

Simulazione diffusione epidemia secondo modello SIR

Anastasi Edoardo Lanzi Samuele Merola Samuele

A.A. 2019-2020

Sommario

Il nostro programma si sviluppa in due modalità:

- Modalità 1 Permette di ottenere l'andamento di persone suscettibili, infetti e non suscettibili in un'epidemia in funzione del tempo. Riceve in input i valori di β e γ (valori caratteristici di ogni epidemia) e presenta in output i valori di suscettibili, infetti e non suscettibili per ogni giorno (vengono simulati 60 giorni, partendo da una situazione di 100 infetti su una popolazione di 1000 unità); i valori in output vengono presentati sia in tabella che in un grafico.
- Modalità 2 Permette di visualizzare in una griglia grafica lo stato di ciascuna unità durante il corso di una epidemia, allo stesso tempo viene stampato il grafico delle curve di suscettibili, infetti e guariti in funzione del tempo nell'epidemia simulata. In input si assegnano le celle da ritenere infette all'origine con click del mouse sulle celle. In output, la situazione dell'epidemia in aggiornamento per ogni giorno fino al termine del contagio.

1 Scelte progettuali e implementative

1.1 Modalità 1

....
....
...
.....
...
....

1.2 Modalità 2

....
....
...
.....
...
....

2 Istruzioni di compilazione e esecuzione

Per la corretta compilazione del progetto è necessario l'utilizzo di CMake. Se non si possiede CMake, è necessario installarlo:

```
sudo apt-get install cmake
```

Dopo aver installato CMake, si può passare alla compilazione:

```
cd SIRmodel
cd option1 (cd option2)
mkdir build
cd build
cmake -DCMAKE_BUILD_TYPE=Debug ..
cmake --build . --target all
make VERBOSE=1
```

Ora il progetto è compilato, si può procedere con i test tramite il comando

`ctest`

oppure con l'esecuzione del programma tramite il comando

`./sir-sfml`

3 Risultati output e interpretazione

....
....
...
.....
...
....

4 Test e condizioni per la corretta esecuzione

....
....
...
.....
...
....