

Physik der sozio-ökonomischen Systeme *mit dem Computer*

*JOHANN WOLFGANG GOETHE UNIVERSITÄT
07.06.2024*

MATTHIAS HANAUSKE

*FRANKFURT INSTITUTE FOR ADVANCED STUDIES
JOHANN WOLFGANG GOETHE UNIVERSITÄT
INSTITUT FÜR THEORETISCHE PHYSIK
ARBEITSGRUPPE RELATIVISTISCHE ASTROPHYSIK
D-60438 FRANKFURT AM MAIN
GERMANY*

8. Vorlesung

Plan für die heutige Vorlesung

- Kurze Wiederholung der Theorie der komplexen Netzwerke
- Ausbreitung eines Virus auf einem komplexen Netzwerk
 - Einführung in die Epidemiologie
 - Das deterministische SIR Modell
 - Simulationsbasierte Ansätze
- Einführung: Evolutionäre Spieltheorie auf komplexen Netzwerken

Inhalte Vorlesung 7

- Einführung in die Theorie der komplexen Netzwerke
 - Die Klasse der exponentiellen Netzwerke
 - Die Klasse der skalenfreien Netzwerke
 - Preferential Attachment
 - Das Barabasi-Albert Modell
 - Multipartite Netzwerke
- Anwendungsfelder der komplexen Netwerke
 - Kommunikationsnetzwerke und das Internet
 - Energie- und Stromnetzwerke
 - Das Autoren- Zitationsnetzwerk der wissenschaftlichen Information

Netzwerk-Klassen

Aufgrund ihrer unterschiedlichen Eigenschaften unterscheidet man die folgenden Netzwerk-Klassen:

i. Zufällige Netzwerke

Die einzelnen Kanten bei *zufälligen Netzwerke* werden von den Knoten (Spielern) nach einem rein zufälligen Muster ausgewählt.

ii. „Kleine Welt“-Netzwerke (small-world networks)

- i. „Kleine Welt“-Netzwerke zeichnen sich durch einen kleinen Wert der durchschnittlichen kürzesten Verbindung zwischen den Knoten des Netzwerkes und einem großen Wert des Clusterkoeffizienten aus.

iii. Exponentielle Netzwerke

iv. Skalenfreie Netzwerke

Zufällige Netzwerke

Verteilungsfunktion
der Knotengrade

$$P(k)$$

bzw. $N(k) := N * P(k)$

VI. CLASSICAL RANDOM GRAPHS, THE ERDÖS-RÉNYI MODEL

The simplest and most studied network with undirected edges was introduced by Erdős and Rényi (ER model) [77,78]. In this network:

- (i) the total number of vertices, N , is fixed;
- (ii) the probability that two arbitrary vertices are connected equals p .

One sees that, on average, the network contains $pN(N-1)/2$ edges. The degree distribution is binomial,

$$P(k) = \binom{N-1}{k} p^k (1-p)^{N-1-k}, \quad (4)$$

so the average degree is $\bar{k} = p(N-1)$. For large N , the distribution, Eq. (4) takes the Poisson form,

$$P(k) = e^{-\bar{k}} \bar{k}^k / k!. \quad (5)$$

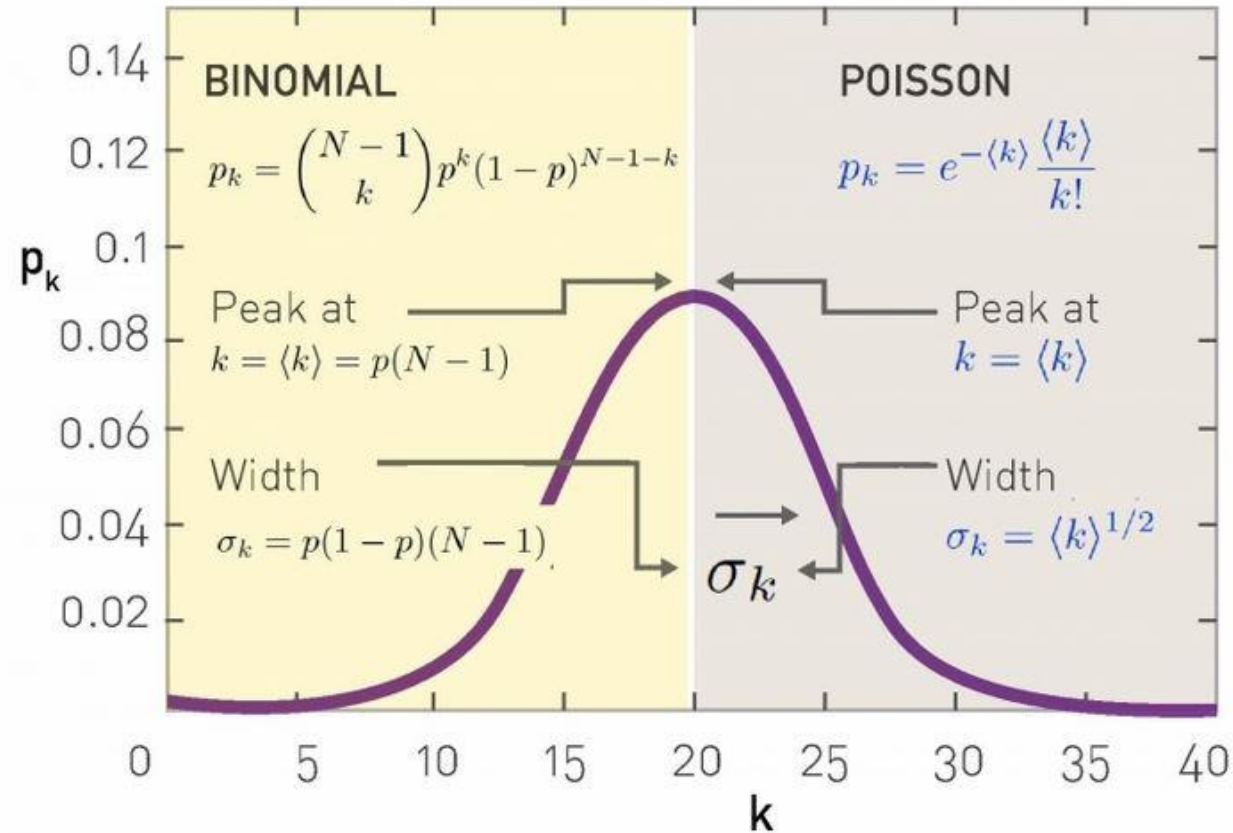


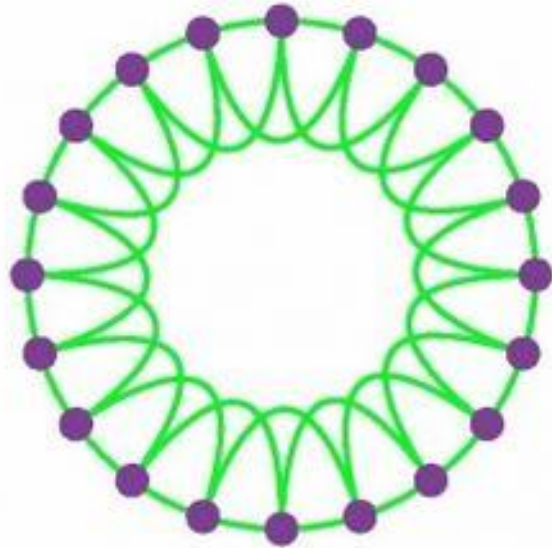
Image 3.4

Binomial vs. Poisson Degree Distribution

The exact form of the degree distribution of a random network is the binomial distribution (left half). For $N \gg \langle k \rangle$ the binomial is well approximated by a Poisson distribution (right half). As both formulas describe the same distribution, they have the identical properties, but they are expressed in terms of different parameters: The binomial distribution depends on p and N , while the Poisson distribution has only one parameter, $\langle k \rangle$. It is this simplicity that makes the Poisson form preferred in calculations.

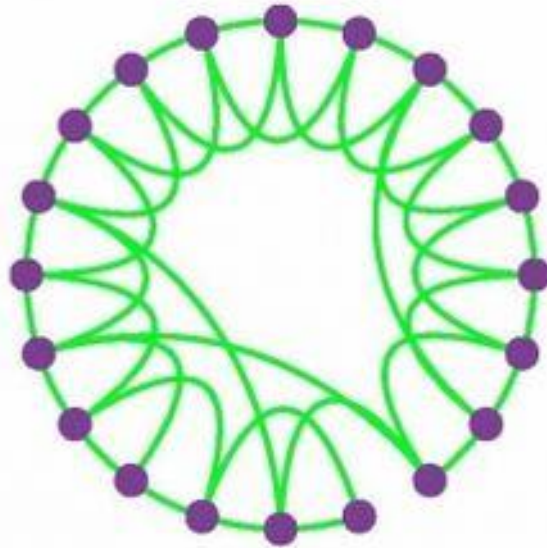
a.

REGULAR



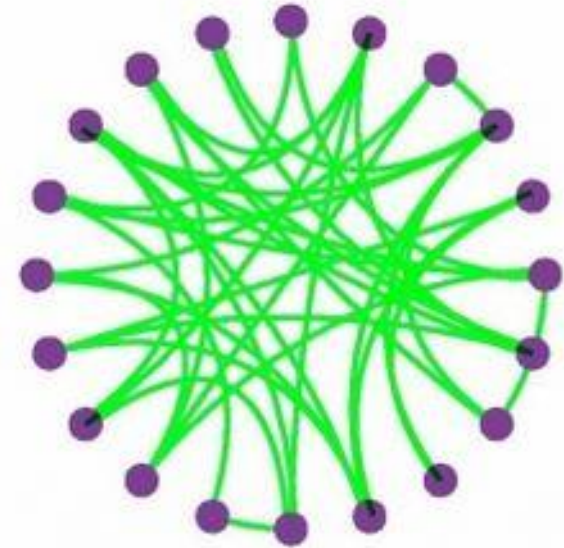
b.

SMALL-WORLD



c.

RANDOM



$p = 0$

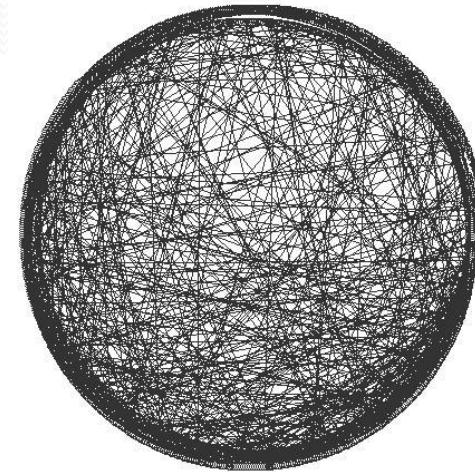
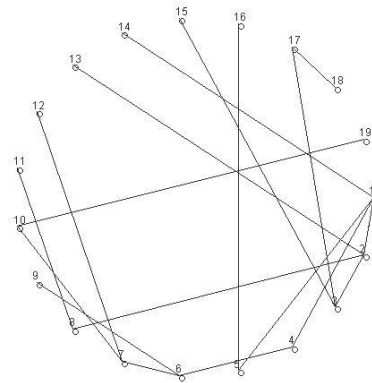
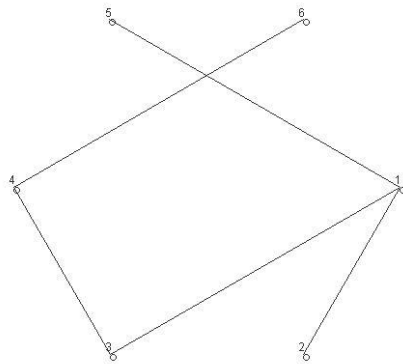


$p = 1$

Increasing randomness

Exponentielle und Skalenfreie Netzwerke

- Bei exponentiellen und Skalenfreien Netzwerken besitzen viele Knoten wenig Kanten und einige wenige Knoten sehr viele Kanten.
- Im Folgenden wollen wir die Konstruktion eines solchen Netzwerks mittels einer Computersimulation betrachten:



Konstruktion eines Skalenfreien Netzwerks

Das im Folgenden konstruierte skalenfreie Netzwerk besitzt zwei wesentliche Eigenschaften:

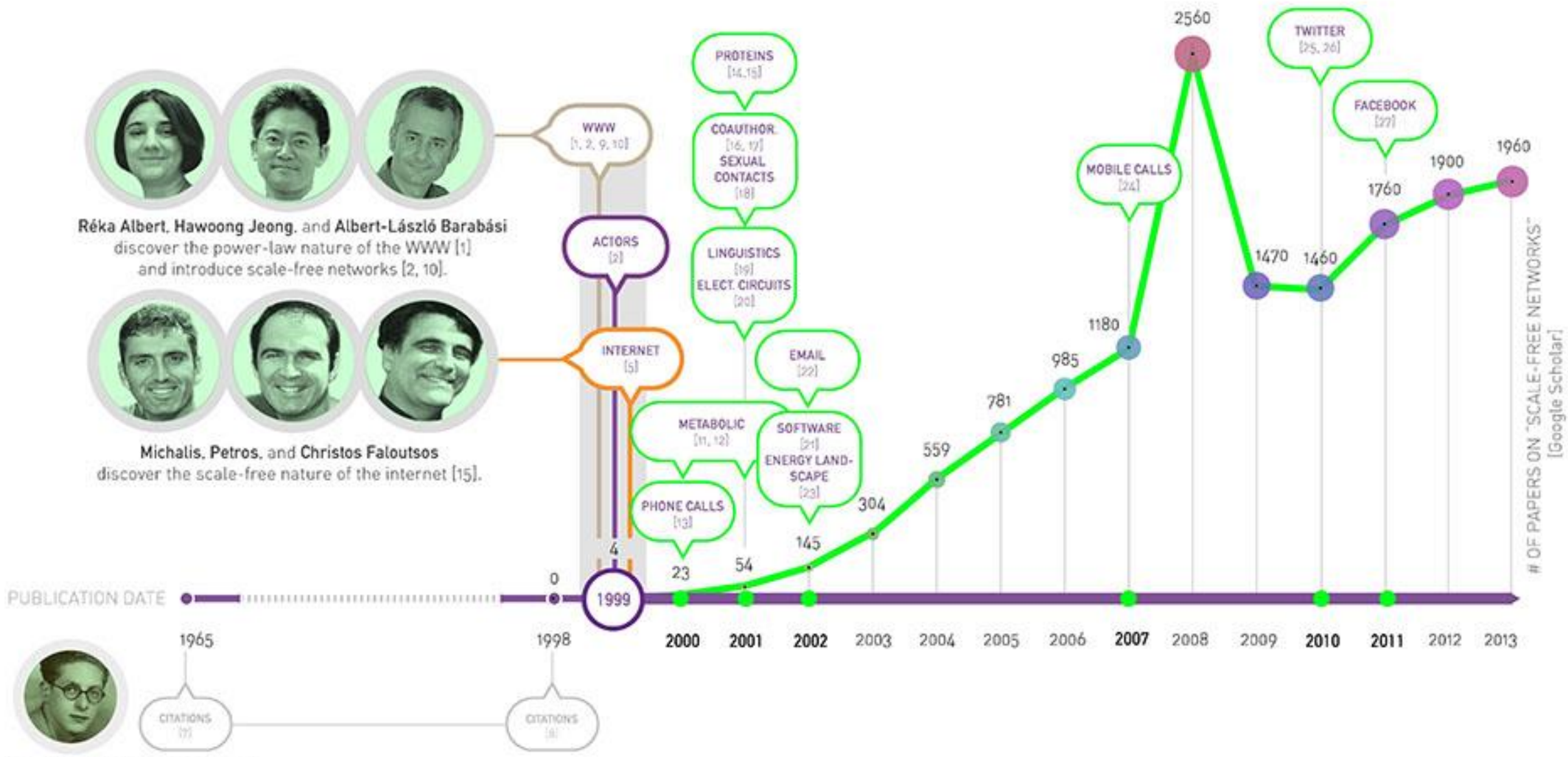
- Zeitliches Anwachsen der Knoten
- Die Kantenwahl eines neu in das Netzwerk hinzukommenden Knotens erfolgt nach dem Prinzip des „Preferential Attachment“ (Die Knoten die schon viele Kanten haben bekommen mit einer höheren Wahrscheinlichkeit eine neue Kante, als die Knoten die bisher keinen, oder wenige Kanten aufweisen können)

Anwendungsfelder

komplexe Netzwerke

Netzwerke finden sich in den unterschiedlichsten sozialen, physikalischen und biologischen Systemen

- **Biologische Netzwerke**
 - Protein- und Gennetzwerke
- **Soziale Netzwerke**
 - Beziehungs- und Freundschaftsnetzwerke
 - Netzwerke von Geschäftsbeziehungen und Firmenbeteiligungen
 - Internetbasierte, soziale Web2.0 Netzwerke
- **Technologische Netzwerke**
 - Transportnetzwerke (Flug-, Zugrouten)
 - Internetverbindungen zwischen Computerservern
- **Informationsnetzwerke**
 - Wissensnetzwerke, Verlinkungen von Internetseiten
 - Zitationsnetzwerke von wissenschaftlichen Artikeln
 - Linguistische Netzwerke



Derek de Solla Price (1922 - 1983)
 discovers that citations follow a power-law distribution [7], a finding later attributed to the scale-free nature of the citation network [2].

Skalenfreie Netzwerke auch in vielen weiteren sozio-ökonomischen und biologischen Systemen

Bibliography

- [1] H. Jeong, R. Albert, and A.-L. Barabási. Internet: Diameter of the world-wide web. *Nature*, 401:130–131, 1999.
- [2] A.-L. Barabási and R. Albert. Emergence of scaling in random networks. *Science*, 286:509–512, 1999.
- [3] V. Pareto. *Cours d'Économie Politique: Nouvelle édition* par G.-H. Bousquet et G. Busino, Librairie Droz, Geneva, 299–345, 1964.
- [4] A.-L. Barabási. *Linked: The New Science of Networks*. Plume, New York, 2002.
- [5] M. Faloutsos, P. Faloutsos, and C. Faloutsos. On power-law relationships of the internet topology. *Proceedings of SIGCOMM. Comput. Commun. Rev.* 29: 251–262, 1999.
- [6] R. Pastor-Satorras and A. Vespignani. *Evolution and Structure of the Internet: A Statistical Physics Approach*. Cambridge University Press, Cambridge, 2004.
- [7] D. J. De Solla Price. Networks of Scientific Papers. *Science* 149: 510–515, 1965.
- [8] S. Redner. How Popular is Your Paper? An Empirical Study of the Citation Distribution. *Eur. Phys. J. B* 4: 131, 1998.
- [9] R. Kumar, P. Raghavan, S. Rajalopagan, and A. Tomkins. Extracting Large-Scale Knowledge Bases from the Web. *Proceedings of the 25th VLDB Conference, Edinburgh, Scotland, pp. 639–650, 1999.*
- [10] A.-L. Barabási, R. Albert, and H. Jeong. Mean-field theory of scalefree random networks. *Physica A* 272:173–187, 1999.
- [11] H. Jeong, B. Tombor, R. Albert, Z. N. Oltvai, and A.-L. Barabási. The large-scale organization of metabolic networks. *Nature* 407: 651–654, 2004.
- [12] A. Wagner, A. and D.A. Fell. The small world inside large metabolic networks. *Proc. R. Soc. Lond. B* 268: 1803–1810, 2001.
- [13] W. Aiello, F. Chung, and L.A. Lu. Random graph model for massive graphs, *Proc. 32nd ACM Symp. Theor. Comp*, 2000.
- [14] H. Jeong, B. Tombor, S. P. Mason, A.-L. Barabási, and Z.N. Oltvai. Lethality and centrality in protein networks. *Nature* 411: 41–42, 2001.

- [15] A. Wagner. How the global structure of protein interaction networks evolves. *Proc. R. Soc. Lond. B* 270: 457–466, 2003.
- [16] M. E. J. Newman. The structure of scientific collaboration networks. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 98: 404–409, 2001.
- [17] A.-L. Barabási, H. Jeong, E. Ravasz, Z. Néda, A. Schubert, and T. Vicsek. Evolution of the social network of scientific collaborations. *Physica A* 311: 590–614, 2002.
- [18] F. Liljeros, C.R. Edling, L.A.N. Amaral, H.E. Stanley, and Y. Aberg. The Web of Human Sexual Contacts. *Nature* 411: 907–908, 2001.
- [19] R. Ferrer i Cancho and R.V. Solé. The small world of human language. *Proc. R. Soc. Lond. B* 268: 2261–2265, 2001.
- [20] R. Ferrer i Cancho, C. Janssen, and R.V. Solé. Topology of technology graphs: Small world patterns in electronic circuits. *Phys. Rev. E* 64: 046119, 2001.
- [21] S. Valverde and R.V. Solé. Hierarchical Small Worlds in Software Architecture. *arXiv:cond-mat/0307278*, 2003.
- [22] H. Ebel, L.-I. Mielsch, and S. Bornholdt. Scale-free topology of email networks. *Phys. Rev. E* 66: 035103(R), 2002.
- [23] J.P.K. Doye. Network Topology of a Potential Energy Landscape: A Static Scale-Free Network. *Phys. Rev. Lett.* 88: 238701, 2002.
- [24] J.-P. Onnela, J. Saramaki, J. Hyvonen, G. Szabó, D. Lazer, K. Kaski, J. Kertesz, and A.-L. Barabási. Structure and tie strengths in mobile communication networks. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 104: 7332–7336 (2007).
- [25] H. Kwak, C. Lee, H. Park, S. Moon. What is Twitter, a social network or a news media? *Proceedings of the 19th international conference on World Wide Web*, 591–600, 2010.
- [26] M. Cha, H. Haddadi, F. Benevenuto and K. P. Gummadi. Measuring user influence in Twitter: The million follower fallacy. *Proceedings of international AAAI Conference on Weblogs and Social*, 2010.
- [27] J. Ugander, B. Karrer, L. Backstrom, and C. Marlow. The Anatomy of the Facebook Social Graph. *ArXiv:1111.4503*, 2011.
- [28] L.A.N. Amaral, A. Scala, M. Barthelemy and H.E. Stanley. Classes of small-world networks. *Proceeding National Academy of Sciences U. S. A.* 97:11149–11152, 2000.

(Chapter 4 – Network Science by Albert-László Barabási

networksciencebook.com)

Network Science
by Albert-László Barabási

Universality

Section 4.6

Ultra-Small Property

Section 4.7

The Role of the Degree Exponent

Section 4.8

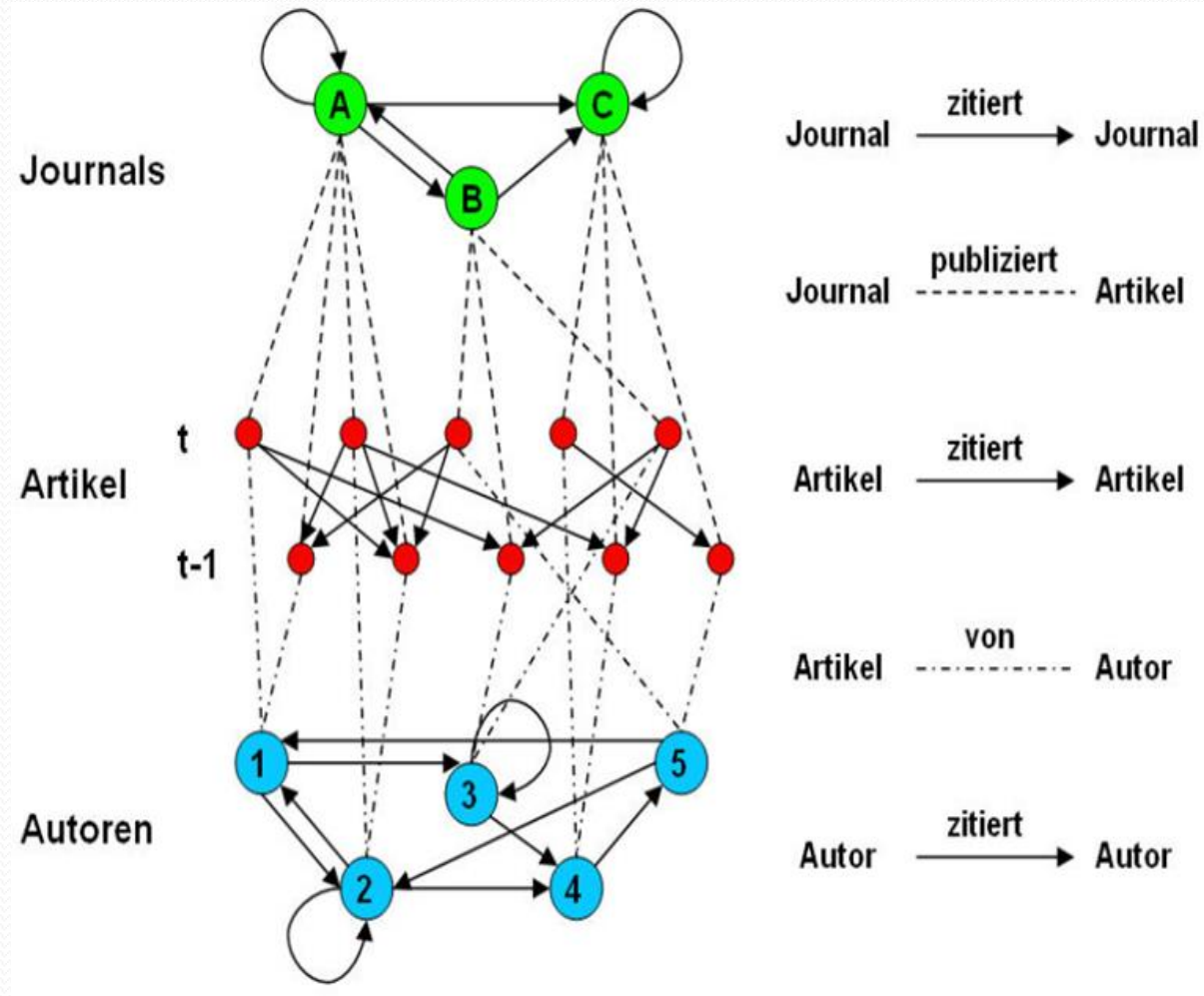
Generating Networks with Arbitrary Degree Distributions

networksciencebook.com/chapter/4/#degree-exponent

4°C
Bewölkt

Suche

Schematische Darstellung eines multipartiten Zitationsnetzwerks



Physik der sozio-ökonomischen Systeme mit dem C

(Physics of Socio-Economic Systems with the Com

Vorlesung gehalten an der J.W.Goethe-Universität in Frankfurt am Main

(Wintersemester 2020/21)

von Dr.phil.nat. Dr.rer.pol. Matthias Hanauske

Frankfurt am Main 02.11.2020

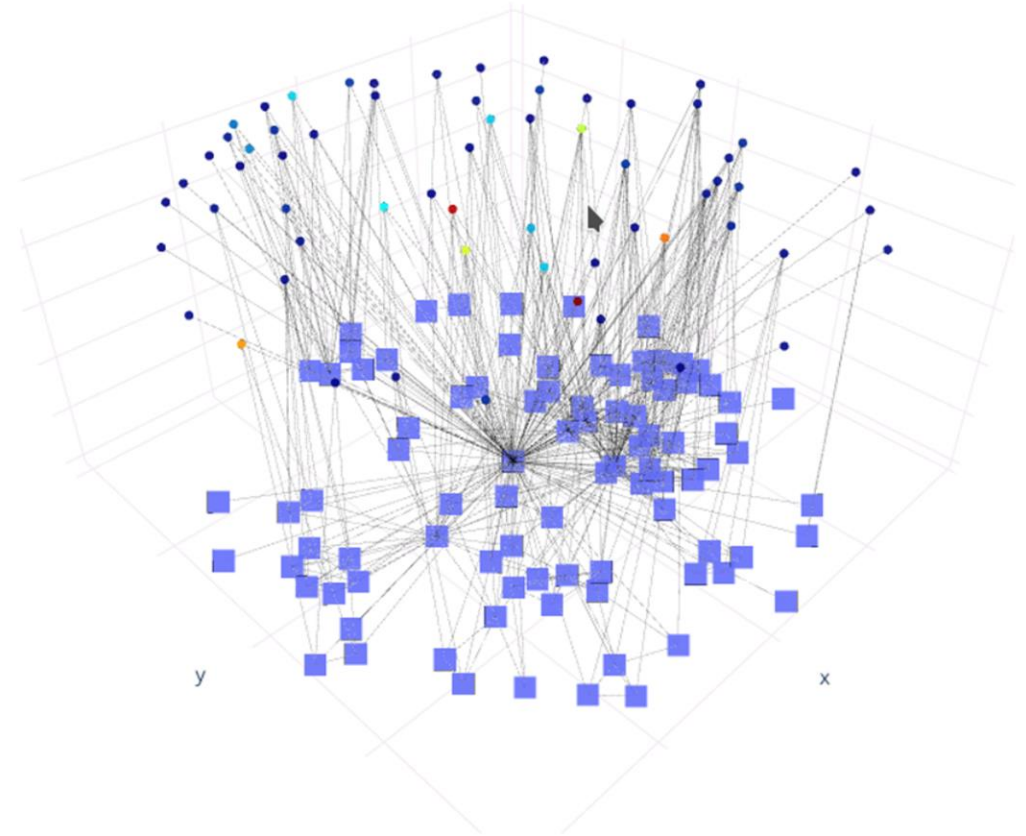
Zweiter Vorlesungsteil:

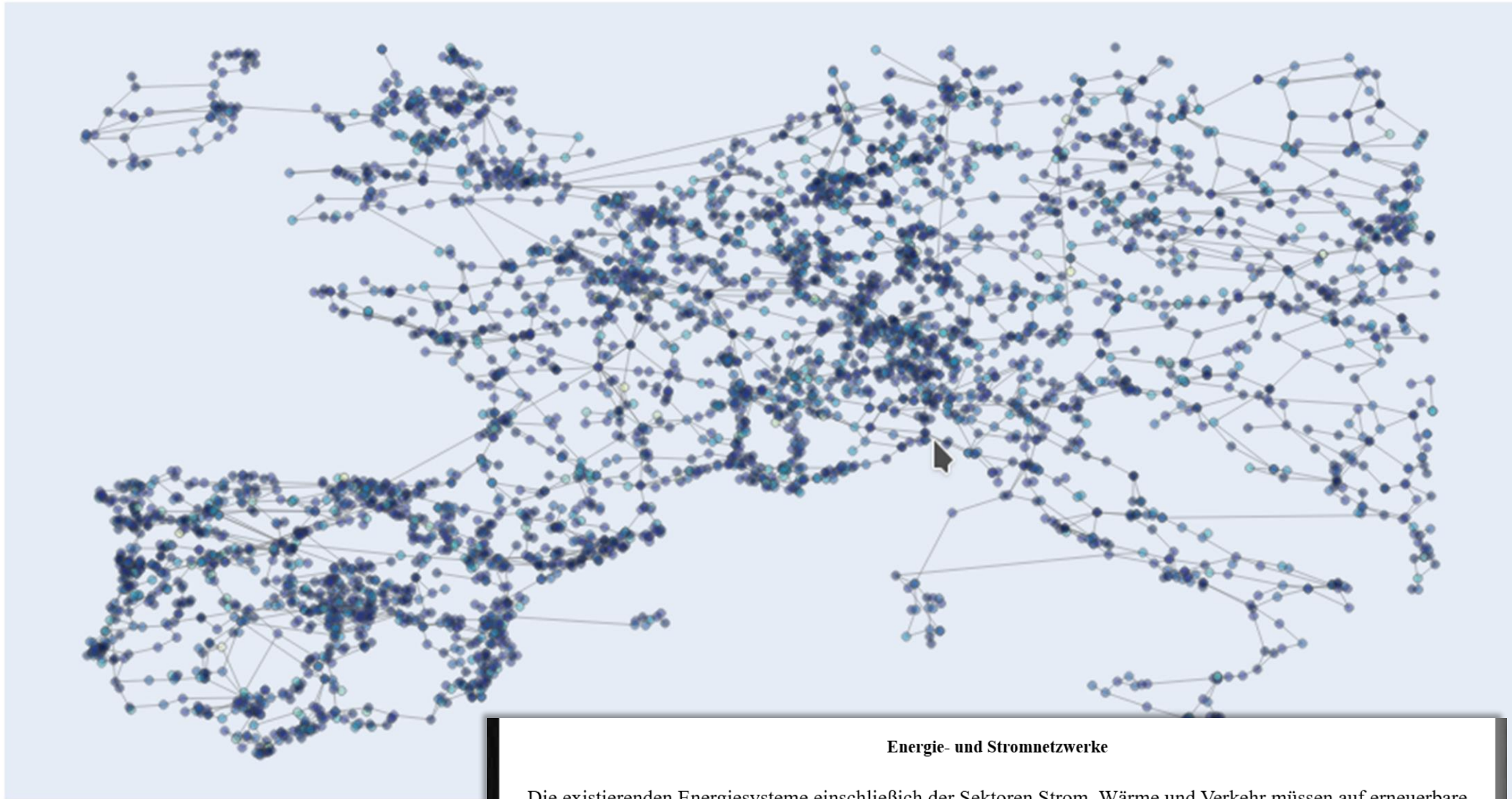
Zitations- und Autorennetzwerke

Einführung

In diesem Jupyter Notebook wird ein Beispiel eines multipartiten Netzwerks betrachtet, das sogenannte Zitations-Autorennetzwerk. In multipartiten Netzwerken kann man die Menge der Netzwerkknoten \mathcal{I} in disjunkte Teilmengen gliedern. Wir betrachten im folgenden den wissenschaftlichen Informationsmarkt, indem Autoren (Teilmenge $\mathcal{A} = \{A, B, \dots\}$ der Netzwerkknoten) wissenschaftliche Artikel/Papers (Teilmenge $\mathcal{P} = \{p_1, p_2, \dots\}$ der Netzwerkknoten) schreiben und in wissenschaftlichen Journalen (Teilmenge \mathcal{J} der Netzwerkknoten) veröffentlichen. Wir beschränken uns jedoch hierbei auf ein bipartites Netzwerk und betrachten lediglich das Autoren-Zitationsnetzwerk ($\mathcal{I} = \mathcal{A} \cup \mathcal{P}$).

Neben diesen unterschiedlichen Knotenarten existieren auch unterschiedliche Kanten in diesem bipartitem Netzwerk. Die Kanten welche die Autoren miteinander verbinden kennzeichnen Koautorenschaften die entstehen können, wenn man einen gemeinsamen Artikel schreibt; diese Kanten haben zahlenmäßige Gewichtung (wieviele Artikel man zusammen geschrieben hat) und sind ungerichtet. Kanten, die Autorenknoten mit Artikelknoten miteinander verknüpfen sind ungerichtet und ungewichtet und kennzeichnen einfach das dieser Autor diesen Artikel geschrieben hat. Diejenige Kanten, die Artikel miteinander verbinden sind dagegen gerichtet und ungewichtet und kennzeichnen das ein Artikel einen anderen zitiert.





Energie- und Stromnetzwerke

Die existierenden Energiesysteme einschließlich der Sektoren Strom, Wärme und Verkehr müssen auf erneuerbare Energien umgestellt werden. [Python for Power System Analysis](#) (PyPSA) ist eine Open-Source-Python-Umgebung für die Modellierung und Analyse komplexer Energie- und Stromnetzwerke. Es wird unter anderem das komplexe Stromnetzwerk Europas simuliert, das aus mehreren tausenden elektrischen Knoten (buses) besteht, die mit Kanten (transmission lines) verbunden sind. Zusätzlich können Energiequellen (Stromerzeuger), Stromverbraucher (Lasten), Speichereinheiten und Umrichter (Transformatoren) an die Stromknoten angeschlossen werden. In dem Jupyter Notebook [Das europäische Stromnetzwerk](#) ([Download Jupyter Notebook](#)) werden zunächst die grundlegenden Netzwerk-relevanten Größen des europäischen Stromnetzwerks von PyPSA in ein NetworkX Netzwerk übertragen und dann in diversen Diagrammen visualisiert.

E-Learning und interaktive Übungsaufgaben

Zusätzlich zu den Informationen aus dieser Internetseite finden Sie in diesem Unterpunkt diverse interaktive Übungsaufgaben zu den folgenden Themen:

Aufgabe 1

Reine Nash-Gleichgewichte in einem simultanen (2x2)-Spiel in strategischer Form mit symmetrischer Auszahlungsmatrix

Aufgabe 2

Gemischtes Nash-Gleichgewicht in einem simultanen (2x2)-Spiel in strategischer Form mit symmetrischer Auszahlungsmatrix

Aufgabe 3

Das gemischtes Nash-Gleichgewicht im Hirschjagt-Spiel

Aufgabe 4

Spielklassen von simultanen (2x2)-Spielen in strategischer Form mit symmetrischer Auszahlungsmatrix

Aufgabe 5

Zeitliche Entwicklung des Populationsvektors im evolutionären Spiel

Aufgabe 6

Evolutionär stabile Strategien

Aufgabe 7

Zeitliche Entwicklung des Populationsvektors im evolutionären Bi-Matrix Spiel

Aufgabe 8

Gemischtes Nash-Gleichgewicht in einem simultanen (2x2)-Spiel in strategischer Form mit unsymmetrischer Auszahlungsmatrix

Aufgabe 9

Gemischtes Nash-Gleichgewicht und zeitliche Entwicklung des Populationsvektors in Zentrumsspielen

Aufgabe 10

Zeitliche Entwicklung des Populationsvektors im evolutionären (2x3)-Spiel

Aufgabe 11

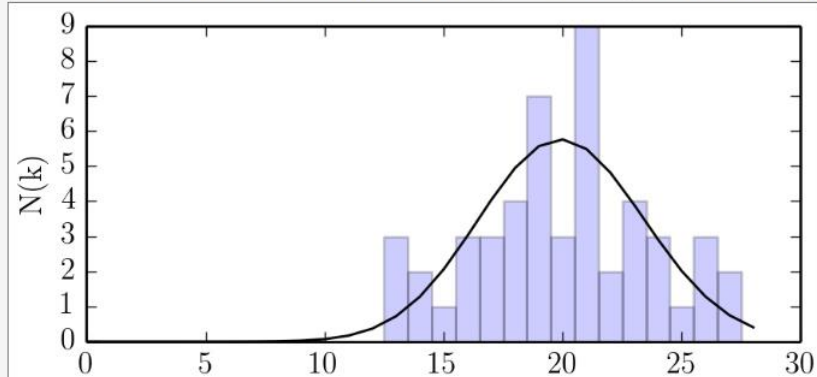
Gemischtes Nash-Gleichgewicht im evolutionären (2x3)-Spiel

Aufgabe 12

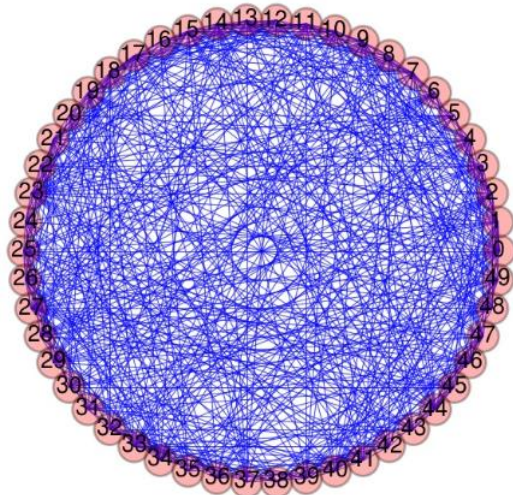
Mittlere Distanz zwischen zwei Knoten in einem zufälligen Netzwerk

Aufgabe 12

Qualitative Veranschaulichung der Aufgabenstellung



$$N(k) = N \binom{N-1}{k} p^k (1-p)^{N-1-k}$$



$$N = 50, p = 0.4082, m = 500$$

Berechnen Sie den durchschnittlichen Abstand $\langle d \rangle$ zwischen zwei Knoten in einem zufälligen Netzwerk. Das Netzwerk habe $N = 75$ Knoten und $m = 500$ Kanten. Benutzen Sie zur Berechnung das Jupyter Notebook `RandomNetworks.ipynb` (bzw. das Python Programm `RandomNetwork_evol.py`) und mitteln Sie über eine genügend grosse Anzahl von einzelnen Realisierungen des Netzwerks (Ensemble Mittel). Tragen Sie bitte Ihren Wert in das untere Eingabefeld ein

$\langle d \rangle =$

und vergleichen Sie indem Sie den folgenden *Button* drücken.

Lösung anzeigen

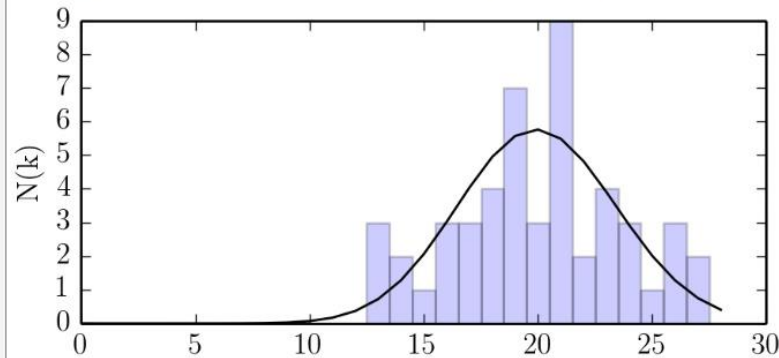
Lösung

Der durchschnittliche Abstand zwischen zwei Knoten beträgt

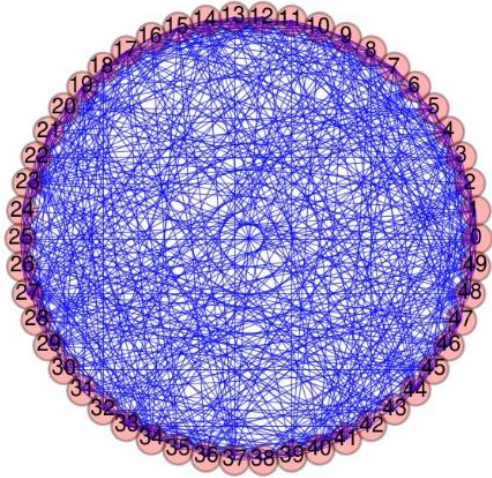
$\langle d \rangle =$

Aufgabe 13

Qualitative Veranschaulichung der Aufgabenstellung



$$N(k) = N \binom{N-1}{k} p^k (1-p)^{N-1-k}$$



$$N = 50, p = 0.4082, m = 500$$

Berechnen Sie den Clusterkoeffizienten C eines zufälligen Netzwerk. Das Netzwerk habe $N = 90$ Knoten und $m = 500$ Kanten. Benutzen Sie zur Berechnung das Jupyter Notebook `RandomNetworks.ipynb` (bzw. das Python Programm `RandomNetwork_evol.py`) und mitteln Sie über eine genügend grosse Anzahl von einzelnen Realisierungen des Netzwerks (Ensemble Mittel, z.B. 100 Netzwerke). Tragen Sie bitte Ihren Wert in das untere Eingabefeld ein

$C =$

und vergleichen Sie indem Sie den folgenden *Button* drücken.

Lösung anzeigen

Lösung

Der Clusterkoeffizienten C beträgt

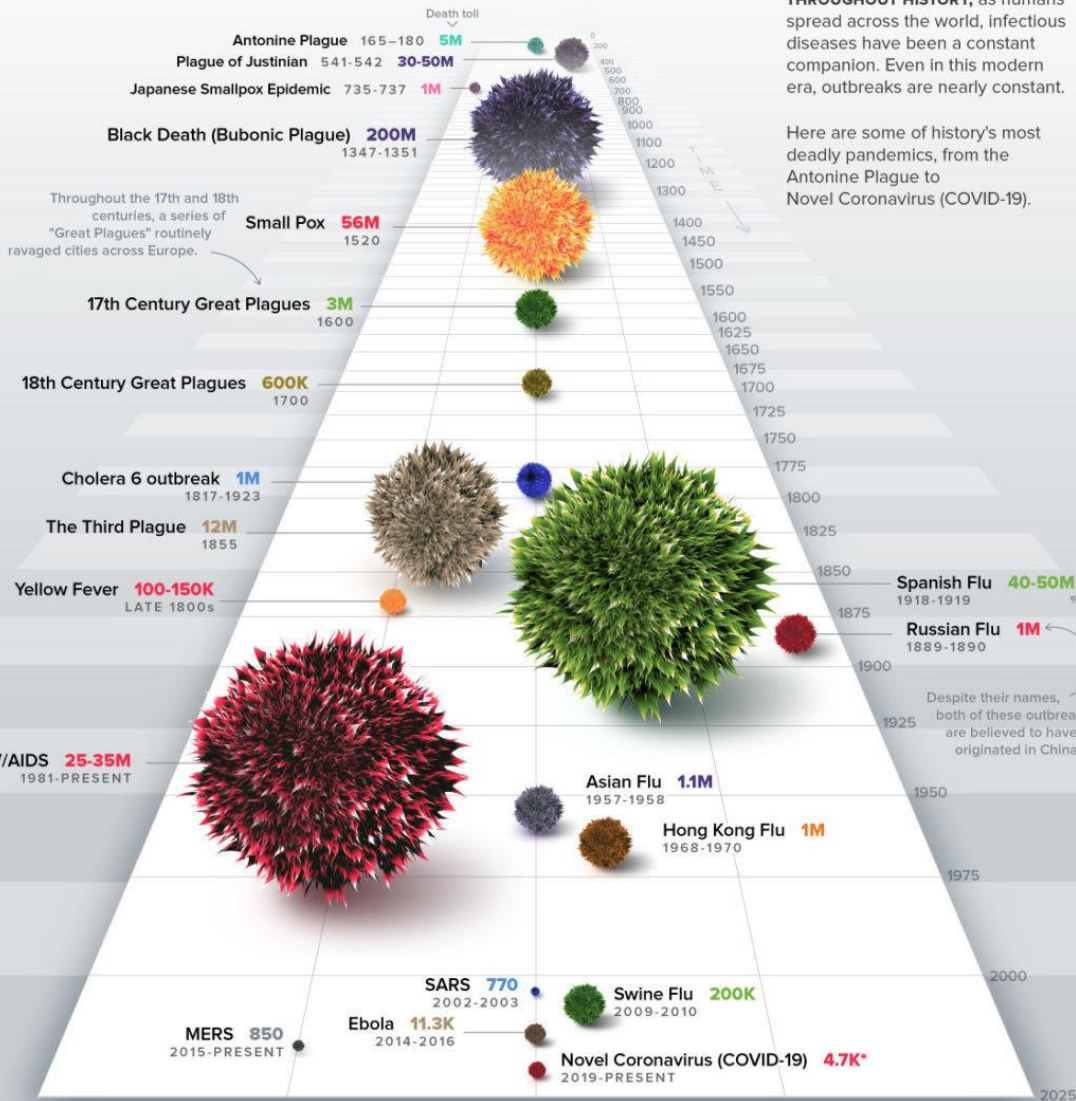
$C =$

HISTORY OF PANDEMICS

PAN-DEM-IC (of a disease) prevalent over a whole country or the world.

THROUGHOUT HISTORY, as humans spread across the world, infectious diseases have been a constant companion. Even in this modern era, outbreaks are nearly constant.

Here are some of history's most deadly pandemics, from the Antonine Plague to Novel Coronavirus (COVID-19).



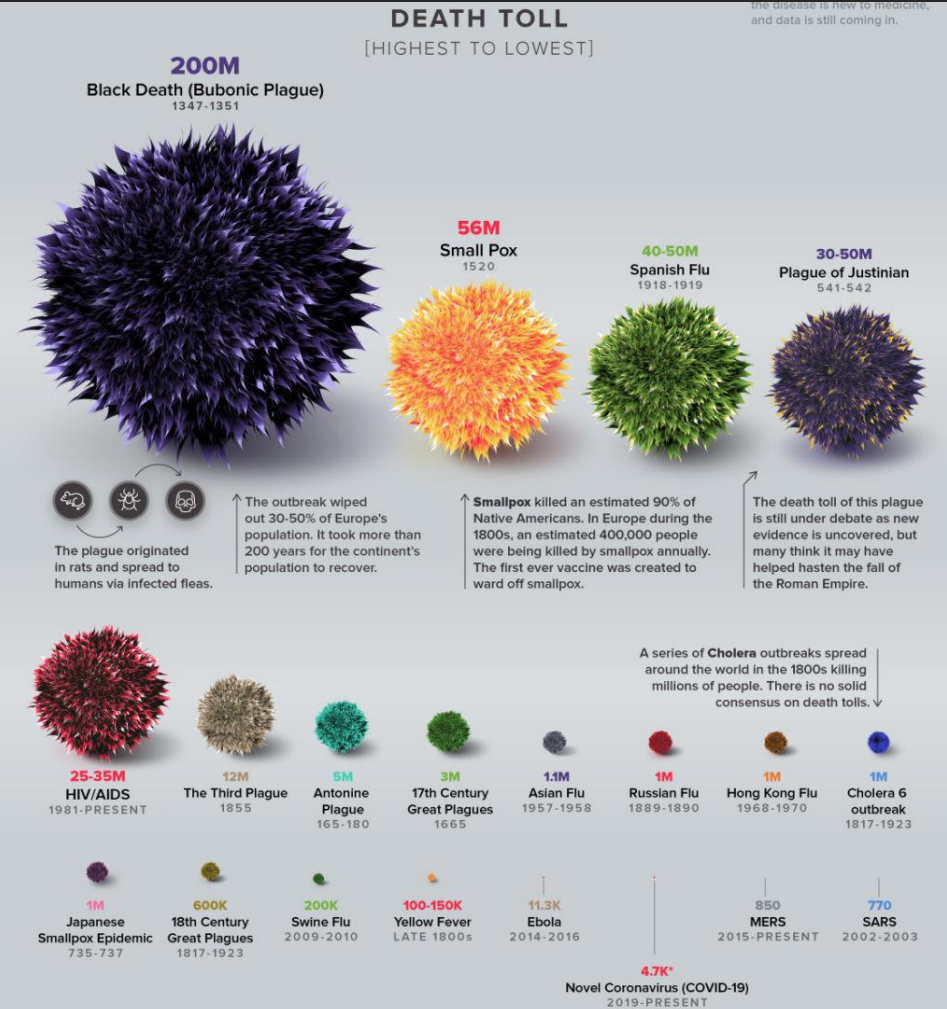
*As of Mar 11, officially a pandemic according to WHO

It is hard to calculate and forecast the impact of COVID-19 because the disease is new to medicine, and data is still coming in.

DEATH TOLL

Ausbreitung eines Virus auf einem komplexen Netzwerk

Die Geschichte der Pandemien



The disease is new to medicine, and data is still coming in.



The plague originated in rats and spread to humans via infected fleas.

The outbreak wiped out 30-50% of Europe's population. It took more than 200 years for the continent's population to recover.

Smallpox killed an estimated 90% of Native Americans. In Europe during the 1800s, an estimated 400,000 people were being killed by smallpox annually. The first ever vaccine was created to ward off smallpox.

The death toll of this plague is still under debate as new evidence is uncovered, but many think it may have helped hasten the fall of the Roman Empire.

A series of Cholera outbreaks spread around the world in the 1800s killing millions of people. There is no solid consensus on death tolls.

Sources: CDC, WHO, BBC, Wikipedia, Historical records, Encyclopedia Britannica



Facebook: /visualcapitalist, Twitter: @visualcap, Instagram: @visualcap, Website: visualcapitalist.com

OUTBREAK

DEADLIEST PANDEMICS IN HISTORY

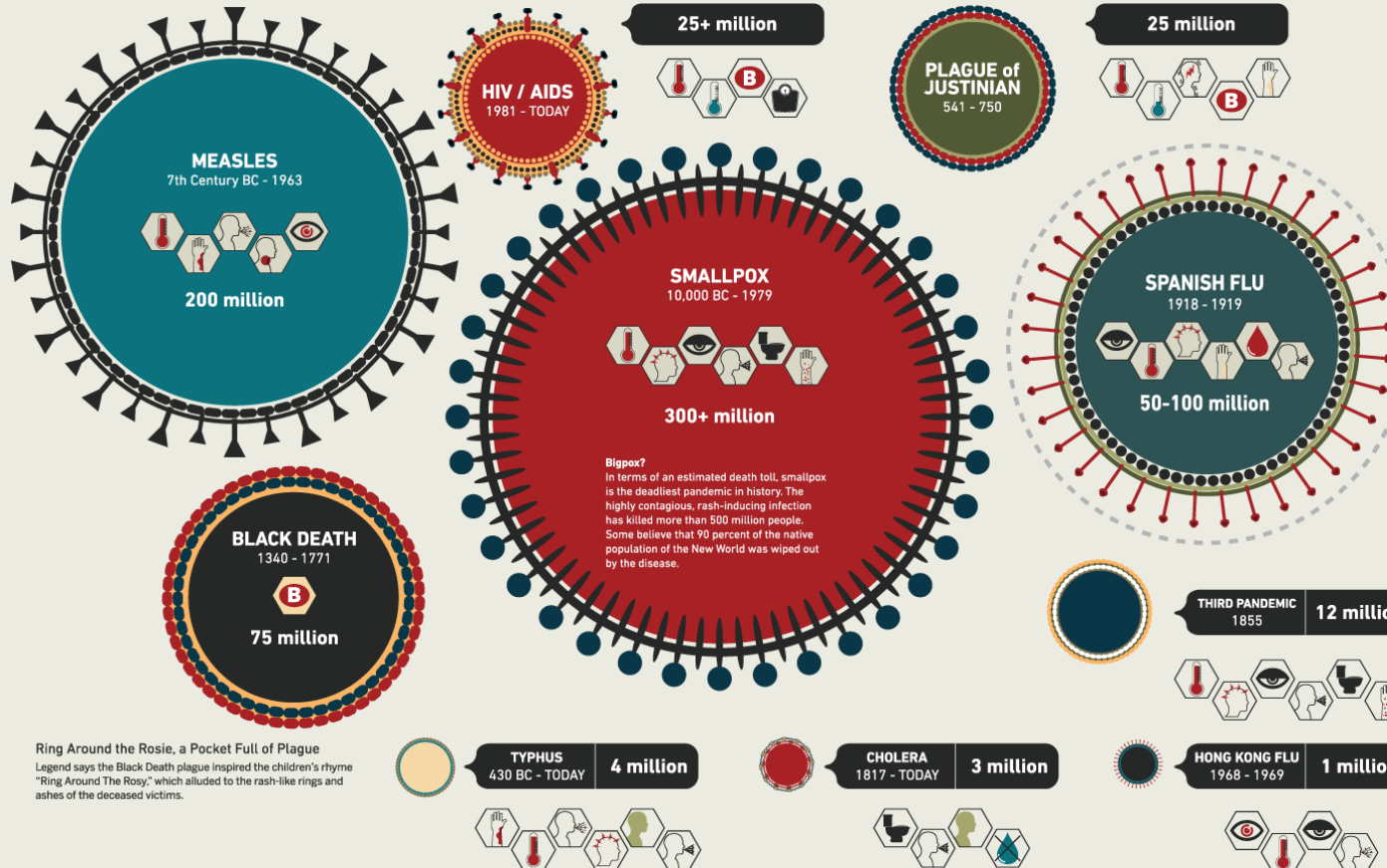
Because a virus doesn't care about state lines or national borders, it can wipe out millions and span multiple continents rapidly. Here is a look at the infectious diseases the world has battled throughout history.

What is a Pandemic?

Derived from the Greek word *panemos* meaning "pertaining to all people," a pandemic is a widespread disease that affects humans over a wide geographic area.

Key:

PANDEMIC YEAR DEATH TOLL



Bigpox?
In terms of an estimated death toll, smallpox is the deadliest pandemic in history. The highly contagious, rash-inducing infection has killed more than 500 million people. Some believe that 90 percent of the native population of the New World was wiped out by the disease.

Ring Around the Rosie, a Pocket Full of Plague
Legend says the Black Death plague inspired the children's rhyme "Ring Around The Rosy," which alluded to the rash-like rings and ashes of the deceased victims.

Honorable Mentions

Although the following viruses do not have a figure for total amount of lives claimed, they continue to terrorize various areas around the world.

MALARIA 1600 - Today

Common Symptoms

Chills, Headache, Fever, Jaundice, Muscle Pain, Nausea, Vomiting, Seizures

Death Toll

According to the World Health Organization's 2010 "World Malaria Report," an estimated 781,000 people are killed by the virus every year.

TUBERCULOSIS 700 BC - Today

Common Symptoms

Chest Pain, Cough, Fever, Chills, Fatigue

Death Toll

There are almost 2 million tuberculosis-related deaths worldwide every year.

YELLOW FEVER 16th Century - Today

Common Symptoms

Bleeding, Fever, Nausea, Vomiting, Delirium, Seizures, Jaundice

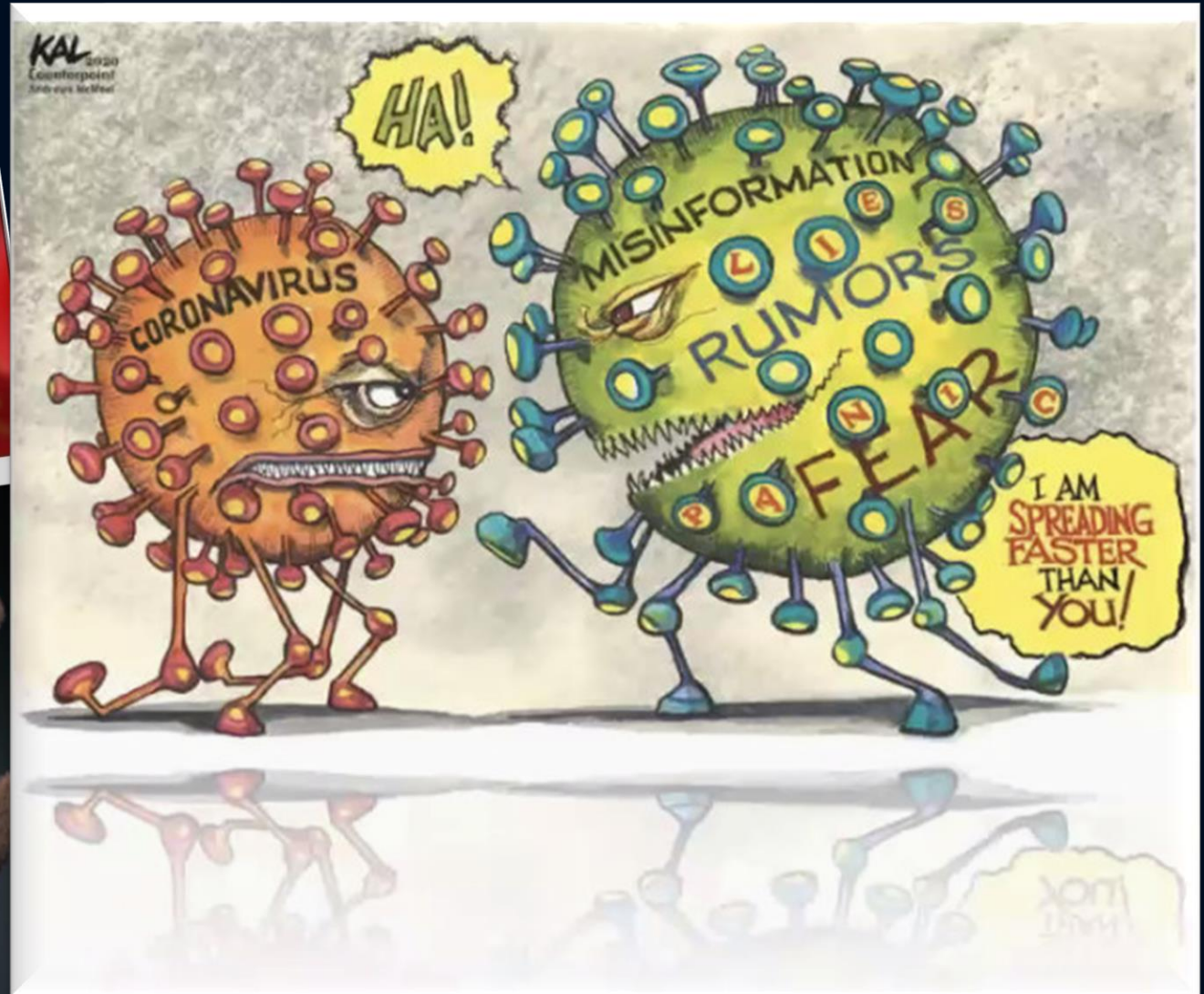
Death Toll

Worldwide, 30,000 deaths are caused by the infection every year.



Ausbreitung auf dem Kontakt-Netzwerk von Personen

Ausbreitung auf dem zugrundeliegenden Netzwerk Informationsnetzwerk



Allgemein: Ausbreitungsphänomene auf komplexen Netzwerken

Phenomena	Agent	Network
Venereal Disease	Pathogens	Sexual Network
Rumor Spreading	Information, Memes	Communication Network
Diffusion of Innovations	Ideas, Knowledge	Communication Network
Computer Viruses	Malwares, Digital viruses	Internet
Mobile Phone Virus	Mobile Viruses	Social Network/Proximity Network
Bedbugs	Parasitic Insects	Hotel - Traveler Network
Malaria	Plasmodium	Mosquito - Human network

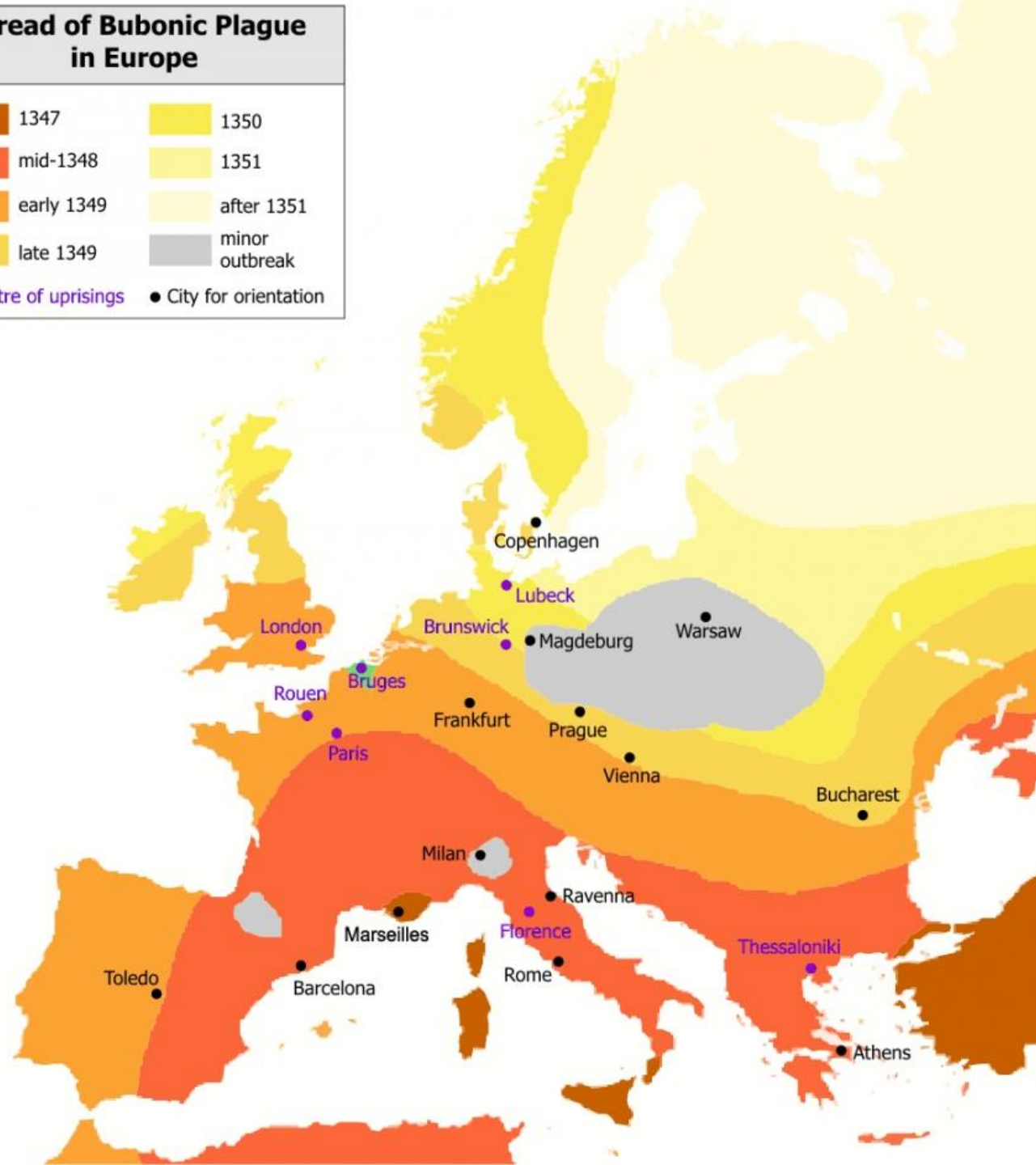
Table 10.1

Networks and Agents

The spread of a pathogen, a meme or a computer virus is determined by the network on which the agent spreads and the transmission mechanism of the responsible agent. The table lists several much studied spreading phenomena, together with the nature of the particular spreading agent and the network on which the agent spreads.

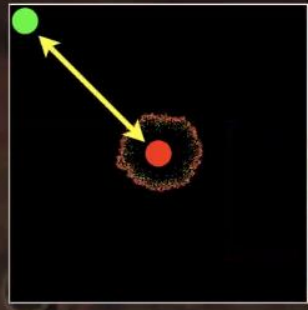
Spread of Bubonic Plague in Europe

- 1347
- mid-1348
- early 1349
- late 1349
- 1350
- 1351
- after 1351
- minor outbreak
- Centre of uprisings
- City for orientation



Ausbreitung der Beulenpest in den Jahren 1347-1351

Zoom Meeting
Streaming Service You are viewing dirk's screen View Options



Ausbreitung auf einem räumlichen Gitter-Netzwerk

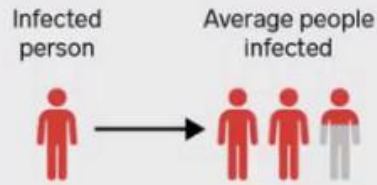


Eine wichtige epidemiologische Größe ist die so genannte Basisreproduktionszahl R_0 . Sie besagt, wie viele Personen von einer infektiösen Person im durchschnittlich angesteckt werden.

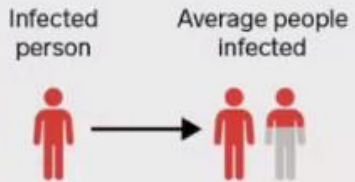
Die Basisreproduktionszahl R_0

The average number of people that one person with a virus infects, based on the R_0 scale

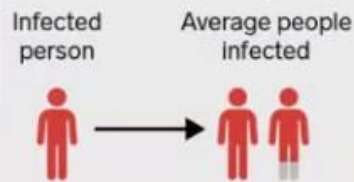
COVID-19: 2–2.5*



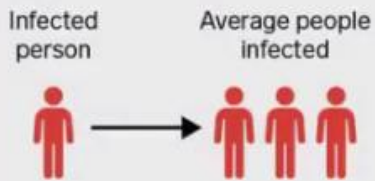
H1N1: 1.2–1.6



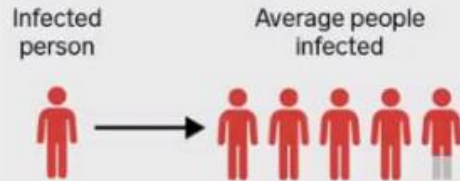
Ebola: 1.6–2



SARS: 2–4



MERS: 2.5–7.2**



*As of February 28, 2020 ** R_0 calculated solely during the 2015 outbreak in South Korea

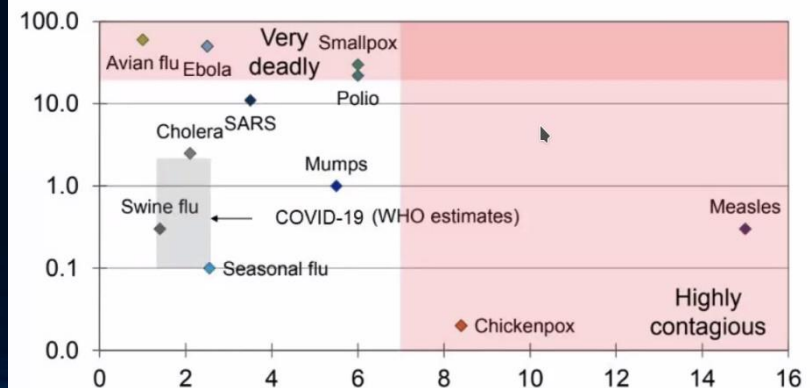
Sources: ScienceMag; WHO; Journal of the ISIRV

BUSINESS INSIDER

Disease	Transmission	R_0
Measles	Airborne	12-18
Pertussis	Airborne droplet	12-17
Diphtheria	Saliva	6-7
Smallpox	Social contact	5-7
Polio	Fecal-oral route	5-7
Rubella	Airborne droplet	5-7
Mumps	Airborne droplet	4-7
HIV/AIDS	Sexual contact	2-5
SARS	Airborne droplet	2-5
Influenza (1918 strain)	Airborne droplet	2-3

How Widespread and How Virulent?

X-axis: Contagiousness (R_0), Y-axis: Mortality rate (% , log scale)



Sources: CDC, WHO, various studies, Moody's Analytics

Viren und Epidemien aus Sicht der Mathematik

Ringvorlesung
im Rahmen der
Frankfurter Bürgeruniversität

online
ringvorlesung.math.
uni-frankfurt.de

Zeit
Jeweils dienstags,
18:00 Uhr



17. November 2020
Prof. Dr. Dirk Brockmann
RKI und HU Berlin

Pandemien und ihre Ausbreitung

01. Dezember 2020
Prof. Dr. Tom Britton
Universität Stockholm

**Mathematical models for epidemics
like COVID-19**

19. Januar 2021
Prof. Dr. Tanja Stadler
ETH Zürich

**Molekulare Epidemiologie:
Von Genomen, Statistik und Bioinformatik
zur Beurteilung der momentanen COVID-19 Situation**

09. Februar 2021
Dr. Viola Priesemann
MPI für Dynamik und Selbstorganisation, Göttingen
**Die Ausbreitung von SARS-CoV-2
abschätzen, vorhersagen und eindämmen**



Veranstalter: Verein zur Förderung der Mathematik und Institut für Mathematik, Goethe-Universität

Ringvorlesung

„VIREN UND EPIDEMIEN AUS SICHT DER MATHEMATIK“

1. Vortrag:

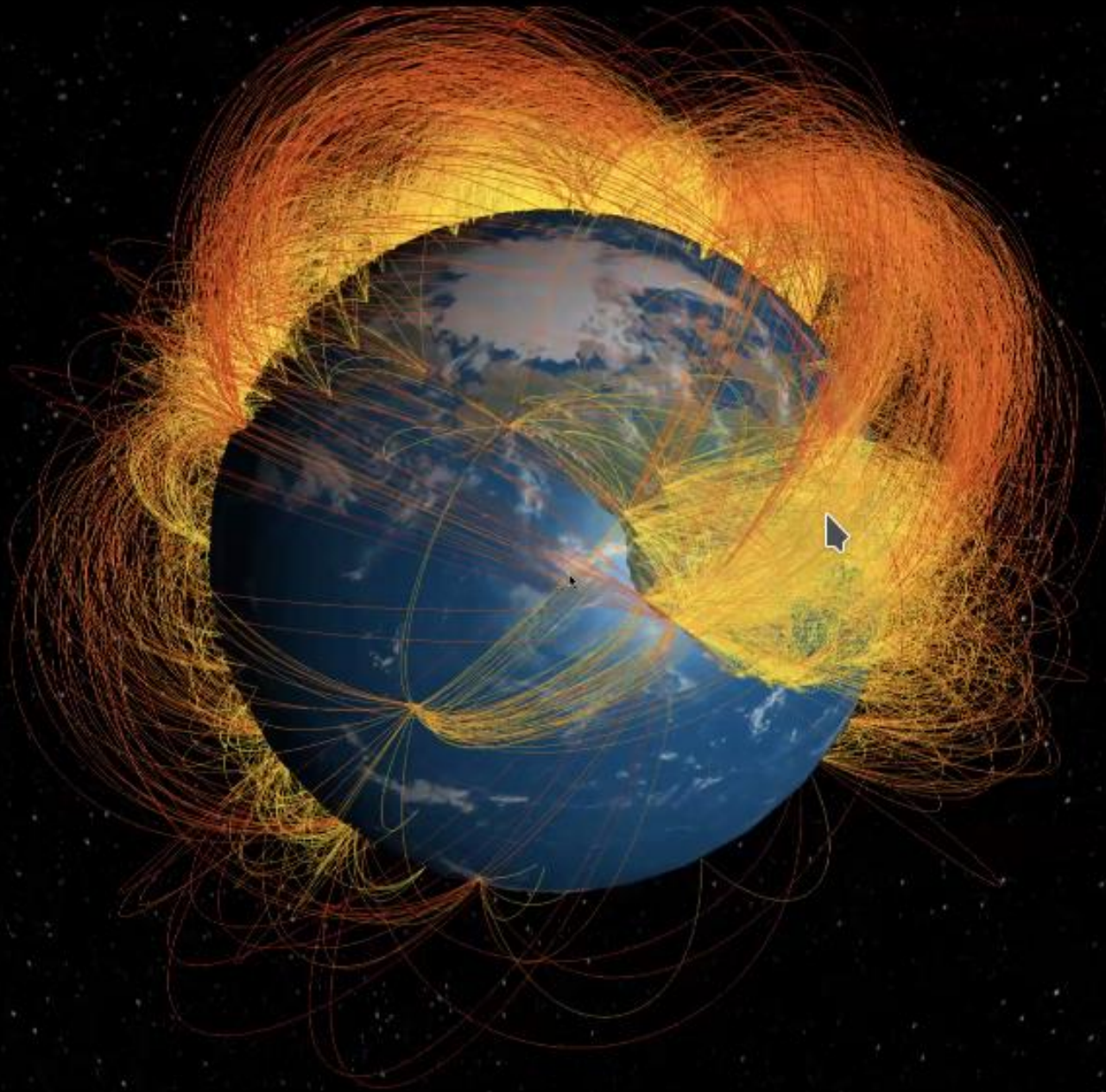
Prof. Dr. Dirk Brockmann
RKI und HU Berlin

„*Pandemien und ihre Ausbreitung*“

Verein zur Förderung der Mathematik
www.mathe-uni-ffm.de



Pandemien und ihre Ausbreitung



Webinar is now streaming live on Custom Live Streaming Service



4000 airports

51000 connections

3 billion passengers

14 billion km/day

global mobility



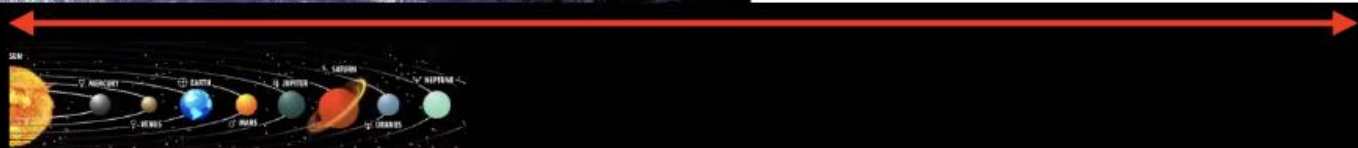
dirk



Webinar is now streaming live on Custom Live Streaming Service



4000 airports



1 billion km



14 billion km/day

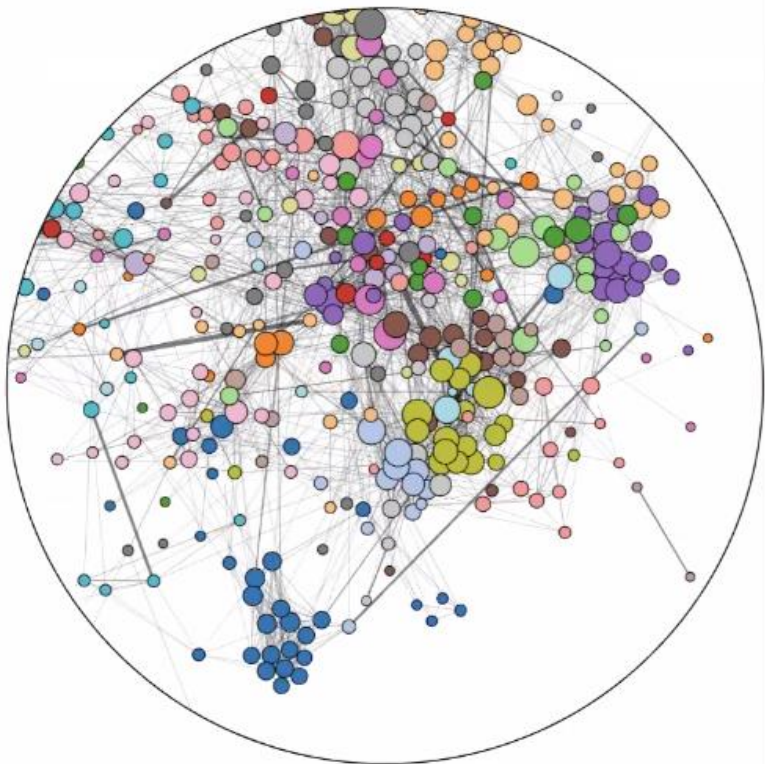
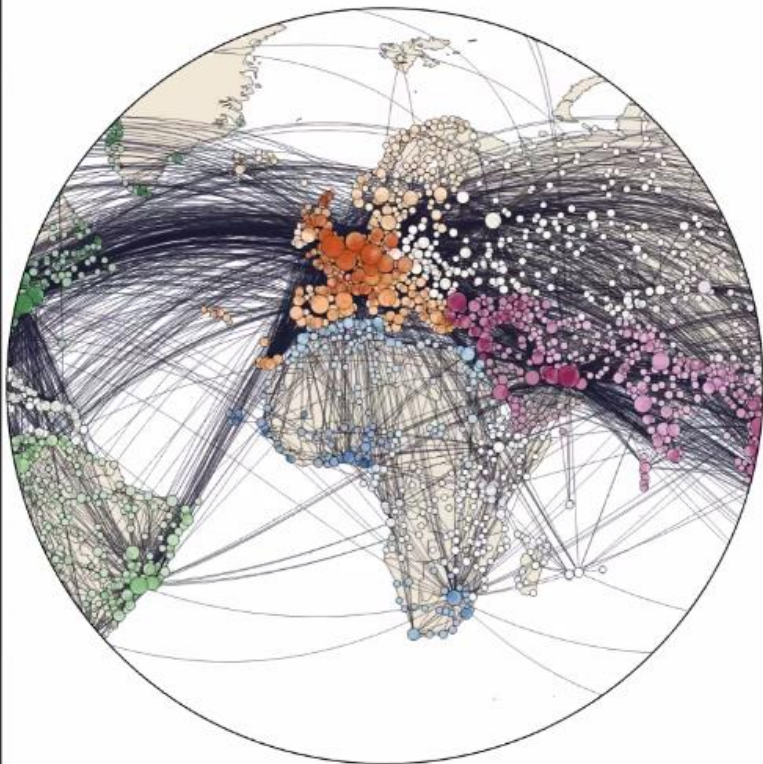
global mobility

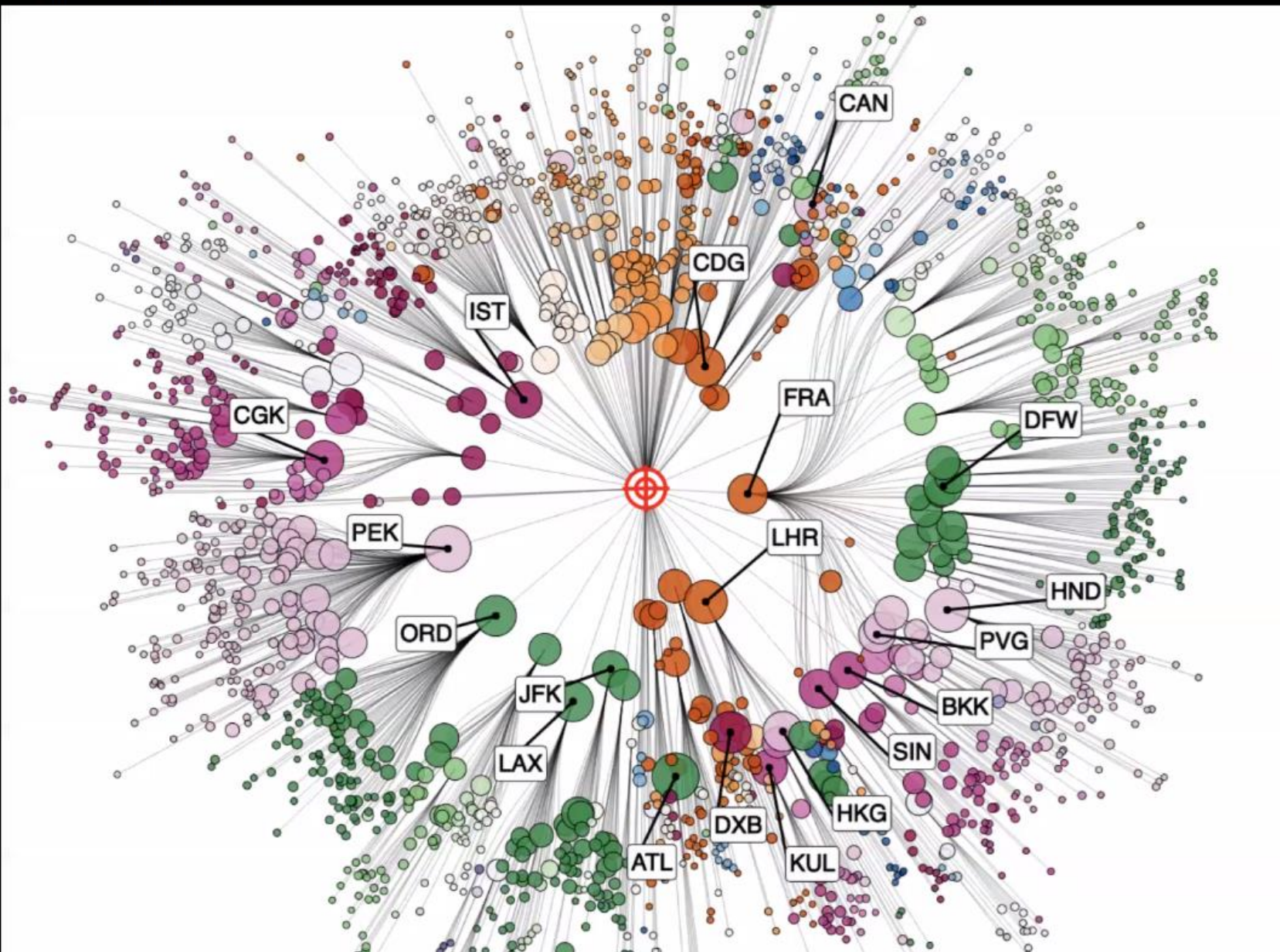


dirk

Webinar is now streaming live on Custom Live Streaming Service

Networks in Epidemiology





Wuhan
China

Research on Complex Systems, Brockmann Lab

<http://rocs.hu-berlin.de>



Das skalenfreie Flugrouten-Netzwerk

Die zugrundeliegende Netzwerk Topologie ist bei der Ausbreitung eines Krankheitserregers von entscheidender Bedeutung.

Die nebenstehende Abbildung zeigt die Verteilungsfunktion der Knotengrade des internationalen Flugrouten-Netzwerkes, wobei die Knoten des Netzwerkes die weltweit größten Flughäfen darstellen ($N=3100$) und die gerichteten und gewichteten Kanten 17182 direkte Flugrouten darstellen (Jahr 2002).

Die Verteilungsfunktion zeigt in einem großen Bereich ein skalenfreies Verhalten.

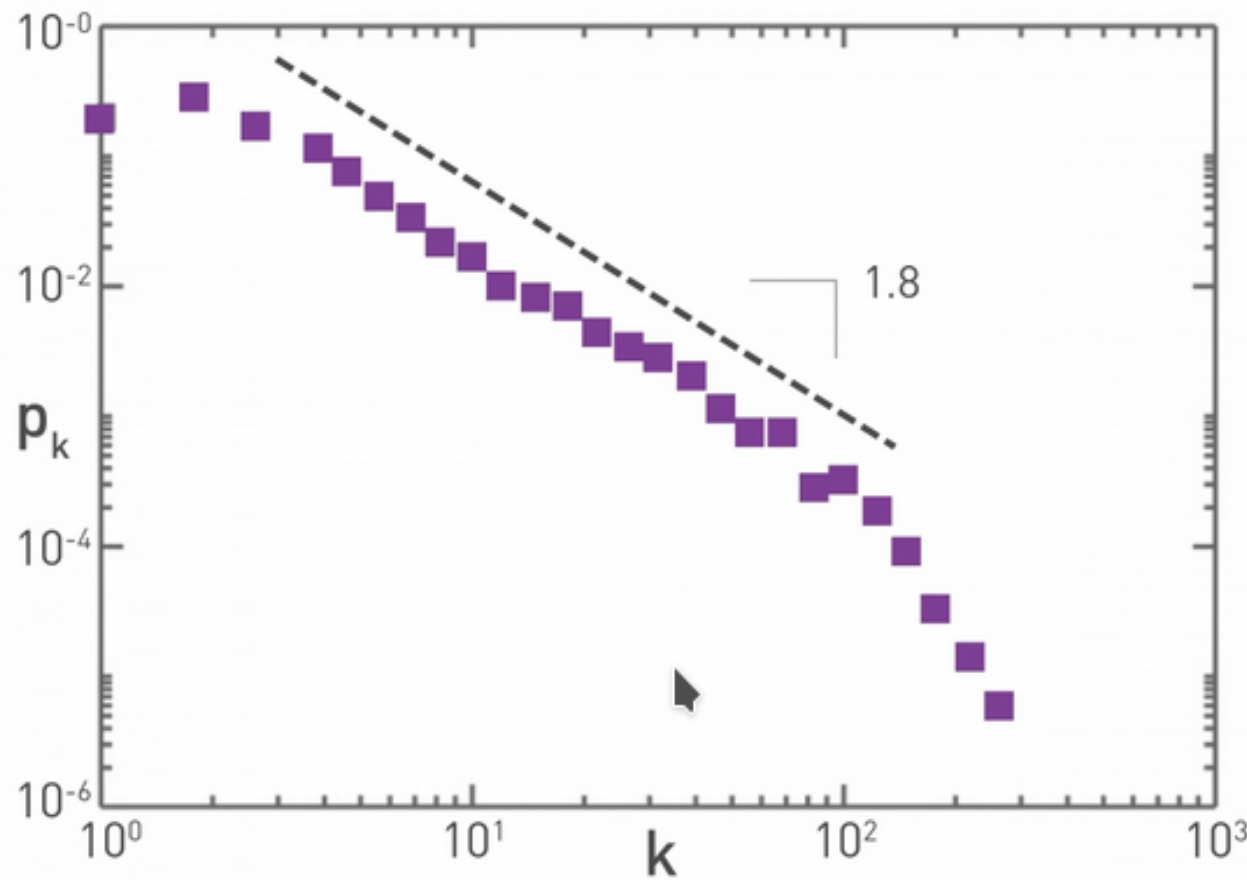


Image 10.15

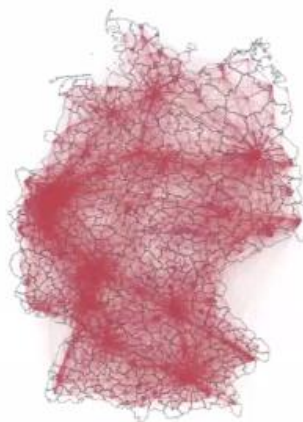
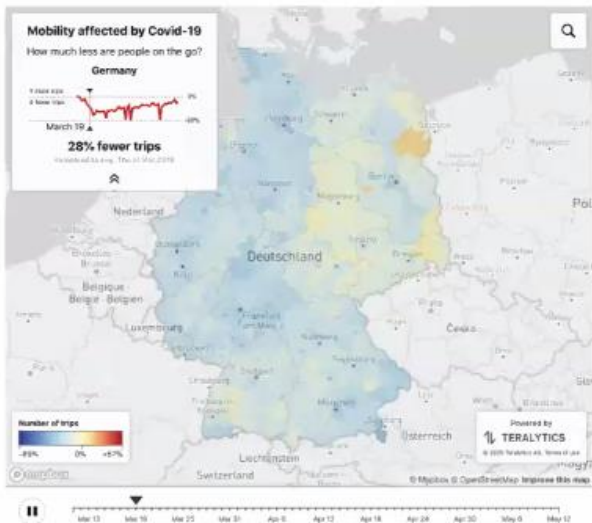
Air Transportation Network

The degree distribution of the air transportation network is well approximated by a power-law with $\gamma = 1.8 \pm 0.2$. The map was built using the International Air Transport Association database that contains the world list of airport and the direct flights between them in 2002. The resulting network is a weighted graph containing the $N=3,100$ largest airports as nodes that are connected by $L=17,182$ direct flights as links, together accounting for 99% of the worldwide traffic. After [25].

mobility analysis

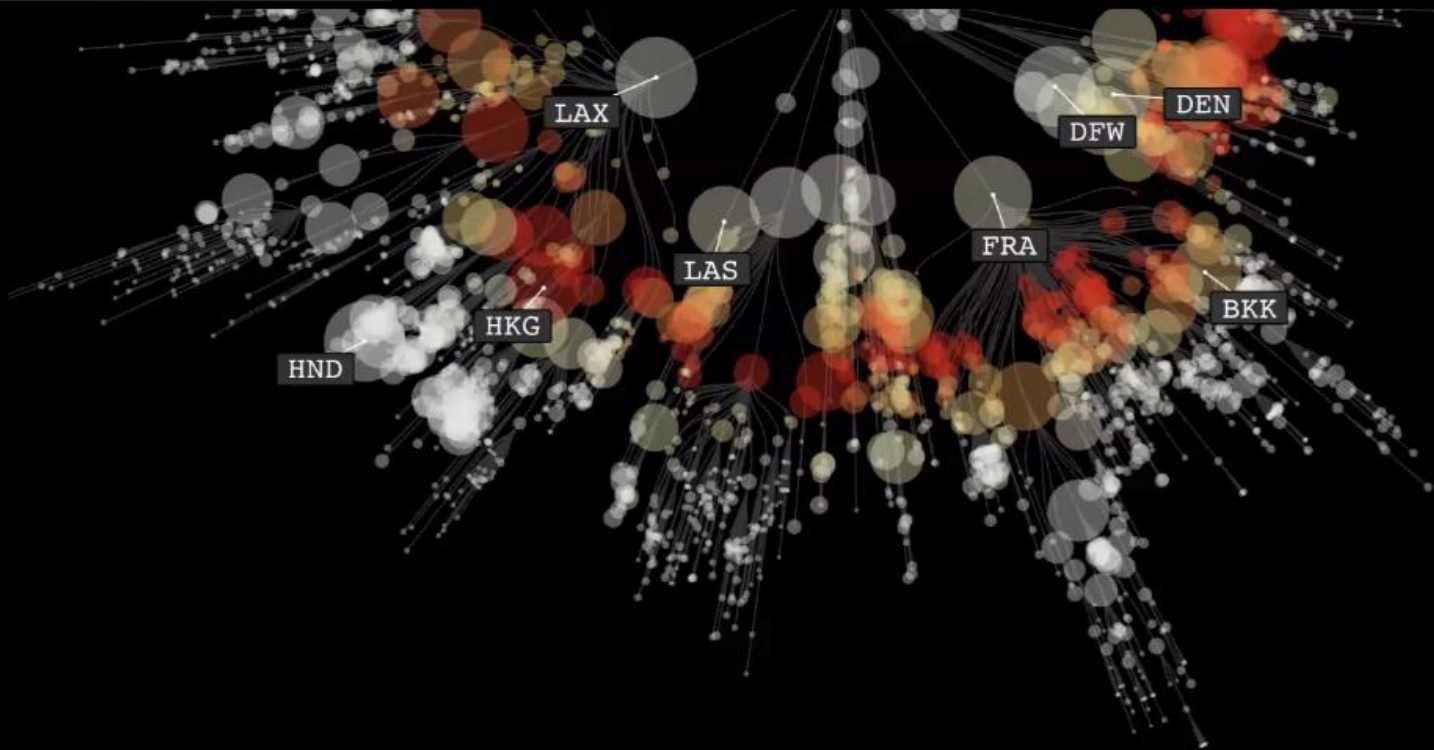
<https://www.covid-10-mobility.org>

Mobility monitor



aggregated
anonymized





thank you

<http://rocs.hu-berlin.de>

@DirkBrockmann



Meeting is now streaming live on Custom Live Streaming Service

**Viren und Epidemien
aus Sicht der
Mathematik**

Ringvorlesung
im Rahmen der
Frankfurter Bürgeruniversität

online
ringvorlesung.math.
uni-frankfurt.de

Zeit
Jeweils dienstags,
18:00 Uhr



17. November 2020
Prof. Dr. Dirk Brockmann
RKI und HU Berlin
Pandemien und ihre Ausbreitung

01. Dezember 2020
Prof. Dr. Tom Britton
Universität Stockholm
**Mathematical models for epidemics
like COVID-19**

19. Januar 2021
Prof. Dr. Tanja Stadler
ETH Zürich
**Molekulare Epidemiologie:
Von Genomen, Statistik und Bioinformatik
zur Beurteilung der momentanen COVID-19 Situation**

09. Februar 2021
Dr. Viola Priesemann
MPI für Dynamik und Selbstorganisation, Göttingen
**Die Ausbreitung von SARS-CoV-2
abschätzen, vorhersagen und eindämmen**

GOETHE
UNIVERSITÄT
FRANKFURT AM MAIN

Veranstalter: Verein zur Förderung der Mathematik und Institut für Mathematik, Goethe-Universität

Ringvorlesung „VIREN UND EPIDEMIEN AUS SICHT DER MATHEMATIK“

3. Vortrag:
Prof. Dr. Tanja Stadler
ETH Zürich

„Molekulare Epidemiologie:
Von Genomen, Statistik und Bioinformatik
zur Beurteilung der momentanen COVID-19 Situation“

Verein zur Förderung der Mathematik
www.mathe-uni-ffm.de

GOETHE
UNIVERSITÄT
FRANKFURT AM MAIN




Meeting is now streaming live on Custom Live Streaming Service

Agenda

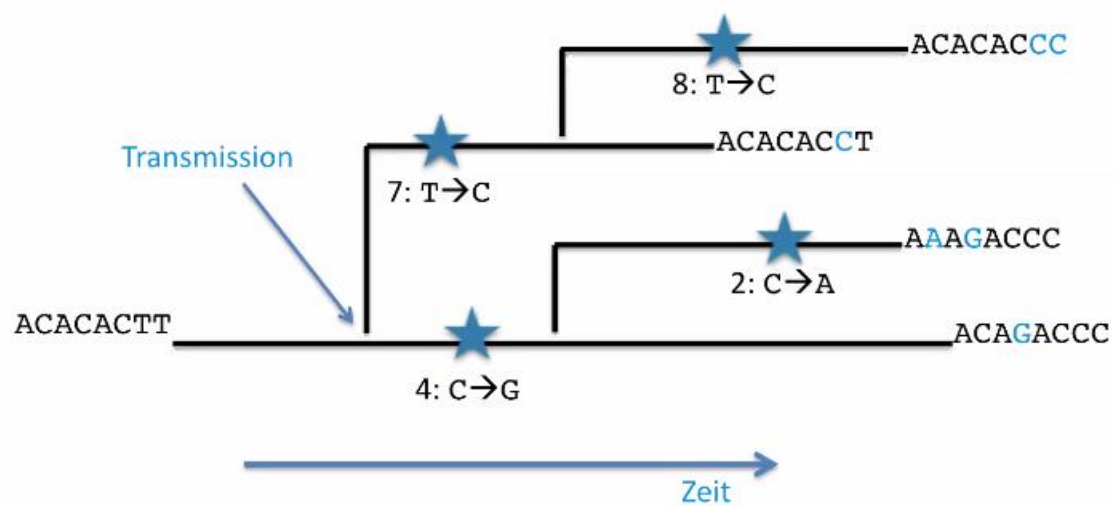
- Reproduktionszahl
- Strategien zum Umgang mit der Epidemie
- Informationen basierend auf Genom-Daten
 - Transmissionsketten
 - Varianten

2



Meeting is now streaming live on Custom Live Streaming Service

Die SARS-CoV-2 Genome verändern sich durch Mutationen



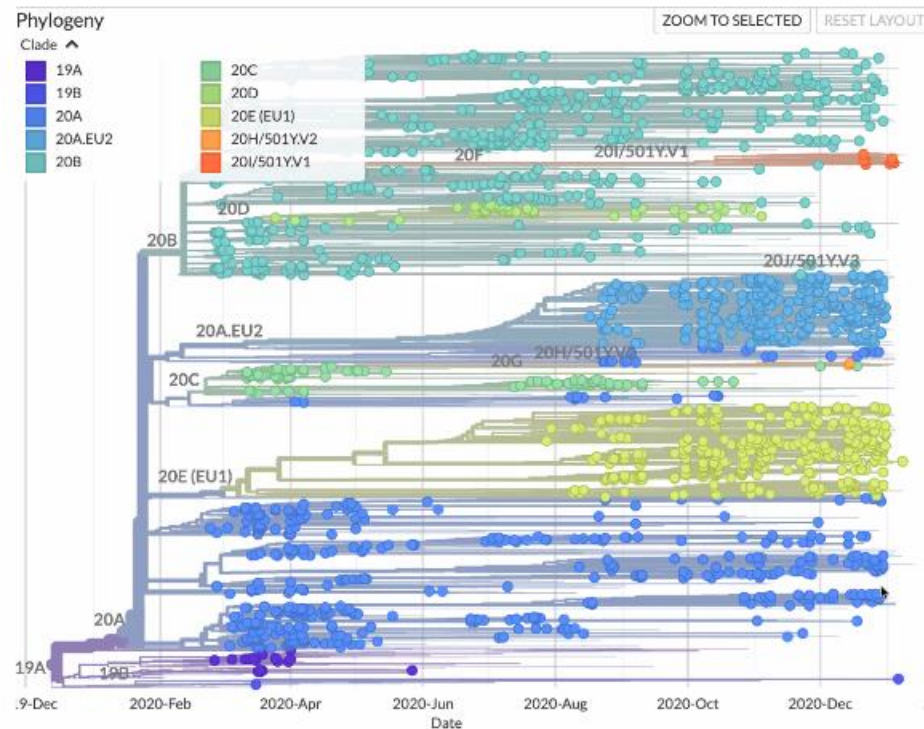
13



Tanja Stadler

Meeting is now streaming live on Custom Live Streaming Service

Der SARS-CoV-2 Transmissions-Baum

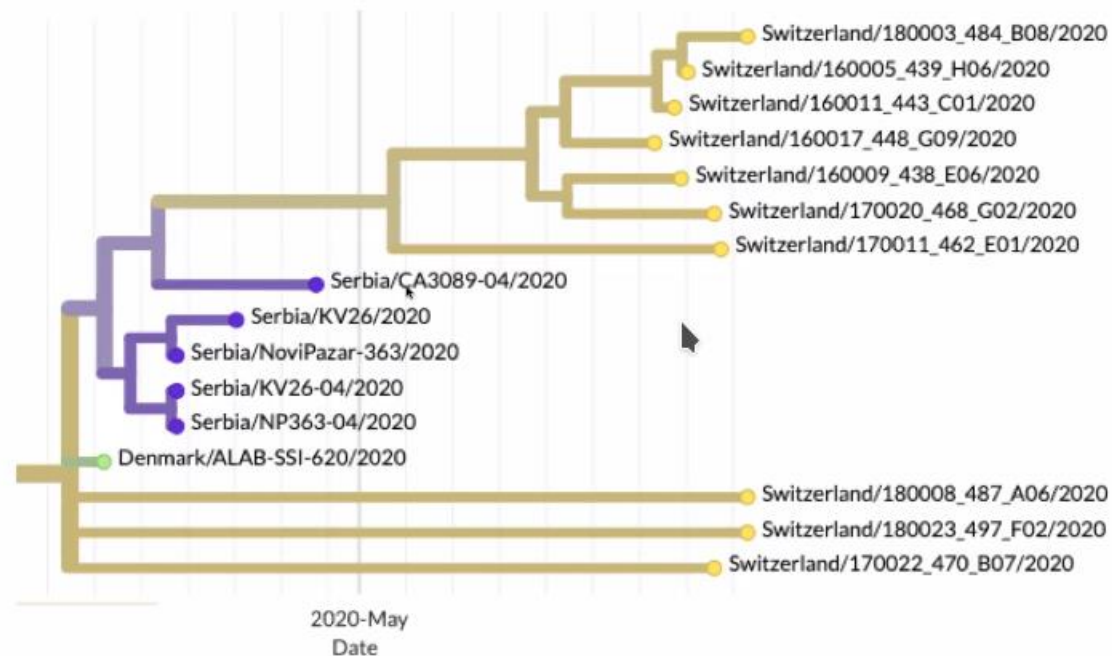


https://nextstrain.org/groups/swiss/ncov/switzerland?f_country=Switzerland



Meeting is now streaming live on Custom Live Streaming Service

Einblicke in die Epidemie - Transmissionen über Landesgrenzen hinweg



https://nextstrain.org/groups/swiss/ncov/switzerland?f_country=Switzerland

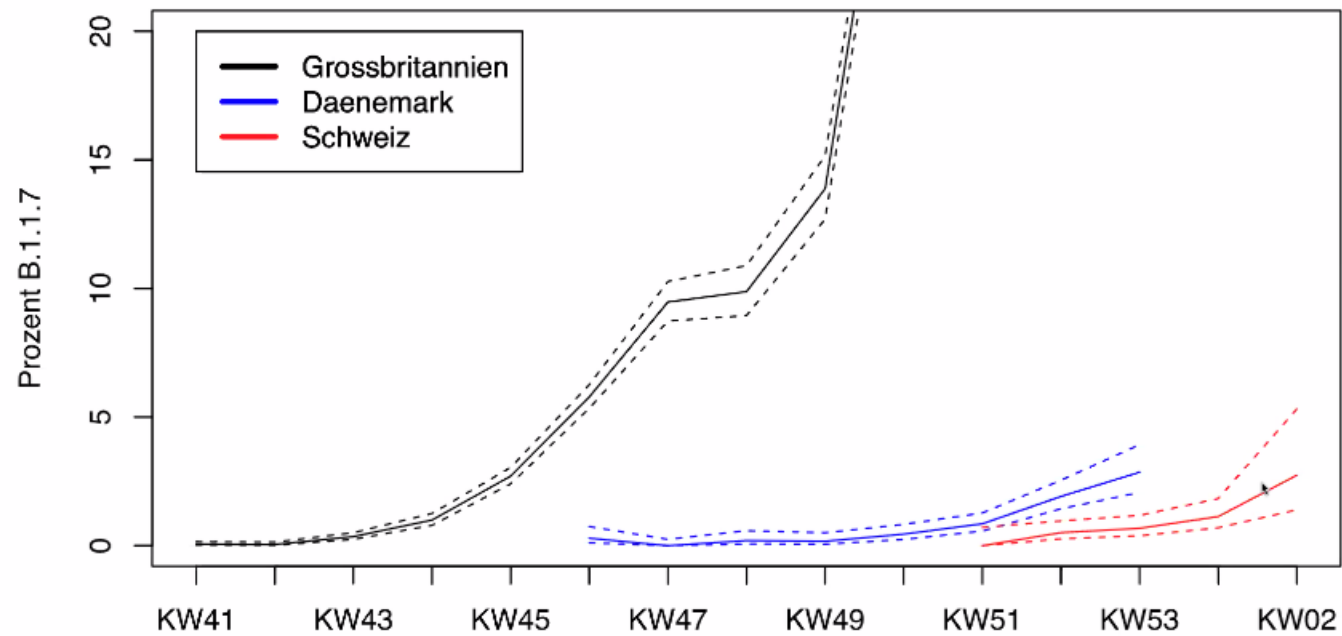
16



Tanja Stadler

Meeting is now streaming live on Custom Live Streaming Service

Dynamik der neuen Variante



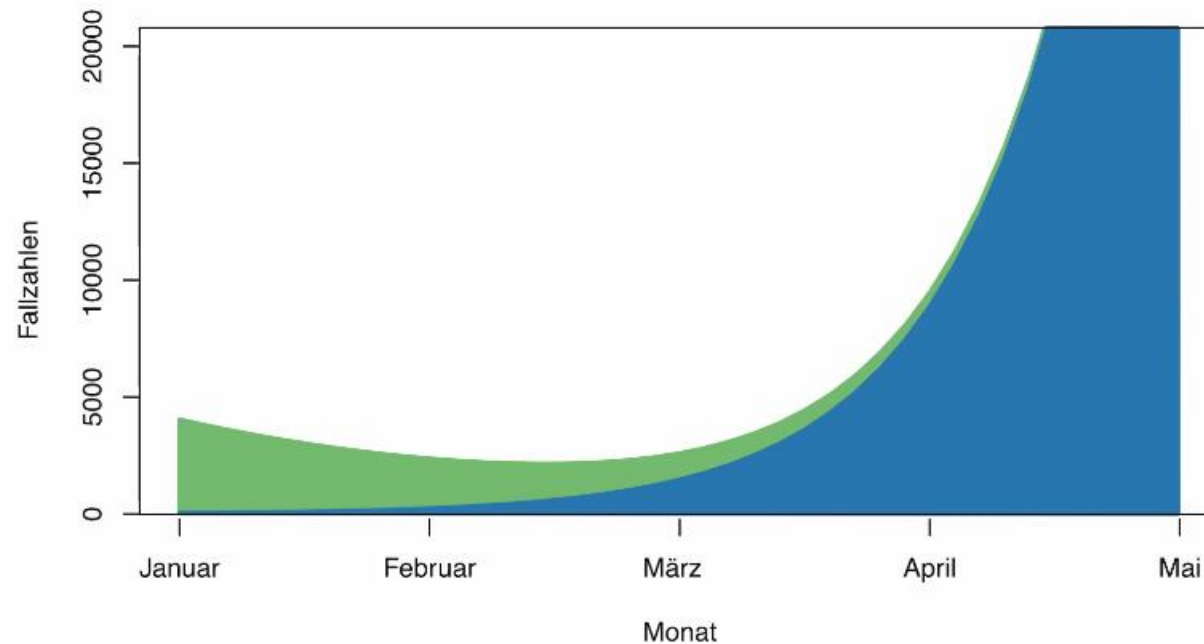
20



Meeting is now streaming live on Custom Live Streaming Service

Neue Variante B.1.1.7 hat erheblichen Transmissionsvorteil

R-Wert bekannte Variante: 0.9. Transmissions-Vorteil neue Variante: 50%.



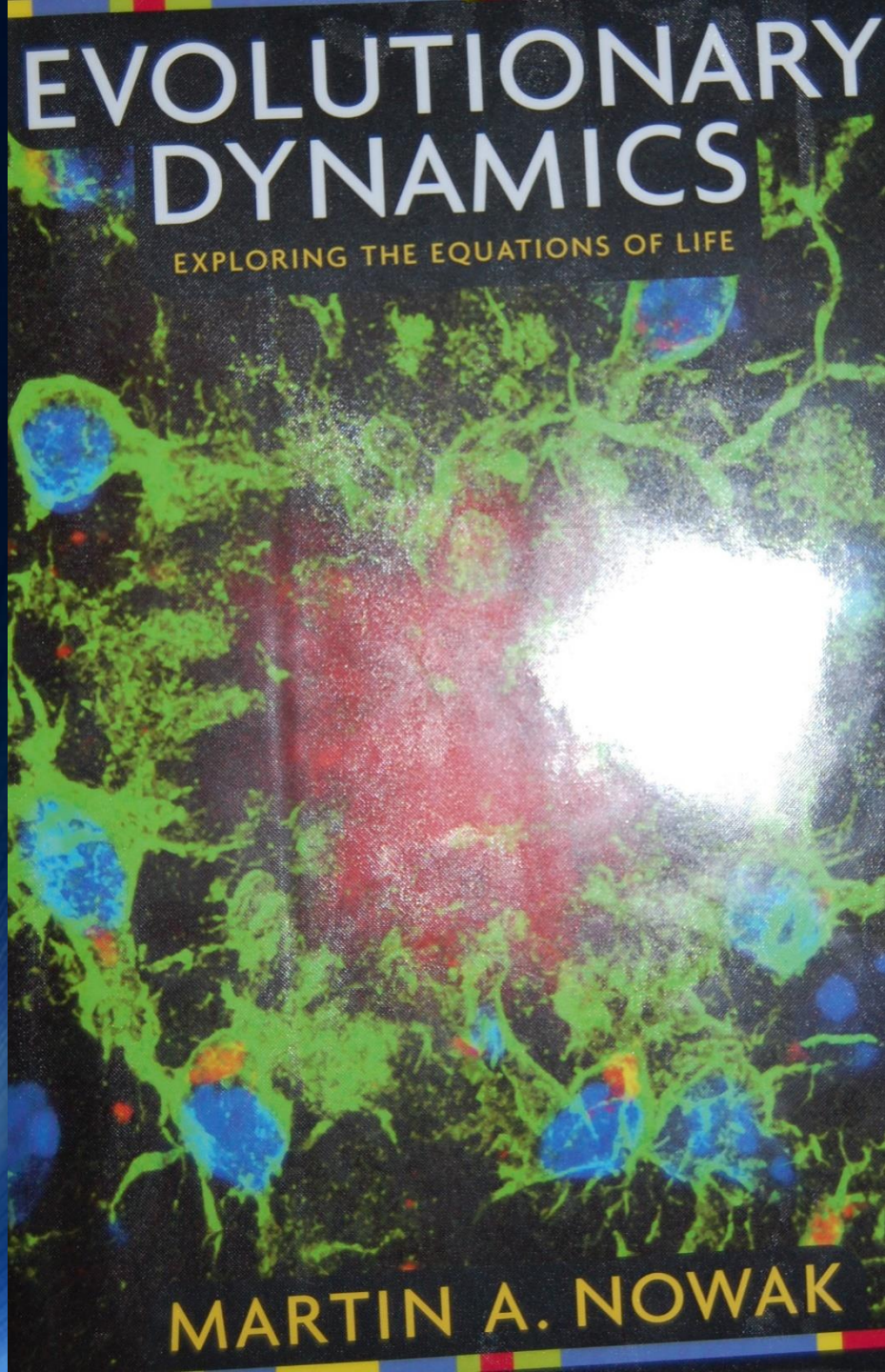
Annahmen:

- Anfangsprevalenz neue Variante 1%
- Ohne Effekt Impfung; Impfung wird auf Dauer R-Wert senken

23



Tanja Stadler



Einführung in Teil III

Evolutionäre Spieltheorie auf komplexen Netzwerken

Die folgenden Beispiele sind an das Kapitel 9 im Buch M.A. Nowak „**Evolutionary Dynamics**“ (Kapitel 9: Spatial Games) angelehnt.

Viele der in diesem Unterkapitel behandelten Systeme sind dem Buch Martin A. Nowak, Evolutionary Dynamics - Exploring the Equations of Life, 2006 entnommen, welches eine sehr gute und allgemein verständliche Einführung in das Themengebiet der evolutionären Dynamik darstellt. Obwohl der Fokus dieses Buches im Bereich der Evolution von biologischen Systemen liegt (siehe Kapitel 10: HIV Infection, Kapitel 11: Evolution of Virulence, Kapitel 12: Evolutionary Dynamics of Cancer, und Kapitel 13: Language Evolution), sind die Kapitel 1-9 weitgehend allgemein formuliert. Die evolutionäre Dynamik unterschiedlicher Spezies einer Tierart und der Mechanismus wie Tierarten ineinander übergehen wurde von Charles Darwin bereits im Jahre 1840 beschrieben. Im Jahre 1973 stellte John Maynard Smith eine Verbindung zwischen den Populationsgleichungen der Biologie und der evolutionären Spieltheorie her. Das Konzept der *Quasi-Spezies* (Ensemble von ähnlichen Genomen Sequenzen (Erbgut eines Lebewesens) welches durch einen Prozess der Mutation und Selektion entstanden ist) wurde von Manfred Eigen und Peter Schuster entwickelt (siehe Kapitel 3.3: Martin A. Nowak, Evolutionary Dynamics - Exploring the Equations of Life). Die Struktur der Quasi-Spezies Differentialgleichung ist den Gleichungen der evolutionären Spieltheorie sehr ähnlich (siehe Bild 3.4 und 4.5: Martin A. Nowak, Evolutionary Dynamics - Exploring the Equations of Life). Die evolutionäre Vorteilhaftigkeit einer Genom Sequenz wird hierbei als die *Fitness* der Quasi-Spezies bezeichnet. *Quasi-Spezies* entsprechen den Strategien der Spieltheorie und die Fitness kann als der Auszahlungswert einer Strategie aufgefasst werden. Die zeitliche Entwicklung der *Quasi-Spezies* am Beispiel des Paarungsverhalten von Eidechsen wird z.B. in siehe Sinervo, Barry, and Curt M. Lively. 'The rock-paper-scissors game and the evolution of alternative male strategies.' Nature 380.6571 (1996): 240. analysiert (siehe auch Vorlesung 6). Die evolutionäre Dynamik hängt von der unterliegenden Netzwerkstruktur der beteiligten Akteure ab und skalenfreie Netzwerkstrukturen agieren hier als Verstärker der evolutionären Selektion (siehe Kapitel 8, Evolutionary Graph Theory: Martin A. Nowak, Evolutionary Dynamics - Exploring the Equations of Life). Im folgenden Unterpunkt werden sie sogenannten *Spatial Games* behandelt (eine ausführliche Einführung findet sich im Kapitel 9: Martin A. Nowak, Evolutionary Dynamics - Exploring the Equations of Life).

A **quasispecies** is a population of reproducing RNA or DNA molecules

ATCAGGACTCA	0000110011000110
ATC G GGACTCA	0000110011 1 00110
ATCAGGA A TCA	1 000110011000 0 10
...	...

4-nucleotide alphabet Binary alphabet

Figure 3.3 The ensemble of genomes of a natural population form a quasispecies: the genomes of different individuals are similar but not identical. Biology has chosen a four-letter alphabet consisting of the nucleotides A, T, C, and G for its genes. Most in silico evolution uses a binary alphabet for convenience. Sequence differences (mutations) are shown in red.

Evolution is **adaptation** of the **quasispecies** on the fitness landscape



Figure 3.5 Quasispecies love to climb mountains in high-dimensional spaces. The higher they get, the fitter they are. Adaptation means to go up.

The **quasispecies equation**

$$\dot{x}_i = \sum_{j=1}^n x_j f_j Q_{ji} - \phi(\vec{x}) x_i$$

Frequency of j Mutation from j to i
 Time derivative of frequency of i Fitness of j Average fitness
 $\phi(\vec{x}) = \sum_i f_i x_i$

Figure 3.4 The quasispecies equation, formulated by Manfred Eigen and Peter Schuster, is one of the most important equations in theoretical biology. It describes the mutation and selection of an infinitely large population on a constant fitness landscape.

Das Konzept der Quasi-Spezien (Ensemble von ähnlichen Genomen Sequenzen (Erbgut eines Lebewesens) welches durch einen Prozess der Mutation und Selektion entstanden ist) wurde von Manfred Eigen und Peter Schuster entwickelt. Die Struktur der Quasi-Spezien Differentialgleichung ist den Gleichungen der evolutionären Spieltheorie sehr ähnlich.

Populationsmodelle der epidemischen Ausbreitung

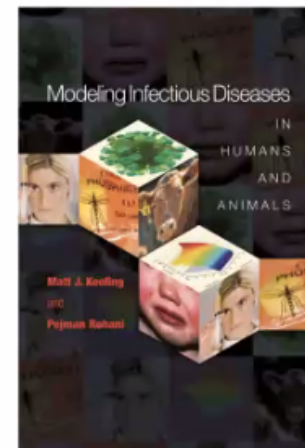
- Population-based models
 - Deterministic or stochastic
 - Continuous time
 - Ordinary differential equation
 - Partial differential equations
 - Delay differential equations
 - Integro-differential equations
 - Discrete time
 - Difference equations
- Agent-based/individual-based models
 - Usually stochastic



Spreading dynamics on networks: from social interactions to epidemics and pandemics

Fakhteh Ghanbarnejad
Sharif University of Technology, Tehran
<http://www.pks.mpg.de/~fakhteh>

18 March
DPG 2020, Online!

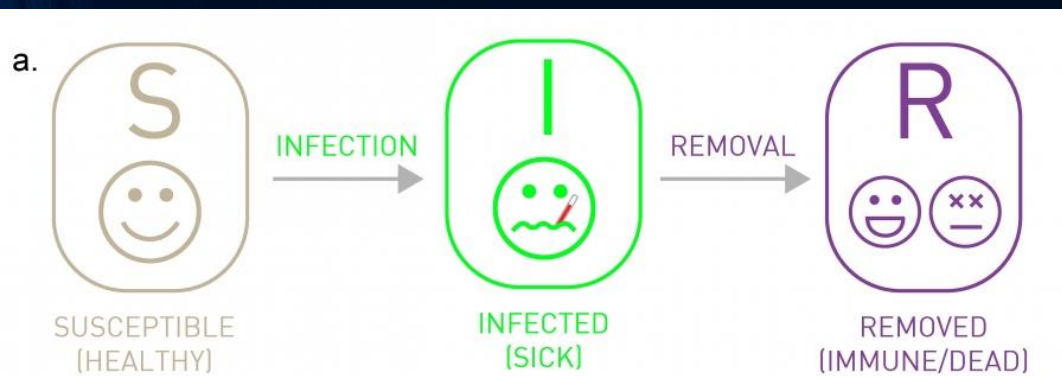


<http://www.modelinginfectiousdiseases.org/>

Deterministische Modelle der epidemischen Ausbreitung

Online-Buch 'Network Science' von Albert-Laszlo Barabasi,
Chapter 10: Spreading phenomena

Die deterministischen Populationsmodelle der Epidemiologie basieren auf gewissen vereinfachten Grundannahmen.



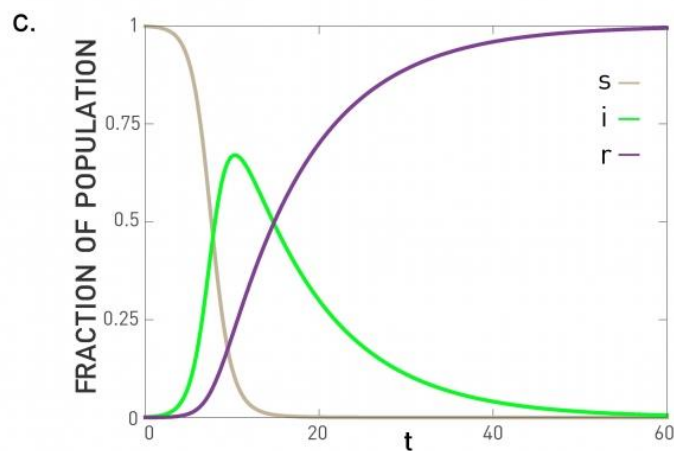
b.

$$\frac{ds}{dt} = -\beta \langle k \rangle i [1 - r - i]$$

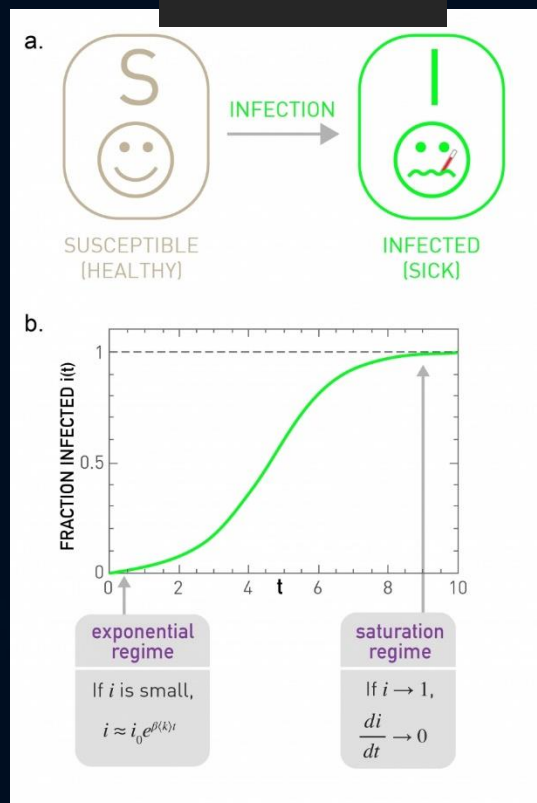
$$\frac{di}{dt} = -\mu i + \beta \langle k \rangle i [1 - r - i]$$

$$\frac{dr}{dt} = \mu i$$

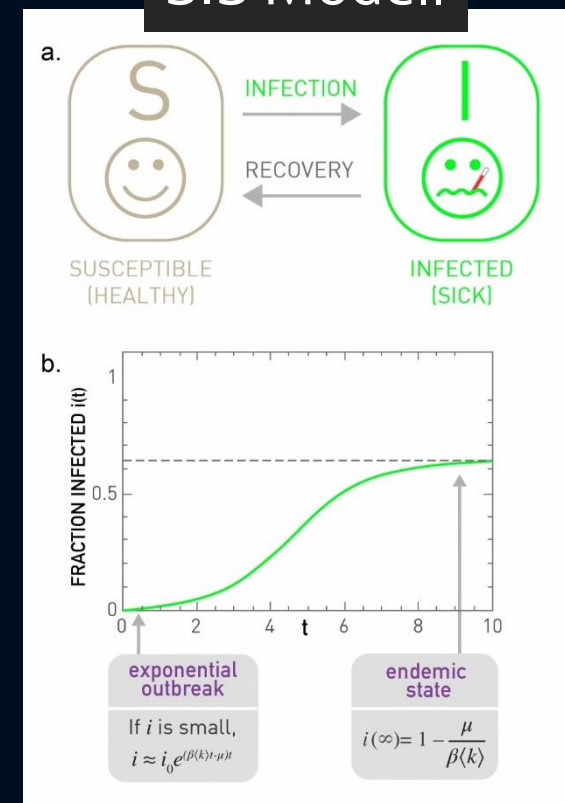
SIR Modell



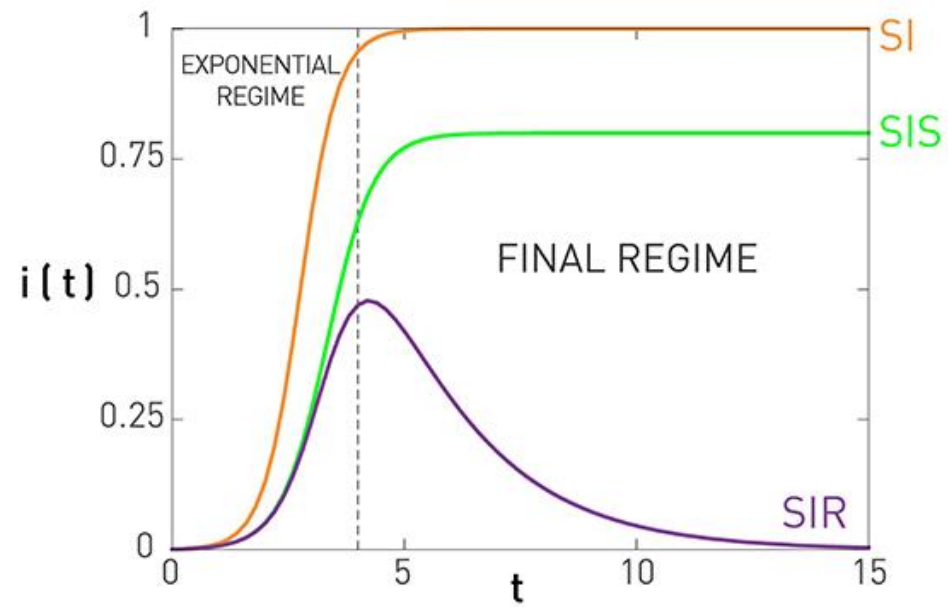
SI Modell



SIS Modell



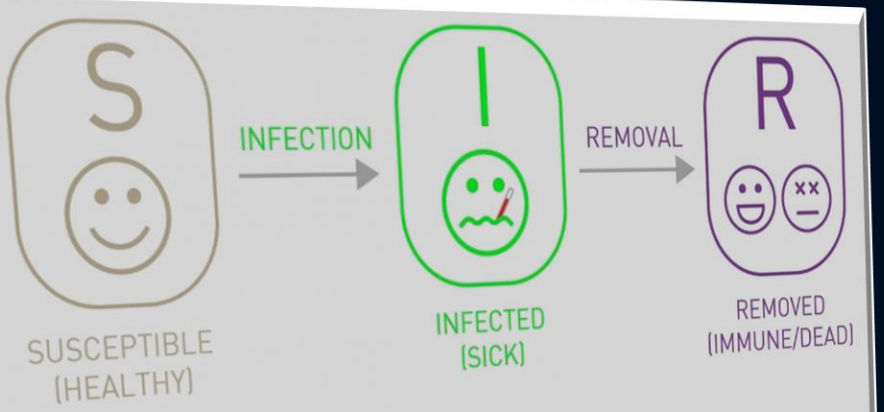
Susceptible (S: Gesunde Personen, die mit dem Virus noch keinen Kontakt hatten)
 Infected (I: Infizierte Personen, die mit dem Virus Kontakt hatten und andere anstecken können),
 Recovered (Personen, die infiziert waren aber nicht mehr infektiös sind und sich von der Krankheit erholt haben),
 Removed (R: Recovered + gestorbene Personen)



	SI	SIS	SIR
Exponential Regime: Number of infected individuals grows exponentially	$i = \frac{i_0 e^{\beta(k)t}}{1 - i_0 + i_0 e^{\beta(k)t}}$	$i = \left(1 - \frac{\mu}{\beta(k)}\right) \frac{C e^{(\beta(k) - \mu)t}}{1 + C e^{(\beta(k) - \mu)t}}$	No closed solution
Final Regime: Saturation at $t \rightarrow \infty$	$i(\infty) = 1$	$i(\infty) = 1 - \frac{\mu}{\beta(k)}$	$i(\infty) = 0$
Epidemic Threshold: Disease does not always spread	No threshold	$R_0 = 1$	$R_0 = 1$

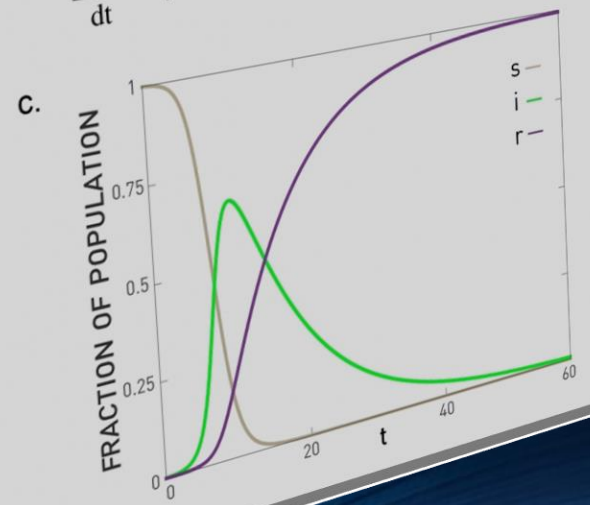
Das deterministische SIR Modell

Modeling Infectious Diseases in Humans and Animals
by Matt J. Keeling and Pejman Rohani
<http://www.modelinginfectiousdiseases.org/>



b.

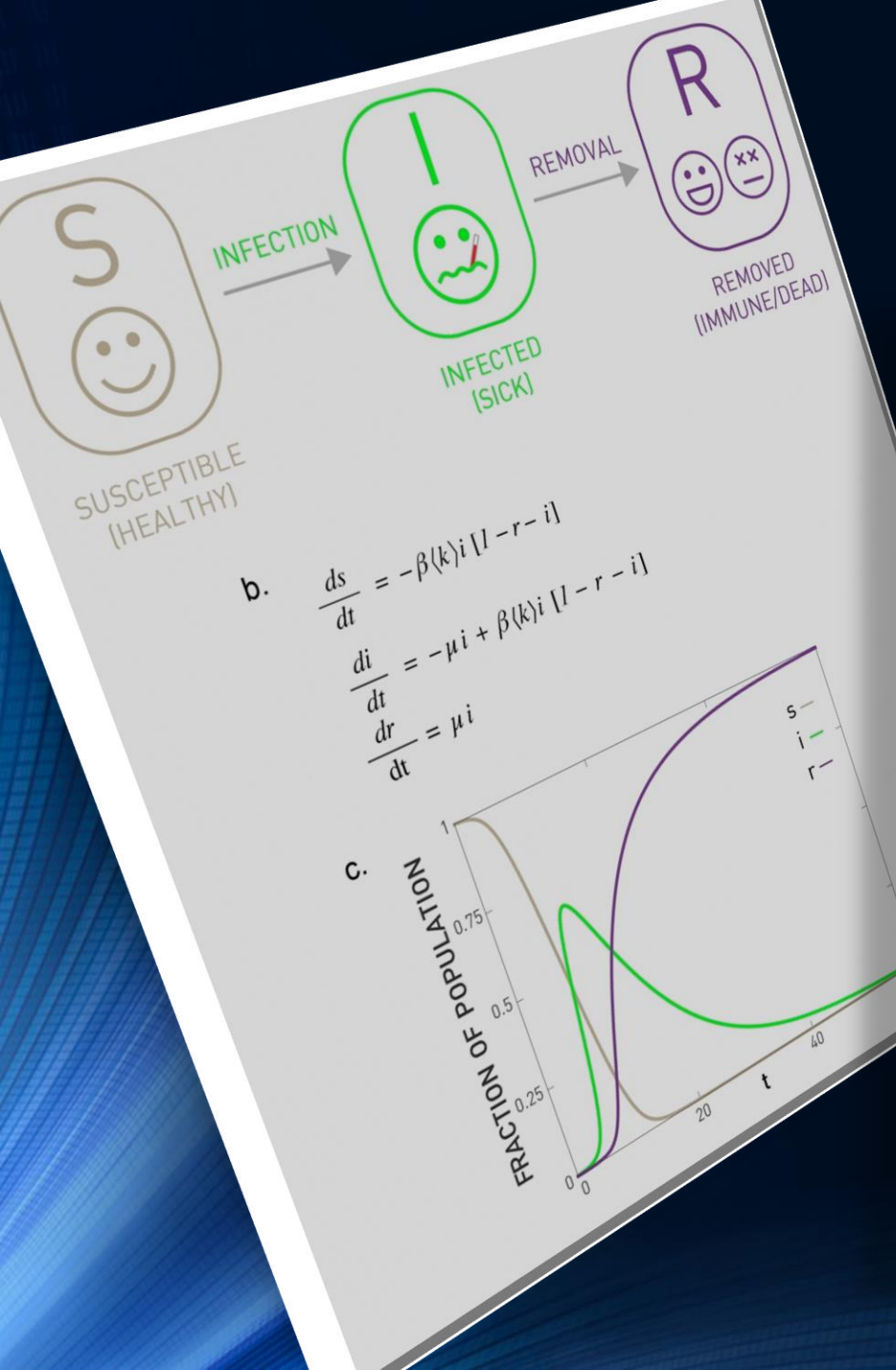
$$\frac{ds}{dt} = -\beta \langle k \rangle i [l - r - i]$$
$$\frac{di}{dt} = -\mu i + \beta \langle k \rangle i [l - r - i]$$
$$\frac{dr}{dt} = \mu i$$



Wir betrachten zunächst das deterministische SIR Modell (das Susceptible-Infected-Recovered (SIR) Modell), welches die Ausbreitung eines Krankheitserregers, unter gewissen vereinfachten Grundannahmen, in einer analytisch formulierten Differentialgleichung. Im SIR-Modell befindet sich jedes Individuum der betrachteten Population zu jedem Zeitpunkt in einer von drei unterschiedlichen Zuständen (S,I,R).

Das dem Model zugrundeliegende Kontakt-Netzwerk basiert auf einer 'homogene Massenwirkungsnaherung', die annimmt, dass jede Person mit gleicher Wahrscheinlichkeit mit jeder Anderen in Kontakt treten kann. Man nimmt an, dass ein typisches Individuum im Durchschnitt $\langle k \rangle$ Kontakte hat und dass die Wahrscheinlichkeit, dass die Krankheit in einer Zeiteinheit Δt von einem Infizierten auf eine andere Person übertragen wird, mittels des Parameters β quantifiziert ist. Zusätzlich können sich infizierte Personen mit einer Wahrscheinlichkeit μ von der Krankheit erholen/sterben. Die genesenen ("Recovered") Personen betrachtet man als nicht mehr infizierbar (immun) und nimmt zusätzlich an, dass sie auch keine Anderen infizieren können. Man fügt dieser Personengruppe auch die Personen hinzu, die an dem Virus gestorben sind (Removed).

Das deterministische SIR Modell



$$\frac{ds(t)}{dt} = - \underbrace{\beta \langle k \rangle i(t) \cdot s(t)}_{\text{pro } \Delta t \text{ neu Infizierte}}$$

$$\frac{di(t)}{dt} = - \underbrace{\mu i(t)}_{\text{pro } \Delta t \text{ Gen. und Gest.}} + \underbrace{\beta \langle k \rangle i(t) \cdot s(t)}_{\text{pro } \Delta t \text{ neu Infizierte}}$$

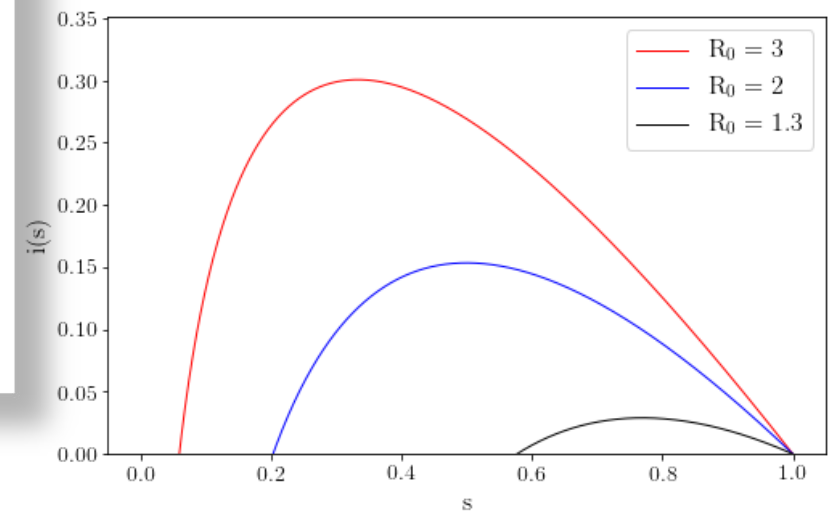
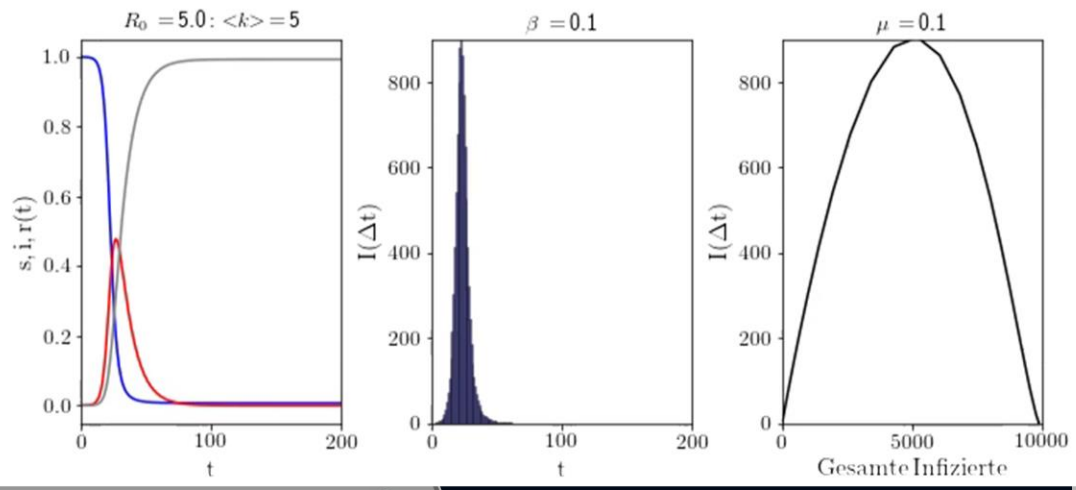
$$\frac{dr(t)}{dt} = \underbrace{\mu i(t)}_{\text{pro } \Delta t \text{ Genesene und Gestorbene}},$$

wobei $s(t) = \frac{S(t)}{N}$ der Anteil der noch nicht erkrankten Personen, $i(t) = \frac{I(t)}{N}$ der Anteil der infizierten Personen und $r(t) = \frac{R(t)}{N}$ der Anteil der genesenen und gestorbenen Personen darstellt.

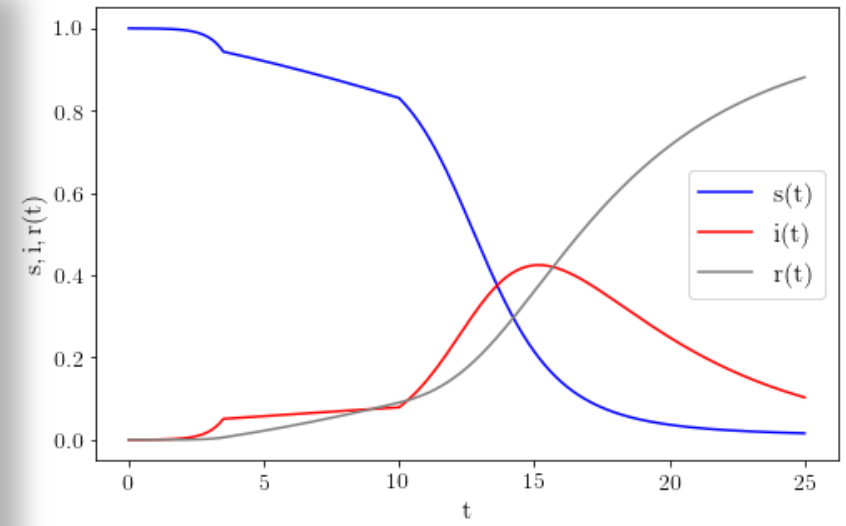
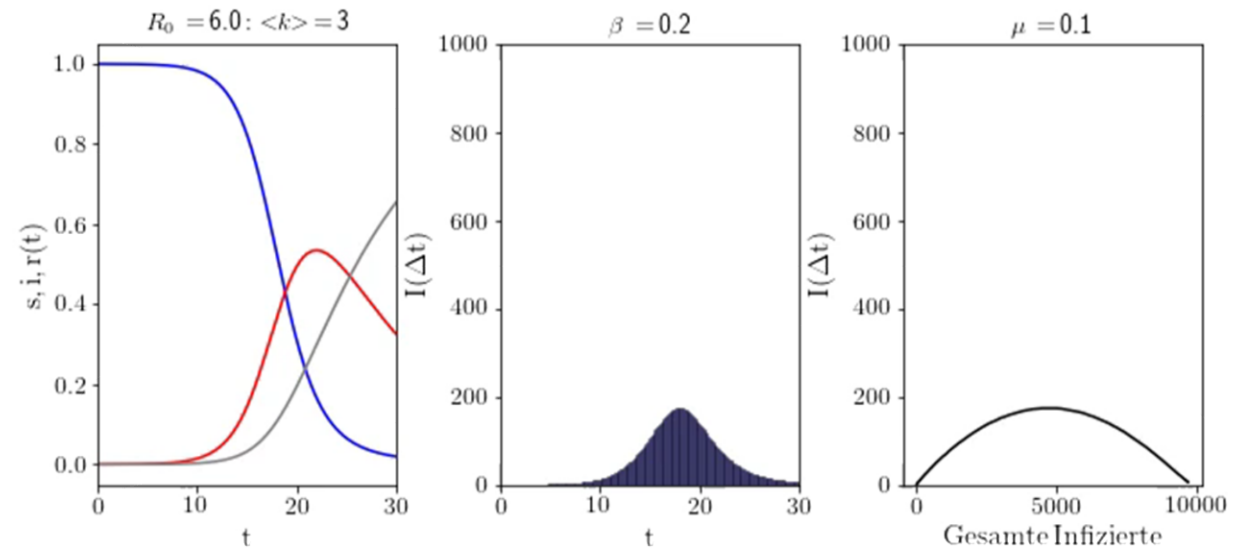
Physik der sozio-ökonomischen Systeme
 Physics of Socio-Economic Systems

Vorlesung gehalten an der J.W.Goethe-Universität in Frankfurt am Main
 von Dr.phil.nat. Dr.rer.pol. Matthias Hanauske
 (Wintersemester 2020/21)

Dritter Vorlesungsteil:
 Ausbreitung eines Virus auf einem komplexen Netzwerk
 Das deterministische SIR Modell



Jupyter Notebook: Das deterministische SIR Modell



Simulationsbasierte, Stochastische Modelle

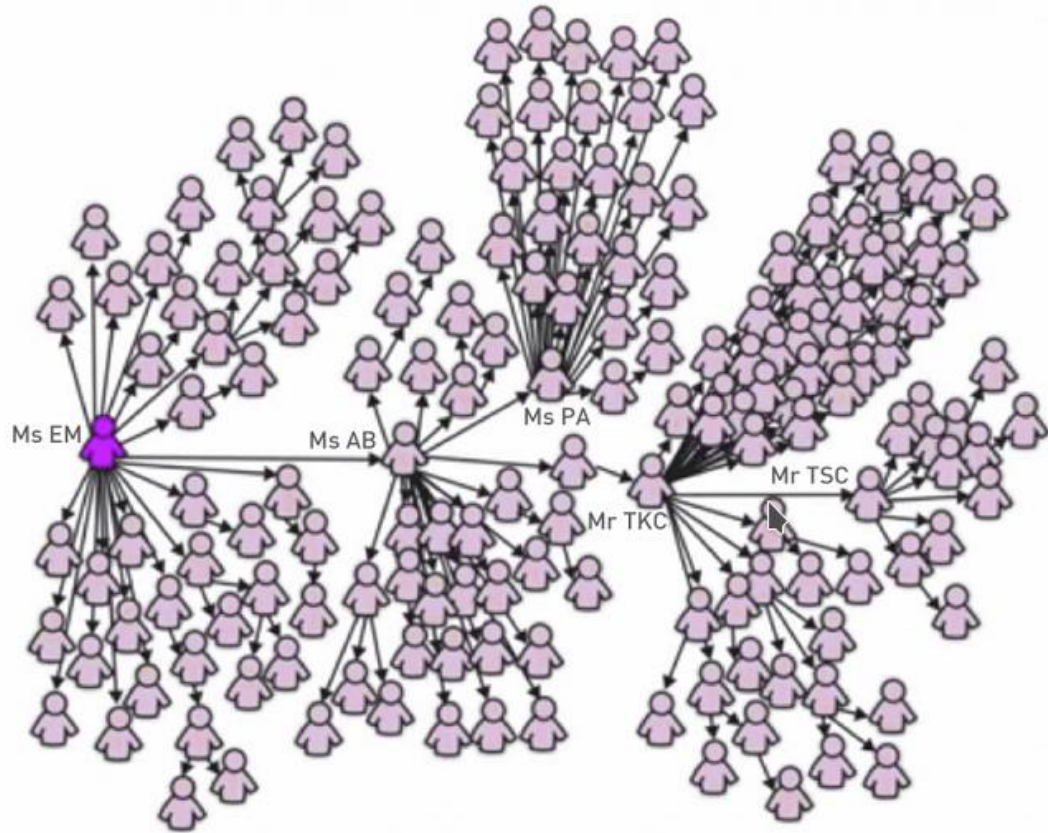


Image 10.1

Super-spreaders

One-hundred-and-forty-four of the 206 SARS patients diagnosed in Singapore were traced to a chain of five individuals that included four *super-spreaders*. The most important of these was *Patient Zero*, the physician from Guangdong Province in China, who brought the disease to the Metropole Hotel. After [1].

Eine bedeutende Einschränkung des deterministischen SIR-Modells der Virusausbreitung ist die im Modell angenommene vereinfachte Kontakt-Netzwerkstruktur der das Virus verbreitenden Personen. Die Ausbreitung eines Krankheitserregers (z.B. Covid-19 Virus), eines Computervirus im Internet oder eines Gerüchts ("Fake-News") in einem sozialen Netzwerk hängt jedoch stark von der Topologie des zugrundeliegenden komplexen Netzwerkes ab.

Die Grundhypothesen des SIR Modells sind in der Realität nicht erfüllt und beobachtbare Effekte, wie z.B. das Super-Spreader Phänomen, können durch das SIR-Modell nicht beschrieben werden.

Simulationsbasierte Modelle berechnen hingegen die Ausbreitung eines Krankheitserregers auf einer komplexen Netzwerkstruktur, wobei die einzelnen Personen in ihrem Mobilitäts- und Kontakt-Netzwerk eingebettet sind.

Simulationsbasierte, Stochastische Modelle

Eine der die Ausbreitung am stärksten bestimmende Größe ist die zugrundeliegende Kontakt-Netzwerkstruktur der das Virus verbreitenden Personen.

In den simulationsbasierten Modellen kann man die Auswirkungen der Topologie des Kontakt-Netzwerks studieren. Die Verteilungsfunktion der Knotengrade spielt hierbei wieder eine bedeutende Rolle und kann mittels der 'degree block'-Approximation analysiert werden (siehe Image 10.9 in [Chapter 10: Spreading phenomena](#)).

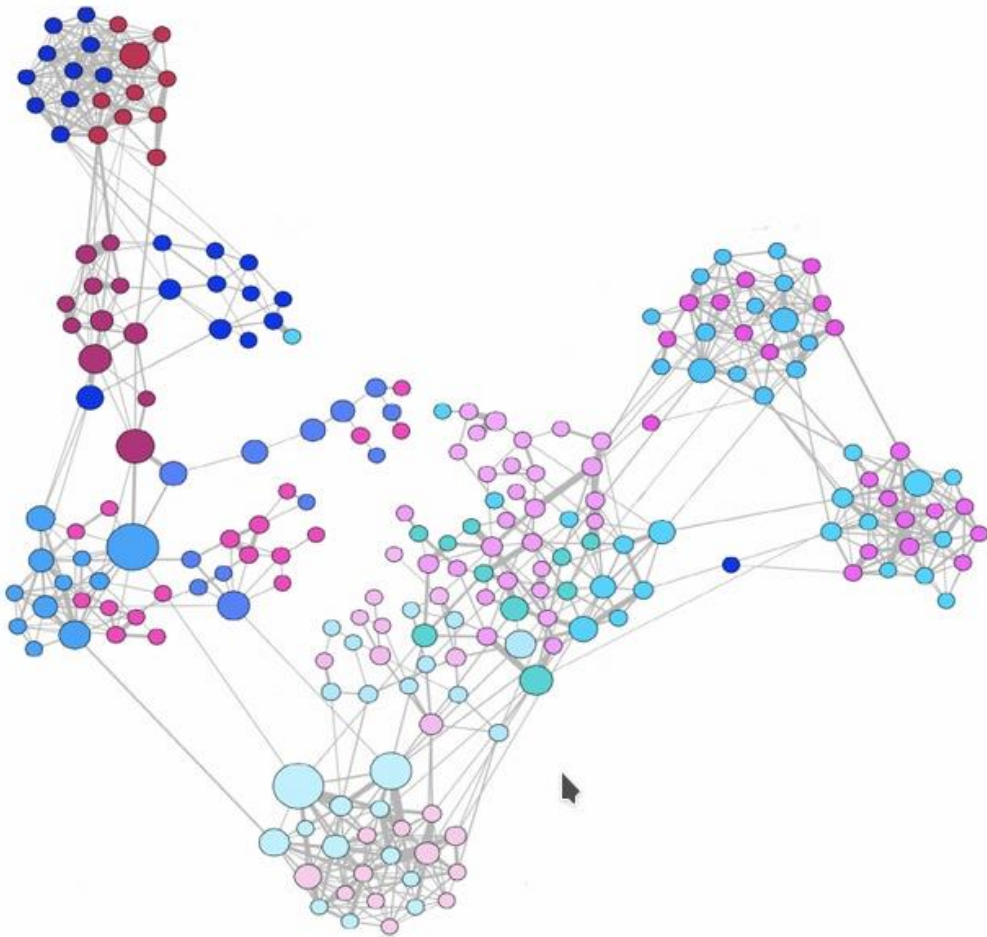
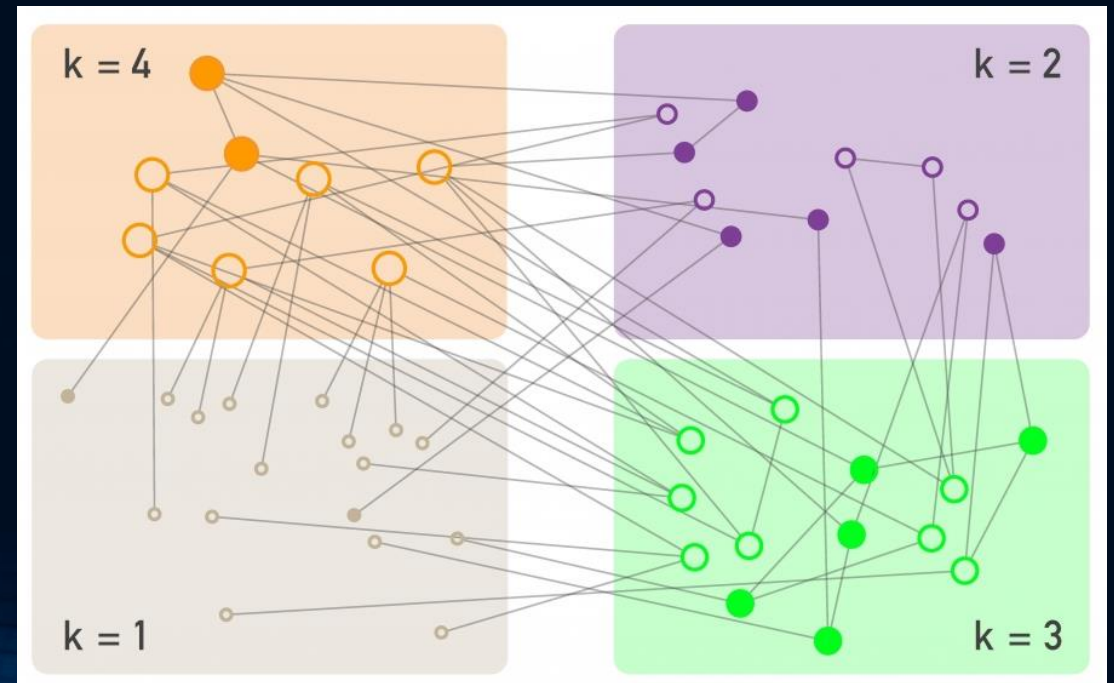


Image 10.16

A Face-to-face Interactions

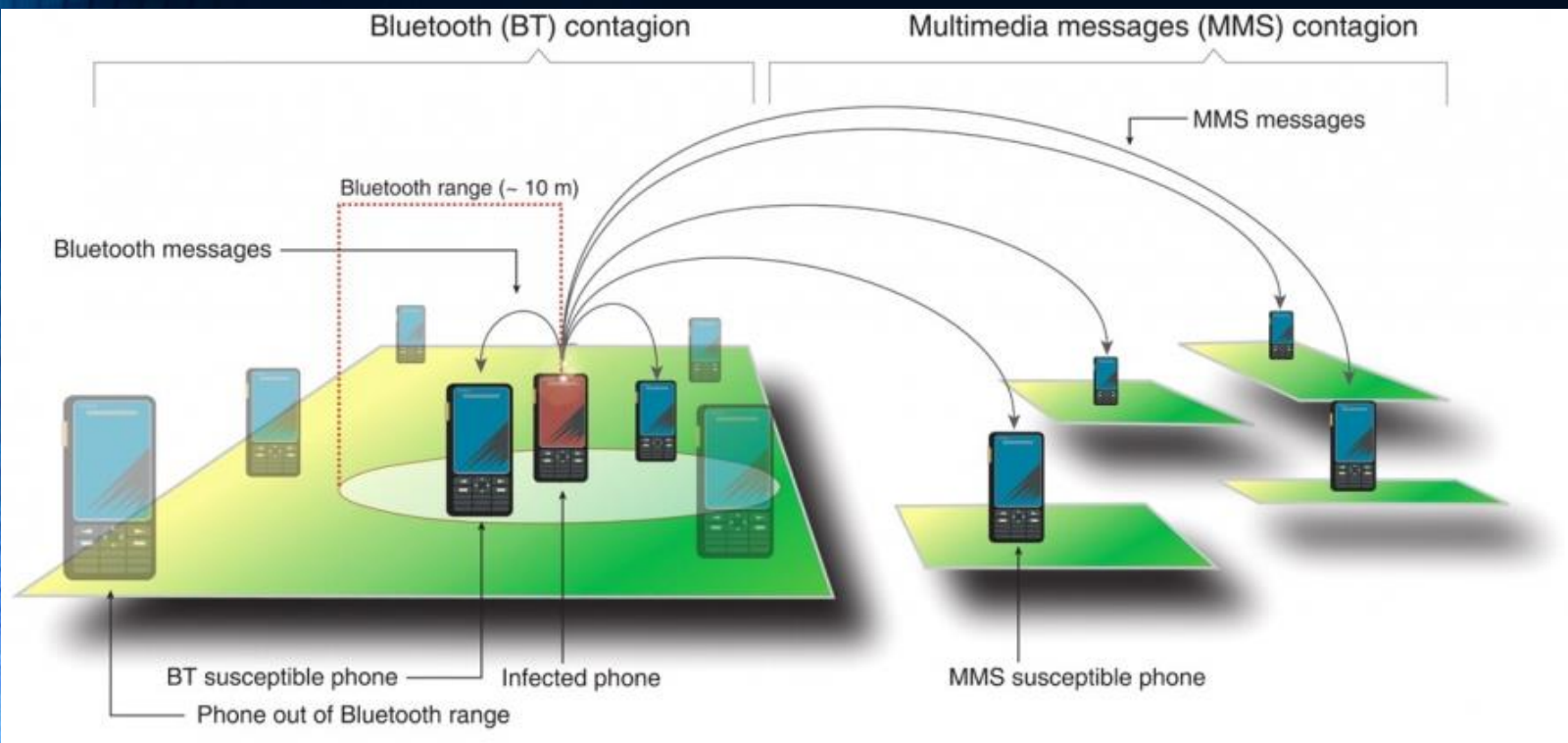
A face-to-face contact network mapped out using RFA tags, capturing interactions between 232 students and 10 teachers across 10 classes in a school [31]. The structure of the maps obtained by RFID tags depend on the context in which they are collected. For example the school network shown here reveals the presence of clear communities. In contrast, a study capturing the interactions between individuals that visited a museum reveal an almost linear network [29]. Finally, a network of attendees of a small conference is rather dense, as most participants interact with most others [29]. After [31].



Kontakt-Netzwerke

Bei luftgetragenen Krankheiten wie Influenza, SARS oder Covid-19 erfasst das Kontaktnetzwerk die Gruppe von Personen, die eine Person in physische Nähe bringt. Die Struktur dieses Kontaktnetzwerks gliedert sich einerseits in das globale Reizenetzwerk, welches eine weltweite Ausbreitung des Erregers ermöglicht das lokale Kontaktnetzwerk, d. h. die Anzahl der Personen, mit denen eine Person direkt interagiert.

Die Untersuchung digitaler Viren, die Computer und Smartphones infizieren, stellt eine weitere wichtige Anwendung von Epidemiephänomenen dar. Computerviren zeigen ebenso viel Vielfalt wie biologische Viren. Viele Computerviren verbreiten sich als E-Mail-Anhänge und das zugrundeliegende Kontaktnetzwerk ist das das skalenfreie Netzwerk der E-Mail-Verbindungen.



Andere Computerviren nutzen verschiedene Kommunikationsprotokolle des Internets aus und verbreiten sich auf dem skalenfreien Netzwerk der Internet-Verbindungen. Handyviren verbreiten sich über „Multimedia Messaging Service (MMS)“ und Bluetooth. MMS-Viren agieren auf dem sozialen Netzwerk der mobilen Kommunikation. Mobile Viren können sich auch über Bluetooth verbreiten und eine Kopie von sich selbst an alle anfälligen Telefone mit einer BT-Verbindung in ihrer physischen Nähe übergeben.

Kontakt-Netzwerke

Beispiel: Romantische/Sexuelle Kontakte

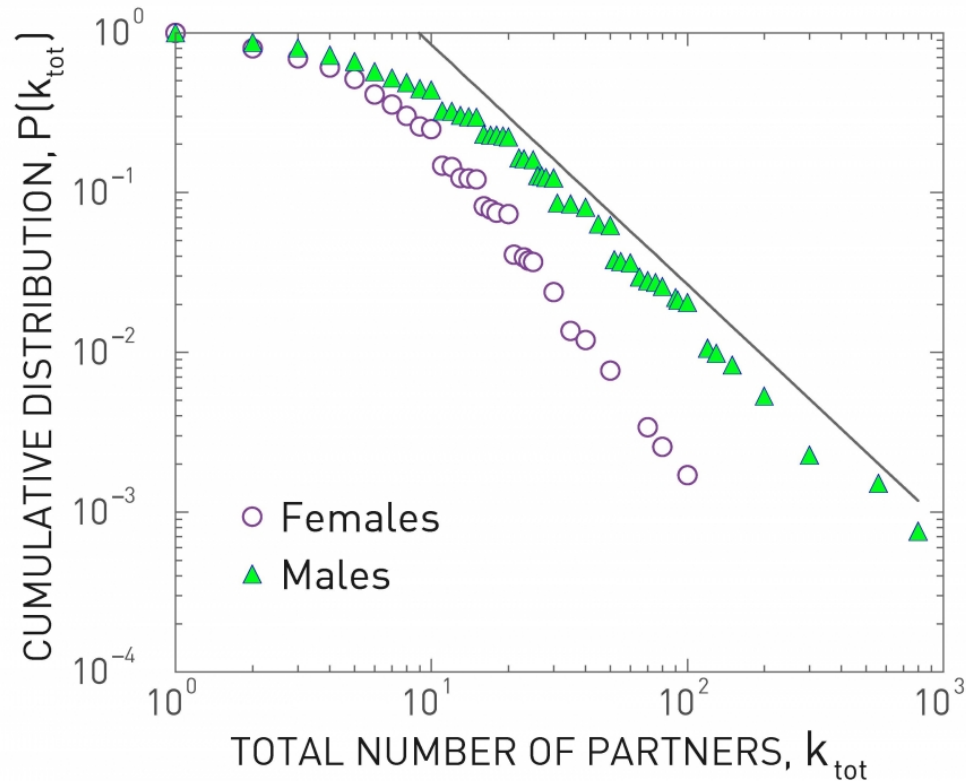


Image 10.13

The Sex Web

Cumulative distribution of the total number of sexual partners k since sexual initiation for individuals interviewed in the 1996 study on sexual patterns in Sweden [15]. For women a power law fit to the tail indicates $\gamma=3.1\pm 0.3$ for $k > 20$; for men $\gamma=2.6\pm 0.3$ in the range $20 < k < 400$. Note that for men the average number of partners is higher than for women. This difference may be rooted social bias, prompting males to exaggerate and females to suppress the number of sexual partners they report. After [16].

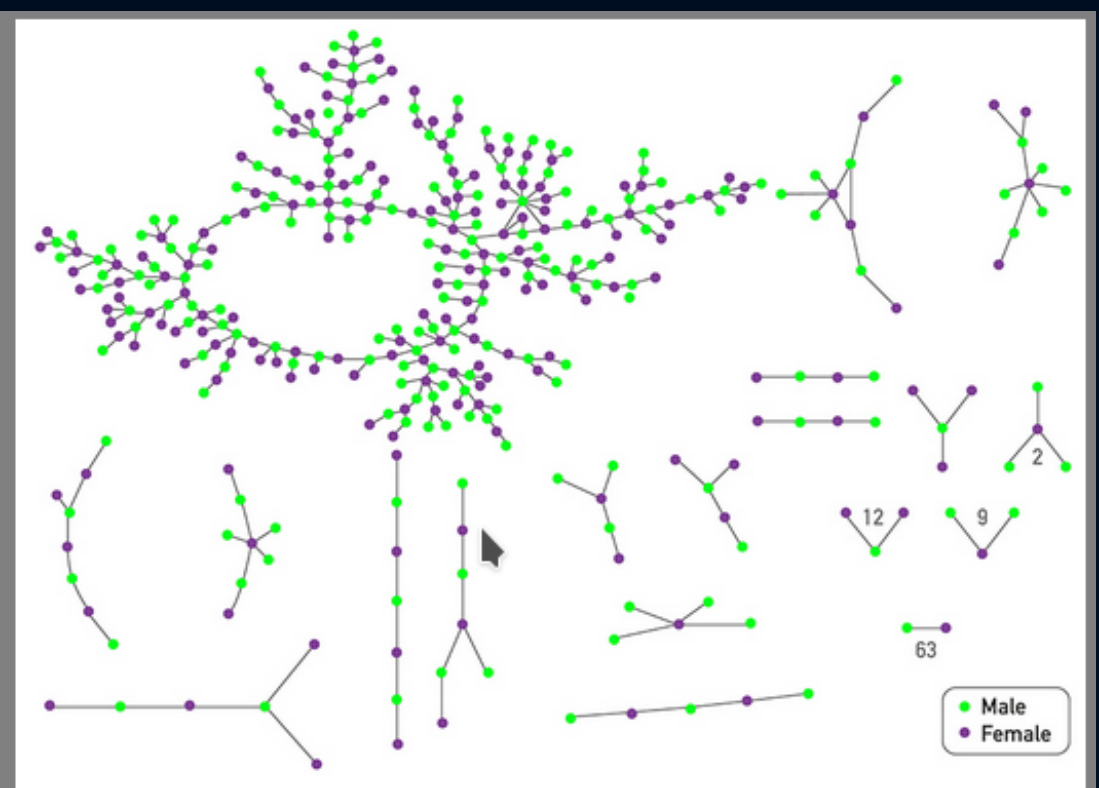


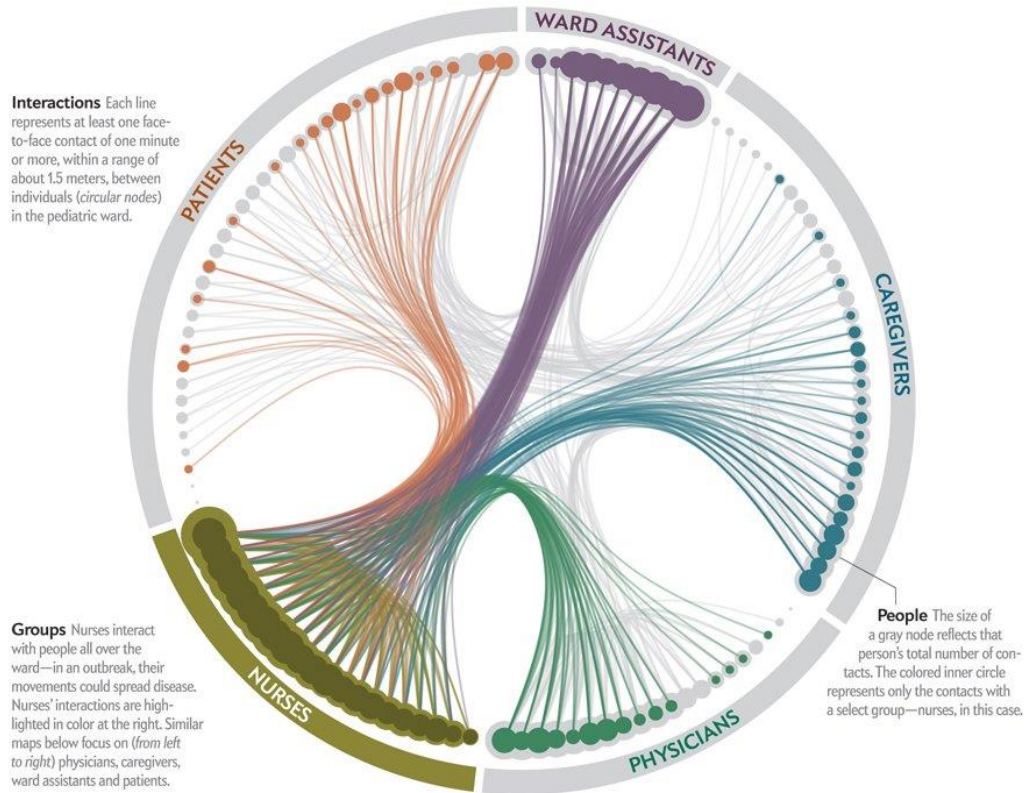
Image 10.14

Romantic Links in a High School

Romantic and sexual links between high school students in midwestern United States. Each circle represents a student and the links represent romantic relationships during six months preceding the interview. The numbers indicate the frequency of each subgraph: there are 63 couples isolated from the rest of the network. After [20].

Das HIV-Virus, der für AIDS verantwortliche Erreger, breitet sich hauptsächlich durch Geschlechtsverkehr aus. Folglich erfasst das entsprechende Kontaktnetzwerk, wer eine sexuelle Beziehung mit wem hatte.

Kontakt-Netzwerke



Die Miteinbeziehung einer zeitlichen Veränderung des bestehenden Kontaktnetzwerkes ist in simulationsbasierten Ansätzen auch möglich.

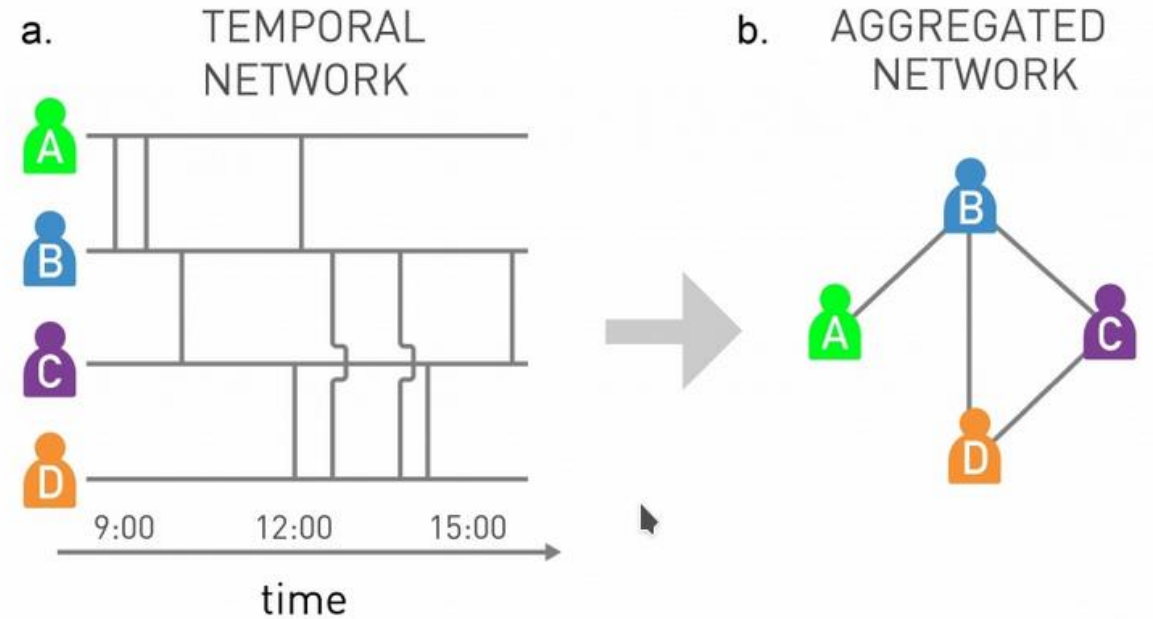


Image 10.17

Temporal Networks

Most interactions in a network are not continuous, but have a finite duration. We must therefore view the underlying networks as *temporal networks*, an increasingly active research topic in network science.

- **Temporal Network**

The timeline of the interactions between four individuals. Each vertical line marks the moment when two individuals come into contact with each other. If A is the first to be infected, the pathogen can spread from A to B and then to C, eventually reaching D. If, however, D is the first to be infected, the disease can reach C and B, but not A. This is because there is a temporal path from A to D.

- **Aggregated Network**

The network obtained by merging the temporal interactions shown in (a). If we only have access to this aggregated representation, the pathogen can reach all individuals, independent of its starting point. After [40].

SCIENTIFIC AMERICAN ▶ [HTTPS://WWW.SCIENTIFICAMERICAN.COM/ARTICLE/GRAPHIC-SCIENCE-RFIDS-TAGS-TRACK-POSSIBLE-OUTBREAK-PATHWAYS-IN-HOSPITAL/](https://www.scientificamerican.com/article/graphic-science-rfids-tags-track-possible-outbreak-pathways-in-hospital/)

Online Resource 10.2

Hospital Outbreaks

Bacteria resistant to current antibiotics pose an important threat to global health. Such bacteria are particularly prevalent in hospitals and health care facilities. The Interactive Feature by Scientific American describes the tracking of bacterial outbreaks in hospitals.

Jupyter Notebook: Ausbreitung eines Virus auf einem komplexen Netzwerk *Simulationsbasierte Lösungen*

Physik der sozio-ökonomischen Systeme
(Physics of Socio-Economic Systems with the Computer)

Vorlesung gehalten an der J.W.Goethe-Universität in Frankfurt am Main

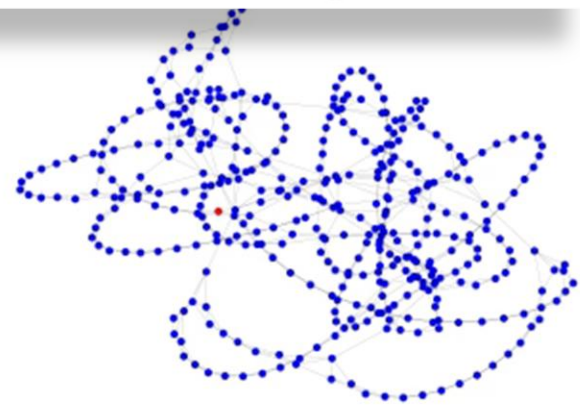
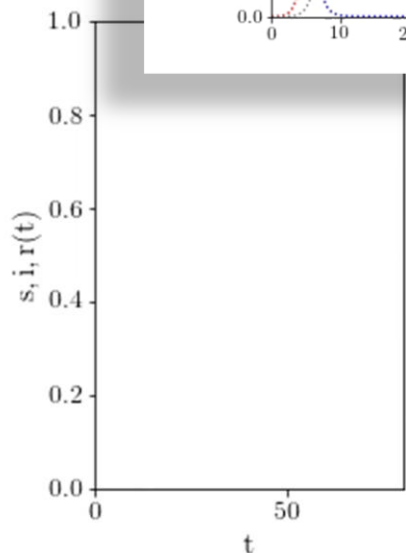
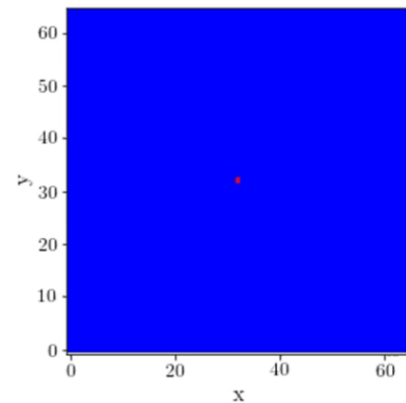
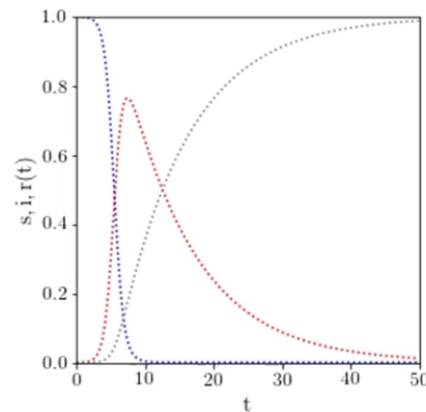
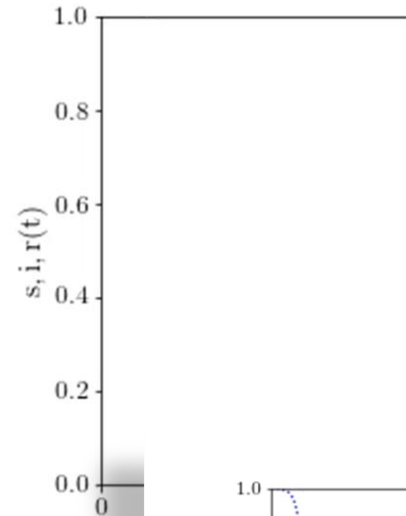
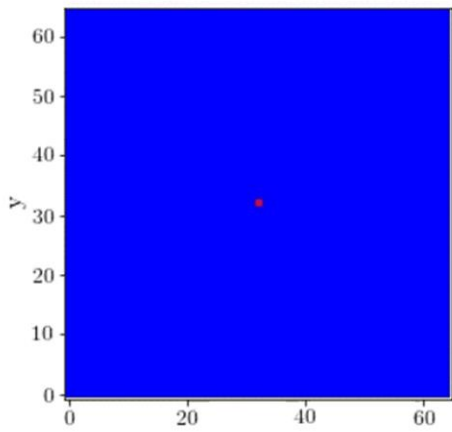
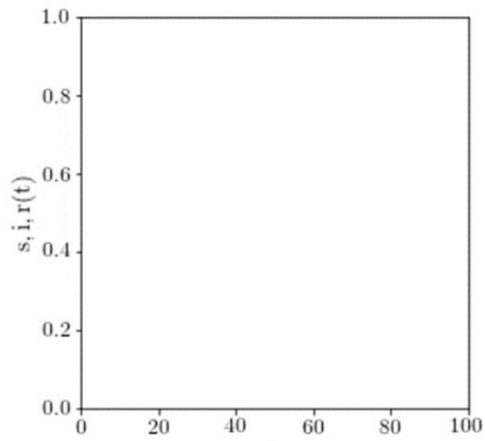
(Wintersemester 2020/21)

von Dr.phil.nat. Dr.rer.pol. Matthias Hanauske

Frankfurt am Main 31.12.2020

Zweiter Vorlesungsteil:

Ausbreitung eines Virus auf einem komplexen Netzwerk
Simulationsbasierte Lösungen



Weitere Vorträge zu Covid
finden Sie auf der Internetseite
der Vorlesung unter weitere
Links

You are viewing Dr. Manlio De Domenico's screen

Multilayer modeling and analysis of complex socio-economic systems

Manlio De Domenico
Head of Complex Multilayer Networks Lab
Bruno Kessler Foundation


German Physical Society
29 Sep 2021
@manlius84

CoMuNe lab
COMPLEX MULTILAYER NETWORKS

DPG

Participants: 25
Chat
Share Screen

Covid-19 modeling: from theory to reality - a discussion -



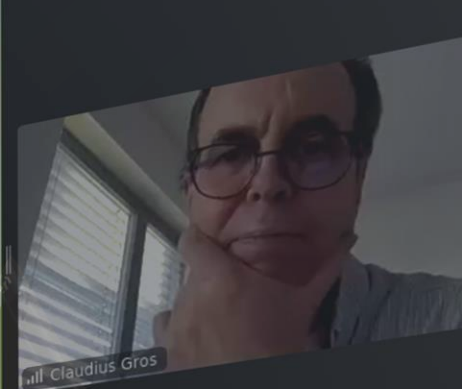
- Spike Glycoprotein (S)
- M2
- Membrane protein (M)
- Envelope
- RNA
- Nucleocapsid

Claudius Gros, Roser Valenti
Daniel Gros†
Lukas Schneider, Benedikt Gutsche, Dimitrije Markovic‡

Theoretical Physics, Goethe University Frankfurt
†CEPS, Bruxelles, ‡ TU Dresden

PERISCOPE
P. Giudici

1



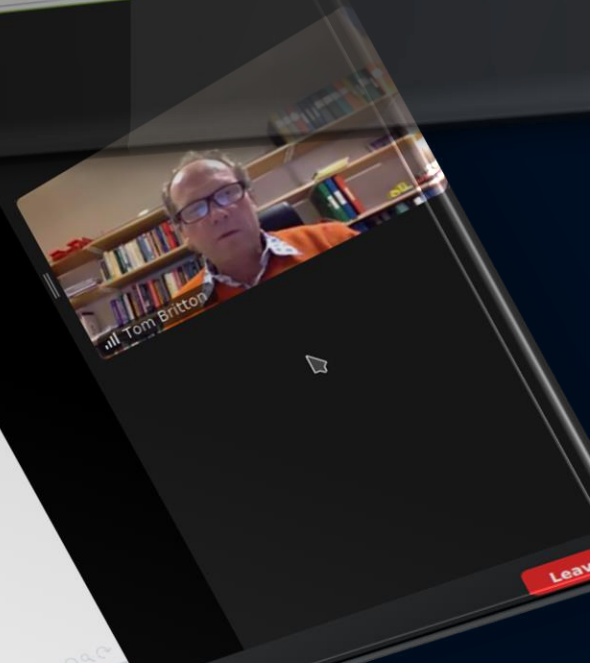
Meeting is now streaming live on Custom Live Streaming Service

Mathematical models for epidemics like Covid-19

Tom Britton, Stockholm University

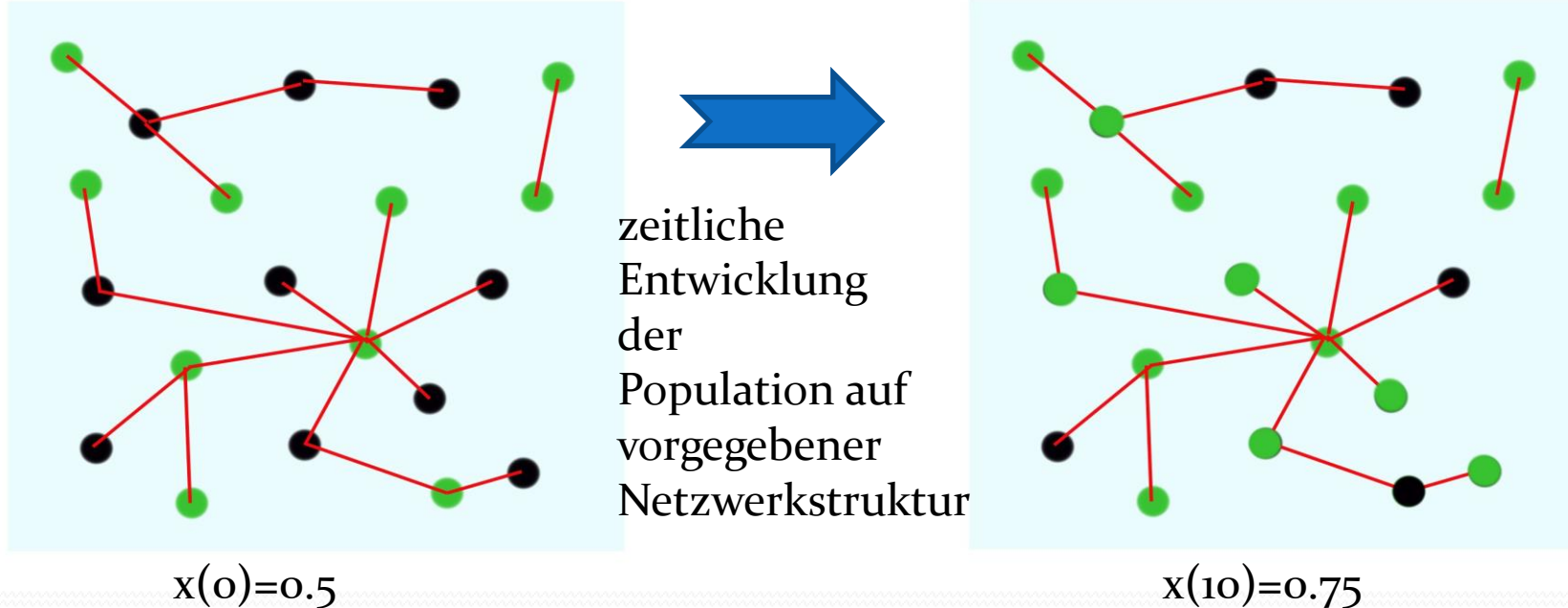
December 2020

Mathematical models for epidemics like Covid-19



Ausblick: Evolutionäre Spieltheorie auf komplexen Netzwerken

Viele in der Realität vorkommende evolutionäre Spiele werden auf einer definierten Netzwerkstruktur (Topologie) gespielt. Die Spieler der betrachteten Population sind hierbei nicht gleichwertig, sondern wählen als Spielpartner nur mit ihnen durch das Netzwerk verlinkte (verbundene) Partner aus.



Mögliche Strategien: (grün, schwarz), Parameter t stellt die „Zeit“ dar.
 $x(t)$: Anteil der Spieler, die im Zeitpunkt t die Strategie „grün“ spielen.
Die roten Verbindungslinien beschreiben die möglichen Spielpartner des Spielers

Wozu?

Evolutionäre Spieltheorie auf komplexen Netzwerken

Die **deterministische evolutionäre Spieltheorie** und die Differentialgleichung der Replikatordynamik benutzen ähnliche Annahmen wie das **deterministische SIR-Modell** der Ausbreitung eines Krankheitserregers auf einem komplexen Netzwerk. Beide mathematischen Modelle betrachten das System aus einer Art gemittelten Sichtweise und beschreiben es durch die kontinuierliche Populationsfunktionen, die ihrerseits deterministischen Differentialgleichungen folgen. Die nötigen Voraussetzungen einer solchen Beschreibung sind hierbei die folgenden:

- Jedes Individuum der Population kann mit jedem anderen in Kontakt treten, bzw. Jeder Spieler der Population kann mit jedem anderen das zugrundeliegende Spiel spielen
- Die Anzahl der Individuen/Spieler der Population ist unendlich groß

In dem, in dieser Vorlesung dargestellten Jupyter Notebook „Ausbreitung eines Virus auf einem komplexen Netzwerk (*Simulationsbasierte Lösungen*)“, hatten wir gesehen, wie eine Agentenbasierte Simulation des deterministischen SIR-Modells aussieht und inwieweit die simulierten Ergebnisse mit den Vorhersagen des mathematischen Modells übereinstimmen. Zusammenfassend ist hierbei festzuhalten, dass allein im Limes eines sehr großen, vollständig verbundenem Netzwerks, die Vorhersagen der deterministischen Populationsmodelle mit den Simulationsergebnissen übereinstimmen.

Das Versagen der deterministischen Modelle zur Beschreibung eines realen Systems, zeigte sich in deutlicher Weise während der Covid-Pandemie. Eine **Physik der sozio-ökonomischen Systeme**, deren Zweck darin besteht real-existierende Vorgänge zu beschreiben und zu analysieren, um so die zukünftige Entwicklung eines Populationsverhaltens vorhersagen zu können, ist somit auf simulationsbasierte Ansätze unter Verwendung komplexer Netzwerke angewiesen. Jedoch versagten auch die meisten simulationsbasierten Modelle, da das reale Verhalten der Population komplizierter ist. So änderte sich z.B. das Kontaktnetzwerk nicht nur allein durch die verordnete Kontaktbeschränkung, sondern auch durch die mediale Verbreitung einer hohen Gefahr der Ansteckung. Die Rolle der Medien (beschränkte/selektive Informationsausbreitung), und als Folge die Gruppenbildung (siehe „Formation of Communities“) und die mit ihr einhergehende „Parallelweltbild-Entstehung“ innerhalb der Sub- Communities (z.B. „Medienkritische-Gruppe“ vs. „Medienkonforme-Gruppe“) sind nur einige Beispiele der komplexen Realität.