

# Simulación de Eventos Discretos

## TP1

**Modelado y simulación para un sistema controlado de dinámica SIR con Vacunación en un entorno de grafo estocástico.**

Ferreyra Emanuel; Martin Rafael; Postolski Ivan

## Modelo Conceptual

Nos encargaremos de modelar una población de  $N$  individuos que interaccionan entre sí, dando lugar a la propagación de una enfermedad determinada. En cada momento, los individuos pueden encontrarse en uno de los siguientes estados:

- Susceptible ( $S$ )
- Infectado ( $I$ )
- Recuperado ( $R$ )
- Vacunado ( $V$ )

La dinámica de infección seguirá las siguientes reglas:

- La interacción entre individuos se da de a pares según un proceso aleatorio
- Cuando un individuo Susceptible interactúa con uno Infectado, el primero se infecta automáticamente.
- Un individuo Infectado permanece en ese estado durante un tiempo exponencial de parametro  $\rho$  después del cual pasa a estado Recuperado y ya no puede infectarse nunca mas.
- El resto de las interacciones no modifican los estados de los individuos.

La principal diferencia con la mayoría de los sistemas evolutivos de infecciones será que los individuos son racionales y podrán tomar la decisión de vacunarse. Esto lo harán siguiendo una estrategia ( $E$ ) que puede depender del tiempo y de la proporción de infectados en algún subconjunto de la población e indicara la tasa de vacunación. Dicha estrategia será elegida individualmente intentando minimizar los costos asociados tanto de vacunarse como de estar infectado.

Además, las interacciones entre individuos se dan a partir de un grafo estocástico construido según una distribución de grados llamado Configuration Model, donde los nodos representarían individuos y las aristas potenciales interacciones entre sí. Es decir que un individuo  $X$  podrá interactuar solamente con un individuo  $Y$  si existe una arista  $(X, Y)$  en el grafo.

Inicialmente se definiría un conjunto de individuos cuyo estado en la simulación sería Infectado a fines de modelar el inicio de la enfermedad.

RQs:

1. ¿Cómo influye la distribución de grado en la propagación de la enfermedad?
2. ¿Cómo influye la distribución de grado las estrategias de vacunación?
3. ¿Cómo influye el conjunto inicial de individuos en la propagación de la enfermedad?

## Modelo Formal

### Atómico individuo

Consideraremos que cada Atómico individuo posee un  $ID \in \mathbb{N}$ . Además, tanto  $\rho$  como  $\gamma$  son parámetros fijos del problema, y representan las tasas de recuperación y emparejamiento/encuentro.

$Individuo = \langle X, Y, S, \delta_{int}, \delta_{ext}, \lambda, ta \rangle$

$X = \{ID.1 = \text{"Soy ID y me Infectaron"}; ID.2 = \text{"Soy ID y te infecté"}; ID.3 = \text{"Soy ID y me vacuné"}; ID.4 = \text{"Soy ID y me recuperé"}\}$

$Y = X$

$S = \{(estado \in \{\text{Susceptible, Pre-Infectado, Infectado, Recuperado, Vacunado}\}, ID \in \mathbb{N}, \pi \in [0, \nu], Vecinos \subset \mathbb{N}, Infectados \subseteq Vecinos, Susceptibles \subseteq Vecinos)\}$

```

 $\delta_{ext}(s, e, ID.1)\{$ 
   $s' = s;$ 
   $s'.Infectados = s'.Infectados.add(ID);$ 
   $s'.Susceptibles = s'.Susceptibles.remove(ID);$ 
   $if\ s'.estado == Susceptible;$ 
     $s'.\pi = \nu / s'.Vecinos.size() * s'.Infectados.size();$ 
     $ta = exp(s'.\pi)$ 
   $if\ s'.estado == Infectado;$ 
     $ta = exp(\rho + s'.Susceptibles.size() * \gamma);$ 
     $x = uniforme(\rho + s'.Susceptibles.size() * \gamma);$ 
     $if\ x < \rho :$ 
       $s'.recuperado = True;$ 
     $else :$ 
       $s'.recuperado = False;$ 

```

```

        else :
            ta = ta - e
    }

     $\delta_{ext}(s, e, ID.2)\{$ 
         $s' = s;$ 
         $s'.estado = Pre - Infectado;$ 
         $ta = 0;$ 
     $\}$ 

     $\delta_{ext}(s, e, ID.3)\{$ 
         $s' = s;$ 
         $s'.Vacunados = s'.Vacunados.add(ID);$ 
         $s'.Susceptibles = s'.Susceptibles.remove(ID);$ 
        if  $s'.estado == Infectado;$ 
             $ta = exp(\rho + s'.Susceptibles.size() * \gamma);$ 
        else :
             $ta = ta - e;$ 
     $\}$ 

     $\delta_{ext}(s, e, ID.4)\{$ 
         $s' = s;$ 
         $s'.Infectados = s'.Infectados.remove(ID);$ 
        if  $s'.estado == Susceptible;$ 
             $s'.\pi = \nu / s'.Vecinos.size() * s'.Infectados.size();$ 
             $ta = exp(s'.\pi)$ 
        else :
             $ta = ta - e;$ 
     $\}$ 

     $\lambda(s)\{$ 
        if  $s.estado == Susceptible$ 
            for  $ins.Susceptibles.union(s.Infectados) :$ 
                 $send(out_v, ID.3)$ 
        if  $s.estado == Pre - Infectado$ 
            for  $ins.Susceptibles :$ 
                 $send(out_v, ID.1)$ 
        if  $s.estado == Infectado :$ 
            if  $s.recuperado :$ 
                for  $vsins.Susceptibles :$ 
                     $send(out_v, s, ID.4)$ 
            else :
                 $aInfectar = elijo_uno_uniforme(s.Susceptibles)$ 
                 $send(out_a Infectar, ID.2)$ 
     $\}$ 

     $\delta_{int}\{$ 
         $s' = s$ 
        if  $s'.estado == Susceptible :$ 
             $s'.estado = Vacunado$ 

```

```

    ta = inf
    if s'.estado == Pre - infectado :
        s'.estado = Infectado
        x = uniforme( $\rho + s'.Susceptibles.size() * \gamma$ );
        if x <  $\rho$  :
            s'.recuperado = True;
        else :
            s'.recuperado = False;
        ta = exp( $\rho + s'.Susceptibles.size() * \gamma$ );
    if s'.estado == Infectado && s'.recuperado :
        s'.estado = Recuperado;
        ta = inf
    if s'.estado == Infectado && not(s'.recuperado) :
        x = uniforme( $\rho + s'.Susceptibles.size() * \gamma$ );
        ta = x
        ta = exp( $\rho + s'.Susceptibles.size() * \gamma$ );
}

```

## Configuration Model

Un Configuration Model es un grafo estocástico  $G = \langle ID, (ID, ID) \rangle$  definido de manera que el grado de  $v \in ID$  sigue una distribución  $D$  fija. La dinámica de construcción de este tipo de grafos es la siguiente:

1. A cada nodo se le asigna una cantidad de semiaristas siguiendo la distribución  $D$ .
2. Luego, se une al azar la semiarista de un nodo con alguna semiarista de otro nodo, también elegida uniformemente entre las no apareadas.
3. Se repite 2 hasta formar todas las aristas.

Un resultado importante sobre este tipo de grafos es que para una cantidad de nodos suficientemente grande la probabilidad de que resulte ser un multigrafo, varias aristas entre dos nodos o una arista conectada a si misma, es 0. Haciendo uso de esto, el grafo base de los links entre atómicos estará “limpio” de multiaristas.

## Creacion de Modelo Devs

Definimos  $\text{genModelDevs}: \text{CM} \rightarrow \text{DevsModel}$  tal que:

1. Por cada  $\text{id} \in \text{CM.ID}$ , existe un  $\text{id}$  en  $\text{DevsModel.atomicos}()$
2. Por cada arista  $(x,y) \in \text{CM.A}$ , existen dos conexiones:
  - (a)  $x.\text{in}.y$  conectado a  $y.\text{out}.x$
  - (b)  $y.\text{in}.x$  conectado a  $x.\text{out}.y$

Bajo esta configuración, cada atómico individuo tendrá un puerto *in* y uno *out* por cada vecino que tenga en el grafo estocástico, teniendo cuidado que el mismo número de puerto se utilice para el mismo vecino. Esto será la base de la identificación de vecinos, para que los eventos de mensajería sean consistentes y los estados se actualicen correctamente.

**Nota:** Dado que cada puerto tiene un numero identificador (ie,  $in_0, \dots, in_n$ ). No será necesario en la implementación reflejar los *ID* de cada nodo para identificar su vecino, sino que cada puerto de entrada  $x$   $in_x$   $out_x$  se corresponde con el mismo vecino.

## Testing

Para testear el correcto funcionamiento de los atómicos desarrollamos los siguientes tests pseudo-unitarios:

### In Order

**Configuracion inicial:** Un nodo Susceptible y un vecino Infectado con alto  $\rho$  y bajo  $\nu$ .

**Configuracion esperada:** El nodo Susceptible debe pasar a Infectado, luego a Recuperado.

### No Jump

**Configuracion inicial:** Un grafo linea de tres nodos, el primer nodo Infectado y los otros dos Susceptibles.

**Configuracion esperada:** En ningun momento puede estar el tercer nodo infectado o Recuperado si el segundo esta Susceptible.

### The Only Truth

**Configuracion inicial:** Todos los nodos infectados.

**Configuracion esperada:** Todos los nodos recuperados.

### No Power Here

**Configuracion inicial:** Varios nodos Infectados, todos conectados con un nodo Vacunado/Recuperado.

**Configuracion esperada:** El Nodo debe permanecer Vacunado/Recuperado en todo momento.

### The Spy

**Configuracion inicial:** Dos componentes conexas de Susceptibles y un Infectado en una de ellas.

**Configuracion esperada:** Una componente con todos Recuperados o Vacunados y otra con todos Susceptibles.

Todos los comportamientos de la versión entregada se correspondieron con los esperados en los tests, validando los casos considerados interesantes. Por otro lado, como herramienta alternativa de verificación del resultado del simulador, se implementó un script llamado **sanity\_test.py** en el cual se verifica que la secuencia de estados de cada nodo sea una secuencia válida.

## Modelado y Simulación

### Resultados de la simulación

Simulamos el modelo con  $N = 1000$  individuos, un porcentaje de infectados iniciales del 1% y una distribución de grados  $\Gamma(\alpha, \beta)$  con varios parámetros diferentes, con el fin de variar el desvío estándar aunque manteniendo constante la esperanza en 10. A continuación graficamos cómo evolucionaron las proporciones de la población en cada estado.

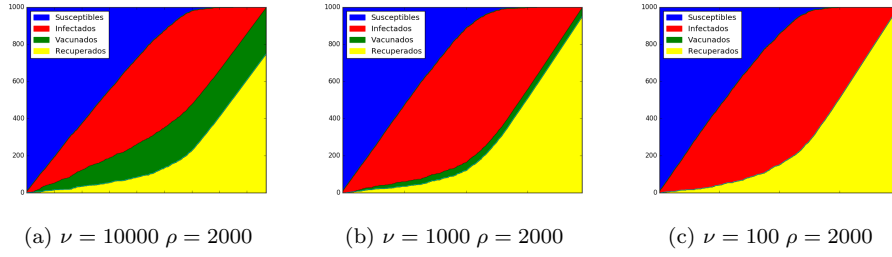


Figure 1:  $\alpha=30, \beta=3$

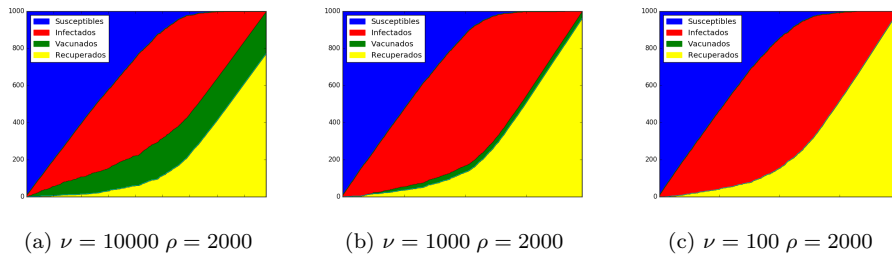


Figure 2:  $\alpha=3, \beta=0.3$

### Discusión

Podemos notar que en todos los casos el gráfico (a) presenta mayor proporción de vacunados dado que  $\nu$  es la tasa máxima de vacunación, que decrece en (b) y (c).

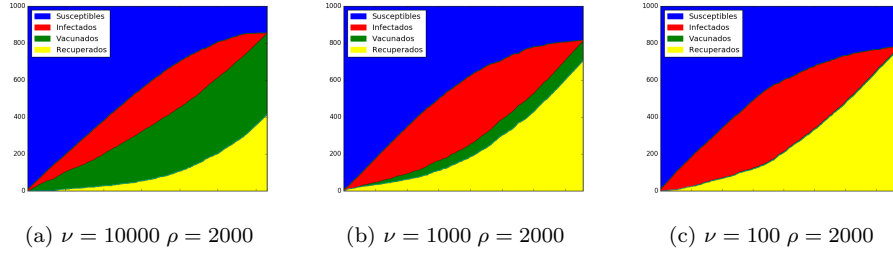


Figure 3:  $\alpha=1$ ,  $\beta=0.1$

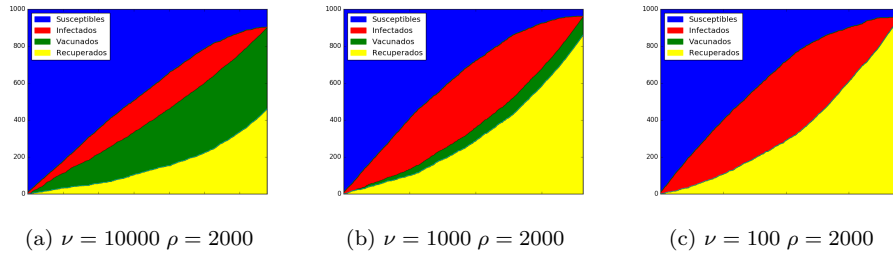


Figure 4:  $\alpha=10$ ,  $\beta=1$

Además, tanto en la figura 1 como en la 2, la cantidad de individuos que permanece susceptible al final de la simulación es casi nula por tener menor varianza la distribución de grados. Esto hace que la enfermedad se propague más rápidamente. El mismo fenómeno afecta la velocidad con la que la enfermedad se propaga, dado que los parámetros hacen menos probable que el grado de un nodo sea pequeño.

El análisis de la cantidad de vacunados nos indica que con este tipo de estrategias proporcionales a la cantidad de vecinos enfermos, la infección se propagará, dando motivación al posterior estudio de una estrategia óptima de vacunación, deseablemente dependiente de los grados de cada nodo y no de los infectados.