

Práctica 6: Sistema multiagente

Gabriela Sánchez Y.

Introducción

Se simula el modelo epidemiológico SIR utilizando un sistema multiagente. En el sistema multiagente se tiene un conjunto de identidades con estados internos que pueden observar estados de otros y reaccionar cambiando su propio estado, además permite que las entidades se muevan y varíen su vecindad, entre otras cosas. Los agentes, en esta aplicación, podrán estar en uno de los tres estados: susceptibles, infectados o recuperados. [1]

Así, el experimento cuenta con un número de agentes n , una probabilidad de infección inicial p_i , una probabilidad de recuperación, entre otras. Por simplicidad se supone que la infección produce inmunidad en los recuperados. Además hay una probabilidad de contagio que será proporcional a la distancia euclidiana entre dos agentes:

$$p_c = \begin{cases} 0, & d(i, j) \geq r \\ \frac{r-d}{r}, & \text{otro caso} \end{cases}$$

donde r es un umbral.

Se moverán en el torus formado por doblar un rectángulo de $l \times l$, visualizando siempre el rectángulo en dos dimensiones. Por eso cada agente tiene coordenadas x y y , una dirección y una velocidad.

Tarea

El archivo `p6or.R` es una versión de la simulación no paralelizada, el objetivo de la tarea consiste en identificar partes de los cálculos que sí se pueden paralelizar e implementarlos.

La simulación en `p6or.R` funciona de forma sistemática: todos los agentes determinan su estado inicial, se curan y mueven; lo que permite paralelizar éstas acciones.

La función `inicio` determina el estado inicial del agente:

```
inicio <- function() {  
  e <- "S"  
  if (runif(1) < pi) {  
    e <- "I"  
  }  
  edo_inicial <- data.frame(x=runif(1, 0, 1), y = runif(1, 0, 1),  
                           dx = runif(1, -v, v), dy = runif(1, -v, v),  
                           estado = e)  
  return(edo_inicial)  
}
```

Para determinar el estado inicial de todos los agentes la función debe ejecutarse según el número de agentes. Ésta operación se paraleliza usando la librería `doParallel`:

```
agentes <- foreach(i = 1:n, .combine=rbind) %dopar% inicio()
```

La recuperación y el movimiento de los agentes se realiza mediante la función `mueveActualiza`:

```
mueveActualiza <- function(i) {  
  a <- agentes[i, ]  
  print(a)  
  if (contagios[i]) {  
    a$estado <- "I"  
  } else if (a$estado == "I") { # ya estaba infectado  
    if (runif(1) < pr) {  
      a$estado <- "R" # recupera  
    }  
  }  
  a$x <- a$x + a$dx  
  a$y <- a$y + a$dy  
  if (a$x > 1) {  
    a$x <- a$x - 1  
  }  
  if (a$y > 1) {  
    a$y <- a$y - 1  
  }  
  if (a$x < 0) {  
    a$x <- a$x + 1  
  }  
}
```

```

    if (a$y < 0) {
    }
    return(a)
}

```

Para la paralelización repetimos esta función para cada agente:

```

agentes<-foreach(i=1:n, .combine=rbind) %dopar% mueveActualiza(i)

```

El contagio en cada paso del tiempo no se paraleliza ya que, de acuerdo a la implementación en `parallel.R`, no es independiente para cada agente. Esto es, para el agente infectado i , se revisan los agentes que aún no estén contagiados y sean susceptibles.

Reto 1

- Vacunar con probabilidad p_v a los agentes al momento de crearlos de tal forma que estén desde el inicio en el estado R y ya no puedan contagiarse ni propagar la infección.

La probabilidad de vacunación p_v se varía iniciando en 0.05 y terminando en 0.95 con pasos de tamaño 0.1.

Es de esperarse que, mientras mayor sea el número de agentes en el estado R, menor será el porcentaje de infectados a lo largo del tiempo, ya que los agentes recuperados ya no pueden contagiarse o infectar a otros.

La figura 1 muestra el porcentaje del promedio de infectados en la simulación en una sola réplica.

Reto 2

- Estudiar, con la versión ya paralelizada, el efecto de la probabilidad p_i en el porcentaje máximo de infectados durante la simulación.

Para analizar el efecto de la probabilidad de infección, se varía su valor en la simulación, iniciando con 0.05 creciendo 0.07 hasta llegar a una probabilidad de 0.75. En esta simulación, no se toma en cuenta la vacunación.

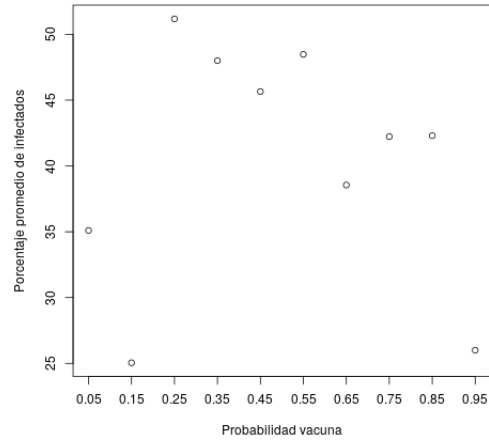


Figura 1: Variación de la probabilidad de vacunación.

De acuerdo al experimento, se espera que la probabilidad de infección tenga un efecto en el porcentaje máximo de infectados. Mientras aumente, el porcentaje máximo de infectados en la simulación también debería hacerlo.

Referencias

- [1] <http://elisa.dyndns-web.com/teaching/comp/par/p6.html>