

Bridges or Walls?

Autoren

Johann Ioannou-Nikolaides

Martin Trifonov

Julian Wykowski



Inhaltsverzeichnis

1 Elevator Pitch	2
2 Inspiration	2
3 What it does?	2
4 How we built it?	2
5 Challenges we ran into?	2
6 Accomplishments that we're proud of	2
7 What we learned	2
8 What's next for Walls not Bridges?	2
9 Simulation	2
10 Daten	4
11 Beispiele	4
12 Quellen	6

1 Elevator Pitch

Interaktive Simulation zur Schließung von Grenzen, Ausgangssperren und deren Folgen für die Ausbreitung des Coronavirus. Veranschaulichung dieser Einflüsse auf ganz Europa!

2 Inspiration

Wie können wir mit unseren Stärken aus den Bereichen Mathematik, Physik und Design zur Bewältigung der Corona-Krise beitragen? Mit diesem Gedanken sind wir an den #WirVsVirus Hackathon herangegangen. Herausgekommen ist eine Simulation, die spielerisch erklärt, wie Reisen die Ausbreitung des Virus beeinflusst und dadurch ein besseres Verständnis für die Beschränkung des öffentlichen Lebens durch Grenzsicherungen und Ausgangsbeschränkungen vermittelt.

3 What it does?

Die Simulation ermöglicht es die Ausbreitung des Virus vorherzusagen. Sie beantwortet Fragen, die wir uns täglich stellen: Wie beeinflussen Grenzsicherungen die Ausbreitung? Wieso ist es wichtig Reisen zu minimieren?

4 How we built it?

Python, Javascript und Daten des Statistische Amtes der Europäischen Union (Eurostat).

5 Challenges we ran into?

Von Beginn an haben wir uns gefragt, wie wir es über Ländergrenzen hinweg in kurzer Zeit schaffen können mit simplen Annahmen ein unvoreingenommenes Modell zu erstellen.

6 Accomplishments that we're proud of

Vereinigung dreier Aspekte:

1. Mathematische Beschreibung der Pandemie durch Diffusion auf Graphen mithilfe des SIR Modells.
2. Beschreibung eines komplexen Systems durch einige wenige Kerngrößen, welche die Dynamik des Systems beschreiben. Welche Annahmen können wir treffen? Was sind die Grenzen des Modells?
3. Information Engineering. Fokus: Erklärung der Ausbreitung für eine breite Masse. Graphische Darstellung mit intuitivem Interface.

7 What we learned

Abstraktion und Reduzierung eines komplexen Systems auf eine nachvollziehbare, verständliche und aussagekräftige Darstellung. Gemeinsam ist Europa stark! Maßnahmen sind effektiv, wenn sie von allen Ländern getragen werden.

8 What's next for Walls not Bridges?

Wie wirkt es sich aus, wenn viele EU-Bürger bei plötzlichen Ausrufungen von Ausnahmezuständen in ihre Heimat wollen?

9 Simulation

In der Epidemiologie kann man nicht jede Person einzeln betrachten, da die Gesamtzahl der Personen zu groß ist. Man unterteilt sie deshalb in Gruppen, die sich gleich verhalten. Das ermöglicht es einen guten Überblick über das gesamte System zu erhalten. Fragen, wie "Ist Person XY zum Zeitpunkt t infiziert?" ergeben deshalb wenig Sinn. Relevante Fragen sind z.B.: "Wie viele Personen im Land X sind zum Zeitpunkt t infiziert?" oder "Welche Konsequenzen haben gewisse Maßnahmen auf die weitere Ausbreitung der Pandemie?". Das bedeutet

zwar, dass die Vorhersagen des Modells nicht exakt sind, die Dynamik des Systems, die sonst in der Masse verloren ginge, lässt sich dadurch aber besser aufzeigen.

Die Simulationen basieren auf dem SIR-Modell. Das SIR-Modell basiert auf drei Gruppen:

S für die Anzahl der anfälligen Personen, die sich mit der Krankheit anstecken können

I für die Anzahl der infektiösen Personen, welche die Krankheit übertragen können

R für die Anzahl der geheilten (oder immunen) Personen. Unter die letzte Klasse fallen auch die Todesopfer der Krankheit, da sie weder an der Krankheit erkranken können, noch die Krankheit übertragen können. Dadurch ist die Zahl der Individuen

$$S(t) + I(t) + R(t) = N \quad (1)$$

immer konstant.

Um den Ausbruch einer Pandemie zu verstehen zu können, müssen wir wissen, wie sich die Anzahl der Personen in den einzelnen Gruppen mit der Zeit verändert.

$$\frac{dS}{dt} = -\beta \frac{SI}{N} \quad (2)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta \frac{SI}{N} - \gamma I \quad (3)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I \quad (4)$$

wobei β und γ Konstanten sind, die beschreiben wie schnell sich die Krankheit verbreitet, und wie lange die Krankheit andauert. Besonders signifikant ist hierbei der Faktor $R_0 = \frac{\beta}{\gamma}$, der den Erwartungswert der Anzahl an Menschen die ein zufälliger Infizierter ansteckt beschreibt.

Der Sprung: Wir haben dieses bekannte Modell nicht (wie üblich) nur in der Zeitdimension und in einem isolierten System betrachtet, sondern als Diffusionsgleichung auf einem gewichteten Graphen angewandt. Ein gewichteter Graph ist eine Menge an Knoten (in unserem Fall Staaten) und Kanten, also Verbindungen zwischen Staaten. Diese Kanten werden an Hand der jeweiligen Reisedaten gewichtet, d.h. eine Verbindung zwischen zwei Staaten trägt die durchschnittliche Anzahl an Reisenden (zwischen diesen Staaten) an einem Tag als Wert. So können wir den Graphen als eine symmetrische $n \times n$ -Matrix A (im Üblichen bezeichnet als Adjazenzmatrix") darstellen, wobei n die Gesamtzahl der betrachteten Staaten ist, und A_{ij} die durchschnittliche Zahl an Reisenden an einem Tag zwischen den Staaten i und j ist. Wir machen hier die vereinfachte Annahme, dass $A_{ij} = A_{ji}$ ist, sodass die Gesamtzahl an Menschen innerhalb der jeweiligen Staaten konstant bleibt. Gibt es in der Realität einen Unterschied zwischen diesen Werten, so ersetzen wir beide durch ihren Durchschnitt.

Hierdurch können wir jetzt die Differenzialgleichungen so modifizieren, dass sie die Reisebewegung der Menschen zwischen den einzelnen Staaten einbezieht. Wir nehmen an, dass sich an jedem Tag zwischen Staaten i und j A_{ij} Menschen bewegen werden, und dass diese repräsentativ für die Bevölkerung sind, was S , I und R Werte angeht. Beispielsweise heißt das, dass von Staat i nach Staat j an einem Tag $A_{ij} \frac{I_i}{N_i}$ Infizierte fahren. Im Allgemeinen, falls wir $S_i(t)$, $I_i(t)$ und $R_i(t)$ als die Anzahl an Anfälligen, Infektiösen bzw. Genesenen/Verstorbenen in einem Staat i bezeichnen, und als $N_i(t)$ als die (konstante) Gesamtbevölkerung des Staates i sehen, führt uns das zu den neuen Differenzialgleichungen:

$$\frac{dS_i}{dt} = -\beta_i \frac{SI}{N} + \sum_{i=1}^n A_{ij} \left(\frac{S_j}{N_j} - \frac{S_i}{N_i} \right) \quad (5)$$

$$\frac{dI_i}{dt} = \beta_i \frac{SI}{N} - \gamma I + \sum_{i=1}^n A_{ij} \left(\frac{I_j}{N_j} - \frac{I_i}{N_i} \right) \quad (6)$$

$$\frac{dR_i}{dt} = \gamma I + \sum_{i=1}^n A_{ij} \left(\frac{R_j}{N_j} - \frac{R_i}{N_i} \right) \quad (7)$$

wobei β_i und γ_i die Koeffizienten innerhalb des Staates i sind. Diese hängen von den Maßnahmen ab die dieser Staat einführt (z.B. Ausgangsbeschränkungen), und daher den Erwartungswert R_0 in diesem Staat beeinflussen. Nun lösen wir diese mit einer simplen Time-Marching Methode, also nach der Taylor-Formel

$$f(t + \Delta t) = f(t) + \Delta t \cdot f'(t)$$

auf, wobei wir Δt als einen Tag nehmen. Hierdurch generieren wir ein Modell, welches die Ausbreitung von COVID-19 zwischen den Staaten Europas beschreibt. Möchten wir jetzt Maßnahmen die ein Staat innerhalb

seiner Grenzen einführt (z.B. Ausgangsbeschränkungen) modellieren, können wir an einem **beliebigen Zeitpunkt** während der Berechnung den Wert $R_0 = \frac{\beta_i}{\gamma_i}$ in diesem Staat ändern. Möchten wir Grenzenschließung eines Staates i einführen, so können wir ebenfalls an einem **beliebigen Zeitpunkt** während der Berechnung die Reihe und Spalte mit Index i in A auf Null setzen. Hierdurch erreichen wir eine Simulation, in der wir den Einfluss verschiedener Ereignisse innerhalb und zwischen europäischen Staaten beschreiben können.

10 Daten

Um eine realistische Simulation zu erhalten, muss diese mit echten Daten zu den Reisen der Menschen gefüttert werden. Grundsätzlich ist hier die Abstraktion das Ziel. Wir könnten zwar jeder Person ein spezifisches Reiseziel in Europa zuordnen, doch das würde ein großes chaotisches System ergeben, aus dem sich keine Schlüsse ziehen lassen. Deshalb geht es auch bei den Daten darum, diese auf das Wesentliche zu reduzieren.

Welche Länder beachten wir?

84,3% der Reisen der EU-Bürger haben als Ziel ein anderes EU-Land.[1] Deshalb betrachten wir nur Reisen zwischen den einzelnen EU 27+1-Ländern und der Schweiz und Norwegen. Ab hier bezeichnen wir die 27+1 EU Länder, die Schweiz und Norwegen als Europa. Diese Entscheidung ist nicht politisch motiviert.

In welche Gruppen unterteilen wir alle Bürger Europas?

Wir unterteilen die Bürger Europas nach Nationalität ein. Trends in der Bewegung der Europäer korrelieren stark mit ihrer Nationalität.[1]

Wieso spielen Reisen eine wichtige Rolle bei der Ausbreitung der Pandemie?

Der freie Personenverkehr ist ein Grundrecht, das durch den Vertrag über die Arbeitsweise der Europäischen Union garantiert wird. Dieser ermöglicht es uns Europäern etwa 1,5 Milliarden Reisen innerhalb Europas in einem Jahr zu machen.[1] Ein Infizierter kann dabei das Virus in ein komplett neues Umfeld tragen. Das Contact Tracing wird durch die Reisefreiheit deutlich erschwert, weil man auf der Reise mit vielen Unbekannten interagiert.

Welche Reisen betrachten wir?

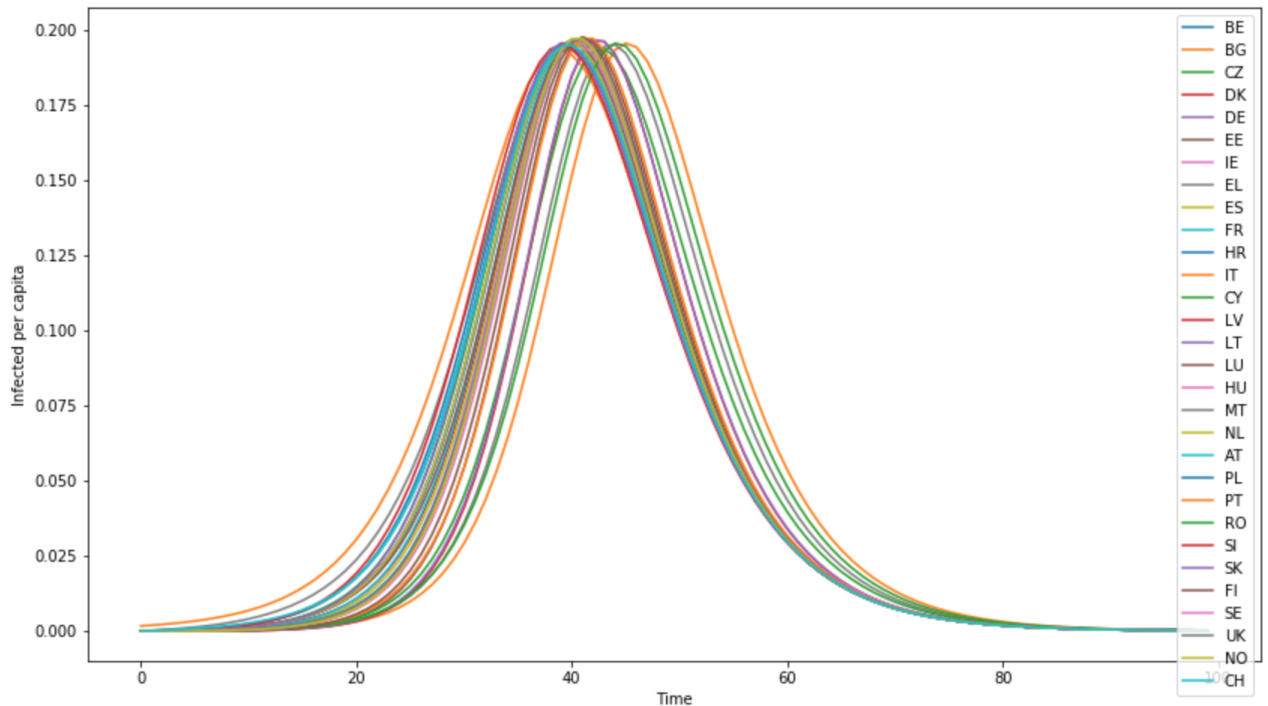
Wir betrachten nur die Top5 Reiseziele jedes Landes. Diese Reiseziele der Bürger eines europäischen Landes machen zwischen 45% und 80% aller Reisen aus dem jeweiligen Land aus.[1] Das erlaubt uns einen guten Überblick über die Dynamik der Reisen innerhalb Europas zu erhalten ohne viel Rechenleistung zu benötigen.

Wer ist der Patient Null? Wer der (oder die) Patient(en) Null in der Ausbreitung der realen Corona-Pandemie war(en), ist nicht eindeutig geklärt. Um die Simulation zu starten müssen wir den Patienten Null jedoch einem Land zuordnen. Alle Simulationen starten mit 100 Infizierten in Italien. Die Veränderung der Position und der Anzahl der Infizierten zu Beginn der Verbreitung ist noch nicht möglich, da wir keine Zeit hatten dies zu implementieren. Wir werden dies aber dies aber noch in Zukunft umsetzen.

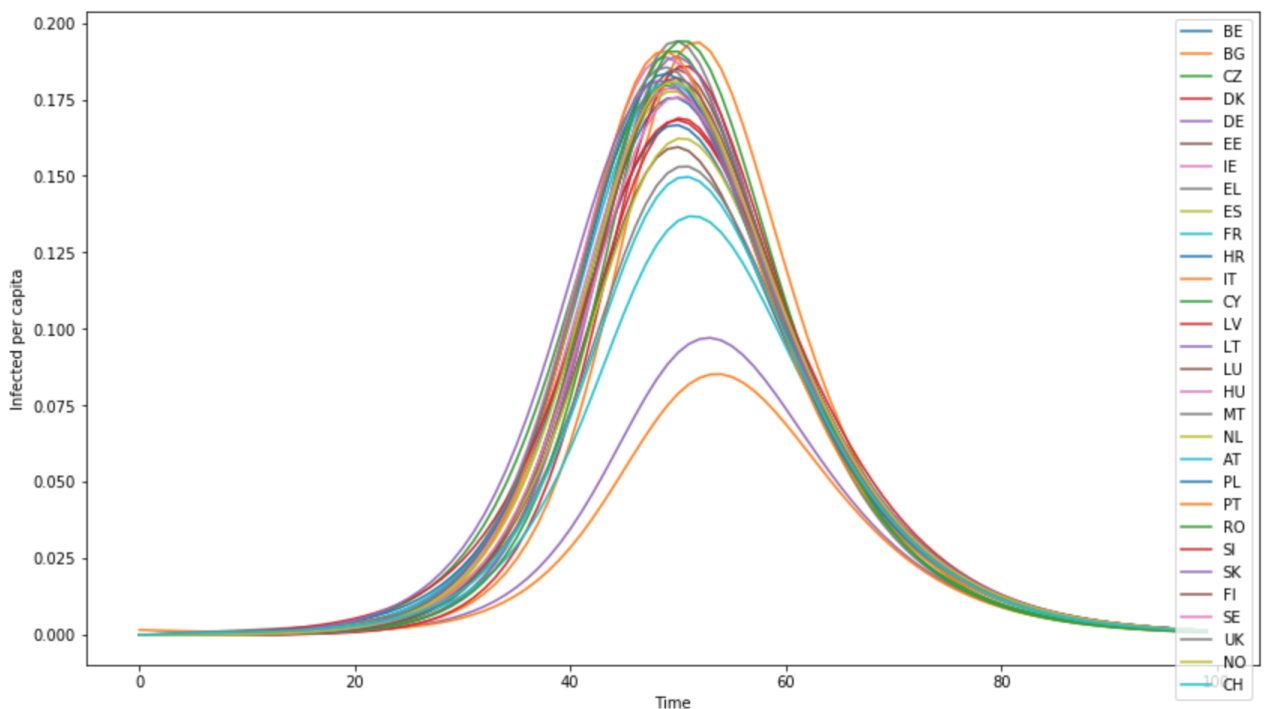
11 Beispiele

Wir betrachten . Wir zeichnen jeweils den Verlauf von $\frac{I_i}{N_i}$, also die Quotient der Infizierten pro Land, als Funktion der Zeit. Wir setzen den Basiswert von $R_0 = 2.2$, so wie das im Imperial-Bericht berechnet wurde.[2] Wir simulieren folgende Szenarien als Beispiele für die Reichweite und die Anzahl an möglichen Ergebnisse, die sich mithilfe unserer Simulation gewinnen lassen:

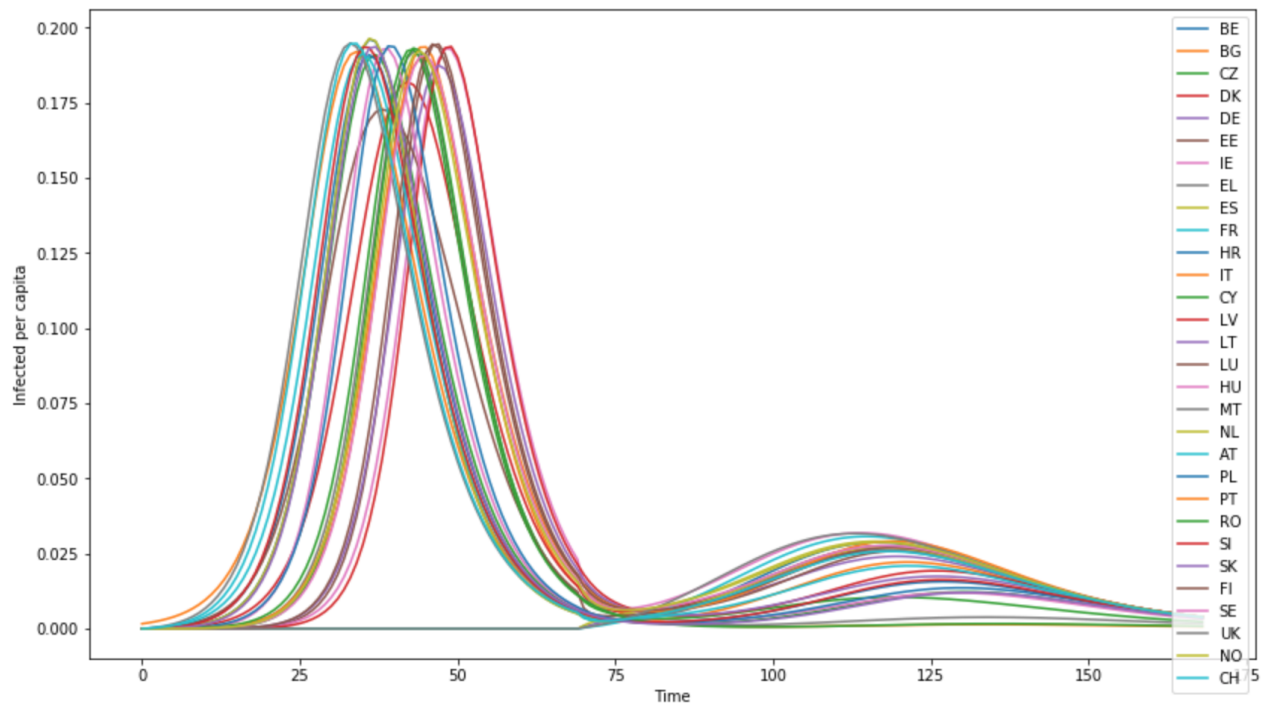
1. Kein Staat führt Maßnahmen ein. Der Verlauf der Infektion ist in allen identisch, nur etwas zeitlich verschoben.



2. Deutschland und Italien führen sofort komplette Ausgangsbeschränkungen ein, d.h. sie senken ihren R_0 -Wert von 2,2 zu 1,1.[2] Wir sehen dass diese zwei Staaten dadurch eine etwas verzögerte, aber vor allem um einiges flachere Kurve aufweisen, und einen nur halb so großen Maximalwert der Infizierten erreichen. Wir bemerken ebenfalls dass die Kurven anderer Staaten, besonders die von Österreich und der Schweiz ebenfalls um einiges flacher verlaufen, obwohl diese Staaten selber keine Beschränkungen eingeführt haben. Das ist ein primäres Beispiel dessen, wie die Maßnahmen einiger Staaten einen positiven **Einfluss auf andere haben**.



3. Deutschland, Frankreich, Großbritannien und Italien schließen ihre Grenzen am Tag 0 (bevor sie überhaupt infiziert waren) und öffnen sie am Tag 70 wieder. Wir sehen dass diese Staaten erst später durch die Pandemie gehen, aber dies etwa um den Faktor 5 geringer ausfällt, da der restliche Kontinent bereits eine "Herdenimmunität" aufweist. Wieder *beeinflusst die Situation in anderen Staaten* auch die anfangs isolierten Staaten nach der Wiedereröffnung ihrer Grenzen.



Viele weitere Simulationen sind mithilfe unseres Modells möglich.

12 Quellen

[1] Tourism statistics, *Eurostat, Statistics explained* © European Union, 1995-2013.

Impact of non-pharmaceutical interventions (NPIs) to reduce COVID-19 mortality and healthcare demand, *Imperial College COVID-19 Response Team*.