Überlegungen zum R-Wert

Der Reproduktionswert, kurz R-Wert, bestimmt wesentlich die Ausbreitung einer Pandemie; er gibt an, wie viele weitere Personen ein Infizierter im Mittel ansteckt. Für die folgende Darstellung bezeichnen wir den R-Wert mit **q**, $q \geq 0$.

Beispiel:
Bei $q = 0{,}8$ stecken 100 Infizierte weitere 80 Personen an, letztere infizieren 64 Personen usw.

Vereinbarung:
Die Anzahl der zu einem bestimmten (Anfangs-)Zeitpunkt vorhandenen Infizierten nennen wir **a** (**1.** Generation von Infizierten). Diese **a** Personen stecken $\mathbf{a \cdot q}$ weitere Personen (**2.** Generation von Infizierten) an. Die **2.** Generation infiziert $\mathbf{(a \cdot q) \cdot q}$ weitere Personen, so daß die **3.** Generation $\mathbf{a \cdot q^2}$ Individuen zählt.

Allgemein erkennen wir:

Die **n**-te Generation von Infizierten besteht aus $\mathbf{a \cdot q^{n-1}}$ Personen,
$n = 1, 2, 3, 4, \ldots$

Wenn wir mit $\mathbf{s_n}$ die Summe der Infizierten aus der 1., 2., . . . , n-ten Generation bezeichnen, erhalten wir:

$\mathbf{s_1} = a$

$\mathbf{s_2} = a + a \cdot q$

$\mathbf{s_3} = a + a \cdot q + a \cdot q^2$

$\mathbf{s_4} = a + a \cdot q + a \cdot q^2 + a \cdot q^3$

. . . .

$$\mathbf{s_n} = a + a \cdot q + a \cdot q^2 + \ldots\ldots + a \cdot q^{n-1} = a \cdot \sum_{i=1}^{n} q^{i-1}$$

Bemerkenswert ist, daß diese Folge $\{\mathbf{s_n}\}$ von Partialsummen beschränkt ist, falls gilt:

$\mathbf{0 \leq q < 1}$ (allgemein für $|q| < 1$, aber q ist als R-Wert nicht negativ)

Tatsächlich ergibt die Summe $\mathbf{s_n} = a + a \cdot q + a \cdot q^2 + \ldots\ldots + a \cdot q^{n-1}$ einen sehr einfachen Term:

$\mathbf{s_n} = a \cdot n$ falls $q = 1$

$\mathbf{s_n} = a \cdot \frac{1-q^n}{1-q}$ falls $q \neq 1$

Dieses Ergebnis läßt sich in einer Formelsammlung nachschlagen. Oder, falls man keine Formelsammlung hat, subtrahiert man für $q \neq 1$ von der Summe $\mathbf{s_n}$ das Produkt $\mathbf{q} \cdot \mathbf{s_n}$ und erhält

$$\mathbf{s_n - q \cdot s_n = a - a \cdot q^n = a\,(1 - q^n)}$$

Wenn man auf der linken Seite $\mathbf{s_n}$ ausklammert und anschließend durch **(1 – q)** dividiert, folgt das Ergebnis.

Natürlich läßt sich die Behauptung auch mittels des Beweisverfahrens der „Vollständigen Induktion“ (nachzulesen z. B. auf Seite 2 des Papers „Korrektheit_von_Algorithmen.pdf“) verifizieren, eine schöne Übungsaufgabe.

Die Folge $\{\mathbf{s_n}\}$ der Partialsummen und damit die Anzahl der Infizierten aus n Generationen

- wächst exponentiell, falls $q > 1$;
- wächst linear mit n, falls $q = 1$;
- konvergiert genau dann, falls $|q| < 1$.

Für $\mathbf{|q| < 1}$ erhalten wir den Grenzwert

$$\lim_{n\to\infty} s_n = a \cdot \frac{1}{1-q}$$

Da für positive Werte von **q** die Folge $\{\mathbf{s_n}\}$ streng monoton wächst, ist dieser Grenzwert die kleinste obere Schranke der Folge, hier also für die Summe der Infizierten aller Generationen.

Zahlenbeispiel:

a = 7000 (Anzahl der nachgewiesenen aktiven Infektionen am 08.06.2020)

R-Wert = q = 0,8:
maximal $7000 \cdot \frac{1}{1-0,8} - 7000 =$ **28000** weitere Infektionen

R-Wert = q = 0,5:
maximal $7000 \cdot \frac{1}{1-0,5} - 7000 =$ **7000** weitere Infektionen

Um die Zeitspanne abzuschätzen, nach der die Pandemie zum Stillstand gekommen sein wird, sei als Kriterium vorgeschlagen:

Anzahl der Infizierten der **n**-ten Generation **< 1**

$\Leftrightarrow \quad \mathbf{a \cdot q^{n-1} < 1}$

$\Leftrightarrow \quad \mathbf{n} > 1 - \frac{\log a}{\log q}$ falls $0 < q < 1$

R-Wert = q = 0,8:

$$\mathbf{n} > 1 - \frac{\log 7000}{\log 0,8} \approx \mathbf{40}$$

R-Wert = q = 0,5:

$$\mathbf{n} > 1 - \frac{\log 7000}{\log 0,5} \approx \mathbf{14}$$

Falls man annimmt, daß eine Generation von Infizierten die nächste Generation innert 14 Tagen (vermutlich eher weniger) angesteckt hat, wäre der Stillstand der Ausbreitung für

- **q = 0,8** nach etwa **20** Monaten,
- **q = 0,5** nach etwa **7** Monaten

zu erwarten.

09.06.2020