

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 rimossi 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 rimossi 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

Il modello SIR è un modello matematico che descrive l'evoluzione di una epidemia. L'andamento di S, I, R è descritto dalle seguenti formule:

$$\begin{aligned}S_i &= S_{i-1} - \beta I_{i-1} S_{i-1} \\I_i &= I_{i-1} + \beta I_{i-1} S_{i-1} - \gamma I_{i-1} \\R_i &= R_{i-1} + \gamma I_{i-1}\end{aligned}$$

β indica la probabilità di contagio ed è compresa tra 0 e 1 e γ indica la probabilità di guarigione, anch'essa compresa tra 0 e 1.

Il nostro programma utilizza queste formule per calcolare i valori di S, I e R per ogni giorno i -esimo (si veda ***sir.cpp***). All'avvio del programma, all'utente sarà chiesto di fornire tramite standard input i valori di beta, gamma e infetti iniziali - dati caratteristici della situazione da simulare. La durata della simulazione (60 giorni) e il numero totale della popolazione (1000 unità) sono già definiti al compile time.

Con questi valori il programma riesce a calcolare i valori di S, I e R di ciascun giorno (si veda ***sir.cpp***) e stamparli come standard output (si veda ***print.cpp***), inoltre in ***main.cpp*** viene creata una finestra con l'ausilio della libreria SFML, vengono creati tre vettori che contengono le coordinate dei valori di S, I e R in funzione dei giorni trascorsi e i punti vengono stampati in un piano cartesiano su questa finestra.

1.2 Modalità 2

Questa modalità prevede di osservare in via grafica l'andamento del contagio in una griglia bidimensionale composta da 256 celle per lato. Ogni cella rappresenta un individuo e può essere di stato S, I o R. Gli individui infetti hanno una certa probabilità di contagiare le celle vicine di stato suscettibile e rimangono infetti per un certo lasso di tempo distribuito uniformemente tra 14 e 20 giorni (si faccia riferimento a ***person.hpp***). Definito l'oggetto **Person** e inizializzato come **Susceptible**, in ***board.hpp*** viene creata la griglia **Board** come vettore di tipo **Person**. A questo punto il ***main.cpp*** può, con l'aiuto di SFML, riempire una finestra con una griglia piena di celle. Visivamente (si veda ***display.hpp***) le **Person** di stato **Susceptible** vengono colorate di rosso, le **Person** di stato **Infectious** vengono colorate di verde e quelle di stato **Recovered** di blu.

All'avvio del programma l'utente con il mouse dovrà premere su ogni cella che vuole considerare infetta allo stato iniziale e quindi si colorerà di verde. Raggiunto lo stato iniziale desiderato, l'utente darà inizio alla simulazione dei contagi premendo un qualsiasi tasto sulla tastiera. Il ***main.cpp*** stamperà su terminale la situazione corrente dello stato delle celle (calcolato in ***count.cpp***) aggiornandolo ad ogni ciclo; con questi valori un'altra finestra SFML terrà traccia dell'andamento di $S(t)$, $I(t)$ e $R(t)$ e li graficherà (si vedano le righe 40-135 di ***main.cpp***). Anche la **Board** (e di conseguenza la schermata grafica) si aggiornerà tenendo conto dei contagi. La situazione dei contagi e l'evoluzione delle celle è definita in ***evolve.cpp***.

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

3.1 Modalità 1

Eseguendo la prima modalità del programma, verranno mostrati in output del terminale tramite uno `std::cout` i valori di S, I e R per ogni giorno di simulazione [Figura 1 (a)]; inoltre, grazie alla libreria SFML, verrà aperto un grafico che rappresenta tali valori in funzione dei giorni trascorsi. Si vedranno quindi dei punti rossi che rappresentano il numero di persone suscettibili per giorno, dei punti blu che rappresentano i non suscettibili per giorno e dei punti verdi che rappresentano quanti sono infetti in quel giorno [Figura 1 (b)]. Si può notare che il risultato è coerente con il modello SIR atteso (si veda Scelte progettuali e implementative).

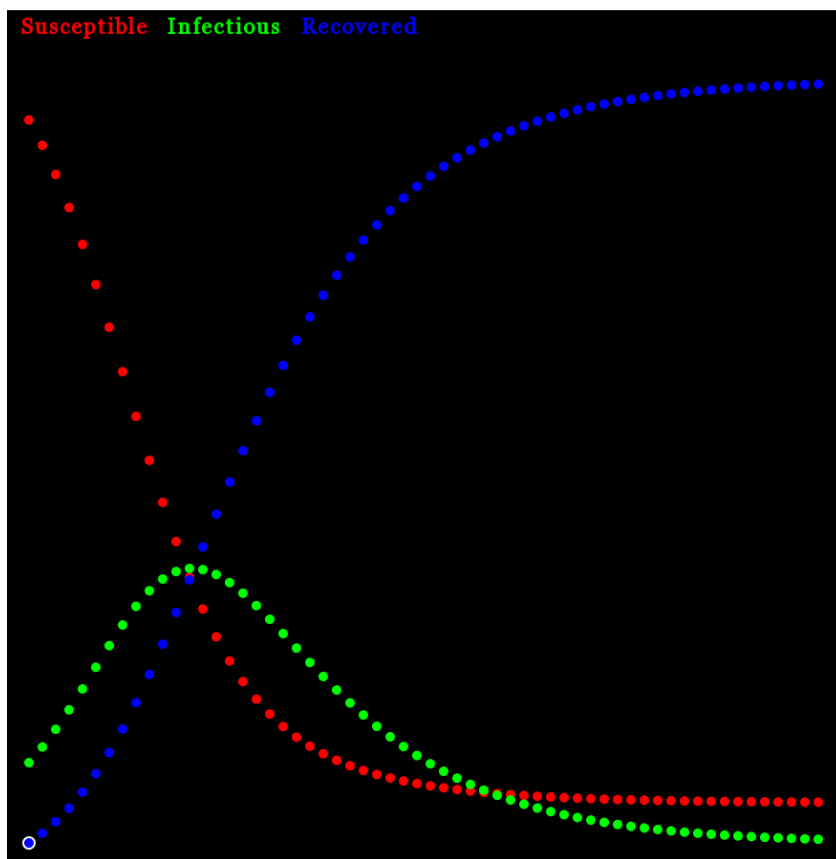
3.2 Modalità 2

Eseguendo la seconda modalità del programma, con il mouse si potrà fare click su ogni cella che si desidera considerare infetta alla situazione iniziale, poi premendo un qualunque tasto sulla tastiera si avvierà la simulazione del contagio. Si apriranno due finestre, nella prima [Figura 2 (a)] si vede una scacchiera composta da 256 celle per lato. Ciascuna cella sarà colorata di rosso se rappresenta un individuo suscettibile alla malattia, di verde se è infetto e blu se è già stato contagiato. La griglia si aggiorna ogni 30ms che rappresenta un giorno, le persone infette rimarranno tali per un numero di giorni distribuito uniformemente tra 14 e 20. Contestualmente, nell'altra finestra [Figura 2 (a)] vengono graficati i valori di $S(t)$, $I(t)$ e $R(t)$ conteggiando i valori reali dell'attuale simulazione.

Il programmatore, prima della compilazione, stabilisce un valore di contagiosità `constexpr int probabilityToInfect` (tra 0 e 100) in *person.hpp*. Utilizzando valori differenti si vede come può evolvere l'epidemia: inserendo un'alta probabilità di contagio l'epidemia procederà rapidamente e presto gran parte della popolazione risulterà infetta, al contrario inserendo una probabilità molto bassa si vede che l'epidemia rallenta fino a cessare prima di infettare molte celle.

4 Test e condizioni per la corretta esecuzione

```
....
....
...includi in questa sezione gli assert e try
....
...
....
```

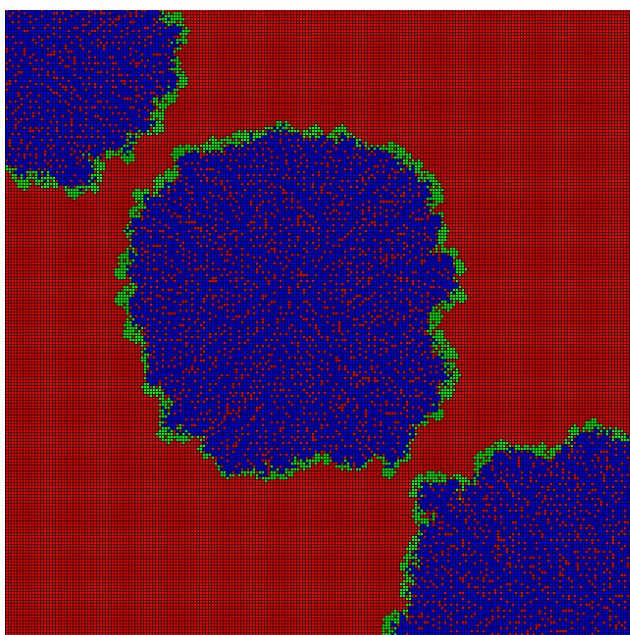


(a) output tramite finestra grafica SFML

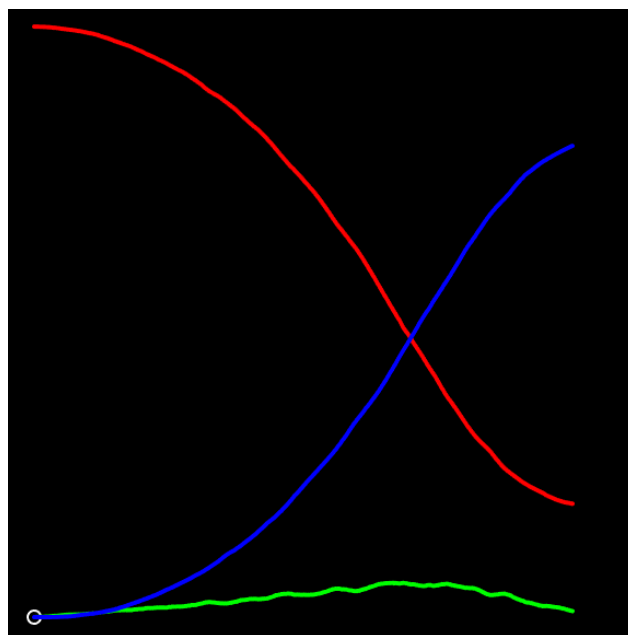
S	I	R
900	100	0
868.5	119.5	12
832.175	141.485	26.34
790.966	165.716	43.3182
745.089	191.706	63.2041
695.096	218.695	86.2089
641.891	245.657	112.452
586.701	271.368	141.931
530.977	294.528	174.495
476.242	313.92	209.839
423.916	328.575	247.509
375.165	337.897	286.938
330.797	341.718	327.486
291.233	340.275	368.492
256.548	334.127	409.325
226.546	324.034	449.42
200.853	310.843	488.304
179.001	295.393	525.605
160.495	278.453	561.052
144.853	260.68	594.467
131.637	242.615	625.748
120.459	224.679	654.862
110.987	207.19	681.823
102.938	190.375	706.686
96.0793	174.389	729.531
90.215	159.327	750.458
85.1842	145.239	769.577

(b) standard output da terminale

Figura 1



(a) griglia 256x256 rappresentante la situazione di ogni individuo



(b) grafico della situazione di contagio secondo il modello attuale

Figura 2