

Christoph Wohner, BSc

GIS-gestützte Modellierung von Krankheitsausbreitung

MASTERARBEIT

Zur Erlangung des akademischen Grades

Master of Science

Masterstudium Geospatial Technologies

Eingereicht an der

Technischen Universität Graz

Betreuer

Ass.Prof. Dipl.-Ing. Dr.techn. Konrad Rautz

Institut für Geodäsie

Graz, April 2015

EIDESSTATTLICHE ERKLÄRUNG

Ich erkläre an Eides statt, dass ich die vorliegende Arbeit selbstständig verfasst, andere als die angegebenen Quellen/Hilfsmittel nicht benutzt, und die den benutzten Quellen wörtlich und inhaltlich entnommenen Stellen als solche kenntlich gemacht habe. Das in TUGRAZonline hochgeladene Textdokument ist mit der vorliegenden Masterarbeit identisch.

Datum

Unterschrift

Danksagung

Ich möchte mich hiermit bei einer Reihe von Leuten bedanken, ohne die diese Arbeit niemals zu Stande gekommen wäre. Großer Dank gebührt hier der Arbeitsgruppe Geoinformation am Institut für Geodäsie der TU Graz und all seinen MitarbeiterInnen. Allen voran steht hierbei mein Betreuer Ass. Prof. Dipl.-Ing. Dr. techn. Konrad Rautz, der mir bei der Wahl und der Ausarbeitung der Arbeit viele Freiheiten gab, um meine Interessen und Ideen zu verfolgen. Dazu kommt Gregor Zahrer, MSc, den ich permanent mit teilweise banalen Fragen zur technischen Umsetzung löchern konnte. Danke für deine Engelsgeduld, Gregor.

Weitere Personen, denen mein Dank gebührt, sind meine Studienkollegen: Ohne Menschen wie Martin Steinbauer und Peter Mastnak wäre ich zweifellos wesentlich schlechter durch das Studium gekommen und hätte währenddessen auch deutlich weniger Spaß gehabt.

Obligatorischer Dank gilt natürlich auch meinen Eltern, ohne deren Unterstützung ich mich wohl nie in die Steiermark verirrt hätte, um dort ein Studium zu beginnen und vor allem auch abzuschließen.

Ich möchte mich nicht bei meinen zahllosen Freunden aus meiner Heimatgemeinde bedanken, ohne deren Mithilfe ich meine Masterarbeit wahrscheinlich schon früher abgeschlossen hätte. Konkret rede ich hierbei von Lukas Strobl, Patrik Prager, Simon Ebner und Georg Pangratz - Partners in Crime.

Vor allem aber möchte ich mich bei Gernot Rötzer bedanken, der mich in vielfältiger Weise bei dieser Arbeit unterstützt hat. Neben moralischer Unterstützung war vor allem sein Fachwissen in verschiedensten Bereichen äußerst hilfreich. Danke Gernot.

Des Weiteren möchte ich mich bei der Statistik Austria und dem Bundesministerium für Verkehr, Innovation und Technologie für die Bereitstellung der für diese Arbeit essentiellen Daten bedanken.

Ich hoffe, dass ich durch diese Arbeit einen Grundstein für mein zukünftiges Arbeitsleben gelegt habe und mich weiter im Umfeld der Geoinformation bewegen werde.

Inhaltsverzeichnis

Kurzfassung	1
Abstract	1
1. Einleitung.....	2
1.1. Motivation	2
1.2. Zielsetzung.....	4
1.3. Forschungsfragen	4
1.4. Untersuchungsgebiet	5
1.5. Aufbau der Arbeit	5
2. Theoretische und technische Grundlagen	7
2.1. Einführung in die Epidemiologie	7
2.1.1. Definition	7
2.1.2. Geschichte der Epidemiologie	8
2.1.3. Anwendungsbeispiele.....	10
2.2. Verwendete epidemiologische Begriffe und Kennziffern	12
2.2.1. Basic Reproduction Number R_0	12
2.2.2. Net Reproduction Number R_N	13
2.2.3. Pre-infectious Period	14
2.2.4. Incubation Period	15
2.2.5. Infectious Period.....	15
2.2.6. Beta β	17
2.2.7. Lambda λ	18
2.3. Epidemiologische Modelle	18
2.4. Zusammenhang zwischen Mobilität und Krankheitsausbreitung	20
2.5. Aspekte der Geoinformatik	21
2.5.1. GIS.....	22
2.5.2. Web-GIS.....	23
2.6. Verwendete Webtechnologien	24
2.6.1. PHP.....	24
2.6.2. JavaScript	24
2.6.3. jQuery	24
2.6.4. Ajax	25
2.6.5. PostgreSQL.....	25

2.6.6.	OpenLayers	26
2.6.7.	OpenStreetMap	26
2.7.	Zellulärer Automat	26
3.	State of the Art	28
4.	Methodik	30
4.1.	Akquisition und Beschaffenheit der Daten	30
4.1.1.	Bevölkerungsdaten der Statistik Austria	30
4.1.2.	Geobasisdaten	31
4.1.3.	Daten zum Reiseverhalten zwischen den Landeshauptstädten.....	32
4.1.4.	Prozessieren der Daten.....	33
4.2.	Technische Realisierung	34
4.2.1.	Definition der Funktionalitäten und umzusetzenden Features	34
4.2.2.	Definition der Arbeitsumgebung	35
4.2.3.	Verwendete Tools.....	36
4.2.4.	Entwicklung des Algorithmus	37
4.2.5.	Funktionsweise des Algorithmus.....	41
4.2.6.	Funktionsweise des epidemiologischen Modells	47
4.2.8.	Berücksichtigte Faktoren	52
4.2.9.	Einschränkungen.....	53
4.3.	Design des Userinterface.....	54
4.3.1.	Grafische Elemente.....	54
4.3.2.	Startseite.....	55
4.3.3.	Seite zur Festlegung der Parameter	56
4.3.4.	Ergebnisansicht.....	58
4.4.	Schwierigkeiten und Probleme	62
4.4.1.	Das Problem der adjazenten Polygone.....	62
4.4.2.	Zu hohe Ladezeiten.....	62
4.4.3.	Vorzeitiges Abbrechen der Berechnung.....	63
4.4.4.	Animationen in einer OpenLayers-Karte	63
5.	Ergebnisse der Modellberechnung	66
5.1.	Ergebnisse für unterschiedliche Krankheitsszenarien.....	66
5.1.1.	Grippe	66
5.1.2.	Kaum ansteckende Krankheit	68
5.1.3.	Hoch ansteckende Krankheit.....	70
5.2.	Validierung	72

5.2.1.	Abgleich der Ergebnisse mit den Daten einer echten Grippeepidemie	72
5.2.2.	Plausibilität der Validierung.....	74
5.3.	Plausibilität der Ergebnisse und des Modells.....	74
6.	Unzulänglichkeiten des Modells und der Umsetzung.....	76
6.1.	Rechendauer	76
6.2.	Schwierigkeiten der Maßstabsfrage.....	76
6.3.	Schwierigkeiten der Lage Österreichs als Binnenstaat.....	77
6.5.	Wahrscheinlichkeitsberechnung	77
6.6.	Überschätzung kaum ansteckender Krankheiten	78
7.	Entwicklungsperspektiven und Verbesserungspotential	79
7.1.	Maßnahmen zur Verbesserung des Modells.....	79
7.2.	Diskussion über die Portierung des Modells auf andere Plattformen	83
8.	Fazit	84
8.1.	Beantwortung der Forschungsfragen.....	84
8.2.	Reflexion des Workflows.....	85
8.3.	Abschließende Worte.....	86
9.	Quellenverzeichnis	88
9.1.	Literatur	88
9.2.	Papers.....	88
9.3.	Online	90
9.4.	Abbildungen	92
9.5.	Tabellen	95

Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1 John Snows Karte der Todesfälle der Cholera-Epidemie 1854	9
Abbildung 2 Regionale Unterschiede der Sterbeziffer in Österreich	10
Abbildung 3 Karte der Magenkrebsfälle in der Alpenregion.....	11
Abbildung 4 Schematische Darstellung der Basic Reproduction Number	12
Abbildung 5 Schematische Darstellung der Net Reproduction Number.....	14
Abbildung 6 Schematische Darstellung der Abfolge der unterschiedlichen Perioden	16
Abbildung 7 Übliche Modelle zur Beschreibung der Übertragung von Infektionen	19
Abbildung 8 Aufbau und zentrale Teilbereiche der Geoinformatik	22
Abbildung 9 Moore- und Von Neumann-Nachbarschaft	27
Abbildung 10 Beispiel von benachbarten Zellen	38
Abbildung 11 Schematische Darstellung der Ausbreitung anhand von direkter Nachbarschaft.....	44
Abbildung 12 Schematische Darstellung der Ausbreitung innerhalb Wiens	45
Abbildung 13 Darstellung der potentiellen Infektionsziele.....	46
Abbildung 14 Verwendetes SEI(R)-Modell	47
Abbildung 15 Darstellung der GIS-Architektur und der verwendeten Technologien	49
Abbildung 16 Logo der Disease Map Austria	55
Abbildung 17 Stilisierter Titel	55
Abbildung 18 Screenshot der Startseite.....	56
Abbildung 19 Screenshot der Punkteingabe	57
Abbildung 20 Screenshot des Importmenüs	57
Abbildung 21 Screenshot der Ergebnisdarstellung	58
Abbildung 22 Kumulative Ausbreitung (links) und differenzielle Ausbreitung (rechts).....	59
Abbildung 23 Screenshot der Gesamt-Statistik.....	60
Abbildung 24 Darstellung der Intensität der betroffenen Gemeinden.....	61
Abbildung 25 Diagramm-Darstellung am Beispiel Graz	61
Abbildung 26 Generierte Statistik Österreich (Grippe).....	67
Abbildung 27 Generierte Statistik Graz (Grippe).....	68
Abbildung 28 Generierte Statistik Österreich (Kaum ansteckende Krankheit).....	69
Abbildung 29 Generierte Statistik Graz (Kaum ansteckende Krankheit)	70
Abbildung 30 Generierte Statistik Österreich (Hoch ansteckende Krankheit).....	71
Abbildung 31 Generierte Statistik Graz (Hoch ansteckende Krankheit)	72
Abbildung 32 GLEaMviz als Beispiel für eine performantere Systemarchitektur	80

Tabellenverzeichnis

Tab. 1 Auswirkungen der Dauer der Infectious Period	16
Tab. 2 Quell-Ziel-Relationen für den Personenverkehr nach Verkehrsmittel pro Wochentag	33
Tab. 3 Startpunkttabelle	41
Tab. 4 Ausgangszustand der Gemeinde-Tabelle	42
Tab. 5 Gemeinde-Tabelle nach Setzen der Startgemeinde (Variante 1)	42
Tab. 6 Gemeinde-Tabelle nach Setzen der Startgemeinde (Variante 2)	42
Tab. 7 Gemeindetabelle zum Zeitpunkt t=2	43
Tab. 8 Gemeindetabelle zum Zeitpunkt t=3	43
Tab. 9 Anzahl der Grippe-Neuerkrankungen 2014	73

Abkürzungen

GI	Geoinformation
GIS	Geoinformationssystem
GUI	Graphical User Interface
OSM	OpenStreetMap
SI	Susceptible Infectious
SIS	Susceptible Infectious Susceptible
SIR	Susceptible Infectious Recovered
SIRS	Susceptible Infectious Recovered Susceptible
SEIR	Susceptible Pre-Infectious Infectious Recovered
SEIRS	Susceptible Pre-Infectious Infectious Recovered Susceptible
UI	User Interface
WFS	Web Feature Service
WMS	Web Map Service

Kurzfassung

Diese Masterarbeit beschäftigt sich mit der Modellierung eines Krankheitsausbruchs in Österreich und dessen Ausbreitung in Raum und Zeit. Die Umsetzung erfolgt in Form eines Web-GIS, in dem User epidemiologische Parameter und einen bzw. mehrere Ausbruchsorte in Österreich selbstständig festlegen können. Der Ausbreitungsalgorithmus arbeitet vor dem Hintergrund eines zellulären Automaten.

Die Ergebnisse des Modells werden in einer OpenLayers-Umgebung dargestellt. Zusätzliche Informationen werden in Form von Statistiken und Diagrammen zur Verfügung gestellt. Verwendete Technologien sind HTML, JavaScript, PHP, PostgreSQL, Geoserver, die JavaScript-Bibliotheken OpenLayers3, Google Developer und jQuery, sowie das PHP-Paket PHPExcel.

Abstract

This thesis addresses the modeling of a disease outbreak in Austria and its spatial and temporal spread. The implementation is carried out as a web GIS, in which users can set epidemiologic parameters and one or multiple starting points in Austria. The algorithm calculating the spread is based on the principle of a cellular automaton.

The results of this model are displayed in an OpenLayers environment. Additional pieces of information are displayed as statistics and diagrams. The technologies used include HTML, JavaScript, PHP, PostgreSQL, Geoserver and the JavaScript libraries OpenLayers3, Google Developer and jQuery, as well as the PHP package PHPExcel.

1. Einleitung

In der Einleitung dieser Masterarbeit werden die Motivation des Autors, die Zielsetzung sowie Forschungsfragen, das Untersuchungsgebiet und der Aufbau der Arbeit beschrieben. Sie soll sowohl einen Überblick über die gesamte Arbeit als auch eine Einleitung in die behandelte Thematik geben. Den Anfang macht hierbei die Darlegung der Motivation zu dieser Arbeit.

1.1. Motivation

Am Anfang dieser Arbeit sollen die Beweggründe dargelegt werden, die mich dazu gebracht haben, genau dieses Thema zu wählen.

Die Masterarbeit und ganz speziell das darin behandelte Thema begleiten einem mitunter ein ganzes Leben lang. Aus diesem Grund habe ich mich lange und eingehend mit der Wahl des Themengebietes beschäftigt.

Die folgenden Fragen waren für mich bei der Auswahl des Themas der Masterarbeit zentral und damit ausschlaggebend: „Was studierst du eigentlich?“, „Was macht man damit?“ und „Warum braucht man so etwas überhaupt?“.

Diese und ähnliche Fragen wurden mir oft gestellt und fast genauso oft habe ich bei meiner meist sehr ausschweifenden Antwort gemerkt, dass sich niemand so recht etwas unter GIS, Geoinformation, Geoinformatik und weiteren Begriffen in diesem Themenbereich vorstellen kann. Bei GIS dachten die meisten an den ORF und Leute, die an so manchen Studentenhaushalt anklopfen, um Geld einzutreiben, und weniger an ein Geoinformationssystem. In diesem Zusammenhang kann ich mich noch gut an ein besonders peinliches Gespräch über den Titel meiner Masterarbeit erinnern.

Wenn selten, aber doch jemand eine grobe Vorstellung von diesem Themenbereich hatte, dann drehte sich das Gespräch in der Regel jedoch nur um das Navi am Smartphone. Doch Geoinformation ist weit mehr als das und genau das habe ich immer versucht in solchen Gesprächen zu vermitteln. Diese Lücke in der Allgemeinbildung vieler Leute ist ein treibender Grund, warum ich mehr Wissen über die Geoinformation in die Welt hinaustragen will.

Geoinformation ist eng verbunden mit Begriffen wie Umweltbeobachtung, Navigation und Vermessung, geht jedoch weit über diese Eckpfeiler hinaus. So wichtig und relevant diese „klassischen“ Bereiche der Geoinformation sind, wollte ich Geoinformation abseits der abgetretenen

Wege betreiben und somit auch für das Institut für Geoinformation an der TU Graz eine neue Richtung diesbezüglich einschlagen. Diese zeichnet sich durch eine stark interdisziplinär geprägte Herangehensweise aus, die ein breites Denken und neue Denkansätze verlangt und damit auch zugänglicher für Außenstehende ist.

Mir schwebten von Anfang an viele Dinge im Kopf herum, die diese Arbeit enthalten sollte. Nachdem ich mich mit vielen Themen, vor allem im Bereich des Einsatzes von GIS im humanitären Bereich, auseinandergesetzt hatte, kam ich durch Zufall an das Computerspiel „*Plague Inc*“ (NDEMIC CREATIONS 2015). Das Ziel des Spiels ist, einfach wie makaber, die Vernichtung der Menschheit mit Hilfe eines Pathogen. Hierbei wird auf ein umfangreiches epidemisches Modell für eine möglichst realitätsnahe Simulation zurückgegriffen. Und während ich die Menschheit immer und immer wieder mit unterschiedlichsten Seuchen ausgemerzt habe und dabei schon fast bedenklich viel Spaß hatte, kam mir der Gedanke, dass man dieses Prinzip auch von einer anderen Seite aufrollen könnte, nämlich als kleinmaßstäbige, realitätsnahe Simulation für Österreich, deren Ergebnisse verwertbare und aussagekräftige Daten sein sollten. Somit war die grundlegende Ausrichtung des Themas gefunden. Nach eingehender Beschäftigung mit dem Wesen der Epidemiologie, vor allem mit dem Bereich der räumlichen Epidemiologie war klar, dass eben genau dieser geographische Aspekt eine Behandlung im Rahmen einer Masterarbeit des Studiums „Geospatial Technologies“ sinnvoll macht.

Als Nächstes stellte sich die Frage, in welcher Form die Modellierung der räumlichen und zeitlichen Ausbreitung von Krankheiten realisiert werden sollte. Dazu kann ich auf den Anfang dieser Einleitung verweisen. Ich war es ein wenig satt, Leuten immer wieder erklären zu müssen, was ich im Studium eigentlich mache. Deswegen habe ich mich für einen zugänglichen, quasi öffentlichen Zugang in Form der Entwicklung eines Web-GIS entschieden, um meine Arbeit möglichst transparent und zugänglich zu gestalten. Ein öffentliches Web-GIS hatte den entscheidenden Vorteil, dass es für die ganze Welt zugänglich war. Es bedarf keiner besonderen Vorkenntnisse oder Erfahrung einen Browser zu bedienen und sich durch ein Web-Interface zu klicken und hatte den angenehmen Vorzug, dass ich bei Fragen nach meiner Arbeit einfach einen Link verschicken konnte, der alle Fragen für mich beantworten würde.

Damit waren die Einstiegsfragen zur thematischen Umsetzung meiner Masterarbeit geklärt und ich hatte alle für mich wichtigen Punkte der Masterarbeit zumindest in der Theorie geklärt. Als ich das Thema und das erarbeitete Konzept meinem Betreuer vorgestellt habe, stießen diese auch auf Anklang. Somit konnte ich mich den Problemen der praktischen Umsetzung widmen.

1.2. Zielsetzung

Das Ziel dieser Arbeit ist die Entwicklung eines Modells zur Berechnung der Ausbreitung von direkt übertragbaren Infektionskrankheiten in Österreich, auf Basis von Pendel-Beziehungen und Daten der Verteilung und des Aufbaus der österreichischen Bevölkerung. Dieses Modell wird in einem Web-GIS berechnet und die Ergebnisse dieser Berechnung darin visualisiert. Hierbei liegt großes Augenmerk auf eine hohe Benutzerfreundlichkeit und Verständlichkeit der einzugebenden Parameter. Durch die Bereitstellung von Beispielswerten und ausführlichen Hilfetexten soll innerhalb kürzester Zeit ein Einblick über die grundlegenden Parameter zur Berechnung der Ausbreitung von Infektionskrankheiten gegeben und das Web-GIS selbsterklärend gemacht werden. Die Ergebnisse der Berechnungen des Modells sollen in vielfältiger Weise dargestellt werden. Diese Visualisierung soll sowohl in Form von thematischen Layern des Web-GIS als auch in Form von Tabellen und Diagrammen vorgenommen werden.

Neben der technischen Realisierung eines Modells zur Berechnung von raum-zeitlicher Krankheitsausbreitung soll vor allem auf eine einfache Nutzbarkeit und eine hohe Verständlichkeit auf Seiten des Users geachtet werden. Durch die Verwendung der Möglichkeiten des Web-GIS hinsichtlich der grafischen Darstellungsmöglichkeiten soll auch Verständnis für räumliche und zeitliche Ausbreitungsmuster von Krankheiten aufgebaut und ein erster Einblick in die Epidemiologie gegeben werden.

Neben der Erstellung eines Web-GIS, das als Hauptziel dieser Arbeit zu verstehen ist, sollen damit einhergehend die nachfolgend formulierten Forschungsfragen beantwortet werden.

1.3. Forschungsfragen

Ausgehend von der Zielsetzung, aber auch von den Problemen und Schwierigkeiten, die im Laufe der Entwicklung aufkamen, wurden daher mehrere Forschungsfragen formuliert, die es im Rahmen dieser Arbeit zu beantworten gilt.

Die Forschungsfragen hierbei lauten wie folgt:

- I. Ist GIS ein taugliches Werkzeug zur Modellierung von Krankheitsausbreitung oder lediglich ein Tool zur Visualisierung der Ergebnisse?
- II. Wie repräsentativ sind die Ergebnisse, die im Rahmen dieser Arbeit generiert werden?

- III. Ist die Realisierung in Form eines Web-GIS eine taugliche Möglichkeit zur Berechnung und Visualisierung eines epidemiologischen Ausbreitungsmodells oder sind andere Umsetzungsmodelle besser geeignet?
- IV. Gibt es didaktische Ansätze, die über die Realisierung eines Web-GIS verfolgt werden können? Wenn ja, wie sehen diese aus und wie können sie genutzt werden?

Die Beantwortung dieser Forschungsfragen erfolgt im Abschlusskapitel 8.

1.4. Untersuchungsgebiet

Als Untersuchungsgebiet wird das gesamte österreichische Bundesgebiet herangezogen. Als Basis der Berechnungen der Ausbreitung werden die österreichischen Gemeinden (Stand 1. 1. 2014) verwendet. Alle Änderungen, die nach 2014 stattgefunden haben, wie etwa die Fusionierung steirischer Gemeinden 2015, werden nicht in diese Arbeit miteinbezogen. Aufgrund der Datenbeschaffenheit werden im Fall von Wien die Grenzen der Wiener Gemeindebezirke herangezogen. Details zu den verwendeten Daten, deren Herkunft und des Prozessierens sind im Kapitel 4.1 und den entsprechenden Unterkapiteln zu finden.

1.5. Aufbau der Arbeit

Im 2. Kapitel werden die theoretischen und technischen Grundlagen zu GIS und Epidemiologie diskutiert. Hierbei werden vor allem auf eine grundlegende Einführung zum Thema Epidemiologie und eine gründliche Beschreibung der verwendeten Technologien und dahinter liegende Systeme Wert gelegt.

Kapitel 3 bietet einen Überblick auf Arbeiten, die sich mit der Modellierung von räumlicher Krankheitsausbreitung beschäftigen, und den aktuellen Forschungsstand im Bereich der GIS-gestützten Modellierung von Krankheitsausbreitung.

Im 4. Kapitel wird die technische Realisierung des Modells und des Web-GIS beschrieben. Dabei wird ein detaillierter Einblick in die verwendeten Daten, deren Akquisition und Prozessierung gegeben. Zusätzlich wird ein Einblick in die Entwicklung des Algorithmus zur räumlichen Ausbreitung und des epidemiologischen Modells gegeben, dabei wird auch Bezug auf die Entwicklung des Designs und des User Interfaces genommen.

In Kapitel 5 werden unterschiedliche Krankheitsfälle gerechnet und versucht, die Ergebnisse des Modells mit Daten zu Grippefällen abzugleichen, um die Ergebnisse des Modells zu validieren. Daraufhin werden die Plausibilität und der Wert der Ergebnisse diskutiert.

Im 6. Kapitel werden ausgehend von den in Kapitel 5 gewonnenen Erkenntnissen die Schwächen, Unzulänglichkeiten und Einschränkungen des Modells erläutert.

Daraufhin werden in Kapitel 7 das Entwicklungspotential und die Ausbaumöglichkeiten diskutiert. Des Weiteren gibt es eine Auflistung von Maßnahmen, die gesetzt werden könnten, um das Modell zu verbessern.

Abschließend wird im letzten Kapitel ein Fazit zur Arbeit gegeben und der Wert des entwickelten Modells und der gesamten Arbeit diskutiert. Ein Resümee über den Workflow und die Ergebnisse, die diese Arbeit sowohl in persönlicher als auch in technischer Hinsicht zu Tage gefördert haben, runden diese Arbeit dann ab.

Im Anhang dieser Arbeit sind die verwendete Literatur und die Herkunft der Abbildungen angeführt.

2. Theoretische und technische Grundlagen

Im nachfolgenden Kapitel werden die Grundlagen zur Epidemiologie und Geoinformation behandelt. Dadurch sollen alle in der Arbeit verwendeten Termini eindeutig definiert und verständlich erklärt werden. Den Anfang macht hierbei der historische Ursprung der Geoinformation und der Epidemiologie, der zeigt, wie eng diese beiden Begriffe miteinander verbunden sind. Weitere Punkte, die in diesem Kapitel behandelt werden, sind die verwendeten Technologien und eine Einführung zu zellulären Automaten.

2.1. Einführung in die Epidemiologie

Den Anfang hierbei macht die Klärung des Begriffs der Epidemiologie, der bereits mehrfach verwendet wurde, und der für die weitere Erarbeitung des Themas unerlässlich ist. Die Basis für diese Klärung bildet die Definition der Epidemiologie.

2.1.1. Definition

Die Epidemiologie ist definiert als: *“The study of the distribution and determinants of health-related states or events in specified populations, and the application of this study to the prevention and control of health problems”* (LAST 2001).

Die Epidemiologie ist also eine wissenschaftliche Disziplin, die sich mit der Verbreitung sowie den Ursachen und Folgen von gesundheitsbezogenen Zuständen und Ereignissen in Bevölkerungen auseinandersetzt. Diese Definition hebt hervor, dass sich die Epidemiologie nicht nur mit Krankheiten, sondern allgemein mit gesundheitsbezogenen Zuständen befasst. Die Epidemiologie deckt somit eine große Brandbreite ab und umfasst viele Teilgebiete.

Diese Teilgebiete umfassen nach der Deutschen Gesellschaft für Epidemiologie DGepi (DGEPI 2015):

- Infektionsepidemiologie,
- Pädiatrische Epidemiologie,
- Epidemiologie der Arbeitswelt,
- Epidemiologische Methoden,
- Ernährungsepidemiologie,

- Genetische Epidemiologie,
- Krebsepidemiologie,
- Umweltmedizin,
- Sozial-Epidemiologie,
- Health Geography und mehr.

Diese Arbeit setzt sich naturgemäß nicht mit allen Bereichen der Epidemiologie auseinander, sondern nur mit jenem für diese Arbeit relevanten Teilbereich der räumlichen Epidemiologie, der wie folgt definiert ist:

“Spatial epidemiology is the description and analysis of geographic variations in disease with respect to demographic, environmental, behavioral, socioeconomic, genetic, and infectious risk factors“(ELLIOTT & WARTENBERG 2004, S.998).

Durch die Möglichkeiten der Geoinformation sind Analyse- und Modellierungsansätze gegeben, die früher nicht möglich waren (GATRELL & SENIOR 1999, S. 925-38).

2.1.2. Geschichte der Epidemiologie

Um auf diesen geographischen Aspekt der Epidemiologie und der Analysemöglichkeiten der GI im Detail einzugehen, wird im folgenden Abschnitt ein kurzer Blick auf die Geschichte der Epidemiologie geworfen, der sogleich auch als Geburtsstunde räumlicher Analysen betrachtet werden kann.

Die Epidemiologie kann auf eine lange und reichhaltige Geschichte zurückblicken, die in ihrer Gesamtheit nicht im Rahmen dieser Arbeit behandelt werden kann (MORABIA 2004).

Daher steht in diesem Kapitel der äußerst bekannte Fall des englischen Arztes und Begründers der heutigen Epidemiologie John Snow im Vordergrund, der 1854 eine Karte der Cholerafälle in London erstellte (Siehe Abbildung 1).

John Snow kartierte das Haus jeder Person, die in London zwischen 1848–49 und 1853–54 an Cholera gestorben war und stellte einen Zusammenhang zwischen der Trinkwasserquelle und den Todesfällen her.

Er verglich die Todesfälle durch Cholera in Distrikten mit unterschiedlicher Wasserversorgung und konnte so zeigen, dass sowohl die Anzahl der Todesfälle als auch die Sterblichkeitsraten bei all jenen Haushalten höher war, die durch die Southwark Company mit Wasser versorgt wurde. Auf Basis

dieser Recherche stellte Snow die Theorie über die Übertragung von Infektionskrankheiten auf und dass Cholera durch kontaminiertes Wasser übertragen wird. Durch diese Erkenntnisse war er in der Lage, Verbesserungen in der Wasserversorgung herbeizuführen, die lange vor der Entdeckung des Organismus, der für Cholera verantwortlich ist, umgesetzt wurden.

Snows Fall zeigt, wie die Ursache für einen Krankheitsausbruch durch die Anwendung geographischer Analysen entdeckt werden kann und daraus resultierende Maßnahmen im Bereich des Gesundheitswesens, wie etwa die Verbesserung von Wasserversorgung und Abwasserentsorgung, zu deutlichen Verbesserungen der Volksgesundheit führen (BONITA ET AL. 2006, S.2).

Die nachfolgende Abbildung 1 zeigt die von Jon Snow angefertigte Karte.



Abbildung 1 John Snows Karte der Todesfälle der Cholera-Epidemie 1854

Auch wenn John Snows Wirken für diese Arbeit besonders relevant ist und allgemein als Beginn der Epidemiologie angesehen wird, sei darauf hingewiesen, dass es bereits vor ihm erste epidemiologische Arbeiten, etwa von Giovanni Maria Lancisi gab, der einen Zusammenhang zwischen

dem Rückgang von Krankheitsfällen und der Trockenlegung von Sümpfen in Rom herstellte (GAZZANIGA 2003).

2.1.3. Anwendungsbeispiele

Nachfolgend soll die Anwendung der Epidemiologie anhand zweier Fallbeispiele für Österreich erklärt werden.

Ein Beispiel für den Anwendungsbereich moderner Epidemiologie liefert die Statistik Austria. In nachfolgender Abbildung 2 ist eine Karte über die Sterblichkeit Österreichs nach politischen Bezirken angeführt.

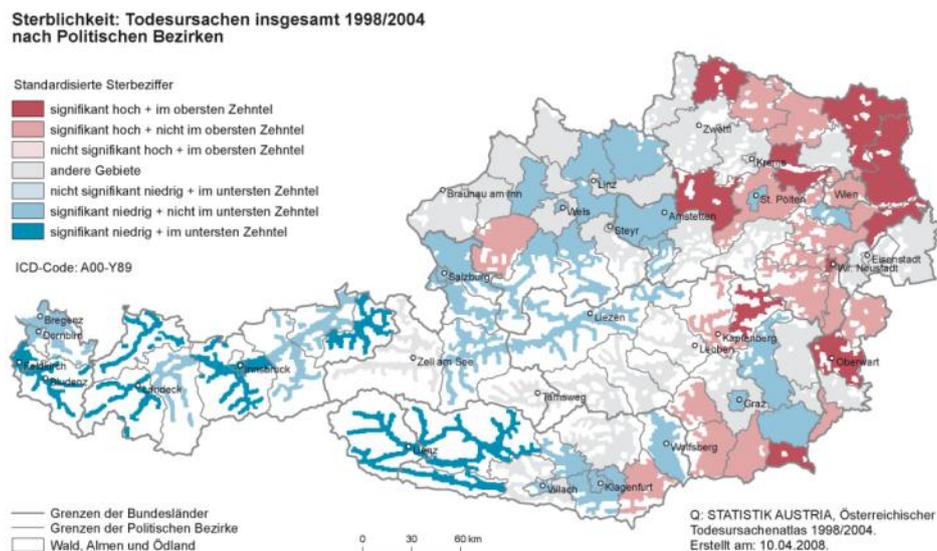


Abbildung 2 Regionale Unterschiede der Sterbeziffer in Österreich

Die Sterbeziffer bezeichnet hierbei das Verhältnis der Anzahl der Sterbefälle zum Durchschnittsbestand einer Population (PSCHYREMBEL 1998).

Wie aus der Karte eindeutig hervorgeht, gibt es in Österreich ein deutliches Ost-West-Gefälle hinsichtlich der Sterblichkeit, wobei im Osten und Nord-Osten Österreichs die Sterblichkeit verhältnismäßig besonders hoch ist, also die Anzahl der Sterbefälle in Bezug auf die Gesamtbevölkerung höher sind. Für diesen Umstand gibt es mehrere mögliche Erklärungsansätze.

Einer dieser Erklärungsansätze ist, dass in den Weinbaugebieten in Österreich, die sich größtenteils im Norden und Osten des Landes befinden, auch Alkoholismus weiter verbreitet ist, der wiederum zu einer höheren Sterblichkeit führt.

Ein Beispiel zu Cancer Mapping in der Alpenregion (Österreich, Italien, Slowenien, Schweiz) liefern VITTADELLO ET AL. 2010, deren Arbeit eine Darstellung der räumlichen Variation von Krebsfällen im Alpenraum ist, um Gegenden mit verhältnismäßig hohen Krebsraten festzustellen. Die Erkenntnisse, die aus dieser Arbeit gewonnen werden können, sollen Folgearbeiten zu den betroffenen Gebieten veranlassen.

Einer der im Rahmen der dieser Forschung entstanden Karten ist nachfolgend in Abbildung 3 dargestellt.

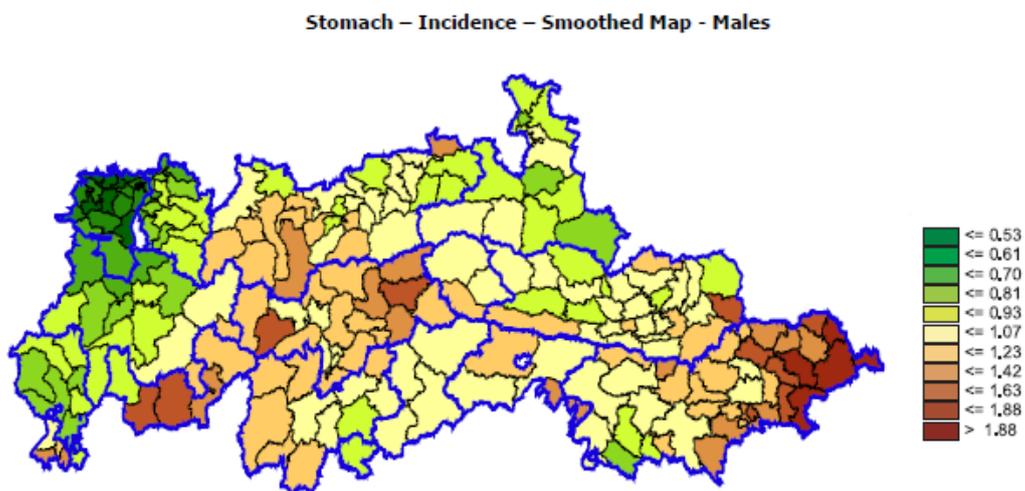


Abbildung 3 Karte der Magenkrebsfälle in der Alpenregion

Sie zeigt ein verhältnismäßig hohes Auftreten von Magenkrebs vor allem in Südtirol und Slowenien.

Nachdem nun sowohl die Bedeutung der Epidemiologie genau umrissen und anhand zweier Beispiele auch deren Verbindung mit der Geoinformation erklärt wurde, kann nun ein detaillierter Blick auf die verwendeten Kennziffern der Epidemiologie geworfen werden.

2.2. Verwendete epidemiologische Begriffe und Kennziffern

Im folgenden Abschnitt werden die für diese Arbeit relevanten epidemiologischen Kennziffern und verwendeten Begriffe im Detail beschrieben. Es sei darauf hingewiesen, dass es deutlich mehr epidemiologische Kennzahlen gibt und sich diese Arbeit darauf beschränkt, lediglich die für die Arbeit relevanten bzw. verwendeten Kennzahlen näher zu beschreiben.

2.2.1. Basic Reproduction Number R_0

Die Basic Reproduction Number ist die durchschnittliche Zahl der sekundär infektiösen Personen, die von einer infektiösen Person zwischen t und $t+1$ in einer total empfänglichen Bevölkerung angesteckt werden (VYNNYCKY & WHITE 2010, S.7-8 & S. XXIX).

Sie gibt somit an, wie viele Leute durchschnittlich von einer infizierten Person angesteckt werden, wenn es keine Immunität innerhalb einer Bevölkerung gibt, und ist ausschlaggebend für die Infektivität einer Krankheit. In der nachfolgenden Abbildung 4 ist die Basic Reproduction Number und deren Bedeutung schematisch erklärt.

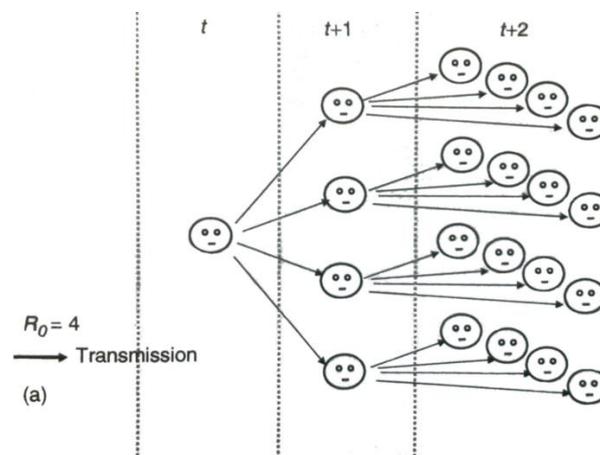


Abbildung 4 Schematische Darstellung der Basic Reproduction Number

Vereinfacht ausgedrückt infiziert eine kranke Person im Schnitt (wenn $R_0 = 4$) vier weitere Personen, die ihrerseits ebenfalls je 4 Personen anstecken.

Dabei ist die Basic Reproduction Number eine nützliche Maßzahl bei der Feststellung, ob sich eine Infektionskrankheit in einer Bevölkerung ausbreiten kann oder nicht. Bei $R_0 < 1$ wird eine Infektion langfristig aussterben, während die Infektion bei $R_0 > 1$ in der Lage ist, sich innerhalb einer Population auszubreiten (MUKANDAVIRE 2013).

Beispielhafte Werte für R_0 sind etwa (VYNNYCKY & WHITE 2010, S.2):

Masern:	12 – 18
Diphtherie:	6 – 7
Influenza:	2 – 4
Polio:	2 – 4 (für Bevölkerungen mit hohem Hygienestandard)
	8 – 14 (für Bevölkerungen mit niedrigem Hygienestandard)

Aus diesen Angaben kann abgeleitet werden, dass es für verschiedene Krankheiten durchaus starke Schwankungen von R_0 gibt. Die Probleme, die sich daraus für dieses Modell ergeben, werden im Kapitel 6 zu den Problemen und Schwierigkeiten der Entwicklung im Detail diskutiert.

Für weiterführende Informationen zu R_0 , die weit über diese Masterarbeit hinausgehen, kann auf JONES 2007 verwiesen werden. Für ein Fallbeispiel der Berechnung und Anwendung von R_0 im Fall eines Cholera-Ausbruchs auf Haiti ab dem Jahr 2010 kann auf MUKANDAVIRE 2013 verwiesen werden.

Eine Maßzahl, die im Rahmen dieser Arbeit jedoch ein höheres Gewicht hat, ist die Net Reproduction Number.

2.2.2. Net Reproduction Number R_N

Die Net Reproduction Number R_N ist die durchschnittliche Zahl der sekundär infektiösen Personen ausgehend von einer infektiösen Person in einer gegebenen Bevölkerung, also in einer Bevölkerung, in der immune Personen vorhanden sind (VYNNYCKY & WHITE 2010, S.XXIX).

Der Unterschied zwischen der Basic Reproduction Number und der Net Reproduction Number liegt also in der Bevölkerung und deren Immunitätsgrad. Ist eine Bevölkerung ganzheitlich empfänglich für eine Infektionskrankheit entspricht die Basic Reproduction Number der Net Reproduction Number.

Gibt es jedoch immune Personen innerhalb einer Bevölkerung, etwa durch Impfungen, so ist die Net Reproduction Number immer geringer als die Basic Reproduction Number, somit gilt:

$$R_N \leq R_0$$

Die Net Reproduction Number ist einer der wichtigsten einzugebenden Parameter im erstellten Modell und bestimmt maßgeblich die Ausbreitungsdynamik einer Krankheit. In der nachfolgenden Abbildung 5 ist R_N und ihre Bedeutung schematisch dargestellt:

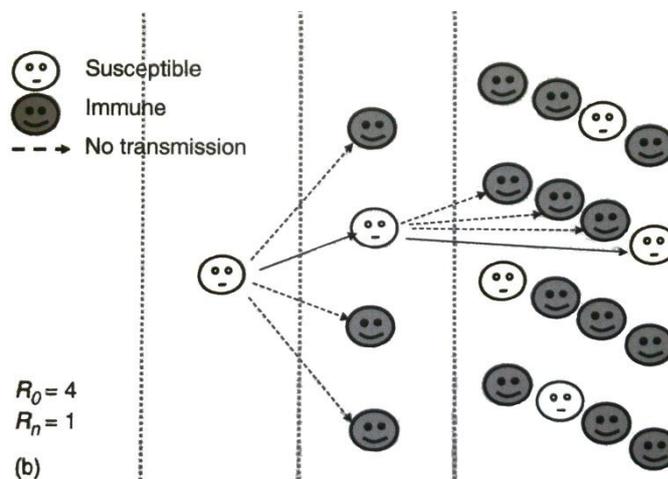


Abbildung 5 Schematische Darstellung der Net Reproduction Number

Wie aus der Abbildung hervorgeht, ist R_N die besser geeignete Maßzahl zur Veranschaulichung der effektiven Ausbreitung innerhalb einer Bevölkerung.

Für weiterführende Informationen, die über diese Masterarbeit hinausgehen, kann auf CINTRÓN-ARIAS ET AL. 2009 verwiesen werden.

2.2.3. Pre-infectious Period

Die Pre-infectious Period (oder auch „Latent Period“) ist definiert als jene Zeit von Beginn der Infektion bis zu dem Zeitpunkt, ab dem der Träger dazu im Stande ist andere Personen zu infizieren (VYNNYCKY & WHITE 2010, S.2). Sie ist ebenfalls ein wichtiger Faktor in der Modellierung von

Krankheitsausbrüchen und bestimmt gemeinsam mit anderen Kennzahlen die Dynamik, mit der sich eine Krankheit innerhalb einer Bevölkerung ausbreitet.

2.2.4. Incubation Period

Die Incubation Period ist definiert als die Zeit von der Infektion bis zum Anfang der klinischen Krankheit. Hierbei können Individuen ansteckend sein, noch bevor sie klinische Symptome zeigen (VYNNYCKY & WHITE 2010, S.2), wie das etwa bei Windpocken (Feuchtblattern) der Fall ist.

Die Incubation Period stellt keinen der einzugebenden Parameter im entwickelten Modell dar, ist aber der Vollständigkeit und der besseren Verständlichkeit von Abbildung 6 wegen ebenfalls angeführt.

2.2.5. Infectious Period

Die Infectious Period ist definiert als jene Zeitspanne zwischen dem Ende der Pre-infectious Period und dem Zeitpunkt, ab dem der Träger der Krankheit nicht mehr im Stande ist andere Personen zu infizieren (VYNNYCKY & WHITE 2010, S.2).

Sie steht in einer Dependenz mit der Basic Reproduction Number bzw. der Net Reproduction Number bei der Modellierung der Intensität eines Krankheitsausbruchs. Geht man beispielsweise von einer Net Reproduction Number $R_N = 3$ aus, steckt eine infizierte Person drei andere Personen in einer gegebenen Bevölkerung an. Die Infectious Period gibt nun an, über welchen Zeitraum die drei Personen angesteckt werden. Folglich bedeutet bei einer gleichbleibenden Basic bzw. Net Reproduction Number eine kürzere Infectious Period auch eine deutlich schneller ansteckende Krankheit. Für die Modellierung der Intensität eines Krankheitsausbruchs ist es daher von enormer Bedeutung, ob diese 3 Personen innerhalb von 3 Tagen, 3 Wochen oder 3 Jahren angesteckt werden.

In der nachfolgenden Tabelle 1 ist dieses Prinzip vereinfacht dargestellt:

Tab. 1 Auswirkungen der Dauer der Infectious Period

R_N	Dauer der Infectious Period	Durchschnittliche Neuinfektionen/Tag
3	3 Tage	1
3	3 Wochen	~ 0,1429
3	3 Jahre	~ 0,0027

Um die Bedeutung der eben erklärten Zeit-Begriffe und deren Zusammenhang weiter zu verdeutlichen, ist die folgende Abbildung 6 angeführt (VYNNYCKY & WHITE 2010, S.2).

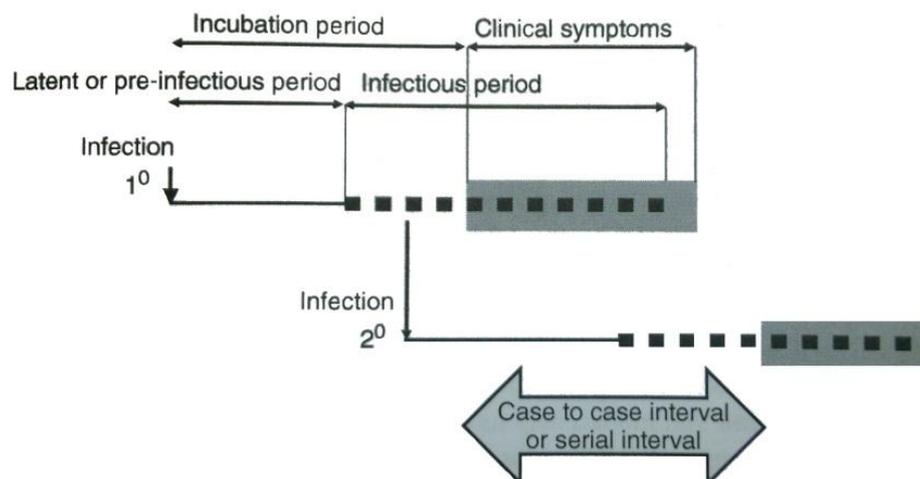


Abbildung 6 Schematische Darstellung der Abfolge der unterschiedlichen Perioden

Ein weiterer Begriff, der in dieser Abbildung verwendet wird, und der der Vollständigkeit halber noch erläutert werden sollte, ist der Begriff „*serial interval*“. Es bezeichnet die Zeit zwischen erfolgreichen Infektionen in einer Übertragungskette (VYNNYCKY & WHITE 2010, S.3).

Nachdem die wichtigen Zeit-Begriffe erklärt wurden, können nun weitere epidemiologische Maßzahlen vorgestellt werden, die im Rahmen des erarbeiteten Modells eine Rolle spielen.

2.2.6. Beta β

Beta ist definiert als die Pro-Kopf-Rate mit welcher zwei spezifische Individuen in effektiven Kontakt miteinander treten (VYNNYCKY & WHITE 2010, S.26).

Ein effektiver Kontakt („*effective contact*“) ist laut Abbey definiert als jener Kontakt, der ausreichend ist, um zu einer Infektion zwischen einer infektiösen und einer anfälligen Person zu führen (ABBEY 1952, S.201-233).

Hierbei gibt es mehrere Arten wie Beta berechnet werden kann, abhängig davon, welche Annahmen für die bestehende Bevölkerung und deren Interaktion getroffen werden.

Beta ist abhängig von mehreren Faktoren, wie etwa dem Alter oder dem Milieu der Bevölkerung bzw. von Teilen der Bevölkerung. Kinder haben tendenziell mehr effektiven Kontakt mit anderen Personen, die ebenfalls eher Kinder sind. Zudem ist Beta in städtischen Räumen ebenfalls höher als in ländlichen Gebieten mit einer niedrigeren Bevölkerungsdichte (VYNNYCKY & WHITE 2010, S.28). Wenn der Kontakt abhängig vom Alter, sozialen Gruppen oder anderen Charakteristiken ist, spricht man von nicht-zufälligem oder heterogenem Mixing (VYNNYCKY & WHITE 2010, S.26).

Die einfachste Annahme, die auch im Fall des entwickelten Modells getroffen wurde, ist, dass sich Individuen zufällig treffen bzw. miteinander in Kontakt stehen, unabhängig von Alter und anderen Charakteristiken. In diesem Fall spricht man von Random Mixing, vergleichbar etwa mit derselben Art mit der Gas-Moleküle zufällig miteinander kollidieren.

Geht man von einem Random Mixing der Individuen einer Bevölkerung aus, wird Beta wie folgt berechnet (VYNNYCKY & WHITE 2010, S.65):

$$\beta = R_0 / ND$$

N ... Gesamtgröße der Bevölkerung zum Zeitpunkt t

D ... Dauer der Ansteckungsfähigkeit

Beta ist hierbei invers proportional zur Bevölkerungsgröße und daher umso geringer je größer die Bevölkerung ist.

2.2.7. Lambda λ

Lambda (oder auch "force of infection") ist definiert als "*The risk that a susceptible person becomes infected between time t and $t + 1$* " (VYNNYCKY & WHITE 2010, S.26).

Bei Random Mixing wird Lambda wie folgt berechnet:

$$\lambda_t = \beta I_t$$

β ... siehe 2.2.6.

I_t ... Zahl der infizierten Individuen zum Zeitpunkt t

Dabei ist Lambda zeitabhängig und ändert sich folglich mit jedem Zeitschritt bzw. jeder Iteration des Modells.

Abhängig von der Art der Übertragung einer Infektionskrankheit gibt es weitere Methoden λ zu berechnen, wie etwa im Fall von Geschlechtskrankheiten.

Da Geschlechtskrankheiten nicht in diesem Modell berücksichtigt werden, werden allfällige Formeln und Anmerkungen dazu nicht weiter ausgeführt. Für weiterführende Informationen wird jedoch auf VYNNYCKY & WHITE 2010 verwiesen.

2.3. Epidemiologische Modelle

Innerhalb der Epidemiologie gibt es unterschiedliche Strukturmodelle, um die Übertragung von Infektionen zu beschreiben. Mit Hilfe dieser Strukturmodelle können unterschiedliche Krankheit und deren Übertragungsverhalten beschrieben werden.

In der nachfolgenden Abbildung 7 sind mehrere dieser Modelle dargestellt:

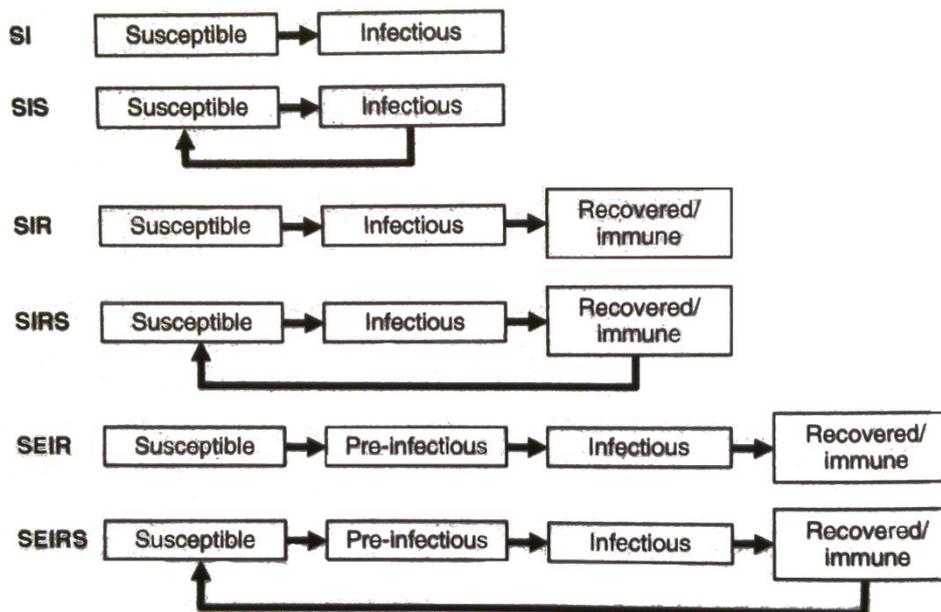


Abbildung 7 Übliche Modelle zur Beschreibung der Übertragung von Infektionen

Das SI-Modell (Susceptible – Infectious) beschreibt etwa die Übertragung von HIV und bedeutet, dass eine einmalig mit HIV infizierte Person dies auch ein Leben lang bleibt.

Das SIS-Modell (Susceptible – Infectious - Susceptible) wird verwendet, um beispielsweise heilbare Geschlechtskrankheiten, wie etwa Gonorrhoe, zu beschreiben. Hierbei sind Infizierte so lange ansteckend, bis sie geheilt werden, um danach wieder empfänglich für die Krankheit zu werden.

Das SIR-Modell (Susceptible – Infectious – Recovered/Immune) beschreibt die immunisierenden Krankheiten, wie etwa die klassischen Kinderkrankheiten, die nach überstandener Krankheit zu einer lebenslangen Immunisierung führen. Beispiele für solche Krankheiten sind etwa Mumps, Masern und Röteln (Rubella) (VYNNYCKY & WHITE 2010, S.3).

Die übrigen Modelle beschreiben Krankheiten, an denen man immer wieder erkranken kann, wie etwa die Influenza. Das SEIR- und SEIRS-Modell beinhalten im Gegensatz zu den übrigen Modell zusätzlich die bereits beschriebene Pre-infectious-Period (VYNNYCKY & WHITE 2010, S.15-16).

Das im Rahmen dieser Arbeit verwendete Modell ist das SEIR-Modell, sowie eine Abwandlung davon, bei dem Personen nach der Infektion eine Pre-Infectious Period durchlaufen, ehe sie infektiös

werden und abhängig von den getroffenen Einstellung infizierte Personen dauerhaft infiziert bleiben bzw. wieder gesund werden, um anschließend immun bzw. recovered zu sein. Details hierzu sind im Kapitel 4.2.6 zu finden.

2.4. Zusammenhang zwischen Mobilität und Krankheitsausbreitung

Nachdem eine Einführung in die Epidemiologie gegeben wurde, soll nun der Zusammenhang zwischen Mobilität und der Ausbreitung von Krankheiten gegeben werden, um zu erläutern, von welcher Relevanz die Inkludierung von Mobilitätsdaten tatsächlich ist.

Das Verständnis für menschliche Mobilität und die Entwicklung von qualitativen Modellen ist bei der Forschung im Bereich der räumlichen Ausbreitung von Infektionskrankheiten von enormer Bedeutung. Die Langstrecken-Mobilität des Menschen durch den internationalen Flugverkehr hat die Möglichkeiten und die Komplexität der Berechnung von Krankheitsausbreitung stark gesteigert.

Mobilitätsnetzwerke weisen hierbei zwei markante Eigenschaften auf:

- Mobilitätsnetzwerke zeigen eine starke Heterogenität hinsichtlich der Verteilung von Schwerpunkten, Verkehrsflüssen und Bevölkerungsgrößen
- Obwohl die Interaktion von Verkehrsintensität mit steigender Distanz abnimmt, spielen Langstreckeninteraktionen eine signifikante Rolle bei der Dynamik von räumlicher Krankheitsausbreitung (BROCKMANN & GALLARDO 2009).

So stellten HSIEH ET AL. 2007 fest, dass zumindest in deren Modellannahmen gründlich durchgeführte Grenzkontrollen einen Beitrag leisten können, um die räumliche Ausbreitung von Krankheiten zwischen abgrenzbaren Raumeinheiten zu stoppen.

Diese Beispiele aus der wissenschaftlichen Literatur zeigen den eindeutigen Zusammenhang zwischen menschlicher Mobilität und der Ausbreitung von Infektionskrankheiten. Aus diesem Grund ist eine Implementierung eines Mobilitätsmodells für räumliche Krankheitsausbreitung unerlässlich.

2.5. Aspekte der Geoinformatik

Im folgenden Kapitel werden alle verwendeten Technologien begrifflich definiert, um dann im Kapitel 4.2 zur technischen Umsetzung näher erläutert werden zu können. Zunächst werden die Oberbegriffe geklärt, um in nächster Folge Unterbegriffe fassen zu können. Den Anfang macht hierbei die Geoinformatik.

„Die Geoinformatik setzt sich systematisch mit dem Wesen und der Funktion der Geoinformation, mit ihrer Bereitstellung in Form von Geodaten und mit den darauf aufbauenden Anwendungen auseinander. Gelegentlich wird als Synonym dafür auch hierzulande bereits der Begriff Geomatik (engl. Geomatics) verwendet“ (BARTELME 2005, S. 1).

Diese Definition macht es notwendig näher auf den Begriff „Geoinformation“, sowie auf den Begriff der „Geodaten“ einzugehen.

Der Begriff der Geoinformation (GI) *„ergibt sich durch Spezialisierung auf Information, die orts-, lage-, raum- und zeitbezogenen Charakter hat. Auf die gleiche Art und Weise ergibt sich der Begriff Geodaten“ (BARTELME 2005, S. 15).*

Somit kann die Geoinformatik vereinfacht ausgedrückt als jener Teilbereich der Informatik verstanden werden, der sich mit der systematischen Verarbeitung von Informationen beschäftigt, die einen Orts- und Zeitbezug haben.

Die Aufgabe und die zentralen Teilbereiche der Geoinformatik lassen sich wie in Abbildung 8 dargestellt zusammenfassen:

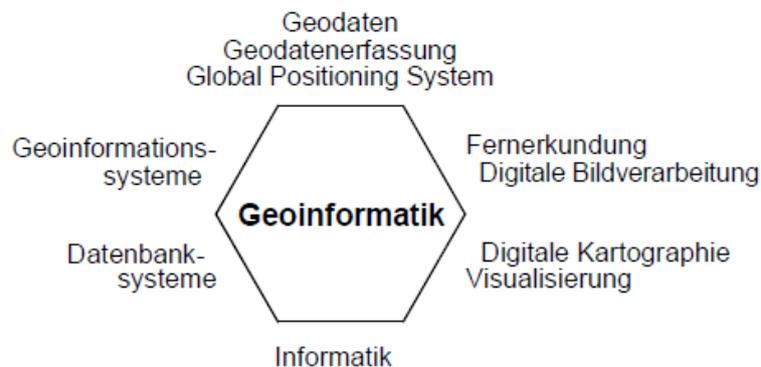


Abbildung 8 Aufbau und zentrale Teilbereiche der Geoinformatik

Eine große Menge dieses Teilbereichs, nämlich Datenbanksysteme, Informatik, Geoinformationssysteme, sowie Digitale Kartographie und Visualisierung finden in dieser Arbeit Anwendung.

2.5.1. GIS

Innerhalb der Geoinformatik spielt der Begriff des GIS eine wichtige Rolle. Für den Begriff eines Geoinformationssystems (GIS) gibt es eine Fülle von Definitionen. Wir beginnen mit der folgenden Variante:

„Ein Geoinformationssystem dient der Erfassung, Speicherung, Analyse und Darstellung aller Daten, die einen Teil der Erdoberfläche und die darauf befindlichen technischen und administrativen Einrichtungen sowie geowissenschaftliche, ökonomische und ökologische Gegebenheiten beschreiben“ (BARTELME 1989).

Geoinformationssysteme können als eines der wichtigsten Werkzeuge der Geoinformatik angesehen werden (DE LANGE 2006, S.3) und umfassen eine Vielzahl möglicher Funktionen.

Die Funktionen eines GIS lauten hierbei nach Bartelme in gekürzter Form:

- Interaktion – wie etwa die Visualisierung von kartenähnlichen Darstellungen wie WMS oder das Editieren einzelner Objekte
- Informationsmanagement – in Form von Zugriff auf Objekte, Layern, Coverages und Produkte

- Workflow - Steuerung, Erstellen und Editieren von Verarbeitungsketten, Abonnement von Diensten
- Räumliche Verarbeitung - Koordinatentransformation, Bildverarbeitung, Objektbearbeitung, Generalisierung, Routensuche, Positionierung, Nachbarschaftsanalysen
- Thematische Verarbeitung - Klassifizierung, Objekt- und Veränderungsdetektion, Geocodieren
- Zeitliche Verarbeitung - Bezugssystemanpassung, Abfrage von Daten aufgrund vorgegebener Zeitkriterien
- Metadatenverarbeitung: Statistiken, Abfrage von Daten aufgrund vorgegebener Metadatenkriterien
- Kommunikation: Dienste wie Codierung, Datentransfer, Komprimierung, Formatkonversion. Messaging, Fernsteuerung von Prozessen (BARTELME 2005, S. 37)

Einige, jedoch nicht alle dieser Funktionen, kommen auch in dieser Arbeit vor. Ergänzend sollte erwähnt werden, dass GIS auch das Akronym für „*Geographic Information Science*“ sein kann (DE LANGE 2006, S.2).

Nachdem nun geklärt wurde, was ein GIS ist, kann nun auf den Unterbegriff des Web-GIS eingegangen werden.

2.5.2. Web-GIS

Laut Bartelme ist ein Web-GIS bzw. eine Web-Lösung von GIS eine „*meist abgemagerte und auf bestimmte Anwendungen zugeschnittene Teile der Vollversionen. [...] angefangen vom Download von Daten aus einem Geodatenserver bis zu einem echten Online-Gis oder einem Gi-Funktionsserver. Es ist dies eine Einteilung nach Art der Anforderung, die wir vonseiten der Anwendung stellen*“ (BARTELME 2005, S.404).

Dies trifft auch im Fall dieser Arbeit zu, da das Web-GIS nur einen Teil der vorhin vorgestellten Funktionen eines GIS aufweist.

Somit wird im Rahmen dieser Arbeit unter einem Web-GIS eine Applikation verstanden, deren Kernfunktionen auf für Geodaten spezialisierte Webservices zurückgreifen. Die Grafische Benutzeroberfläche (GUI) ist hierbei innerhalb eines Web-Browsers realisiert.

Nachdem diese allgemeinen Begriffe geklärt wurden, kann nun auf die verwendeten Programmiersprachen und Bibliotheken eingegangen werden.

2.6. Verwendete Webtechnologien

In diesem Kapitel werden die verwendeten Webtechnologien im Detail erläutert.

2.6.1. PHP

PHP (rekursives Akronym für "*PHP: Hypertext Preprocessor*", ursprünglich „*Personal Home Page Tools*“) ist eine weit verbreitete Open-Source-Programmiersprache, die speziell für die Webentwicklung geeignet ist. Sie kann direkt in HTML eingebettet werden. Das Hauptziel der Sprache ist es, Entwicklern das rasche Schreiben einer dynamisch generierten Webseite zu erlauben (PHP.NET 2015). Sie dient im Rahmen dieser Arbeit hauptsächlich der Kommunikation mit der Datenbank und der Durchführung von Datenbankoperationen.

2.6.2. JavaScript

JavaScript (JS) ist eine dynamische Programmiersprache, die für gewöhnlich in der Web-Entwicklung verwendet wird. Dabei erlaubt JS Client-seitigen Skripten mit dem User zu interagieren, den Browser zu kontrollieren, asynchron zu kommunizieren und den angezeigten Dokumenteninhalte zu verändern (FLANAGAN 2006, S.5). JavaScript wird in dieser Arbeit für alle Client-seitigen Operationen, wie etwa im Fall der im Benutzermenü aufrufbaren Funktionen, und zur asynchronen Kommunikation mit dem Server verwendet.

2.6.3. jQuery

jQuery ist eine JavaScript-Bibliothek, die Funktionen zur DOM-Navigation und -Manipulation zur Verfügung stellt. Dies umfasst unter anderem Event Handling, Animation und Ajax (JQUERY 2015).

Für diese Masterarbeit wurde die Erweiterung jQuery UI (engl. User Interface) verwendet. Diese Erweiterung bietet Lösungen zur Gestaltung und Funktionalität der Benutzeroberfläche an und kam bei der Erstellung des Web-Interfaces zum Einsatz.

2.6.4. Ajax

Ajax (Akronym für „*Asynchronous JavaScript and XML*“) bezeichnet ein Konzept der asynchronen Datenübertragung zwischen einem Browser und dem Server. Wie der Name bereits sagt, basiert Ajax auf mehreren Webtechnologien. Der Aufbau einer Ajax-Anwendung basiert hierbei auf folgenden Elementen:

- XHTML und CSS
- Document Object Model (DOM) zur Repräsentation der Daten oder Inhalte
- JavaScript
- XML und XSLT
- Einem XMLHttpRequest-Objekt

Durch Ajax ist es möglich, HTTP-Anfragen durchzuführen, während eine HTML-Seite angezeigt wird, und die Seite zu verändern, ohne sie komplett neu laden zu müssen (ULLMAN 2007).

2.6.5. PostgreSQL

PostgreSQL ist ein freies, objektrelationales Datenbankmanagementsystem (ORDBMS). Die Entwicklung begann in den 1980ern. Seit 1997 wird die Software von einer Open-Source-Community weiterentwickelt (POSTGRESQL 2015).

Im Rahmen der Masterarbeit wird zusätzlich zu PostgreSQL PostGIS verwendet. PostGIS ist eine Erweiterung für PostgreSQL, die geografische Objekte und Funktionen umfasst. Dadurch können etwa räumliche Abfrage und Operationen, wie Distanz- oder Nachbarschaftsabfragen, durchgeführt werden (POSTGIS 2015).

Durch die Verwendung von PostgreSQL und PostGIS werden im Fall dieser Arbeit Geometrien, wie etwa die Grenzen der österreichischen Gemeinden, gespeichert und unter räumlichen Kriterien abgefragt.

2.6.6. OpenLayers

Bei OpenLayers handelt es sich um eine JavaScript-Bibliothek zur Darstellung von Geodaten in Webbrowsern ohne server-seitige Abhängigkeiten. OpenLayers implementiert eine JavaScript API zum Aufbau von web-basierten geographischen Anwendungen, ähnlich den APIs von Google Maps und MSN Virtual Earth, mit dem entscheidenden Unterschied, dass es sich bei OpenLayers um freie Software handelt, entwickelt für und von der Open-Source-Software-Community (OPENLAYERS 2015). Das dieser Arbeit zu Grunde liegende Web-GIS arbeitet mit OpenLayers3, das 2014 veröffentlicht wurde. Im Fall dieser Arbeit wird OpenLayers verwendet, um die von der PostgreSQL-/PostGIS-Datenbank zur Verfügung gestellten Geodaten im Browser darzustellen.

2.6.7. OpenStreetMap

OpenStreetMap ist ein Projekt, in dem im Sinn von Open Data für jeden frei nutzbare Geodaten gesammelt werden. Mit Hilfe dieser Daten können Weltkarten errechnet oder Spezialkarten abgeleitet, sowie Navigation betrieben werden (OPENSTREETMAP 2015).

Im Rahmen dieser Arbeit wird die OpenStreetMap als Basiskarte verwendet. Weitere Anwendungen im Rahmen der Disease Map, wie etwa die Nutzung der frei zur Verfügung stehenden Geodaten, etwa der Verkehrswege, sind möglich, jedoch nicht realisiert.

2.7. Zellulärer Automat

Ein wichtiges Berechnungsmodell, auf dem diese Arbeit beruht, ist der zelluläre Automat.

Zelluläre Automaten sind die mathematische Idealisierung von physikalischen Systemen, in denen Raum und Zeit diskret sind und physikalische Quantitäten eine begrenzte Menge an diskreten Werten annehmen (WOLFRAM 1983, S. 602).

Sie dienen der Modellierung räumlich diskreter dynamischer Systeme, wobei die Entwicklung einzelner Zellen primär von den Zellzuständen in einer vorgegebenen Nachbarschaft und vom eigenen Zustand zum Zeitpunkt t abhängt. Somit ist der Zustand einer Zelle zum Zeitpunkt $t+1$ abhängig vom Zustand der benachbarten Zellen zum Zeitpunkt t . Der Umstand, dass zelluläre Automaten Zeit und Raum (in Form von Zellen) bei der Modellierung miteinander verbinden, zeichnet diese aus (KIER ET AL. 2005, S.11-12).

Ein gutes Beispiel zur Veranschaulichung der Funktionsweise von zellulären Automaten sind Videospiele. Der prominenteste Vertreter hierbei ist das vom Mathematiker John Horton Conway entwickelte „Conways Spiel des Lebens“ (eng. „Conway's Game of Life“), das auf einem zweidimensionalen zellulären Automaten basiert.

Im Fall von 2-dimensionalen zellulären Automaten können zwei Typen von Nachbarschaften unterschieden werden, nämlich die Moore-Nachbarschaft und die Von-Neumann-Nachbarschaft. Der Unterschied zwischen diesen beiden Nachbarschaftstypen geht aus der folgenden Abbildung 9 hervor.

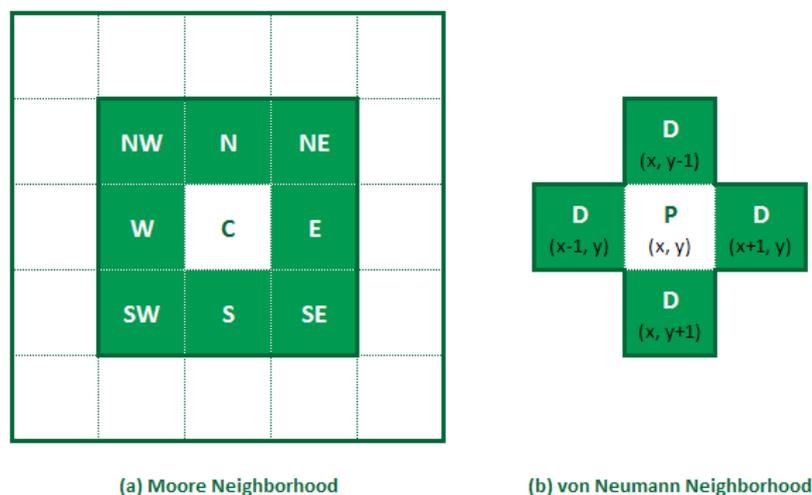


Abbildung 9 Moore- und Von Neumann-Nachbarschaft

Die Moore-Nachbarschaft ist ein Quadrat. Bei einer Größe von 1, besteht die Nachbarschaft aus insgesamt 8 Zellen, also auch jene Zeilen mit einer diagonalen Nachbarschaft. Im Gegensatz hierzu steht die Von-Neumann-Nachbarschaft, die bei einer Größe von 1 lediglich 4 benachbarte Zellen aufweist (KIER ET AL. 2005, S.15).

Zelluläre Automaten finden seit längerer Zeit Anwendung in der Geographie. Ein Beispiel hierfür ist die Software „Fragstats“ zur Berechnung von Landscape Metrics (FRAGSTATS 2015).

Details zur Anwendung von zellulären Automaten bei der Umsetzung des Modells sind im Kapitel zur technischen Umsetzung zu finden.

3. State of the Art

Wie bereits in der Einführung in die Epidemiologie erläutert, können Geoinformation und Epidemiologie auf eine lange, gemeinsame Tradition zurückblicken. In diesem Kapitel werden der aktuelle Forschungsstand und die Forschungsperspektive der räumlichen Epidemiologie diskutiert.

Dabei gibt es viele geografische Aspekte der Epidemiologie, die diskutiert werden, wie etwa der Zusammenhang zwischen Urbanisierung und Infektionskrankheiten in einer globalisierten Welt (ALIROL ET AL. 2011).

Die Verwendung von GIS und GIS-verwandten Technologien wie etwa die Fernerkundung werden vermehrt verwendet, um die geographische Verteilung von Krankheiten, aber genau auch die krankheitsverursachenden Faktoren und deren geographische Umgebung besser verstehen zu können. Die analytischen und grafischen Möglichkeiten von GIS erlauben hierbei die Verbreitung in Raum und Zeit zu betrachten und raum-zeitliche Trends, Muster und Beziehungen zu erkennen, die auf anderen Weise kaum oder gar nicht erkennbar wären (RUANKAEW 2005).

So gibt es vor allem Arbeiten im Bereich der Anwendung von Umweltbeobachtung mittels GIS und epidemiologischen Untersuchungen, wie etwa die Herstellung und Belegung von Zusammenhängen zwischen einer Müllverbrennungsanlage und Krankheitsfällen (MAIO ET AL. 2006).

Die Verwendung von zellulären Automaten im Bereich der Modellierung von Krankheitsausbreitung findet ebenso reichhaltige Anwendung. Es gibt auch bereits ein ausführlich dokumentiertes Anwendungsbeispiel hinsichtlich der Verwendung von zellulären Automaten zur epidemiologischen Modellierung innerhalb Österreichs. Dabei wird ein Software-Paket für zelluläre Automaten verwendet, um Vorhersagemodelle für unterschiedliche Infektionskrankheiten zu berechnen, wie etwa die Ausbreitung des Brisbane-H3N2-Grippe-Virus innerhalb Tirols. Das entwickelte Modell wurde auch auf die übrigen österreichischen Bundesländer angewendet (PFEIFER ET AL. 2010).

Ein weiteres Beispiel für die Verwendung von zellulären Automaten zur Modellierung von Epidemien liefern WHITE ET AL. 2007. Deren entwickeltes Modell bewertet neben mehreren epidemiologischen und Umwelt-Parametern auch die Auswirkungen von Impfungen. Dabei wird die Bevölkerung, ähnlich wie im Fall dieser Arbeit, in drei Klassen (Susceptible, Infected und Recovered) geteilt, wobei jede Zelle im Modell einen gewissen Anteil dieser drei Klassen zu jedem Zeitschritt aufweist.

Auf Basis der Literatur-Recherche lässt sich daher sagen, dass die Verwendung von zellulären Automaten zur Berechnung von Krankheitsausbrüchen ein durchaus gebräuchlicher Ansatz ist.

Ein weiterer Punkt, der in diesem Fall erwähnt werden muss, ist das Projekt GLEaMviz. GLEaMviz ist ein öffentlich verfügbares Software-System, das die Ausbreitung von Mensch-zu-Mensch-übertragbaren Infektionskrankheiten weltweit simulieren kann. GLEaMviz besteht hierbei aus drei Komponenten: einem Client, einem Proxy-Mittelstück und einer Simulations-Engine.

Die Simulation beruht hierbei auf dem „*Global Epidemic and Mobility (GLEaM)*“-Framework, einem stochastischen Modell, das weltweite Daten zur Demographie und Mobilität verwendet, um globale Ausbreitung von Krankheiten zu berechnen. Über einen Client können alle Parameter zur Infektionskrankheit eingestellt werden. Die Berechnungen, die umfangreiche Rechenkapazitäten benötigen, werden anschließend am Server durchgeführt und die Ergebnisse, die eine raumzeitliche Ausbreitung darstellen, wieder zurück an den Client geschickt, welche umfassende Darstellungsmöglichkeiten bietet (BROECK ET AL. 2011). Der Client steht zum Download zur Verfügung und kann frei verwendet werden (GLEAMVIZ 2015).

Ein weiteres Beispiel für ein Tool, das in die gleiche Richtung geht, ist „*The Spatiotemporal Epidemiological Modeler*“ (STEM). STEM ist ein Framework- und Entwicklungstool zur Entwicklung von Modellen zur Berechnung von räumlicher und zeitlicher Ausbreitung von Infektionskrankheiten (STEM 2015).

4. Methodik

Im nachfolgenden Kapitel wird die angewandte Methodik beschrieben. Hierbei geht es im Detail um die verwendeten Daten und deren Beschaffenheit sowie die Entwicklung des Algorithmus und dessen Funktionsweise, als auch die Erstellung und das Design des Web-GIS.

4.1. Akquisition und Beschaffenheit der Daten

Um das Web-GIS in der beabsichtigten Form erstellen und betreiben zu können, sind eine Fülle von unterschiedlichen Daten nötig, um sowohl ein GIS mit all seinen typischen Funktionen zu bauen als auch ein plausibles Modell erstellen und berechnen zu lassen.

Im nachfolgenden Teil werden die verwendeten Daten, deren Ursprung und Beschaffenheit im Detail vorgestellt.

4.1.1. Bevölkerungsdaten der Statistik Austria

Am Anfang stand hierbei die Akquisition von Bevölkerungsdaten der österreichischen Wohnbevölkerung. Die Anlaufstelle für Bevölkerungsdaten in Österreich ist die Bundesanstalt Statistik Österreich (Statistik Austria). Ihre Aufgabe ist die Erbringung von Dienstleistungen wissenschaftlichen Charakters auf dem Gebiet der Bundesstatistik. Dies umfasst die Erhebung, Sammlung, Analyse und Veröffentlichung amtlicher Statistiken für Österreich (STATISTIK AUSTRIA 2015).

Nach mehrfacher Korrespondenz wurden die Daten von der Statistik Austria zur Verfügung gestellt und beinhalten die Bevölkerung Österreichs am 1. Jänner 2014 nach Gemeinden sowie Geschlecht und spezifischen Altersgruppen. Die Daten wurden in Form eines Excel Sheets (.xlsx) zur Verfügung gestellt.

Die Daten waren hierbei nach Gemeinde bzw. Wiener Gemeindebezirk mit Gemeindekennziffer aufgeteilt. Zusätzlich gab es eine Unterteilung nach spezifischen Altersgruppen, um eine Differenzierung des Modells hinsichtlich der Ausbreitung in unterschiedlichen Gruppen durchzuführen.

Auf Basis dieser Bevölkerungsdaten mussten nun passende Geobasisdaten in Form von Geometriedaten der österreichischen Gemeinden und Wiener Gemeindebezirke gefunden werden.

4.1.2. Geobasisdaten

Im Rahmen der Open-Data-Initiative des Bundes konnte über deren Webportal ein Datensatz über die österreichischen Gemeinden gefunden werden. Das Ziel der Open-Data ist es, öffentliche Daten (GIS-Daten, Mikrozensus, Volkszählung, Umweltdaten, Verkehrsdaten, ...) in menschen- und maschinenlesbarer Form der Bevölkerung und der Wirtschaft frei verfügbar zu machen. Diese Initiative arbeitet in Kooperation mit unterschiedlichen Bundesämtern und Organisationen zusammen.

Data.gv.at bietet einen Katalog offener Datensätze und Dienste aus der öffentlichen Verwaltung an, welche auf den Open Data-Prinzipien basieren. Diese Prinzipien umfassen dabei:

- Vollständigkeit
- Primärquelle
- Zeitnahe Zurverfügungstellung
- Leichter Zugang
- Maschinenlesbarkeit
- Diskriminierungsfreiheit
- Verwendung offener Standards
- Lizenzierung
- Dokumentation (Dauerhaftigkeit)
- Nutzungskosten (OGD ÖSTERREICH 2012)

Die Informationen der Gemeindegrenzen waren in Form eines Shapefiles (.shp) gegeben, welches in weiterer Folge aufbereitet werden konnte.

Es ist hierbei anzumerken, dass die Grenzen auf 30m generalisiert waren. Dieses Ausmaß der Generalisierung stellte im Rahmen dieser Arbeit kein Problem dar, da die Topologie der Gemeinden im Vordergrund steht und nicht deren Geometrie (DATA.GV.AT 2014).

Über das OpenData-Portal der Stadt Wien konnten die Grenzen der Wiener Gemeindebezirke als Shapefile akquiriert werden (DATA.GV.AT 2014).

Anders als bei den Daten zu den österreichischen Gemeindegrenzen gab es hier keine Generalisierung. Dieser Umstand führte zu einem Linierversatz im Randbereich zwischen den

Grenzen der Wiener Bezirke und der umliegenden niederösterreichischen Gemeinden. Nähere Details zur Problemlösung sind in Kapitel 4.1.4 zu finden.

4.1.3. Daten zum Reiseverhalten zwischen den Landeshauptstädten

Um das überregionale Ausbreitungsmuster von Krankheiten modellieren zu können, musste eine Datenbasis gefunden werden, die Aufschluss über das Reise- bzw. Pendelverhalten der österreichischen Bevölkerung geben konnte.

Nach Absprache mit dem Bundesministerium für Verkehr, Innovation und Technologie konnte eine passende Studie gefunden und deren Ergebnisse bereitgestellt werden. Hierbei handelt es sich um die Werte aus der „*Verkehrsprognose Österreich 2025+*“.

Bei der Verkehrsprognose Österreich 2025+ handelt es sich um eine Studie im Auftrag des Bundesministerium für Verkehr, Innovation und Technologie, der ASFINAG, der SCHIG mbH und der ÖBB-Infrastruktur Betrieb AG an ein Team bestehend aus TRAFICO, dem Institut für Volkswirtschaftslehre der Universität Graz, Panmobile, dem Institut für Verkehrsplanung und Transportsysteme der Eidgenössischen Technischen Hochschule Zürich, Joanneum Research und dem Österreichischen Institut für Wirtschaftsforschung zur fundierten Einschätzung der zukünftigen Entwicklung der Verkehrsnachfrage (BUNDESMINISTERIUM FÜR VERKEHR, INNOVATION UND TECHNOLOGIE 2009).

Bei den zur Verfügung gestellten Daten handelt es sich um Modellwerte, die in Schritten von jeweils fünf Jahren ab einschließlich 2005 bis 2025 zur Verfügung stehen. Konkret handelt es sich dabei um Quell-Ziel-Relationen für den Personenverkehr nach Verkehrsmittel (Öffentliche Verkehr ÖV/Motorisierter Individualverkehr MIV) für einen durchschnittlichen Wochentag (DTVw). Dabei wurden die Werte für die Modelljahre 2010 und 2015 in Form eines Excel Sheets (.xlsx) zur Verfügung gestellt.

Für die Arbeit wurden schließlich die Werte für das Modelljahr 2015 verwendet, um einen möglichst nahen Zeitanschluss mit den Bevölkerungsdaten zu haben.

Die verwendeten Zahlen sind in der nachfolgenden Tabelle 2 aufgeführt:

Tab. 2 Quell-Ziel-Relationen für den Personenverkehr nach Verkehrsmittel pro Wochentag

ÖV/2015	Eisenstadt	Klagenfurt	St. Pölten	Linz	Salzburg	Graz	Innsbruck	Bregenz	Wien
Eisenstadt		0,63	1,71	3,18	1,26	3,06	0,53	0,22	296,95
Klagenfurt	0,63		1,86	8,32	16,86	30,55	5,54	2,11	125,03
St. Pölten	1,71	1,86		223,88	21,31	8,93	4,4	1,54	3972,5
Linz	3,18	8,32	223,88		452,74	29,81	27,05	8,32	1362,05
Salzburg	1,26	16,86	21,31	452,74		18,82	106,67	10,91	365,02
Graz	3,06	30,55	8,93	29,81	18,82		8,14	3,33	528,95
Innsbruck	0,53	5,54	4,4	27,05	106,67	8,14		31,42	154,55
Bregenz	0,22	2,11	1,54	8,32	10,91	3,33	31,42		59,8
Wien	296,95	125,03	3972,5	1362,05	365,02	528,95	154,55	59,8	
MIV*/2015									
Eisenstadt		2,48	7,01	5,54	2,15	15,93	0,69	0,4	1515,59
Klagenfurt	2,48		4,02	24,78	39,65	274,36	13,28	4,86	294,86
St. Pölten	7,01	4,02		60,46	13,45	20,66	4,07	2,04	2505,66
Linz	5,54	24,78	60,46		188,84	91,49	32,49	16,4	1051,89
Salzburg	2,15	39,65	13,45	188,84		47,78	71,54	30,57	423,4
Graz	15,93	274,36	20,66	91,49	47,78		14,72	7,82	1418,18
Innsbruck	0,69	13,28	4,07	32,49	71,54	14,72		73,59	151,32
Bregenz	0,4	4,86	2,04	16,4	30,57	7,82	73,59		78,75
Wien	1515,59	294,86	2505,66	1051,89	423,4	1418,18	151,32	78,75	

* MIV (Motorisierter Individualverkehr) inkludiert PKW Lenker und Mitfahrer; ÖV (Öffentlicher Verkehr)

So bedeutet ein Wert von 0,63 zwischen Eisenstadt und Klagenfurt, dass an einem durchschnittlichen Wochentag 0,63 Personen von Eisenstadt nach Klagenfurt bzw. von Klagenfurt nach Eisenstadt fahren. Hierbei handelt es sich um errechnete Durchschnittswerte. Bei Betrachtung dieser Werte geht eindeutig hervor, dass die stärksten Beziehungen zu Wien bestehen, vor allem St. Pölten und Eisenstadt, aber auch Graz weisen hohe Personenströme zu Wien auf.

4.1.4. Prozessieren der Daten

Nachdem alle Daten akquiriert worden waren, mussten sie auf eine solche Weise prozessiert werden, dass sie für ein Web-GIS nutzbar gemacht werden konnten. Zu diesem Zweck wurden die Shapefiles über die Gemeindegrenzen und Wiener Gemeindebezirksgrenzen verbunden. Dies wurde mit Hilfe von ArcGIS realisiert. Ein Problem hierbei war der unterschiedliche Generalisierungsgrad der Geometrie. Daraus resultierend kam es im Grenzbereich zwischen den Gemeindebezirken und den Umlandlandgemeinden zu Überlappungen bzw. Lücken. Diese mussten händisch korrigiert werden, wobei vor allem auf eine Erhaltung der Topologie wert gelegt wurde. Dies wurde durch einen Abgleich der Grenzen mit jenen aus der Verwaltungsgrundkarte von Österreich erreicht (BASEMAP 2015).

Anschließend wurden anhand der Gemeindegrenzlinien die Bevölkerungsdaten mit diesen Geometrien verbunden, um zu jedem einzelnen Geometrie-Objekt die entsprechenden Einwohnerzahlen zugewiesen zu haben.

Das resultierende Shapefile wies eine für ein Web-GIS zu hohe Größe auf. Nachdem für die Modellierung des Ausbreitungsprozesses jedoch nur die Topologie, jedoch nicht eine genaue Geometrie nötig sind (siehe 4.2.5), konnte ein Linienvereinfachungsalgorithmus angewandt werden, um die Geometrien zu vereinfachen und die Speichermenge zu reduzieren. Das fertige Shapefile wurde anschließend über das SPIT-Tool von QGIS in die Geodatenbank hochgeladen.

Aufgrund der allgemeinen System-Architektur bedurften die Daten über das Reiseverhalten zwischen den Landeshauptstädten nur geringer Anpassungen hinsichtlich der verwendeten Import-Syntax. Weitere Details hierzu sind im entsprechenden Kapitel 4.2.7 angeführt.

Nachdem nun die Details zur verwendeten Datenbasis geklärt sind, kann nun auf die technische Realisierung des Web-GIS eingegangen werden.

4.2. Technische Realisierung

Im nachfolgenden Kapitel wird die technische Realisierung der Disease Map erläutert. Dabei werden alle Punkte von der Konzeptionsphase bis hin zur Programmierung und den dabei aufgetretenen Schwierigkeiten im Detail diskutiert. Den Anfang machen hierbei die Definition der Funktionalitäten und Features des Web-GIS, sowie die Designentwicklung.

4.2.1. Definition der Funktionalitäten und umzusetzenden Features

Auf Basis der Forschungsfragen und dem allgemeinen Ziel der Masterarbeit wurde ein Funktionsumfang definiert, der die Endziele der technischen Realisierung darstellen soll. Dieser Funktionsumfang änderte sich im Laufe der Arbeit, indem er entsprechend geänderter Anforderungen und Erwartungen modifiziert und erweitert wurde.

Der abschließende Funktionsumfang umfasst hierbei:

- Die Entwicklung eines Algorithmus zur Berechnung der Krankheitsausbreitung
- Dynamische User-Eingaben

- Vorgefertigte Krankheiten zur Auswahl
- Das Setzen von einem oder mehreren Startpunkten
- Der Import von eigenen Datensets
- Die Erstellung von Gesamtstatistiken für Österreich
- Die Abfrage der Ergebnisse pro Gemeinde und Darstellung als Diagramm
- Eine Animation zur Darstellung der raum-zeitlichen Ausbreitung
- Die Implementierung von Zeit-Schiebern zur Darstellung der Ausbreitung zum Zeitpunkt t .
 - Ein Schieber zur Darstellung der kumulativen Ausbreitung,
 - sowie ein Schieber zur Darstellung der differenziellen Darstellung
- Eine Funktion zur Abfrage der betroffenen Gemeinde pro Zeitschritt t , sowie eine kartenbasierte Darstellung jener
- Ein Export der Ergebnisdaten

Dabei war stets der Hintergedanke einer hohen Benutzerfreundlichkeit gegeben.

4.2.2. Definition der Arbeitsumgebung

Zur Entwicklung des Algorithmus musste ein Weg gefunden werden, um performant geographische, demographische und epidemiologische Zusammenhänge zu verarbeiten, berechnen und wieder auszugeben. Aufgrund der Realisierung dieser Arbeit als Web-GIS musste diese Lösung innerhalb einer Web-Umgebung umsetzbar sein. Daher wurde die vorhandene Infrastruktur der TU Graz genutzt und eine Umsetzung mit Hilfe von PostgreSQL, Geoserver und einem Web-Interface angestrebt.

So wird innerhalb einer Webseite, die mit Hilfe von mehreren JavaScript-Funktionen und JavaScript-Bibliotheken, wie jQuery und OpenLayers, User-Eingaben verarbeitet, welche anschließend an ein PHP-Skript übergeben, das seinerseits Datenbankoperationen durchführt. Das Ergebnis dieser Operationen wird in einer OpenLayers-Karte mit einem Benutzermenü zur benutzerdefinierten Visualisierung und Anpassung dargestellt. Details hierzu folgen in den nächsten Kapiteln.

4.2.3. Verwendete Tools

Die zur Umsetzung verwendeten Software-Tools sind hierbei:

Notepad++

Notepad++ ist ein freier Source-Code-Editor, der mehrere Sprachen, darunter unter anderem die in dieser Arbeit verwendeten Sprachen HTML, PHP und JavaScript, unterstützt. Es wurde mit Version 6.7.4. gearbeitet.

pgAdmin

pgAdmin ist eine Open-Source-Administrations- und Entwicklungsplattform für PostgreSQL. Dabei wurde die Version 1.20.0 verwendet.

QGIS

QGIS ist ein freies Open-Source-Geographisches-Informationssystem zum Erstellen, Bearbeiten, Anzeigen und Analysieren räumlicher Information. Zur Übertragung von Shapefiles zur Geodatenbank wurde das in QGIS implementierte SPIT-Tool verwendet.

FileZilla

FileZilla ist ein FTP-Programm für Windows, MAC und Linux Betriebssysteme. Es wurde zur Übertragung der Daten auf den FTP-Server des Instituts für Geoinformation verwendet. Dabei kam die Version 2.2.22 zum Einsatz.

Mozilla Firefox mit Firebug

Firebug ist eine Erweiterung zur Web-Entwicklung für den Webbrowser Mozilla Firefox. Mit dieser Erweiterung sind die Fehlersuche, das Monitoring und das direkte On-the-fly-Bearbeiten von Webseiten möglich. Die verwendete Version von Firebug ist 2.0.7.

4.2.4. Entwicklung des Algorithmus

Nachdem die Arbeitsumgebung und die zu verwendenden Tools definiert waren, konnte mit der Entwicklung eines Algorithmus begonnen werden. Am Anfang stand die Erstellung einer rudimentären Website, innerhalb derer der Algorithmus entwickelt und angewandt werden konnte. Innerhalb dieser Entwicklungsumgebung wurden eine OpenLayers-Implementierung sowie erste Datenbankverbindungen implementiert und erste Geodatenbankoperationen durchgeführt.

Zunächst wurde versucht mit Hilfe von einfachen geographischen Abfragen und Analysen mit Hilfe von PostGIS räumliche Ausbreitung zu simulieren. Basis hierfür war die Möglichkeit des Users, Punkte zu setzen. Diese Punkte wurden in einer Post-GIS-Datenbank gespeichert. Mit diesen Punkten wurden nun testweise verschiedene räumliche Operationen durchgeführt, wie etwa Puffern oder Distanzabfragen. Zusätzlich wurde versucht, mit Hilfe von pgRouting (PGROUTING 2015) Reisezeiten zwischen unterschiedlichen Gemeinden zu berechnen und zu verarbeiten.

Dieser Ansatz wurde jedoch schon nach kurzer Zeit aufgrund von hohen Rechenzeiten und gleichzeitig geringem analytischen Wert verworfen. Stattdessen wurden diese ressourcen-intensiven, räumlichen Abfragen zugunsten eines topologischen Ansatzes ersetzt.

Hintergrund des neuen Ansatzes war die Idee des zellulären Automaten. Dabei sollten Nachbarschaftsbeziehungen von Gemeinden sowie die Pendelbeziehungen zwischen den Landeshauptstädten herangezogen werden.

Den Ausgangspunkt bildete nach wie vor der Layer mit den gespeicherten Punkten. Jedoch wurde dieser Layer vor dem Hintergrund des neuen Ansatzes erweitert. Zusätzlich zur reinen Geometrie des Punktes wurde per WMS-GetfeatureInfo-Abfrage in der Parameter-Seite die Gemeindekennziffer erfragt und anschließend gemeinsam mit der Geometrie des Punktes gespeichert.

Nun konnte eine Abfrage formuliert werden, die im Gemeinde-Layer alle Gemeinden, deren Kennziffern gespeichert worden waren, als Startgemeinden definiert. Dies erwies sich als wesentlich performanter als der bisherige Ansatz, da zeitintensive Verschneidungen umgangen werden konnten.

Als nächster Schritt galt es die direkten Nachbarschaftsbeziehungen der Gemeinden zueinander miteinzubeziehen. Dabei musste zunächst eine Funktion geschrieben werden, mit der es möglich war, die Nachbarschaft von Gemeinden zu überprüfen. Anders als bei den im Kapitel 2.7 angeführten 2 Typen von Nachbarschaften, kam es hierbei zu einer Anpassung aufgrund der gegebenen Daten. Dies geht aus der nachfolgenden Abbildung 10 hervor:

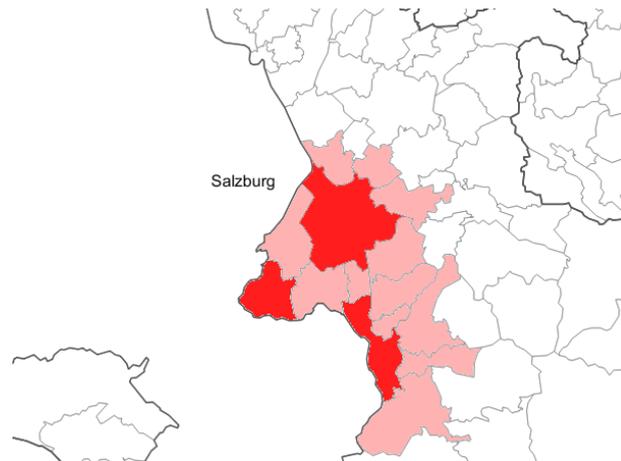


Abbildung 10 Beispiel von benachbarten Zellen

In Abbildung 10 werden drei Gemeinde in Salzburg und deren benachbarte Gemeinden dargestellt. Die rot eingefärbten Gemeinden stellen infizierte Gemeinden dar, während die rosa eingefärbten Gemeinden deren Nachbarn darstellen. Aus dieser Abbildung geht hervor, dass Gemeinden, im Gegensatz zu den 2-dimensionalen Konzepten von Moore Von Neumann eine stark schwankende Anzahl an Nachbarn haben. Für diesen Umstand musste eine Lösung gefunden werden, die sich nicht in der wissenschaftlichen Literatur finden ließ.

Basis für die Lösung dieses Problems waren die Funktionen von PostGIS.

Dabei wurde die Post-GIS-Funktion „*ST_Touches*“ verwendet, um eine Abfrage zu schreiben, die an die infizierte Gemeinde angrenzenden nicht infizierten Gemeinden ausgeben sollte. *ST_Touches* ist hierbei eine Funktion, die „*True*“ zurückgibt, wenn die eingegebenen Geometrien zumindest einen Punkt gemeinsam haben, aber deren Innenbereiche sich nicht überschneiden (POSTGIS 2015).

Diese neue Abfrage an die Datenbank gibt all jene Gemeinden aus, die an eine bereits infizierte Gemeinde angrenzen, jedoch selbst noch nicht infiziert sind. Als Folge dieser Abfrage werden jene Gemeinden ebenfalls infiziert und mit einem Zeitwert versehen.

Die Abfrage ist hierbei wie folgt geschrieben:

```
UPDATE gemstat_simple5 gem set spread=1, time=i
FROM (
  SELECT (b."GEM_NR")
  FROM gemstat_simple5 as a,
  gemstat_simple5 as b
  WHERE ST_Touches (a.the_geom, b.the_geom)
  AND a."GEM_NR" != b."GEM_NR"
  AND a.spread = 1
) as subquery
WHERE gem."GEM_NR" = subquery."GEM_NR"
```

Diese Abfrage setzt nun die spread-Werte aller Gemeinden auf 1, die an eine bereits infizierte Gemeinde angrenzen. Der Zeitwert wird auf i gesetzt und ist abhängig davon, in welcher Iteration sich die Schleife gerade befindet. Ein alternativer Lösungsansatz wäre es gewesen, die jeweiligen Nachbarn einer Gemeinde bereits im Voraus zu ermitteln und in die Datenbank zu speichern. Vor dem Hintergrund der Erweiterbarkeit des Web-GIS mit neuen Gemeindedaten wurde jedoch dieser dynamische Ansatz beibehalten.

Nachdem ein Wachstum aufgrund direkter Nachbarschaft nun umgesetzt wurde, musste der Algorithmus noch hingehend nicht-räumlicher, aber funktionaler Nachbarschaft erweitert werden. Der Hintergrund dieses Gedankens waren unter anderem Pendelbeziehungen zwischen unterschiedlichen Gemeinden.

Dies geschah dahingehend, dass der Algorithmus eine Reihe von Gemeinden hart codiert (die Landeshauptstädte) vorgesetzt bekam, mit denen er, im Falle einer Infektion, eine mögliche überregionale Ausbreitung rechnen sollte. Dabei wurde zunächst eine vereinfachende Annahme getroffen. Würde z.B. Graz infiziert werden, wäre in der nächsten Iteration auch Wien infiziert. Daher wurde der Algorithmus so hart codiert erweitert, dass bei einer Infektion von Graz zum Zeitpunkt t, zum darauffolgenden Zeitpunkt t+1 automatisch Wien ebenfalls infiziert ist. Nach erfolgreicher Implementierung wurde dies um eine Zufallskomponente erweitert, die weiter unten erläutert wird. War Graz infiziert bestand nun die Chance, dass Wien bei t+1 ebenfalls infiziert ist. Dieser Fall wurde auf die anderen Landeshauptstädte Österreichs ebenfalls angewandt.

Dieses Regelwerk wiederholte sich für jede Landeshauptstadt. Die daraus entstehende Redundanz sollte nun behoben werden. Daher wurde der Algorithmus dahingehend umgeschrieben, dass er aus einem Excel-Sheet mit einer Liste von Gemeinden (in diesem Fall der Landeshauptstädte) ableiten sollte, welche Gemeinden mit anderen überregional verbunden sind. Diese Liste konnte auch ohne Programmierkenntnisse beliebig erweitert werden. Nachdem dies realisiert war, wurde der Algorithmus bezüglich der Wahrscheinlichkeitsrechnung, dass eine infizierte Gemeinde eine andere Gemeinde ansteckt, erweitert.

Sollte nun etwa eine Landeshauptstadt infiziert sein, so bestand die Möglichkeit, dass andere Landeshauptstädte ebenfalls infiziert werden.

Diese Wahrscheinlichkeit ist abhängig von:

- der Menge der infizierten Personen in der infizierten Gemeinde
- der Menge an Pendlern in die Zielgemeinde

Des Weiteren wird die nächst gelegene Landeshauptstadt infiziert. Über eine Schleife wird mehrmals eine Distanz-Abfrage eines Startpunkts zu jeder Landeshauptstadt durchgeführt. Die Landeshauptstadt mit der jeweils geringsten Distanz zum Startpunkt wird infiziert. Die Abfrage lautet wie folgt:

```
SELECT ST_Distance(  
    (SELECT geom from punkttabelle WHERE id=$x),  
    (SELECT ST_Transform(  
        (SELECT the_geom FROM gemstat_simple5 WHERE  
        "GEM_NR"=$dist_staedte[$y]),3857))  
    )
```

Die Realisierung der überregionalen Sprünge ist folgendermaßen realisiert:

Ist eine Gemeinde infiziert, werden der Anteil der infizierten Personen an der Gesamtbevölkerung und die Pendelbeziehungen (in % zur Wohnbevölkerung) zu anderen Gemeinden hergenommen. Diese werden anschließend multipliziert und resultieren in einem Schwellwert. Zusätzlich wird mit jeder Iteration für jede infizierte Gemeinde eine Zufallsnummer zwischen 0 und 10000 (100% * 100%) ausgegeben. Ist der Schwellwert höher als die generierte Zufallsnummer, wird die in Pendelbeziehung stehende, nicht infizierte Gemeinde infiziert.

Der Code hierzu ist auszugsweise nachfolgend angeführt.

```

$zufall = mt_rand ( 0, 10000 );
$wahrscheinlichkeit=$pendlerwert*$anteil_infizierte;
    // wenn der Schwellwert höher als die Zufallsvariable ist, dann
    infiziere
if ($wahrscheinlichkeit>=$zufall) {
    $str="Update          gemstat_simple5          SET          spread=1          WHERE
    \"GEM_NR\"=\"$zielgemeinde\";
    $test_str=pg_query($conn, $str);
}

```

Diese simple Wahrscheinlichkeitsberechnung ist funktional und performant, weist jedoch auch Schwächen auf, die in Kapitel 6.5 weiter ausgeführt werden.

4.2.5. Funktionsweise des Algorithmus

Nachdem die Entwicklung des Algorithmus beschrieben wurde, kann nun seine Funktionsweise im Detail erläutert und anhand mehrerer Beispiele beschrieben werden.

Der User kann auf einer Kartenansicht einen oder mehrere Startpunkte setzen und in den restlichen Feldern Parameter eingeben. Nach einer Prüfung der eingegebenen Punkte und Parameter beginnt die Prozesskette. Zunächst werden alle validen, also in Österreich befindlichen Punkte, in einer Punkttabelle gespeichert. Ein Beispiel für eine solche Punkttabelle ist nachfolgend in Tabelle 3 angeführt.

Tab. 3 Startpunkttabelle

ID	Position	Gemeindekennziffer
1	(Koordinatenpaar)	XXX01

Die Gemeindekennziffer gibt hierbei an, in welcher Gemeinde sich der Punkt befindet. In weiterer Folge werden die Informationen aus der Startpunkttabelle mit jenen aus der Gemeinde-Tabelle verschnitten.

Der Ausgangszustand der Gemeindetabelle ist hierbei, dass keine Gemeinde infiziert ist und als alle Gemeinden einen Infektionszeitpunkt „0“ haben. Die Ziffer 0 steht hierbei also auch dafür, dass eine Gemeinde nicht infiziert ist. Die Spalte „Infiziert“ erscheint in diesem Schritt noch redundant, ist später jedoch von Bedeutung.

Die nachfolgende Tabelle 4 zeigt beispielhaft die Gemeinde-Tabelle in ihrem Ausgangszustand.

Tab. 4 Ausgangszustand der Gemeinde-Tabelle

Gemeindekennziffer	Infiziert	Infektionszeitpunkt t	Anmerkung
XXX01	Nein	0	(Nicht infiziert)
XXX02	Nein	0	(Nicht infiziert)
XXX03	Nein	0	(Nicht infiziert)

Im ersten Schritt werden alle Gemeinden, deren Gemeindekennziffern in der Punkttabelle aufgelistet sind, als Startgemeinde definiert. Dazu werden in der Gemeinde-Tabelle jene Startgemeinden als infiziert (Infiziert = Ja) gesetzt. Zusätzlich wird der Infektionszeitpunkt mit „1“ festgelegt.

In der nachfolgenden Tabelle 5 ist dies beispielhaft nach dem Muster der bisherigen Tabellen dargestellt.

Tab. 5 Gemeinde-Tabelle nach Setzen der Startgemeinde (Variante 1)

Gemeindekennziffer	Infiziert	Infektionszeitpunkt t	Anmerkung
XXX01	Ja	1	(Startgemeinde)
XXX02	Nein	0	(Nicht infiziert)
XXX03	Nein	0	(Nicht infiziert)

In einer anderen Variante, nämlich im Fall von zwei gesetzten Startpunkten, würde die Tabelle wie in Tabelle 6 aussehen:

Tab. 6 Gemeinde-Tabelle nach Setzen der Startgemeinde (Variante 2)

Gemeindekennziffer	Infiziert	Infektionszeitpunkt t	Anmerkung
XXX01	Ja	1	(Startgemeinde)
XXX02	Nein	0	(Nicht infiziert)
XXX03	Ja	1	(Startgemeinde)

Auf diese Weise werden die Startgemeinden festgelegt. Ein weiterer wichtiger Punkt ist die Berechnung der benachbarten Gemeinden. Auf Basis der Startgemeinden und der in Kapitel 4.2.4

erläuterten räumlichen Abfragen werden nun alle an Startgemeinden angrenzenden Gemeinden im nächsten Zeitschritt ebenfalls infiziert. Der Zustand der Gemeindetabelle zum Zeitpunkt $t=2$ kann in der nachfolgenden Tabelle 7 gesehen werden.

Tab. 7 Gemeindetabelle zum Zeitpunkt $t=2$

Gemeindekennziffer	Infiziert	Infektionszeitpunkt t	Anmerkung
XXX01	Ja	1	(Startgemeinde)
XXX02	Ja	2	(Nachbargemeinde)
XXX03	Nein	0	(Nicht infiziert)

In der darauffolgenden Iteration des Algorithmus werden alle Gemeinden infiziert, die nicht nur an die Startgemeinden, sondern überhaupt an eine infizierte Gemeinde angrenzen. Dies ist durch die nachfolgende Tabelle 8 veranschaulicht.

Tab. 8 Gemeindetabelle zum Zeitpunkt $t=3$

Gemeindekennziffer	Infiziert	Infektionszeitpunkt t	Anmerkung
XXX01	Ja	1	(Startgemeinde)
XXX02	Ja	2	(Infiziert durch Startgemeinde)
XXX03	Ja	3	(Nachbargemeinde von XXX02)

Nachdem nun die Funktionsweise der nachbarschaftlichen Ausbreitung tabellarisch dargestellt wurde, kann sie anhand eines praktischen Beispiels weiter veranschaulicht werden.

In der nachfolgenden Abbildung 11 ist die Ausbreitung anhand von Nachbarschaft am Beispiel von Graz dargestellt.

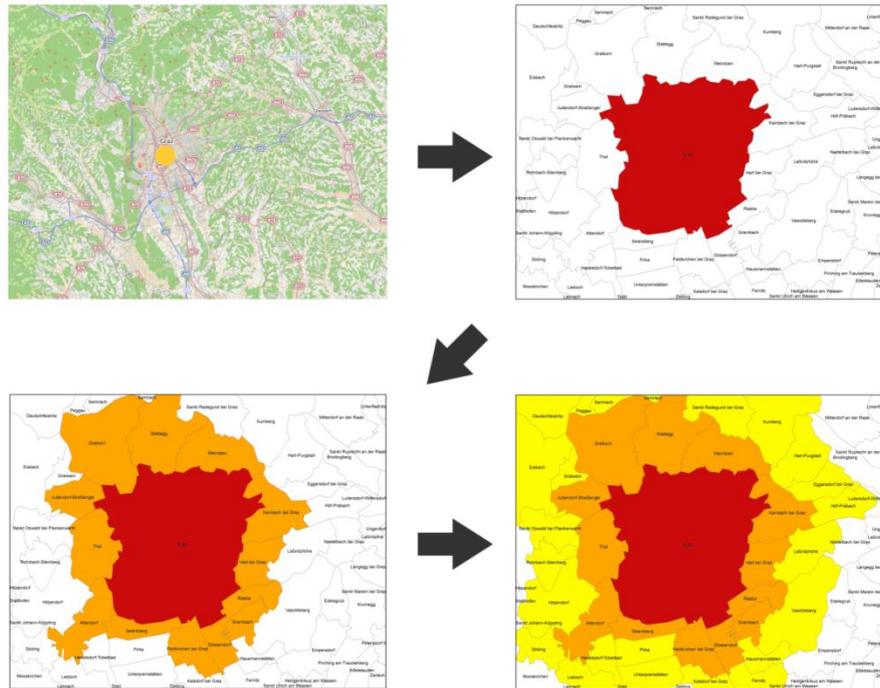


Abbildung 11 Schematische Darstellung der Ausbreitung anhand von direkter Nachbarschaft

Zum Zeitpunkt t wird die Stadt Graz infiziert. Zum Zeitpunkt $t+1$ werden alle angrenzenden Gemeinden ebenfalls infiziert. Anschließend werden zum Zeitpunkt $t+2$ all jene Gemeinden, die an die von Graz benachbarten Gemeinden angrenzen und noch nicht infiziert sind, angesteckt.

Abbildung 12 zeigt die Ausbreitung anhand der Nachbarschaft für Wien dargestellt. Aufgrund der veränderten Datenstruktur für Wien musste eine eigene Sonderregel für die Bundeshauptstadt geschrieben werden: sobald ein Wiener Gemeindebezirk infiziert ist, sind in der nächsten Iteration alle anderen Gemeindebezirke infiziert.

Durch die Struktur des Algorithmus mit der Definition eines Startpunkts, sowie der Natur der Datenbasis, dass im Fall von Wien Gemeindebezirke verwendet werden, ergeben sich zwei unterschiedliche Möglichkeiten der Ausbreitung in Wien, abhängig davon ob der Ausgangspunkt der räumlichen Ausbreitung in Wien liegt oder an Wien angrenzt.

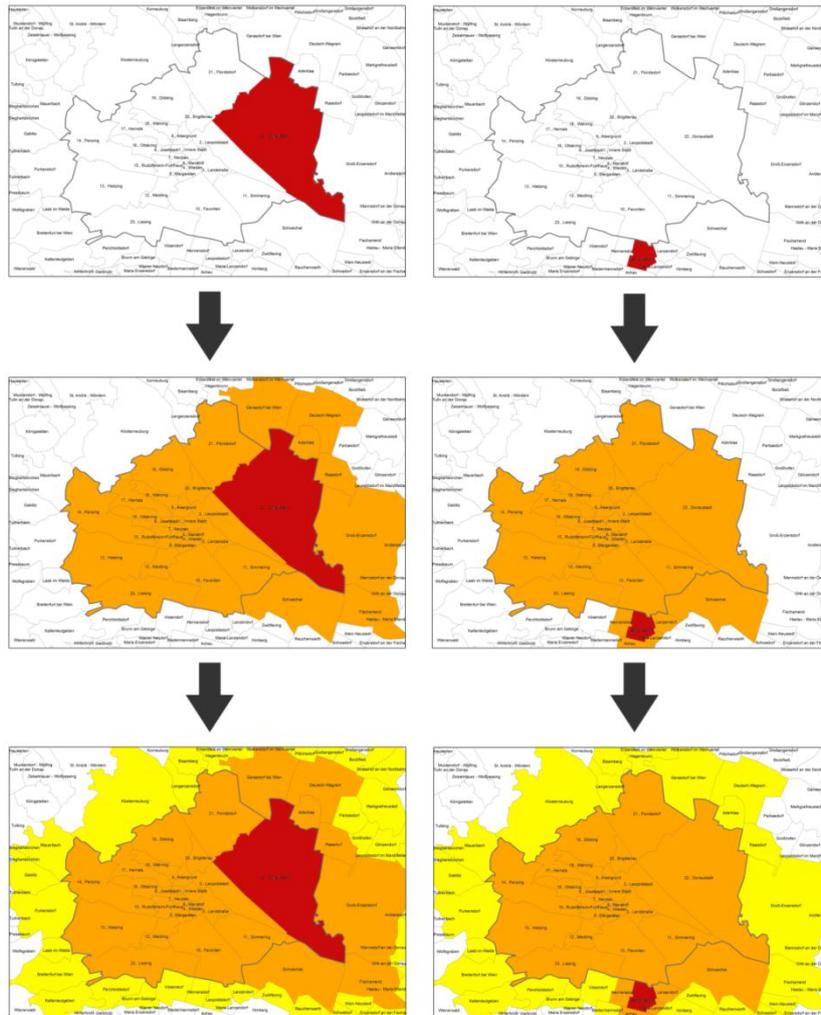


Abbildung 12 Schematische Darstellung der Ausbreitung innerhalb Wiens

In Abbildung 13 ist dargestellt, wie der Algorithmus mit Sprungpunkten umgeht. Dabei besteht bei jeder Iteration die Möglichkeit, dass die Infektion von einer bereits infizierten Gemeinde in eine nicht-infizierte Gemeinde springt. Die Wahrscheinlichkeit des Sprungs ist hierbei abhängig vom Grad der Verbundenheit der Landeshauptstädte auf Basis des Reiseverhaltens der Bevölkerung und vom Grad der bisher infizierten Bevölkerung der Startgemeinde.

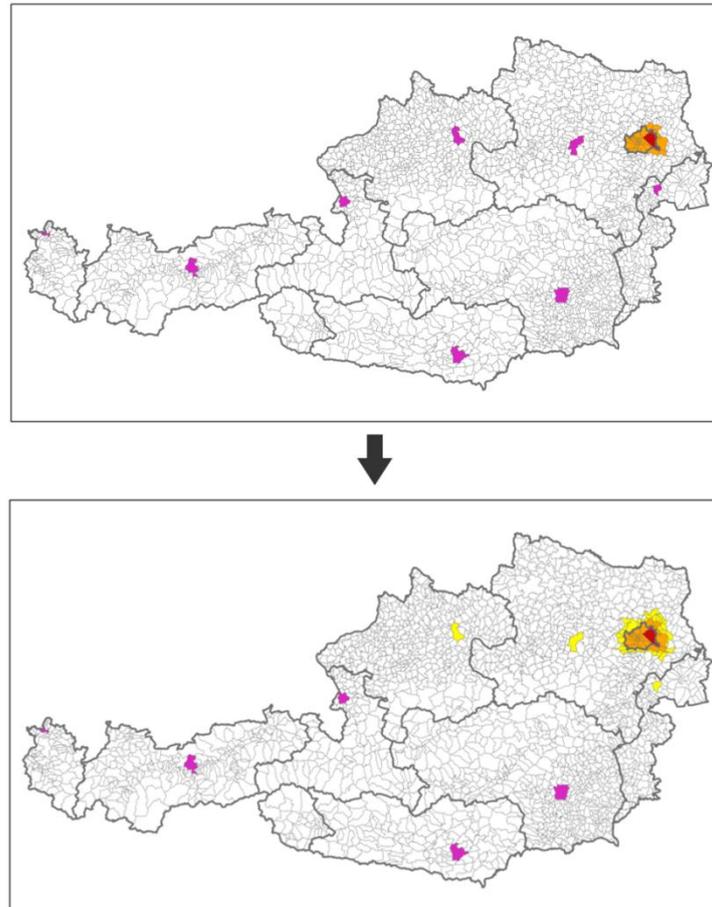


Abbildung 13 Darstellung der potentiellen Infektionsziele

Setzt man den Startpunkt in Wien, so ist bei $t=1$ lediglich ein Wiener Gemeindebezirk betroffen. Ab diesem Zeitpunkt sind all jene Gemeinden Österreichs potentielle Sprungziele der Krankheit, die über Pendelbeziehung mit Wien verbunden sind. In diesem Fall handelt es sich um alle übrigen Landeshauptstädte. Zum Zeitpunkt $t=2$ sind alle übrigen Gemeindebezirke und all jene Umlandbezirke, die an den ursprünglich infizierten Bezirk angrenzen, sowie Linz, St. Pölten und Innsbruck, infiziert.

Die Wahrscheinlichkeit, dass die Krankheit von einer bereits infizierten Landeshauptstadt in eine andere springt, ist abhängig von der relativen Anzahl von infizierten Personen an der Gesamtbevölkerung und der relativen Anzahl an Pendlern an der Gesamtbevölkerung. Diese beiden Werte werden miteinander multipliziert und ergeben so einen Schwellwert. Zusätzlich wird ein

zufälliger Zahlenwert ausgegeben. Liegt nun der Schwellenwert über dem zufälligen Zahlenwert, so wird die Zielgemeinde infiziert.

Sobald eine Gemeinde infiziert ist, rechnet ein epidemiologisches Modell die Ausbreitung der Krankheit innerhalb der Gemeinde. Die Funktionsweise des epidemiologischen Modells, das zur Ausbreitung innerhalb einer Gemeinde zur Anwendung kommt, wird im nachfolgenden Kapitel erläutert.

4.2.6. Funktionsweise des epidemiologischen Modells

Ausgehend von den bereits vorgestellten, allgemeinen Modellen der Epidemiologie musste für das Web-GIS ein epidemiologisches Modell entwickelt werden, das die Ausbreitung einer Krankheit innerhalb einer infizierten Gemeinde berechnen könnte.

Als Basis der Entwicklung des epidemiologischen Modells wurden das bereits vielfach zitierte Buch zur Modellierung von Infektionskrankheiten und die darin beschriebenen Formeln verwendet (VYNNYCKY & WHITE 2010, S.23).

Nach dem Grundsatz „*Ein Modell sollte so einfach wie möglich sein, aber nicht einfacher*“ fiel die Wahl auf die Entwicklung eines deterministischen und keines stochastischen Modells. Deterministische Modelle beschreiben durchschnittliche Entwicklungen in einer Bevölkerung, während bei einem stochastischen Modell die Anzahl der Individuen, die sich zwischen den einzelnen Stadien bewegen, sehr stark variieren können. Ein solches deterministisches Modell wurde nun für die Ausbreitung der Krankheit innerhalb einer Gemeinde gewählt.

Nun galt es ein deterministisches Modell auf Basis eines SEIR-Modells (Susceptible – Pre-infectious – Infectious – Recovered) zu entwickeln. Abhängig von den User-Eingaben kann es jedoch auf die ersten Teilgruppen reduziert werden. Dieses Modell ist in der nachfolgenden Abbildung 14 dargestellt. Aufgrund des optionalen Charakters von R_t ist der letzte Teil grau eingefärbt.

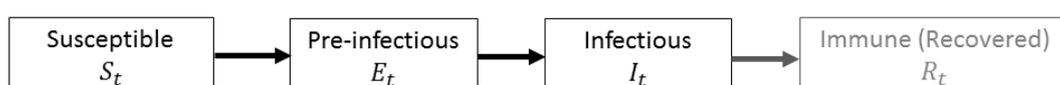


Abbildung 14 Verwendetes SEI(R)-Modell

Entsprechend der wissenschaftlichen Literatur wurden die nachfolgenden Formeln zur Berechnung der Entwicklung der unterschiedlichen Krankheitsstadien verwendet:

$$S_{t+1} = S_t - \lambda_t S_t$$

$$E_{t+1} = E_t + \lambda_t S_t - f E_t$$

$$I_{t+1} = I_t + f E_t - r I_t$$

$$R_{t+1} = R_t + r I_t$$

λ_t = das Risiko, das eine empfängliche Personen zwischen t und t+1 infiziert wird („*the force of infection*“), siehe Kapitel 2.2.7.

f = “the proportion of infected individuals who become infectious between time t and time t+1, or the rate at which pre-infectious individuals become infectious” (VYNNYCKY & WHITE 2010, S.23).

r = “the proportion of infectious individuals who recover (i.e. become immune) between time t and time t+1, or the rate at which individuals recover” (VYNNYCKY & WHITE 2010, S.23).

Als Einheit der Zeitschritte wurden zu Gunsten der Einfachheit und Verständlichkeit ganze Tage gewählt, somit umfasst ein Zeitschritt 24 Stunden.

Auf Basis der vorgestellten Gleichungen durchläuft eine Schleife ab dem Zeitpunkt der Infektion (z.B. t = 3) bis zum Ende der gesetzten Berechnungsdauer (z.B. t = 14) eine bestimmte Anzahl von Durchläufen, in denen die Zahlen zu den unterschiedlichen Bevölkerungsklassen (Pre-infectious, Infectious und Recovered) immer neu berechnet werden.

4.2.7. Web-GIS-Architektur

Die nachfolgende Abbildung 15 zeigt schematisch den Aufbau des entwickelten Web-GIS. Gleichzeitig wird ein grafischer Überblick über die verwendeten Technologien und deren Zusammenspiel gegeben.

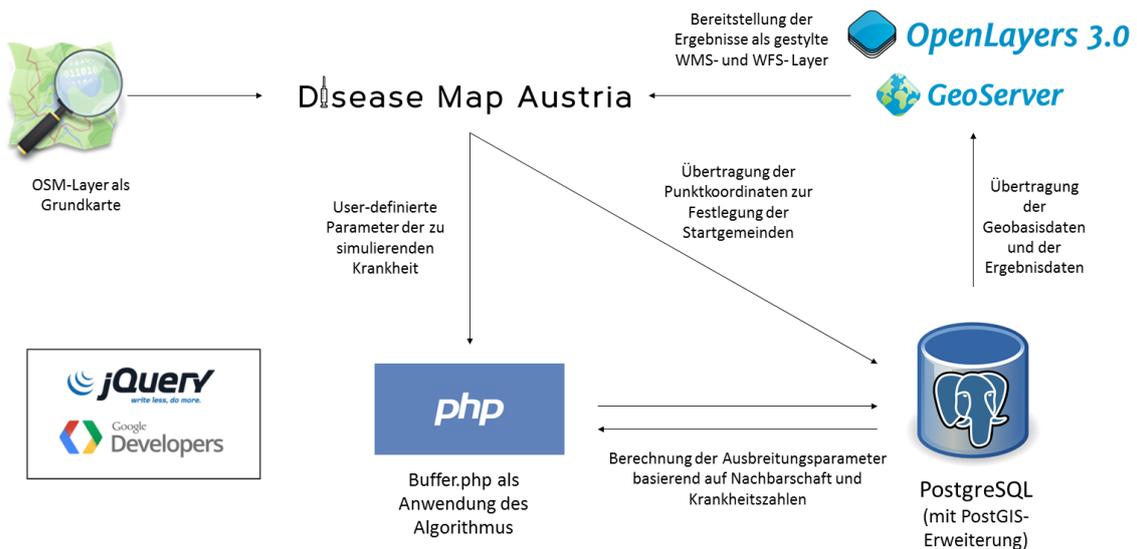


Abbildung 15 Darstellung der GIS-Architektur und der verwendeten Technologien

Aufgrund der Größe und Komplexität wurde auf einen modularen Aufbau des Web-GIS gesetzt. Dabei wurde entsprechend der sinnhaften Gruppierung von Unterseiten und Funktionen eine Aufteilung in entsprechende Dateien durchgeführt. Das Web-GIS setzt sich hierbei aus folgenden Einzeldateien zusammen:

Index.html

Index.html ist der grafische Rahmen der Arbeit und beinhaltet neben einer Kopfzeile und einer Fußzeile auch den dynamisch gefüllten Body. Innerhalb der Fußzeile befinden sich mehrere „*hidden variables*“, die zur Speicherung der benutzerdefinierten Parameter verwendet werden.

Parameters.html

Parameters.html beinhaltet alle einzustellenden Parameter und eine OpenLayers-Darstellung zum Setzen der Punkte. Zusätzlich beinhaltet diese Datei alle notwendigen Funktionen, um diese Einstellungen zu speichern, sowie die gesetzten Punkte an die Datenbank zu übertragen.

Results.html

Results.html beinhaltet das eigentliche Web-GIS mit der Ergebnisansicht. Zusätzlich zu einer OpenLayers-Ansicht mit einer variablen Anzahl an Layern befinden sich in dieser Datei die meisten Elemente zur Menüführung. Sie stellt somit auch den Rahmen für das Web-GIS dar, in den andere Dateien implementiert sind.

Buffer.php

Buffer.php ist jene Datei, die die Realisierung des Algorithmus zur Berechnung der Ausbreitung beinhaltet. Sie stellt eine Datenbankverbindung her und führt alle notwendigen und in den vorangegangenen Kapiteln erläuterten Schritte zur Berechnung der räumlichen Ausbreitung durch.

Dbconnection.php

Dbconnection.php beinhaltet die Parameter zur Herstellung der Datenbank-Verbindung und wird innerhalb der anderen PHP-Dateien verwendet.

Abfrage.php

Abfrage.php stellt die Funktion zum Abfragen der jeweils betroffenen Gemeinden pro Zeitschritt dar. Sie ist innerhalb der results.html implementiert.

Array_mesh.php

Array_mesh.php stellt eine Funktion zum Kombinieren multipler assoziativer Arrays dar und summiert die Werte für die jeweiligen Keys. Diese Funktion ist nötig, um Krankheitszahlen zeitabhängig summieren und speichern zu können. Diese Funktion wurde nicht selbst geschrieben, sondern einem Online-Codebeispiel entnommen (ARDAMIS 2009).

Formeln.php

Formeln.php beinhaltet die epidemiologischen Formeln, mit denen die Ausbreitung innerhalb einer Gemeinde gerechnet wird. Sie wird im Rahmen der results.html mehrfach verwendet.

Json.php

Json.php beinhaltet die Funktion zum Schreiben einer json-Datei mit den Koordinaten der gesetzten Punkte. Diese wird auf dem Server angelegt, um für einen möglichen Export abrufbar zu sein.

Points.php

Points.php beinhaltet die Funktion zum Speichern der gesetzten Punkte in die Datenbank. Sie beinhaltet wie alle anderen Dateien, denen Datenbankoperationen zugrunde liegen, die Datei Dbconnection.php.

Statistik.php

Statistik.php beinhaltet die Funktion zum Rechnen der Werte für die Gesamtstatistik und ist im Rahmen der results.html eingebettet. Sie implementiert dabei die Datei Formeln.php.

Truncate_table.php

Truncate_table.php dient dem Zurücksetzen der Gemeinde-Datenbank. Sie stellt alle Zeit- und Infekt-Werte wieder zurück auf 0. Sie implementiert die Datei Dbconnection.php.

Upload.php

Upload.php dient dem Datenupload eigener Pendeldata auf den Server. Sie ist im Rahmen der Datei Parameters.html implementiert.

Charts.js

Charts.js beinhaltet die Funktion zum Erstellen der Diagramme für die detaillierte Gemeindeansicht. Sie ist im Rahmen der Datei results.html implementiert und greift ihrerseits auf Funktion von Google Charts zurück, um die Diagramme zu erstellen.

Play_ani.js

Play_ani.js beinhaltet neben der Funktion zum Darstellen der Ausbreitungsanimation, auch jene Funktionen zum dynamischen Hinzufügen und Entfernen, die im Rahmen der Zeit-Schieberegler zum Einsatz kommen. Sie ist im Rahmen der Datei results.html implementiert.

4.2.8. Berücksichtigte Faktoren

In diesem Kapitel werden all jene Faktoren erläutert, die im Rahmen des Modells berücksichtigt werden. Die Eckpunkte der berücksichtigten Faktoren sind hierbei die vom Benutzer definierbaren Parameter.

Die einzugebenden Variablen sind hierbei:

- Anteil der immunen Bevölkerung
- Dauer der Pre-infectious Period
- Dauer der Infectious Period
- Net Reproduction Number
- Startpunkt(e)
- Heilbarkeit der Krankheit
- Zu berechnender Zeitraum (Anzahl der Zeitschritte)

Die verwendeten Beispielswerte, wie etwa der Parameter (Dauer der Infectious Period, Höhe von R_0) für Influenza basieren auf Werten, die in der wissenschaftlichen Literatur gefunden wurden (AZMAN ET AL. 2013, VYNNYCKY & WHITE 2010).

4.2.9. Einschränkungen

Das Modell geht von einer direkt übertragbaren Infektionskrankheit mittels Mensch-Mensch-Übertragung aus. Eine Ausnahme stellen hierbei Geschlechtskrankheiten dar, deren spezifische Ausbreitungsmuster in diesem Modell nicht behandelt werden. Andere Infektionsträger, wie etwa Tiere, sind ebenfalls nicht im Modell berücksichtigt worden.

Klimatische Bedingungen wie Windverhältnisse, wie sie etwa im Falle von Sporen-Ausbreitung relevant wären, sind ebenfalls nicht beinhaltet.

Im Rahmen einer Behandlung von räumlichen Parametern bei Krankheitsausbreitungen ist die Verwendung der Bevölkerungsdichte zumindest im Grundgedanken naheliegend. Jedoch ist Dichte-Abhängigkeit nur für Tier- und Pflanzenkrankheiten plausibel. Inwiefern das Risiko einer Infektion mit einer höheren Bevölkerungszahl und daraus resultierend einer höheren Bevölkerungsdichte ansteigt, ist wissenschaftlich noch kaum belegt und dürfte stark zwischen unterschiedlichen Infektionsarten variieren. Die Annahme, die meistens für den Fall von zwischenmenschlicher Infektion getroffen wird, ist, dass die Anzahl von Individuen, die im effektiven Kontakt stehen, auch bei einer wachsenden Bevölkerung gleich bleibt (VYNNYCKY & WHITE 2010, S.31).

Eine weitere starke Einschränkung, auf die in den Folgekapiteln weiter eingegangen wird, liegt darin, dass aufgrund der Beschaffenheit des Web-GIS langfristige Ausbreitungen, wie etwa über mehrere Monate hinweg, nicht berechnet werden können.

Zusätzlich ist ein Datenexport der Bevölkerungsdaten aufgrund des Datenschutzes nicht möglich. Es konnte lediglich die Infrastruktur für eine solche Export-Funktion geschrieben werden, die dazu genutzt wird, um die Punktdaten als Export anzubieten.

4.3. Design des Userinterface

Neben der technischen Realisierung eines umfangreichen Modells zur Berechnung der raumzeitlichen Ausbreitung musste sowohl die Eingabe als auch die Darstellung der Ergebnisse in einem verständlich nutzbaren UI umgesetzt werden.

Auf Basis der umzusetzenden Funktionen musste nun ein funktionales Design entwickelt werden. Nachdem der Fokus dieser Arbeit auf die technische Realisierung des Modells lag, fiel die Entscheidung auf ein simples, leicht nutzbares Design.

Der Basisaufbau der Seite, der für alle Unter- und Folgeseiten gleich ist, war hierbei:

- Kopfzeile
- Dynamisch geladener Body
- Fußzeile

Im Header sind die Logos der Disease Map, der TU Graz sowie des Instituts für Geoinformation gelagert. Auf diese Weise sollte ein statischer Rahmen für das Web-GIS gewährleistet sein.

Im Body sollten jeweils die aktuellen Inhalte dynamisch geladen werden. Konkret wären dies die in 4.2.7 vorgestellten Dateien `parameters.html` und `results.html` sowie deren dynamisch erstellte Unterseiten.

In der Fußzeile waren Angaben zum Ersteller der Disease Map, sowie Kontaktinformationen gegeben.

4.3.1. Grafische Elemente

Der Ankerpunkt des Designs war die Erstellung eines Logos, das sinnhaft für die Modellierung von Krankheitsausbreitung stünde.

Hierbei wurden zur Erstellung des Logos die vorhandenen Geodaten genutzt. Durch Generalisierungsalgorithmen wurde eine vereinfachte Form der österreichischen Staatsgrenze erstellt. Mit Hilfe der Grafik-Programme Inkscape und Gimp wurden rote, konzentrische Kreise, sowie eine Spritze erstellt und zum fertigen Logo der Disease Map kombiniert. Das Logo ist in der nachfolgenden Abbildung 16 dargestellt:



Abbildung 16 Logo der Disease Map Austria

Zusätzlich wurde für den Header ein stilisierter Titel für das Web-GIS erstellt. Hierfür wurde erneut Gimp verwendet, um eine Spritze zu zeichnen und diese in einen Schriftzug einzufügen. Diese Grafik ist nachfolgend in Form von Abbildung 17 angeführt.

The title 'Disease Map Austria' is displayed in a black, sans-serif font. The letter 'i' in 'Disease' is replaced by a small, black syringe icon.

Abbildung 17 Stilisierter Titel

Weitere verwendete Elemente sind die Logos der TU Graz sowie des Instituts für Geoinformation. Damit sind alle Basis-Elemente der grafischen Gestaltungen vorgestellt. In weiterer Folge wird die Erstellung des Designs der einzelnen Seiten vorgestellt.

4.3.2. Startseite

Auf der Startseite sollten einführende Information zur Disease Map Austria gegeben werden. Dabei sollte sie der Kurzform der Einleitung einer Masterarbeit entsprechen. Sie beinhaltet einen kurzen Einführungstext zum Web-GIS, sowie ein simples Menü. In diesem können auf Wunsch zusätzliche Informationen und die Danksagung der Arbeit angezeigt werden. Des Weiteren gibt es einen Enter-Button. Nachfolgend ist eine Abbildung der Startseite angeführt:

Disease Map Austria



Willkommen zur Disease Map Austria

Hierbei handelt es sich um die Masterarbeit von Christoph Wohner - GST-Student an der TU Graz/KFU Graz.

Auf dieser Seite können ein fiktiver Krankheitsausbruch in Österreich und seine räumliche Ausbreitung simuliert werden. Sie wurde unter der Betreuung von Prof. Konrad Rautz erstellt.



Disease Map Austria - [Christoph Wohner](#) - TU Graz - 2015

Abbildung 18 Screenshot der Startseite

In dieser Abbildung 18 sind auch die Kopf- und Fußzeile mit den bereits vorgestellten grafischen Elementen zu sehen.

4.3.3. Seite zur Festlegung der Parameter

Auf dieser Seite werden die Benutzereingaben festgelegt. Dabei kann auf vorgefertigte Szenarien zurückgegriffen werden, in denen die Parameter für unterschiedlich stark ansteckende Krankheiten gespeichert sind, oder es können gänzlich neue Parameter eingegeben werden. Weiters können auch bestehende Szenarien abgeändert werden, indem etwa ein Szenario ausgewählt wird und dann jeweils einzelne Werte verändert werden.

Als Grundlage der Werte für bestehende Szenarien, konkret der Grippe, wurde auf Standardwerte aus der wissenschaftlichen Literatur zurückgegriffen.

Zusätzlich muss vom User zumindest ein Startpunkt auf einer OpenLayers-Karte gesetzt werden. Dieser Punkt muss in Österreich gesetzt werden. Dies wurde mittels einfacher GIS-Funktionalitäten umgesetzt. Der User kann selbständig Punkte setzen, jedoch werden ausschließlich Punkte, die in Österreich liegen, als valide gewertet und als Grundlage der Modellierung herangezogen. Sollten keine Punkte gesetzt sein bzw. nicht in Österreich gesetzt sein, wird eine Fehlermeldung ausgegeben.

Die Abbildung dieser Punkteingabe ist nachfolgend in Form von Abbildung 19 angeführt.



Abbildung 19 Screenshot der Punkteingabe

Des Weiteren gibt es einen darstellbaren Import-Dialog zum Importieren eigener Pendlerdaten. Zusätzlich zu den Informationen zum benötigten Aufbau der Daten gibt es eine zum Download verfügbare Beispielsdatei. Der Screenshot dieses Importdialogs ist in der nachfolgenden Abbildung 20 dargestellt.



Abbildung 20 Screenshot des Importmenüs

Zu jedem der einstellbaren Punkte gibt es einen optional darstellbaren Hilfetext, in dem erklärende Texte und teilweise auch Abbildungen zu finden sind.

Am Ende der Seite können die Eingaben überprüft werden. Falls die Eingaben valide sein sollten, wird die Simulation ausgeführt und auf die Ergebnisseite weitergeleitet.

4.3.4. Ergebnisansicht

In der Ergebnisansicht können die Ergebnisse des Modells betrachtet werden. Die Ergebnisansicht entspricht hierbei dem Hauptteil des Webservices und umfasst beinahe alle GIS-Funktionalitäten, die im Rahmen dieser Arbeit entwickelt wurden. Die Ergebnisansicht umfasst mehrere Design-Elemente, in denen ein Großteil der Funktionen übersichtlich untergebracht werden musste. Neben den bereits vorhandenen Elementen, wie Kopf- und Fußzeile, kommen eine OpenLayers-Darstellung, ein Benutzermenü sowie zwei Boxen zur Darstellung der Gemeinde-Informationen und der Diagramme zur Entwicklung der Krankheitszahlen hinzu.

In der nachfolgenden Abbildung 21 ist ein Screenshot der Ergebnisansicht angeführt.

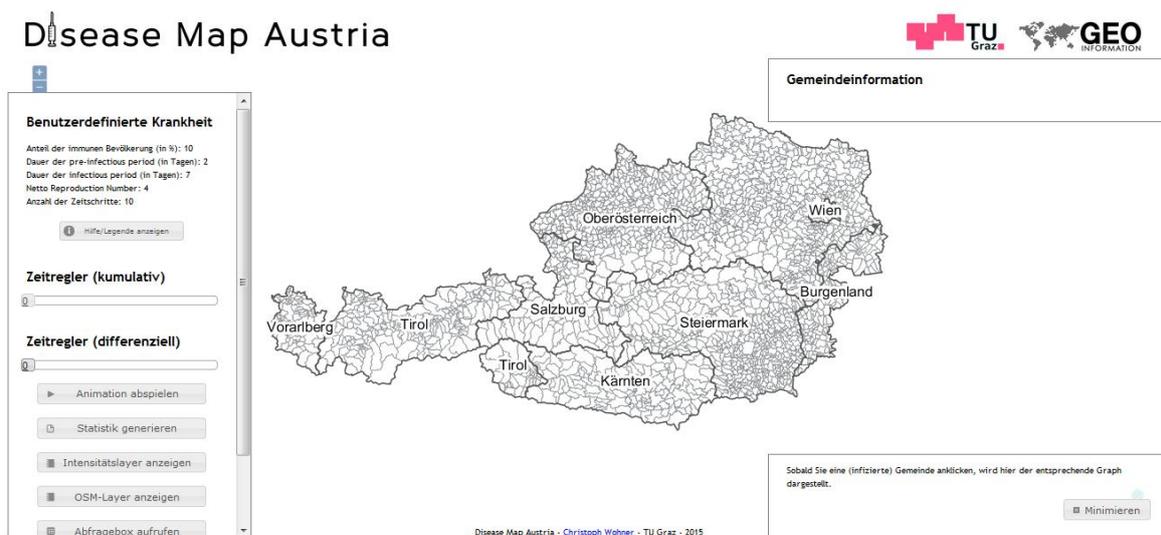


Abbildung 21 Screenshot der Ergebnisdarstellung

Diese Ergebnisansicht ist, wie auch aus Abbildung 21 hervorgeht, aus mehreren Elementen aufgebaut. Dabei handelt es sich neben den bereits erläuterten Header- und Footer-Elementen auch um eine Box, die beim Roll-Over über die Gemeinden Österreich mit den Informationen zu den Gemeinden gefüllt wird.

Auf der linken Seite ist das Benutzermenü zu sehen. Dieses zeigt die Parameter an, mit denen das Modell gerechnet wurde und verfügt über zwei Zeitregler und eine Reihe von Abfragefunktionen. Abhängig von den Benutzereingaben ändert sich auch jeweils der Titel: Wurde auf ein bestehendes Szenario, wie etwa Grippe, zurückgegriffen, wird die Überschrift Grippe sein. Kommt es jedoch zu Änderungen der Parameter, lautet der Titel „Benutzerdefinierte Krankheit“.

Im Benutzermenü auf der linken Seite können mehrere Funktionen aufgerufen werden. Eine dieser Funktionen umfasst das Abspielen der raum-zeitlichen Ausbreitung.

In der nachfolgenden Abbildung 22 ist eine beispielhafte Animation dargestellt:

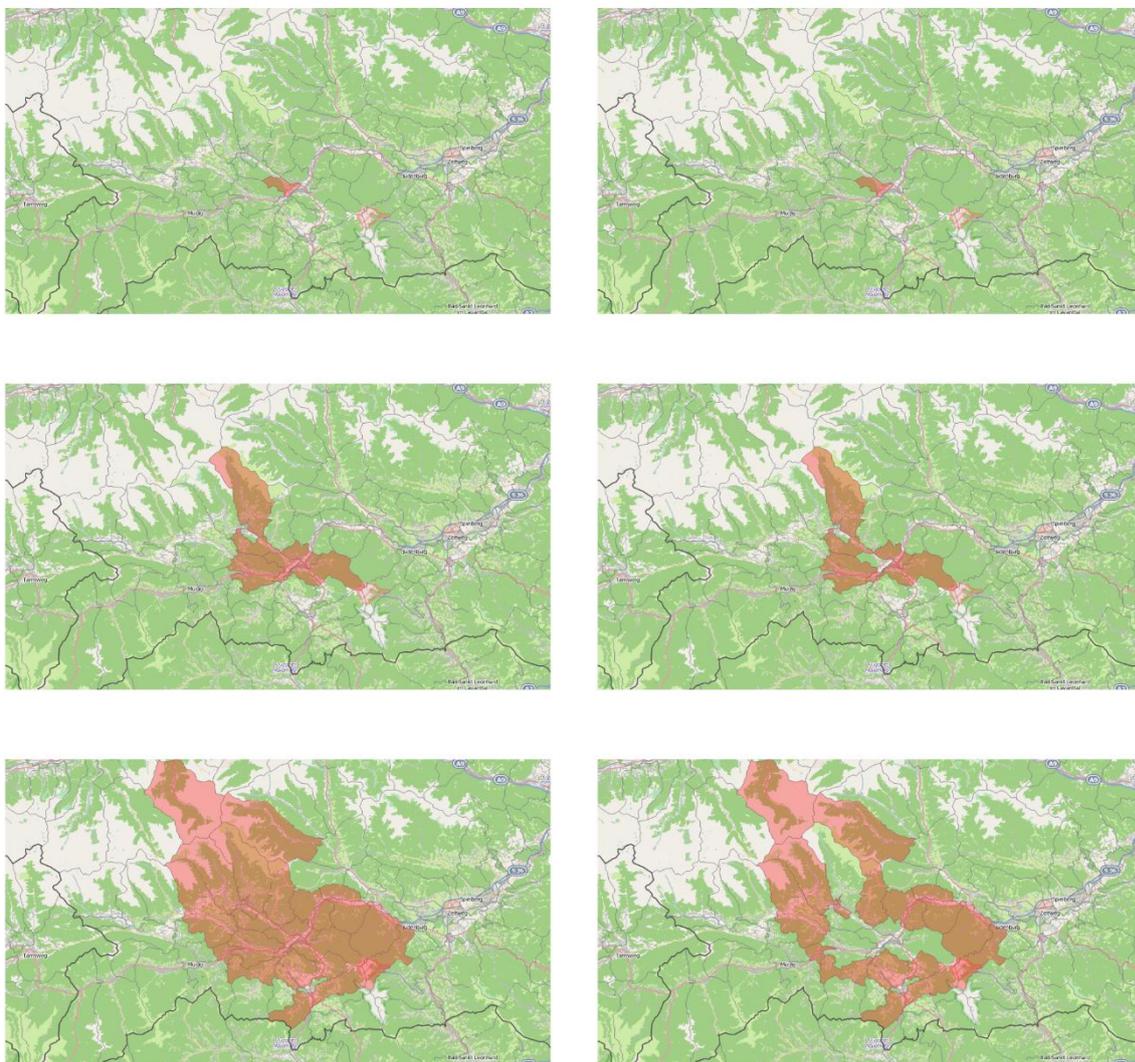


Abbildung 22 Kumulative Ausbreitung (links) und differenzielle Ausbreitung (rechts)

In dieser Abbildung ist ebenfalls die verwendete Basiskarte zu sehen. Hierbei handelt es sich um eine einblendbare OpenStreetMap-Karte, die zur Orientierung dient.

Eine weitere Funktion trägt den Namen „Statistik generieren“. Durch einen Klick auf den entsprechenden Button wird das Statistik-Menü aufgerufen. In diesem Menü lassen sich Informationen zur Entwicklung der Krankheit für ganz Österreich ablesen.

Das Statistik-Menü ist nachfolgend in Abbildung 23 abgebildet:

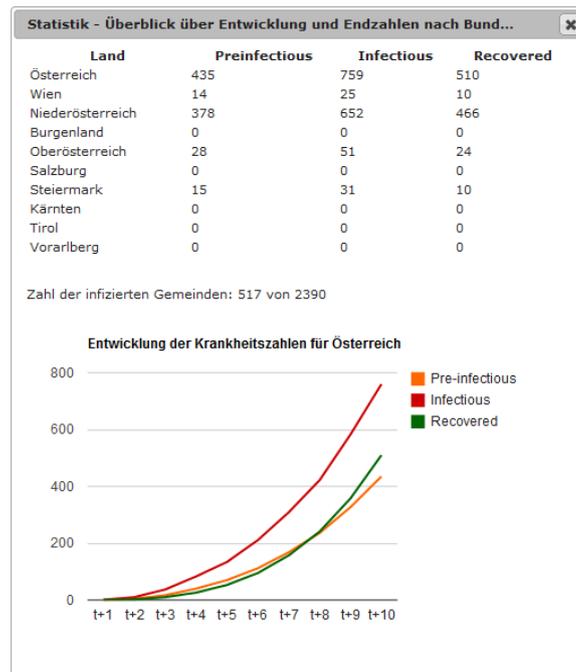


Abbildung 23 Screenshot der Gesamt-Statistik

Es gibt sowohl Auskunft über die Gesamtentwicklung der Krankheitszahlen für Österreich, als auch eine Aufschlüsselung der Endzahlen nach Bundesländern. Dies erlaubt einen differenzierten Blick auf die Dynamik der Ausbreitung.

Eine weitere Funktion ist die Darstellung der infizierten Gemeinden anhand des relativen Anteils an betroffenen Personen am Ende des Berechnungszeitraums. Ein Beispiel hierfür ist anhand der nachfolgenden Abbildung 24 gegeben.

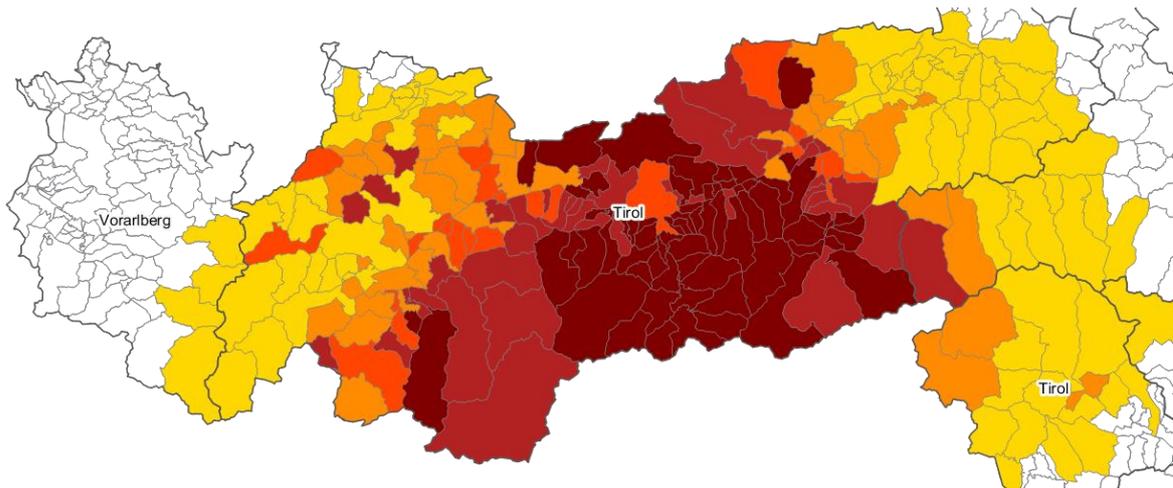


Abbildung 24 Darstellung der Intensität der betroffenen Gemeinden

Neben den unterschiedlichen eingefärbten Gemeinden sind in dieser Abbildung auch die Zoom-Möglichkeiten des Web-GIS zu sehen. Zusätzlich ist es möglich, eine Zeichenerklärung einblenden zu lassen, die Aufschluss über die zu den Farbtönen gehörenden Werte gibt.

Ein weiteres Feature der grafischen Benutzeroberfläche ist die Möglichkeit durch Klicken auf eine der infizierten Gemeinden in der Box in der rechten, unteren Seite die Entwicklung der Krankheitszahlen für die angeklickte Gemeinde anzeigen zu lassen.

In der nachfolgenden Abbildung 25 ist ein Diagramm zur exemplarischen Darstellung der Entwicklung einer hochansteckenden Krankheit in Graz dargestellt:

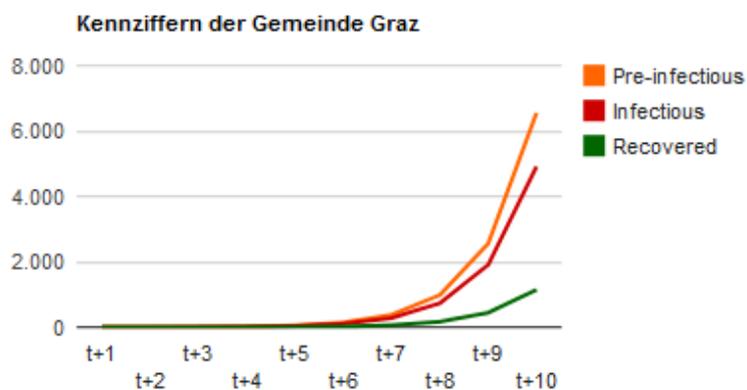


Abbildung 25 Diagramm-Darstellung am Beispiel Graz

Zusätzlich zur eigentlichen Darstellung gibt es auch Rollover-Effekte, die es erlauben, die Detailzahlen zu den unterschiedlichen Zeitpunkten abzufragen.

Bei Bedarf kann die Detaildarstellung weggeklickt werden.

4.4. Schwierigkeiten und Probleme

In diesem Kapitel werden all jene schwerwiegenden technischen Probleme vorgestellt, die im Laufe der Realisierung auftraten. Es ist anzumerken, dass eine ganze Reihe von Schwierigkeiten während der Programmierarbeiten auftrat und nachfolgend nur die wesentlichen und auch interessantesten Probleme angeführt sind.

4.4.1. Das Problem der adjazenten Polygone

Die Abfrage zur Ausgabe all jener Polygone, die an eine infizierte Gemeinde angrenzen, jedoch selbst nicht infiziert waren, stellte ein Problem dar, das sich als nicht banal erwies. Die Umsetzung dieses Problems musste aus diesem Grund in Form einer PostGIS-Abfrage erfolgen.

Die Lösung konnte schließlich dank der Community von stackoverflow.com gefunden werden. Hierzu wurde eine mehrteilige Abfrage geschrieben, deren Ergebnis die gewünschten Polygone ausgibt. Der dazugehörige Code ist im Kapitel 4.2.4 angeführt.

4.4.2. Zu hohe Ladezeiten

Durch die Bereitstellung eines verhältnismäßig großen Shapefiles über WFS kam es und kommt es auch am Ende dieser Arbeit zu hohen Ladezeiten. Durch größtmögliche Generalisierung der Gemeindegrenzen bei gleichbleibender Topologie wurde eine Verringerung der Shapefilegröße erreicht und so konnte das Problem der Ladezeit vermindert, jedoch nicht endgültig gelöst werden.

Die Höhe der Ladezeiten bleibt somit eines der bestehenden Schwächen des Modells, die im Sinn einer Verbesserung der Web-GIS ausbessert werden sollte (siehe Kapitel 7).

4.4.3. Vorzeitiges Abbrechen der Berechnung

Ab einer gewissen Menge von gesetzten Startpunkten bzw. ab einer hohen Anzahl von zu berechnenden Zeitschritten kam es immer wieder zu einem vorzeitigen Abbruch der PHP-Skripts, die zur Berechnung der Ausbreitung liefen. Dies äußerte sich darin, dass in der Ergebnisansicht nur die Ausbreitung bis einem gewissen Zeitschritt durchgeführt wird und danach einfach nichts mehr passierte. Somit wurde nur ein Teil der Ergebnisse angezeigt.

Dies ist erklärbar durch die hohe Laufzeit der PHP-Skripten.

Aus Sicherheitsgründen liegt der Maximalwert von Anfragen mit PHP bei 300 Sekunden. Außerdem liegt beim verwendeten IIS-Server (Microsoft Internet Information Services) die eingestellte Beschränkung der maximalen Ausführungszeit von Seiten bei 110 Sekunden. Daraus resultierend brechen die Skripte bei zu hoher Laufzeit vorzeitig ab. Nachdem der maximale Zeitwert der Anfragen kaum erhöht werden kann, mussten die Skripte performanter geschrieben werden. Doch auch nachdem die Skripte optimiert wurden, änderte sich die Laufzeit nur geringfügig.

Dies hatte zur Folge, dass eine Beschränkung der berechenbaren Zeitschritte gesetzt werden musste. Somit hat das Web-GIS eine fixe Obergrenze an Tagen, die berechnet werden können. Dieser erhebliche Nachteil wird unter anderem im Kapitel zu den Schwächen des Modells erläutert.

4.4.4. Animationen in einer OpenLayers-Karte

Zum Zeitpunkt der Fertigstellung des Web-GIS verfügte OpenLayers3 über keine Unterstützung von Animationen, die den Absichten der Arbeit entsprachen. Zwar gibt es beispielsweise die Möglichkeit etwa einen Überflug über die Karte zu machen, jedoch gab es keine Built-In-Funktionen zum Darstellen von zeitabhängigen Objekten.

Nachdem die raumzeitliche Ausbreitung von Krankheiten jedoch wesentlich anschaulicher und verständlicher mit der Verwendung von Animationen sein würde, musste eine alternative Lösung gefunden werden. Zu diesem Zweck wurden die von OpenLayers unterstützten Overlays verwendet. Beim Laden des WFS-Layer wurden alle Features entsprechend deren Zeitwert in dynamisch generierte Overlays sortiert. Die unterschiedlichen Animationsfunktionen mussten die Overlays nun gezielt ein- und ausblenden.

Dies resultierte in insgesamt 3 unterschiedlichen Funktionen.

Eine Funktion zur Darstellung der kumulativen Ausbreitung entfernt immer alle bisherigen Overlays von der Karte und fügt entsprechend des Werts des Zeit-Schiebers immer genau jene Menge an Overlays der Karte hinzu.

Die Funktion zur Darstellung der differenziellen Ausbreitung entfernt alle Overlays und fügt genau jenen Overlay hinzu, der dem aktuellen Wert des Schiebers entsprach.

Die letzte Funktion stellte die eigentliche Animationsfunktion dar, die auf Knopfdruck zeitversetzt alle Layer der Karte hinzufügen sollte. Zu diesem Zweck wurde eine `setTimeout`-Funktion verwendet. Aufgrund des schleifenartigen Aufbaus der Animation kam es jedoch zu Problemen mit der Timeout-Funktion. Dies äußerte sich darin, dass alle Overlays auf einmal eingeblendet wurden und dann alle Timeouts kumuliert am Ende der Schleife liefen.

Daher musste eine externe Funktion als Workaround angewendet werden. Die technische Realisierung dieser Lösung ist im Detail in der `play_ani.js` zu finden.

4.4.5. Beschneiden der OSM-Basiskarte

Ein weiterer Punkt, der zwar von geringer technischer Bedeutung war, jedoch für die grafische Darstellung Relevanz hatte, war das Abschneiden der OpenStreetMap-Basiskarte entlang der österreichischen Staatsgrenze.

In der OpenLayers-Darstellung zum Setzen der Startpunkte sollte anhand der eingeblendeten Basiskarte sofort der Eindruck vermittelt werden, dass Punkte nur innerhalb von Österreich gesetzt werden sollten und auch könnten. Zu diesem Zweck musste die Basiskarte dementsprechend abgeschnitten werden.

Während OpenLayers zwar Funktionen besitzt, mit denen es möglich ist, ein festdefiniertes Ausmaß der Karte festlegen, führte dies in Fall von Österreich lediglich dazu, dass einfach ein Viereck um Österreich gelegt wurde, was jedoch nicht den Anforderungen entsprach, die an die Kartendarstellung gesetzt waren.

Deswegen wurde stattdessen ein Shapefile erstellt, das ein Polygon enthält, welches die ganze Welt umspannt. In diesem Shapefile wurde nun mit Hilfe von QGIS und den gegebenen Geodaten aus dem Polygon die Form von Österreich ausgeschnitten. Da die Layer in den OpenLayers-Darstellungen über

Geoserver bereitgestellt werden, konnte ein passender Geoserver-Stil definiert werden. Dieser stellt die Innenfläche des Polygons als weiß dar, während die Außengrenze ein roter Strich ist.

Wenn nun dieser Polygon-Layer über die OSM-Basiskarte gelegt wird, sind lediglich die Bereiche innerhalb der Staatsgrenze zu sehen. Das Ergebnis dieser Problemlösung ist in der bereits an anderer Stelle angeführten Abbildung 19 zu sehen.

5. Ergebnisse der Modellberechnung

In diesem Kapitel werden die Ergebnisse für verschiedene Krankheitsfälle aufgeführt, im Detail erläutert, teilweise validiert sowie die Plausibilität der Validierung und Ergebnisse diskutiert.

5.1. Ergebnisse für unterschiedliche Krankheitsszenarien

Im nachfolgenden Teil werden die Ergebnisse für unterschiedliche Krankheiten aufgeschlüsselt. Dabei wird anhand der vordefinierten Szenarien die Ausbreitung mit einem einzelnen Startpunkt in Graz gerechnet. Berechnungszeitraum sind in jedem Fall 14 Tage.

5.1.1. Grippe

Den Anfang stellt hierbei der anschauliche Fall eines Grippe-Ausbruchs dar. Die angenommenen Werte sind hierbei aus der wissenschaftlichen Literatur entnommen (VYNNYCKY & WHITE 2010, S.14). Konkret handelt es sich um die folgenden Werte:

Anteil der immunen Bevölkerung (in %):	0
Dauer der Pre-infectious Period (in Tagen):	2
Dauer der Infectious Period (in Tagen):	5
Netto Reproduction Number:	2

Nachfolgend ist hierbei die vom Web-GIS generierte Gesamtstatistik für Österreich in Abbildung 26 angeführt.

Land	Preinfectious	Infectious	Recovered
Österreich	979	1663	1450
Wien	0	0	0
Niederösterreich	104	196	88
Burgenland	30	58	24
Oberösterreich	30	55	25
Salzburg	3	7	2
Steiermark	764	1260	1262
Kärnten	48	87	49
Tirol	0	0	0
Vorarlberg	0	0	0

Zahl der infizierten Gemeinden: 867 von 2390

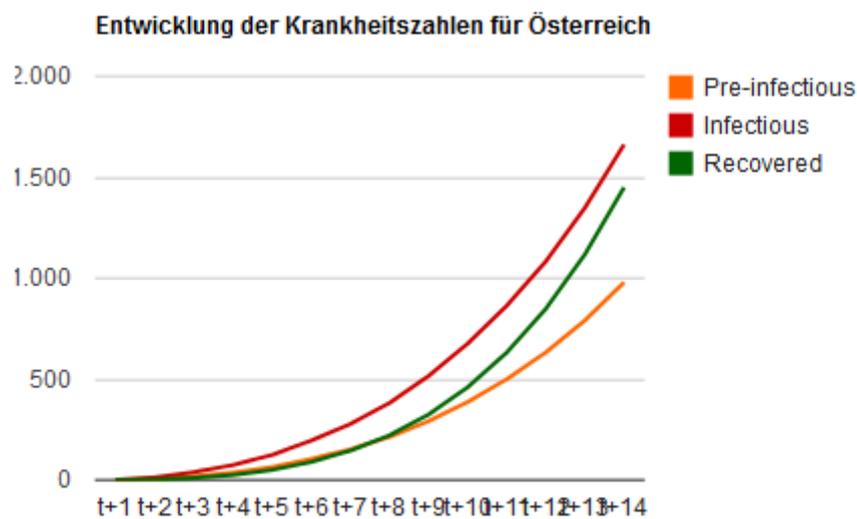


Abbildung 26 Generierte Statistik Österreich (Grippe)

Aus der Aufschlüsselung nach Bundesländern kann eindeutig gesehen werden, dass sich die Ausbreitung auf die Steiermark und die umliegenden Bundesländer beschränkt. Aufgrund der verhältnismäßig schwachen Ausbreitung von Grippe kommt es innerhalb des Berechnungszeitraums zu keinen hohen Krankheitszahlen und somit ist die Wahrscheinlichkeit eines überregionalen Sprungs gering. Folglich basiert die räumliche Ausbreitung ausschließlich auf Basis von Grenzbeziehungen.

Nachfolgend ist in Abbildung 27 die Detail-Entwicklung der Krankheitszahlen exemplarisch für Graz angeführt.

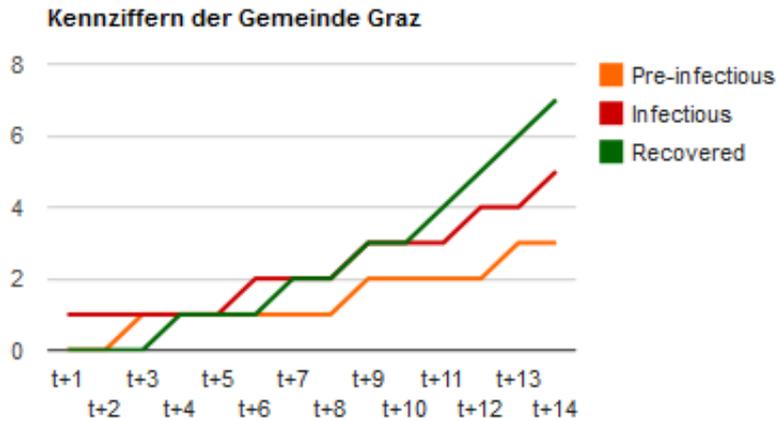


Abbildung 27 Generierte Statistik Graz (Grippe)

Aus dieser Abbildung geht hervor, dass die Wachstumsdynamik innerhalb einer infizierten Gemeinde anfangs noch sehr gering ist. Zusätzlich lässt sich aus dieser Abbildung ableiten, dass die rasche gesamtösterreichische Ausbreitung in erster Linie durch die Nachbarschaft der Gemeinden zueinander und nicht durch hohe Infektionsraten begründet ist, da die Wachstumsraten auch innerhalb einer großen Gemeinde wie Graz bescheiden sind.

5.1.2. Kaum ansteckende Krankheit

Anschließend wurde die Berechnung mit den vordefinierten Parametern einer kaum ansteckenden Krankheit wiederholt. Nachfolgend ist die Statistik für ganz Österreich angeführt. Konkret sind handelt es sich um die folgenden Werte:

Anteil der immunen Bevölkerung (in %):	75
Dauer der Pre-infectious Period (in Tagen):	15
Dauer der Infectious Period (in Tagen):	9
Netto Reproduction Number:	1

In der nachfolgenden Abbildung 28 finden sich die Ergebnisse des Modells.

Land	Preinfectious	Infectious	Recovered
Österreich	75	518	333
Wien	0	0	0
Niederösterreich	9	128	35
Burgenland	3	39	10
Oberösterreich	3	35	10
Salzburg	0	6	1
Steiermark	56	262	260
Kärnten	4	48	17
Tirol	0	0	0
Vorarlberg	0	0	0

Zahl der infizierten Gemeinden: 867 von 2390

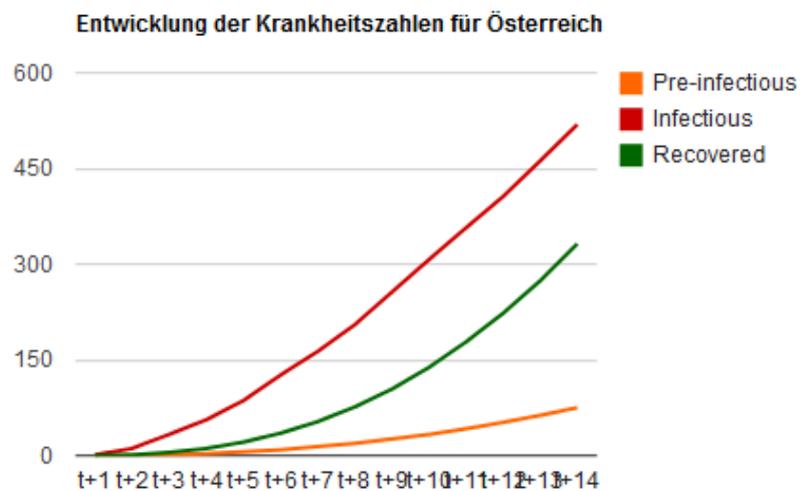


Abbildung 28 Generierte Statistik Österreich (Kaum ansteckende Krankheit)

Aus der Aufschlüsselung nach Bundesländern kann auch in diesem Fall eindeutig gesehen werden, dass sich die Ausbreitung auf die Steiermark und die umliegenden Bundesländer beschränkt. Aufgrund der im Vergleich zur Grippe noch schwächeren Ausbreitung kommt es innerhalb des Berechnungszeitraums zu keinen hohen Krankheitszahlen und somit ist die Wahrscheinlichkeit eines überregionalen Sprungs zu gering.

Nachfolgend ist in Abbildung 29 die Detail-Darstellung für Graz anführt.

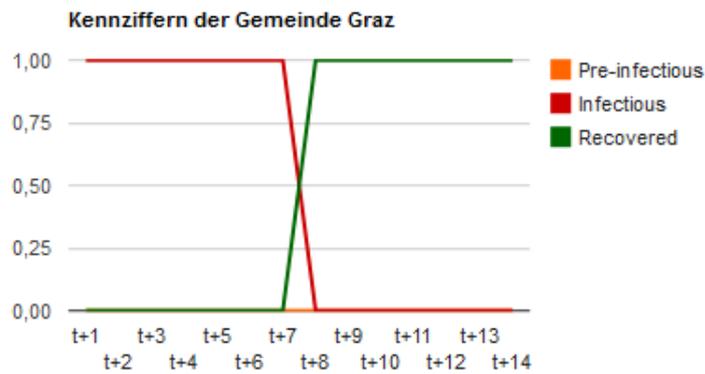


Abbildung 29 Generierte Statistik Graz (Kaum ansteckende Krankheit)

Anhand dieses Krankheitsfalles und im Besonderen durch das Diagramm für Graz können die Schwächen des Algorithmus gesehen werden. Es kommt durch den nachbarschaftsbasierten Ausbreitungsansatz zu einer Überschätzung der Ausbreitung. Die Infektion stirbt bereits zu einem frühen Zeitpunkt innerhalb der Startgemeinde aus und würde bei einer längerfristigen Beobachtung auch österreichweit aussterben.

Details hierzu werden in den folgenden Kapiteln diskutiert.

5.1.3. Hoch ansteckende Krankheit

Abschließend wurde mit den Parametern für eine hoch ansteckende Krankheit gerechnet. Die Ergebnisse dieser Berechnung sind nachfolgend dargestellt. Konkret handelt es sich um die folgenden Werte:

Anteil der immunen Bevölkerung (in %):	0
Dauer der Pre-infectious Period (in Tagen):	2
Dauer der Infectious Period (in Tagen):	7
Netto Reproduction Number:	20

Nachfolgend ist in Abbildung 30 die Entwicklung für Österreich anführt.

Land	Preinfectious	Infectious	Recovered
Österreich	141137	383146	0
Wien	0	0	0
Niederösterreich	4561	3760	0
Burgenland	1056	852	0
Oberösterreich	1157	932	0
Salzburg	25	21	0
Steiermark	129360	373163	0
Kärnten	4978	4418	0
Tirol	0	0	0
Vorarlberg	0	0	0

Zahl der infizierten Gemeinden: 867 von 2390

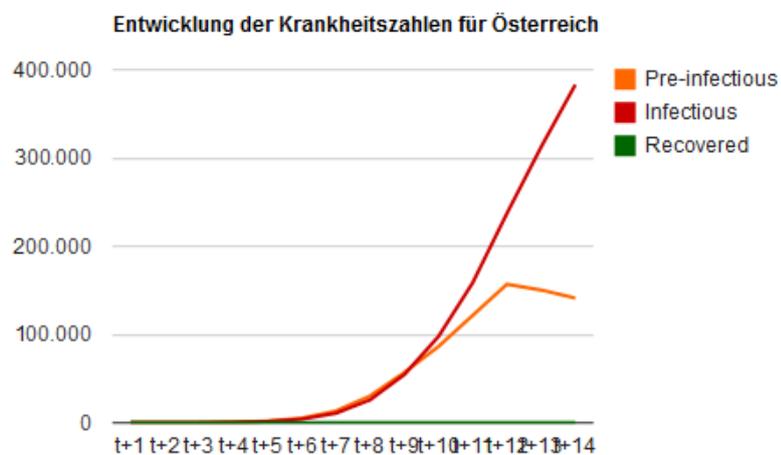


Abbildung 30 Generierte Statistik Österreich (Hoch ansteckende Krankheit)

Aus dieser Abbildung geht die enorme Wachstumsdynamik eindeutig hervor. Im Gegensatz zu den anderen Fällen ist hier ein Abflachen der Kurve für Pre-Infectious zu beobachten. Dies ist durch jene Gemeinden zu erklären, in denen die Wachstumsgrenze erreicht ist.

Dies ist etwa im Fall von Graz zu sehen, wie aus der nachfolgenden Abbildung 31 hervorgeht.

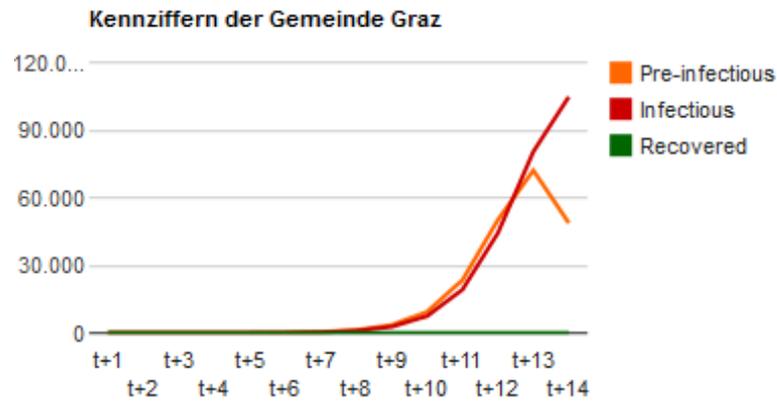


Abbildung 31 Generierte Statistik Graz (Hoch ansteckende Krankheit)

Hierbei kann gesehen werden, dass die Krankheit rasend schnell um sich greift und innerhalb von kürzester Zeit weite Teile der Bevölkerung infiziert hat. Ab $t=14$ kommt es zu einem Absinken der Menge an Leuten, die Pre-infectious sind, da die für die Krankheit empfängliche Bevölkerung abnimmt.

5.2. Validierung

Einer der wichtigsten Schritte bei der Bewertung eines Systems ist die Validierung des entwickelten bzw. genutzten Modells. Zu diesem Zweck wird in diesem Kapitel der Versuch einer Validierung der generierten Ergebnisse gemacht.

Die Schwierigkeiten liegen hierbei, dass kaum Referenzdaten vorhanden sind, mit denen ein Abgleich durchgeführt werden kann.

Es wurde daher auf die Werte von echten Grippefällen in Wien zurückgegriffen, um mit den errechneten Werten verglichen zu werden, um so die Genauigkeit des Modells zu bewerten.

5.2.1. Abgleich der Ergebnisse mit den Daten einer echten Grippeepidemie

Als Annäherung an die Ergebnisse des Modells sollen die Ergebnisse mit den Werten eines echten Grippeausbruchs verglichen werden. Zu diesem Zweck wird auf die Daten des Grippemeldedienst der Stadt Wien zurückgegriffen (GRIPPEMELDEDIENST DER STADT WIEN 2015). Dabei wurden die Zahlen

der Grippe-Neuerkrankungen 2014 verwendet. Es ist jedoch anzumerken, dass es teilweise zu erheblichen Schwankungen zwischen den unterschiedlichen Saisonen kommt. Zusätzlich gibt es bei den Werten der Neuerkrankungen auch eine teils erhebliche Schwankungsbreite.

Eine tabellarische Zusammenfassung der Werte für 2014 ist nachfolgend in Tabelle 9 angeführt.

Tab. 9 Anzahl der Grippe-Neuerkrankungen 2014

Kalenderwoche	Neuerkrankungen pro Woche	Schwankungsbreite
40. Woche	7000	+/- 1.100
41. Woche	6100	+/- 1.000
42. Woche	6900	+/- 1.000
43. Woche	6500	+/- 1.000
44. Woche	6400	+/- 1.000
45. Woche	6800	+/- 1.100
46. Woche	6300	+/- 900
47. Woche	6000	+/- 900
48. Woche	7600	+/- 900
49. Woche	7500	+/- 1.000
50. Woche	7600	+/- 1.000
51. Woche	7700	+/- 1.100

Die Ergebnisse des Modells für Wien nach einer Berechnungsdauer von 30 Tagen sind:

Pre-Infectious:	711
Infectious:	1163
Recovered:	1728

Dies ergibt also in Summe 3602 Fälle über den Zeitraum von 30 Tagen. Bei der Betrachtung dieser Werte liegt also eine Unterschätzung der Grippefälle vor.

Hierbei muss jedoch bedacht werden, dass Influenza, wie auch andere Infektionskrankheiten, einer gewissen Wachstumsdynamik unterliegt. Eine höhere Anzahl an infizierten Personen verursacht auch eine höhere Zahl an Neuinfektion. Die hierfür notwendige längerfristige Modellierung ist jedoch aufgrund der bereits eingeschränkten Rechenfähigkeiten des Web-GIS nicht möglich.

Rechnet man denselben Fall erneut mit leicht veränderten Parametern, nämlich mit einer Net Reproduction Number von 3, ändern sich die Ergebnisse dementsprechend.

Pre-Infectious:	21024
Infectious:	28322
Recovered:	25893

Diese starke Änderung der Ergebnisse, die sich jedoch an die realen Zahlen annähern, spiegelt eines der Probleme wider, welches nachfolgend erläutert wird.

5.2.2. Plausibilität der Validierung

Eingangs wurde bereits das Problem des Mangels an verfügbaren Referenzdaten erläutert. Während letztlich auf Daten für Wien zurückgegriffen werden konnte, bleibt eine Validierung für ganz Österreich offen.

Zusätzlich gibt es in der wissenschaftlichen Literatur kaum standardisierte Werte hinsichtlich der Ausbreitungsparameter. Während für Influenza noch alle benötigten Beispielswerte gefunden werden konnten, war dies im Fall anderer Infektionskrankheiten nicht möglich.

Ein weiteres Problem ist die Schwankungsbreite der Parameter für die Krankheiten. So ist etwa die Basic Reproduction Number für Grippe bei 2-4. Wie bereits dargestellt bewirkt eine Veränderung von R_0 bzw. R_N eine starke Veränderung der Ergebnisse des Modells.

5.3. Plausibilität der Ergebnisse und des Modells

In diesem Kapitel werden nun anhand der dargestellten Ergebnisse deren Plausibilität und die Plausibilität des Modells als Ganzes diskutiert.

Es gibt inhärente Probleme des Algorithmus bei wenig ansteckenden Krankheiten durch die Nachbarschaftsausbreitung. Es kommt zu einer Überschätzung bei niedrig ansteckenden Krankheiten. Die Net Reproduction Number wird automatisch durch alle angrenzenden Gemeinden gesteigert. Dadurch tritt der Fall auf, dass für kaum ansteckende Krankheiten die Ausbreitung aufgrund von Nachbarschaft überschätzt wird.

Trotz dieser Unzulänglichkeiten können im Fall der Grippe die Ergebnisse in der Größenordnung als valide angesehen werden. Auch wenn im Rahmen der Validierung zu niedrige Ergebnisse im Vergleich zu den Daten des Grippemeldediensts der Stadt Wien errechnet wurden, ist dies in erster Linie dadurch zu erklären, dass die Ausbreitung davon ausgeht, dass es einen Patienten 0 gibt, der die Infektion in eine bisher gesunde Bevölkerung einführt. In der Praxis ist dies nicht ganz so. Es gibt verschiedene Influenza-Stämme und es gibt immer infizierte Personen, die die Infektion verbreiten können.

Die Ergebnisse für hochansteckende Krankheiten können aufgrund mangelnder Vergleichsdaten nicht validiert werden.

Insgesamt können die Ergebnisse des Modells als Richtwerte hinsichtlich der Größenordnung eines Krankheitsausbruchs angesehen werden und weniger als exakt zu erwartende Anzahl von einzutretenden Krankheitsfällen.

6. Unzulänglichkeiten des Modells und der Umsetzung

In diesem Kapitel werden alle Schwächen des Modells und seiner Umsetzung als Web-GIS diskutiert. Dabei wird in eigenen Unterkapiteln auf die einzelnen Problemstellungen eingegangen. Dabei wird auch jeweils ein Lösungsansatz vorgeschlagen, welcher in Kapitel 7 näher erläutert wird.

6.1. Rechendauer

Die Umsetzung als Web-GIS ist wenig performant und erlaubt keine potenten Rechenoperationen, außer ein großer Teil des Rechenaufwands würde an den Server ausgelagert werden, wodurch sich die Rechenzeiten stark vergrößern würden. Die maximal ausführbare Dauer von Skripten ist jedoch schon bei aktuellem Stand sehr hoch, deswegen müsste die ganze Architektur umgestellt werden, etwa durch die Programmierung eines Desktop-Clients, der die Parameter an den Server überträgt, mit langen Wartezeiten zurechtkommt und dann die Ergebnisse darstellt. Weitere Erweiterungen des Algorithmus würden unweigerlich zu einer weiteren Erhöhung der Rechenzeiten führen. Alternativ kann ein Teil der Daten, nämlich die Nachbarschaftsbeziehungen vorprozessiert und in die Datenbank gespeichert werden. Dies würde jedoch die bestehende Architektur des Web-GIS hinsichtlich der einfachen Erweiterbarkeit einschränken.

6.2. Schwierigkeiten der Maßstabsfrage

Eine Veränderung der Maßstabsebene führt im Fall dieses Modells auch zwangsläufig zur Veränderung der Ergebnisse. Werden als Basiseinheit der Berechnung die österreichischen Gemeindebezirke verwendet, ist die nachbarschaftliche Ausbreitung deutlich geringer, somit wäre die Überschätzung geringer.

Im Zuge der Optimierung und Weiterentwicklung des Modells wäre es daher ratsam, das Modell sowohl für Bezirke als auch für Gemeinden anzupassen und die generierten Ergebnisse gegenüberzustellen und im Rahmen einer Validierung die bessere Maßstabsebene festzustellen. Dies würde auch zu einer Reduzierung der Berechnungsdauer führen, auch wenn dies zu Kosten des Detailgrads geht.

6.3. Schwierigkeiten der Lage Österreichs als Binnenstaat

Der internationale Reiseverkehr wird im Rahmen des Modells nicht betrachtet. Österreichs Lage als geographisch zentraler Staat inmitten des Schengen-Raums und seine Bedeutung als Transitland werden im Rahmen des Modells außen vor gelassen. Jedoch ist gerade der internationale Reiseverkehr bei der Ausbreitung von Infektionskrankheiten von enormer Bedeutung, wie etwa an den Fällen von Ebola in Europa oder den USA 2014 gesehen werden konnte (siehe auch Kapitel 2.4).

Streng genommen hätte das Modell nur oder zumindest wesentlich höhere Aussagekraft, wenn man es auf einen Inselstaat - wie etwa Island oder Zypern - anwenden würde.

6.4. Datenexport

Aufgrund datenschutzrechtlicher Bestimmungen können die von der Statistik Austria zur Verfügung gestellten Bevölkerungsdaten nicht zum Export angeboten werden. Dies hat zur Folge, dass die generierten Ergebnisse nicht exportiert werden können. Laut Carosio sind jedoch *„Das Entstehen und der erfolgreiche Einsatz von Geoinformationssysteme[...] mit einer wirksamen Lösung des Problems der Interoperabilität und des Transfers der Geodaten untrennbar gekoppelt.“* (CAROSIO 2006, S.133)

Unter Berücksichtigung dieses Zitats wäre diese Arbeit eindeutig nicht als erfolgreicher Einsatz eines Geoinformationssystems anzusehen. Durch diese restriktive Natur der Bevölkerungsdaten der Statistik Austria ist ein Datenexport dezidiert ausgeschlossen, schränkt so die Weiterverwendung der im Modell generierten Ergebnisse stark ein und stellt so einen nicht behebbaren Malus des Web-GIS dar.

6.5. Wahrscheinlichkeitsberechnung

Aufgrund der simplen Natur der Wahrscheinlichkeitsberechnung gibt es auch daraus entstehend Lücken bei Sonderfällen. Geht man etwa davon aus, dass 100% der Bevölkerung pendeln sollten, gibt es trotzdem keine 100-prozentige Wahrscheinlichkeit, dass die Infektion in die Zielgemeinde der Pendler getragen wird.

Eine Möglichkeit, die Wahrscheinlichkeitsberechnung zu verbessern, wäre die Implementierung eines elaborierteren statistischen Modells, etwa durch die Anwendung einer Poisson-Verteilung. Dies würde aber erneut zu einer Steigerung der Rechenzeiten führen.

6.6. Überschätzung kaum ansteckender Krankheiten

Es kommt zu einer Überschätzung von wenig ansteckenden Krankheiten. Aufgrund der Ausbreitungsmechanismen des Algorithmus ist das Modell für solche Krankheiten nicht geeignet. Entweder wird das Modell angepasst, was zu einer weiteren Erhöhung des Rechenbedarfs führt oder man schließt solche Fälle aus.

Ein zusätzlicher Punkt ist, dass Gemeinden, in denen die Infektion ausstirbt, weiterhin in der Datenbank als infiziert angeführt werden. Auch dieser Punkt wäre durch eine Erweiterung des Algorithmus zu beheben, welcher jedoch auch zu einer erhöhten Rechendauer führen würde, da für jede Gemeinde in jeder Iteration eine Prüfung des Infektionszustands auf Basis des aktuellen Werts der infizierten Personen durchgeführt werden müsste.

7. Entwicklungsperspektiven und Verbesserungspotential

In diesem Kapitel sollen nun auf Basis der Schwächen des Modells, die in Kapitel 6 angeführt wurden, die weiteren Entwicklungsperspektiven und das Verbesserungspotential des Modells und des Web-GIS erläutert werden.

7.1. Maßnahmen zur Verbesserung des Modells

Generell wäre für ein Thema dieser Größe und Komplexität die Aufarbeitung des Modells im Rahmen einer interdisziplinären Forschungsgruppe bestehend aus Informatikern, Statistikern, Epidemiologen und Geoinformatikern empfehlenswert, da viele Punkte in teils stark unterschiedlichen Bereichen zu verbessern sind.

Nachfolgend sind mehrere Punkte aufgeführt, die im Sinne einer Weiterentwicklung des Modells umzusetzen wären. Den Anfang macht hierbei:

- Die Verbesserung der statistischen Berechnung zur Wahrscheinlichkeit des Sprungs in eine andere Gemeinde.

Wie bereits in Kapitel 6.5 erläutert, weist die Wahrscheinlichkeitsberechnung eines Sprungs in andere Gemeinden Schwächen auf. Mit Hilfe der Implementierung eines elaborierteren statistischen Modells wäre eine Aufwertung des ganzen Systems möglich.

- Verwendung von Fuzzylogic und Implementierung von probabilistischen Berechnungen

Die Basic Reproduction Number R_0 unterliegt auch innerhalb von bestimmten Krankheiten einer Schwankungsbreite, Gleiches gilt für die Dauer von Pre-infectious Period und Infectious Period. Durch die Verwendung von Fuzzylogic bzw. von stochastischen Methoden wäre die Darstellung von Schwankungsbreiten möglich und auch vernünftig, um unterschiedliche Krankheitsszenarien umfassender berechnen und beschreiben zu können.

- Zusätzliche Möglichkeit der Anpassung

Eine Erweiterung der Möglichkeiten der benutzerdefinierten Einstellungen würde die Fähigkeiten und den Nutzen des Web-GIS steigern. So könnte beispielsweise die Möglichkeit eingeführt werden, die grafische Darstellung in der Ergebnisansicht nach persönlichen Bedürfnissen einzustellen. So könnten beispielsweise die Farbskalen dynamisch generiert oder vom Benutzer eigenständig angepasst werden.

- Anpassungen für den Fall, dass eine Infektion ausstirbt

Wie bereits im Kapitel zu den Ergebnissen hervorgehoben kann es zum Fall kommen, dass eine Infektion innerhalb einer Gemeinde ausstirbt. In diesem Fall bleibt jedoch die Gemeinde in der Datenbank als infiziert vermerkt. Für diese Fälle müsste eine Anpassung des Modells unter der Berücksichtigung einer performanten System-Architektur durchgeführt werden.

- Eine performantere Umsetzung mit höherem serverseitigen Rechenaufwand

Die aktuelle Umsetzung weist Schwächen hinsichtlich der Rechendauer und der Komplexität der Berechnung auf. Die Umstellung auf eine andere Software-Architektur nach dem Vorbild von GLEaMviz würde die rechenbaren Varianten und die Rechenzeit stark verbessern. Die Systemarchitektur von GLEaMviz ist in Abbildung 32 gezeigt.

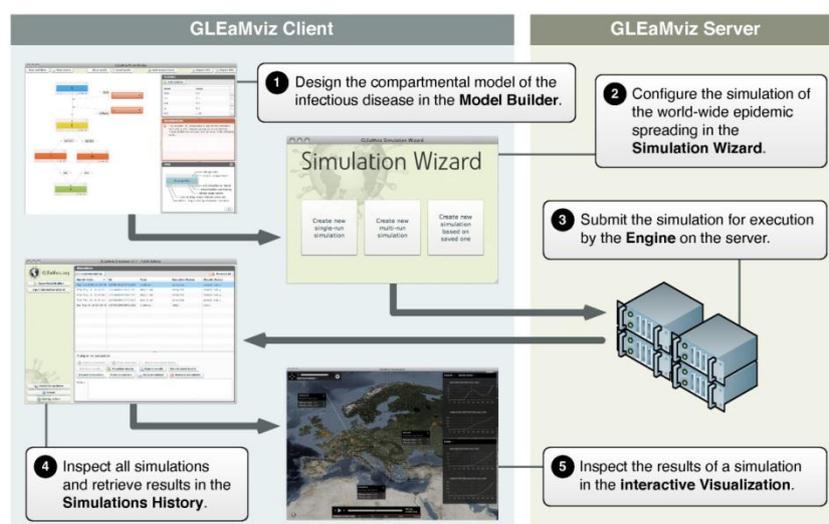


Abbildung 32 GLEaMviz als Beispiel für eine performantere Systemarchitektur

So wäre es ratsamer, eine Client-Anwendung zu entwickeln, in denen die Parameter für einen Krankheitsausbruch eingestellt werden können. Das Gesamtpaket könnte an einen Server geschickt werden, auf dem sämtliche Berechnung durchgeführt werden. Die Ergebnisse dieser Berechnung könnten nun wieder an den Client zurückgeschickt werden, um dort visualisiert und interpretiert zu werden.

Diese Form der System-Architektur würde wesentlich umfangreichere Möglichkeiten der Berechnung und Analyse bieten, wäre in der technischen Umsetzung dafür aber wesentlich anspruchsvoller.

- Eine Verfeinerung des epidemiologischen Modells auf Basis der bereits vorhandenen Bevölkerungsdaten, etwa der Altersklassen in Form einer Unterscheidung nach Kindern, Erwachsenen und Senioren

Das Modell lässt im Moment viele Faktoren aus. Wichtig für die Ausbreitung einer Krankheit innerhalb einer Bevölkerung ist im Moment alleine die Bevölkerungszahl. Es gibt keine Unterscheidung nach Bevölkerungsstruktur. Dies sollte geändert werden, um akkuratere Ergebnisse des Modells garantieren zu können. Vor allem eine Erweiterung des Modells hinsichtlich altersspezifischer Ausbreitungsmuster, etwa am Beispiel einer Krankheit, die ausschließlich Kinder befällt, wäre ein wichtiger nächster Schritt im Rahmen der Weiterentwicklung.

- Mehrere neue Krankheitsmuster (Unterscheidung der Übertragungsformen der Infektionskrankheiten)

Im Moment können nur direkt übertragbare Infektionskrankheiten zwischen Menschen berechnet werden. Auch die Berechnung der Übertragung von Geschlechtskrankheiten wurde im Rahmen dieser Arbeit ausgeklammert. Das System bietet in dieser Hinsicht noch viel Erweiterungspotential.

- Homogenisierung der Datenbasis

Die inhomogene Struktur der Daten machte die Schaffung von Ausnahmeregeln für den Algorithmus notwendig. Die Datenbasis geht fast ausschließlich von österreichischen Gemeinden aus, mit Ausnahme der Wiener Gemeindebezirke. Im Sinn einer Vereinfachung des Algorithmus und einer Verringerung des notwendigen händischen Prozessierens sollten die Daten in Zukunft homogen sein. Dies bedeutet entweder eine Verfeinerung der Struktur auf statistische Zählsprengel oder eine Generalisierung auf Gemeinden, was im Fall von Wien zu einer einzigen räumlichen Einheit führen würde.

- Umstellung der Einheit der Zeitschritte auf Wochen

Es gibt eine geringe räumliche Ausbreitungsdynamik bei einer Berechnungseinheit in Tagen. Es wäre besser, die Einheit der Zeitschritte auf Wochen umzustellen, um so auch die langfristige Dynamik eines Krankheitsausbruchs effektiver berechnen zu können.

- Implementierung von Gegenmaßnahmen, wie Impfungen oder Quarantäne, was Pendelströme und Reiseströme unterbrechen würde

In einem entwickelten Industriestaat wie Österreich sind Impfmaßnahmen allgegenwärtig und auch im Fall einer Seuche gibt es ergreifbare Gegenmaßnahmen, wie z.B. Quarantäne. Um eine höhere Realitätsnähe zu gewährleisten, müssten solche potentiellen Gegenmaßnahmen implementiert werden. Dieser Schritt wäre eine der umfangreicheren Maßnahmen. Gerade vor dem Hintergrund des Masern-Ausbruchs an der US-Westküste im Jänner 2015 (Bbc 2015) zeigt sich die immense Bedeutung von Impfungen.

- Implementierung von krankheitsbedingter Mortalität

Krankheiten können zum Tod führen. Diese Tatsache wurde im Rahmen dieser Masterarbeit nicht behandelt. Nachdem im Rahmen der Literaturrecherche keine mathematischen Formeln zur Inkludierung von Mortalität in epidemiologischen Modellen gefunden werden konnten, wurde dieser Punkt ausgelassen. Jedoch hat genau diese Frage eine besonders hohe Bedeutung. Dieser Punkt

dürfte in Rücksprache mit Epidemiologen und Statistikern bzw. Mathematikern, die in diesem Bereich arbeiten, lösbar sein und einen hohen Mehrwert für das erarbeitete System haben.

7.2. Diskussion über die Portierung des Modells auf andere Plattformen

Die Portierung des epidemiologischen Ausbreitungsmodells auf eine andere Plattform ist möglich und sinnvoll, jedoch auch abhängig von der dahinterstehenden Fragestellung. Im Fall einer realitätsnäheren Simulation, die einen höheren Rechenbedarf aufweist, wäre eine Umsetzung des entwickelten Algorithmus auf eine Working-Station angebracht. Sollen jedoch wie im Fall dieser Arbeit eher die Anschaulichkeit, Verständlichkeit und Zugänglichkeit im Vordergrund stehen, ist eine Portierung auf ein anderes System nur bedingt notwendig. Die Entwicklung einer App für Smartphones und Tablets würde eine Möglichkeit darstellen.

8. Fazit

In diesem abschließenden Kapitel wird ein Fazit über die Arbeit gegeben. Neben der Beantwortung der Forschungsfragen wird auch ein kritischer Blick auf das Modell und seine technische Realisierung geworfen.

8.1. Beantwortung der Forschungsfragen

Im folgenden Abschnitt geht es um die Beantwortung der in 1.3 formulierten Forschungsfragen. Die erste Forschungsfrage lautet hierbei:

I. Ist GIS ein taugliches Werkzeug zur Modellierung von Krankheitsausbreitung oder lediglich ein Tool zur Visualisierung der Ergebnisse?

Wie auch schon in der Literaturrecherche im Kapitel 3 aufgezeigt, handelt es sich bei GIS um ein sehr potentes Werkzeug bei der Berechnung und Visualisierung von epidemiologischen Fragestellungen. Dies gilt sowohl für die Beobachtung von aktuellen Zuständen und für die Analyse von bestehenden Daten als auch für die Modellierung.

Die Feststellung, dass die Beziehung zwischen Epidemiologie, Statistik und GIS zu einer Verbesserung im Bereich von Gesundheitsforschung führt, wurde auch bereits in der wissenschaftlichen Literatur gemacht (GATRELL & SENIOR 1999, S. 925-38).

Jedoch kann eine epidemiologische Karte abhängig von der Qualität und Quantität der verwendeten Daten und Methodologie nützlich, aber auch irreführend sein (RYTKÖNEN 2004).

Somit ist GIS äußerst tauglich, um solche Fragestellungen zu beantworten und hat zu ausreichend zufriedenstellenden Ergebnissen für diese Arbeit geführt, auch wenn es noch viel Raum für Verbesserungen gäbe.

II. Wie repräsentativ sind die Ergebnisse, die im Rahmen dieser Arbeit generiert werden?

Es gibt noch Anpassungen, die am Algorithmus getroffen werden müssten, um das Ausbreitungsverhalten von kaum ansteckenden Krankheiten besser zu modellieren.

Eine genaue Abschätzung von Krankheitszahlen kann nicht erwartet werden, stattdessen handelt es sich hierbei eher um Größenordnungen, die zu erwarten wären. Bei kritischer Betrachtung muss jedoch gesagt werden, dass dieses Modell keine verlässlichen Detailzahlen produziert.

III. Ist die Realisierung in Form eines Web-GIS eine taugliche Möglichkeit zur Berechnung und Visualisierung eines epidemiologischen Ausbreitungsmodells oder sind andere Umsetzungsmodelle besser geeignet?

Die Beantwortung dieser Fragestellung ist stark abhängig von den Erwartungen, die an das Modell gestellt werden.

Die Vorzüge eines Web-GIS liegen zweifelsohne in der Benutzerfreundlichkeit und der vielfältigen Möglichkeiten der Visualisierung. Wären nicht die Einschränkungen hinsichtlich des Datenschutzes, könnten sowohl das erstellte Web-GIS als auch die Daten in unterschiedlichsten Formaten zum Export angeboten und somit weitere Möglichkeiten zum Prozessieren und zur Berechnung, wie etwa mit Hilfe eines Desktop-GIS, gegeben werden.

Würde man jedoch auf eine umfassendere Modellierung setzen, die deutlich mehr Variablen heranzieht und einen stochastischen Ansatz verfolgt, wäre eine Umsetzung in einer anderen Entwicklungsumgebung ratsam, wie etwa die Entwicklung eines Algorithmus in Matlab, der auf einer Workstation läuft, die mehrere Stunden oder Tage rechnen könnte.

IV. Gibt es didaktische Ansätze, die über die Realisierung eines Web-GIS verfolgt werden können? Wenn ja, wie sehen diese aus und wie können sie genutzt werden?

Ja, im Rahmen der Beta-Tests dieser Arbeit wurde immer wieder deutlich, dass ein Web-GIS gut geeignet ist, um eine schnelle und leicht verständliche Einführung zum Thema Epidemiologie und GIS zu geben.

8.2. Reflexion des Workflows

Rückblickend gesehen würde ich einiges im Entwicklungs-Workflow anders machen, zum Beispiel mehr Zeit in die Literaturrecherche zu investieren. Damit wäre die Idee zur Umsetzung mit den

zellulären Automaten bereits früher aufgekommen. Das ursprünglich entwickelte System war in keiner Weise performant und hatte in seinen Ergebnissen kaum irgendeinen Wert.

8.3. Abschließende Worte

Die an die Arbeit gestellten Erwartungen und Ziele konnten zu großen Teilen erfüllt werden. Die Schwierigkeit lag in der Diversität der Ziele, als auch beim Anspruch an die Qualität der generierten Ergebnisse.

Die Benutzerfreundlichkeit und der Funktionsumfang des Web-GIS erfüllten nicht nur alle gestellten Erwartungen, sondern übertrafen diese sogar teilweise.

Bei der Komplexität des Algorithmus fällt das Resümee nicht ganz so positiv aus. Die Vorzüge eines Web-GIS sind nicht von der Hand zu weisen, jedoch gehen sie Hand in Hand mit den Nachteilen. Es müssen einfach Abstriche im Bereich der Rechendauer und der Komplexität des Modells gemacht werden. Es gibt wesentlich mehr Parameter, die man in die Berechnung der raum-zeitlichen Ausbreitung miteinbeziehen könnte, jedoch würde das auch zu einer höheren Rechendauer führen. Ein weiterer Punkt ist die Anzahl der zu berechnenden Zeitschritte, die meines Ermessens nach nicht ausreichend ist. Jedoch führt eine hohe Anzahl an Zeitschritten automatisch auch zu einer deutlichen höheren Rechenzeit und auch zu einem vorzeitigen Abbruch des Skripts, wodurch ein langfristiger Verlauf wieder nicht berechnet werden kann. Das sind die unangenehmen Nachteile einer web-basierten Lösung.

Generell ist die Umsetzung eines Modells zur Berechnung von Krankheitsausbreitung in dieser Form, nämlich als Umsetzung einer Masterarbeit einer einzelnen Person, nur unzureichend und wird dem Thema nicht gerecht. Räumliche Epidemiologie ist eine interdisziplinäre Disziplin und kann demzufolge von einer einzelnen Person kaum erfasst werden. Hier greifen Mathematik, Statistik, (Geo-)Informatik und Medizin stark ineinander, was zwangsläufig eine komplexe Aufbereitung des Themas erfordert.

Wie auch schon in Kapitel 7 zu den Entwicklungsperspektiven angedeutet, wäre die Bearbeitung eines solchen Themas im Rahmen einer interdisziplinären Forschungsgruppe sinnvoll. So könnten etwa Informatiker wichtige Beiträge zur Weiterentwicklung liefern, beispielsweise in Form der Entwicklung und Bereitstellung einer potenten Umgebung zur Berechnung des Modells und Bereitstellung der Ergebnisse, etwa in Form eines Desktop-Clients nach dem Vorbild von GLEaMviz.

Die Implementierung von deutlich komplexeren, statistischen Berechnungsmethoden könnte von Statistikern durchgeführt werden, um die Aussagekraft des Modells zu erhöhen.

Die Erweiterung der konfigurierbaren Einstellungen hinsichtlich unterschiedlicher Krankheiten, besonders im Hinblick auf unterschiedliche Übertragungswege, aber auch die Inkludierung und Gegenmaßnahmen, wie Impfungen oder auch Quarantäne, würden den Wert des Modells erheblich steigern. Durch die vielfältigen Möglichkeiten kann diese Arbeit als Basis für weitere Untersuchungen dienen.

Insgesamt bin ich mit den zu Tage geförderten Ergebnissen der Masterarbeit zwar zufrieden, bin mir jedoch auch der Unzulänglichkeiten des Modells bewusst. Realistischerweise kann dieses Modell nicht herangezogen werden, um potentielle Krankheitszahlen im Falle einer Epidemie zu berechnen. Womit ich jedoch zufrieden bin sind die Erkenntnisse, die ich im Rahmen der Bearbeitung des Themas gewonnen habe. Sowohl auf dem Gebiet der Web-Entwicklung, als auch im Bereich der angewandten Geoinformation und Epidemiologie konnte ich durch diese Arbeit viele Dinge lernen, die über die Inhalte des Masterstudiums weit hinausgehen.

9. Quellenverzeichnis

9.1. Literatur

Bartelme, N. (1989). GIS Technologie: Geoinformationssysteme. Landinformationssysteme und ihre Grundlagen. Springer-Verlag.

Bartelme, N. (2005). Geoinformatik: Modelle – Strukturen – Funktionen. 4. Auflage. Springer Verlag: Berlin.

Bonita, R., et al. (2006). Basic epidemiology. World Health Organization.

Carosio, A. (2006). Geoinformationssysteme. Eidgenössische Technische Hochschule Zürich, Institut für Geodäsie und Photogrammetrie.

De Lange, N. (2006). Geoinformatik: in Theorie und Praxis. Springer-Verlag.

Flanagan, D. (2006). JavaScript: the definitive guide, 5th Edition. O'Reilly Media, Inc.

Gatrell, A., & Senior, M. (1999). Health and health care applications. Geographical Information Systems, Wiley, New York.

Last, J. M. (Ed.). (2001). A dictionary of epidemiology (Vol. 4). New York: Oxford University Press.

Pschyrembel, W. (1998). Klinisches Wörterbuch. 258. Auflage. de Gruyter.

Ullman, C., & Dykes, L. (2007). Beginning Ajax. John Wiley & Sons.

Vynnycky, E., & White, R. (2010). An introduction to infectious disease modelling. Oxford University Press.

9.2. Papers

Abbey, H. (1952). An examination of the Reed-Frost theory of epidemics. Human biology 24.3: 201.

Alirol, E., et al. (2011). Urbanisation and infectious diseases in a globalised world. The Lancet infectious diseases, 11(2), 131-141.

Azman, A. S. et al. (2013). The incubation period of cholera: A systematic review. *Journal of Infection*, 66(5), 432-438.

Brockmann, D., David, V., & Gallardo, A. M. (2009). Human mobility and spatial disease dynamics. *Reviews of nonlinear dynamics and complexity*, 2, 1-24.

Broeck, W. V., et al. (2011). The GLEaMviz computational tool, a publicly available software to explore realistic epidemic spreading scenarios at the global scale. *BMC infectious diseases*, 11(1), 37.

Cintrón-Arias, A., et al (2009). The estimation of the effective reproductive number from disease outbreak data. *Mathematical Biosciences and Engineering*, 6(2), 261-282.

Elliott, P., & Wartenberg, D. (2004). Spatial epidemiology: current approaches and future challenges. *Environmental health perspectives*, 998-1006.

Gazzaniga, V. (2003). Giovanni Maria Lancisi and urology in Rome in early modern age. *Journal of nephrology*, 16(6), 939-944.

Hsieh, Y. H., van den Driessche, P., & Wang, L. (2007). Impact of travel between patches for spatial spread of disease. *Bulletin of mathematical biology*, 69(4), 1355-1375.

Jones, J. H. (2007). Notes on R0. Department of Anthropological Sciences Stanford University.

Kier, L. B., Seybold, P. G., & Cheng, C. K. (2005). *Modeling Chemical Systems using Cellular Automata*. Springer

Maio, S., et al. (2006). GIS for epidemiological studies. In 8th Agile Conference on GIS Sciences (S. 26-28).

Morabia, A. (Ed.). (2004). *A history of epidemiologic methods and concepts*. Springer Science & Business Media.

Mukandavire, Z., et al. (2013). Cholera in Haiti: reproductive numbers and vaccination coverage estimates. *Scientific reports*, 3.

Pfeifer, B., et al. (2010). An epidemiological modeling and data integration framework. *Methods of Information in Medicine*, 49(3), 290-296.

Ruankaew, N. (2005). GIS and epidemiology. *Journal of the Medical Association of Thailand*, 88(11), 1735-1738.

Rytkönen, M. J. (2004). Not all maps are equal: GIS and spatial analysis in epidemiology. *International journal of circumpolar health*, 63(1).

Vittadello, F., et al. (2010). Cancer mapping in alpine regions 2001-2005: Geographical distribution of cancer incidence and mortality in the eastern alpine regions. In *Epidemiologie & Prevenzione* (Vol. 34, No. 5-6, pp. 82-83). VIA RICCIARELLI N 29, MILANO, 20148, ITALY: INFERENZE SCARL.

White, S. H., et al. (2007). Modeling epidemics using cellular automata. *Applied Mathematics and Computation*, 186, 193-202.

Wolfram, S. (1983). Statistical mechanics of cellular automata. *Reviews of modern physics*, 55(3), 601.

9.3. Online

ARDAMIS 2009

<http://ardamis.com/2009/10/12/php-function-sum-values-associative-arrays/>
(Zugriff: 11/2014)

BASEMAP 2015

<http://www.basemap.at/index.html>
(Zugriff: 02/2015)

BBC 2015

<http://www.bbc.com/news/blogs-echochambers-30942928>
(Zugriff: 02/2015)

BUNDESMINISTERIUM FÜR VERKEHR, INNOVATION UND TECHNOLOGIE 2009

http://www.bmvit.gv.at/verkehr/gesamtverkehr/ausbauplan/downloads/prognose_2012_8.pdf
Zugriff: 02/2015

DATA.GV.AT 2014

https://www.ref.gv.at/uploads/media/OGD_1-0-0_20110928_01.pdf
<https://www.data.gv.at/katalog/dataset/c33d36b0-f184-4f2a-89cc-839ca7fcf88a>
<https://open.wien.at/site/datensatz/?id=2ee6b8bf-6292-413c-bb8b-bd22dbb2ad4b>
(Zugriff: 09/2014)

DGEPI 2015

<http://dgepi.de/arbeitsgruppen.html>

(Zugriff: 02/2015)

FRAGSTATS 2015

<http://www.umass.edu/landeco/research/fragstats/fragstats.html>

(Zugriff: 01/2015)

GLEAMVIZ 2015

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

(Zugriff: 02/2015)

GRIPPEMELDEDIENST DER STADT WIEN 2015

<https://www.wien.gv.at/gesundheit/einrichtungen/grippemeldedienst/>

(Zugriff: 02/2015)

NDEMIC CREATIONS 2015

<http://www.ndemiccreations.com/>

(Zugriff: 02/2015)

JQUERY 2015

<http://jquery.com/>

(Zugriff: 02/2015)

OPENLAYERS 2015

<http://docs.openlayers.org/>

(Zugriff: 02/2015)

OPENSTREETMAP 2015

<http://wiki.openstreetmap.org/wiki/About>

(Zugriff: 02/2015)

PGROUTING 2015

<http://pgrouting.org/>

(Zugriff: 02/2015)

PHP.NET 2015

<http://www.php.net/manual/en/preface.php>

(Zugriff: 01/2015)

POSTGIS 2015

<http://www.postgis.net/>

<http://www.postgis.net/docs/>

http://www.postgis.net/docs/ST_Touches.html

(Zugriff: 12/2014)

POSTGRESQL 2015

<http://www.postgresql.org/about/>

(Zugriff: 02/2015)

STATISTIK AUSTRIA 2015

http://www.statistik.at/web_de/ueber_uns/aufgaben_und_grundsaeetze/index.html

(Zugriff: 02/2015)

STEM 2015

<http://www.eclipse.org/stem/>

(Zugriff: 02/2015)

9.4. Abbildungen

Abbildung 1 John Snows Karte der Todesfälle der Cholera-Epidemie 1854

<http://commons.wikimedia.org/wiki/File:Snow-cholera-map.jpg>

(Zugriff: 02/2015)

Abbildung 2 Regionale Unterschiede der Sterbeziffer in Österreich

Statistik Austria – Österreichischer Todesursachenatlas 1998/2004.

http://www.statistik.at/web_de/static/sterblichkeit_todesursachen_insgesamt_19982004_nach_politischen_bezirken_030706.pdf

Abbildung 3 Karte der Magenkrebsfälle in der Alpenregion

Vittadello, F., et al. (2010). Cancer mapping in alpine regions 2001-2005: Geographical distribution of

cance incidence and mortality in the eastern alpine regions. In *Epidemiologie & Prevenzione* (Vol. 34, No. 5-6, pp. 82-83). VIA RICCIARELLI N 29, MILANO, 20148, ITALY: INFERENZE SCARL. S.87

Abbildung 4 Schematische Darstellung der Basic Reproduction Number

Vynnycky, E., & White, R. (2010). *An introduction to infectious disease modelling*. Oxford University Press. S. 7

Abbildung 5 Schematische Darstellung der Net Reproduction Number

Vynnycky, E., & White, R. (2010). *An introduction to infectious disease modelling*. Oxford University Press. S. 7

Abbildung 6 Schematische Darstellung der Abfolge der unterschiedlichen Perioden

Vynnycky, E., & White, R. (2010). *An introduction to infectious disease modelling*. Oxford University Press. S. 3

Abbildung 7 Übliche Modelle zur Beschreibung der Übertragung von Infektionen

Vynnycky, E., & White, R. (2010). *An introduction to infectious disease modelling*. Oxford University Press. S. 16

Abbildung 8 Aufbau und zentrale Teilbereiche der Geoinformatik

De Lange, N. (2006). *Geoinformatik: in Theorie und Praxis*. Springer-Verlag. S.4

Abbildung 9 Moore- und Von Neumann-Nachbarschaft

Pedersen, K.

<http://www.raywenderlich.com/66062/procedural-level-generation-games-using-cellular-automaton-part-1>

Zugriff: (02/2015)

Abbildung 10 Beispiel von benachbarten Zellen

Eigene Darstellung

Abbildung 11 Schematische Darstellung der Ausbreitung anhand von direkter Nachbarschaft

Eigene Darstellung

Abbildung 12 Schematische Darstellung der Ausbreitung innerhalb Wiens

Eigene Darstellung

Abbildung 13 Darstellung der potentiellen Infektionsziele

Eigene Darstellung

Abbildung 14 Verwendetes SEI(R)-Modell

Eigene Darstellung nach Vynnycky, E., & White, R. (2010). An introduction to infectious disease modelling. Oxford University Press. S. 16

Abbildung 15 Darstellung der GIS-Architektur und der verwendeten Technologien

Eigene Darstellung

Abbildung 16 Logo der Disease Map Austria

Eigene Darstellung

Abbildung 17 Stilisierter Titel

Eigene Darstellung

Abbildung 18 Screenshot der Startseite

Eigene Darstellung

Abbildung 19 Screenshot der Punkteingabe

Eigene Darstellung

Abbildung 20 Screenshot des Importmenüs

Eigene Darstellung

Abbildung 21 Screenshot der Ergebnisdarstellung

Eigene Darstellung

Abbildung 22 Kumulative Ausbreitung (links) und differenzielle Ausbreitung (rechts)

Eigene Darstellung

Abbildung 23 Screenshot der Gesamt-Statistik

Eigene Darstellung

Abbildung 24 Darstellung der Intensität der betroffenen Gemeinden

Eigene Darstellung

Abbildung 25 Diagramm-Darstellung am Beispiel Graz

Eigene Darstellung

Abbildung 26 Generierte Statistik Österreich (Grippe)

Eigene Darstellung

Abbildung 27 Generierte Statistik Graz (Grippe)

Eigene Darstellung

Abbildung 28 Generierte Statistik Österreich (Kaum ansteckende Krankheit)

Eigene Darstellung

Abbildung 29 Generierte Statistik Graz (Kaum ansteckende Krankheit)

Eigene Darstellung

Abbildung 30 Generierte Statistik Österreich (Hoch ansteckende Krankheit)

Eigene Darstellung

Abbildung 31 Generierte Statistik Graz (Hoch ansteckende Krankheit)

Eigene Darstellung

Abbildung 32 GLEaMviz als Beispiel für eine performantere Systemarchitektur

Broeck, W. V., et al. (2011). The GLEaMviz computational tool, a publicly available software to explore realistic epidemic spreading scenarios at the global scale. BMC infectious diseases, 11(1), 37. S. 4

9.5. Tabellen

Tab. 1 Auswirkungen der Dauer der Infectious Period

Eigene Tabelle

Tab. 2 Quell-Ziel-Relationen für den Personenverkehr nach Verkehrsmittel pro Wochentag

Daten aus der Verkehrsprognose Österreich

http://www.bmvit.gv.at/verkehr/gesamtverkehr/verkehrsprognose_2025/index.html

(Zugriff: 02/2015)

Tab. 3 Startpunkttabelle

Eigene Tabelle

Tab. 4 Ausgangszustand der Gemeindetabelle

Eigene Tabelle

Tab. 5 Gemeinde-Tabelle nach Setzen der Startgemeinde (Variante 1)

Eigene Tabelle

Tab. 6 Gemeinde-Tabelle nach Setzen der Startgemeinde (Variante 2)

Eigene Tabelle

Tab. 7 Gemeindetabelle zum Zeitpunkt t=2

Eigene Tabelle

Tab. 8 Gemeindetabelle zum Zeitpunkt t=3

Eigene Tabelle

Tab. 9 Anzahl der Grippe-Neuerkrankungen 2014

<https://www.wien.gv.at/gesundheit/einrichtungen/grippemeldedienst/>

(Zugriff: 02/2015)