

# Simulación de Sistemas

## Práctica 6

Sistema multiagente  
1455175: Ángel Moreno

18 de septiembre de 2018

### Resumen

En esta práctica se simula un sistema multiagente secuencial y luego compararlo con una simulación en paralelo, se observa y prueba que no cambia la distribución de la simulación en el efecto de un variable respuesta.

## 1. Introducción

En un sistema multiagente se tiene un conjunto de entidades con estados internos que reaccionan entre ellos mismos cambiando sus estados. Se maneja tres estados internos, conocido como el modelo **SIR**: susceptibles, infectados y recuperados.

Para los  $n$  agentes se tiene una probabilidad de inicio de contagio  $p_i$  y una probabilidad de recuperación  $p_r$ . Supongo que, por simplicidad, la infección produce inmunidad en los recuperados, solamente los susceptibles serán infectados. La probabilidad de contagio  $p_c$  es proporcional a la distancia euclidiana entre dos agentes  $d(i, j)$  como sigue:

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

donde  $r$  es un umbral.

Los agentes se encuentran en el subespacio  $l \times l \subset \mathbb{R}^2$  con velocidad y dirección. Se posicionan de forma uniforme al azar en el subespacio mencionado considerándolo como un torus.

## 2. Tarea

Identifica partes de los cálculos que se pueden implementar de formas más eficientes y en particular paraleliza todo lo que conviene con cualquiera de los dos paquetes que hemos visto. Asegura con pruebas estadísticas adecuadas que no se haya modificado el comportamiento del modelo matemático de la simulación. Estudia además el efecto de la probabilidad  $p_i$  (de 0.1 a 0.9 en pasos de 0.1) en el porcentaje máximo de infectados durante la simulación.

## 3. Simulación

Los parámetros que se utilizan son: el tamaño de la cuadrícula de  $l = 1,5$ , un total de  $n = 50$  agentes, para cada agente una velocidad entre  $(-l/30, l/30)$  para cada componente  $(x, y)$ , probabilidades para inicio de infección del agente de 0,1,0,2,...,0,9, el radio del umbral de  $r = 0,1$ , la probabilidad de recuperación de  $p_r = 0,02$  y un tiempo de 100 iteraciones.

Primero muestro el pseudocódigo de la simulación:

---

#### Pseudocódigo Sistema Multiagente

---

**Entrada:** Conjunto de datos de  $n$  agentes con sus componentes  $(x, y)$ , velocidad y estado.

**Salida:** Porcentajes de infección en 100 tiempos.

1. **for**  $i \leftarrow 1$  to  $tmax = 100$  **do**
  2.   % epidemia  $\leftarrow$  agregamos porcentaje de infectados.
  3.   Exploramos quienes se van a contagiar.
  4.   Actualizamos.
- 

La simulación secuencial y la simulación trabajando en paralelo se ejecutaron con códigos donde la mayor parte son similares excepto la parte de exploración de los contagios. El siguiente código es como se ejecuto en la simulación secuencial.

```
1 contagios <- rep(FALSE, n)
2 for (i in 1:n) { # posibles contagios
3   a1 <- agentes[i, ]
4   if (a1$estado == "I") { # desde los infectados
5     for (j in 1:n) {
6       if (!contagios[j]) { # aun sin contagio
7         a2 <- agentes[j, ]
8         if (a2$estado == "S") { # hacia los susceptibles
9           dx <- a1$x - a2$x
10          dy <- a1$y - a2$y
11          d <- sqrt(dx^2 + dy^2)
12          if (d < r) { # umbral
13            p <- (r - d) / r
14            if (runif(1) < p) {
15              contagios[j] <- TRUE
16            }
17          }
18        }
19      }
20    }
21  }
22 }
```

Esta parte del código se observa que tiene complejidad  $\mathcal{O}(n^2)$ . El siguiente código se ejecuto en la simulación en paralelo.

```
1 contagios <- rep(FALSE, n)
2 susceptibles <- dim(agentes[agentes$estado == "S",])[1]
3 if (susceptibles != 0) {
4   posibles <- as.numeric(row.names(agentes[which(agentes$estado == "I"),])) #solo los infectados
5   for (i in posibles) { # propagar sobre los infectados
6     a1 <- agentes[i, ]
7     candidatos <- agentes[which(contagios %in% F),] # solo propagar con los FALSE
8     elegidos <- as.numeric(row.names(candidatos[which(candidatos$estado == "S"),])) #solo los susceptibles
9     for (j in elegidos) {
10      a2 <- agentes[j, ]
11      dx <- a1$x - a2$x
12      dy <- a1$y - a2$y
13      d <- sqrt(dx^2 + dy^2)
14      if (d < r) { # umbral
15        p <- (r - d) / r
16        if (runif(1) < p) {
17          contagios[j] <- TRUE
18        }
19      }
20    }
21  }
22 }
```

Esta modificación del código empieza preguntando si existen susceptibles a cuales infectar es eficaz para probabilidades de inicio de infección grandes y haciendo exploración solo desde los agentes infectados hacia los susceptibles sin hacer la exploración sobre todos los agentes.

Se ejecuto 40 replicas de cada probabilidad en la simulación secuencial y en paralelo, se calculo una media para cada tiempo sobre el porcentaje de infección de las 40 replicas obteniendo la figura 1

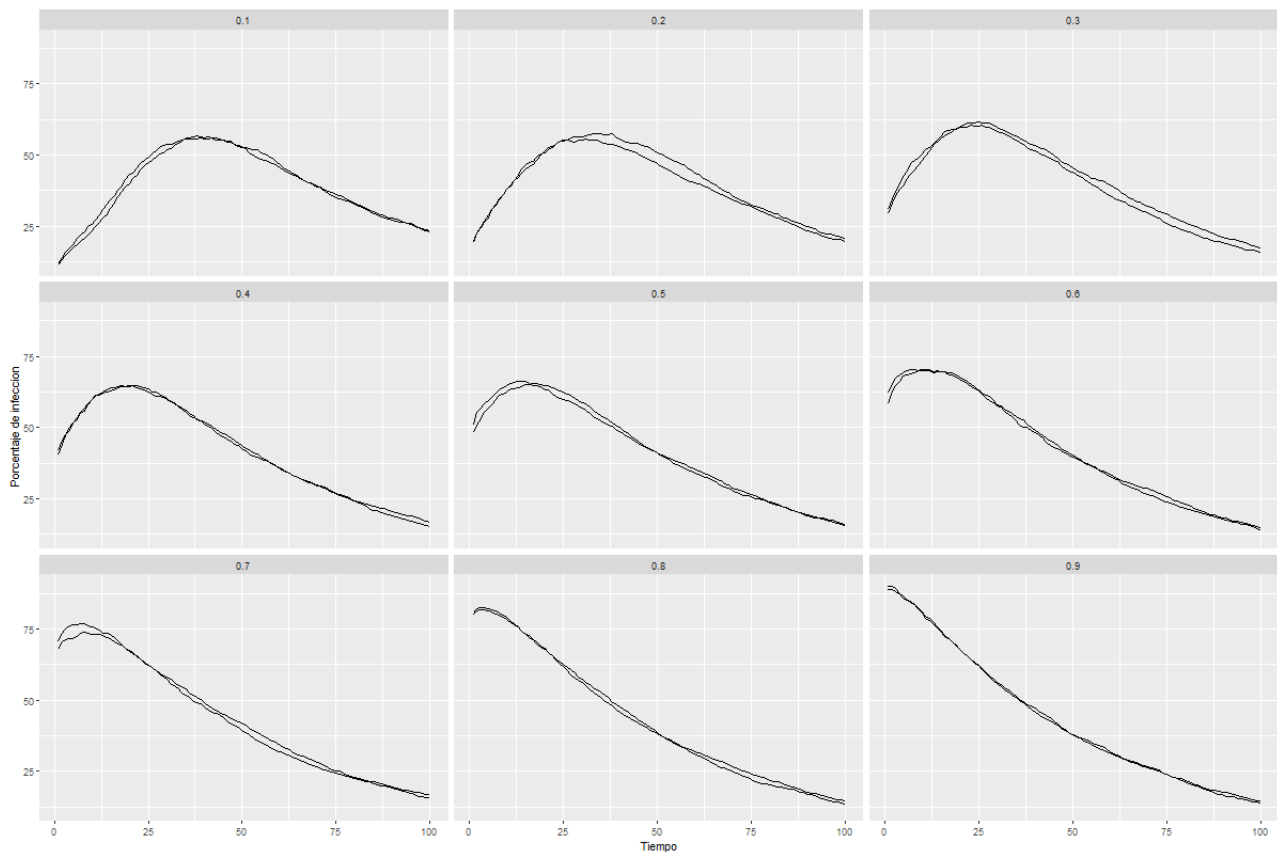


Figura 1: Gráfica de líneas de la simulación secuencia junto a el paralelo para cada probabilidad .

Se concluye gráficamente de la figura 1 que ni la simulación secuencial y la del paralelo no afectan la simulación, además se observan porcentajes máximos de infección alcanzado en tiempos de entre (30, 50) en probabilidades de 0.1, 0.2 y 0.3, para las demás probabilidades los porcentajes máximos se alcanzan en tiempos menores a 30.

Se verifica bajo la prueba estadística no paramétrica de Kruskal-Wallis con  $H_0$ : los datos vienen de la misma distribución, es decir, la ejecución secuencial y en paralelo no afectan la simulación.

```

1 > kruskal.test(PorInfectados ~ Categorías, data = Resultados)
2
3     Kruskal-Wallis rank sum test
4
5 data:  x by Group.2
6 Kruskal-Wallis chi-squared = 0.032494, df = 1, p-value = 0.8569

```

Para un nivel de significación  $\alpha = 0,05$  la hipótesis nula se acepta, es decir la simulación no se ve afectada por lo secuencial y lo paralelo.

## 4. Reto 1

Se implementa una vacuna al inicio de crear los agentes con una probabilidad de ser vacunado de un 30 %, la figura 2 muestra que probabilidades bajas hace que los porcentajes de infección sean casi idénticos que si no se aplicara la vacuna pero en cambio en probabilidades grande el porcentaje máximo alcanza el 70 % como se observa en la probabilidad 0.9.

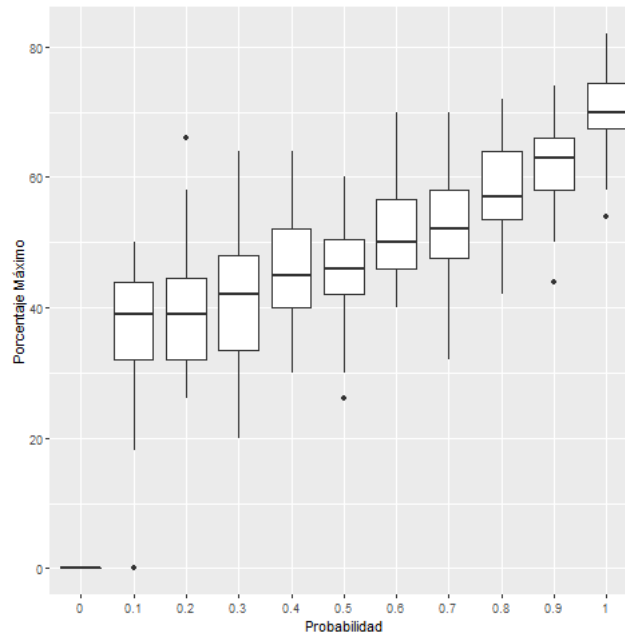


Figura 2: Caja de bigotes de probabilidad contra porcentaje máximo de infectados de un total de 40 réplicas.

## Referencias

- [1] SCHAEFFER E. *R paralelo: simulación and análisis de datos*, 2018.  
<https://elisa.dyndns-web.com/teaching/comp/par/>
- [2] VALDES EDUARDO. *Repository of Github*, 2017.  
<https://github.com/eduardovaldesga/SimulacionSistemas>
- [3] GARCIA BEATRIZ. *Repository of Github*, 2017.  
<https://github.com/BeatrizGarciaR/SimulacionSistemas>
- [4] SAUS LILIANA. *Repository of Github*, 2018.  
<https://github.com/pejli/simulacion>