CAsimulations: Modelación de dinámicas topológicas en la propagación de una enfermedad usando autómatas celulares

Jorge Andres Ibañez Huertas, Carlos Isaac Zainea Maya

Universidad Central, Bogotá

Introducción

Aunque es imposible determinar dónde y en qué momento aparecerá un nuevo brote de una enfermedad, es posible analizar su comportamiento con el objetivo de establecer medidas de control que frenen su propagación y a su vez se eviten problemas de salud relevantes.

Introducción

Aunque es imposible determinar dónde y en qué momento aparecerá un nuevo brote de una enfermedad, es posible analizar su comportamiento con el objetivo de establecer medidas de control que frenen su propagación y a su vez se eviten problemas de salud relevantes.

Nos enfocaremos únicamente en los modelos compartimentales, y más específicamente, en los modelos basados en agentes, debido a su capacidad de simular comportamientos globales a partir de dinámicas individuales.

¿Cuál es el nivel de incidencia de las interacciones sociales individuales en la propagación de una enfermedad?

Objetivos

1. Proporcionar una metodología para formular modelos epidemiológicos basados en agentes, a partir de patrones y reglas lógicas.
2. Crear una librería en Python que permita analizar la propagación de una enfermedad, en función de las interacciones sociales individuales.
3. Determinar el impacto de las interacciones sociales en la propagación de una enfermedad.

Tabla de Contenidos

Modelos compartimentales

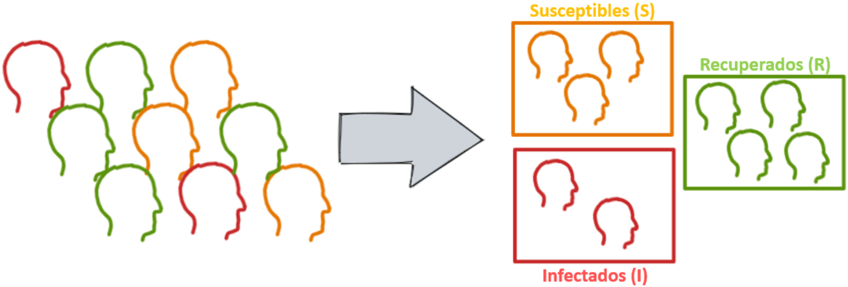


Figura: Clasificación de individuos por estado de salud.

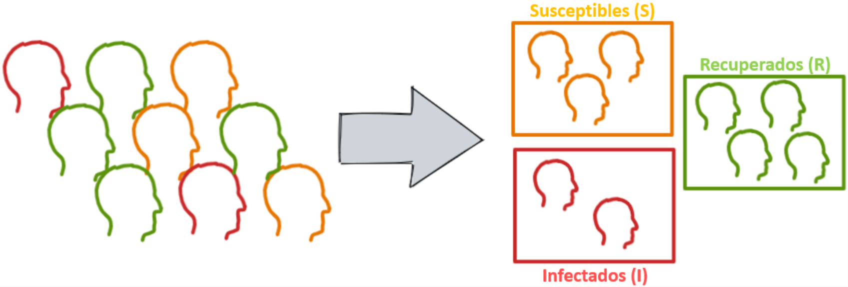


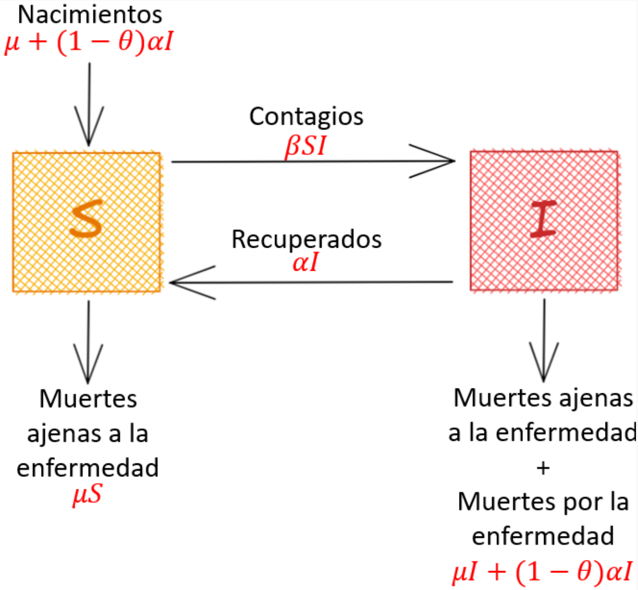
Figura: Clasificación de individuos por estado de salud.

Nota: Usaremos las versiones con tamaño de población constante de los modelos SIS y SIR. Se espera que en futuras investigaciones se profundice en poblaciones de tamaño variable.

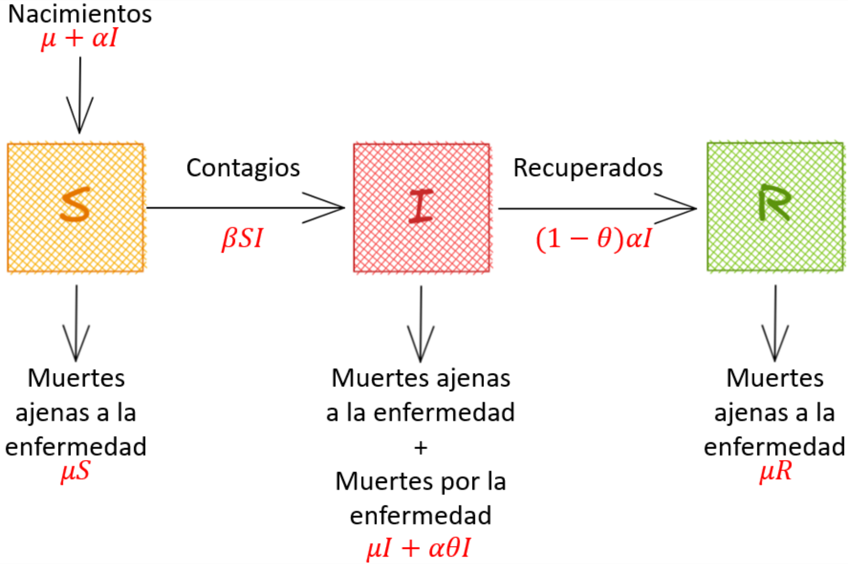
Parámetros de los modelos SIS y SIR

- **Tasa de infección** β Probabilidad que tiene un individuo susceptible de adquirir la enfermedad luego de tener contacto con un infectado.
- **Tasa de recuperación** α Probabilidad de que un infectado se recupere de la enfermedad.
- **Tasa de natalidad/mortalidad** μ**.**
- **Tasa de muerte por enfermedad** θ**.**

Modelos compartimentales: Modelo SIS



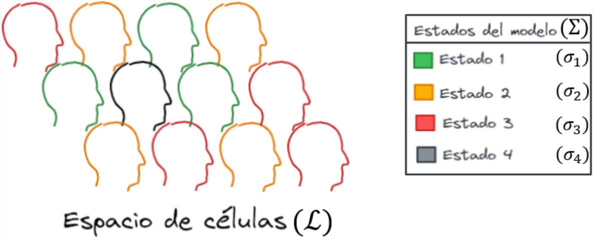
Modelos compartimentales: Modelo SIR



Autómatas celulares

Podemos pensar en un **autómata celular** como un conjunto de células que tienen diferentes comportamientos en el tiempo y que interactúan entre sí, de la misma manera que en un sistema biológico.

Podemos pensar en un **autómata celular** como un conjunto de células que tienen diferentes comportamientos en el tiempo y que interactúan entre sí, de la misma manera que en un sistema biológico.



Las **reglas** que rigen el comportamiento de los estados de las células depende del estado de sus vecinos. Se deben aplicar en simultáneo sobre cada una de las células.

Vecindad/Familia de vecindades

Sean X un espacio topológico y $x \in X$. Diremos que un subconjunto V de X es una *vecindad* de x, si existe un abierto A tal que $x \in A \subseteq V$. Denotaremos por $\mathcal{V}(x)$ a la familia de todas las vecindades de x.

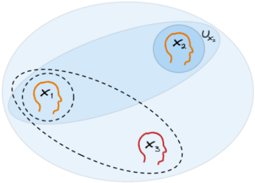


Figura: Familia de vecindades $\mathcal{V}(x_2)$

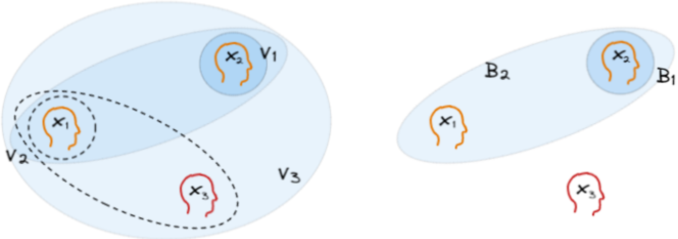
Base

Recordemos que para que una colección $\mathcal{C}$, sea una **base de una topología** τ, de un conjunto X, debe ocurrir que para cada abierto $U \in \tau$ y cada $x \in U$, existe un conjunto $C \in \mathcal{C}$ tal que $x \in C \subseteq U$.

UNIVERSIDAD CENTRAL

Sistema fundamental de vecindades

Para un punto x en un espacio topológico X, un subconjunto $\mathcal{B}(x)$ de $\mathcal{V}(x)$ es un **sistema fundamental de vecindades de** x sí para cada $V \in \mathcal{V}(x)$, existe $B \in \mathcal{B}(x)$ tal que $B \subseteq V$.



Familia de vecindades
$\mathcal{V}(x_2)$

Sistema fundamental
de vecindades
$\mathcal{B}(x_2) \subseteq \mathcal{V}(x_2)$

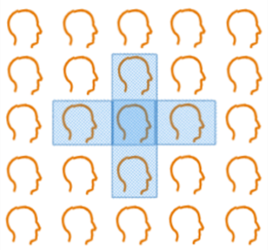


Figura: Vecindad de Von Neumann

Figura: Vecindad de Moore

Observación

Cuando se trabaja con alguna de estas vecindades, se asigna la misma vecindad para todas las células.

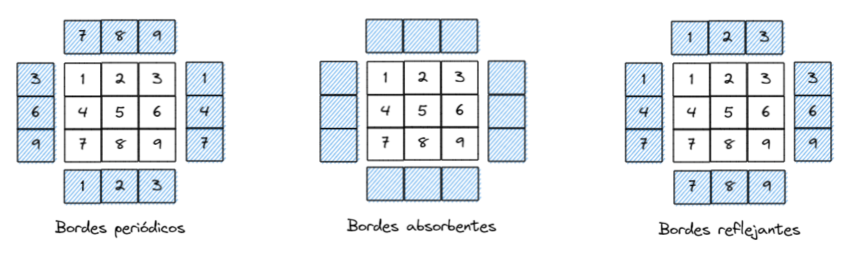


Figura: Tipos de borde para autómatas celulares

Modelos epidemiológicos en autómatas celulares

UNIVERSIDAD CENTRAL

Interacción entre células

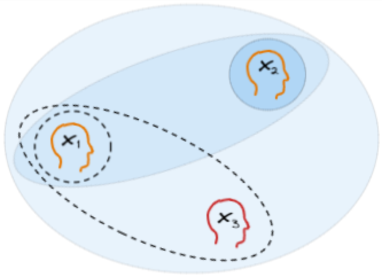
Diremos que dos células x e y en un espacio de células $\mathcal{L}$ interactúan (o en símbolos $x \sim y$), si existe un conjunto A en la topología de $\mathcal{L}$ tal que $x, y \in A$.

Interacción entre células

Diremos que dos células x e y en un espacio de células $\mathcal{L}$ interactúan (o en símbolos $x \sim y$), si existe un conjunto A en la topología de $\mathcal{L}$ tal que $x, y \in A$.

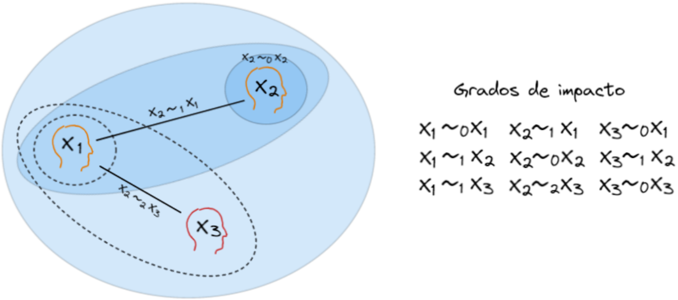
La interacción entre células no es una relación de equivalencia

- $\forall x \in \mathcal{L}, x \sim x$
- $\forall x, y \in \mathcal{L}, x \sim y \not\Rightarrow y \sim x$
- $\forall x, y, z \in \mathcal{L}, x \sim y$ y $x \sim z \not\Rightarrow y \sim z$



Grado de impacto

Definimos el *grado de impacto* entre dos puntos *a* y *b* como la menor cantidad de interacciones necesaria para llegar de *a* a *b*.



UNIVERSIDAD CENTRAL

Teorema:

Los grados de impacto de una célula x definen un sistema fundamental de vecindades.

Demostración:

1. Para $x \in \mathcal{L}$ se define A_0 y de manera similar, a los conjuntos A_k.
2. Se observa que $A_i \subseteq A_j$ para $0 \leq i \leq j$.
3. Como $x \sim_0 x, x \in A_0$ y de ese modo $A_k \in \mathcal{V}(x)$ por 2.
4. Se comprueba que $A_0 = U_x$:
   4.1 Se toma $y \in U_x = \bigcap \mathcal{V}(x)$.
   4.2 Se supone que $y \not\sim_0 x \Rightarrow \exists z \in \mathcal{L} : z \sim x, z \sim y$ y $x \not\sim y$
   4.3 Se contradice $y \in \bigcap \mathcal{V}(x)$, por lo que $U_x \subseteq A_0$.
   4.4 Para $y \in A_0$ se afirma que x e y no son separables, por lo que $y \in \bigcap \mathcal{V}(x) = U_x$.

Cuando trabajamos sobre espacios topológicos finitos, se cumplen los siguientes axiomas:

Primer axioma de numerabilidad

Un espacio topológico X que tiene un sistema fundamental de vecindades numerable en cada uno de sus puntos se dice que satisface el primer axioma de numerabilidad o simplemente que es uno-numerable.

Segundo axioma de numerabilidad

Diremos que un espacio topológico que posee una base numerable para su topología, satisface el segundo axioma de numerabilidad, o simplemente, que es dos-numerable.

Proposición:

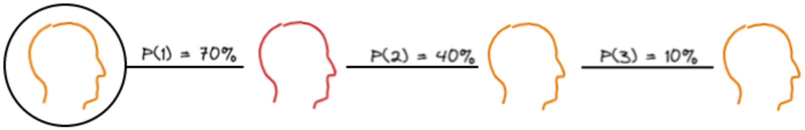
Sea $x \in \mathcal{L}$ una célula y sea $\mathcal{A}$ la familia de conjuntos encajados definidos por el grado de impacto con x. Entonces:

1. El conjunto $\mathcal{A}$ posee elemento minimo igual a A_0,
2. $\mathcal{A}$ es un conjunto ordenado finito con el orden de la contenencia, y
3. $\mathcal{L}$ cumple los axiomas de numerabilidad.

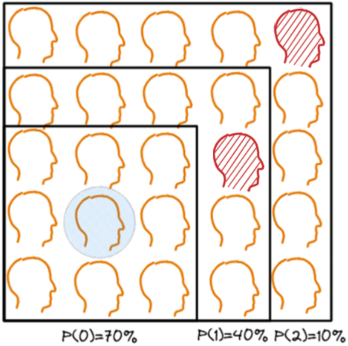
Relaciones entre células: Tasas de impacto

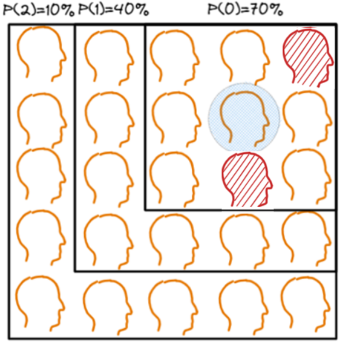
Tasas de impacto $P(g)$

Se entenderán como la probabilidad de que un cambio de estado afecte a la célula con la que estamos realizando la comparación.



Reglas de evolución: Niveles de incidencia





$$\mathrm{NI}(S) = 8 \cdot 70\% + 6 \cdot 40\% + 8 \cdot 10\% = 8.8$$
$$\mathrm{NI}(I) = 0 \cdot 70\% + 1 \cdot 40\% + 1 \cdot 10\% = 0.5$$
$$\mathrm{TCE}(x_{4,2}) = \frac{0 \cdot 70\%}{8} + \frac{1 \cdot 40\%}{7} + \frac{1 \cdot 10\%}{9} \approx 6.8\%$$

$$\mathrm{NI}(S) = 6 \cdot 70\% + 7 \cdot 40\% + 9 \cdot 10\% = 7.9$$
$$\mathrm{NI}(I) = 2 \cdot 70\% + 0 \cdot 40\% + 0 \cdot 10\% = 1.4$$
$$\mathrm{TCE}(x_{2,4}) = \frac{2 \cdot 70\%}{8} + \frac{0 \cdot 40\%}{7} + \frac{0 \cdot 10\%}{9} \approx 17.5\%$$

Reglas de evolución: La regla SI

Para cada célula en el espacio $\mathcal{L}$ se debe cumplir que:

- Si la célula es susceptible a contraer la enfermedad, se infectará si el nivel de incidencia de la población infectada es mayor al de la población susceptible, o si para $\rho \in \mathcal{D}$ se cumple $\rho \leq TCE(x) \cdot \frac{\beta}{\alpha}$.
- Si la célula es susceptible y no se cumplen las condiciones anteriores, se mantendrá susceptible.
- En los demás casos conservará su estado.

Reglas de evolución: Las reglas SIS y SIR

Para cada célula en el espacio $\mathcal{L}$ se debe cumplir que:

- Si es susceptible a contraer la enfermedad, aplique la regla SI.
- Si está infectada, se recuperará con una probabilidad α y se mantendrá enferma con una probabilidad $1 - \alpha$.
- Si es inmune a la enfermedad, se mantiene en ese estado (modelo SIR).

La regla SIS

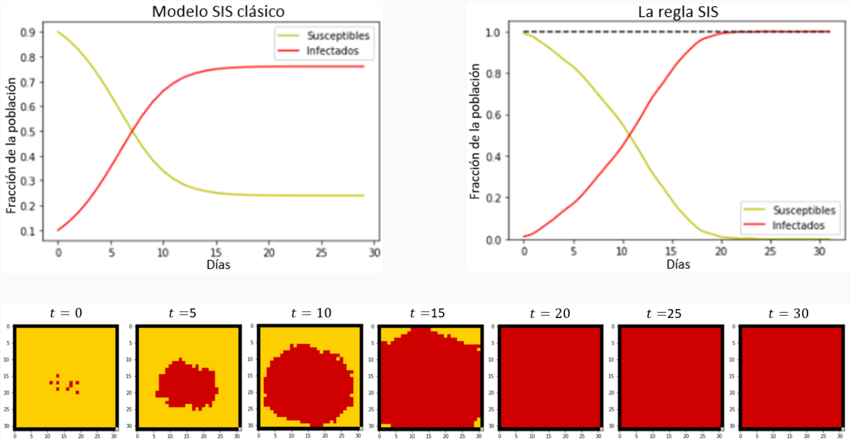


Figura: Evolución de la enfermedad - modelo SIS.($\alpha = 0{,}2$, $\beta = 0{,}5$, $\mu = \theta = 0$)

La regla SIR

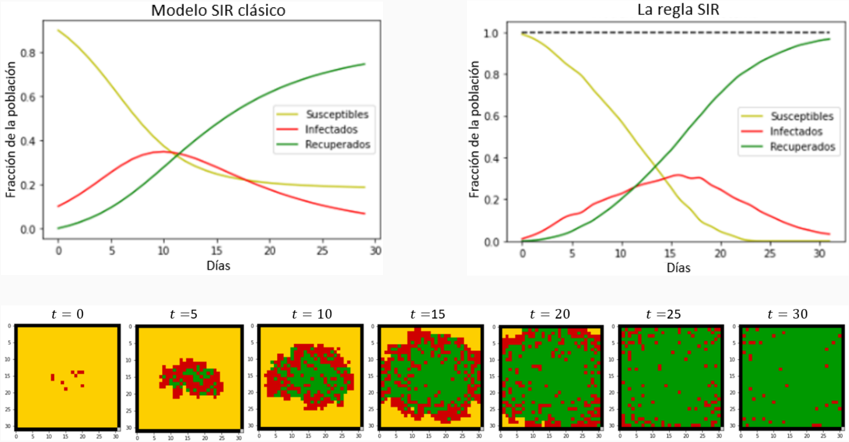


Figura: Evolución de la enfermedad - modelo SIR.($\alpha = 0{,}2$, $\beta = 0{,}5$, $\mu = \theta = 0$)

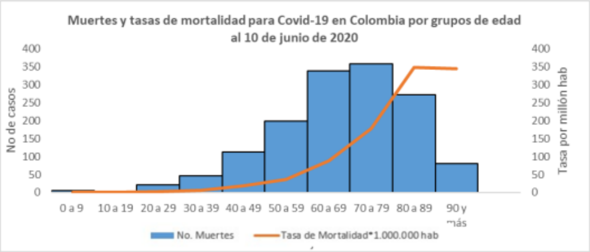


Figura: Tomada del reporte de Situación No 78 para el 10 de junio de 2020

Reglas de evolución: Manejos temporales

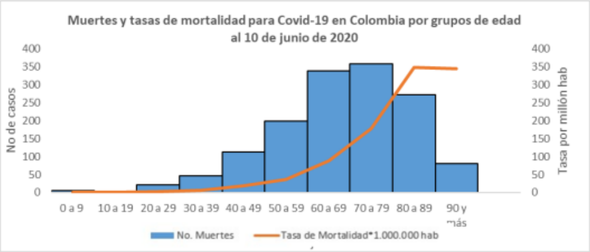
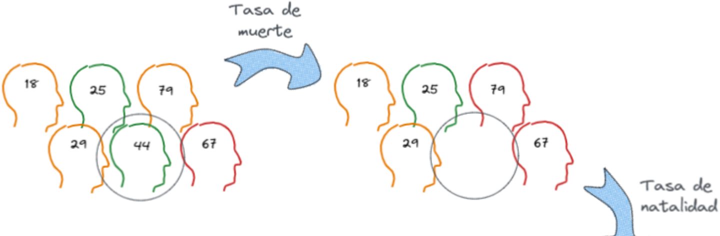


Figura: Tomada del reporte de Situación No 78 para el 10 de junio de 2020

- Se decidió dividir a la población por rangos de edades, con el objetivo de aplicar las reglas creadas en un escenario más realista.
- Se implementó el concepto de tasa de natalidad, y a diferencia de los modelos clásicos, se brinda la posibilidad de que esta tasa sea distinta de la tasa de mortalidad.

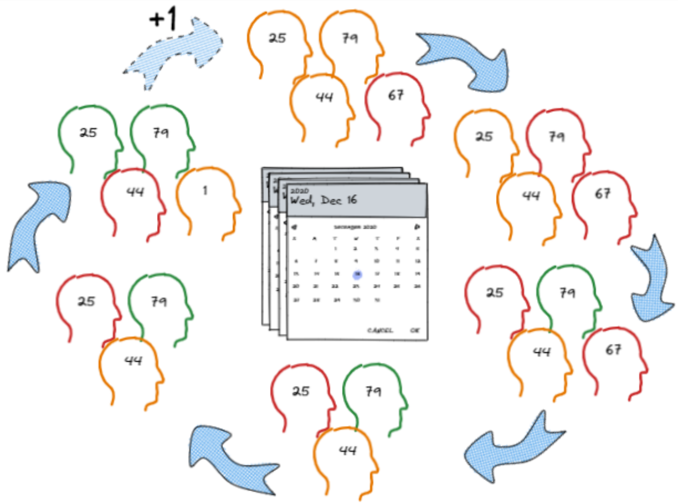
Reglas de evolución: Nacimientos y muertes



Tasas de muerte por rango de edad

Rango de edad	Por causas distintas a la enfermedad	Muerte por la enfermedad
$1 - t_1$	μ_1	θ_1
$t_1+1 - t_2$	μ_2	θ_2
$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$
$t_n+1 - 100$	μ_{n+1}	θ_{n+1}

Reglas de evolución: Ciclos temporales



Se desarrolló una librería en Python capaz de simular fenómenos asociados con la propagación de enfermedades, basándose en modelos SIS, SIR y algunas de sus variaciones implementadas en autómatas celulares en Python.

Incluye una gran variedad de utilidades para análisis epidemiológicos, tales como:

- Capacidad de definir la condición inicial de frontera del sistema,
- Variaciones y comparaciones con respecto al cambio de escala,
- Definición de la dispersión inicial de infectados en el espacio,
- Fluctuaciones con respecto al cambio de frontera del sistema,
- Tendencias promedio para un número arbitrario de simulaciones,
- Entre otras.

Ejemplo

- **Escuela (E):** Se sabe que en el pueblo hay 9 niños y 2 profesores.
- **Oficinas (O):** Cuenta con un personal de 16 individuos.
- **Mercado (M):** Se identificaron 8 trabajadores.
- **Hospital (H):** Entre doctores, enfermeros y pacientes se identifica una cantidad de 14 individuos. Para un total de 49 personas en el pueblo.

28	90	40	38	48	50	30
31	7	26	36	41	12	35
75	41	35	29	37	38	29
61	80	32	39	4	39	41
2	36	9	33	2	32	37
60	48	53	51	56	35	40
55	59	11	8	50	47	7

O	H	O	H	O	O	E
O	E	O	O	O	E	H
H	M	O	M	H	E	O
M	H	M	O	E	H	O
E	H	E	M	E	O	O
M	H	M	H	H	H	M
O	H	E	E	O	H	E

Figura: Edades y ocupaciones en el pueblo.

Ejemplo

Parámetros

En el caso de la enfermedad:

- Tasa de recuperación $\alpha = 20\,\%$.
- Tasa de infección $\beta = 30\,\%$.
- Tasa de natalidad $b = 2\,\%$.
- Tasa de mortalidad del $\mu = 0{,}5\,\%$.

A nivel espacial:

- Supondremos inicialmente que la enfermedad inicia en el hospital.

Rango de edades	Tasas
1 - 15	0.005
16 - 48	0.01
49 - 55	0.1
56+	0.25

Figura: Tasas de letalidad de la enfermedad por edad.

Ejemplo: S.F.V por tipo de vivienda

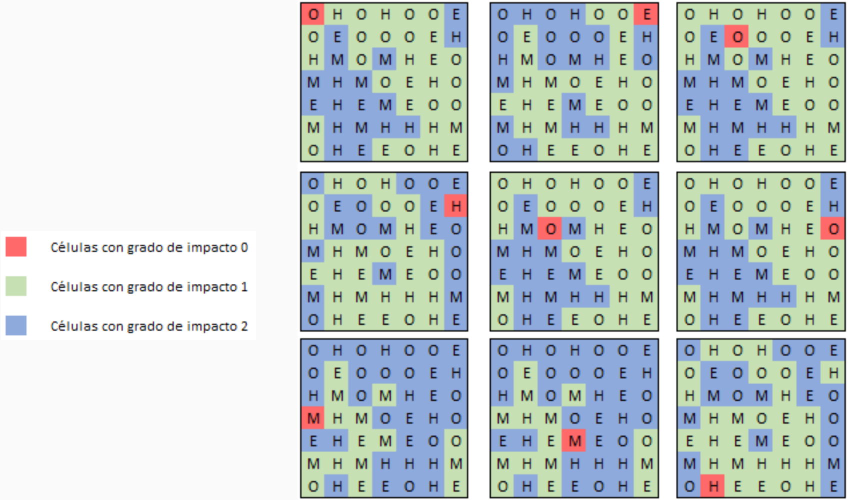


Figura: Grados de impacto para viviendas tipo 1.

Ejemplo: S.F.V por tipo de vivienda

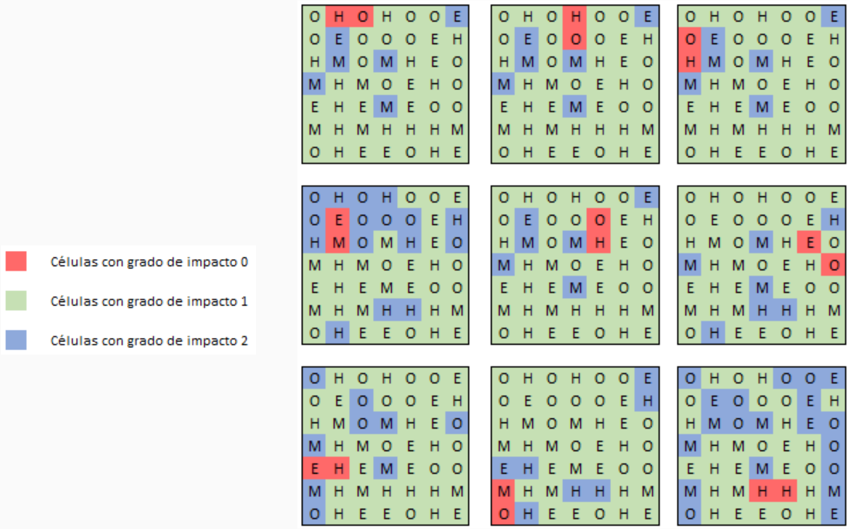


Figura: Grados de impacto para viviendas tipo 2.

Ejemplo: S.F.V por tipo de vivienda

Células con grado de impacto 0

Células con grado de impacto 1

Células con grado de impacto 2

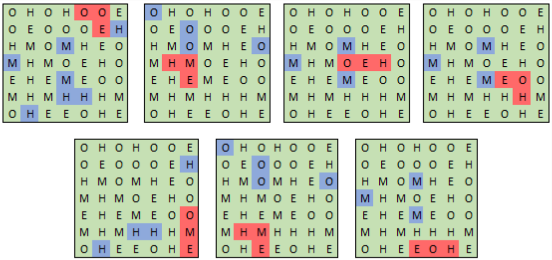
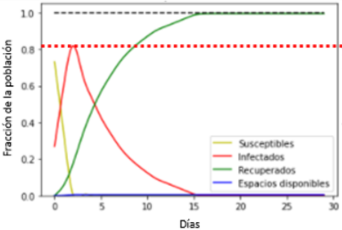


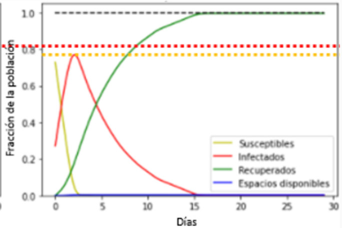
Figura: Grados de impacto para viviendas tipo 3.

Para un periodo de 30 días y las tasas de impacto $P(0) = 100\,\%$, $P(1) = 50\,\%$ y $P(2) = 25\,\%$ se tiene el comportamiento descrito en la segunda figura:

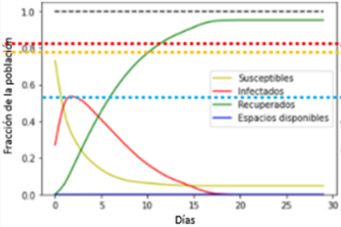
Figura: Cambios de estado con punto de inicio en el hospital.



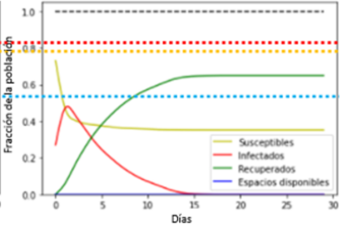
$$P(0) = 100\%; P(1) = 50\%$$
$$P(2) = 25\%$$



$$P(0) = 100\%; P(1) = 5\%$$
$$P(2) = 2{,}5\%$$



$$P(0) = 100\%; P(1) = 0{,}5\%$$
$$P(2) = 0{,}25\%$$



$$P(0) = 100\%; P(1) = 0{,}05\%$$
$$P(2) = 0{,}025\%$$

Ejemplo

Teniendo en cuenta que el ejemplo anterior muestra que diferentes tasas de impacto afectan a las curvas de evolución del modelo, podemos preguntarnos si ocurre algo similar con diferentes condiciones iniciales.

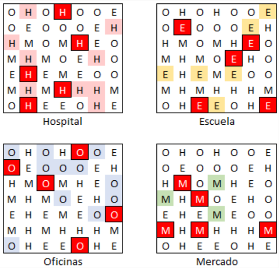


Figura: Población infectada por condición inicial.

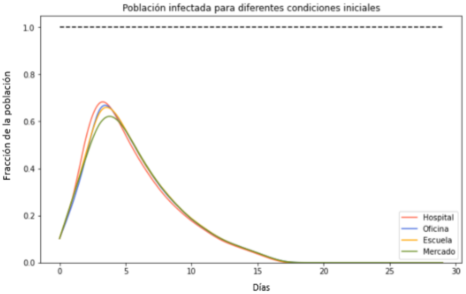


Figura: Población infectada por condición inicial.

Por otro lado, podemos también preguntarnos si el sistema de vecindades con el que se describen las interacciones, tiene algún tipo de incidencia en el comportamiento de la enfermedad.

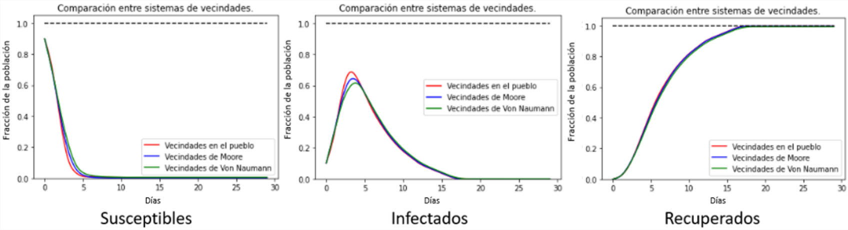


Figura: Evolución promedio de la enfermedad tomando tres sistemas de vecindades.

Conclusiones

- Las propiedades de los autómatas celulares para describir comportamientos espaciales y los sistemas fundamentales de vecindades, **permiten modelar las relaciones sociales individuales**.

Conclusiones

- Las propiedades de los autómatas celulares para describir comportamientos espaciales y los sistemas fundamentales de vecindades, **permiten modelar las relaciones sociales individuales**.
- Las reglas y algoritmos propuestos mantenían un comportamiento que puede ser descrito en cierta medida por los modelos compartimentales clásicos.

Conclusiones

- Las propiedades de los autómatas celulares para describir comportamientos espaciales y los sistemas fundamentales de vecindades, **permiten modelar las relaciones sociales individuales**.
- Las reglas y algoritmos propuestos mantenían un comportamiento que puede ser descrito en cierta medida por los modelos compartimentales clásicos.
- A diferencia de los modelos clásicos, las reglas propuestas permiten analizar características globales a partir de comportamientos individuales.

Conclusiones

- Las propiedades de los autómatas celulares para describir comportamientos espaciales y los sistemas fundamentales de vecindades, **permiten modelar las relaciones sociales individuales**.
- Las reglas y algoritmos propuestos mantenían un comportamiento que puede ser descrito en cierta medida por los modelos compartimentales clásicos.
- A diferencia de los modelos clásicos, las reglas propuestas permiten analizar características globales a partir de comportamientos individuales.
- Las condiciones iniciales sobre cómo interactúan las células **no afectan a los puntos de equilibrio** de las curvas que describen el comportamiento de la enfermedad.

Conclusiones

- Las propiedades de los autómatas celulares para describir comportamientos espaciales y los sistemas fundamentales de vecindades, **permiten modelar las relaciones sociales individuales**.
- Las reglas y algoritmos propuestos mantenían un comportamiento que puede ser descrito en cierta medida por los modelos compartimentales clásicos.
- A diferencia de los modelos clásicos, las reglas propuestas permiten analizar características globales a partir de comportamientos individuales.
- Las condiciones iniciales sobre cómo interactúan las células **no afectan a los puntos de equilibrio** de las curvas que describen el comportamiento de la enfermedad.
- Los cambios en la condición inicial pueden afectar a la **velocidad de propagación** de la misma enfermedad.

Conclusiones

UNIVERSIDAD CENTRAL

- La librería CAsimulations permite visualizar de manera clara e intuitiva a la manera en la que una enfermedad evoluciona dentro de una población.

Conclusiones

- La librería CAsimulations permite visualizar de manera clara e intuitiva a la manera en la que una enfermedad evoluciona dentro de una población.
- Limitar la intensidad de las interacciones sociales **es una medida efectiva para disminuir los casos de individuos infectados**.

Conclusiones

- La librería CAsimulations permite visualizar de manera clara e intuitiva a la manera en la que una enfermedad evoluciona dentro de una población.
- Limitar la intensidad de las interacciones sociales **es una medida efectiva para disminuir los casos de individuos infectados**.
- Se evidencia una **limitación** en cuanto a que se asume una **capacidad máxima de individuos en el sistema.**

Conclusiones

- La librería CAsimulations permite visualizar de manera clara e intuitiva a la manera en la que una enfermedad evoluciona dentro de una población.
- Limitar la intensidad de las interacciones sociales **es una medida efectiva para disminuir los casos de individuos infectados**.
- Se evidencia una **limitación** en cuanto a que se asume una **capacidad máxima de individuos en el sistema.**
- La **metodología** empleada brinda un camino claro para la definición de reglas que modelen el comportamiento de modelos epidemiológicos más generales.

Otros resultados

Documentación detallada

CAsimulations: Modelación de las dinámicas de la propagación de una enfermedad usando AC

View on GitHub

CAsimulations: Modelación de las dinámicas de la propagación de una enfermedad usando AC

`CAsimulations` proporciona una manera de simular fenómenos asociados con la propagación de enfermedades, basándose en modelos SIS, SIR y algunas de sus variaciones implementadas en autómatas celulares en Python. `CAsimulations` incluye una gran variedad de utilidades para análisis epidemiológicos tales como la capacidad de definir la condición inicial de frontera del sistema, la condición inicial de dispersión de los individuos infectados, variaciones y comparaciones con respecto al cambio de escala y al cambio de frontera del sistema, variaciones promedio para un número arbitrario de simulaciones, entre otros.

Si desea profundizar sobre los fundamentos detrás de la lógica implementada en la librería, puede dirigirse al documento principal.

Para importar la librería, ejecute el siguiente comando pip en su entorno de Python:

```
pip install -i https://test.pypi.org/simple/ CAsimulation
```

Una vez instalada, podemos proceder a cargar la librería, para lo cual tendrá que ejecutar el siguiente script

```
from CAsimulation import epidemiologicalModelsInCA as ca
```

Con la línea anterior podrá acceder a los módulos que le brindarán la posibilidad de implementar las herramientas descritas en el documento de una manera fácil y rápida. Si desea analizar detalladamente las funciones de la librería, puede dirigirse al enlace o implementar los módulos de manera individual.

Observación: Los valores que se muestran sobre las matrices que describen las evoluciones del sistema, son precisamente los indicadores de cada estado. El indicador para cada estado se muestra en la siguiente tabla:

Estado	Indicador
Susceptible	0
Infectado	1
Recuperado	2
Muerto	3
Espacio vacío	-1

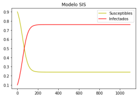
A continuación presentaremos la documentación de cada uno de los módulos de la librería, si desea consultar ejemplos particulares puede consultar directamente el documento principal o los ejemplos particulares.

Los módulos de la siguiente manera:

1. AgeManagement
2. CellManagement
3. CellSpaceConfiguration
4. CompartmentalModelsInEDOS
5. DataManager
6. Models
7. NeighborhoodManager
8. PlotsManager
9. SystemVisualization
10. epidemiologicalModelsInCA

Cuadernillos de ejemplo

```python
def I_function(values, alpha = alpha, beta = beta, mu = mu, theta = theta):
    S = values[0]; I = values[1]
    return beta*S*I - (1 - theta)*alpha*I - mu*I

listOfFunctions = [S_function, I_function]

# Condiciones iniciales:

initialValues = [0.9, 0.1]  # S_0 = 0.9; I_0 = 0.1

# Solución discreta del modelo

discreteSolutions = CompartmentalModelsInEDOS(listOfFunctions, initialValues)
discreteSolutions.n_iterations(1100)
discreteSolutions.titlePlot = "Modelo SIS"
discreteSolutions.plotSolutions(["Susceptibles", "Infectados"],["y","r"])
```



Ejemplo 3.1.5:

Consideremos las siguientes matrices que describen los grados de impacto en tres distintos sistemas fundamentales de vecindades para la célula en la posición 2,2:

1	0	1	1	1
0	0	0	1	1
1	0	1	1	1
1	1	1	1	1
1	1	1	1	1

Von Neumann

0	0	0	1	2
0	0	0	1	2
0	0	0	1	2
1	1	1	1	2
2	2	2	2	2

Moore_2

2	1	3	0	2
0	0	2	1	0
0	0	2	3	1
3	1	1	0	2
0	2	1	0	3

SFV1_3

En la figura anterior podemos ver que debido a la manera en la que implementamos nuestro espacio de células, es posible representar los grados de impacto de cada una con una célula particular en un arreglo matricial, al igual que los estados de cada célula como se vio en el capítulo dos.

La asignación entre grados y tasas de impacto puede escogerse de cualquier manera dependiendo del contexto y la enfermedad que esté modelando. Para los efectos del ejemplo, consideraremos las siguientes matrices de tasas de impacto:

0	1	0	0	0
1	1	1	0	0
0	1	0	0	0
0	0	0	0	0
0	0	0	0	0

Von Neumann

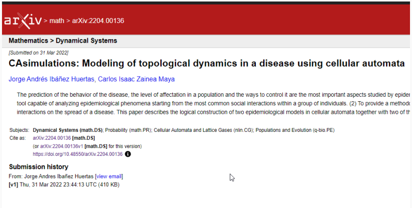
1	1	1	0,5	0
1	1	1	0,5	0
1	1	1	0,5	0
0,5	0,5	0,5	0,5	0
0	0	0	0	0

Moore 2

0,1	0,25	0	0,5	0,1
0,5	0,5	0,1	0,25	0,5
0,5	0,5	0,1	0	0,25
0	0,25	0,25	0,5	0,1
0,5	0,1	0,25	0,5	0

SFV1 3

Paper en arXiv


arXiv > math > arXiv:2204.00136

Mathematics > Dynamical Systems

[Submitted on 31 Mar 2022]

CAsimulations: Modeling of topological dynamics in a disease using cellular automata

Jorge Andrés Ibáñez Huertas, Carlos Isaac Zainea Maya

The prediction of the behavior of the disease, the level of affectation in a population and the ways to control it are the most important aspects studied by epider
tool capable of analyzing epidemiological phenomena starting from the most common social interactions within a group of individuals. (2) To provide a methodo
interactions on the spread of a disease. This paper describes the logical construction of two epidemiological models in cellular automata together with two of th

Subjects: Dynamical Systems (math.DS); Probability (math.PR); Cellular Automata and Lattice Gases (nlin.CG); Populations and Evolution (q-bio.PE)
Cite as: arXiv:2204.00136 [math.DS]
(or arXiv:2204.00136v1 [math.DS] for this version)
https://doi.org/10.48550/arXiv.2204.00136

Submission history

From: Jorge Andres Ibañez Huertas [view email]
[v1] Thu, 31 Mar 2022 23:44:13 UTC (410 KB)

Repositorio en Github


master · 2 branches · 0 tags · Go to file · Add file · Code

26-jorge-01 �Versión de la presentación · b6ffdaf on Mar 26 · 198 commits

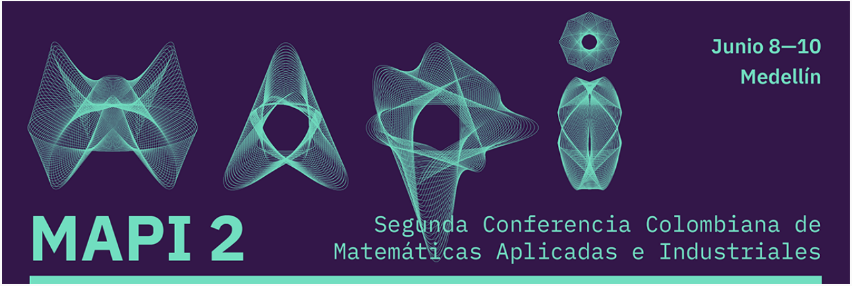
Codigo	Versión de la documentación	last month
Documentos	�Versión de la presentación	last month
Referencias	Primera versión del cuadernillo de comparaciones con modelos clásicos	8 months ago
docs	Versión de la documentación	last month
README.md	Update README.md	last month
_config.yml	Set theme jekyll-theme-cayman	2 months ago

README.md

CAsimulations: Modelación de las dinámicas de la propagación de una enfermedad usando AC

`CAsimulations` proporciona una manera de simular fenómenos asociados con la propagación de enfermedades, basándose en modelos SIS, SIR y algunas de sus variaciones implementadas en autómatas celulares en Python. `CAsimulations` incluye una gran variedad de utilidades para análisis epidemiológicos tales como la capacidad de definir la condición inicial de frontera del sistema, la condición inicial de dispersión de los individuos infectados, variaciones y comparaciones con respecto al cambio de escala y al cambio de frontera del sistema, variaciones

Postulación a MAPI 2



Muchas Gracias.