

CORA

Covid-19 Optimization of Resource Allocation

Programm / Ausschreibung	Emergency-Call, Emergency-Call Coronavirus 2020, KLIPHA-Covid_19	Status	abgeschlossen
Projektstart	01.06.2020	Projektende	31.05.2021
Zeitraum	2020 - 2021	Projektlaufzeit	12 Monate
Keywords			

Projektbeschreibung

Mit diesem Projekt wollen wir einen Beitrag zur Kontrolle und Prävention von Infektionen im Rahmen der COVID-19-Pandemie durch Entwicklung eines datenbasierten hierarchischen Bayes'schen Inferenzmodells leisten. Damit soll eine Modellierung regional und demographisch variierender COVID-19-Infektionen aufgrund von unterschiedlich getroffenen politischen Maßnahmen ermöglicht werden. Dadurch kann sowohl Entscheidungsträgern im Gesundheitsbereich bzgl. einer adäquaten Ressourcenallokation als auch politisch Verantwortlichen bzgl. der Wirksamkeit getroffener Maßnahmen ein verbessertes Entscheidungs- und Planungsinstrument zur Verfügung gestellt werden.

In der Anfangsphase einer epidemischen Krankheitswelle zeigen epidemiologische Modelle in der Regel eine sehr starke Sensibilität gegenüber einer vergleichsweise kleinen Zahl von Datenpunkten. Dies liegt allerdings weniger an fehlerhaften Modellen, sondern vielmehr an der Dynamik von Infektionskrankheiten. Oftmals werden komplexe Modelle verwendet, die dennoch unter substanziellen Unsicherheiten leiden. Selbst die am weitesten fortgeschritten Modelle sind aktuell nicht vollständig in der Lage, die komplexen Details der Dynamik von Infektionswellen vorherzusagen. Angesichts des dringenden Bedarfs nach zugänglichen, auf einer fundierten mathematischen Grundlage basierenden, zuverlässigeren Prognosen in früheren Stadien einer Epidemie, verfolgen wir einen alternativen Ansatz. Unser Ziel ist es, ein möglichst einfaches Modell zu verwenden, das dennoch in der Lage ist, die generischen Merkmale einer gegebenen epidemischen Krankheitswelle zu beschreiben. Dies ermöglicht es, im Rahmen eines Bayes'schen Inferenzmodells, eine quantitative Abschätzung mit Unsicherheiten eines gegenwärtigen makroskopischen Zustands eines Infektionsausbruches auf der Basis jüngster Fallzahlen, zu generieren. Um die spezifischen Auswirkungen von Gegenmaßnahmen und regionale demographische Unterschiede zu berücksichtigen, planen wir das Bayes'sche Inferenzmodell in einem datenbasierten Rahmen vergangener Beobachtungen von Infektionsverläufen, um hierarchische Strukturen zu erweitern um eine bestmögliche Übertragbarkeit von verfügbaren Informationen auf gegenwärtige Situationen zu ermöglichen.

Im gegebenen epidemiologischen Kontext stellt diese eine offene Forschungsfrage dar, auch wenn ähnliche Strategien in anderen Bereichen komplexer dynamischer Systeme verfolgt wurden, jedoch unter besser kontrollierten experimentellen Bedingungen. Unter der Voraussetzung einer erfolgreichen Durchführung dieses Forschungsunternehmens im Kontext von COVID-19, sehen darüber hinaus ein enormes Potenzial, ähnliche Ereignisse, wie jährlich wiederkommende Grippewellen oder immer häufigeres Auftreten von Hitzewellen, besser zu bewältigen. Zusätzlich würden weitere, wichtige

Umweltfaktoren wie unterschiedliche regionale oder saisonale Klimabedingungen aufgrund, sowie demographische Unterschiede Berücksichtigung finden.

Abstract

In this project we aim to contribute to the control and prevention of infection in the ongoing COVID-19 pandemic, by establishing a data-driven hierarchical Bayesian inference framework for modeling regionally and demographically varying COVID-19 infections under different conditions of non-pharmaceutical interventions. This will power decision and planning support services to help healthcare officials in managing critical resource demand and elective care services, and allow political decision makers to anticipate the effects of non-pharmaceutical interventions from earlier phases of evolving outbreaks and evaluate the effect past interventions.

During the initial phase of an epidemic disease wave, realistic epidemiological models usually show a very strong sensitivity to the precise values of a comparably small number of highly volatile data points. This is not a flaw in the models themselves, but rather a generic feature of infectious disease waves and their dynamics. Often, this simple fact is masked by making the models more complicated via the introduction of many parameters with unnecessarily complex interactions with one another — sometimes even at the cost of omitting any quantification of the uncertainties involved. On the other hand, even the most advanced of these models, although requiring very demanding high-performance computations, are still not fully capable of accurately predicting the complex details of the dynamics of epidemic disease waves. Given the urgent need for practically useful, yet mathematically rigorous, sources of more reliable forecasts with clearly-stated uncertainties during earlier stages of an epidemic disease wave, we propose a different, more conservative, data-driven approach. We aim to use the simplest possible model that is still capable of reflecting the generic features of a given epidemic disease wave, while being applicable in a Bayesian inference framework to yield a quantitative description with uncertainties of the current macroscopic state of the outbreak, from recent case data. In order to account for the effects of countermeasures and regional demographic differences, we aim at a data-driven approach by extending the inference framework to account for hierarchical structures to maximally pool available information from past observations of disease outbreaks.

In the given context, this is an open research direction, although similar strategies were taken in other fields of complex dynamic systems under more controlled experimental conditions. Conditional on a successful outcome in the context of the current COVID-19 situation, we furthermore see a huge potential to tackle similar events, such as the yearly flu or the increasingly frequent occurrence of heatwaves. Additionally, environmental factors such as varying climate condition.

Projektpartner

- SOLGENIUM OG