

Corona-Warn-App

Simulation der Information von Kontaktpersonen

Marlis von der Hude
(ehemals) Hochschule Bonn-Rhein-Sieg

Einleitung und Problemstellung

Seit dem 23. Juni 2020 stellt die Bundesregierung die Corona-Warn-App zum Download zur Verfügung. Sie soll dazu dienen, Infektionsketten schnell zu unterbrechen, indem Personen, die Kontakt mit einer Corona-positiv getesteten Person hatten, einen Warnhinweis über die App bekommen können. Die Corona-positiv getestete Person muss sich dazu aktiv authentifizieren; dies geschieht auf freiwilliger Basis. Es werden relevante Kontakte innerhalb der letzten 14 Tage berücksichtigt, wobei die Relevanz durch die Nähe und Dauer des Kontakts bestimmt wird. Die Messungen erfolgen per Bluetooth. Diese und weitere Informationen können den Webseiten der [Bundesregierung](#) und des [Robert-Koch-Instituts](#) entnommen werden (Stand 2. Juli 2020).

Für die über die Corona-Warn-App benachrichtigten Kontaktpersonen bedeutet der Warnhinweis jedoch nicht unbedingt, dass sie auch tatsächlich infiziert sind, denn nicht jede infizierte Person steckt alle relevanten Kontakte an. Man könnte im Fall der nicht bestehenden Infektionen von “Fehlalarmen” sprechen. Viele “Fehlalarme” könnten dazu führen, dass Warnhinweise nicht mehr ernst genommen werden.

Zur Zeit liegen keine empirischen Erkenntnisse über die Anzahlen von Warnhinweisen und “Fehlalarmen” vor. Daher wurde eine App entwickelt, mit der diese Anzahlen unter bestimmten Annahmen simuliert werden können. Diese App ist abrufbar unter (<https://mvdh.shinyapps.io/corona-reproduktionszahl-fehlalarm/>).

Annahmen

Annahmen über das Verhalten der infizierten und der Kontaktpersonen

Wir nehmen an, dass die Corona-positiv getesteten Personen vor der Erkennung der Infektion mehr oder weniger viele persönliche Kontakte hatten. Es wird davon ausgegangen, dass sowohl die infizierten Personen als auch alle Kontakte die Corona-Warn-App aktiviert hatten.

Für die Anzahl der Kontakte werden verschiedene Verteilungsannahmen getroffen, die weiter unten beschrieben werden.

Zunächst unterteilen wir die infizierten Personen grob in zwei Gruppen, und zwar in

1. eher vorsichtige Personen, die ihre Kontakte beschränken (Anteil p_v),
2. eher kontaktfreudige Personen (Anteil $p_{kf} = 1 - p_v$).

Der Anteil der vorsichtigeren Personen wird zunächst mit $p_v = 0.85$, also 85% angenommen, er kann jedoch in der App beliebig verändert werden.

Anzahl persönlicher Kontakte der Infizierten, Verteilungsannahme

1. Die eher vorsichtigen infizierten Personen haben im Mittel $\mu_{v.K} = 1$ persönliche Kontakte mit anderen Personen. (Der Wert kann in der App verändert werden.)
2. Die kontaktfreudigen Personen haben im Mittel $\mu_{kf.K} = 10$ persönliche Kontakte mit anderen Personen. (Auch dieser Wert lässt sich in der App verändern.)
3. Für die Anzahlen der kontaktierten Personen nehmen wir Poissonverteilungen an¹:

$$K_v \sim \text{Poisson}(\mu_{v.K})$$
$$K_{kf} \sim \text{Poisson}(\mu_{kf.K})$$

Lässt man die Unterscheidung in vorsichtige und kontaktfreudige Personen weg, so erhält man für die Anzahl der Kontakte eine Mischverteilung mit dem Erwartungswert

$$\mu_K = p_v \cdot \mu_{v.K} + p_{kf} \cdot \mu_{kf.K}.$$

Mit den hier getroffenen Annahmen ist $\mu_K = 2.35$.

Ansteckungsverhalten beim persönlichen Kontakt, Verteilungsannahme

1. Die vorsichtigen Personen mit wenigen Kontakten verhalten sich auch beim Kontakt eher vorsichtig und infizieren andere mit einer Wahrscheinlichkeit von $p_{v.a} = 0.05$ (in der App veränderbar).
2. Die kontaktfreudigen Personen verhalten sich auch beim Kontakt weniger vorsichtig und infizieren andere mit einer Wahrscheinlichkeit von $p_{kf.a} = 0.6$ (in der App veränderbar).
3. Für die Anzahl der durch einen Infizierten angesteckten Kontaktpersonen nehmen wir Binomialverteilungen an, wobei die maximale Anzahl n ein zufälliger Wert ist, nämlich die Anzahl der jeweils kontaktierten Personen.

$$A_v \sim \text{Bin}(p_{v.a}, n = k_v)$$
$$A_{kf} \sim \text{Bin}(p_{kf.a}, n = k_{kf})$$

¹Die Poissonverteilung wird standardmäßig z.B. in der Versicherungswirtschaft für die Modellierung der Anzahl von Schadensfällen benutzt. Wir übertragen diesen Ansatz auf die Anzahl der Kontakte.

Reproduktionszahl R

Die Reproduktionszahl gibt an, wieviel Personen im Mittel von einer infizierten Person angesteckt werden. Sie wird eigentlich empirisch ermittelt, hier wird sie jedoch modelliert, und zwar zunächst in den beiden Personengruppen getrennt mit Hilfe der mittleren Anzahl der Kontakte jeweils gewichtet mit der Ansteckungswahrscheinlichkeit. Die globale Reproduktionszahl R wird dann anteilig aus beiden Gruppen zusammengesetzt. Damit erhalten wir

1. bei den vorsichtigen Personen

$$\mu_{v.a} = p_{v.a} \cdot \mu_{v.K} = 0.05$$

2. bei den kontaktfreudigen Personen

$$\mu_{kf.a} = p_{kf.a} \cdot \mu_{kf.K} = 6$$

3. global

$$R = \mu_a = p_v \cdot \mu_{v.a} + p_{kf} \cdot \mu_{kf.a} = 0.9425$$

Fehlalarme

Als Fehlalarm bezeichnen wir den Fall, dass eine Person einen Warnhinweis über einen Kontakt mit einer infizierten Person erhält, wobei dieser Kontakt jedoch zu keiner Infektion führt. Die Frage ist nun, wie häufig dieser Fall eintreten wird.

Wir betrachten zunächst wieder die Erwartungswerte in den Gruppen getrennt, anschließend global und erhalten:

1. bei den vorsichtigen Personen

$$\mu_{v.F} = (1 - p_{v.a}) \cdot \mu_{v.K} = 0.95$$

2. bei den kontaktfreudigen Personen

$$\mu_{kf.F} = (1 - p_{kf.a}) \cdot \mu_{kf.K} = 4$$

3. global

$$\mu_F = p_v \cdot \mu_{v.F} + p_{kf} \cdot \mu_{kf.F} = 1.41$$

Simulation der Anzahlen der Kontakte, der infizierten Kontakte und der Fehlalarme

Bis hierher wurden nur die jeweiligen Erwartungswerte, also die theoretischen Mittelwerte, der Reproduktionszahlen und der Fehlalarme betrachtet. Diese wurden aus den Erwartungswerten der Kontaktanzahlen, aus den Ansteckungswahrscheinlichkeiten und den Anteilen der beiden

Personengruppen ermittelt. Die Verteilungsannahmen spielten hier noch keine Rolle. Will man jedoch nicht nur Aussagen über Erwartungswerte treffen, sondern auch das Ausmaß der Streuungen der Einzelwerte betrachten, so ist es sinnvoll, die entsprechenden Wahrscheinlichkeitsverteilungen zu betrachten. Diese Wahrscheinlichkeitsverteilungen werden mit Hilfe von Zufallszahlen gemäß den oben beschriebenen Verteilungsannahmen simuliert.

R-Programm:

```
# Anteil vorsichtiger und kontaktfreudiger Personen
```

```
p.v = 0.85
```

```
p.kf = 1-p.v
```

```
# Erwartungswerte der Anzahlen der Kontakte
```

```
mu.v.K = 1
```

```
mu.kf.K = 10
```

```
mu.K = p.v * mu.v.K + p.kf * mu.kf.K
```

```
p.v.a = 0.05
```

```
p.kf.a = 0.60
```

```
# Reproduktionszahl R in den Gruppen und global
```

```
mu.v.a = p.v.a * mu.v.K
```

```
mu.kf.a = p.kf.a * mu.kf.K
```

```
R = p.v * mu.v.a + p.kf * mu.kf.a
```

```
mu.v.a
```

```
## [1] 0.05
```

```
mu.kf.a
```

```
## [1] 6
```

```
R
```

```
## [1] 0.9425
```

```
#
```

```
# Erwartungswerte der Fehlalarme
```

```
mu.v.F = mu.v.K * (1 - p.v.a)
```

```
mu.kf.F = mu.kf.K * (1 - p.kf.a)
```

```
mu.F = p.v * mu.v.F + p.kf * mu.kf.F
```

```
mu.v.F
```

```
## [1] 0.95
```

```
mu.kf.F
```

```

## [1] 4

mu.F

## [1] 1.4075

cat("Im Mittel wird also unter den getroffenen Annahmen bei ",
    mu.F,"Personen \n Fehlalarm ausgelöst.")

## Im Mittel wird also unter den getroffenen Annahmen bei 1.4075 Personen
## Fehlalarm ausgelöst.

# -----
# Hier startet die Simulation

N = 10000 # Anzahl Infizierte erkannt (App aktiviert)

a = integer(N) # angesteckt
K = integer(N) # Kontakte
F = integer(N) # Fehlalarm

# v : vorsichtig
v = sample(c(FALSE,TRUE),N,replace=TRUE,prob=c(p.kf, p.v))
table(v)

## v
## FALSE TRUE
## 1516 8484

# Jetzt wird fuer jede der N infizierten Personen per Zufallszahl ermittelt,
# wie viele Kontakte es gab und
# wie viele tatsächlich infiziert (a: angesteckt) wurden.
#
K = rpois(N, mu.kf.K) # kontaktfreudig
K.v = rpois(N, mu.v.K) # vorsichtig
# die vorsichtigen (v=TRUE) erhalten eine Zufallszahl mit mu.v.K:
K[v] = K.v[v]

# Für jede infizierte Person wird die Anzahl der infizierten Kontakte mit der
# Binomialverteilung simuliert

for (i in 1:N)
{
  if(v[i]) # vorsichtig
    a[i] = rbinom(1,K[i], p.v.a) # angesteckt
  else # kontaktfreudig
    a[i] = rbinom(1,K[i], p.kf.a)
}

```

```

    }

    F = K - a                # Fehlalarm

# ** empirische Mittelwerte **
# ** Mittelwerte der N Anzahlen der Kontakte **

xquer.v.K = mean(K[v==TRUE])
xquer.kf.K = mean(K[v==FALSE])
xquer.K = mean(K)
# bei den vorsichtigen:
xquer.v.K
## [1] 0.997289

# bei den kontaktfreudigen:
xquer.kf.K
## [1] 9.959103

# global:
xquer.K
## [1] 2.3559

# ** Mittelwerte der N Anzahlen der angesteckten Kontakte **
# ** Reproduktionszahl **

xquer.v.a = mean(a[v==TRUE])
xquer.kf.a = mean(a[v==FALSE])
xquer.a = mean(a)

# bei den vorsichtigen:
xquer.v.a
## [1] 0.048562

# bei den kontaktfreudigen:
xquer.kf.a
## [1] 5.953826

# global:
xquer.a
## [1] 0.9438

R.simu = xquer.a

```

```

R.simu
## [1] 0.9438

# ** Fehlalarm **
# Wieviel Leute werden also informiert, obwohl sie nicht
# angesteckt wurden?

xquer.v.F = mean(F[v==TRUE])
xquer.kf.F = mean(F[v==FALSE])
xquer.F = mean(F)
# bei den vorsichtigen:
xquer.v.F
## [1] 0.948727

# bei den kontaktfreudigen:
xquer.kf.F
## [1] 4.005277

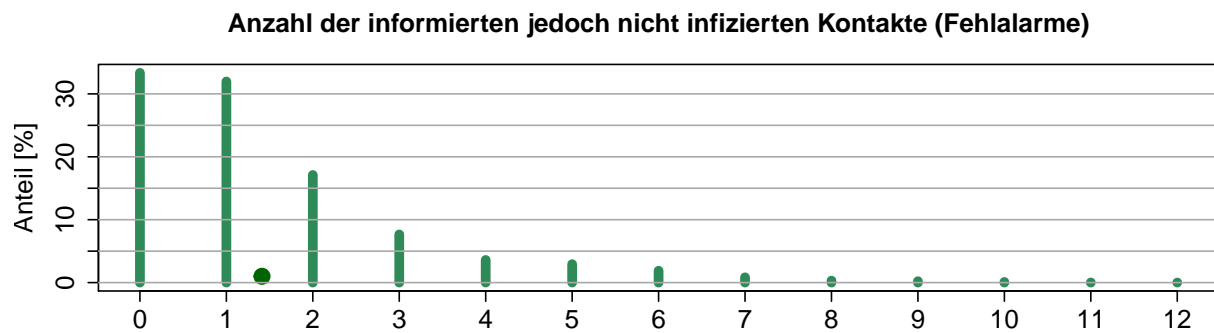
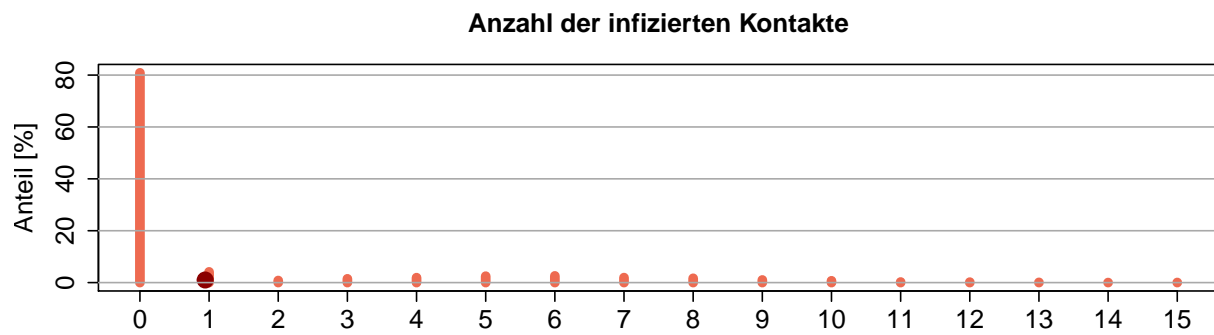
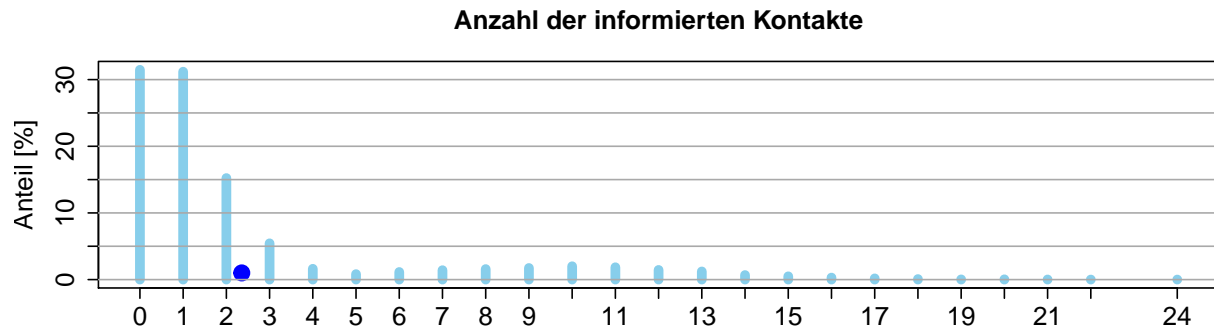
# global:
xquer.F
## [1] 1.4121

```

Diese empirischen Mittelwerte stimmen ganz gut mit den theoretischen Werten überein.

Bei den kontaktfreudigen Personen gibt es unter den getroffenen Annahmen deutlich mehr Fehllarme als bei den vorsichtigen. Insgesamt ist die Anzahl der Fehllarme mit ca. 1.4 im Mittel aber sehr gering.

Das Ausmaß der Streuungen kann man den empirischen Verteilungen entnehmen. Die Mittelwerte sind durch Punkte markiert.



Veränderung der Annahmen

Abschließend werden Screenshots präsentiert, die zeigen, wie sich die Reproduktionszahl, die Anzahl der Fehlalarme und die Verteilungen verändern, wenn der Anteil der vorsichtigen Personen auf 50% verringert und außerdem die mittlere Anzahl der Kontakte dieser Personengruppe auf zwei erhöht wird.



Reproduktionszahlen

bei den vorsichtigen Personen: 0.1

bei den kontaktfreudigen Personen: 6

Reproduktionszahl, insgesamt: 3.05

mittlere Anzahl der informierten jedoch nicht infizierten Kontakte (Fehlalarme)

bei den vorsichtigen Personen: 1.9

bei den kontaktfreudigen Personen: 4

Fehlalarm, insgesamt: 2.95

Simulation:

10000 infizierte Personen, die ihre Kontakte per App informieren

Häufigkeitsverteilungen (Punkt = Mittelwert)

Die globale Reproduktionszahl überschreitet den Wert $R = 3$, die mittlere Anzahl der Fehlalarme erhöht sich auf etwa 3.

Simulation:

10000 infizierte Personen, die ihre Kontakte per App informieren

Häufigkeitsverteilungen (Punkt = Mittelwert)

