

# Agenten-basierte Modelle

Eric Sirbu

**Betreuer:** Peter Domanski

**Zusammenfassung.** Diese Seminararbeit liefert eine Einführung zu Agenten-basierten Modellen, wobei der Schwerpunkt auf der Simulation einer Epidemie liegt. Insbesondere soll dies vor dem Hintergrund der SARS-CoV-2-Pandemie einen Einblick in mögliche Ansätze für die Erstellung und Bewertung von Richtlinien liefern. Die simple und intuitive Arbeitsweise mit Agenten-basierten Modellen wird anhand eines einfachen Beispiels verdeutlicht.

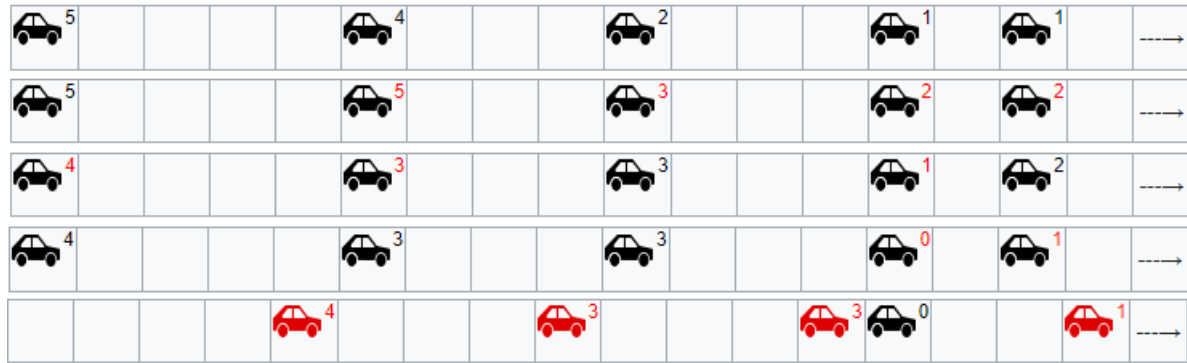
## 1 Motivation

In Agenten-basierten Modellen (ABM) sind die primären Akteure nicht das System als ganzes, sondern die vielen Teile, sogenannte Agenten, aus welchen sich dieses zusammensetzt. Die Geschehnisse auf der Systemebene setzen sich in komplexeren Fällen nicht einfach linear aus dessen Bestandteile zusammen und auch nur geringe Änderungen in der Verhaltensweise seiner Agenten können massive Auswirkungen haben.

Somit sollen auch komplizierte Zusammenhänge durch das vergleichsweise simple Modellieren von low-level Aspekten einfach dargestellt werden können. Als sehr wünschenswerter Nebeneffekt folgt auch, dass das Verhalten nun auch auf verständlicher Ebene beobachtet werden kann. Vor allem für Betrachter mit weniger Expertise, sei es im Bereich der Modellierung oder im Feld des darzustellenden Modells, wird die Analyse viel intuitiver. Forscher können direkte Einblicke in Kausalitäten gewinnen, anstatt diese nur aus Ergebnissen ableiten zu müssen, da die Verhalten der Agenten im Verlauf beobachtet werden können, und es nicht nur eine Gesamtperspektive gibt.

Mögliche Anwendungsbereiche sind in der Wirtschaft das Untersuchen von Marktverhalten am Aktienmarkt, unter Berücksichtigung der Strategien von verschiedenen Aktienhändlern, in der Architektur oder in der Raumplanung der physische Fluss von Menschen zum verhindern von Staus. Aber auch nicht-physische Umgebungen wie soziale Medien und die Verbreitung von Nachrichten oder die Risikoeinschätzung im Unternehmensalltag [8].

Im Folgenden näher betrachtet ist die Simulation von Epidemien, bei welcher der Fortschritt der Infektion in einer Bevölkerung mitverfolgt und bewertet werden kann. Dabei werden als Agenten die einzelnen Menschen selber gewählt, deren Verhalten versucht wird so zu beeinflussen, dass die Schäden der Epidemie minimiert werden.



**Abb. 1.** Abbildung [3] eines möglichen Simulationsschritts des Nagel-Schreckenberg-Modells [2], bestehend aus Beschleunigung, Abbremsen, Trödeln, und Fahren

## 2 Modell des Modells

Ein ABM besteht im Allgemeinen aus Agenten, deren Eigenschaften und Verhalten, und ihrer Umgebung [1]. Mithilfe dieser ist es möglich Geschehnisse zu simulieren, welche sich aus diesen zusammensetzen. Mit der Beobachtung so einer Simulation ist es im Idealfall möglich auf Zusammenhänge zwischen den Agenten und dem Gesamt Ablauf zu schließen. An einem Beispiel werden die Bestandteile nun weiter erläutert.

Abbildung 1 zeigt einen Ausschnitt aus einer möglichen Simulation des Nagel-Schreckenberg-Modells [2]. Es ist ein ABM mit dessen Hilfe versucht wurde Staus im Straßenverkehr zu erklären, welche ohne triftigen Grund wie Baustellen oder Unfälle entstehen. Da man sich die beobachteten Staus nicht erklären konnte, wäre es schwer gewesen ein Modell für diese direkt zu erstellen. Das Verhalten der einzelnen Autofahrer ist im Gegensatz dazu ziemlich leicht zu verallgemeinern. So kann man, wie im letzten Schritt der Abbildung, schließlich auch Staus entstehen lassen, ohne im Voraus genaueres Wissen benötigt zu haben.

### 2.1 Agenten

Die Basis jedes ABM sind unabhängige Agenten, hier die Autos aus welchen sich der Verkehr zusammensetzt. Diese besitzen verschiedene Eigenschaften, wie ihre Position oder Geschwindigkeit, hier als Zahl neben dem Auto gezeigt. In der Regel verändern sich diese mit der Zeit, die Beschleunigung bzw. das Abbremsen wird hier mit einer roten Zahl verdeutlicht. Dabei ist noch wichtig anzumerken, dass es sich hier um einen spezielleren Fall handelt, in welchem sich alle Agenten gleich (homogen) verhalten. Das muss nicht immer der Fall sein, so könnte man verschiedene Autos und Fahrer modellieren, indem man ihnen stärkere oder schwächere Beschleunigungen zuweist. Ein niedrigeres Abstraktionslevel reicht aber bei diesem Modell aus.

## 2.2 Umgebung und Interaktion unter Agenten

Jeder Agent besitzt eine Umgebung, auch Nachbarschaft (neighborhood) genannt. Oft, wie auch hier, repräsentieren diese eine physische Nähe. Die Umgebung kann aber auch z.B. soziale Distanz in Form von Freunden auf sozialen Medien darstellen. Das Verhalten der einzelnen Agenten verändert sich im Laufe der Simulation in Abhängigkeit von anderen Agenten aus ihrer Umgebung. Jedes Auto beschleunigt solange bis die Distanz zu dem Auto vor ihnen zu klein wird und sie abbremesen müssen (Zeile 2 bzw. 3). Dabei besteht die Chance, dass sie entweder zu stark abbremesen, oder einfach trödeln und so unter der möglichen Maximalgeschwindigkeit fahren (Zeile 4).

Noch ein wichtiges Merkmal von ABM, wie bei allen computergestützten Simulationen, ist, dass die Umgebung, und wichtiger, die Zeit nicht beliebig genau genutzt werden können. So ist es notwendig den zeitlichen Ablauf in einzelne Zeitschritte zu diskretisieren in welchen die Agenten handeln können. Am offensichtlichsten ist hier die Aufteilung der Straße in einzelne Zellen. Essentieller ist aber auch hier, dass die Autos alle in bestimmten Zeitabständen gleichzeitig ihre Geschwindigkeit anpassen und sich dann bewegen.

## 2.3 Beobachtung und Auswertung

Auf einem high-level Niveau kann man nun das System als Ganzes analysieren. Durch das Zusammenspiel der einzelnen Agenten sollte es nun möglich sein bestimmte Muster oder Metriken erkennen zu können, welche nun das System als Ganzes repräsentieren. Auf einem high-level Niveau kann man hier nun die Bildung von Staus mitverfolgen, welche sich auf das übermäßige Bremsen und Trödeln zurückführen lässt. Durch das Verändern der Eigenschaften der Agenten und wiederholter Simulation kann man direkt auf Korrelationen, z.B. zwischen Trödel-Chance und Stau-Frequenz schließen.

Auf einer low-level Ebene ermöglicht ABM automatisch die Möglichkeit die einzelnen, oder Untergruppen von, Agenten zu beobachten. Das ist hier nicht besonders interessant, außer vielleicht der Erkenntnis, dass Auslöser von Staus selber nicht viel von den Konsequenzen ihres Trödelns oder Bremsens mitbekommen, da sich diese erst hinter ihnen abspielen.

## 2.4 Erweiterung

Weiterhin ist es möglich das Modell beliebig zu erweitern um weitere Einsichten zu bekommen. Am simpelsten ist es, das Verhalten der Agenten weiter zu spezifizieren. Z.B. durch Anpassungen an echte Geschehnisse und damit verbunden auch wahrscheinlich heterogene Agenten. Hier, wenn gewünscht, über das Sammeln von Daten über verschiedene Typen von Fahrern, deren Häufigkeit und Verhalten. Erweitern könnte man auch die Fläche auf der sich die Simulation abspielt. So wäre es für die Verwaltung einer Stadt von Vorteil gleich ihr gesamtes Straßennetz, anstatt nur die sehr vereinfachte Version mit nur einer Spur, zu modellieren.

### 3 Beispiel COVID-19

Anhand von Studien welche ABM benutzt haben um Wege zu finden, COVID-19 und ähnliche Infektionen einzudämmen [4] [5] [6] soll nun veranschaulicht werden was man bei der Verwendung eines ABM in Betracht ziehen könnte und wie man mit diesem arbeitet.

#### 3.1 Motivation

Es gilt Maßnahmen zu finden, welche die Auswirkungen der Pandemie möglichst einschränken. Primär wäre das natürlich die Anzahl an Todesfällen möglichst zu reduzieren. Weitere erwünschte Nebeneffekte sind eine möglichst kurze Pandemiedauer [4], und weniger obstruktive Maßnahmen [6]. Allein das Wissen über wahrscheinliche Effekte erleichtert eine Vorbereitung auf die unausweichlichen Folgen, womit dieses auch zu einer wertvollen Erkenntnis wird.

Besonders wenn noch nicht viel zur Krankheit und zu den Randbedingungen gegeben ist, eignet sich ABM gut zum explorativen Forschen, da man leicht die simulierten Geschehnisse mitverfolgen kann. Sollten neue Erkenntnisse zum Umgang mit der Krankheit gewonnen werden, oder bereits implementierte Maßnahmen berücksichtigt werden, so lassen sich die Eingabeparameter leicht abändern um mit dem aktuelleren Wissensstand weiterarbeiten zu können [6]. Zur iterativen Optimierung, was notwendigerweise die einzige Möglichkeit ist solche unbekannten Probleme zu lösen, ist ABM daher am besten geeignet.

Außerdem ist es viel intuitiver, vor allem für Forscher aus anderen Bereichen, sich die Menschen als Agenten vorzustellen, bei der die Gesamtbevölkerung einfach aus deren Summe besteht, weil es so auch tatsächlich der Fall ist. So wird auch die interdisziplinäre Kommunikation vereinfacht, wenn direkt klar ist was gemeint ist, und sogar die Implementierung, wenn auch technisch nicht immer einfach, zumindest in ihrer bottom-up Konstruktion simpel zu verstehen ist [1].

#### 3.2 Annahmen

Für ABM müssen, wie bei jedem Modell, zu Beginn erst einmal Entscheidungen über Annahmen getroffen werden, welche zumindest als Startpunkt vernünftig erscheinen. Diese können sich im Laufe der weiteren Erforschung verändern, wenn neue Daten erarbeitet oder unsinnige Interaktionen in der Simulation beobachtet werden. Zu COVID-19 konnte man sich auch einigermaßen an vorige Coronaviren- und Influenza-Ausbrüchen [6] orientieren .

Falls die Pandemie schon einige Zeit fortgeschritten ist, kann man die Eingaben mit realen Daten validieren, indem man den Startpunkt der Simulation auf einige Monate zuvor setzt, und schaut ob ähnliche Zustände zu den aktuellen entstehen [4][5].

### 3.2.1 Krankheit

Die wichtigste Eigenschaft der Krankheit ist ihre Ansteckrate bei einem Kontakt von einer infizierten Person zu einer anfälligen. Im Kontext des ABM wäre das die Wahrscheinlichkeit pro Zeitschritt und Agent in der Umgebung, dass ein infizierter Agent diesen ansteckt. Dieser kann sich je nach Implementierung unterscheiden, für eine einfache Simulation, bei der jeder Zeitschritt einen ganzen Tag repräsentiert [5] muss diese höher sein, als bei einer komplizierteren Simulation bei der Kontakte im Haushalt, der Schule, und auf der Arbeit modelliert werden [4][6]. Die Anzahl der Agenten die ein Infizierter im Durchschnitt ansteckt, auch als Reproduktionszahl bekannt, sollte in beiden Fällen erhalten bleiben.

Damit verbunden ist die Dauer der Infektion. Diese gibt an wie lange ein angesteckter Agent krank ist, und damit weitere Agenten anstecken kann. Diese ist in der Regel nicht bei jedem Menschen dieselbe, naheliegend ist daher keine einheitliche Dauer, sondern eine passende Wahrscheinlichkeitsverteilung, auch in Abhängigkeit von Eigenschaften der Menschen, wie Alter.

Die Infektion endet entweder mit dem Tod des Agenten oder mit dessen Erholung, die Wahrscheinlichkeit dafür ist wieder passend verteilt. Sollte der Agent sterben so wird dieser aus dem Modell entfernt und hat keinen weiteren Einfluss auf den Ablauf, wird aber Teil der wichtigsten Metrik über den Erfolg. Falls der Agent überlebt so wird dieser, zumindest für einige Zeit, immun gegen wiederholte Ansteckungen.

### 3.2.2 Menschen

Die aktiven Agenten sind zu jedem Zeitpunkt entweder offen für Ansteckungen (susceptible), selber krank und damit infizierend (infectious), oder erholt (recovered/removed). Man kann auch weitere Zustände hinzufügen [5], z.B. um Menschen in Quarantäne zu berücksichtigen oder symptomatische Fälle von unbemerkten zu unterscheiden [4], womöglich mit verschiedenen Weiterinfektionschancen.

Neben dem Infizieren ist die zweite Hauptaktivität der Agenten das Bewegen durch die Simulation. Dies kann auf verschiedene Weisen implementiert werden. Wenn sich die Simulation nur auf einer zweidimensionalen Fläche abspielt, so kann dies einfach eine zufällige Bewegung auf eine der Nachbarzellen bedeuten [5]. Wenn man wieder verschiedene Infektionsstätten berücksichtigen will, so hat jeder Agent wahrscheinlich einen Zeitplan, welcher bestimmt zu welchen Zeiten sich dieser auf der Arbeit, zu Hause, oder im ÖPNV aufhält [4].

Einen Einfluss auf die bisherigen Annahmen haben die Verteilung verschiedener Eigenschaften der zu modellierenden Bevölkerung. Am ausschlaggebendsten ist das Alter des jeweiligen Agenten [4], aber auch andere Merkmale wie ein geschwächtes Immunsystem oder Rauchen können einen Einfluss haben [5]. So ist der typische Infektionsablauf in seiner Dauer und Intensität oft unterschiedlich geprägt. Wir wissen, dass in Abhängigkeit des Alters die Sterblichkeit, also die Wahrscheinlichkeit, dass eine Person im Verlauf ihrer Infektion an dieser stirbt, sich um einen Faktor bis zu über 100 unterscheiden kann [4]. Ebenso unterscheidet sich die Mobilität und damit typische Umgebung. Im Gegensatz zu Kindern ist ein erwachsener Mensch ist weniger häufig

in der Schule anzutreffen, verbringt aber womöglich mehr Zeit mit anderen Menschen die nicht seinem Haushalt angehören.

Es ist auch möglich Beziehungen zwischen Menschen zu modellieren [5]. Das kann durch die Simulation implizit entstehen, weil Angehörige der selben Wohngemeinschaft sich oft in der selben Umgebung aufhalten, man kann aber z.B. Freundschaften explizit modellieren, indem man Agenten eine höhere Wahrscheinlichkeit gibt, sich in Richtung ihrer Freunde zu bewegen.

### 3.2.3 Maßnahmen

Bevor man sich um zusätzliche Maßnahmen kümmert, sollte man sich der aktuellen Lage bewusst sein. Die Anzahl der verfügbaren Krankenhaus- und Intensivpflege-Plätze, wie auch die Effektivität des behandelnden Personals, kann nicht auf die Schnelle erhöht werden. Diese sind aber ausschlaggebend für die Sterberate und Infektionsdauer bei kritischen Fällen und werden somit berücksichtigt.

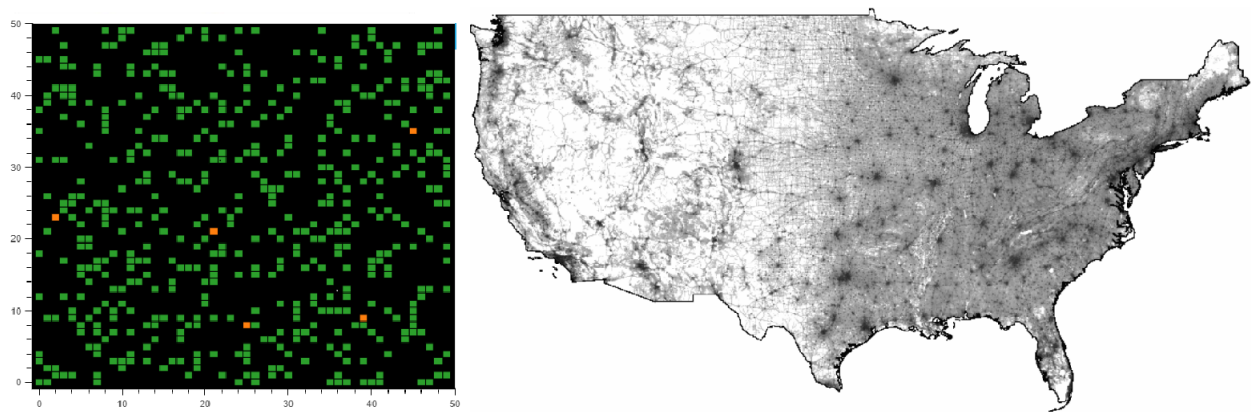
In Betracht gezogene Maßnahmen beinhalten Quarantäne aller Infizierten, oder zumindest von bestimmten infizierten Bevölkerungsgruppen, social distancing der Gesamt- oder Teilbevölkerung, Schließung von Schulen und Hochschulen, und Einschränkungen in intra- und internationalen Reisen. Zu jeder Möglichkeit muss man sich Gedanken machen wie effektiv diese in ihrer Umsetzung sind, natürlich mit der Annahme sie seien politisch umsetzbar.

Bei einer Quarantänenvorschrift muss man bedenken in wie vielen der Fälle die Personen selber über ihre Infektion überhaupt erst Bescheid wissen, wobei die vorher genannte Differenzierung von unbemerkten Fällen hilfreich wäre. Dann folgt eine Abschätzung der Einhaltungsrates dieser Regeln. Ähnliche Überlegungen gibt auch beim social distancing [4][5] und bei den Ausmaßen und Effektivität von Reiseeinschränkungen [6].

Neben den Eigenschaften der Vorschriften kann man auch sekundäre Auswirkungen versuchen vorherzusagen [4]. Bei Quarantänenvorschriften liegt es nahe, dass die Betroffenen mehr Zeit in ihrem Haushalt verbringen und so dort eine höhere Chance haben andere zu infizieren. Social distancing sollte ähnliche Folgen haben. Bei Schließung von Schulen könnte es zusätzlich mehr Kontakte in der Freizeit für die Betroffenen geben, da diese nun soziale Interaktion außerhalb der Schulzeit austragen müssen.

## 3.3 Abstraktionslevel

Mit verschiedenen Implementierungen sind verschieden Abstraktionslevel verbunden. Wie bisher beschrieben gibt es viele Entscheidungen was man in sein Modell mit einbinden möchte. Mit jedem vernachlässigten Punkt entfernt sich das Modell weiter von der Realität, kann aber durch dessen gewonnene Simplität verschiedene Einsichten oder eine effizientere Simulation liefern. Einfach homogene Agenten zu benutzen kann bereits mehr als genug sein, allerdings bringen z.B. Altersverteilungen besser angepasste Modelle. Hier bestehen die größten Unterschiede bereits bei der Wahl der Simulationsfläche, bei der zum einen eine quadratische Kleinstadt[5] und zum anderen ganze Länder mit akkuraten Menschenverteilungen simuliert wurden [6] (Abb.2).



**Abb. 2.** Modell der quadratischen Kleinstadt aus Abschnitt 4 im Vergleich zu einem Modell der USA [6]

### 3.4 Ergebnisse und Auswertung

Mit den Resultaten der Simulationen kann man schließlich die Effektivität seiner gewählten Maßnahmen und die Auswirkungen bei bestimmten Annahmen bewerten. Die Anzahl der direkten Todesfälle steht hier weiterhin im Vordergrund. Die medizinische Auslastung beeinträchtigt neben ihrer direkten Auswirkung auf die Behandlung der Krankheit, auch die Fähigkeit andere, alltägliche Patienten zu behandeln. Als drittes Hauptmerkmal gibt es noch die Pandemiedauer [4], welche bestimmt bis zu welchem Zeitpunkt Einschränkungen in Kraft bleiben, und somit z.B. wirtschaftliche Schäden anrichten.

Wie zu erwarten weisen die meisten Versuche positivere Werte auf als die Vergleichswerte eines Kontrolldurchlaufs ohne irgendwelche Modifikationen. Zusammen können verschiedene Eingriffe auch wiederum nicht-linear aufaddieren. So müssen nach der ersten Auswahl auch die Kombinationen mehrerer Maßnahmen getestet werden. Dies sollte auch für alle begründeten Szenarien der weiteren Entwicklung der Krankheit durchgeführt werden, um auf solche Veränderungen reagieren zu können [6]. Da die meisten Modelle nicht deterministisch sind und sich einzelne Durchläufe stark unterscheiden können, sind mehrere Iterationen jedes Versuches notwendig um sicherere Aussagen treffen zu können.

Nach diesem ausgiebigen Erforschen, sollte man so nun in der Lage sein effektive Kombinationen zu ermitteln. Dazu zählen verschiedene Merkmale der einzelnen Implementierungen, wie Schwellenwerte der Anzahl an erkannten Fällen, zu welchen bestimmte Regelungen in Kraft treten sollten [4]. So stellt man sicher, dass diese nicht willkürlich voreilig abgeschafft werden, und überhaupt erst rechtzeitig passieren.

Die Resultate liefern direkt hilfreiche Vorhersagen über die benötigten Vorbereitungen welche nötig sind, um beispielsweise die Anzahl an Kranken zu versorgen, selbst wenn dies nicht realistisch komplett zu bewältigen ist. Es kann, in Zusammenhang mit einem Zeitplan für die Entwicklung, die benötigte Produktion an Impfstoff bestimmt werden, um einen ausschlaggebenden Einfluss auf den Verlauf der Epidemie zu haben [6][4].



### 3.5 Validierung anhand SIR-Modell

Das originale SIR-Modell [7] bestimmt die anfälligen, infizierenden und erholten Teile der Bevölkerung mithilfe von Differenzialgleichungen, und sollte mit ähnlichen Parametern auch ähnliche Bilder liefern, womit sichergestellt werden kann, dass die Simulation nicht allzu abwegig ist. Dabei ergibt die Summe der Anfälligen, Infizierten und Erholten immer die konstante Gesamtbevölkerung.

Die Veränderung in der Anzahl an Anfälligen ist dabei proportional zum Produkt der Anfälligen und Infizierten, da ein Anstieg in mindestens einer dieser Gruppen zu mehr Infektionen führt. Es erholen sich immer ein bestimmter Anteil der Infizierten, bei einer festen Infektionsdauer ist dies stets derselbe Prozentsatz. Zusammen mit der konstanten Gesamtbevölkerung lässt sich aus diesen zwei Größen auch die Anzahl an Infizierten ermitteln.

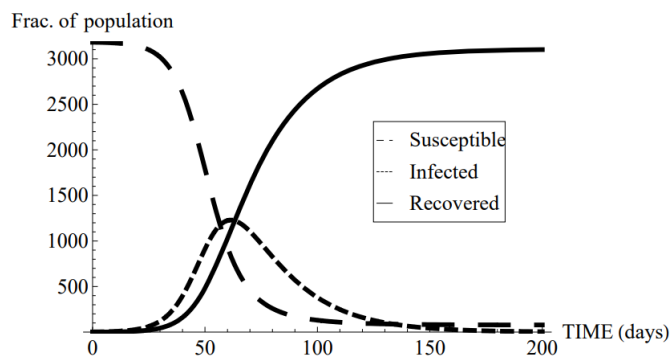


Abb. 3. Beispiel einer SIR-Evaluation mit typischer Form [7]

## 4 Beispiel einfache Implementierung

Im folgenden werden die Grundlagen eines einfachen Modells zur Epidemiesimulation [10] präsentiert. Diese basieren auf der Python-Bibliothek Mesa und dem Aufbau einer anderen Implementierung [9]. Die Visualisierung wird von der Bokeh Bibliothek und der Vorlage mit wenigen Änderungen übernommen. Das Programm besteht aus einer Klasse für das Modell, welche alle Eigenschaften der Simulation speichert, und einer Klasse für die Agenten, welche deren Verhalten bestimmt.

Die Simulationsfläche ist ein beliebiges Rechteck welches in einzelne Zellen aufgeteilt ist, auf welchen sich die aktiven Agenten befinden. Um die Visualisierung verständlicher zu machen, darf sich zu jedem Zeitpunkt nur maximal ein Agent auf einer Zelle befinden. Die Umgebung eines Agenten besteht aus den acht Zellen welche an dessen Position angrenzen. Die Fläche läuft an den Kanten auf die gegenüberliegende Seite über, also bleibt die Größe jeder Umgebung jedes Agenten immer gleich.



## 4.1 Basis

Zu Beginn werden die angegebene Anzahl an Agenten auf zufällige, leere Positionen verteilt, dem Scheduler hinzugefügt, und ein vorgegebener Anteil der Gesamtbevölkerung infiziert:

```
1 def __init__(self, N=500, width=50, height=50, infected_start=0.01, ...):
2     for i in range(N):
3         a = MyAgent(i, self)
4         self.schedule.add(a)
5         while len(self.grid.get_cell_list_contents([(x,y)])) != 0:
6             x = self.random.randrange(self.grid.width)
7             y = self.random.randrange(self.grid.height)
8             self.grid.place_agent(a, (x,y))
9         if i < N * infected_start:
10             a.state = State.INFECTED
11             a.recovery_time = self.get_recovery_time()
```

Die Erholungszeit von einer Infektion basiert auf einer Normalverteilung.

Der Scheduler lässt bei jedem Schritt jeden aktiven Agenten bestimmte Aktionen ausführen. Hier bestehen diese zuerst aus dem Fortschreiten einer möglichen Infektion:

```
1 if self.state == State.INFECTED:
2     dead = self.model.death_rate > random.random()
3     if dead:
4         self.model.dead_agents += 1
5         self.model.schedule.remove(self)
6         self.model.grid.remove_agent(self)
7     elif self.model.schedule.time - self.infection_time >= self.recovery_time:
8         self.state = State.RECOVERED
```

Jeder Infizierte hat eine feste Chance in jedem Schritt zu sterben, diese wird im weiteren auf 1% gesetzt sein. In diesem Fall werden sie von der Fläche und dem Scheduler entfernt und in die Statistik des Modells aufgenommen. Ansonsten wird geprüft ob sie lange genug infiziert waren um sich nun erholt zu haben.

Als nächstes versuchen die Agenten sich in eine beliebige, angrenzende Zelle zu bewegen. Falls diese bereits voll ist, bleiben sie stehen. Mit mehr angrenzenden Agenten steigt die Wahrscheinlichkeit, dass dies passiert. Es macht intuitiv auch Sinn, sich weniger gern von anderen, mit welchen man gerade interagiert, entfernen zu möchten:

```
1 neighborhood = self.model.grid.get_neighborhood(self.pos, ...)
2 new_position = random.choice(neighborhood)
3 if len(self.model.grid.get_cell_list_contents([new_position])) == 0:
4     self.model.grid.move_agent(self, new_position)
```

Zuletzt wird noch überprüft ob infizierte Agenten sich nun in Reichweite anderer, anfälliger Agenten befinden und diese womöglich, mit einer festen Chance, anstecken:

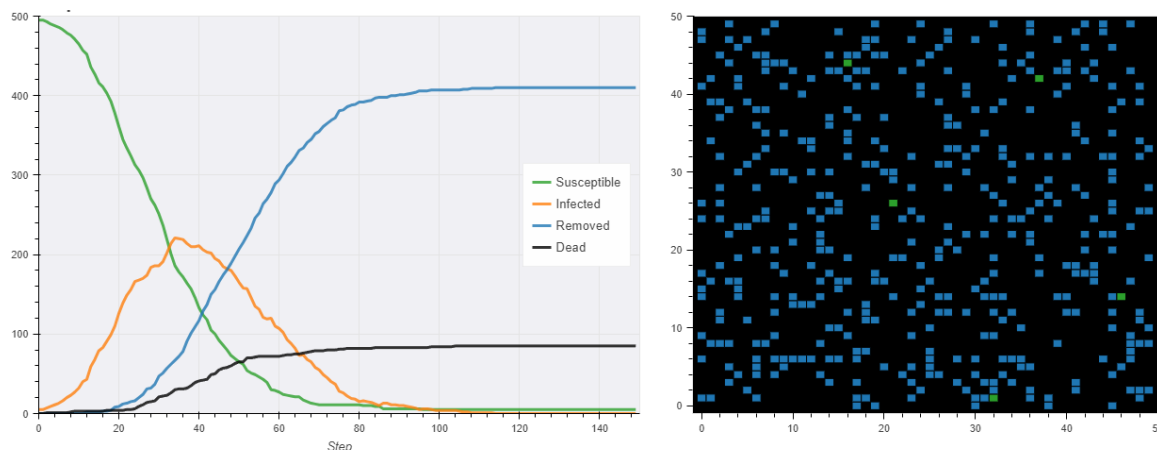
```
1 if self.state == State.INFECTED:
2     neighborhood = self.model.grid.get_neighborhood(self.pos, ...)
3     neighbours = self.model.grid.get_cell_list_contents(neighborhood)
```

```

4     for other in neighbours:
5         if other.state is State.SUSCEPTIBLE:
6             if self.model.p_transmission > random.random():
7                 other.state = State.INFECTED
8                 other.infection_time = self.model.schedule.time
9                 other.recovery_time = self.model.get_recovery_time()

```

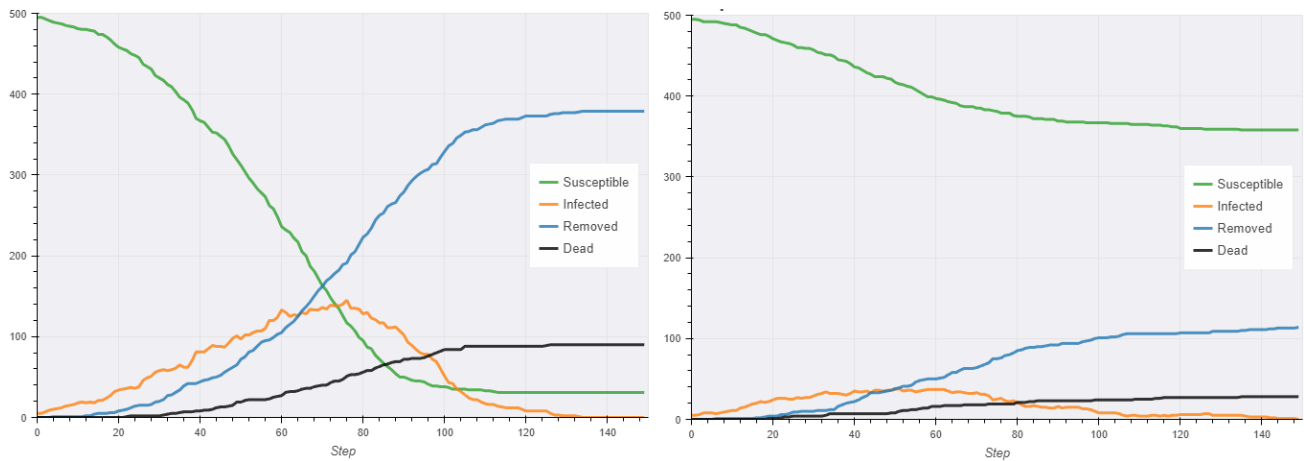
Damit ist die Basis des Modells bereits fertiggestellt. Bei einer ersten Simulation erhalten wir nun einen Graphen welcher die Größen der einzelnen Gruppen darstellt, und uns somit bereits Daten über den Verlauf der modellierten Pandemie liefert (Abb.4,links). Diese stimmt auch schon gut mit dem SIR-Modell [7] überein und ähnelt anderen ABM [4][5]. Auch dargestellt (Abb.4,rechts) ist der Endzustand der Agenten auf dem Feld. Neben einem einfachen Aufbau der Simulation hat uns ABM nun auch einen Einblick in das Verhalten der Agenten während der Simulation geliefert. So kann man den Ablauf per Animation mitverfolgen [10] und beobachten was die Agenten genau tun.



**Abb. 4.** Simulationsergebnisse für Ansteckungschance 25%, Todesrate 1%, auf einem 50x50 Feld

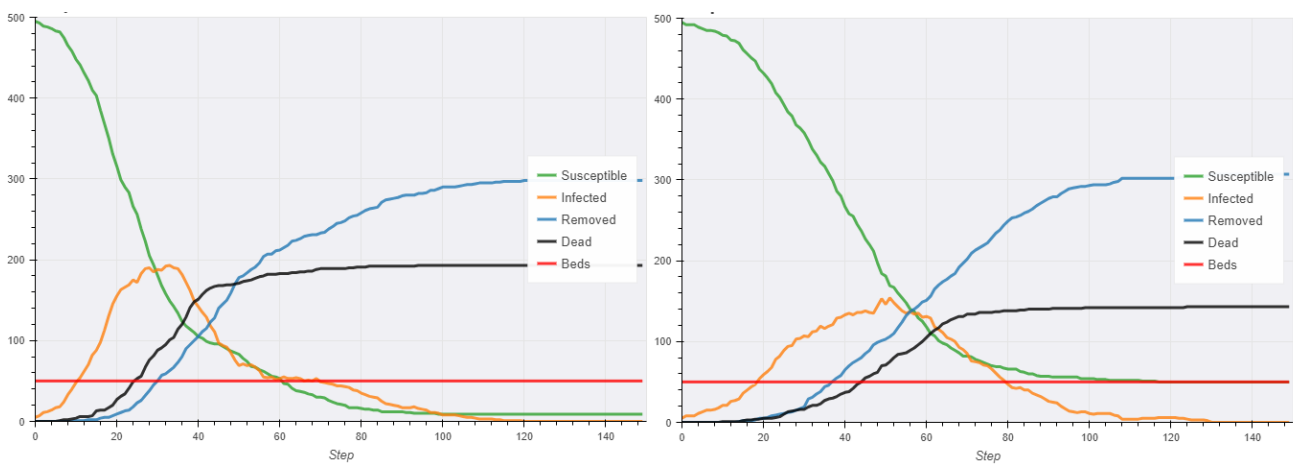
## 4.2 Erweiterung

Zunächst wollen wir uns die Ergebnisse von Simulationen mit verschiedenen Ansteckungschancen anschauen (Abb.5). Man erkennt deutliche Unterschiede in der Ansteckungsrate. Bei 25% (Abb.4) steigt diese am schnellsten an, für 15% und 5% nimmt die Anzahl an gesunden Agenten viel langsamer ab. Nur mit 5% ist die Rate klein genug, damit es gar nicht erst zu einer Pandemie kommt und der Großteil der Bevölkerung überhaupt nicht krank wird. Somit ist auch die Anzahl an Toten entsprechend klein. Diese Anzahl unterscheidet sich allerdings bei den beiden anderen Fällen praktisch gar nicht, obwohl es durch die hohe Auslastung zu mehreren Toten im ersten Fall kommen sollte, wie man es auch bei den vorherigen Studien [4] sehen kann.



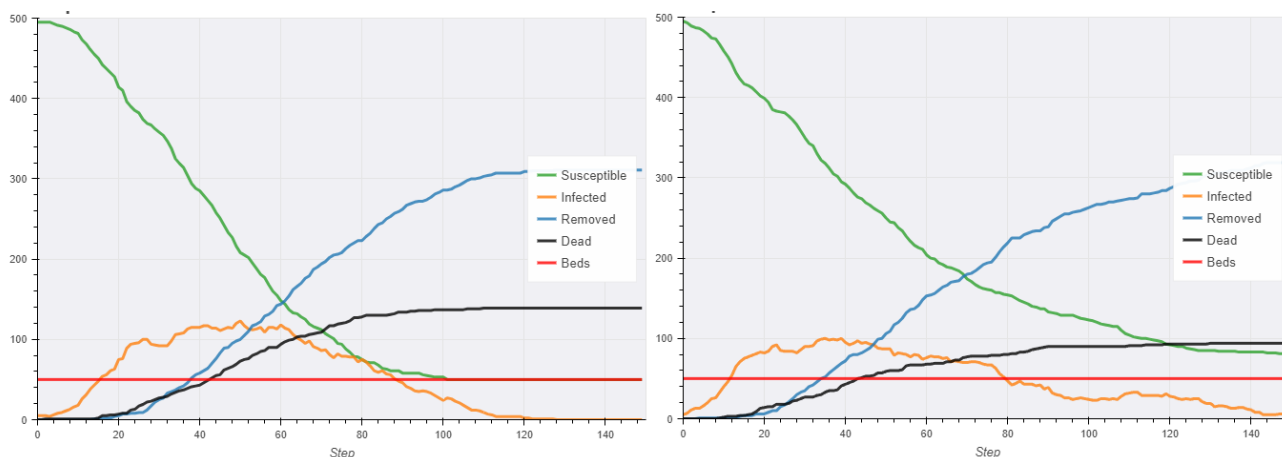
**Abb. 5.** Simulationsergebnisse für Ansteckungschancen 15% und 5%

Um so eine Überlastung zu modellieren, führen wir eine Bettanzahl ein, die bestimmt, bis zu welcher Anzahl an Infizierten diese noch angemessene Behandlung erhalten können. Sollte diese Zahl überschritten werden, so steigt auch die Todesrate proportional zum Verhältnis zwischen Infizierten und der Bettanzahl an. Wir setzen die Bettanzahl auf 10% der Bevölkerung. Diese ist im Vergleich zu genaueren Modellen [4] sogar noch deutlich zu hoch, liefert dennoch erkennbare Unterschiede. Nun erkennt man (Abb.6) auch Unterschiede in der resultierenden Anzahl an Toten. So kann man in unserem Programm ebenfalls eine Korrelation zwischen Ansteckungschance und Anzahl an Toten erkennen. Diese geringere Infektionsrate kann als Modellierung des Tragen von Masken oder ähnlichen Maßnahmen, aber auch der Krankheit selber, angesehen werden. In Abhängigkeit von sich verändernden Annahmen erhalten wir so passende Prognosen zum Verlauf der Epidemie.



**Abb. 6.** Simulationsergebnisse für Ansteckungschancen 25% und 15%, Bettanteil je 10%

Mit unserem, nun genaueren, Modell können wir weitere Maßnahmen testen. So beispielsweise eine Reisebeschränkung. Wie nehmen an, dass diese 50% der Bewegungen verhindert bevor die Agenten sich entscheiden wo sie sich im nächsten Schritt hinbewegen möchten. Außerdem testen wir noch eine zusätzliche Einschränkung für infizierte Personen, welche für diese insgesamt 75% beträgt, also die Chance sich zu bewegen noch einmal weiter halbiert. Man erkennt eine Senkung der Totenanzahl in Abhängigkeit der Härte der Einschränkung (Abb.7), womit wir nun schließlich unsere selber entwickelten Maßnahmen anhand eines ABM begründen können.



**Abb. 7.** Simulationsergebnisse für Ansteckungschance 25%, Bettanteil je 10%, Reiseeinschränkungen je 50%, rechts zusätzlich 75% Reiseeinschränkung für Infizierte

## 5 Diskussion zur Implementierung

Auf den ersten Blick sind die Ergebnisse konsistent mit anderen Ergebnissen [4][5] und dem SIR-Modell [7]. Die sinnvoll erscheinenden Maßnahmen haben positive Änderungen zur Folge, welche auch gut nachzuvollziehen sind. Es bietet somit vorerst eine gut Grundlage, und trotz seiner einfachen Entwicklung konnte ein komplexer Zusammenhang dargestellt werden. Mit dem so aufgebauten Vertrauen in die Ergebnisse lassen sich nun weitere Ideen implementieren, und ihre Wirksamkeit vertrauenswürdiger bewerten, bei den gezeigten Fällen auch nur einfach anhand der Zahl der Todesopfer.

Bei einem so einfachen Modell gibt es natürlich Kritik. Das Modell ist mit 500 Agenten noch ziemlich klein und somit anfälliger für Ausreißer. Wir haben hier immer nur ein Ergebnis betrachtet, weshalb man sich nicht sicher sein kann, dass dieses das Modell immer akkurat repräsentiert.

Die Werte, besonders für die Länge der Krankheit und Todeschance pro Tag sind ziemlich willkürlich gewählt. Die mittlere Todeschance pro Infektion beträgt hier ungefähr 18% wenn man die Bettkapazität nicht beachtet, was deutlich höher als realistisch, aber gut zur Veranschaulichung ist.

Das Programm könnte auch in anderen Bereichen erweitert werden. Die Agenten könnten anstatt sich nur in ihrer Krankheitsdauer auch in anderen Verhalten unterschiedlicher sein. Bereits in der Vorlage eingebaut war eine Altersverteilung, welche aber nicht weiter genutzt wurde. Bei längeren Pandemien könnte man auch nach einiger Zeit die geheilten Agenten wieder anfällig für Ansteckungen machen. Die Daten können immer genauer und die Simulationsfläche weniger quadratisch sein.

## 6 Zusammenfassung

Das entscheidende Merkmal von ABM ist ihre Simplizität. Sie sind in der Lage auch komplizierte Sachverhalte einfach darzustellen. Insbesondere haben sie einen großen Vorteil bei heterogenen Akteuren, mit wechselndem Verhalten. Dieses Verhalten ist dabei nicht zentral bestimmt, sondern hängt von den Umständen jedes Agenten ab. Außerdem lassen sich ABM leicht erweitern. Beim Verändern von einfachen Eingabeparametern wie einer Infektionsrate ist dies selbstverständlich. Darüber hinaus können aber kompliziertere Bedingungen modelliert werden, wie z.B. eine Veränderung im typischen Alltag eines Agenten. Aber selbst wenn man in der einfachen Implementierung nur Wände hinzufügen möchte, welche die Mobilität behindern, ist dies praktisch nur mit ABM möglich. Zu Beachten ist dabei, ein richtiges Abstraktionsniveau zu wählen, und sinnvolle Randbedingungen anzunehmen, was durchaus der komplizierteste Teil der Arbeit ist.

## Literatur

1. Macal, C. & North, Michael. (2010). Tutorial on agent-based modelling and simulation. J. Simulation. 4. 151-162. 10.1057/jos.2010.3. 2, 4
2. Kai Nagel, Michael Schreckenberg. A cellular automaton model for freeway traffic. Journal de Physique I, 1992, 2 (12), pp.2221-2229. ff10.1051/jp1:1992277ff. ffjpa-00246697 2
3. "Nagel-Schreckenberg-Modell" Wikipedia. 2  
[https://de.wikipedia.org/wiki/Nagel-Schreckenberg-Modell#Beispiel\\_f%C3%BCr\\_den\\_Ablauf\\_einer\\_Runde](https://de.wikipedia.org/wiki/Nagel-Schreckenberg-Modell#Beispiel_f%C3%BCr_den_Ablauf_einer_Runde) (22. Juli 2023)
4. Neil M Ferguson, Daniel Laydon, Gemma Nedjati-Gilani et al. Impact of non-pharmaceutical interventions (NPIs) to reduce COVID-19 mortality and healthcare demand. Imperial College London (16-03-2020), doi: <https://doi.org/10.25561/77482> 4, 5, 6, 7, 10, 11, 12
5. Alzu'bi, Amal & Abu Alasal, Sanaa & Watzlaf, Val. (2020). A Simulation Study of Coronavirus as an Epidemic Disease Using Agent-Based Modeling. Perspectives in health information management / AHIMA, American Health Information Management Association. 18. 4, 5, 6, 10, 12
6. Ferguson, N., Cummings, D., Fraser, C. et al. Strategies for mitigating an influenza pandemic. Nature 442, 448-452 (2006). <https://doi.org/10.1038/nature04795> 4, 5, 6, 7
7. Ross, B., Cametria, W., Michael, A., Marissa, C., Anthony, J., & GhanS, B. (2013). Modeling epidemics with differential equations. Tennessee State University Internal report. 8, 10, 12
8. Bonabeau, Eric (2002). Agent-based modeling: Methods and techniques for simulating human systems. Proceedings of the national academy of sciences, 99(suppl\_3), 7280-7287. 1
9. Damien Farrell, "A simple agent based infection model with Mesa and Bokeh" Bioinformatics and other bits. 8  
<https://dmnfarrell.github.io/bioinformatics/abm-mesa-python> (22. Juli 2023)
10. [https://github.com/Eric-Sirbu/simple\\_abm](https://github.com/Eric-Sirbu/simple_abm) 8, 10