

Proyecto

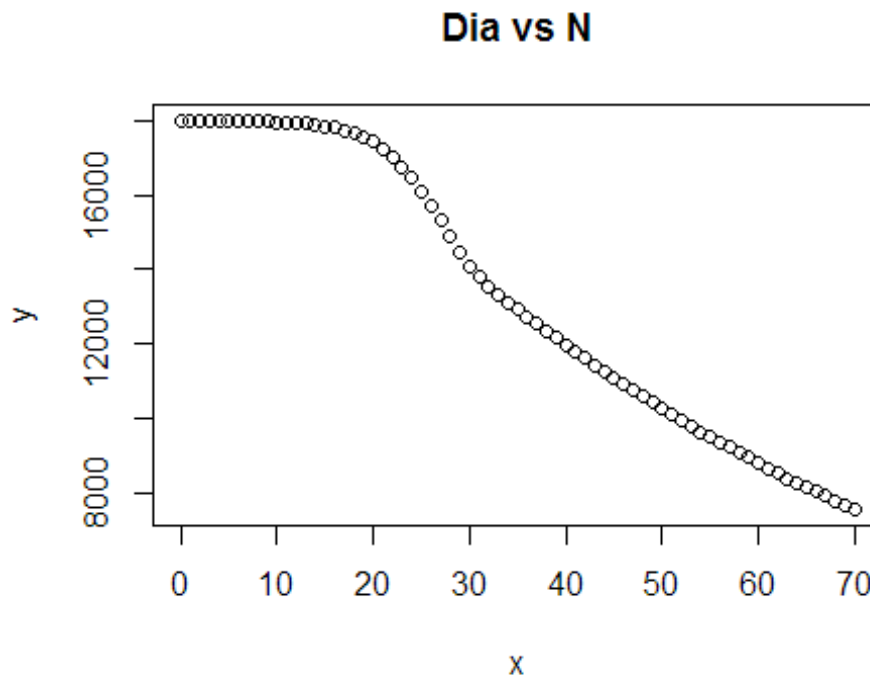
Nombre: Carlos Riera CI: 18.004.591 Sección C1

Primero leemos los datos de la traza:

```
data = read.csv("D:/traza.csv")
```

- Graficamos la población N con respecto a los días:

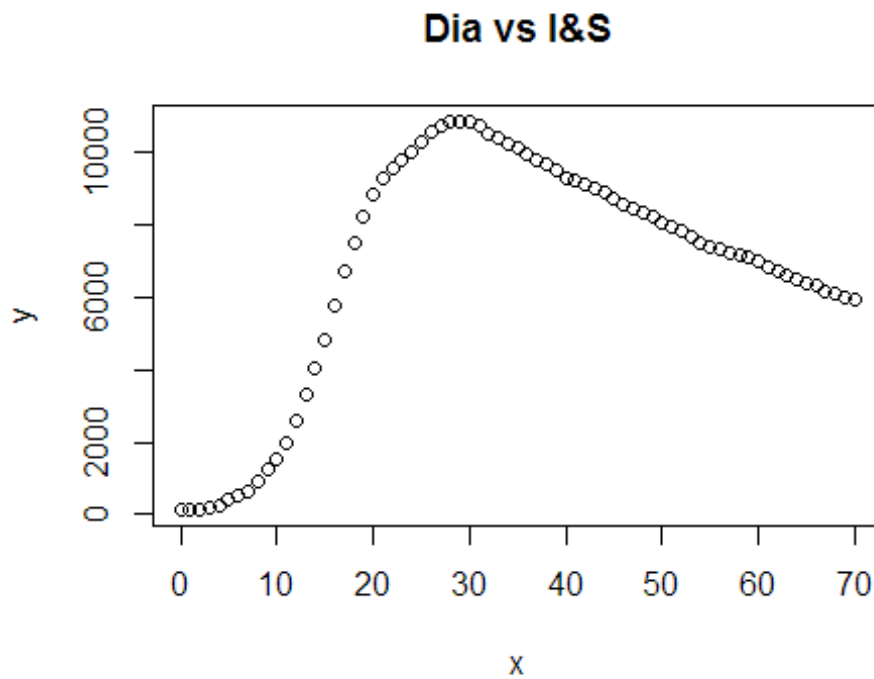
```
x = data$Dia  
y = data$N  
  
plot(x = x, y = y, main = "Dia vs N")
```



Se puede apreciar que la población disminuye con el paso de los días, nunca sube, solo decrece o se mantiene.

Ahora graficamos los infectados y sanos con respecto a los días:

```
y = data$I.S  
  
plot(x = x, y = y, main = "Dia vs I&S")
```

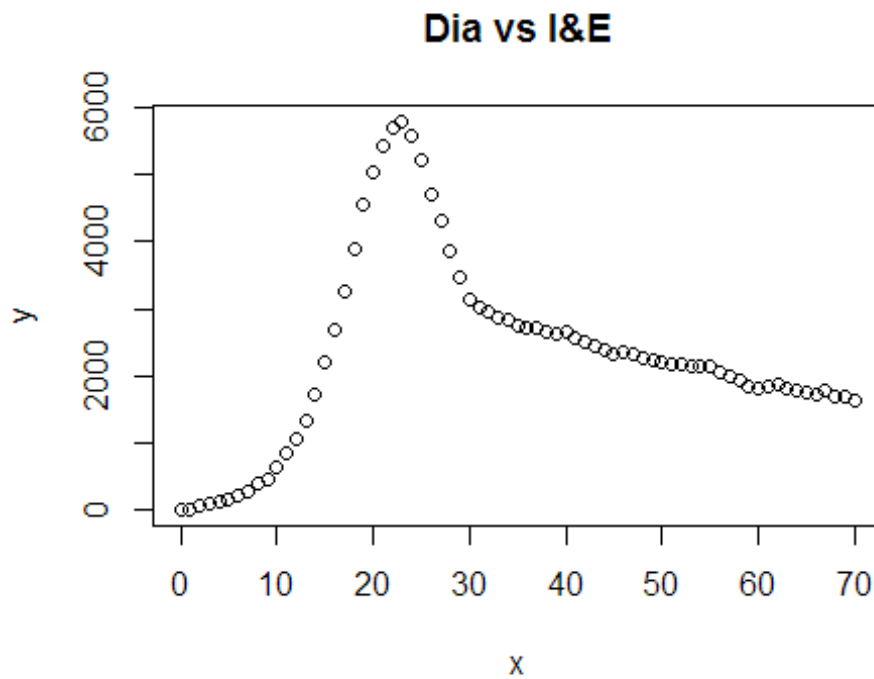


Dado que el factor de contagio es muy alto (factor de contagio = 0.9), los primeros 30 días la cantidad de infectados crece rápidamente. Como los individuos no pueden volver a estar sanos, la probabilidad de que se vuelvan a infectar es muy baja (factor de mutación = 0.1), por eso después de los primeros 30 días los individuos se siguen infectando pero a una tasa muy lenta, por eso la cantidad decrece de ahí en adelante.

- Ahora graficamos los infectados y enfermos:

```
y = data$I.E
```

```
plot(x = x, y = y, main = "Dia vs I&E")
```

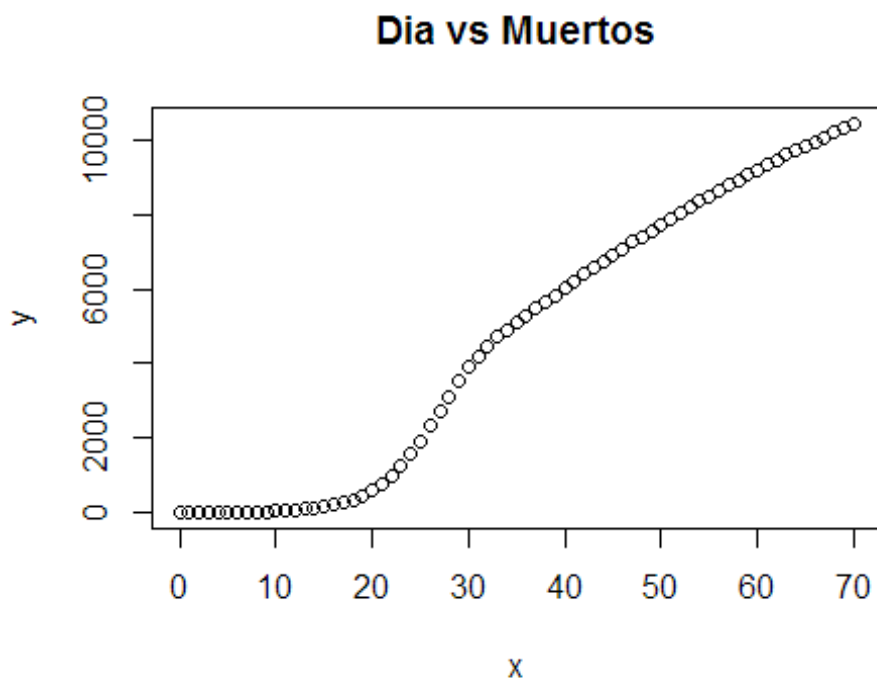


Aquí sucede un fenómeno igual al de la gráfica de los infectados sanos, crece rápidamente al principio pero a medida que pasa el tiempo y los individuos solo tienen chance de recaer, disminuye la cantidad dado que la probabilidad de recaída es muy baja.

- La siguiente gráfica es la de Muertos con respecto al tiempo:

```
y = data$Muertos
```

```
plot(x = x, y = y, main = "Dia vs Muertos")
```

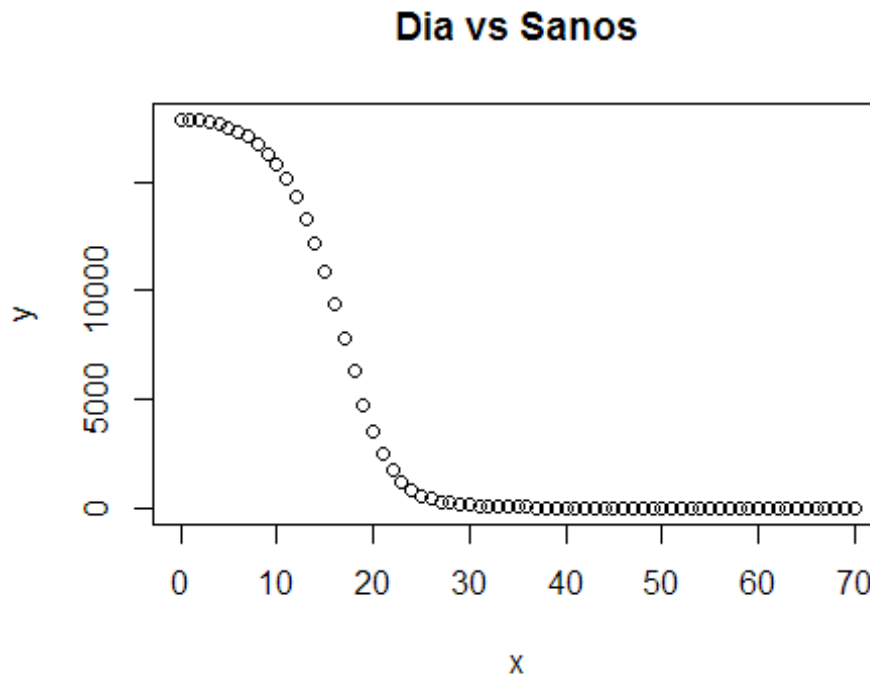


Vemos que la tasa de muertos crece lentamente al principio, entre el día 20 y 30, que es cuando la cantidad de infectados y la cantidad de enfermos crece de manera rápida, la cantidad de individuos muertos también empieza a crecer y después sigue creciendo de manera lineal hasta el final de la simulación.

- Por último graficamos la tasa de individuos sanos con respecto al tiempo:

```
y = data$S
```

```
plot(x = x, y = y, main = "Dia vs Sanos")
```



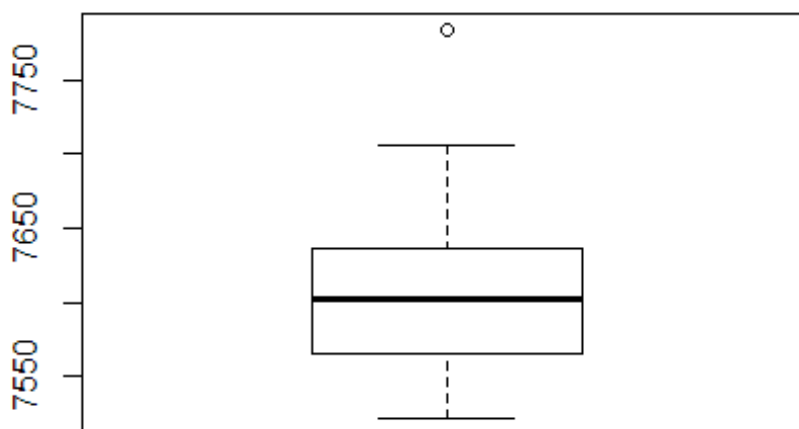
Lo que se aprecia es consecuencia de lo que se discutió antes, un individuo puede estar sano una sola vez y el chance de infectarse es muy alto, por eso la cantidad de individuos sanos cae rápidamente hasta llegar a 0.

Ahora analizamos los datos de salida:

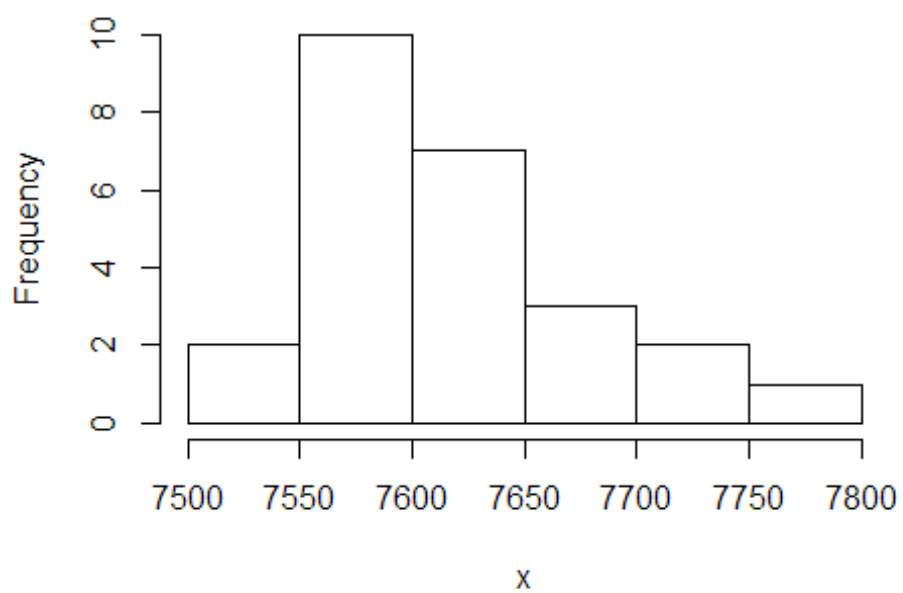
```
data = read.csv("D:/salida.csv")
```

- **N_Final:**

Box plot de N



Histograma de N



Mediana:

```
median(x)
```

```
## [1] 7602
```

Promedio:

```
mean(x)
```

```
## [1] 7612.28
```

Valor Mínimo:

```
min(x)
```

```
## [1] 7522
```

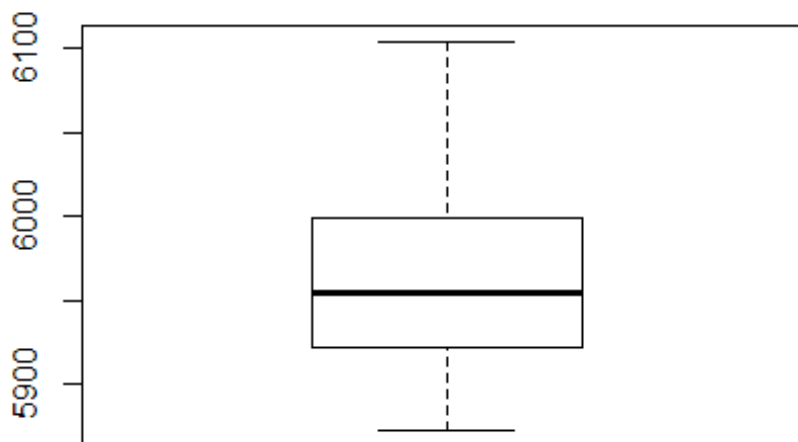
Valor Máximo:

```
max(x)
```

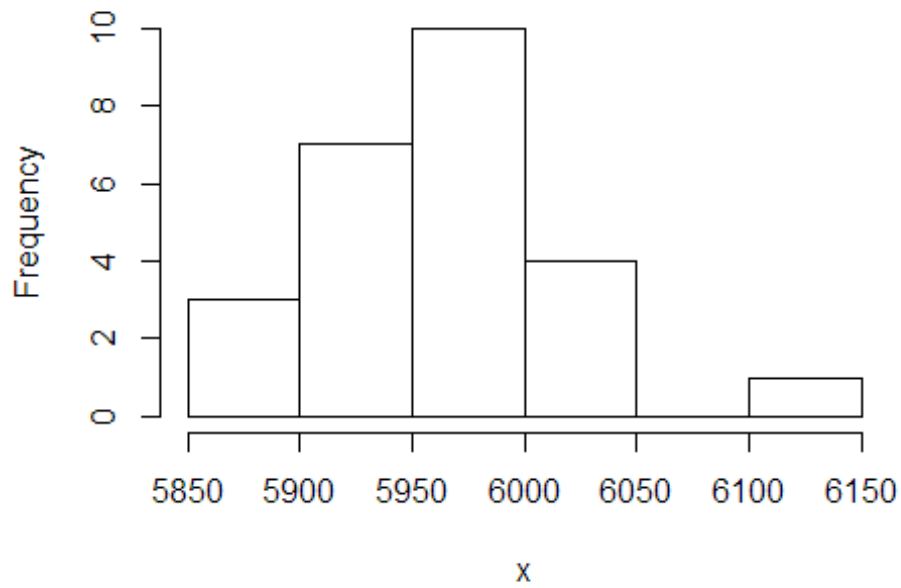
```
## [1] 7784
```

-
- **I&S_Final:**

Box plot de I&S



Histograma de I&S



Mediana:

```
median(x)
```

```
## [1] 5955
```

Promedio:

```
mean(x)
```

```
## [1] 5961.76
```

Valor Mínimo:

```
min(x)
```

```
## [1] 5873
```

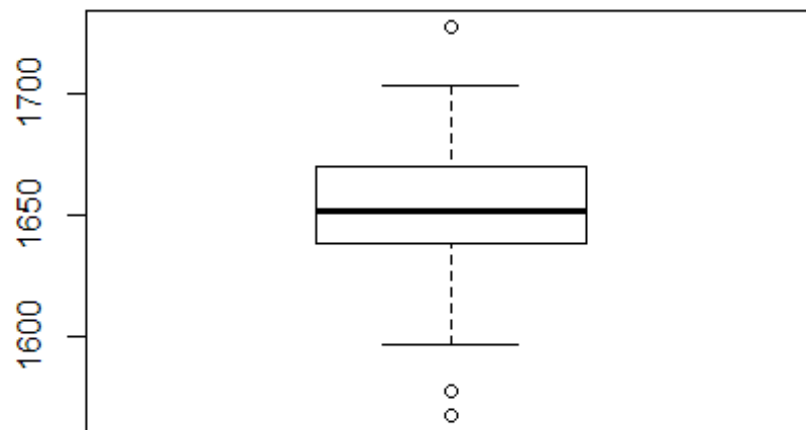
Valor Máximo:

```
max(x)
```

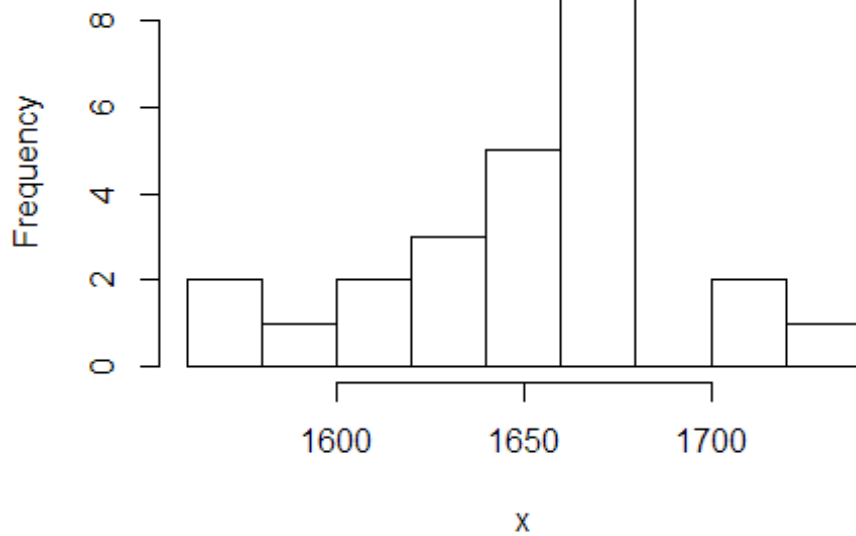
```
## [1] 6104
```

- I&E_Final:

Box plot de I&E



Histograma de I&E



Mediana:

```
median(x)
```

```
## [1] 1652
```

Promedio:


```
mean(x)
```

```
## [1] 1650.48
```

Valor Mínimo:

```
min(x)
```

```
## [1] 1567
```

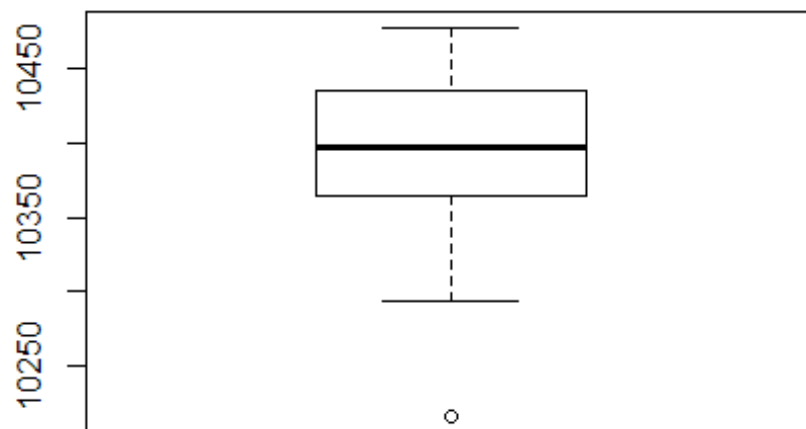
Valor Máximo:

```
max(x)
```

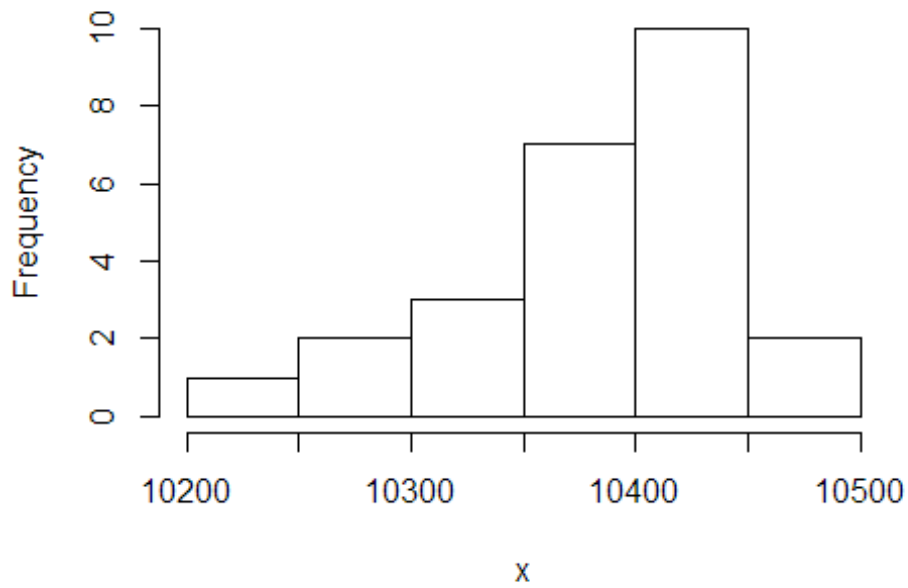
```
## [1] 1728
```

-
- **Muertos:**

Box plot de Muertos



Histograma de Muertos



Mediana:

```
median(x)
```

```
## [1] 10398
```

Promedio:

```
mean(x)
```

```
## [1] 10387.72
```

Valor Mínimo:

```
min(x)
```

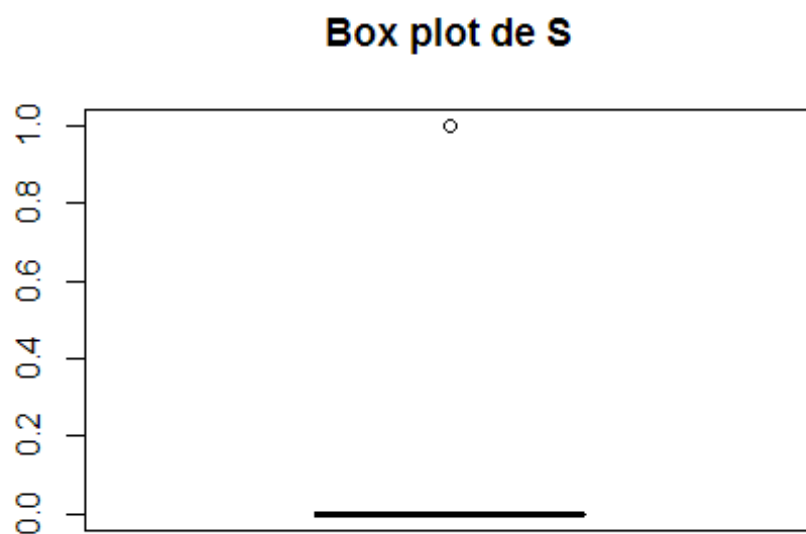
```
## [1] 10216
```

Valor Máximo:

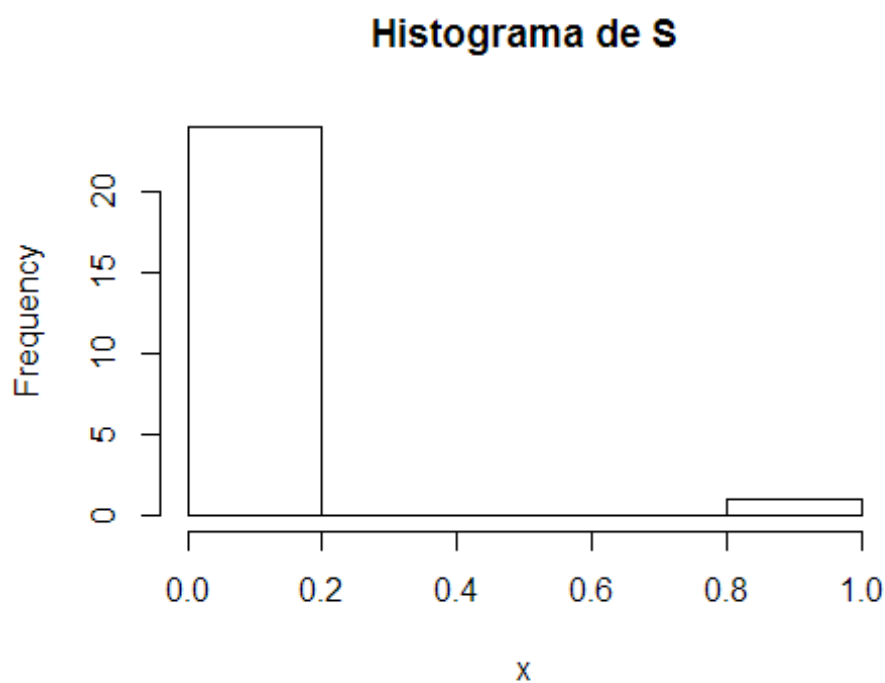
```
max(x)
```

```
## [1] 10478
```

- S:



En esta muestra la mayoría de las veces no quedaban individuos sanos, por eso se muestra como dato atípico las veces que 1 individuo sobrevivió.



Mediana:

```
median(x)
```

```
## [1] 0
```

Promedio:

```
mean(x)
```

```
## [1] 0.04
```

Valor Mínimo:

```
min(x)
```

```
## [1] 0
```

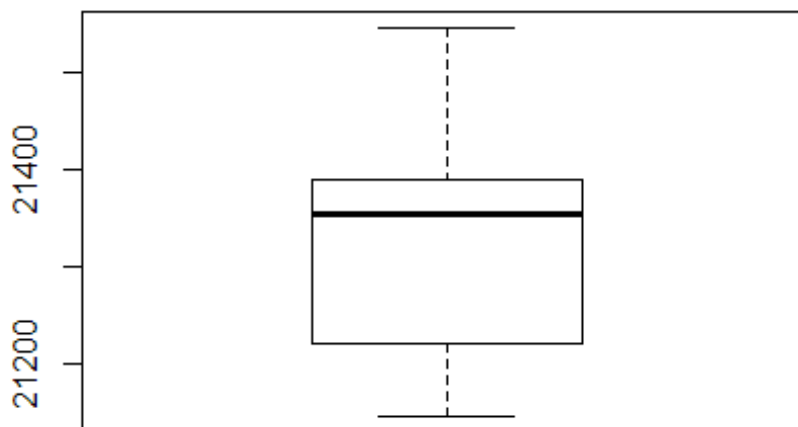
Valor Máximo:

```
max(x)
```

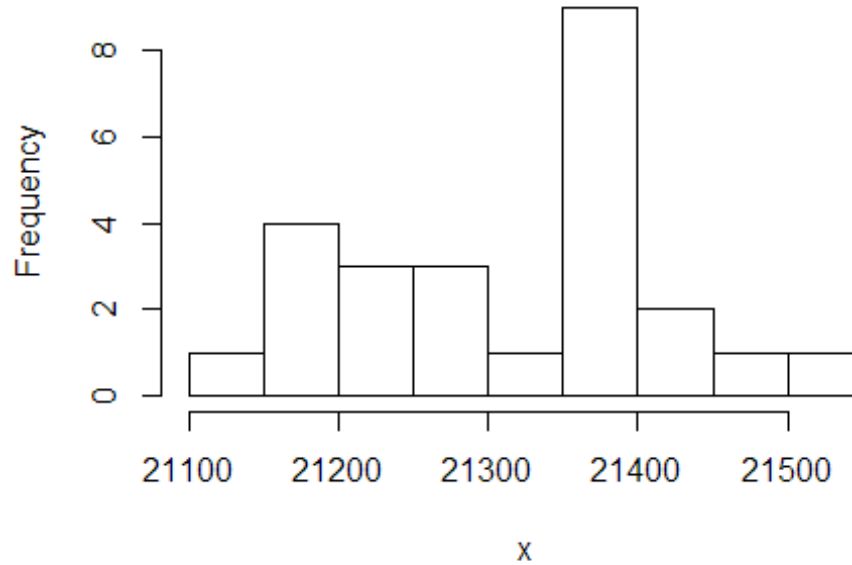
```
## [1] 1
```

-
- **Costo Acumulado:**

Box plot de Costo Acumulado



Histograma de Costo Acumulado



Mediana:

```
median(x)
```

```
## [1] 21354.7
```

Promedio:

```
mean(x)
```

```
## [1] 21318.78
```

Valor Mínimo:

```
min(x)
```

```
## [1] 21145.6
```

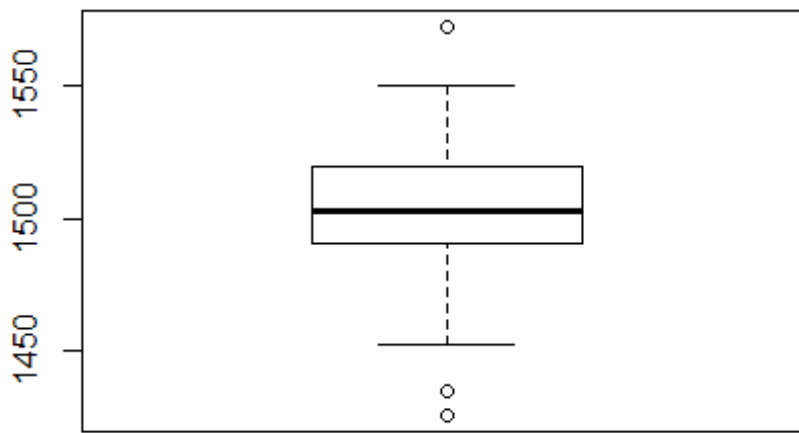
Valor Máximo:

```
max(x)
```

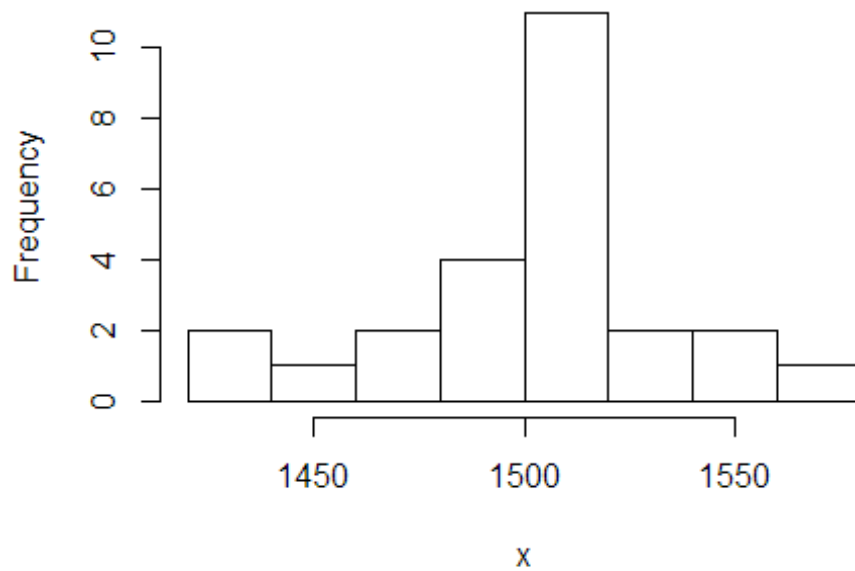
```
## [1] 21545.8
```

- Costo Enfermedad Final:

Box plot de Costo Enfermedad Final



Histograma de Costo Enfermedad Final



Mediana:

```
median(x)
```

```
## [1] 1503.32
```

Promedio:

```
mean(x)
```

```
## [1] 1501.937
```

Valor Mínimo:

```
min(x)
```

```
## [1] 1425.97
```

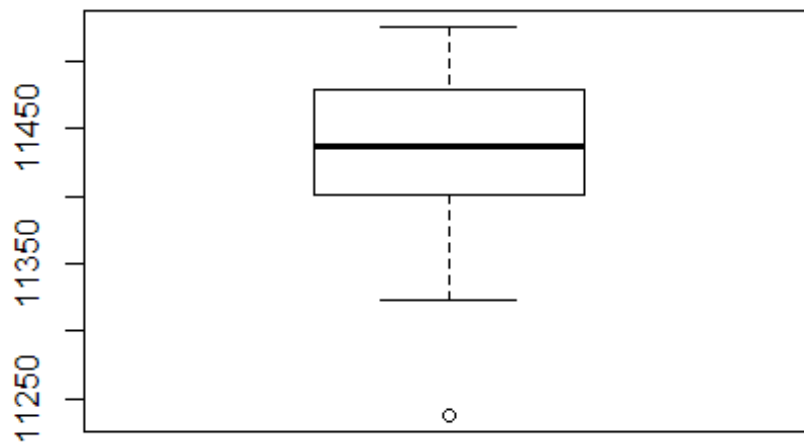
Valor Máximo:

```
max(x)
```

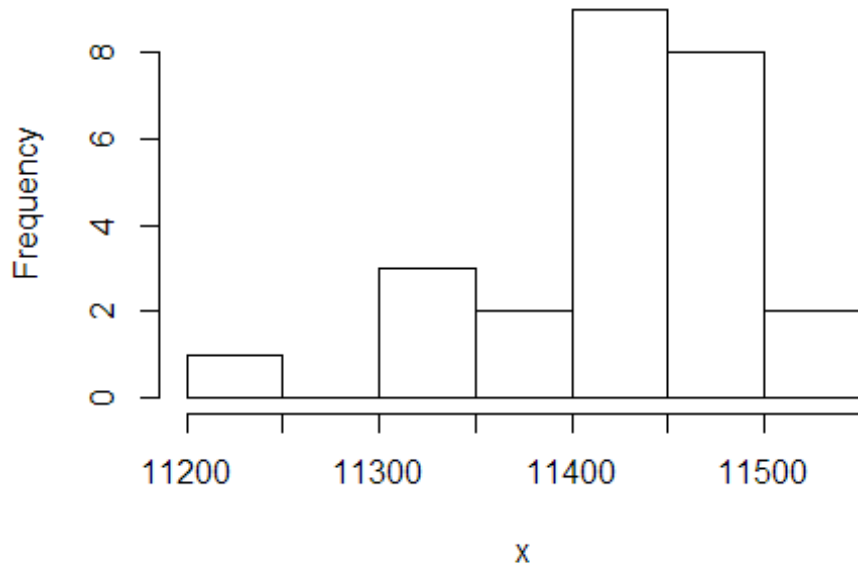
```
## [1] 1572.48
```

-
- **Costo Muerte Final:**

Box plot de Costo Muerte Final



Histograma de Costo Muere Final



Mediana:

```
median(x)
```

```
## [1] 11437.8
```

Promedio:

```
mean(x)
```

```
## [1] 11426.49
```

Valor Mínimo:

```
min(x)
```

```
## [1] 11237.6
```

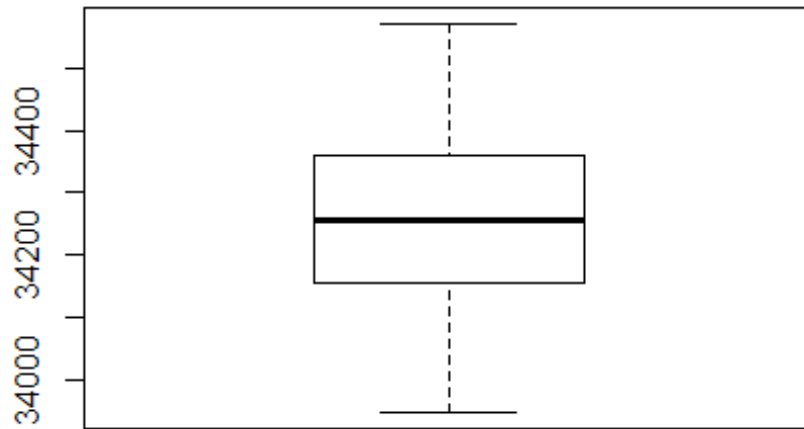
Valor Máximo:

```
max(x)
```

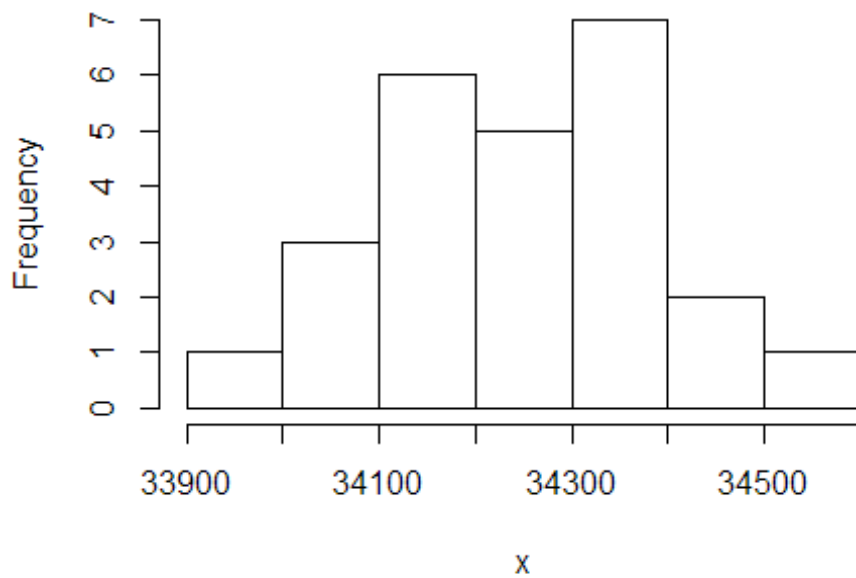
```
## [1] 11525.8
```

- Costo Total:

Box plot de Costo Total



Histograma de Costo Total



Mediana:

```
median(x)
```

```
## [1] 34257.06
```

Promedio:

```
mean(x)
```

```
## [1] 34247.2
```

Valor Mínimo:

```
min(x)
```

```
## [1] 33946.8
```

Valor Máximo:

```
max(x)
```

```
## [1] 34572.19
```

Obtenemos un intervalo de confianza del 99% para CostoTotal

```
t.test(x, conf.level=0.99)
```

```
##
```

```
## One Sample t-test
```

```
##
```

```
## data: x
```

```
## t = 1121.5, df = 24, p-value < 2.2e-16
```

```
## alternative hypothesis: true mean is not equal to 0
```

```
## 99 percent confidence interval:
```

```
## 34161.79 34332.62
```

```
## sample estimates:
```

```
## mean of x
```

```
## 34247.2
```

Ahora respondemos las siguientes preguntas:

¿Cómo varía CostoTotal de cada corrida al cambiar valor del parámetro $0 < \text{Factor_Contagio} < 1$?

Se realizaron otras 25 corridas usando como parámetro `Factor_Contagio = random.uniform(0,1)`.

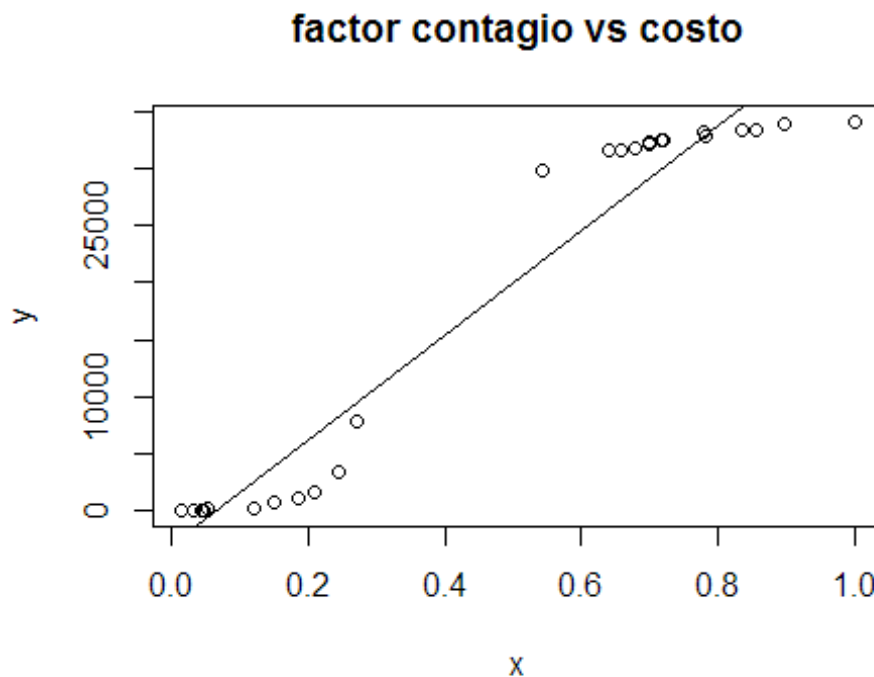
Seleccionamos las columnas de interés y hallamos el modelo lineal correspondiente a los datos.

```
data = read.csv("D:/salida_1.csv")

x=data$factor_contagio
y=data$CostoTotal

data_sub = subset(x = data, select = c("factor_contagio", "CostoTotal"))

plot(x = x, y = y, main = "factor contagio vs costo")
regresion <- lm(y ~ x, data = data_sub)
abline(regresion)
```



Como podemos ver en la gráfica, El comportamiento de los datos sigue un modelo lineal positivo, pareciera que existe una alta correlación entre el factor de contagio y el costo total.

Podemos comprobarlo calculando la correlación entre las variables:

```
cor(x,y)

## [1] 0.9699476
```

Si lo analizamos bien, tiene sentido que exista una relación directa entre el factor de contagio y el costo total, mientras más alto el chance de infectarse, más individuos se enferma lo que significa más costos acumulados por enfermedad y por muertes.

¿Cómo varía CostoTotal de cada corrida al cambiar el valor del parámetro $0 < \text{Factor_Muta} < 1$?

Se realizaron otras 25 corridas usando como parámetro $\text{Factor_Muta} = \text{random.uniform}(0,1)$.

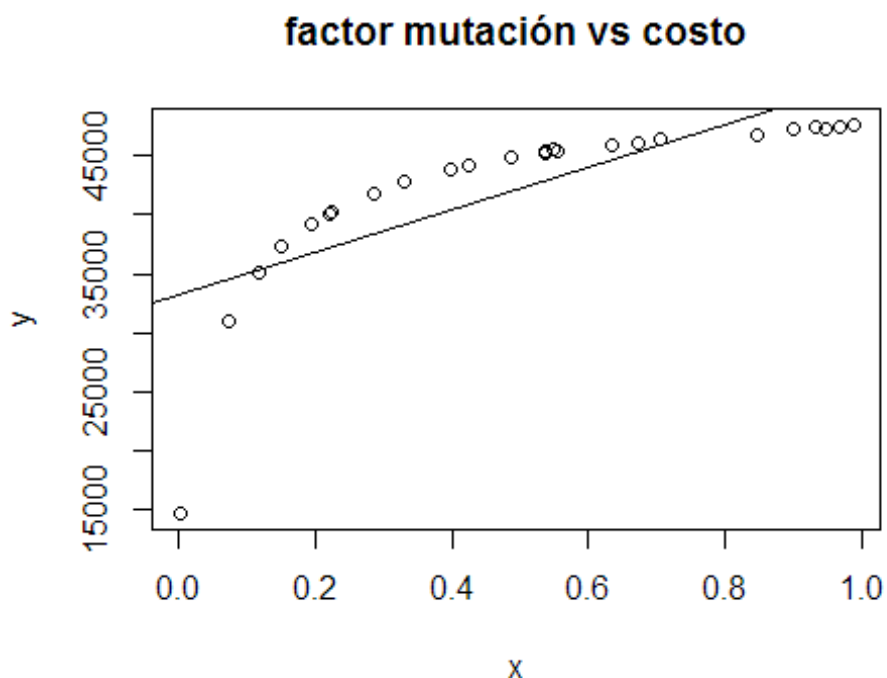
Seleccionamos las columnas de interés y hallamos el modelo lineal correspondiente a los datos.

```
data = read.csv("D:/salida_2.csv")

x=data$factor_muta
y=data$CostoTotal

data_sub = subset(x = data, select = c("factor_contagio", "CostoTotal"))

plot(x = x, y = y, main = "factor mutación vs costo")
regresion <- lm(y ~ x, data = data_sub)
abline(regresion)
```



Como podemos ver en la gráfica, pareciera que existiera una correlación positiva, aunque podría encontrarse un modelo de regresión que se ajuste mejor a los datos.

Calculamos la correlación:

```
cor(x,y)

## [1] 0.768082
```

Se acerca bastante a 1 por lo que podemos concluir mientras mayor sea el factor de mutación, más individuos se enfermarán lo que traerá mayores costos por enfermedad y costos por muertes.