Hochschule für Angewandte Wissenschaften Hamburg
Hamburg University of Applied Sciences

Ausarbeitung AW1 - WiSe 2011/12

Carsten Noetzel

Multiagentensysteme in der Epidemiologie

Fakultät Technik und Informatik
Studiendepartment Informatik

Faculty of Engineering and Computer Science
Department of Computer Science

Inhaltsverzeichnis

1 Einführung **1**
- 1.1 Motivation . . . 1
- 1.2 Problemstellung . . . 2
- 1.3 Ziel der Ausarbeitung . . . 2

2 Grundlagen **3**
- 2.1 Begriffsklärung . . . 3
- 2.2 Vergleich zu anderen Ansätzen . . . 3
- 2.3 SIR-Modell . . . 4
- 2.4 Markov-Ketten . . . 5

3 Vorarbeiten **6**
- 3.1 Simulation der Influenza in Kunming 2009 (Wang u. a., 2010) . . . 6
- 3.2 Weitere Arbeiten . . . 8

4 Masterarbeit **10**
- 4.1 Aufgaben . . . 10
- 4.2 Risiken . . . 11
  - 4.2.1 Projektumfang . . . 11
  - 4.2.2 Modellierung . . . 11
  - 4.2.3 Performanz . . . 11
  - 4.2.4 Verfügbarkeit von Daten . . . 11

5 Zusammenfassung und Ausblick **12**

Literaturverzeichnis **13**

1 Einführung

1.1 Motivation

Die moderne Verkehrs-Infrastruktur erlaubt uns in nur kurzer Zeit große Strecken zurückzulegen, so kann man im Durchschnitt in nur acht Stunden mit einem Flug von Hamburg nach New York eine Distanz von 6147 Kilometern überbrücken.
Diese erhöhte Mobilität erlaubt es jedoch auch Krankheiten sich rasant zu verbreiten und im schlimmsten Fall zu einer Pandemie zu werden. Ein Beispiel hierfür ist das „Severe Acute Respiratory Syndrome“ (SARS), welches sich im Jahr 2002/2003 aufgrund der Flugverkehrs innerhalb von nur drei Tagen über vier Kontinente ausbreiten konnte (Gaber u. a., 2009) und 774 Todesfälle zur Folge hatte (Aleman u. a., 2009).
Auf regionaler Ebene sind es insbesondere die öffentlichen Verkehrsmittel die zur Ausbreitung von Infektionen beitragen. Der Nationale Pandemieplan stellt hierzu fest:

> „Besonders größere Menschenansammlungen und öffentliche Verkehrsmittel bieten optimale Übertragungsbedingungen für Influenzaviren.“ (Haas, 2007)

Deswegen ist gerade in Ballungszentren mit einem gut ausgebauten öffentlichen Verkehrsnetz die Gefahr einer flächendeckenden Ausbreitung besonders hoch.
Der effiziente Einsatz von Medikamenten und die richtigen Entscheidungen hinsichtlich der Quarantäne einzelner Personen oder Gebiete sind entscheidend für die Eindämmung der Ausbreitung ansteckender Krankheiten. Hinsichtlich der Vielzahl an Krankheiten kann es bei Eindämmung dieser verschiedene Ziele geben, die auf unterschiedliche Weise zu erreichen sind. Ziele können hierbei eine geringe Anzahl an Todesopfern, eine geringe geografische Ausbreitung, möglichst wenige Neuinfektionen oder eine möglichst kurze Dauer des Ausbruchs sein (Aleman u. a., 2009).
Um die Verteilung von Medikamenten planen und unterschiedliche Maßnahmen im Hinblick auf die gesetzten Ziele abwägen zu können, gibt es Simulationsmodelle, die die Expansion von Krankheiten simulieren und somit den Verantwortlichen helfen die richtigen Entscheidungen zu treffen. Über Parameter lassen sich verschiedene Maßnahmen, wie etwa das Schließen von Schulen oder die medikamentöse Behandlung einer Zielgruppe simulieren und geben

damit Auskunft über die Wirksamkeit der Maßnahme. Dieses Simulationsmodelle erlauben es schon im Voraus mögliche Pandemie-Szenarien zu simulieren und ermöglichen somit die vorsorgliche Festlegung gezielter Maßnahmen.

1.2 Problemstellung

Im Rahmen der Etablierung des Forschungsschwerpunktes „Bevölkerungsschutz“ an der HAW Hamburg werden unterschiedliche, für die Bevölkerung sicherheitsrelevante Aspekte bearbeitet. Im Mittelpunkt steht hierbei die Untersuchung des Einsatzes von Technik und Technologie aus der Informatik um sicherheitsrelevante Fragen beantworten zu können. Hierbei werden sowohl Massenveranstaltungen und deren Sicherheit, Evakuierungen, sowie Cyberangriffe und Pandemien mit Hilfe moderner Technologien untersucht und Simulationsmodelle erstellt.

Im Verlauf dieser Ausarbeitung wird aufgezeigt, dass viele Arbeiten im Bereich der Infektionsforschung Schwächen bei der Simulation öffentlicher Verkehrsmittel aufweisen. Da diese jedoch eine besondere Rolle bei der Ausbreitung von Infektionen spielen, soll sich meine Arbeit der Fragestellung widmen, mit welchen technischen Hilfsmitteln die Nutzung öffentlicher Verkehrsmittel abgebildet werden kann. Hierbei soll auf Basis des U-Bahn Streckennetzes des Hamburger Verkehrsbundes ein exemplarisches Simulationsmodell für Infektionskrankheiten entstehen. Das Ziel der Arbeit ist die Untersuchung des Nutzens eines kombinierten Einsatzes von agentenbasierter Modellierung und Geoinformationssystemen zur Simulation und Visualisierung der Ausbreitung ansteckender Krankheiten. Die Arbeit soll darstellen, wie die Nutzung öffentlicher Verkehrsmittel simuliert werden kann, welche Aspekte dabei zu beachten sind und wo Weiterentwicklungen aus Sicht der Informatik nötig sind.

1.3 Ziel der Ausarbeitung

Das Ziel dieser Ausarbeitung ist es, den Einsatz von agentenbasierten Systemen zur Simulation von Infektionsausbreitungen aufzuzeigen und an Beispielen darzustellen. Hierfür werden zunächst die erforderlichen Grundlagen aufgearbeitet, indem ein Vergleich der agentbasierten Modellierung zu anderen Ansätzen durchgeführt und ein Modell zu Beschreibung der Krankheitsausbreitung vorgestellt werden. Anschließend werden vergleichbare Arbeiten präsentiert, aus denen Ansätze für die eigene Arbeit entnommen werden können und deren Schwächen aufgezeigt werden. Zum Abschluss wird ein grobes Vorgehensschema mit potentiellen Problemen und Risiken für die Masterarbeit präsentiert.

2 Grundlagen

2.1 Begriffsklärung

Die Epidemiologie befasst sich unter anderem mit der Untersuchung und Modellierung der Verbreitung ansteckender Krankheiten. Die Modelle werden genutzt um den wahrscheinlichen Verlauf zukünftiger Epidemien vorherzusagen und geeignete Maßnahmen zur Einschränkung der Infektionsausbreitung zu finden.
Eine Epidemie zeichnet sich durch eine steigende Anzahl von Neuerkrankungen in einem örtlich und zeitlich begrenzten Raum aus. Diese kann zu einer Pandemie werden, wenn sich die Infektion über Länder und Kontinente hinweg ausbreitet.

2.2 Vergleich zu anderen Ansätzen

Im Folgenden werden die drei bekanntesten Ansätze zur Modellierung der Ausbreitung von Infektionskrankheiten vorgestellt.
Die rein **mathematischen Modelle** (auch „Homogenus Mixing Models“ (Aleman u. a., 2009)) sind der älteste Ansatz und beschreiben die Infektionsausbreitung mittels gewöhnlicher Differentialgleichungen. Hierzu nutzen sie beispielsweise das von Kermack und McKendrick eingeführte „SIR-Modell“ (Kermack und McKendrick, 1991). Bei der mathematischen Modellierung werden die folgenden drei Annahmen getroffen (Aleman u. a., 2009; Wang u. a., 2010).

1. Die Bevölkerung ist vollständig gemischt, d.h. die Personen, mit denen eine gesunde Person Kontakt hat, werden zufällig aus der gesamten Bevölkerung ausgewählt.

2. Alle Personen haben annähernd die gleiche Anzahl an Kontakten über den selben Zeitraum.

3. Alle Kontakte übertragen die Krankheit mit der selben Wahrscheinlichkeit.

Diese Einschränkungen vernachlässigen die individuellen sozialen Kontakte, die Nähe des Kontaktes und damit das individuelle Risiko sich mit einer Krankheit zu infizieren. Weiterhin

bleibt die spatiotemporale Bewegung einzelner Individuen unberücksichtigt, wodurch die Ergebnisse häufig ungenau sind und somit falsche Einschätzungen fördern (Aleman u. a., 2009). Der mathematische Ansatz eignet sich damit nur bedingt zur Simulation der Nutzung öffentlicher Verkehrsmittel und der damit verbundenen Infektionsausbreitung.

Zelluläre Automaten (auch „Heterogenus Mixing Models“ (Aleman u. a., 2009)) bilden den zweiten Ansatz. Sie berücksichtigen die Beziehungen von Individuen zueinander, indem die Individuen über ein Beziehungsnetzwerk miteinander in Kontakt stehen, über das sich die Infektion ausbreitet. Basierend auf dem Grad der Beziehung, kann eine infizierte Person somit nur eine gewisse Anzahl anderer Personen anstecken (Aleman u. a., 2009; Wang u. a., 2010). Zwar werden bei der Modellierung die Beziehungen der Agenten untereinander berücksichtigt, aber nicht die spatiotemporalen Aspekte, sich in einer Umgebung bewegender Individuen. Da wir bei Nutzung öffentlicher Verkehrsmittel hauptsächlich mit Personen in Kontakt kommen, zu denen wir keinerlei Beziehung haben, ist von der Modellierung über ein Beziehungsnetzwerk ebenfalls abzuraten.

Die **agentenbasierte Modellierung** (auch „Non-Homegenus Simulation“ (Aleman u. a., 2009)) greift die Nachteile der zuvor vorgestellten Ansätze auf. Bei dieser Art der Modellierung werden die Mitglieder einer Bevölkerung durch Agenten repräsentiert, die ein individuelles Verhalten aufweisen und untereinander, sowie mit ihrer Umwelt interagieren. Dies hat den Vorteil, dass somit individuelle Verhaltensweisen modelliert werden können, wie die Nutzung öffentlicher Verkehrsmittel oder die Wahrscheinlichkeit bei Krankheit zu Hause zu bleiben. Die Agenten können eine eigenständige Routenplanung vornehmen und auf äußere Einwirkungen reagieren. Ferner können die Kontakte einzelner Individuen berücksichtigt und somit individuelle Wahrscheinlichkeiten der Infektion mit einer Krankheit berechnet werden. Als Folge ergibt sich daraus im Vergleich zu den vorherigen Modellen ein realitätsnäheres Simulationsmodell, das genauere Aussagen über die Wirksamkeit von Maßnahmen gegen die Ausbreitung einer Krankheit zulässt (Aleman u. a., 2009) und sich damit für das angestrebte Simulationsmodell eignet.

2.3 SIR-Modell

Das SIR-Modell ist ein häufig gebrauchtes mathematisches Modell zur Beschreibung der Infektionsausbreitung. Hierbei werden die Individuen in die Klassen „Susceptible“, „Infected“, und „Recovered“ unterteilt (Aleman u. a., 2009; Lizon u. a., 2010). Abbildung 2.1 zeigt die verschiedenen Zustände mit den Möglichkeiten des Übergangs zwischen den Zuständen. Die Übergangswahrscheinlichkeiten können über Markov-Ketten modelliert werden, die für jeden

Agenten eine individuelle Wahrscheinlichkeit festlegen innerhalb eines diskreten Zeitschrittes von einem in den anderen Zustand überzugehen.

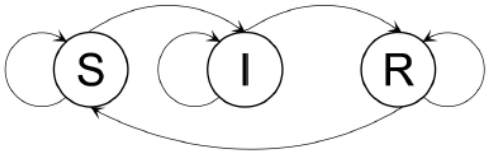

Abbildung 2.1: SIR-Modell mit Markov-Ketten (Aleman u. a., 2009)

Neben dem SIR-Modell gibt es diverse Erweiterungen, die weitere Zustände berücksichtigen. Zu nennen sei hier das SEIR-Modell bei dem sich die Individuen infizieren (Exposed) und erst nach einer Inkubationszeit[1] Symptome zeigen (Infected) (Naron und Wasserkrug, 2007; Reppas u. a., 2008; Hu und Gong, 2010) und das SEITR-Modell bei dem sich die Individuen zusätzlich behandeln lassen können (Treated) und damit schneller genesen (Wang u. a., 2010).
Durch Hinzunahme dieser Zustände lassen sich spezifische Krankheiten besser beschreiben und ermöglichen somit eine realitätsnähere Simulation. Für die eigene Arbeit muss in Abhängigkeit der zu simulierenden Krankheit abgewägt werden, welches Modell am besten geeignet ist, um diese zu repräsentieren.

2.4 Markov-Ketten

Zur Berechnung der Wahrscheinlichkeit des Zustandsüberganges innerhalb des SIR-Modells werden bei der agentenbasierten Modellierung häufig Markov-Ketten eingesetzt. Der Vorteil ist hierbei, dass sich für jeden Agenten individuelle Wahrscheinlichkeiten für die Infektion mit einer Krankheit berechnen lassen, indem beispielsweise Dauer und Art eines Kontaktes mit einem anderem Individuum berücksichtigt werden (Aleman u. a., 2009). Damit ermöglichen sie im Gegensatz zur Simulation der Infektionsausbreitung über gewöhnlichen Differentialgleichungen eine detaillierte Analyse der Ausbreitung, welche sie sich über einen erhöhten Rechenaufwand verschaffen (MBG, 2012).
Ein Vergleich von Markov-Ketten und gewöhnlichen Differentialgleichungen bei der Infektionsausbreitung auf Basis des SIR-Modells zeigt, dass das kurzfristige Verhalten mit Hilfe von Markov-Ketten detaillierter dargestellt werden kann, sich die Endergebnisse aber bei großen Simulationen kaum unterscheiden (MBG, 2012; Billings u. a., 2002).

[1] Inkubationszeit - Zeit zwischen der Infektion mit einem Erreger und dem Auftreten krankheitstypischer Symptome

3 Vorarbeiten

Der Einsatz von Multiagentensystemen in der Epidemiologie gewinnt immer mehr an Bedeutung. Mit diesem Ansatz lassen sich komplexe Prozesse, in denen Individuen untereinander und mit ihrer dynamischen Umwelt interagieren, besser darstellen. Im Gegensatz zu den traditionellen Ansätzen bestehen die agentbasierten Modelle aus heterogenen Mikroentitäten deren Interaktion die Infektionsausbreitung auf makroskopischer Ebene beeinflusst. Durch diesen Modellierungsansatz sind Einblicke in Prozesse auf mikroskopischer Ebene möglich und erlauben es neue Fragestellungen zu entwickeln (Auchincloss und Diez Roux, 2008).
Der folgende Abschnitt soll einen Einblick in vergleichbare Arbeiten geben. Hierbei wird gezeigt was auf dem Gebiet der agentbasierten Simulation zur Infektionsforschung bereits erarbeitet worden ist und für die eigene Masterarbeit verwendet werden kann, beziehungsweise welche Fragestellungen offen geblieben sind.

3.1 Simulation der Influenza in Kunming 2009 (Wang u. a., 2010)

Eine Arbeit, die die Einsatzmöglichkeiten agentenbasierter Simulationssysteme in Verbindung mit Geoinformationssystemen zeigt, wurde im Jahr 2010 an der „School of Tourism and Geographical Science“ in China veröffentlicht. Inhalt der Arbeit war die Modellierung der Infektionsausbreitung des Influenza-A-Virus H1N1 in der Region Kunming mit 4,88 Millionen Einwohnern. Ziel der Arbeit war es den Einfluss von unterschiedlichen Quarantäne-Strategien und die Dauer bis ein Individuum einen Arzt aufsucht, auf die Ausbreitung des Virus zu untersuchen.
Basierend auf den Positionsdaten von 100.000 Mobiltelefonnutzern, die über einen Zeitraum von sechs Monaten gesammelt wurden, wurde festgestellt, dass sich die menschlichen Aktivitäten grob in stationäre und mobile Aktivitäten einteilen lassen. Stationäre Aktivitäten sind hierbei der Aufenthalt am Arbeitsplatz, der Schule oder zu Hause, wobei die mobilen Aktivitäten die Anreise zu den stationären Aktivitäten darstellen. Zur Vereinfachung des Modells wurde der Tagesablauf eines Agenten, wie unter Abbildung 3.1 dargestellt, modelliert.

Hierbei folgt der Agent einem zehn Stunden Tag von denen er acht Stunden auf Arbeit bzw. in der Schule verbringt und weitere zwei Stunden an einem weiteren Ort. Die zeitliche Auflösung des Modells beträgt einen Tag, wobei die Individuen täglich dem gleich Ablauf nachgehen und die gleichen Orte besuchen.

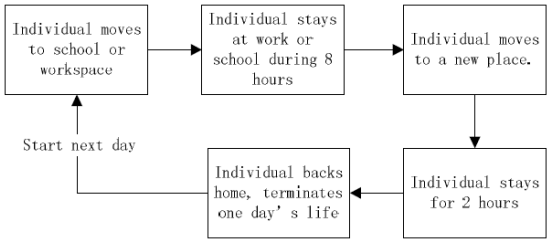

Abbildung 3.1: Tagesablauf eines Agenten (Wang u. a., 2010)

Als Infektionsmodell wurde das SEITR-Modell verwendet, um Arztbesuche und Quarantäne-Situationen für einzelne Individuen abbilden zu können. Die Agenten können sich in dem erstellen Modell nur bei stationären Aktivitäten infizieren. Als Grund hierfür wurde genannt, dass die Dauer des Aufenthalt bei einer stationären Aktivität wesentlich größer ist als die Dauer der Anreise und es damit wahrscheinlicher ist sich auf Arbeit anzustecken als auf dem Weg dahin.
Dies ist meiner Meinung nach eine sehr starke Einschränkung, da durch die Nutzung öffentlicher Verkehrsmittel ein enger Kontakt zu einer großen Anzahl schnell wechselnder Individuen vorhanden ist und somit die Gefahr besteht sich durch Tröpfcheninfektion[1] oder indirekte Kontaktinfektion[2] anzustecken.
Das verwendete Geoinformationssystem wurde genutzt, um den geografischen Einfluss der Umgebung abzubilden, die Daten hierzu wurden ArcGIS 9.2[3] entnommen. Die reale Umgebung wurde durch drei Informationslayer (Straßennetz-, Block- und Grenz-Layer) abgebildet. Das Straßennetz dient den Agenten hierbei zur Wegfindung und schränkt ihre Mobilität ein. Das Block-Layer dient zur Unterteilung des gesamten Areals, um die Ausbreitung innerhalb eines Blockes mit einer bestimmten Bevölkerungsdichte abzubilden, wobei das Grenz-Layer das zu untersuchende Gebiet eingrenzt. Eine beispielhafte Visualisierung von Geoinformationsdaten kann Abbildung 3.2 entnommen werden, wobei die Färbung der einzelnen Blöcke in diesem Fall die Besiedelungsdichte repräsentiert.

[1] Tröpfcheninfektion - Ansteckung über Krankheitserreger in der Luft, die beispielsweise durch Niesen oder

Abbildung 3.2: Geoinformationsdaten für Kunming aus (Wang u. a., 2010)

Als Simulationstoolkit wurde die Repast Suite[4] verwendet und Simulationen mit 1000 Agenten durchgeführt. Zu Validierung der Simulationsergebnisse wurden diese mit den Daten des „Yunnan Center for Disease Prevention and Control“ zur H1N1 Epedemie im Jahr 2009 verglichen und für valide befunden. Die anschließende Untersuchung der Quarantäne-Strategien zeigte, dass die Infektionsausbreitung bereits stark abnimmt, wenn mehr als zehn Prozent der infizierten Individuen unter Quarantäne gestellt werden. Des Weiteren zeigte sich, dass nach 30 Tagen keine weiteren Neuinfektionen stattfinden, wenn die Individuen bereits einen Tag nachdem sie infiziert wurden einen Arzt aufsuchen.

3.2 Weitere Arbeiten

Eine weitere vergleichbare Arbeit wurde an der „University of Toronto“ durchgeführt. Es wurde ein agentenbasiertes Modell zur Simulation der Ausbreitung eines Influenza-Virus in der Metropolregion rund um die kanadische Hauptstadt Toronto erstellt. Ziel der Simulation war es die Auswirkungen auf die Infektionsausbreitung zu untersuchen, wenn ein Teil der Bevölkerung bei Erkrankung zu Hause bleibt. Das Modell arbeitet mit dem SIR-Modell zur Beschreibung der Zustände einzelner Individuen und nutzt ein Geoinformationssystem zur Visualisierung der Daten. Öffentliche Transportmittel werden in diesem Modell zwar berücksichtigt, aber auch hier werden starke Einschränkungen getroffen. Zum einen werden U-Bahn

Sprechen ausgestoßen werden

[2] indirekte Kontaktinfektion - Infektion über die Berührung eines mit Erregern kontaminierten Gegenstandes

[3] ArcGIS - Oberbegriff für eine Produktfamilie sich ergänzender GIS Software Produkte (ArcGIS)

[4] Repast Suite - Open Source Plattform zur Erstellung agentenbasierter Simulationen (Repast)

Linien nur zur Hauptverkehrszeiten berücksichtigt und zum anderen reisen die Individuen alle zum gleichen Ziel. Das Modell berücksichtigt die direkte und indirekte Infektionsausbreitung über die Verkehrsmittel (Aleman u. a., 2009).
Das Team um Dean Yergens hat mit dem IDEES [5] ein agentenbasiertes Simulationswerkzeug geschaffen mit dem sich Simulatonsmodelle für infektiöse Krankheiten auf Basis geografischer Daten erstellen lassen. Mit den aus einem Geoinformationssystem ausgelesenen Daten, wie etwa dem Straßennetz eines Gebietes, lassen sich somit die Auswirkungen von Straßensperren auf die Infektionsausbreitung simulieren (Yergens u. a., 2006).
Eine weitere Arbeit befasst sich mit der Modellierung der Infektionsausbreitung innerhalb einer Stadt, bei der die Agenten Aktivitäten nachgehen und sich so infizieren. Bei dieser Arbeit wurde untersucht wie die gesamte Population einer Stadt abgebildet, die Aktivitäten modelliert, einzelne Aktivitäten Individuen zugewiesen und die Infektionsübertragungen nachgebildet werden können. Dieses Modell vernachlässigt den öffentlichen Verkehr ebenfalls, obwohl explizit darauf hingewiesen wird, dass dieser eine wichtige Rolle bei der Infektionsausbreitung spielt. Als Grund für die Vernachlässigung wird das Fehlen brauchbarer Daten angegeben (Yang u. a., 2008).

[5] IDEES - Infectious Disease Epidemic Simulation System

4 Masterarbeit

4.1 Aufgaben

Nach Betrachtung der vergleichbaren Arbeiten ergeben sich die Aufgaben, die zur Umsetzung der eingangs erwähnten Vision eines Simulationsmodells für Infektionskrankheiten im Hamburger U-Bahn Netz nötig sind. Diese Aufgaben werden im Folgenden aufgezeigt.

- Definition eines Szenarios und der Simulationsziele
- Evaluierung geeigneter Frameworks zur Modellierung der Agenten
- Umsetzung der Agenten mit Wegfindungsalgorithmen und Darstellung der Infektionszustände
- Auswahl einer Infektionskrankheit und Portierung dieser auf das SIR-Modell oder eine Erweiterung davon
- Auswahl eines Geoinformationssystems zur Extraktion notwendiger Daten und Darstellung des U-Bahn Netzes
- Simulation der Infektionsausbreitung mit anschließender Validierung und Anpassung des Simulationsmodells

Für eine möglichst genaue Abbildung des U-Bahn Verkehrs ist Kontakt zum Hamburger Verkehrsverbund aufzunehmen. Der Hamburger Verkehrsverbund besitzt eine nicht öffentliche SOAP-Schnittstelle, deren Dienste für die Modellierung förderlich wären, da über diese Informationen zu den Fahrplänen ausgelesen werden können. Ferner ist ein Fragekatalog für den Hamburger Verkehrsverbund zu erstellen, um Informationen zu den Fahrgästen zu erhalten. Die gewonnen Informationen können zur Modellierung und Verteilung der Agenten genutzt werden und helfen ein möglichst realitätsnahes Simulationsmodell zu erstellen.
Für eine möglichst valide Darstellung der Infektion und ihrer spezifischen Eigenschaften ist ein Kontakt in den medizinischen Bereich erforderlich. Hierbei müssen Fragen nach Übertragungswahrscheinlichkeiten und typischen Krankheitsverläufen geklärt werden.

4.2 Risiken

4.2.1 Projektumfang

Die in dieser Ausarbeitung vorgestellten Arbeiten wurden meist von größeren Projektteams über einen großen Zeitraum durchgeführt. Ein Grund hierfür sind die umfangreichen sozialen Prozesse, die erfasst und in den Agenten nachgebildet werden müssen. Zudem muss ein solides Verständnis über Infektionen und deren Ausbreitung vorhanden sein, um die Ausbreitung medizinisch korrekt abbilden zu können. Ein Risiko besteht demnach in der Größe des Projektes und der Vielzahl an zu berücksichtigen Randbedingungen bei der Umsetzung des Simulationsmodells.

4.2.2 Modellierung

Um das Modell handhabbar zu machen, müssen Einschränkungen vorgenommen werden. Sind diese Einschränkungen zu ungenau oder wurden wichtige Aspekte nicht berücksichtigt, wird das Simulationsmodell keine verwertbaren Antworten auf die gestellten Fragen liefern können.

4.2.3 Performanz

Ein weiteres Risiko betrifft die Performanz des Simulationsmodells. Für umfangreiche Simulationen mit mehreren Millionen Agenten sind Computercluster notwendig, um diese in adäquater Zeit durchführen zu können (Aleman u. a., 2009). Hierbei spielt die Komplexität der Agenten und der von ihnen ausgetauschten Nachrichten eine wichtige Rolle. In erster Linie sollte hierbei auf eine möglichst effiziente Umsetzung geachtet werden. Sollten die am Ende zur Verfügung stehenden Kapazitäten nicht ausreichen, muss die Zahl der Agenten oder der Scope verringert werden.

4.2.4 Verfügbarkeit von Daten

Für die Modellierung der Agenten und der Infektionskrankheit, sowie für die spätere Validierung der Ergebnisse werden verschiedenste empirische Daten benötigt. Sollten diese nicht zur Verfügung stehen, sind Einschränkungen in der Aussagekraft des Simulationsmodells die Folge. Hierbei ist unter anderem die Zusammenarbeit mit der Behörde für Inneres und dem Bundesamt für Bevölkerungsschutz und Katastrophenhilfe geplant.

5 Zusammenfassung und Ausblick

Der agentenbasierte Ansatz zur Simulation der Verbreitung ansteckender Krankheiten wird bereits auf vielfältige Weise für unterschiedliche Krankheiten genutzt. Grund hierfür ist die Möglichkeit der Abbildung verschiedener Individuen, die miteinander interagieren und auf äußere Einflüsse reagieren können. Die vorgestellten Arbeiten nutzen diesen Vorteil, um die aus der mikroskopischen Interaktion resultierende Verbreitung auf makroskopischer Ebene beobachten und analysieren zu können.
Hierbei fällt jedoch auf, dass die Modelle häufig stark einschränkende Annahmen besonders hinsichtlich öffentlicher Verkehrsmittel machen und somit einen wichtigen Aspekt bei der Ausbreitung von Krankheiten vernachlässigen.
An dieser offenen Flanke der Infektionsforschung soll die zu erstellende Masterarbeit ansetzen und aus Sicht der Informatik untersuchen, wie sich die Infektionsausbreitung über öffentliche Verkehrsmittel, am Beispiel des Hamburger U-Bahn Netzes, modellieren lässt. Hierbei soll im speziellen die agentenbasierte Modellierung im Zusammenspiel mit Geoinformationsystemen untersucht und der Nutzen dieser Art der Modellierung aufgezeigt werden. Die Arbeit soll darstellen, wie die Nutzung öffentlicher Verkehrsmittel simuliert werden kann, welche Aspekte dabei zu beachten sind und wo Weiterentwicklungen aus Sicht der Informatik nötig sind. Die nötigen Vorarbeiten hierzu, wie die Nachbildung des U-Bahn Verkehrs, sowie die Modellierung der Agenten und der Infektionsausbreitung werden in den kommenden Projekten durchgeführt.

Literaturverzeichnis

[Aleman u. a. 2009] Aleman, Dionne M. ; Wibisono, Theodoras G. ; Schwartz, Brian: Accounting for individual behaviors in a pandemic disease spread model. In: *Winter Simulation Conference*, Winter Simulation Conference, 2009 (WSC '09), S. 1977–1985. – ISBN 978-1-4244-5771-7

[ArcGIS] ArcGIS: *Das umfassende GeoInformationssystem*. – URL http://esri.de/products/arcgis/index.html

[Auchincloss und Diez Roux 2008] Auchincloss, Amy H. ; Diez Roux, Ana V.: A new tool for epidemiology: the usefulness of dynamic-agent models in understanding place effects on health. In: *American Journal of Epidemiology* 168 (2008), Nr. 1, S. 1–8. – URL http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/18480064

[Billings u. a. 2002] Billings, Lora ; Spears, William M. ; Schwartz, Ira B.: A unified prediction of computer virus spread in connected networks. In: *Physics Letters A* 297 (2002), Nr. 3-4, S. 261–266. – URL http://pages.csam.montclair.edu/~billings/research/viruspla.pdf

[Gaber u. a. 2009] Gaber, W. ; Goetsch, U. ; Diel, R. ; Doerr, H.W. ; Gottschalk, R.: Screening for Infectious Diseases at International Airports: The Frankfurt Model. In: *Aviat Space Environ Med* 80 (2009), Nr. 7, S. 595–600

[Haas 2007] Haas, Dr. W.: *Nationaler Pandemieplan Teil III - Wissenschaftliche Zusammenhänge der Pandemieplanung in Deutschland*. Mai 2007. – URL http://www.rki.de/cln_011/nn_226928/DE/Content/InfAZ/I/Influenza/influenzapandemieplan__III,templateId=raw,property=publicationFile.pdf/influenzapandemieplan_III

[Hu und Gong 2010] Hu, Bisong ; Gong, Jianhua: Individual-based distributed epidemic spread model. In: *The 18th International Conference on Geoinformatics: GIScience in Change, Geoinformatics 2010, Peking University, Beijing, China, June, 18-20, 2010*, IEEE, 2010, S. 1–6. – ISBN 978-1-4244-7302-1

[Kermack und McKendrick 1991] Kermack, W. ; McKendrick, A.: Contributions to the mathematical theory of epidemicsI. In: *Bulletin of Mathematical Biology* 53 (1991), S. 33–55

[Lizon u. a. 2010] Lizon, Natalia E. ; Aleman, Dionne M. ; Schwartz, Brian: Incorporating healthcare systems in pandemic models. In: *Winter Simulation Conference*, WSC, 2010, S. 2230–2236

[MBG 2012] MBG: *Stochastic Epidemic Modeling*. University of Colorado at Boulder - Mathematical Biology Group. Februar 2012. – URL http://mathbio.colorado.edu/mediawiki/index.php/MBW:Stochastic_Epidemic_Modeling

[Naron und Wasserkrug 2007] Naron, Steven ; Wasserkrug, Segev: Utilizing model characteristics to obtain efficient parallelization in the context of agent based epidemiological models. In: *Proceedings of the 39th conference on Winter simulation: 40 years! The best is yet to come*. Piscataway, NJ, USA : IEEE Press, 2007 (WSC '07), S. 1555–1561. – ISBN 1-4244-1306-0

[Repast] Repast: *The Repast Suite*. – URL http://repast.sourceforge.net/

[Reppas u. a. 2008] Reppas, Andreas I. ; Tsoumanis, Andreas C. ; Siettos, Constantinos I.: The influence of infection control policies: A systematic study of the dynamics of an individual-based epidemic model with isolation. In: *BIBE*, IEEE, 2008, S. 1–7

[Wang u. a. 2010] Wang, Jiasheng ; Xiong, Jianhong ; Yang, Kun ; Peng, Shuangyun ; Xu, Quanli: Use of GIS and agent-based modeling to simulate the spread of influenza. In: *The 18th International Conference on Geoinformatics*, 2010, S. 1–6. – ISBN 978-1-4244-7302-1

[Yang u. a. 2008] Yang, Yong ; Atkinson, Peter ; Ettema, Dick: Individual spacetime activity-based modelling of infectious disease transmission within a city. In: *Journal of the Royal Society Interface the Royal Society* 5 (2008), Nr. 24, S. 759–772. – URL http://eprints.soton.ac.uk/146751/

[Yergens u. a. 2006] Yergens, Dean ; Hiner, Julie ; Denzinger, Jörg ; Noseworthy, Tom: Multi Agent Simulation System for Rapidly Developing Infectious Disease Models in Developing Countries. In: *International Transactions on Systems Science and Applications (ITSSA)* 1 (2006), Nr. 1, S. 51–58