

Abschlussbeispiel Computational Statistics SS 2020

Simulationsmodell für die Ausbreitung einer Epidemie

Schreiben Sie ein R-Programm und ein Python Programm zur Berechnung von Simulationsszenarien für die Ausbreitung einer Epidemie.

Das Abschlussbeispiel soll in Gruppen von 3 Personen realisiert werden.

Problembeschreibung:

Wir betrachten $N = 5.000$ Personen einer Population im Zeitverlauf.

Aufgrund von sozialen Kontakten existieren zwischen den Personen Verbindungen, die zu einer potentiellen Übertragung einer Krankheit führen können.

Vereinfacht nehmen wir an, dass die Anzahl der Kontakte k , die eine Person pro Tag hat für jede Person konstant ist.

Szenarien sind für unterschiedliche Parameterwerte für k zu rechnen, um den Effekt der Reduktion sozialer Kontakte evaluieren zu können. Vorschlag $k = 5, 10, 20$

Jede Person hat zu jedem Zeitpunkt einen der folgenden Stati:

H	healthy – gesunde, aber nicht immunisierte Individuen
D_t	disease - seit t Tagen erkrankte, ansteckende Individuen
R	resistant - ehemalige Erkrankte, immunisierte Individuen
T	Tod verstorben an der Krankheit

Anmerkung: Todesfälle in der Population an anderen Krankheiten werden aus Gründen der Vereinfachung ausgeschlossen.

Die Simulation erfolgt in diskreter Zeit auf Tagesbasis.

Die Auslösung der Epidemie erfolgt am Tag 1, wo es m Infizierte im Zustand D_1 gibt.

Vorschlag $m = 1, 5, 10$

Folgende weitere Parameter sind relevant:

- Zufällige Krankheitsdauer (in dieser Zeit ist die Person krank und infektiös) gleichverteilt Im Intervall von 10 bis 15 Tagen.
- Übertragungsrate p , damit bezeichnen wir die Wahrscheinlichkeit einer Ansteckung pro Tag und pro Kontakt. Vorschlag $p = 0,10, 0,25$ oder $0,50$. Beispiel: Wenn eine Person $k=10$ Kontakte mit gesunden Personen hat und die Übertragungsrate sei $p = 0,25$ ist der Erwartungswert für die durch diese Person neu infizierten 2,5 Personen. Bereits erkrankte Kontaktpersonen (Status D, R) können nicht neuerlich angesteckt werden.
- Wahrscheinlichkeit der Gesundung versus Tod. Vorschlag 95% der Erkrankten überleben die Krankheit, während für 5% der Erkrankten die Krankheit mit dem Tod endet.

Vorgehensweise:

Schritt-1: Aufbau einer zufälligen Adjazenzmatrix der Dimension 5000 x 5000 mit Typ boolean, in welcher die Kontakte zwischen den Personen festgehalten sind. Ein Eintrag in der i-ten Zeile und j-ten Spalte gibt hierbei an, ob ein sozialer Kontakt zwischen der i-ten und der j-ten Person besteht.

Hinweis zum Aufbau der Adjazenzmatrix:

1. Anlegen einer boolean $N \times N$ Matrix initialisiert mit "FALSE"
2. Für alle Zeilenindizes der Matrix
 - Berechne einen Indexfilter für mögliche Kontakte in der jeweiligen Zeile: nur jene Indizes sind erlaubt, deren Spaltensumme kleiner k beträgt
 - weiters sind nur jene Indizes erlaubt, die sich in der Zeile rechts von der Diagonale befinden (z.B. in Zeile 5 sind nur Indizes 6 bis N möglich)
 - Berechnen der erforderlichen Anzahl neuer Einträge in der Zeile, damit die Gesamtanzahl der Einträge gleich k ist:
 $n_{\text{ZusätzlicheKontakte}} = (k \text{ minus aktuelle Anzahl bereits auf TRUE gesetzter Einträge in der Zeile})$
 - Durch eine ungünstige Abfolge des Matrix Aufbaus, kann die Situation entstehen, dass nicht in jeder Zeile exakt k Kontakte möglich sind.

Um diese Grenzfälle systematisch zu behandeln implementieren Sie die folgende Abfrage:

- WENN [$n_{\text{ZusätzlicheKontakte}} > 0$ UND $n_{\text{MöglicheNeueKontakte}}$ (= durch Indexfilter erlaubte Kontakte)] > 0 DANN
- i. $n_{\text{NeueKontakte}} = \text{MIN}(n_{\text{MöglicheNeueKontakte}}, k)$
 - ii. $n_{\text{NeueKontakte}}$ werden zufällig ohne Zurücklegen aus der Gesamtheit der noch in der Zeile möglichen Kontakte
 - iii. Setze die Werte an den Indexpositionen der gewählten Kontakte in der aktuellen Zeile auf TRUE
 - iv. Transponiere den Eintrag aus iii in den unteren Teil der Dreiecksmatrix. Die gewählte Indexposition der Spalte wird zum Zeilenindex und der Zeilenindex wird zum Spaltenindex und für dieses Element wird der Wert auf TRUE gesetzt - hierdurch wird eine spurlose, symmetrische Matrix konstruiert.

Anmerkung: Die Berechnung kann bei 5000 simulierten Personen 1-2 Minuten dauern. Daher ist zu empfehlen eine vorausberechnete Matrix zu speichern.

Schritt-2

Simulieren Sie den Epidemie-Verlauf anhand der vorausberechneten Adjazenzmatrix.

Wählen Sie zufällig die am Tag 1 initial infizierten Personen aus.

Am Tag 1 und an jeden folgenden Tag:

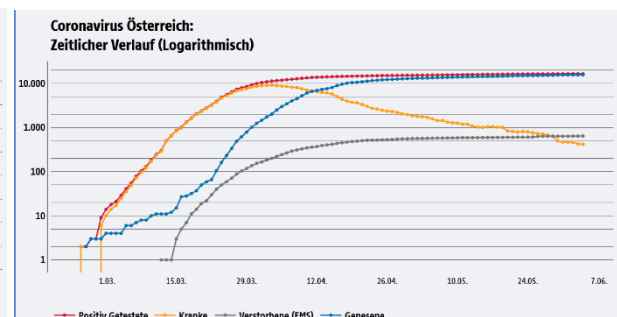
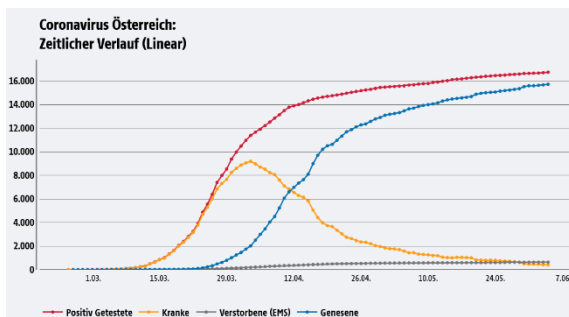
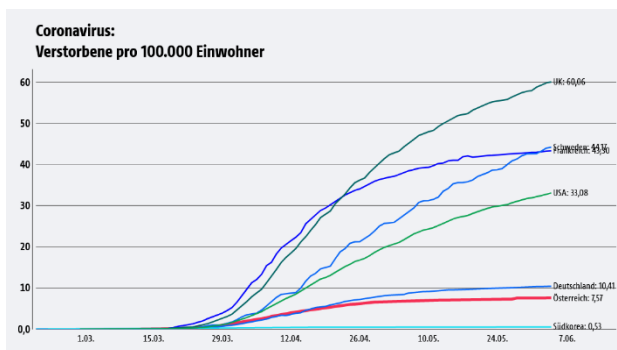
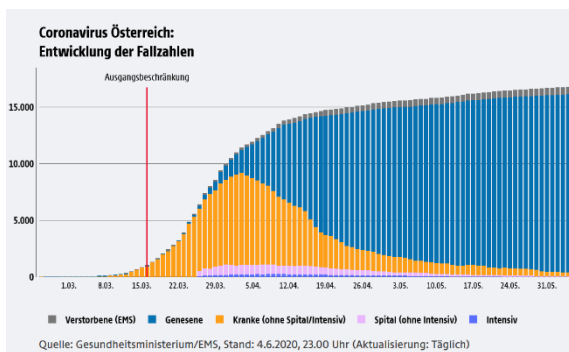
- Führen Sie für jeden Kontakt einer jeden Person eine Zufallsexperiment aus, um eine etwaige Ansteckung zu bestimmen. Nur aktuell infizierte Personen können ansteckend sein. Nur gesunde Personen, die noch nicht infiziert waren können angesteckt werden.
- Bei mehreren Kontakten mit Infizierten steigt die Wahrscheinlichkeit einer Ansteckung
- Dokumentieren Sie den zeitlichen Verlauf der Gesunden, Infizierten, Genesenen und Verstorbenen.

Zusammenfassung der Aufgabenstellung:

Erzeugen Sie zunächst die Adjazenzmatrix und simulieren Sie dann für verschiedene Parameter-Konstellationen den Epidemie-Verlauf.

Stellen sie den Epidemie-Verlauf mit aussagekräftigen Visualisierungen dar!

Orientieren sie sich dabei an den Grafiken, die rund um die Covid-19 Pandemie in den Medien zu finden waren:



Optionale Zusatzaufgaben:

Es steht Ihnen frei, dieses sehr einfache Grundmodell, durch weitere Annahmen und/oder Parameter zu erweitern.

Mögliche Ideen könnten sein:

- Modell für unterschiedliche Schwere des Krankheitsverlaufs erweitern: leicht – keine stationäre Behandlung; mittel – stationäre Behandlung in einem Spital; schwer - stationäre Behandlung auf einer Intensiv-Station.

Zusätzlicher Parameter: Wahrscheinlichkeitsvektor mit den Wahrscheinlichkeiten für die Schwere des Krankheitsverlauf

Erweitertes Reporting

- Isolation von Erkrankten ab dem x-ten Tag der Erkrankung; d.h. ab dem x-ten Tag der Erkrankung übertragen Erkrankte die Krankheit nicht mehr.

Zusätzlicher Parameter: x ab diesem Tag befinden sich Erkrankte in Quarantäne und können keine weiteren Ansteckungen auslösen

Zusätzliche Szenarien zum Effekt einer frühzeitigen Isolation für den Krankheitsverlauf