**Instituto Tecnológico de Estudios Superiores de Monterrey**

**Campus Querétaro**

**Integrantes:**

**Juan Carlos Estebes González A01204421**

**Juan Manuel Guerrero Hernández A01207672**

**Julián Niebieskikwiat Godoy A01207868**

**Marco Antonio López Morales A01203445**

**Métodos Cuantitativos y Simulación**

**Proyecto Final**

**Fecha de entrega: 28 de noviembre de 2016**

(debe incluir hoja de presentación, el plantemiento de solucion , es decir, el algoritmo general o la forma en  cómo platearon la estructura de programacion, descripción de un caso particular, descripción de valores de los parámetros y graficas de los resultados)

**Planteamiento**

Lo primero que realizamos en nuestra primera reunión, fue decidir que ecuaciones erán la que necesitábamos y requeríamos codificar primero, por lo que estuvimos analizando la hoja de la descripción, así como cada una de las ecuaciones y los valores que requerían dichas funciones.

La primera decisión que tomamos después de hacer el análisis, fue codificar las funciones que estaban más sencillas, estas eran, las siguientes funciones: B, g, TERMINO1 y TERMINO2. Teniendo codificadas esas ecuaciones, lo siguiente era plantear la codificación de las 3 funciones que especificaban cada uno de las tablas que guardaríamos para graficar: Susceptibles, Infectados y Recuperados.

El siguiente paso, fue realizar el código para cada ecuación y comprobar los parámetros que recibía cada una de las funciones, una vez comprobado que los datos de entregada eran los correctos, el último paso fue convertir los datos de salida, en archivos con formato .csv para realizar las gráficas correspondientes.

**Estructura de programación**

1. Definir las librerías a utilizar
2. Redefinir los tipos de datos como vectores y matrices.
3. Las funciones básicas se declararon inicialmente para que pudieran ser utilizadas por posteriores funciones.
4. Desarrollar las funciones para calcular las población susceptible, infectada y recuperada.
5. Métodos para imprimir y llenar vectores y matrices
6. Funciones para llenar los archivos .csv
7. Main
   1. Declarar variables a utilizar
      1. m = 0.03
      2. alfa = 0.2
      3. h = 0 => especies
      4. k = 0 => virus
      5. t = 0 => días
      6. species = 0
   2. Pedir los valores de h, k y t
   3. Declarar las matrices necesarias
      1. Infected
      2. Recovered
      3. beta
      4. rho
      5. gama
   4. Llenar los valores de rho, beta y gama
   5. Llamar a las funciones susceptible, infected y recovered, para pasarlos a los archivos .csv
   6. Realizar las gráficas con los valores obtenidos