

Contágio SIR

Para construir uma simulação de contágio do Coronavírus na Região Metropolitana da Cidade de São Paulo, nos baseamos no modelo epidemiológico SIR (Susceptible, Infected, Removed), considerando dois parâmetros: a probabilidade de contágio e a probabilidade de recuperação.

A fim de construir um modelo de contágio semelhante ao mencionado acima, utilizamos o terceiro cenário preparado e estudado anteriormente e utilizamos alguns algoritmos explorados em aula.

Primeiramente, ao carregar a componente gigante do grafo dos encontros, todos os vértices foram marcados como suscetíveis (S) e aleatoriamente foi escolhido um vértice inicial (uma pessoa) para ser marcada como infectada (I). Para manter a consistência dos testes, o vértice inicial foi mantido para todos os seguintes testes.

A partir disso, tendo uma pessoa infectada, foi executada uma Busca em Profundidade (*Depth First Search*, DFS) para percorrer todo o grafo, partindo do vértice infectado inicial. Dessa forma, os vértices adjacentes ao mesmo, foram as pessoas que tiveram contato com a infectada, portanto tendo uma certa probabilidade c de contágio. Uma pessoa infectada também poderia, eventualmente, se recuperar, com uma dada probabilidade r .

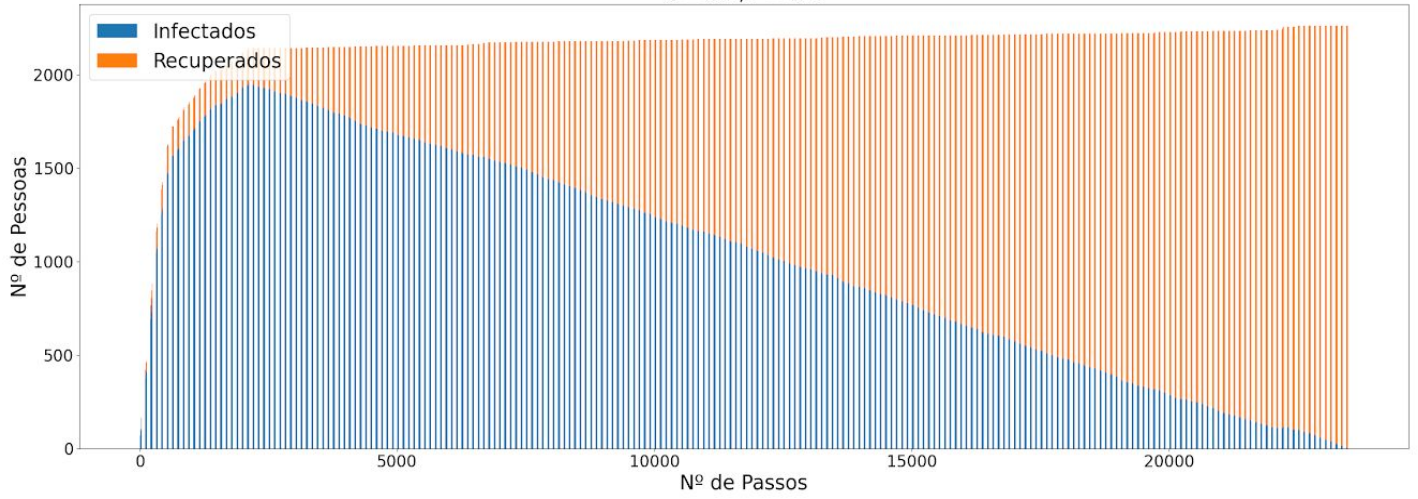
O algoritmo funciona da seguinte maneira:

- Para uma pessoa infectada, primeiro é verificado se ela se recuperou (sorteando um número $0 \leq N < 1$, e se $N \leq r$ ela se recuperou). Neste caso, a contaminação de outras pessoas é impossibilitada.
- Caso contrário, se ela entrou em contato com pessoas suscetíveis a se infectar, então é verificado se houve o contágio (sorteando um número $0 \leq M < 1$, e se $M \leq c$ a pessoa suscetível se infectou).
- Esse processo de contágio e recuperação é repetido até que não haja mais infectados, ou seja, até que todas as pessoas infectadas se recuperem.

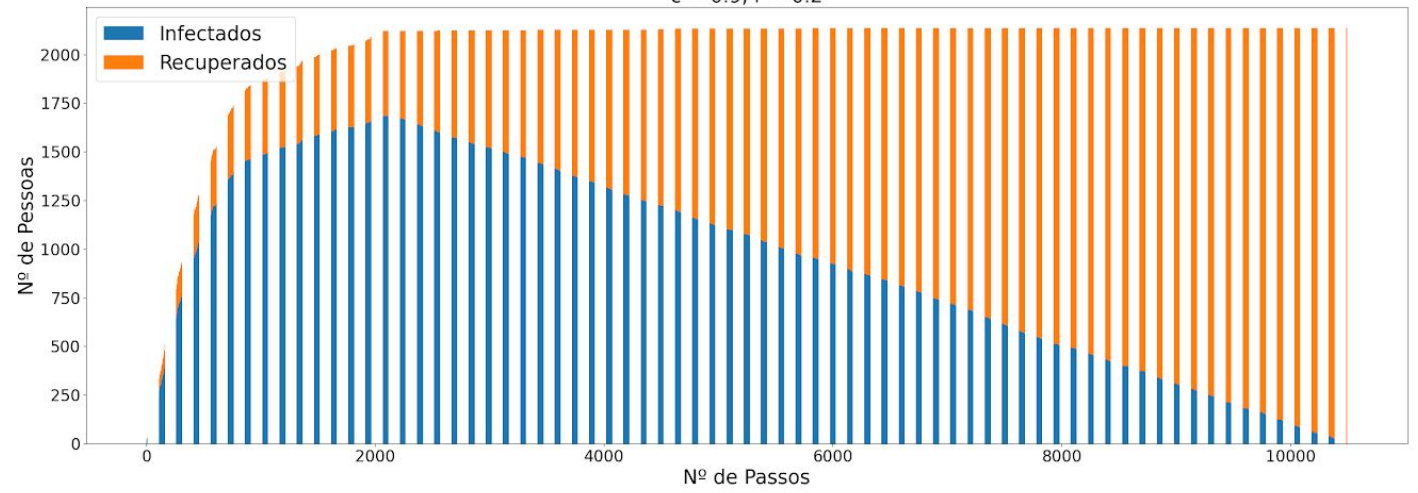
Durante o processo de contágio, é computado o estado atual do algoritmo, salvando o número de pessoas infectadas e recuperadas que havia no momento. Cada estado computado é dito um passo que será utilizado para gerar um gráfico que mostra o desenvolvimento da doença. Nos gráficos (apresentados a seguir) é possível ver como a princípio a doença se espalha rapidamente e, de forma gradual, o número de recuperados começa a crescer ao passo que o número de infectados diminui.

Tomando 3 diferentes pares de parâmetros c e r , os seguintes resultados foram obtidos:

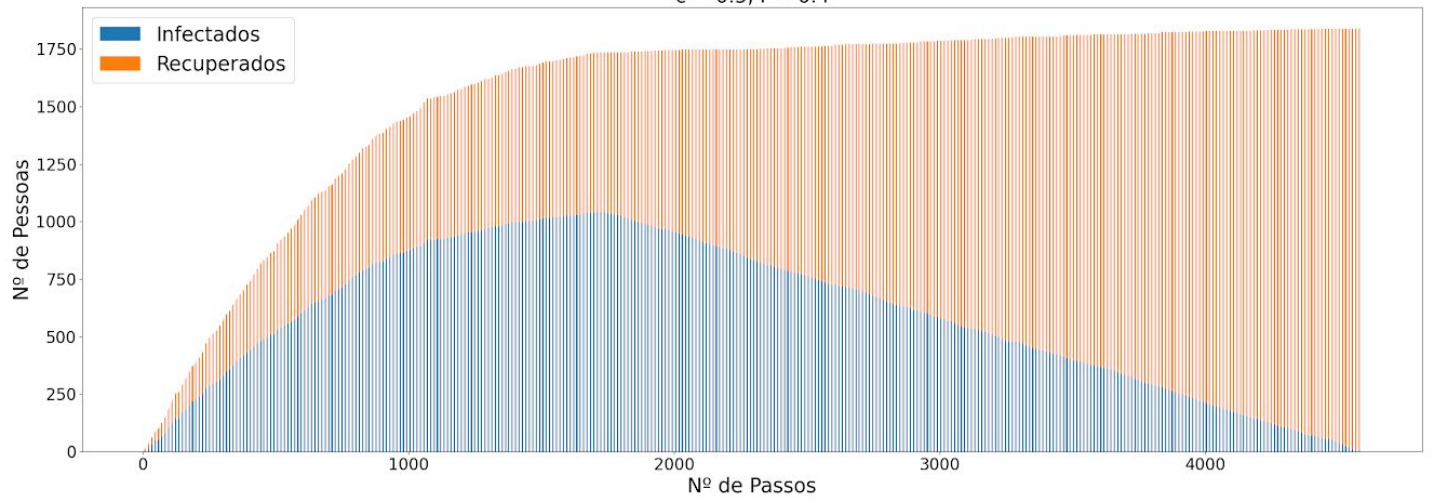
Relação Recuperados x Infectados
 $c = 0.7, r = 0.1$



Relação Recuperados x Infectados
 $c = 0.9, r = 0.2$



Relação Recuperados x Infectados
 $c = 0.5, r = 0.4$



Pergunta realizada no enunciado da tarefa: Com os parâmetros c e r fixos, o que deve ocorrer nos diferentes cenários que investigamos?

- Nos cenários com mais pessoas e mais conexões, o número de pessoas infectadas deve ser maior e consequentemente a recuperação de todos levará mais tempo.

Alunos

Ana Beatriz Machado Cuelbas	11207881
Gabriel de Castro Michelassi	11208162
Guilherme Balog Gardino	11270649
Laura Zitelli de Souza	11207814

O repositório está disponível no GitHub clicando [aqui](#).