räumlichen Ausbreitung von Influenza in Deutschland

Christiane Dargatz, Leonhard Held
Ludwig-Maximilians-Universität München

Influenza gehört zu den häufigsten und folgenschwersten Infektionskrankheiten weltweit. Allein in Deutschland fordert sie jedes Jahr doppelt so viele Tote wie Unfälle im Straßenverkehr. Immer wieder treten verheerende Grippeepidemien auf, die durch einen neuen Subtyp des Influenza A Virus ausgelöst werden. Wichtigstes Beispiel hierfür ist die Spanische Grippe von 1918/19 mit über 27 Millionen Toten. Epidemiologen sind sich einig, dass es nur eine Frage der Zeit ist, bis Deutschland von einer Grippeepidemie heimsucht wird. Für diesen Fall müssen Strategien entwickelt werden, um durch gezieltes Impfen und Isolation möglichst viele Bürger schützen zu können.

Untersuchungen zum Verlauf von Epidemien reichen zurück bis ins 18. Jahrhundert. Der SARS-Ausbruch von 2003 hat jedoch deutlich gezeigt, dass die Globalisierung auch Spuren in der Epidemiologie hinterlassen hat: Menschen reisen heute häufiger, schneller und weiter als bisher und tragen Krankheiten in entfernte Gebiete, wo man noch nicht auf diese vorbereitet ist bzw. bevor sich beim Erkrankten selbst überhaupt Symptome gezeigt haben.

In unserem Modellierungsansatz zur räumlich-zeitlichen Ausbreitung von Influenza in Deutschland gehen wir vom SIR-Modell aus, in dem die beobachtete Population in die Gruppen "susceptible", "infectious" und "removed" unterteilt wird. Dieses Modell ist jedoch nur anwendbar, solange wir annehmen können, dass die Bevölkerung homogen durchmischt ist, was heute sicherlich nicht mehr gegeben ist. Deshalb benutzen wir eine globale Erweiterung des SIR-Modells von Hufnagel et al. (2004), bei dem die lokale Infektionsdynamik wie im klassischen SIR-Modell verläuft und zusätzlich ein Austausch zwischen den Gebieten gemäß einer Verbindungsmatrix stattfindet. In diese integrieren wir den deutschlandweiten Pendler-, Zugfern- und Flugverkehr. Um den stochastischen Charakter der Modellierung zu berücksichtigen, werden die Übergänge zwischen den Gruppen und Gebieten durch stochastische Differentialgleichungen beschrieben, bei denen auf deterministische Terme weißes Rauschen addiert wird. An letzteres müssen bestimmte Restriktionen gestellt werden, um das System geschlossen zu halten.

Computersimulationen zeigen erstaunlich gute Übereinstimmungen zwischen dem simulierten und dem tatsächlichen Verlauf der Grippewelle von 2005. Ziel der weiteren Arbeit ist die statistische Inferenz der Modellparameter, welche bisher aus externen Daten geschätzt wurden.

Literatur:

1. L. Hufnagel, D. Brockmann, T. Geisel (2004): Forecast and control of epidemics in a globalized world. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, **101**, 15124-15129.
2. C. Dargatz, V. Georgescu, L. Held (2005): Stochastic modelling of the spatial spread of influenza in Germany. Discussion paper 450, SFB386, LMU München.