

# Modelación y Simulación 2024

Lab 04

29.agosto.2024

En este laboratorio implementaremos una simulación de un modelo SIR, mediante un autómata celular.

Diseñar una simulación del sistema de EDO de Kermack y McKendrick, para el modelo SIR:

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\beta SI, \\ \frac{dI}{dt} &= \beta SI - \gamma I, \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I.\end{aligned}$$

Para ello, considere un grid rectangular de tamaño  $M \times N$ , en el cual cada celda  $(i, j)$  del grid tiene, en todo momento de la simulación, exactamente uno de los estados siguientes:

- 0: susceptible ( $(i, j)$  pertenece a la población  $S$ ),
- 1: infectado ( $(i, j)$  pertenece a la población  $I$ ),
- 2: recuperado ( $(i, j)$  pertenece a la población  $R$ ).

Usaremos también un grid temporal  $[0, T]$ , donde  $T \in \mathbb{N}$  es un parámetro que marca el tiempo donde termina la simulación. En su simulación, su función deberá recibir los siguientes parámetros:

- $M, N$ : tamaño del grid a utilizar,
- $T$ : límite temporal para la simulación,
- $I_0$ : el número inicial de celdas infectadas,
- $rad$ : el radio de interacción (radio de la vecindad para considerar interacciones),
- $\beta$ : el parámetro de probabilidad de infección,  $0 \leq \beta \leq 1$ ,
- $\gamma$ : el parámetro de probabilidad de recuperación,  $0 \leq \gamma \leq 1$ ,

La idea de la simulación es la siguiente. Al inicio, hay un número  $I_0$  de celdas infectadas (estado 1), las cuales deben localizarse de forma aleatorio dentro del grid. El resto de las celdas, comienzan en estado susceptible (estado 0).

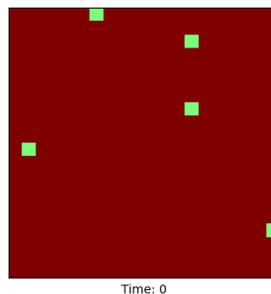


Figure 1: Población inicial con 5 individuos infectados en posiciones aleatorias.

En cada momento de la simulación, usted deberá considerar cada celda  $(i, j)$  y analizar su vecindad de radio  $rad$  (esta sería el subgrid de tamaño  $rad \times rad$  cuyo centro es la celda  $(i, j)$ ). Debe definir una lógica de contagio y una lógica de recuperación,

imitando la dinámica de las ecuaciones diferenciales de modelo SIR.

Para la dinámica de contagio (pasar del estado 0 al 1), debe tomar en cuenta el porcentaje de celdas infectadas en la vecindad, así como el parámetro  $\beta$  de probabilidad de contagio. Para la dinámica de recuperación (pasar del estado 1 al 2), únicamente debe tomar en cuenta el parámetro  $\gamma$  de probabilidad de recuperación.

En todo momento de su simulación, debe guardar un registro del grid completo (los estados de cada celda), así como de los conteos de las poblaciones  $S$ ,  $I$  y  $R$ . En la salida de su simulación, deberá devolver:

- el historial de estados del grid, a lo largo de toda la simulación,
- el historial de las cantidades  $S$ ,  $I$  y  $R$ , a lo largo de toda la simulación.

El historial del grid servirá para graficar de forma dinámica la evolución espacial del contagio:

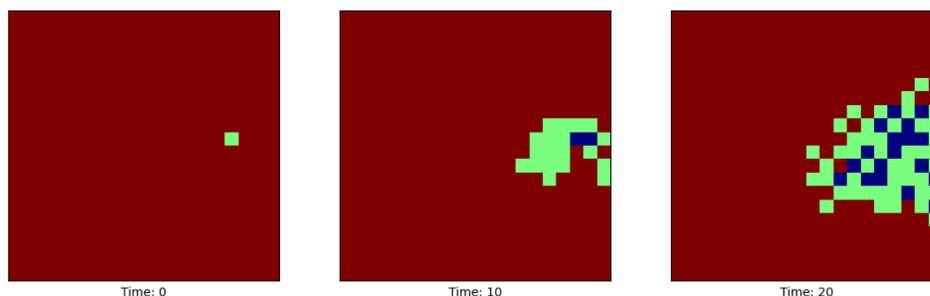
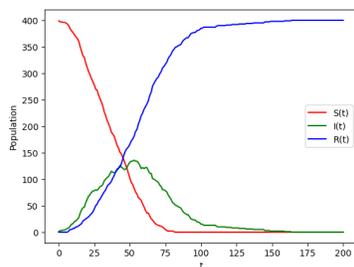


Figure 2: Secuencia de la dinámica del contagio en el tiempo  $t = 0$ ,  $t = 10$  y  $t = 20$ .

El historial de conteos se utilizará para graficar la dinámica de las cantidades  $S$ ,  $I$ ,  $R$ , como se ilustra en la siguiente figura:

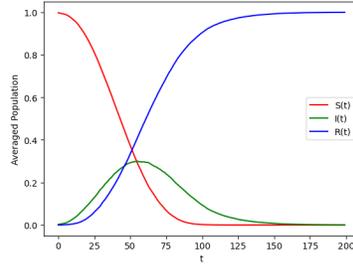


1. Ejecutar una simulación del modelo SIR, con parámetros de probabilidad  $\beta = 0.1$  y  $\gamma = 0.25$ . Utilice  $I_0 = 2$ . Graficar una secuencia de imágenes del grid, para ilustrar la dinámica espacial del contagio según este modelo. Ilustrar las gráficas obtenidas para la cantidad de las población  $S(t)$ ,  $I(t)$  y  $R(t)$  en varias ejecuciones distintas de su simulación. Compare sus resultados contra las curvas teóricas del modelo SIR. Discuta sus hallazgos.

2. Defina  $N_{exp}$  para un número de repeticiones de la simulación. Repita la ejecución de su simulador un total de  $N_{exp}$  veces, y grafique el promedio de las cantidades  $S(t)$ ,  $I(t)$  y  $R(t)$ , sobre todas las simulaciones (esto se hace para suavizar las curvas, y obtener un comportamiento promedio de la dinámica de las población). Compare nuevamente sus resultados contra las curvas teóricas.

Para un mismo tamaño  $M \times N$ , y un mismo número de contagios iniciales  $I_0$ , experimente con diferentes valores de parámetros  $\beta$  y  $\gamma$ .

¿Cómo cambian las curvas de contagio en función de estos parámetros? Describa y explique.



- Modifique su simulador para recibir una lista predefinida de posiciones  $(i_1, j_1), (i_2, j_2), \dots, (i_k, j_k)$  en lugar del número  $I_0$ . Estas posiciones  $(i_k, j_k)$  serán ahora las posiciones infectadas al inicio de su simulación. (Esto es, el simulador ya no las elige de forma aleatoria, sino que el usuario las envía como un parámetro más).

Repita de nuevo  $N_{exp}$  experimentos con este nuevo simulador, todos con una lista inicial de posiciones infectadas, que usted elige de forma aleatoria fuera del simulador, y que se mantienen iguales para todos los  $N_{exp}$  experimentos. Calcule la colección de todos los grids y sus historiales para todos los experimentos y calcule un grid de la dinámica espacial promedio. Si su colección de historiales de todos los grids es un numpy array de tamaño  $N_{exp} \times (T + 1) \times M \times N$ , entonces la idea es promediar sobre el eje de tamaño  $N_{exp}$ , para construir el grid promedio como un numpy array de tamaño  $(T + 1) \times M \times N$ .

Generar un video en formato mp4 en el que se visualice la dinámica espacial obtenida de esta simulación promedio. Para ello, investigue los recursos de la librería matplotlib para crear animaciones y videos `matplotlib.animation.FuncAnimation`, `matplotlib.animation.writers`.

Acompañe el video en los datos en la entrega de su laboratorio, y muestre *snapshots* de la evolución de la dinámica promedio en tiempos específicos (al menos 10 *snapshots*). Explique con sus palabras qué puede observar en esta simulación promedio.

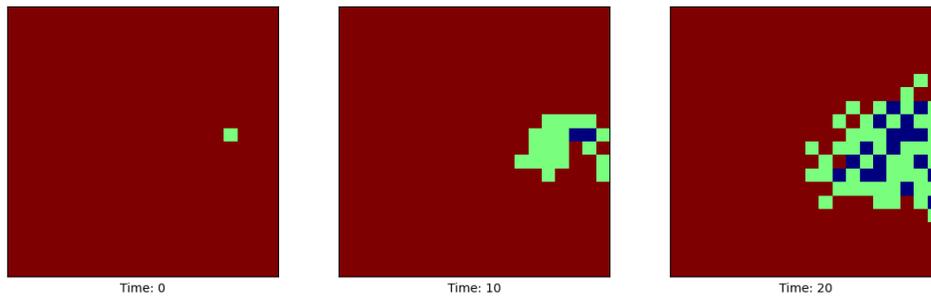


Figure 3: Ejemplo de una secuencia de *snapshots* en  $t = 0$ ,  $t = 10$  y  $t = 20$ .