

Instituto Tecnológico y de Estudios Superiores de Monterrey



Fase 3

Simulación y optimización de un modelo de difusión de epidemia

Modelación Numérica de Sistemas Estocásticos

Servando López Aguayo

Benjamín de Jesús Pérez García

Fuimos ganadores de la presentación de reto*

Adrián Gómez Ortiz	A01721790
Oscar Hernández Lúa	A01656952
Wilberth Omar Ortiz García	A00572187
Adriel Jael Santamaría Hernández	A01753918
Isaac Alexis López Paredes	A01747148

Fecha de

entrega: 2 de diciembre, 2023

Fase 3

I.-Datos de una epidemia contaminados con ruido.

La configuración de red neuronal utilizada fue de una capa oculta de 3 neuronas. La entrada fue el vector de tiempo y los datos de entrenamiento fueron los datos descargados. Después de procesar los datos se obtuvieron los siguientes resultados después de 100 simulaciones:

Beta	Gamma	R0	
0.331587	0.143424	2.313176	Promedio
0.01193	0.002131	0.100052	Desviación estándar

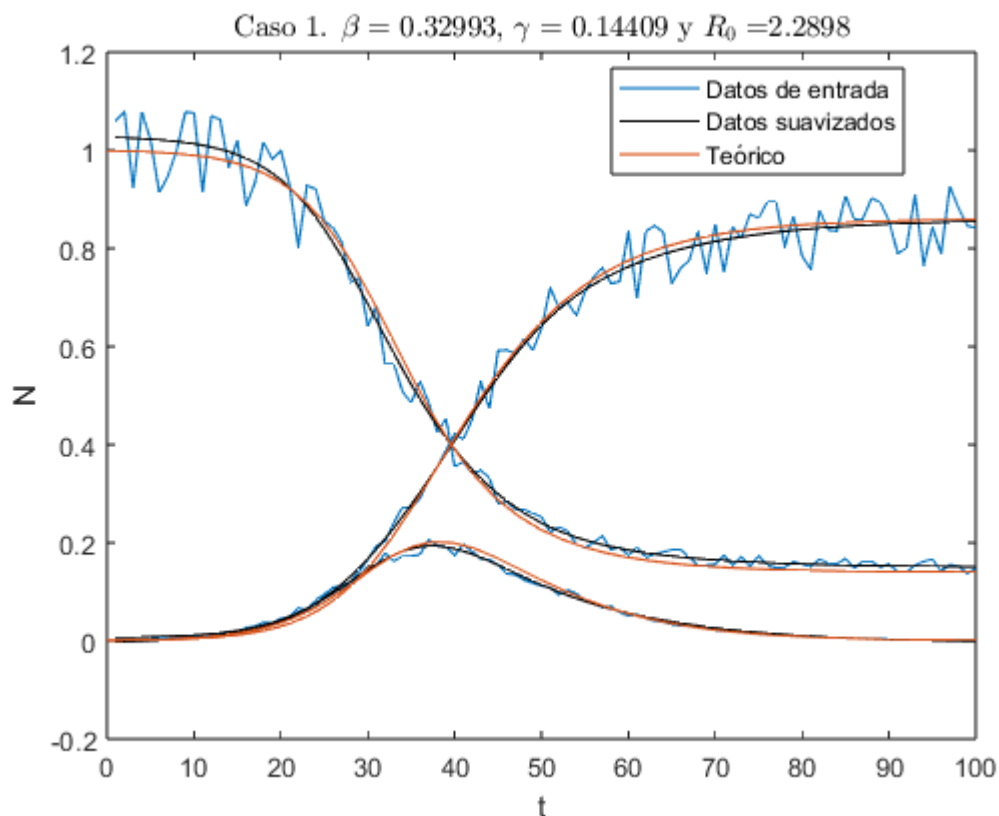


Figura 1. La gráfica muestra el resultado para 1 simulación.

Para este caso las probabilidades calculadas son las siguientes:

Enfermedad	Porcentaje
Gripe porcina	0.53%
COVID-19	99.47%
Paperas	0%
Varicela	0%
Sarampión	0%

II.- Caso a) de modelación de una epidemia con agentes.

Para este caso, se hicieron varias simulaciones en Netlogo de una epidemia con los siguientes parámetros: Población = 500, probabilidad de infección = 2, probabilidad de recuperación = 10, tiempo promedio de recuperación = 50. Se hicieron 10 corridas de esta simulación y de ahí se extrajeron las curvas de susceptibles, recuperados e infectados. La idea entonces fue tomar estas curvas y suavizarlas con la red neuronal que utilizamos en el inciso 1. Después, se estimaron los parámetros β y γ de todas las corridas utilizando algoritmos genéticos y se hizo el cálculo de R_0 . Los 10 valores de cada simulación se promediaron y se implementaron a un modelo SIR. Se obtuvieron los siguientes resultados:

Beta	Gamma	R0	
0.117836	0.040692	2.903283	Promedio
0.011501	0.001863	0.301644	Desviación estándar

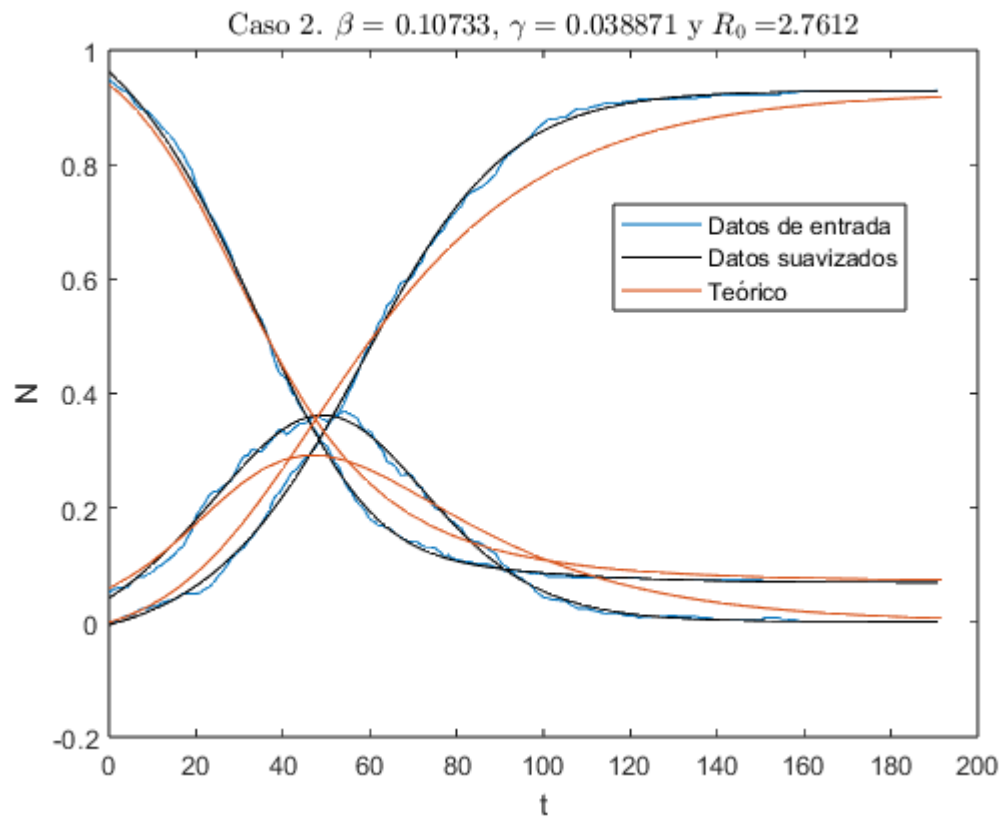


Figura 2. La gráfica muestra el resultado para 1 simulación

Haciendo el cálculo de probabilidad tomando en cuenta todas las posibles enfermedades, estos fueron los resultados:

Enfermedad	Porcentaje
Gripe porcina	0.014%
COVID-19	99.86%
Paperas	0%
Varicela	0%
Sarampión	0%

Entonces podemos concluir que los datos de este caso tienen una probabilidad del 99.86% de pertenecer a una epidemia de COVID-19.

III.- Caso b) de modelación de una epidemia con agentes

Este caso fue bastante similar al caso anterior en cuanto al procedimiento. La única diferencia fue el valor de probabilidad de recuperación de la simulación de Netlogo que ahora es 90.

Los resultados de este caso fueron los siguientes.

Beta	Gamma	Ro	
0.113366	0.067878	1.66981	Promedio
0.009967	0.000667	0.129611	Desviación estándar

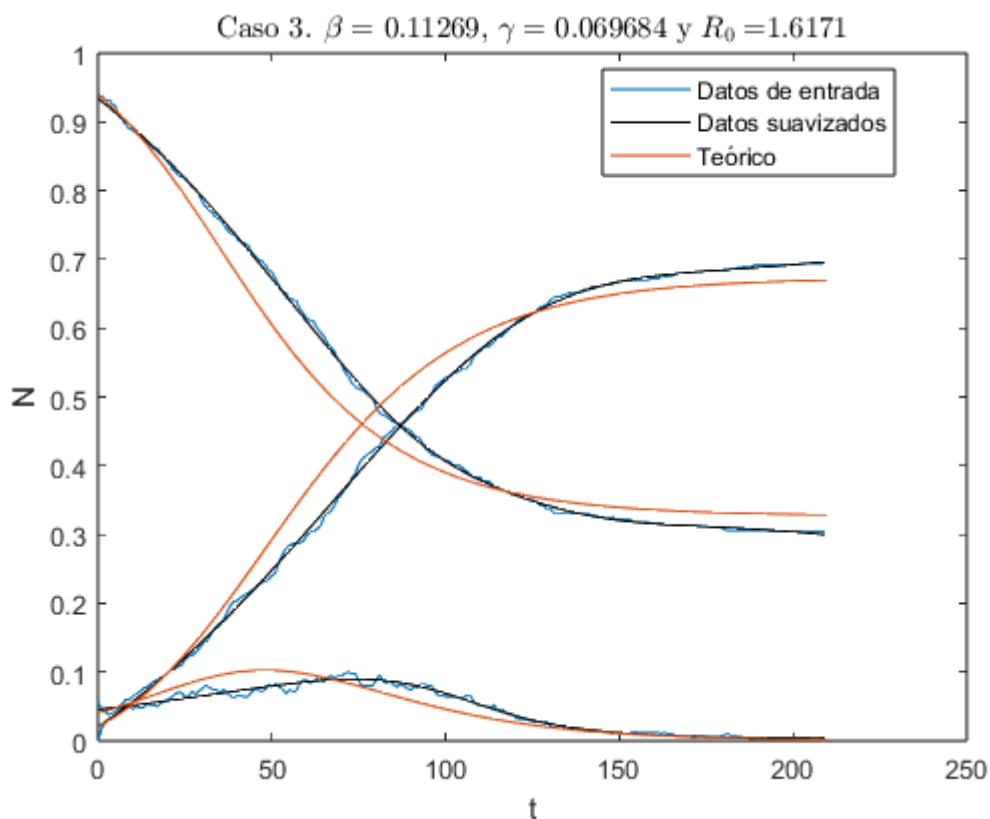


Figura 3. La gráfica muestra el resultado para 1 simulación.

De la misma manera que en el inciso anterior, se realizó el cálculo de probabilidad para estimar la probabilidad de que los datos le pertenezcan a una enfermedad. En este caso, se encontraron las siguientes probabilidades:

Enfermedad	Porcentaje
Gripe porcina	99.46%
COVID-19	0.54%
Paperas	0%
Varicela	0%
Sarampión	0%

Con base en esto, podemos estar 99.46% seguros de que los datos le pertenecen a la gripe porcina.

IV.- Datos de una epidemia con modelación estocástica

Ahora se realizó el mismo procedimiento pero con datos provenientes de un modelo SIR estocástico. Se realizaron dos procedimientos, 10 veces cada uno, primero aplicando media móvil a los datos de entrada se obtuvieron los siguientes resultados:

Beta	Gamma	R0	
0.604798	0.057325	10.55037	Promedio
0.000227	0.000216	0.036046	Desviación estándar

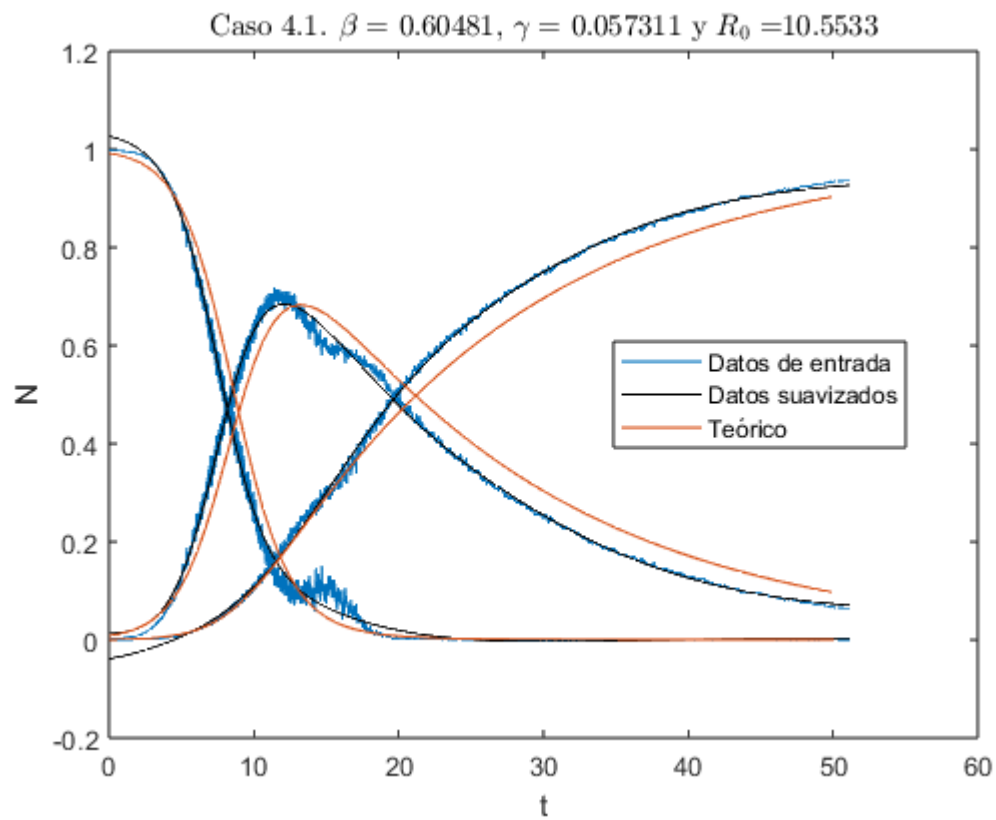


Figura 4. Suavizado con media móvil, el resultado es para valores promedio de 10 simulaciones

El resultado obtenido sin usar media móvil son los siguientes

Beta	Gamma	R0	
0.603713	0.057329	10.53094	Promedio
0.001387	0.000294	0.065919	Desviación estándar

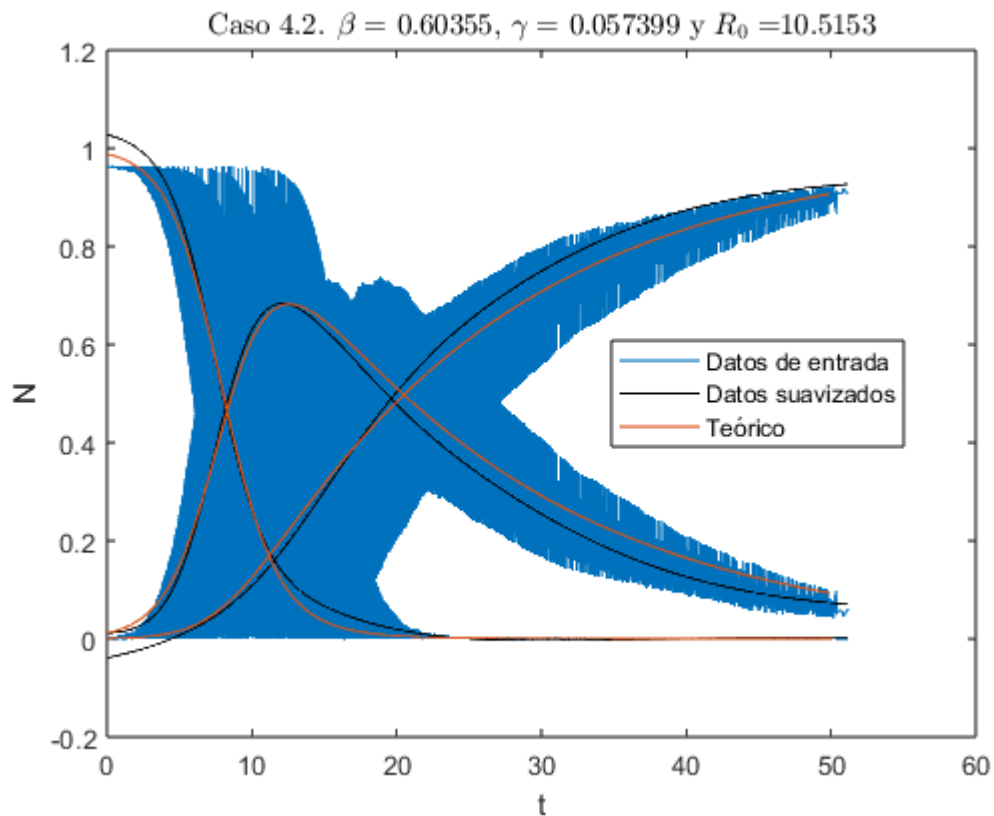


Figura 5. Suavizado sin media móvil, el resultado es para valores promedio de 10 simulaciones

Con base en estos resultados se calculó que las probabilidades son:

Enfermedad	Porcentaje
Gripe porcina	0%
COVID-19	0%
Paperas	0%
Varicela	99.99%
Sarampión	0.01%

Para este último caso entonces se tiene que es muy probable que se trate de varicela.

Reflexiones

Oscar: Para concluir, fue verdaderamente retador todo el proyecto. Ya ni tener algún modelo con el cual podamos, de cierta forma, comprobar que lo que estamos haciendo sea correcto es algo desafiante. Pero, a partir de esa incertidumbre pudimos implementar otras maneras de tener cierta seguridad en nuestros resultados y al final estar contentos con ellos. Finalmente, me pareció un buen proyecto que ayudó a desarrollar mis habilidades y conocimiento en el procesamiento de datos y en la física computacional en general.

Wilberth: Esta entrega aprendí a usar toolbox e implementaciones de matlab, me pareció bastante interesante que, a partir de ruido, aparente aleatoriedad y caos, poder usar la herramienta de redes neuronales para suavizar este ruido y poder encontrar funciones analíticas a partir de estas aproximaciones suavizadas, realmente la aplicabilidad de los conceptos aprendidos en este reto son enormes. Porque realmente a las empresas y a la gente que te va a comprar tu proyecto no le importan la certeza de tus datos, sino ellos quieren el modelo y la fórmula que les pueda predecir lo que va a suceder, por lo que al nosotros tener los datos de la población de Covid-19 o fiebre porcina y poder saber que se trataba de estas enfermedades nos pone en una situación atractiva para el sector de salud (en caso de querer vender nuestro producto al sector salud).

Adrián: En general, podría decir con certeza que a pesar de que este reto si tuvo un grado de dificultad alto, realmente lo disfruté mucho ya que aprendí a utilizar muchas herramientas que antes no tenía que sin duda me servirán para futuros proyectos. Lo que más me gustó de este reto fue que es un muy buen resumen de todos los contenidos que vimos en clase. Los temas de redes neuronales y algoritmos genéticos, que fueron los que más me gustaron e

interesaron, fueron indispensables para el desarrollo del proyecto, lo cual me forzó a entenderlos y saber utilizarlos de una manera eficiente.

Adriel: A modo de cierre, me pareció que este reto fue bastante interesante para conocer cómo podemos modelar distintos fenómenos y poder ver cómo es que la aleatoriedad lo afecta, pero me parece aún más interesante entender que aunque un evento no esté determinado podemos saber con cierta probabilidad como es que se va a comportar, esto es un pensamiento muy fuerte porque, podemos saber todos los distintos caminos que puede tomar y aunque no estemos seguros de algo, sabemos que es lo que podría pasar.

Isaac: Este reto fue muy interesante, aplicamos herramientas que jamás había pensado que podría aprender a utilizar, como las redes neuronales y algoritmos genéticos. Por ello me siento muy satisfecho de los resultados y con mi aprendizaje. A pesar de las dificultades, con la ayuda de mi equipo pudimos cumplir con los objetivos.

Apéndice

Código:

[Reto_fase3_FINAL.m](#)

Resultados numéricos completos:

[ResultadosReto](#)