

Trabajo final

Disease spreading in populations of moving agents

M.Paula Caral*

Departamento de Física, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires,
Pabellón I, Ciudad Universitaria, 1428 Buenos Aires, Argentina.

(A. Buscarino, L. Fortuna, M. Frasca y V. Latora)

I. El paper original

En este trabajo se recreó uno de los resultados del paper *Disease spreading in populations of moving agents* de A. Buscarino, L. Fortuna, M. Frasca y V. Latora [1]. En dicha publicación se estudia el efecto que tiene el factor *long jump* en la simulación de la propagación de una enfermedad en agentes que pueden moverse. Un *long jump* representa la posibilidad de los individuos de viajar largas distancias. En la simulación, esto se incluye considerando que los agentes se ubican en cualquier posición aleatoria de la celda con una probabilidad p_j . Un resultado primordial de este trabajo es que el número de infectados N_I alcanza su máximo mucho antes en el tiempo cuanto mayor es la probabilidad p_j . Asimismo, el valor de este máximo aumenta con p_j , infiriendo que es mayor la cantidad de individuos que se contagian en este caso. Este es el resultado que se recreó en este trabajo.

II. La simulación

Como la idea es recrear el resultado que obtienen los autores en su publicación, se desarrolló código en C que imitara la simulación que hicieron, tal como la describen en el paper. El código puede verse en el siguiente repositorio de GitHub (link).

Tal como se indica en la publicación, la simulación se realizó para un total de $N = 1000$ agentes, una densidad de agentes $\rho = 1$, módulo de la velocidad $v = 0,1$, probabilidad $\lambda = 0,1$ de que un agente susceptible se infecte y probabilidad $\mu = 0,05$ de que un agente infectado se recupere. La cantidad inicial de infectados fue de $N_I = 10$ y se realizaron 300 frames de simulación (representando el tiempo t). Para un valor de p_j fijo, la simulación se realizó 100 veces con el fin de promediar los valores de $N_I(t)$ y obtener mejores resultados.

Finalmente, los valores de p_j utilizados fueron 0, 0,01, 0,1 y 1.

En la figura 1 se puede ver el resultado obtenido para los valores de N_I en función del tiempo usando las simulaciones del código desarrollado en C. Para realizar este gráfico, los datos se procesaron en Python (dicho código también está incluido en el repositorio de GitHub).

Como extra, se visualizaron las simulaciones frame a frame en una animación (también realizada con Python), lo cual permite ver de forma clara qué sucede en la celda. El video de la animación puede verse en el mismo repositorio de GitHub. Con esta visualización se puede observar cómo el número de infectados (en rojo) aumenta y disminuye muy rápidamente para $p_j = 1$, mientras que para $p_j = 0$ se observan grupos pequeños de agentes en rojo, es decir, se propaga muy poco la enfermedad.

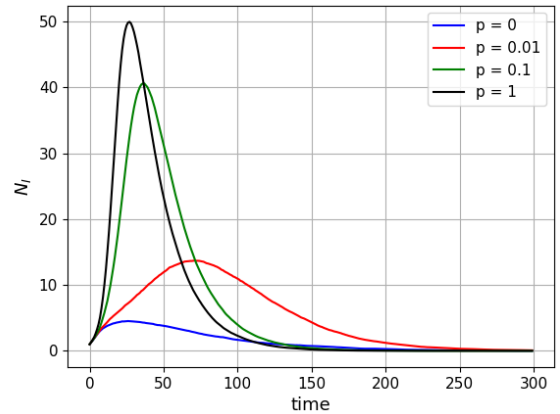


Figura 1: Resultados logrados con la simulación hecha en C, imitando la simulación del trabajo original.

[1] A. Buscarino et al. Disease spreading in populations of moving agents, doi: 10.1209/0295-5075/82/38002.

* paulacaral@hotmail.com