



© privat

# Moritz Kraemer, DPhil

Associate Professor of Computational and Genomic Epidemiology

## Universität Oxford

from January to July 2023

Born in 1989 in Washington, D.C.

Studied Statistical Epidemiology at the University of Oxford and Harvard University

FELLOWSHIP

College for Life Sciences

### ARBEITSVORHABEN

## Analytical Framework for Pandemic-Resilient & Sustainable Cities

The COVID-19 pandemic has made visible the deficiencies in how we imagine, plan, and manage our cities and live together in them. Cities became the hotspots of COVID-19 transmission, and incidence variation within cities highlighted social and health inequalities. Also, cities are the main sources of carbon emissions today. On the other hand, cities in all their diversity have become the dominant form of human settlement and are the major driving force behind innovation, social change, and cultural and economic activity. Yet, little is known about which city forms are most resilient to absorbing shocks like those from infectious disease outbreaks and/or epidemics. I propose to build an interdisciplinary research programme at the intersection of pandemic sciences and environmental sustainability. This project aims to develop the backbone theory to enable future city planning to be more adaptive so the cities can be more liveable.

### Recommended Reading

Kraemer, Moritz U. G., Robert C. Reiner Jr., Oliver J. Brady, Jane P. Messina, Marius Gilbert, David M. Pigott, Dingdong Yi, et al. (2019). "Past and Future Spread of the Arbovirus Vectors *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus*." *Nature Microbiology* 4: 854–863. <https://doi.org/10.1038/s41564-019-0376-y>.

Kraemer, Moritz U. G., Chia-Hung Yang, Bernardo Gutierrez, Chieh-Hsi Wu, Brennan Klein, David M. Pigott, Open COVID-19 Data Working Group, et al. (2020). "The Effect of Human Mobility and Control Measures on the COVID-19 Epidemic in China." *Science* 368: 493–497. <https://doi.org/10.1126/science.abb4218>.

Kraemer, Moritz U. G., Verity Hill, Christopher Ruis, Simon Dellicour, Sumali Bajaj, John McCrone, Guy Baele, et al. (2021). "Spatiotemporal Invasion Dynamics of SARS-CoV-2 Lineage B.1.1.7 Emergence." *Science* 373: 889–895. <https://doi.org/10.1126/science.abj0113>.

# Die digitale und genomische Epidemiologie von Viren

Die Bekämpfung neu auftretender Infektionskrankheiten ist ein zentrales Problem unserer Zeit. Der zunehmende weltweite Handel und die wachsende Mobilität bringen Krankheitserreger mit neuen Populationen in Kontakt, so dass es immer häufiger zu Seuchenausbrüchen kommt. Die Störungen unserer Ökosysteme führen dazu, dass Übertragungsereignisse zwischen Tieren und Menschen zunehmen.

Eine Vorhersage, welches Virus die nächste Epidemie auslösen wird, ist derzeit nicht möglich. Stattdessen müssen wir neue Krankheitserreger, die Menschen befallen, schnell erkennen und sie analysieren, sobald sie auftauchen, und ihre Bekämpfung unter Verwendung aller Informationen planen, die uns in diesen frühen Phasen eines Ausbruchs zur Verfügung stehen.

Seit den 1980er Jahren hat die wissenschaftliche Forschung zur Dynamik von Infektionskrankheiten einen ausgefeilten mathematischen Rahmen entwickelt, der zur Pandemiebekämpfung und zur Unterstützung politischer Entscheidungen häufig eingesetzt wird. In diesem Rahmen werden Daten zu Fallzahlen in ihrer zeitlichen und räumlichen Entwicklung herangezogen, um die bisherige Ausbreitung zu quantifizieren, die künftige Übertragung vorherzusagen und um die Intensität der erforderlichen Interventionen und Impfmaßnahmen zu berechnen, die zur Beendigung einer Epidemie notwendig sind. Doch in den derzeitigen Ansätzen werden die neuen Informationsquellen über den Verlauf von Epidemien nicht immer voll ausgeschöpft. Werden diese vielversprechenden Datenquellen in epidemiologische Modelle miteinbezogen, kann die Genauigkeit und Zuverlässigkeit von Epidemieprognosen potenziell verbessert werden.

Dabei stehen zunehmend zwei neue Typen von Informationen über Epidemien zur Verfügung. Erstens können die Genomsequenzen von neu auftretenden Krankheitserregern fast so schnell erstellt werden, wie Infektionsfälle gezählt werden. Viren mutieren bei ihrer Ausbreitung, somit lässt sich anhand ihrer Genome nachvollziehen, wer wen infiziert hat – ein „genetischer Fußabdruck“ vergangener Ansteckungen. Zweitens sind jetzt digitale Datensätze zugänglich, die die Bevölkerungsdichte und Mobilität von Menschen in nie dagewesener Detailgenauigkeit beschreiben.

Ich stütze mich auf Konzepte aus der mathematischen Epidemiologie, der Phylodynamik von Krankheitserregern und der Wissenschaft von Netzwerken, um einen neuen Theoriekorpus zu erläutern, der diese unterschiedlichen Informationsquellen im Verbund analysieren kann. Anhand von Beispielen vergangener Ausbrüche möchte ich das Konzept veranschaulichen und zeigen, dass Entscheidungen und künftige Planungen zur Ressourcenzuweisung durch die Rückverfolgung von Viren mit modernen Methoden besser gesteuert werden können.

---

## PUBLIKATIONEN AUS DER FELLOWBIBLIOTHEK

Kraemer, Moritz ([Cambridge, Mass.],2023)

Dispersal patterns and influence of air travel during the global expansion of SARS-CoV-2 variants of concern

<https://kxp.k10plus.de/DB=9.663/PPNSET?PPN=1853554928>

Kraemer, Moritz (Washington, DC [u.a.],2021)

Spatiotemporal invasion dynamics of SARS-CoV-2 lineage B.1.1.7 emergence

<https://kxp.k10plus.de/DB=9.663/PPNSET?PPN=181311014X>

Kraemer, Moritz (Washington, DC [u.a.],2020)

The effect of human mobility and control measures on the COVID-19 epidemic in China

<https://kxp.k10plus.de/DB=9.663/PPNSET?PPN=1813108390>

Kraemer, Moritz (London,2019)

Past and future spread of the arbovirus vectors *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus*

<https://kxp.k10plus.de/DB=9.663/PPNSET?PPN=1813106509>  
Wissenschaftskolleg zu Berlin