

Mitteilung

Fachgruppe: Bio- und Mikrofluidmechanik

CFD-basierte Modellierung des absoluten Infektionsrisikos durch aerosolübertragene Krankheitserreger

Florian Webner¹, Daniel Schmeling¹, Claus Wagner^{1,2}

1) Deutsches Zentrum für Luft und Raumfahrt e.V.,
Institut für Aerodynamik und Strömungstechnik, Göttingen

2) Technische Universität Ilmenau,
Institut für Thermo- und Fluidodynamik, Ilmenau

Florian.Webner@dlr.de

Die COVID-19-Pandemie hat in den Jahren 2020 - 2023 enorme menschliche und finanzielle Verluste verursacht. Zudem haben die Schutzmaßnahmen zur Eindämmung des Infektionsgeschehens die Freiheit der Bevölkerung im Alltag eingeschränkt. Auch wenn die Immunisierung der Bevölkerung durch Infektionen und Impfungen die Krankheitslast zuletzt deutlich reduziert hat, muss mit neuen Mutationen oder gänzlich neuen Erregern gerechnet werden, die erneut eine Pandemie auslösen können. Um dann Schutzmaßnahmen gezielt einsetzen zu können, müssen zunächst die Hotspots der Übertragungen identifiziert werden. In einem zweiten Schritt können dann technische Hilfsmittel oder Verhaltensregeln eingesetzt werden. Da technische Hilfsmittel teuer sein können und Verhaltensregeln möglicherweise die Freiheit der Betroffenen einschränken, sollte die Wirksamkeit dieser Maßnahmen überprüft werden, bevor sie für Millionen von Menschen verpflichtend eingeführt werden.

Mit Hilfe von Infektionsrisikomodellen, kann das Infektionsrisiko in verschiedenen Situationen – z. B. in einer Bar und in einem Fernzug – verglichen werden, um Hotspots der Übertragungen zu identifizieren. Darüber hinaus können Infektionsrisikomodelle verwendet werden, um die Wirksamkeit von Gegenmaßnahmen abzuschätzen.

Im Workshop wird vorgestellt, wie das Infektionsrisiko durch Aerosole modelliert werden kann. Dabei werden relevante Prozesse wie Exhalation, Transport, und Inhalation von Viren erläutert, die in *Abbildung 1* dargestellt sind.

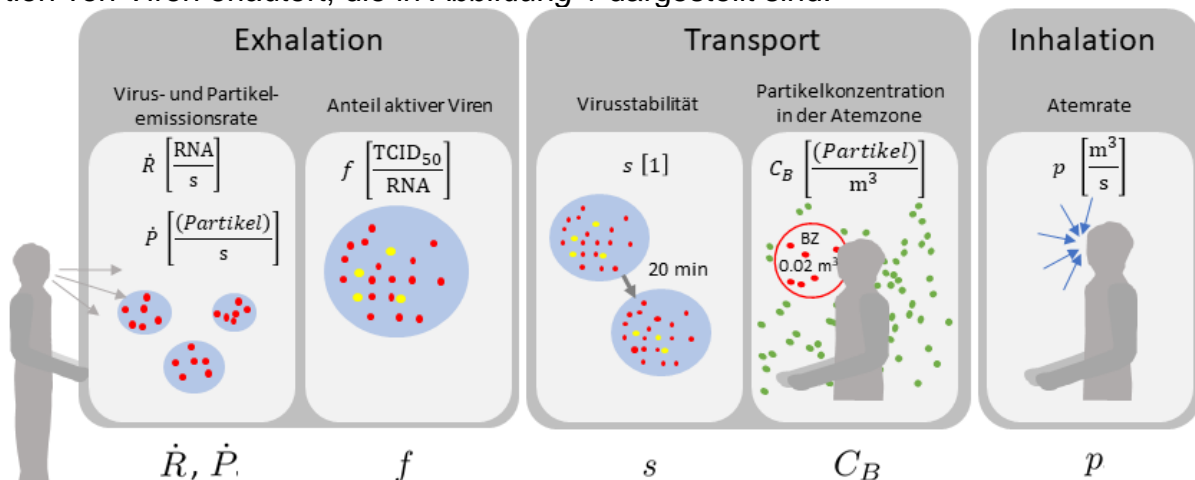


Abbildung 1: Prozesse zur Bestimmung der inhalierten infektiösen Dosis.

Mit der Virus-Emissionsrate \dot{R} und der Partikel-Emissionsrate \dot{P} , kann die Anzahl der Viren pro Partikel bestimmt werden. Mit dem Anteil aktiver Viren f kann dann die Anzahl aktiver Viren pro Partikel nach der Exhalation berechnet werden.

Eine weitere Multiplikation mit der der Virusstabilität s ergibt die Anzahl aktiver Viren pro Partikel nach dem Transport in die Atemzone des Empfängers. Die Partikelkonzentration in der Atemzone C_B multipliziert mit der Atemrate des Empfängers p , ergibt die Inhalationsrate der Partikel. Multipliziert mit der zuvor bestimmten Anzahl aktiver Viren pro Partikel, ergibt sich die Inhalationsrate aktiver Viren. Eine weitere Multiplikation mit der Zeit, ergibt schließlich die inhalierte Dosis aktiver Viren.

Zur Bestimmung von C_B und s wird eine stationäre Reynolds-Averaged Navier-Stoke (RANS)-Simulation durchgeführt. Ausgangspunkt ist die Geometrie einer vollbesetzten Do728 Flugzeugkabine einschließlich Geschwindigkeits- und Temperaturrandbedingungen, auf deren Basis das statistisch gemittelte Strömungsfeld berechnet wird. Anschließend wird in einer instationären Simulation der Partikeltransport unter Berücksichtigung von Gewichtskraft, Trägheitskraft, turbulenter kinetischer Energie und strömungsmechanischem Widerstand der Aerosolpartikel vorhergesagt. Die Zeit, die die Partikel benötigen, um die Atemzone zu erreichen, wird ebenfalls bewertet, um schließlich die Inaktivierung der Viren als Funktion der Zeit zu modellieren.

Mit Hilfe einer Dosis-Wirkungs-Beziehung kann aus der inhalierten Dosis das Infektionsrisiko abgeschätzt werden. Die Dosis-Wirkungs-Beziehung wird hier aus den Daten einer Human Challenge, d.h. einer Studie, in der Freiwillige kontrolliert infiziert werden, konstruiert. Die Human Challenge wurde von Killingley et al. (2022)[1] durchgeführt, bei der 34 junge, gesunde Personen mit einer Dosis von zehn 50 % Tissue Culture Infectious Dose (TCID₅₀) SARS-CoV-2 inokuliert wurden. 18 der 34 Teilnehmenden (52,9 %) infizierten sich. Unter der Annahme, dass jedes aktive Virus die gleiche Wahrscheinlichkeit hat, jemanden zu infizieren, ergibt sich folgendes Infektionsrisiko I :

$$I = 1 - e^{-0.0754D_{in}} \quad (1)$$

Abbildung 2 zeigt das vorhergesagte Infektionsrisiko in der Flugzeugkabine der Do728, für $\dot{R} = 500$ RNA/s, $f = 10^{-6}$ TCID₅₀/RNA, $p = 10^{-4}$ m³/s (=6 l/min) und $t = 120$ min. Die Ergebnisse zeigen, dass die Infektionsrate der Human Challenge zur Modellierung des Infektionsrisikos verwendet werden kann. Darüber hinaus wird gezeigt, dass, obwohl Infektionen in der Kabine auch in größerer Entfernung von der Indexperson (IP) möglich sind, das Infektionsrisiko in der Nähe der IP jedoch signifikant erhöht ist.

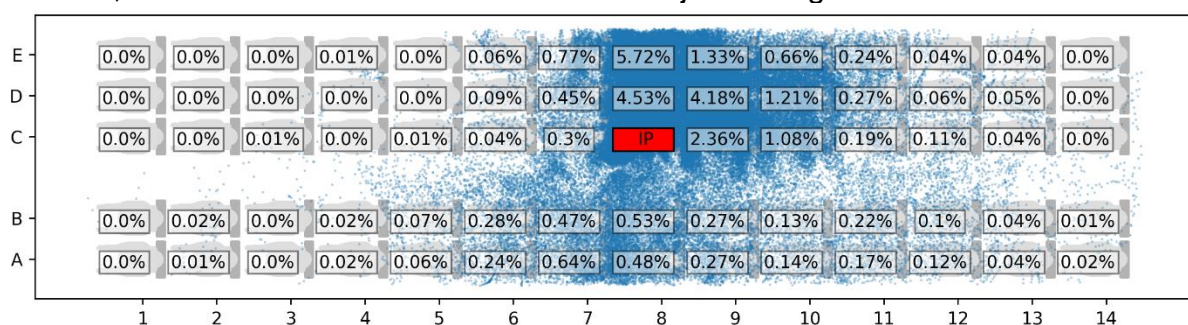


Abbildung 2: Infektionsrisiko für einzelne Passagiere nach 120 min mit der Indexperson (IP) auf Sitz 8C.

Referenzen

[1] B. Killingley, A. J. Mann, M. Kalinova, A. Boyers et al. „Safety, Tolerability and Viral Kinetics during SARS-CoV-2 Human Challenge in Young Adults”, Nature Medicine, vol. 28, no 5, pp. 1031-1041, 2022.