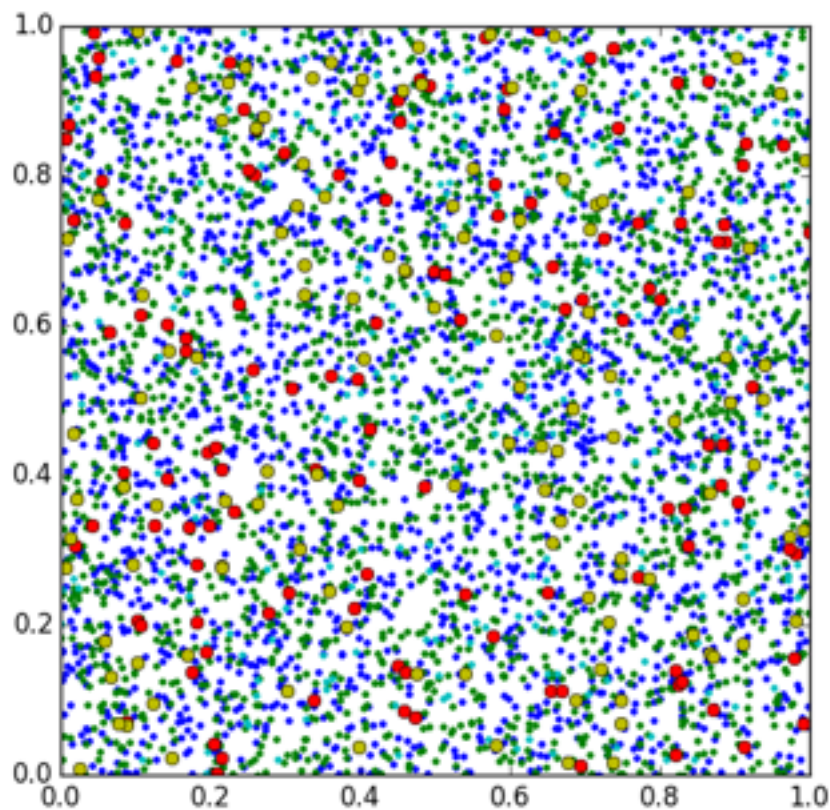


Simulaciones con un modelo basado en agentes



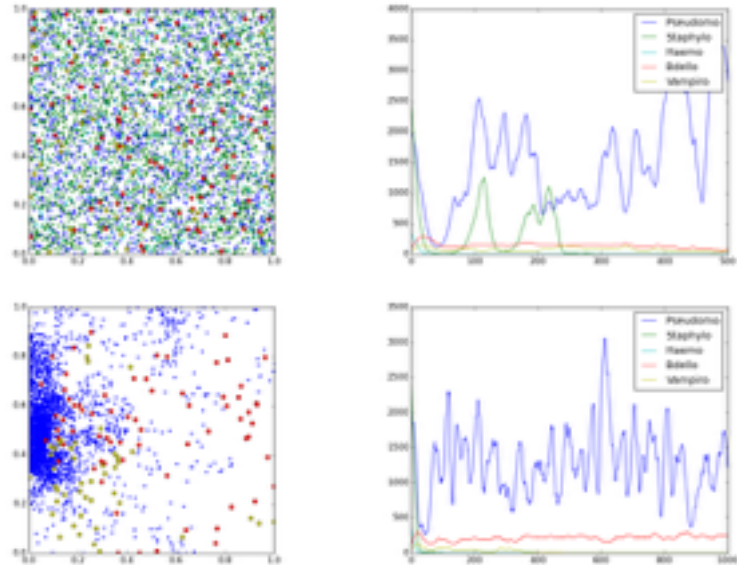
Este es un informe para ponernos al día, ver resultados y discutir sobre el modelo basado en agentes de tipo Lotka -Volterra.

Modelo de tipo Lotka-Volterra basado en Agentes

Lo primero es describir la filosofía de un modelo basado en agentes. La idea es la siguiente. Se introduce en la simulación un determinado número de agentes. Los agentes

Ejemplo de resultados en un modelo de agentes

Arriba izda. 5000 agentes de 5 tipos (3 presas y 2 depredadores) distribuidos aleatoriamente en el espacio. Abajo izda. Resultado después de 500 días. Imágenes de la derecha. Evolución temporal después de 500 y 1000 días, respectivamente.



pueden ser de diferentes tipos. Por ejemplo podemos incluir agentes de tipo depredador y agentes tipo presa. En la figura de arriba se han distribuido 5000 agentes de dos tipos generales: 2 especies de depredadores y 3 especies diferentes de presas. Los valores iniciales en la imagen de arriba son:

- 40% (del total inicial de agentes) de presa 1
- 50 % de presa 2
- 7% de presa 3
- 1.5 % de depredador 1
- 1.5% de depredador 2.

Estos agentes los distribuimos en el espacio de manera aleatoria.

Para que interacciones tenemos que definir unas reglas locales y microscópicas de interacción. Por ejemplo:

- Como nacen y mueren.
- Como interaccionan con los otros agentes.
- Como se mueven.

Para definir estas reglas en este caso hemos hecho, definido las reglas de la siguiente manera:

- **Movilidad.** Todos los agentes se difunden de manera aleatoria (random walk) pero con un coeficiente de 0.03 para las presas (a partir de ahora bacterias) y de 0.05 para los depredadores (a partir de ahora fagos, ya sé que no son fagos, que son otro tipo de

bacterias sanguijuelas, pero me es más cómodo). Como se puede ver la tasa de difusión es pequeña, aunque algo mayor para los fagos.

- **Interacción.** De momento los agentes solo pueden interaccionar con los agentes del tipo contrario, es decir entre bacterias no hay interacción ni entre fagos. La interacción con el agente del tipo contrario ocurre de la siguiente manera:
 - Elegimos un agente al azar.
 - Miramos sus vecinos en un radio = 0.02. Si no tiene vecinos, pueden ocurrir dos cosas: es un fago, entonces se muere, o que sea una bacteria, entonces crece, las dos acciones siempre con una determinada probabilidad. Si por el contrario tiene vecinos. Elegimos uno al azar, y si son de diferente tipo, el fago se come a la bacteria con una determinada probabilidad, haciendo consecuentemente que el fago crezca en 1 y la bacteria disminuya en 1.

Creo que esto es todo lo que se necesita contar sobre el modelo de agentes.

Condiciones iniciales

Viendo los datos sobre los datos de esputo de los pacientes de fibrosis quística, hemos decidido hacer simulaciones con dos tipos de condiciones iniciales:

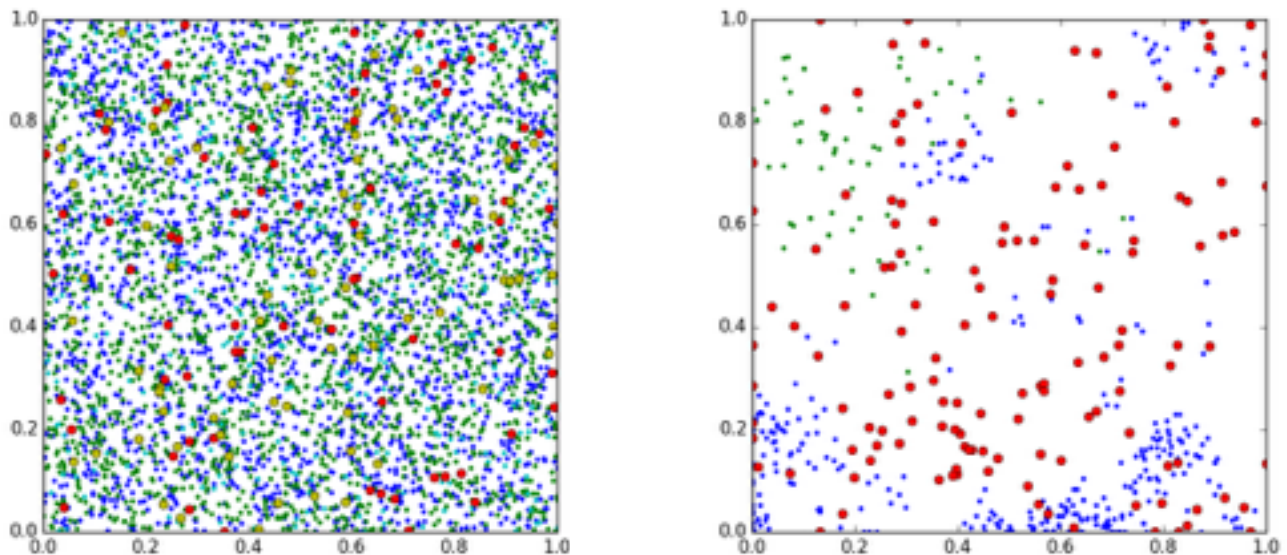
	Paciente tipo 1	Paciente tipo 2	Paciente tipo 3
Pseudomonas	45,0%	70,0%	45,0%
Staphylococcus	45,0%	20,0%	45,0%
Haemophilus	7,0%	7,0%	5,0%
Bdellovibrio	1,5%	1,5%	2,5%
Vampirovibrio	1,5%	1,5%	2,5%

Como se puede ver en la tabla,hemos jugado con la cantidad de bacterias de *Pseudomonas* y *Staphylococcus*, por un lado y con la cantidad inicial de fagos por otro.

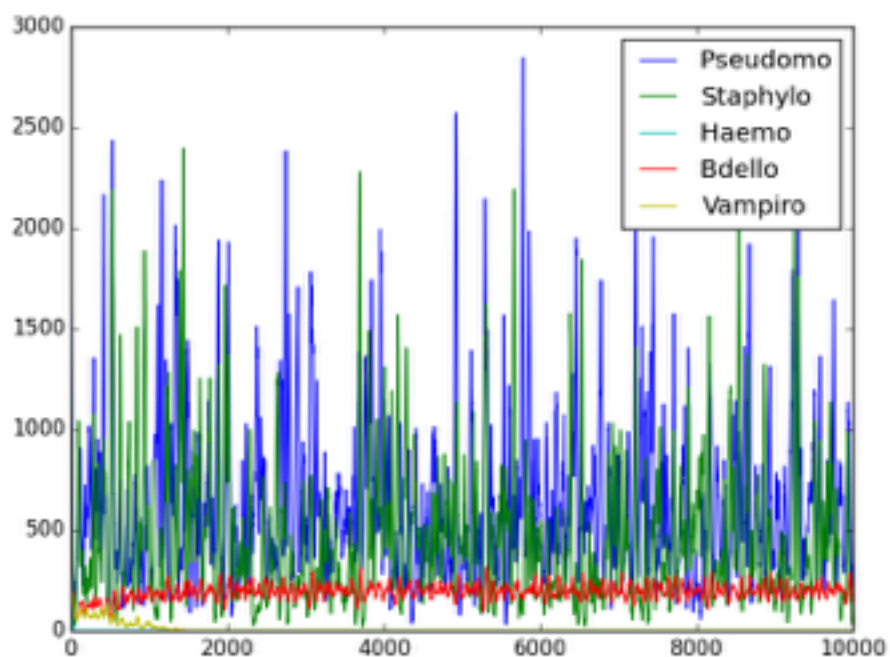
Resultados de estos datos iniciales

Paciente 1

En la figura de abajo podemos ver la distribución espacial inicial aleatoria (izquierda) con las condiciones iniciales del paciente 1 y la distribución espacial final después de 10000 días.



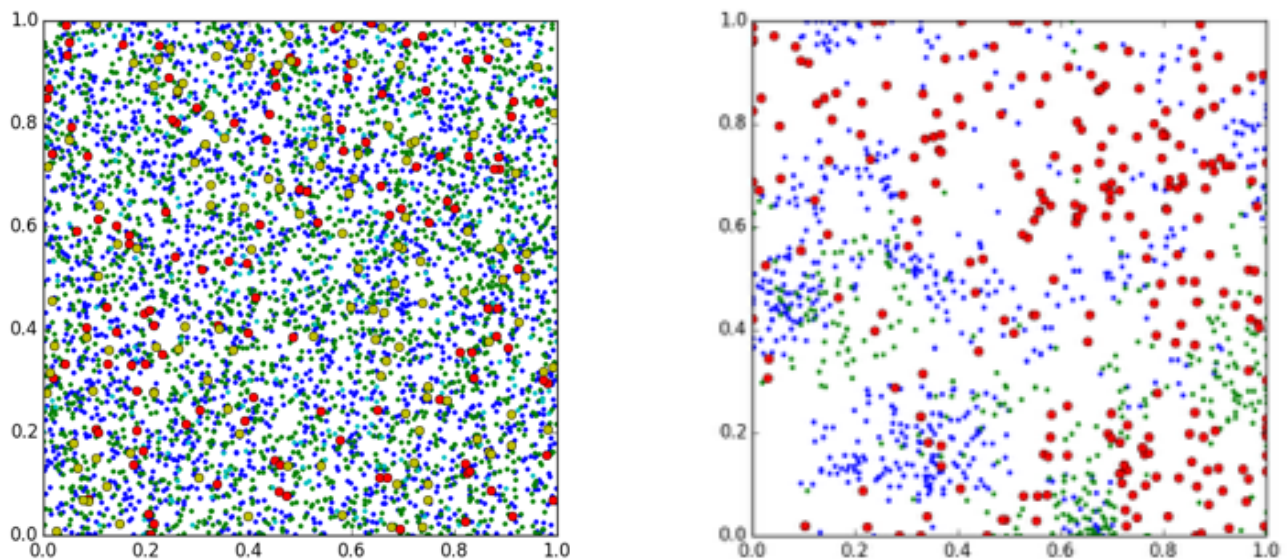
En la siguiente figura se ve como es la evolución temporal después de 10000 días. Los valores de crecimiento, movilidad ..., en esta simulación, son iguales para las bacterias, entre sí, e iguales para los fagos. Como se puede ver. Las dos bacterias más numerosas se mantienen oscilando. La bacteria con pequeño número inicial se muere así como uno de los fagos. El otro oscila sobre un valor medio.



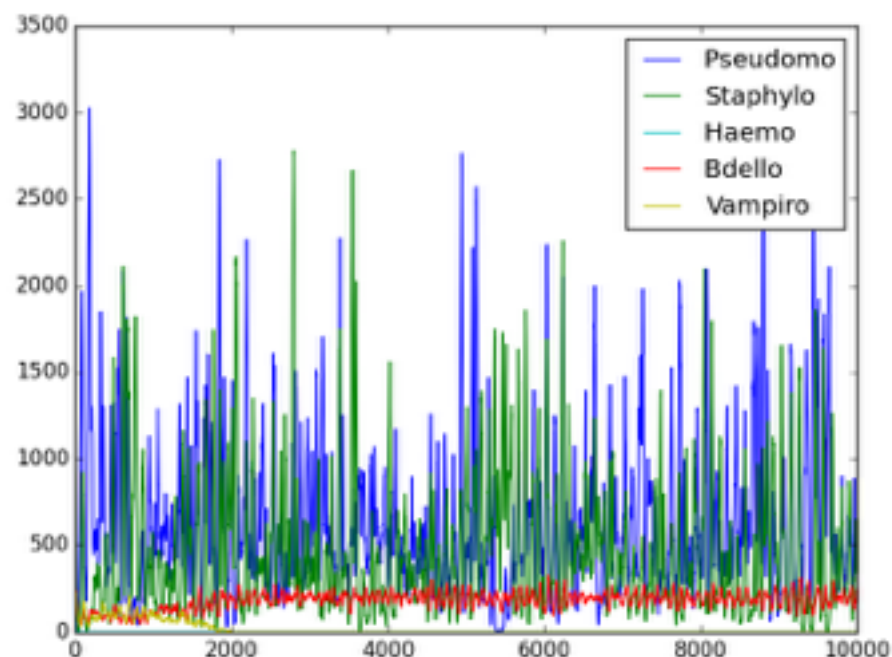
Hay que recordar que esto es una simulación estocástica que no se puede promediar con muchas realizaciones, así que puede ocurrir otro resultado, pero después de algunas repeticiones yo diría que este es el resultado más habitual.

Paciente 3

En la figura de abajo podemos ver la distribución espacial inicial aleatoria (izquierda) con las condiciones iniciales del paciente 3 y la distribución espacial final después de 10000 días.



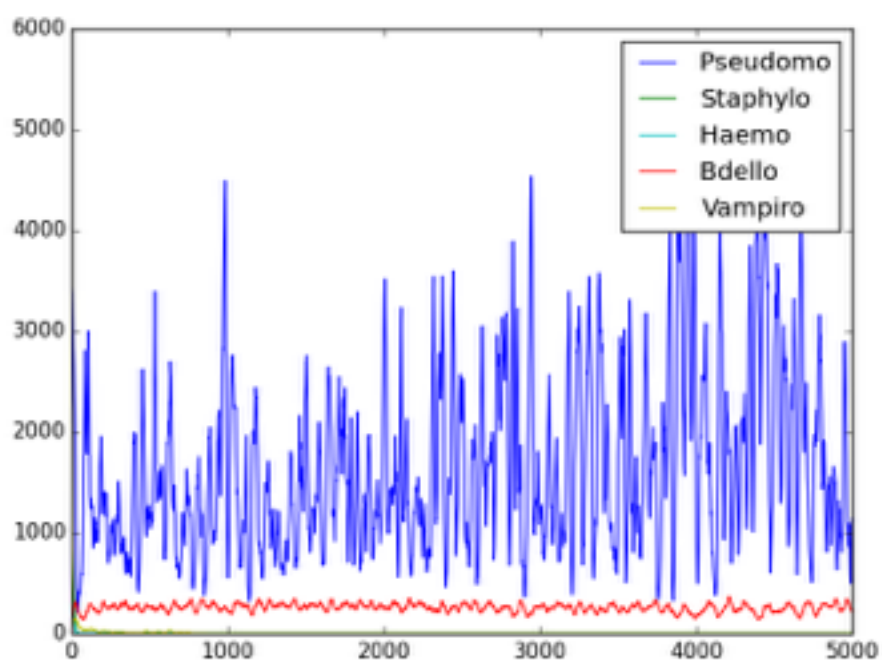
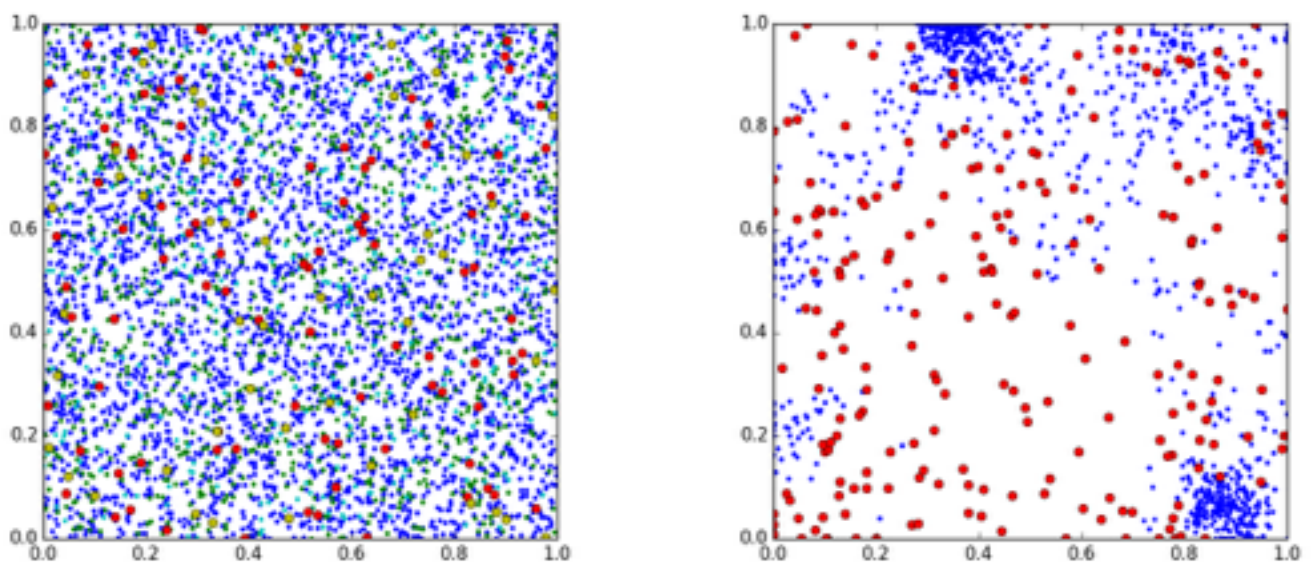
En la siguiente figura se ve como es la evolución temporal después de 10000 días. Los parámetros siguen siendo los mismos.



Como se puede observar el resultado es bastante similar al observado en el paciente 1. Lo que uno esperaría es que el valor sobre el que oscila el fago fuese mayor, pero no lo he comprobado. A simple vista no parece que eso ocurra.

Paciente 2.

En la figura de abajo podemos ver la distribución espacial inicial aleatoria (izquierda) con las condiciones iniciales del paciente 2 y la distribución espacial final después de 5000 días.



En la siguiente figura se ve como es la evolución temporal después de 5000 días. Los parámetros siguen siendo los mismos. Como se puede observar el resultado es diferente a los casos anteriores. Solo son dos los agentes que se mantienen: un fago y una bacteria, reproduciendo lo que podría ocurrir en un LV de dos especies pero con amplitudes diferentes.

Datos del código

```
#Prays
```

```
#Pseudomonas
```

```
r_init = int(0.40*num_agents) # initial Pseudomonas population
```

```
nr = r_init*2. # carrying capacity of Pseudomonas
```

```
mr = 0.03 # magnitude of movement of Pseudomonas
```

```
dr = 1.0 # death rate of Pseudomonas when it faces Predators
```

```
rr = 0.3 # reproduction rate of Pseudomonas
```

```
#Staphylococcus
```

```
ra_init = int(0.50*num_agents) # initial Staphylococcus population
```

```
nra = ra_init*2. # carrying capacity of Staphylococcus
```

```
dra = 1.0 # death rate of Staphylococcus when it faces Predators
```

```
rra = 0.2 # reproduction rate of Staphylococcus
```

```
#Haemophilus
```

```
h_init =int(.07*num_agents) # initial Haemophilus population
```

```
nh = h_init*2. # carrying capacity of Haemophilus
```

```
dh = 1.0 # death rate of Haemophilus when it faces Predators
```

```
rh = 0.2 # reproduction rate of Haemophilus
```

```
### Predators
```

```
#Bdellovibrio
```

```
f_init = int(.02*num_agents) # initial Bdellovibrio population
```

```
mf = 0.05 # magnitude of movement of Bdellovibrio
```

```
df = 0.05 # death rate of Bdellovibrio when there is no food
```

```
rf = 0.1 # reproduction rate of Bdellovibrio
```

```
#Vampirovibrio
```

```
w_init = int(.01*num_agents) # initial Vampirovibrio population
```

```
mw = 0.05 # magnitude of movement of Vampirovibrio
```

```
dw = 0.05 # death rate of Vampirovibrio when there is no food
```

```
rw = 0.1 # reproduction rate of Vampirovibrio
```

```
#spatial interaction
```

```
cd = 0.02 # radius for collision detection
```

```
cdsq = cd ** 2
```