Prática de Computador III: Socialidade

Marco A. R. Mello

Universidade de São Paulo

Instituto de Biociências

Departamento de Ecologia

Tópicos Avançados em Ecologia de Animais (BIE0315)

Profs. José Carlos Motta Jr. & Marco A. R. Mello

Artigo de base: Guimarães Jr. et al. (2007, Physical Review E)

Agradecimentos: O primeiro autor do artigo de base tirou nossas dúvidas sobre os resultados de seu trabalho.

README

Sumário

Preparativos

Modelo SIR básico

Modelo SIR com estrutura de rede

Para saber mais

Preparativos

Leia o tutorial desta prática, disponível aqui em formato PDF e também no moodle da disciplina.

Aqui faremos simulações de modelos SIR usando não o NetLogo, mas pacotes de R.

Defina o diretório de trabalho como sendo a origem deste script.

```
setwd(dirname(rstudioapi::getActiveDocumentContext()$path))
```

Remova todos os objetos prévios.

```
rm(list= ls())
```

Limpe o console.

cat("\014")

Carregue os pacotes necessários.

```
library(igraph)

##
## Attaching package: 'igraph'

## The following objects are masked from 'package:stats':

##
## decompose, spectrum

## The following object is masked from 'package:base':

##
## union

library(deSolve)
```

Modelo SIR básico

library(rJava)

Crie uma função com as equações diferenciais de um modelo SIR.

```
sir <- function(time, state, parameters) {
    with(as.list(c(state, parameters)), {
        dS <- -beta * S * I
        dI <- beta * S * I - gamma * I
        dR <- gamma * I

        return(list(c(dS, dI, dR)))
    })
}</pre>
```

Defina os parâmetros da função.

Comece pela proporção em cada compartimento: Suscetíveis = S, Infectados = I, Recuperados = R.

```
init <-c(S = 0.999, I = 0.001, R = 0.000)
```

Defina as taxas: beta: taxa de infeção; gamma: taxa de recuperação.

```
parameters <- c(beta = 1.025, gamma = 0.2)
```

Defina a escala de tempo da simulação.

```
times <- seq(0, 100, by = 1)
```

Resolva as equações diferenciais usando a função ode (General Solver for Ordinary Differential Equations). out <- ode(y = init, times = times, func = sir, parms = parameters)

Converta o resultado em um data frame.

```
out <- as.data.frame(out)</pre>
```

Delete a variável de tempo.

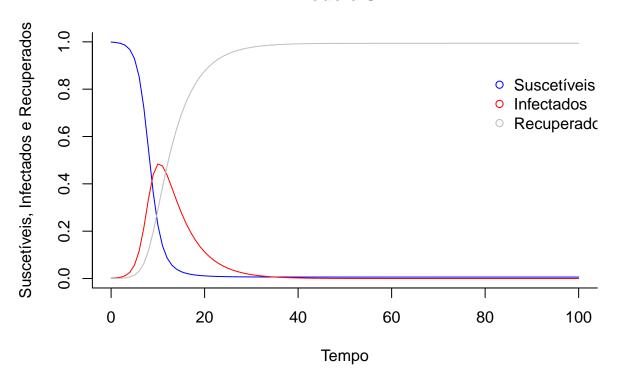
```
out$time <- NULL
```

Inspecione o resultado.

head(out) ## ## 1 0.9990000 0.001000000 0.0000000000 ## 2 0.9974092 0.002279865 0.0003109669 ## 3 0.9937991 0.005182385 0.0010184875 ## 4 0.9856709 0.011708131 0.0026209671 ## 5 0.9676644 0.026116989 0.0062186047 ## 6 0.9292083 0.056660091 0.0141315674 Plote as curvas SIR.

```
matplot(x = times, y = out, type = "l",
        xlab = "Tempo",
       ylab = "Suscetíveis, Infectados e Recuperados",
       main = "Modelo SIR",
       lwd = 1, lty = 1, bty = "l",
        col = c("blue", "red", "grey"))
legend(80, 0.9, c("Suscetiveis", "Infectados", "Recuperados"),
       pch = 1,
       col = c("blue", "red", "grey"),
       bty = "n")
```

Modelo SIR



Modelo SIR com estrutura de rede

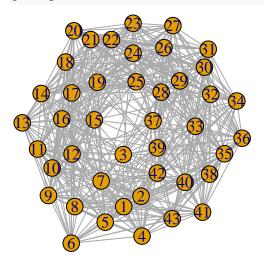
Primeiro, remova os objetivos criados anteriormente.

```
rm(list= ls())
```

Crie uma rede com estrutura de mundo pequeno (Watts-Strogatz), tipicamente observada em redes sociais.

Plote o grafo para visualizar a rede criada.

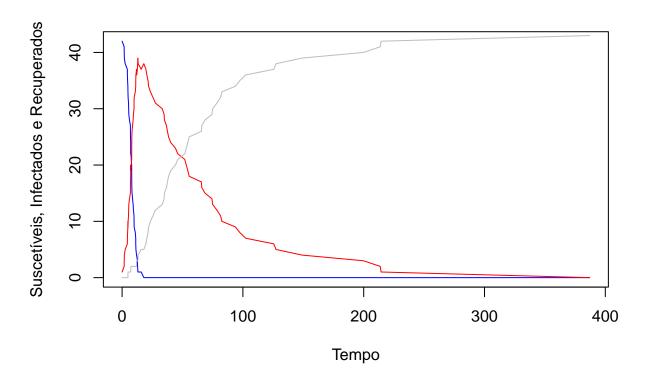
plot(g)



Rode um modelo SIR sobre a estrutura da rede criada.

```
sm <- sir(g,  #a rede que você criou
beta = 0.02, #probabilibidade de infecção
gamma = 0.02, #probabilidade de recuperação
no.sim = 1) #número de rodadas de simulação</pre>
```

Plote as curvas SIR.



Para saber mais

- 1. O modelo SIR e o achatamento da curva
- $2.\ \ http://rstudio-pubs-static.s3.amazonaws.com/6852_c59c5a2e8ea3456abbeb017185de603e.html$
- 3. https://archives.aidanfindlater.com/blog/2010/04/20/the-basic-sir-model-in-r/
- $4. \ https://igraph.org/c/doc/igraph-Generators.html\#igraph_watts_strogatz_game$
- 5. https://igraph.org/r/html/latest/sir.html