

# PROCESSI DIFFUSIVI E CONTAGIO

Simone Tealdi

18 luglio 2019

## Indice

<b>1</b>	<b>INTRODUZIONE</b>	<b>2</b>
<b>2</b>	<b>SIMULAZIONE E CODICE</b>	<b>3</b>
2.1	MONDO E BUTTON . . . . .	3
2.2	FUNZIONAMENTO . . . . .	4
2.2.1	PROCEDURA PARETI . . . . .	4
2.2.2	PROCEDURA MEMBRANA . . . . .	4
2.2.3	PROCEDURA COLLISIONE . . . . .	4
<b>3</b>	<b>RISULTATI E GRAFICI</b>	<b>10</b>
3.1	PLOTS . . . . .	10
3.2	TEMPO DI EQUILIBRIO IN FUNZIONE DELL'AREA . . . . .	11
3.3	TEMPO DI EQUILIBRIO IN FUNZIONE DEL GRUPPO A . . . . .	12
3.4	TEMPO DI EQUILIBRIO IN FUNZIONE DEL GRUPPO B . . . . .	13
3.5	TEMPO DI CONTAGIO IN FUNZIONE DI P . . . . .	14
3.6	TEMPO DI CONTAGIO IN FUNZIONE DELL'AREA . . . . .	15
3.7	TEMPO DI CONTAGIO IN FUNZIONE DEL GRUPPO B . . . . .	16
3.8	TEMPO DI CONTAGIO IN FUNZIONE DEL GRUPPO A . . . . .	17
<b>4</b>	<b>CONCLUSIONI</b>	<b>17</b>

# 1 INTRODUZIONE

Se si lascia cadere una goccia di inchiostro in un bicchiere d'acqua, si potrà osservare come le molecole di colorante si sposteranno dalla zona più concentrata fino a quella con minor quantità di soluto. Si assisterà al fenomeno fino al raggiungimento di una situazione di equilibrio, ovvero quando la concentrazione di inchiostro sarà uniforme nel volume d'acqua.

Possiamo dire con certezza che si è stati spettatori di un fenomeno fisico chiamato Diffusione. Con questo termine si descrivono tutti quei fenomeni di trasporto di massa mediante movimento di atomi o molecole.

I primi studi riguardo tale fenomeno si ebbero nel 1828 con il botanico britannico Robert Brown che osservò il moto apparentemente casuale di granelli di polline in sospensione nell'acqua e da lui derivò appunto il nome di moto browniano. L'interpretazione teorica di tale fenomeno fu data parecchi anni dopo, nel 1905, da Albert Einstein. Il celebre fisico analizzò il problema studiando come evolve la distribuzione di probabilità  $\rho(\vec{r}, t)$  di trovare la particella nella posizione  $\vec{r}$  al tempo  $t$ . Einstein riuscì ad ottenere l'equazione di diffusione  $\frac{\partial}{\partial t}\rho(\vec{r}, t) = D\vec{\nabla}^2\rho(\vec{r}, t)$ , dove  $\rho(\vec{r}, t)$  si rivelò essere una distribuzione gaussiana con varianza  $\sigma^2=2Dt$ . La causa del fenomeno fu attribuita agli urti del granello di polline con le molecole d'acqua a loro volta mosse dall'agitazione termica.  $D$  rappresenta il coefficiente di diffusione e fu definito da Einstein ed in maniera indipendente da Smoluchowski come  $D = \mu k_B T$ , dove  $T$  rappresenta la temperatura,  $k_B$  la costante di boltzmann e  $\mu$  è la mobilità che viene definita in modo opportuno a seconda del problema affrontato.

La trattazione di Einstein, nonostante fosse in accordo con l'evidenza sperimentale, aveva il limite di rinunciare a descrivere direttamente le traiettorie dei granelli di polline. A questa mancanza sopperì Langevin nel 1908, descrivendo il moto browniano tramite l'ausilio dell'equazione di Newton per la posizione del granello di polline. Langevin trovò gli stessi risultati di Einstein e definì  $D = \frac{k_B T}{6\pi\eta a}$ , dove  $\eta$  rappresenta la viscosità del fluido ed  $a$  è il raggio del granello di polline. Con Langevin nacquero i concetti che successivamente trovarono il loro pieno sviluppo nella teoria delle equazione differenziali stocastiche.

I fenomeni di diffusione vanno ben al di là del semplice granello di polline in sospensione all'interno di un bicchiere d'acqua. Possono descrivere la ragione per cui due gas inizialmente separati all'interno di un volume, se eliminata la divisione, occuperanno tutto lo spazio loro disponibile finché non saranno distribuiti in modo uniforme. Inoltre la diffusione è alla base del trasporto di sostanze alle nostre cellule, per esempio si può notare come i nutrienti presenti nel sangue diffondano attraverso l'endotelio capillare fenestrato e raggiungano le cellule. Ma la diffusione può avvenire anche all'interno dei solidi, se intesa come migrazione graduale degli atomi da una posizione reticolare ad un'altra.

La diffusione è quindi un meccanismo di trasporto della materia che avviene nei solidi, nei liquidi e nei gas, inoltre tale spostamento si ha mediante movimento di atomi da una regione dove sono presenti con un'alta concentrazione verso una in cui partecipano con una minore. Infine questo fenomeno non è null'altro che una chiara manifestazione del secondo principio della termodinamica, infatti l'entropia del sistema aumenta, dimostrando che l'equilibrio è lo stato più probabile.

In questo progetto si cerca di simulare un processo di diffusione applicato a situazioni socio-economiche. Un sistema ospitante un processo diffusivo è descrivibile come un

insieme di elementi con un comportamento deterministico che interagiscono tra loro. In funzione di questo si divide il mondo in due regioni tramite una parete impenetrabile che ha un'apertura regolabile. Le due regioni simulano l'ambiente in cui risiedono e sono liberi di muoversi i due rispettivi gruppi, mostranti diverse caratteristiche, mentre la parete rappresenta la difficoltà di interazione tra i due gruppi. Gli elementi possono interagire sia tra appartenenti dello stesso gruppo sia con quelli dell'altro. L'interazione può simulare uno scambio di opinioni oppure la trasmissione di un agente patogeno, ovviamente questi scambi sono mediati da una certa probabilità di riuscita. I diversi colori dei due gruppi indicano il possesso di caratteristiche diverse ed essi sono l'attributo di scambio dopo l'interazione di due elementi. Il movimento degli elementi sarà apparentemente casuale e sarà modellizzato come il moto di agitazione termica di un gas. I parametri che variano in input sono il numero di elementi per gruppo, la dimensione dell'apertura e la probabilità che esprime il successo o meno dell'avvenuto scambio di colore durante un'interazione. Si intende studiare come varia il numero di elementi per regione in funzione del tempo con l'attesa di trovare un plot che tende ad un valore di equilibrio, fluttuandoci attorno. Si valutano anche i plot di come i colori degli elementi variano nel tempo. Infine si esegue lo studio di come varia il tempo di raggiungimento dell'equilibrio al variare dei parametri in input.

## 2 SIMULAZIONE E CODICE

In questa sezione si intende dare una descrizione di come è strutturata la simulazione e delle relative parti di codice che permettono il suo funzionamento.

### 2.1 MONDO E BUTTON

Premuto il tasto SETUP, nella schermata rappresentante il mondo della simulazione appariranno un certo numero di palline colorate di rosso o di blu, che saranno divise da una barriera marrone avente un'apertura di una certa dimensione. Il numero di palline a destra e a sinistra della barriera può essere impostato agendo su due SLIDER denominati rispettivamente "elementi-gruppo-destra" ed "elementi-gruppo-sinistra", ognuno dei quali offre la possibilità di creare da 1 a 50 palline. Anche l'apertura della barriera è regolabile tramite l'utilizzo di uno SLIDER denominato "area" che varia da un valore di 2 a 5 con passo di 1. La membrana viene creata chiamando la procedura **crea-membrana** all'interno di SETUP. Questa procedura colora le patch con coordinata x uguale a zero di marrone e poi esegue un ciclo da 0 al valore impostato dell'area creando l'apertura. Infine all'interno di **crea-membrana** sono anche presenti linee di codice che spostano, all'interno delle rispettive camere, le palline che durante la loro creazione sono finite sopra alla membrana od all'apertura. Esiste un ultimo SLIDER denominato semplicemente "P". Questo scorre i suoi valori da 0 a 1 con passo di 0.1 e rappresenta la probabilità che durante un urto tra una pallina blu ed una rossa quella blu diventi rossa, mentre quella rossa non cambi colore. Ovviamente può accadere con una probabilità di  $1-P$  che sia la rossa a cambiare colore lasciando invariata la blu. Con ciò si intende simulare la trasmissione aleatoria di una caratteristica tra elementi.

Continuando la panoramica dell'interfaccia di simulazione si nota la presenza di 4 PLOT. I primi due graficano l'andamento delle popolazioni a destra ed a sinistra nel

tempo. Sono inoltre presenti delle rette parallele all'asse del tempo indicanti i valori di "elementi-gruppo-destra", "elementi-gruppo-sinistra" ed il valor medio tra questi due. Per facilitare ulteriormente la lettura dei PLOT sono stati inseriti anche dei MONITOR riportanti il numero degli elementi delle due popolazioni ad ogni tick. Gli ultimi due PLOT servono a graficare l'andamento nel tempo del numero di palline rosse e blu, le quali sono state codificate come **breed** e chiamate rispettivamente "gruppoA" e "gruppoB".

## 2.2 FUNZIONAMENTO

Il tasto MOVE dà avvio alla simulazione. Gli individui rappresentati da palline iniziano a muoversi con moto casuale urtando contro le pareti e tra loro. Se due palline di colori diversi urtano avviene lo scambio di colore mediato dalla probabilità  $P$ . La procedura MOVE è ovviamente il cuore pulsante dell'intera simulazione, infatti chiama la maggior parte delle altre procedure che sono le più importanti in termini di funzionamento. Le procedure in questione sono **pareti**, **membrana** e **collisione**. le prime due gestiscono l'urto contro le pareti del mondo e contro la membrana centrale, mentre la terza comanda la collisione tra individui. Si farà seguire una carrellata di queste procedure cosiddette vitali, ma sarà spiegata nel dettaglio solo la procedura COLLISIONE, in quanto le altre presentano un codice relativamente più semplice.

### 2.2.1 PROCEDURA PARETI

Questa procedura determina gli urti degli individui contro le pareti del mondo. Questo avviene utilizzando serie di **if** ed eseguedo l'urto come quello di una particella che impatta contro un muro, ovvero l'angolo di incidenza è uguale a quello di riflessione.

### 2.2.2 PROCEDURA MEMBRANA

Questa procedura regola gli urti contro la membrana che divide il mondo in due camere. Il codice che la implementa e la dinamica della collisione avvengono con la stessa logica usata in **pareti**.

### 2.2.3 PROCEDURA COLLISIONE

La procedura **collisione** è senza ombra di dubbio il cuore della simulazione. Tramite essa gli individui eseguono l'operazione di urto e quella di scambio colore. Il codice implementato all'interno di questa procedura utilizza la teoria dell'urto elastico tra due particelle sferiche. Questa prevede di trovare le grandezze di interesse in funzione dell'angolo  $\alpha$  che la congiungente dei due centri delle particelle, al momento dell'urto, forma con il parametro d'urto  $d$ . Il parametro d'urto è la distanza tra due rette parallele passanti per i centri delle due sfere e con verso coincidente con la velocità di una delle due sfere urtanti(vedi FIG1).

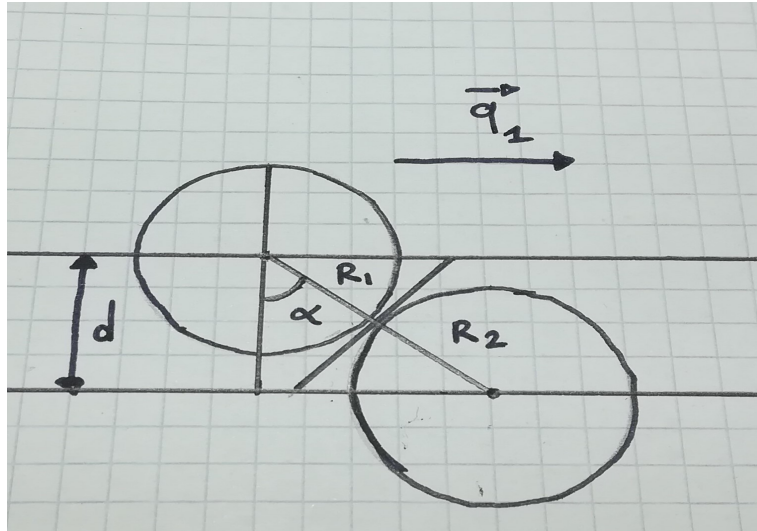


FIG1: rappresentazione schematica del momento di urto tra particelle sferiche.  $\alpha$  è l'angolo citato sopra,  $d$  è il parametro d'urto,  $R_1$  e  $R_2$  sono i raggi delle particelle e  $\vec{q}_1$  è il vettore quantità di moto della particella con raggio  $R_1$ .

Considerato il fatto che, in linea con le caratteristiche di NetLogo la simulazione possiede un tempo discreto e che si muove un agente per volta, è lecito modellizzare le collisioni come urti tra una particella ferma ed una dotata di velocità. la situazione può essere schematizzata come mostrato dalla FIG2.

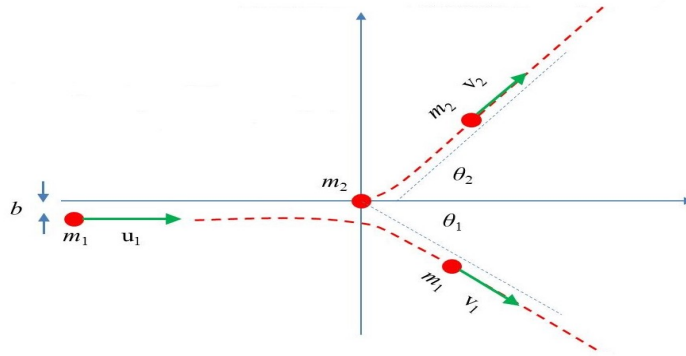


FIG2: rappresentazione schematica dell'urto.

La prima grandezza che si può calcolare è l'angolo  $\alpha$ , infatti facendo semplici considerazioni geometriche in base a FIG1 si può dimostrare che  $\cos \alpha = \frac{d}{R_1 + R_2}$ . Poi applicando la conservazione della quantità di moto, dell'energia cinetica e passando al sistema di riferimento del centro di massa si possono trovare le seguenti relazioni:

$$\begin{aligned}
 v_{1x} &= \frac{u_1}{m_1 + m_2} (m_1 + m_2 \cos 2\alpha) & v_{2x} &= \frac{u_1 m_1}{m_1 + m_2} (1 - \cos 2\alpha) \\
 v_{1y} &= -\frac{u_1 m_2}{m_1 + m_2} \sin 2\alpha & v_{2y} &= \frac{u_1 m_1}{m_1 + m_2} \sin 2\alpha
 \end{aligned}$$

Queste relazioni esprimono le componenti delle velocità delle due particelle dopo l'urto. La velocità della particella urtante è  $u_1$ , mentre  $m_1$  ed  $m_2$  sono le rispettive masse delle

particelle. Notare che nel caso la coordinata  $y$  della particella 1 sia maggiore di quella della 2 le formule rimangono uguali con la differenza che il segno meno va posto a  $v_{2y}$ .

In questa simulazione le masse degli individui sono tutte uguali e valgono 1 Kg. Anche le velocità sono uguali sia prima sia dopo l'urto. Tutto ciò che interessa è la nuova direzione (built-in variable heading) degli individui dopo l'urto, quindi si vogliono trovare gli angoli di deflessione rispetto alla direzione di  $u_1$ . Perciò le relazioni utili ai nostri scopi si riducono a:

$$\tan \theta_1 = -\frac{\sin 2\alpha}{1+\cos 2\alpha} \quad \tan \theta_2 = \frac{\sin 2\alpha}{1-\cos 2\alpha}$$

Per calcolare il parametro  $d$  si usa il postulato della geometria euclidea recitante le parole: tra due punti passa una ed una sola retta. Infatti l'idea prevede di trovare  $d$  come distanza punto-retta, dove il punto è la coordinata di uno degli individui, mentre la retta passa per la coordinata dell'altro individuo e per un punto giacente sulla sua direzione data da **heading**. Questo punto sarà individuato dalle coordinate  $x_0$  e  $y_0$ . Per calcolare la distanza punto-retta si deve scrivere la retta in questione in forma implicita, cioè  $ax+by+c=0$ . La matematica viene in nostro soccorso offrendoci la formula per determinare tale retta dati due punti:  $\frac{y-y_1}{y_0-y_1} = \frac{x-x_1}{x_0-x_1}$ . Modellando questa equazione si possono trovare i coefficienti della retta come combinazioni delle coordinate dei due punti. Adesso si può trovare  $d = \frac{|ax_2+by_2+c|}{\sqrt{a^2+b^2}}$ , dove  $x_2$  e  $y_2$  sono le coordinate dell'individuo in cui non passa la retta. Infine calcolo  $R_1 + R_2$  come il modulo della differenza dei vettori di componenti le coordinate dei due individui.

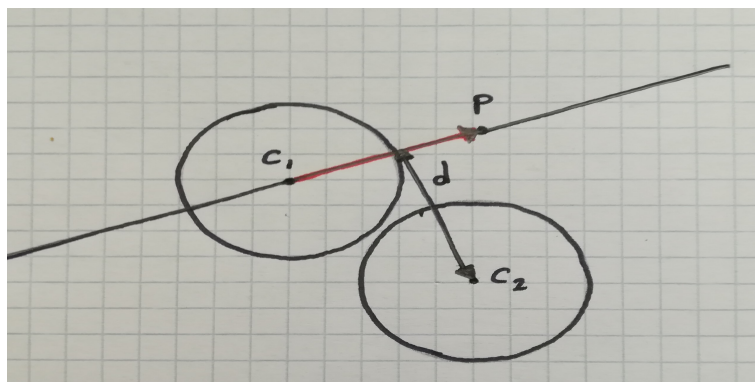


FIG3: rappresentazione schematica del calcolo per trovare il parametro d'urto  $d$ . La retta è indicata in nero. La freccia rossa è la direzione dell'individuo 1 identificata con **heading**.  $C_1 = (x_1, y_1)$ ,  $C_2 = (x_2, y_2)$ ,  $P = (x_0, y_0)$

Gli angoli di deflessione sono dati rispetto alla direzione della pallina urtante, questo significa che non possono corrispondere alle nuove direzioni assunte dagli individui dopo l'urto, ma necessitano di alcune modifiche. Le modifiche sono ovvie e consistono nel sommare o sottrarre  $\theta_1$  e  $\theta_2$  alla direzione dell'individuo urtante. Inoltre le formule cambiano di un meno a seconda se la coordinata  $y$  della pallina urtante è maggiore o minore di quella della pallina urtata. Considerando ciò si cambia il sistema di riferimento da quello del mondo ad uno che ha origine nell'individuo urtante ed asse  $x$  coincidente con la sua **heading**. Fino ad adesso si sono considerati urti che avevano parametro d'urto  $d$  diverso

da zero, ma esiste il caso in cui  $d=0$ , ovvero quando l'urto è frontale. In questo caso la simulazione prevede semplicemente che i due individui si scambino le direzioni. Per quanto riguarda lo scambio di colore si usano una serie di **if** e si impostano variabili booleane. La probabilità  $P$  viene usata generando un numero casuale tramite la funzione **random-float**. Se il numero generato casualmente è minore di  $P$  allora la pallina blu diventa rossa se no quella rossa diventa blu.

Di seguito viene mostrato il codice completo della procedura **collisione**, che sarà commentato nelle sue parti più importanti.

```

let teta1 heading ;1
let tetatemp heading ;2
let x0 sin (teta1) + xcor ;3
let y0 cos(teta1) + ycor ;4
let b0 (x0 - xcor) ;5
let a0 (ycor - y0) ;6
let c (- ycor * x0 + xcor * y0 ) ;7
let x1 xcor ;8
let y1 ycor ;9
let temp false ;10

let tcolorR1 false ;11
let tcolorR2 false ;12
let tcolorB1 false ;13
let tcolorB2 false ;14
let changeR false ;15
let changeB false ;16

if(color = red)[set tcolorR1 true] ;17
if(color = blue)[set tcolorB1 true] ;18

if(any? other turtles in-cone 1.1 150) ;19
[
ask other turtles in-cone 1.1 150 ;20
[
let teta2 heading ;21
let R sqrt ( (x1 - xcor) ^ 2 + (y1 - ycor) ^ 2) ;22
let d abs (a0 * xcor + b0 * ycor + c) / sqrt (a0 ^ 2 + b0 ^ 2) ;23
let alfa 0 ;24
if(R != 0 and d < R) ;25
[
set alfa acos (d / R) ;26
]
]
]

```

```

let y2 ((xcor - x1) * sin (teta1 - 90) + (ycor - y1) * cos (teta1 - 90));27

if( d != 0 and R != 0 and d < R) ;28
[
if(y2 < 0) ;29
[
set teta2 360 - atan (- sin (2 * alfa)) (1 - cos (2 * alfa)) ;30
set heading (teta1 + teta2) ;31
set teta1 atan sin (2 * alfa) (1 + cos (2 * alfa)) ;32
set tetatemp (tetatemp - teta1) ;33
set temp true ;34

if(color = blue)[set tcolorB2 true] ;35
if(color = red)[set tcolorR2 true] ;36

if(tcolorR1 and tcolorB2) ;37
[
ifelse(random-float 1 < P)[set color red][set changeB true] ;38
]
if(tcolorB1 and tcolorR2) ;39
[
ifelse(random-float 1 < P)[set changeR true][set color blue] ;40
]

forward 0.3 ;41
]

if(y2 > 0) ;42
[
set teta2 atan sin (2 * alfa) (1 - cos (2 * alfa)) ;43
set heading (teta1 - teta2) ;44
set teta1 360 - atan (- sin (2 * alfa)) (1 + cos (2 * alfa)) ;45
set tetatemp (tetatemp + teta1) ;46
set temp true ;47

if(color = blue)[set tcolorB2 true] ;48
if(color = red)[set tcolorR2 true] ;49

if(tcolorR1 and tcolorB2) ;50
[
ifelse(random-float 1 < P)[set color red][set changeB true] ;51
]
if(tcolorB1 and tcolorR2) ;52
[
ifelse(random-float 1 < P)[set changeR true][set color blue] ;53
]
]

```



```

forward 0.3 ;54
]
]

if(d = 0 and R != 0) ;55
[
set teta2 teta1 ;56
forward 0.3 ;57
set tetatemp (teta1 + 180) ;58

if(color = blue)[set tcolorB2 true] ;59
if(color = red)[set tcolorR2 true] ;60

if(tcolorR1 and tcolorB2) ;61
[
ifelse(random-float 1 < P)[set color red][set changeB true] ;62
]
if(tcolorB1 and tcolorR2) ;63
[
ifelse(random-float 1 < P)[set changeR true][set color blue] ;64
]
]
]
]

if (temp) ;65
[
set heading tetatemp ;66
forward 0.3 ;67
]

if(changeB) ;68
[set color blue] ;69

if(changeR) ;70
[set color red] ;71

```

Dalla riga 1 alla riga 18 si ha l'inizializzazione delle variabili che serviranno per i calcoli sopra descritti (i coefficienti della retta sono ora  $a_0$ ,  $b_0$  e  $c$ ). La variabile **tetatemp** serve per definire la direzione dopo l'urto dell'individuo urtante, mentre **temp** è una variabile di controllo per l'urto. Le righe 17 e 18 servono per definire il colore della pallina urtante. Dalla riga 21 alla 26 si effettuano i conti per la distanza dei due centri, per il parametro  $d$  e per l'angolo  $\alpha$ . Nella riga 27 viene effettuato il cambio di sistema di riferimento che

permette di ridefinire la variabile  $y_2$  e di usarla poi per applicare le due tipologie di formule per gli angoli di deflessione. Dalla riga 30 alla 34 ci sono i conti per trovare gli angoli di deflessione, nello specifico nella 31 viene impostata la nuova direzione dell'individuo urtato. Nella riga 35 e 36 viene fatta la stessa cosa delle righe 17 e 18, ma ora per la pallina urtata. Dalla riga 37 alla 40 avviene lo scambio di colore. Siccome siamo all'interno del secondo **ask**, che fa riferimento all'individuo urtato, qui si può cambiare solo il suo colore. Nel caso ci fosse necessità di cambiare il colore dell'individuo urtante si utilizza il blocco di codice dal 68 al 71 che è strettamente collegato con questo. Le prossime righe fino alla 64 compresa presentano gli stessi blocchi di codice visti finora, con la differenza che sono per il caso  $y_2 > 0$  o parametro d'urto  $d=0$ . Infine dalla riga 65 alla 67 si imposta la nuova direzione per l'individuo urtante.

### 3 RISULTATI E GRAFICI

In questa sezione vengono presentati i risultati dei vari studi che sono stati svolti sulla simulazione. Le prese dati sono state effettuate con il tool, presente in NetLogo, chiamato BehaviorSpace. Per ogni misura sono state effettuate 100 prove sulle quali sono state eseguite medie con relative deviazioni standard. Le distribuzioni delle misure ottenute nelle 100 prove si sono rilevate essere di poisson, quindi dato il valor medio  $\mu$  la deviazione standard è  $\sigma = \sqrt{\mu}$ . La principale grandezza di interesse è il tempo di raggiungimento dell'equilibrio ed è stata infatti oggetto di tutti gli studi effettuati. Questa simulazione si basa su processi di diffusione, quindi è atteso che il sistema tenda all'equilibrio, ovvero ad una situazione in cui le due camere avranno lo stesso numero di individui. Questo equilibrio avviene ovviamente in un periodo diverso di tempo a seconda delle varie configurazioni di parametri impostate all'inizio della simulazione. Quindi è proprio questo tempo, in funzione dei vari parametri, che è stato misurato (il tempo è valutato tramite i ticks della simulazione). Un'altra grandezza di interesse è il tempo di diffusione di contagio, ovvero il tempo che la sistema ci mette ad avere tutti gli individui di uno stesso colore. Anche questo tempo dipende dalla configurazione iniziale dei parametri e viene misurato tramite i ticks della simulazione.

#### 3.1 PLOTS

Vengono qui presentati i **plots** relativi ad un giro di simulazione.

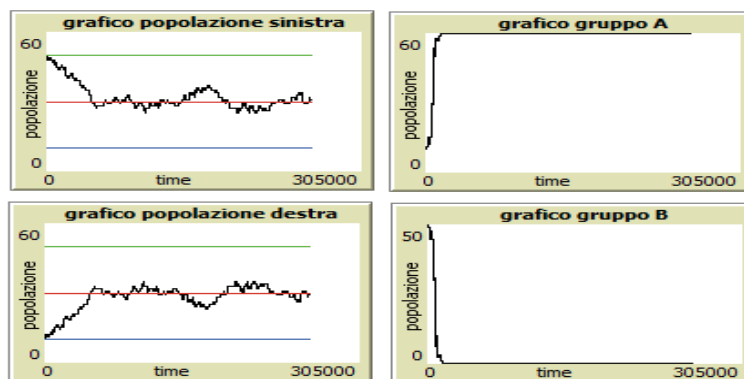


FIG4: plots di un giro di simulazione.

elementi-gruppo-destra = 10

elementi-gruppo-sinistra = 50

area = 4

P = 0.7

Dai **plots** si può osservare come effettivamente la popolazione delle due camere tende ad un valore comune di equilibrio segnato con una linea rossa. Ovviamente ci sono delle fluttuazioni attorno all'equilibrio che, da quanto osservato da questa prova e da altre, sono di circa un valore massimo pari a 10. Per quanto riguarda i grafici delle popolazioni di palline rosse e blu si può vedere come una P=0.7 diminuisca rapidamente la popolazione di individui blu a zero ed aumenti, con la stessa velocità, gli individui rossi a 60.

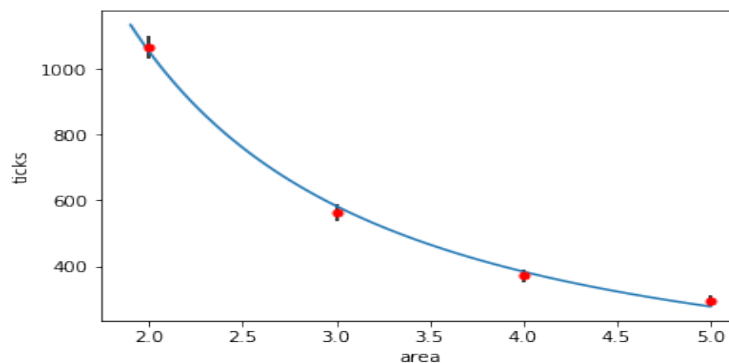
### 3.2 TEMPO DI EQUILIBRIO IN FUNZIONE DELL'AREA

Vengono qui presentati i risultati delle misure effettuate per il tempo di raggiungimento di equilibrio mantenendo tutti i parametri iniziali costanti tranne l'area. I dati sono stati raccolti con **elementi-gruppo-sinistra=10** ed **elementi-gruppo-destra=50**.

area	ticks	dev. standard
2	1067	33
3	563	24
4	371	19
5	294	17

*TAB.1: i ticks sono i valori medi delle 100 prove effettuate per ogni misura. La deviazione standard è valutata come  $\sqrt{\text{ticks}}$ .*

Di seguito viene proposto il grafico dell'andamento del tempo di equilibrio in funzione dell'area.



*FIG5: tempo di equilibrio in funzione dell'area.*

Il valore del  $\chi^2$  ridotto è 1.146 e ci sono 2 gradi di libertà. La probabilità di ottenere un  $\chi^2$  ridotto maggiore eguale di quello osservato è di circa il 32%. Quindi si può affermare con un livello di significatività del 5% che la funzione di espressione analitica  $y = Cx^\gamma$  interpola bene i dati.

$$C = 2896 \pm 191$$

$$\gamma = -1.459 \pm 0.061$$

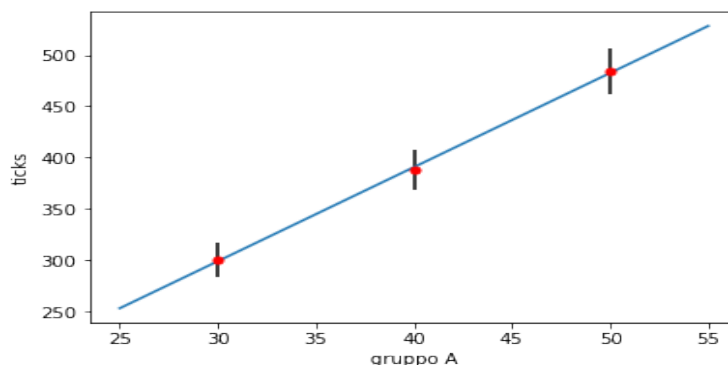
### 3.3 TEMPO DI EQUILIBRIO IN FUNZIONE DEL GRUPPO A

Vengono qui presentati i risultati delle misure effettuate per il tempo di raggiungimento di equilibrio mantenendo tutti i parametri iniziali costanti tranne il numero iniziale della popolazione del gruppo A. I dati sono stati raccolti con **elementi-gruppo-sinistra=10** ed **area=4**.

gruppo A	ticks	dev. standard
30	300	17
40	388	20
50	484	22

*TAB.2: i ticks sono i valori medi delle 100 prove effettuate per ogni misura. La deviazione standard è valutata come  $\sqrt{\text{ticks}}$ .*

Di seguito viene proposto il grafico dell'andamento del tempo di equilibrio in funzione del numero iniziale degli individui del gruppo A.



*FIG6: tempo di equilibrio in funzione del numero iniziale di individui del gruppo A.*

Il valore del  $\chi^2$  ridotto è 0.027 e c'è un 1 grado di libertà. La probabilità di ottenere un  $\chi^2$  ridotto maggiore eguale di quello osservato è di circa il 100%. Quindi si può affermare con un livello di significatività del 5% che la funzione di espressione analitica  $y = mx + q$  interpola bene i dati.

$$q = 24.012 \pm 53.387$$

$$m = 9.167 \pm 1.376$$

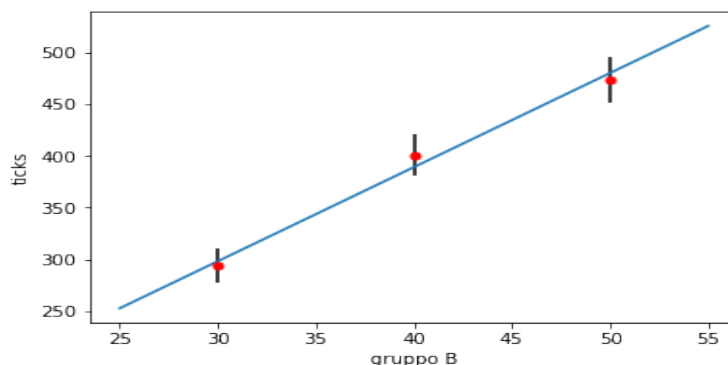
### 3.4 TEMPO DI EQUILIBRIO IN FUNZIONE DEL GRUPPO B

Vengono qui presentati i risultati delle misure effettuate per il tempo di raggiungimento di equilibrio mantenendo tutti i parametri iniziali costanti tranne il numero iniziale della popolazione del gruppo B. I dati sono stati raccolti con **elementi-gruppo-destra=10** ed **area=4**.

gruppo A	ticks	dev. standard
30	294	17
40	401	20
50	473	22

*TAB.3: i ticks sono i valori medi delle 100 prove effettuate per ogni misura. La deviazione standard è valutata come  $\sqrt{\text{ticks}}$ .*

Di seguito viene proposto il grafico dell'andamento del tempo di equilibrio in funzione del numero iniziale degli individui del gruppo B.



*FIG7: tempo di equilibrio in funzione del numero iniziale di individui del gruppo B.*

Il valore del  $\chi^2$  ridotto è 0.516 e c'è un 1 grado di libertà. La probabilità di ottenere un  $\chi^2$  ridotto maggiore eguale di quello osservato è di circa il 48%. Quindi si può affermare con un livello di significatività del 5% che la funzione di espressione analitica  $y = mx + q$  interpola bene i dati.

$$q = 25.448 \pm 53.807$$

$$m = 9.094 \pm 1.376$$

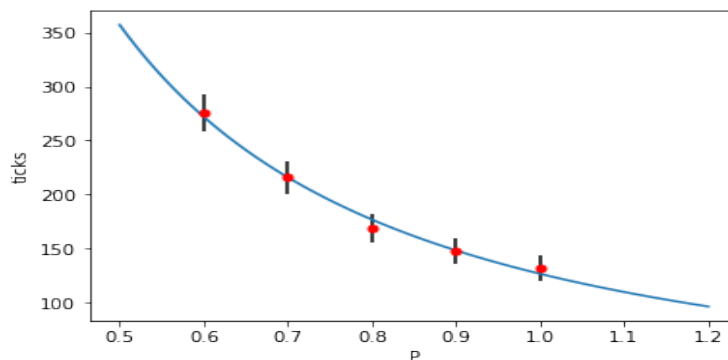
### 3.5 TEMPO DI CONTAGIO IN FUNZIONE DI P

Vengono qui presentati i risultati delle misure effettuate per il tempo di diffusione di contagio mantenendo tutti i parametri iniziali costanti tranne il valore della probabilità P. I dati sono stati raccolti con **elementi-gruppo-destra=10**, **elementi-gruppo-sinistra=50** ed **area=4**.

P	ticks	dev. standard
0.6	276	17
0.7	216	15
0.8	169	13
0.9	148	12
1	132	12

*TAB.4: i ticks sono i valori medi delle 100 prove effettuate per ogni misura. La deviazione standard è valutata come  $\sqrt{\text{ticks}}$ .*

Di seguito viene proposto il grafico dell'andamento del tempo di diffusione di contagio in funzione della probabilità P.



*FIG8: tempo di contagio in funzione della probabilità P.*

Il valore del  $\chi^2$  ridotto è 0.2 e ci sono 3 gradi di libertà. La probabilità di ottenere un  $\chi^2$  ridotto maggiore eguale di quello osservato è di circa il 90%. Quindi si può affermare con un livello di significatività del 5% che la funzione di espressione analitica  $y = Cx^\gamma$  interpola bene i dati.

$$C = 126.849 \pm 7.865$$

$$\gamma = -1.493 \pm 0.183$$

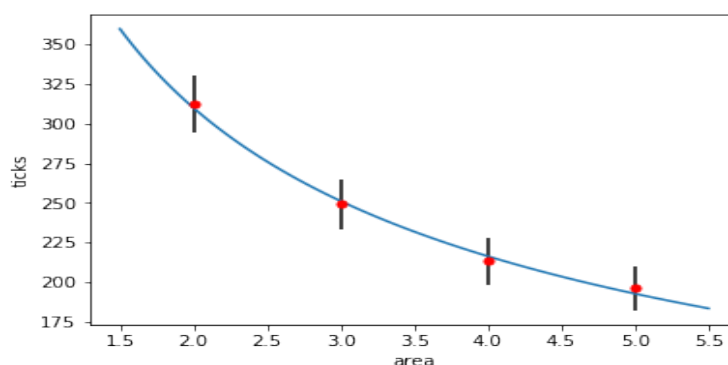
### 3.6 TEMPO DI CONTAGIO IN FUNZIONE DELL'AREA

Vengono qui presentati i risultati delle misure effettuate per il tempo di diffusione di contagio mantenendo tutti i parametri iniziali costanti tranne il valore dell'area. I dati sono stati raccolti con **elementi-gruppo-destra=10**, **elementi-gruppo-sinistra=50** e **P=0.7**.

area	ticks	dev. standard
2	312	18
3	249	16
4	213	15
5	196	14

*TAB.5: i ticks sono i valori medi delle 100 prove effettuate per ogni misura. La deviazione standard è valutata come  $\sqrt{\text{ticks}}$ .*

Di seguito viene proposto il grafico dell'andamento del tempo di diffusione di contagio in funzione dell'area.



*FIG9: tempo di contagio in funzione dell'area.*

Il valore del  $\chi^2$  ridotto è 0.0695 e ci sono 2 gradi di libertà. La probabilità di ottenere un  $\chi^2$  ridotto maggiore eguale di quello osservato è di circa il 100%. Quindi si può affermare con un livello di significatività del 5% che la funzione di espressione analitica  $y = Cx^\gamma$  interpola bene i dati.

$$C = 444.078 \pm 49.293$$

$$\gamma = -0.519 \pm 0.093$$

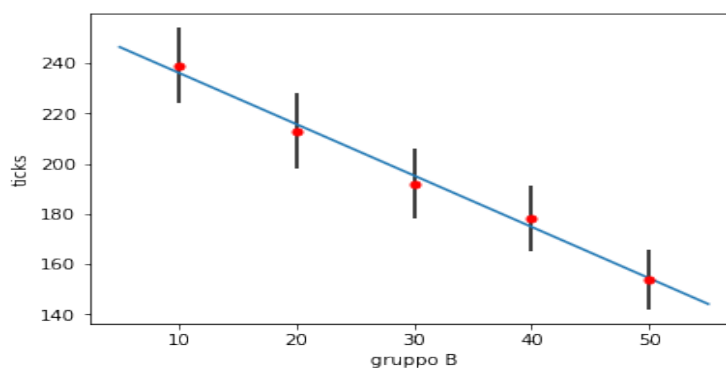
### 3.7 TEMPO DI CONTAGIO IN FUNZIONE DEL GRUPPO B

Vengono qui presentati i risultati delle misure effettuate per il tempo di diffusione di contagio mantenendo tutti i parametri iniziali costanti tranne il numero iniziale degli individui del gruppo B. I dati sono stati raccolti con **elementi-gruppo-destra=50**, **P=0.7** ed **area=4**.

gruppo B	ticks	dev. standard
10	239	15
20	213	15
30	192	14
40	178	13
50	154	12

*TAB.6: i ticks sono i valori medi delle 100 prove effettuate per ogni misura. La deviazione standard è valutata come  $\sqrt{\text{ticks}}$ .*

Di seguito viene proposto il grafico dell'andamento del tempo di diffusione di contagio in funzione del numero di individui iniziale del gruppo B.



*FIG10: tempo di contagio in funzione del numero di individui iniziale del gruppo B.*

Il valore del  $\chi^2$  ridotto è 0.061 e ci sono 3 gradi di libertà. La probabilità di ottenere un  $\chi^2$  ridotto maggiore eguale di quello osservato è di circa il 100%. Quindi si può affermare con un livello di significatività del 5% che la funzione di espressione analitica  $y = mx + q$  interpola bene i dati.

$$q = 256.586 \pm 15.182$$

$$m = -2.044 \pm 0.429$$



### 3.8 TEMPO DI CONTAGIO IN FUNZIONE DEL GRUPPO A

Vengono qui presentati i risultati delle misure effettuate per il tempo di diffusione di contagio mantenendo tutti i parametri iniziali costanti tranne il numero iniziale degli individui del gruppo A. I dati sono stati raccolti con **elementi-gruppo-sinistra=50**, **P=0.7** ed **area=4**.

gruppo A	ticks	dev. standard
10	329	18
20	230	15
30	196	14
40	170	13
50	154	12

TAB.7: *i ticks sono i valori medi delle 100 prove effettuate per ogni misura. La deviazione standard è valutata come  $\sqrt{\text{ticks}}$ .*

Di seguito viene proposto il grafico dell'andamento del tempo di diffusione di contagio in funzione del numero di individui iniziale del gruppo A.

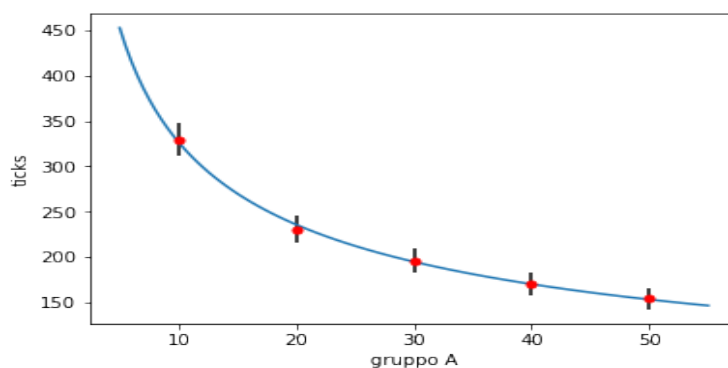


FIG11: *tempo di contagio in funzione del numero di individui iniziale del gruppo A.*

Il valore del  $\chi^2$  ridotto è 0.057 e ci sono 3 gradi di libertà. La probabilità di ottenere un  $\chi^2$  ridotto maggiore eguale di quello osservato è di circa il 100%. Quindi si può affermare con un livello di significatività del 5% che la funzione di espressione analitica  $y = Cx^\gamma$  interpola bene i dati.

$$C = 965.848 \pm 152.603$$

$$\gamma = -0.471 \pm 0.158$$

## 4 CONCLUSIONI

I **plots** presentati nella sottosezione 3.1 fanno ritenere che la simulazione sia riuscita a descrivere in modo appropriato il processo di diffusione. Infatti si possono notare come le popolazioni delle due camere tendano al valore di equilibrio e poi abbiano fluttuazioni attorno ad esso.

Lo studio del tempo di equilibrio ci rivela che esso diminuisce all'aumentare dell'area e questa decrescenza segue una legge di potenza con esponente di circa  $-\frac{3}{2}$ . Questo andamento ci rivela che, come atteso, gli individui tenderanno più facilmente a mescolarsi ed a raggiungere più rapidamente una situazione di equilibrio se si riduce la difficoltà di interazione tra i due gruppi. Il tempo di equilibrio sembra essere direttamente proporzionale al numero di individui che ci sono inizialmente nelle due camere, ma se nei due lati del mondo ci fossero lo stesso numero di palline allora si osserverebbe un dato in totale controtendenza, infatti il tempo di equilibrio in quel caso sarebbe nullo. Questo fa ritenere opportuno dire che il tempo di equilibrio non sia semplicemente direttamente proporzionale al numero di individui iniziali, ma piuttosto alla differenza iniziale del numero di palline nelle due camere. Questo è in accordo con quanto ci si attende, infatti più la differenza tra il numero di individui è alta più loro sono lontani dall'equilibrio e quindi sarà richiesto un maggiore tempo per raggiungerlo.

Lo studio del tempo di contagio rivela ovviamente che all'aumentare della probabilità  $P$  esso diminuisca. Anche l'area influisce sul tempo di contagio e lo fa con lo stesso andamento prodotto dal variare della probabilità. Il tempo di contagio diminuisce, sempre con una legge di potenza, al variare del numero iniziale di individui del gruppo A, che sono quelli che portano il colore con una maggiore probabilità di trasmissione. Invece al variare del numero iniziale di individui del gruppo B il tempo di contagio diminuisce linearmente. Questo può essere spiegato riflettendo sul fatto che all'aumentare del numero di individui lo spazio si riduce, quindi le palline interagiranno più frequentemente ed è proprio questa maggiore interazione a rendere il tempo di contagio sempre più piccolo. Infine è doveroso far notare che il parametro che influisce maggiormente sul tempo di contagio è la probabilità  $P$ . Infatti la dipendenza da  $P$  segue una legge di potenza, la quale tende a zero più velocemente di una retta. Inoltre l'andamento in funzione di  $P$  possiede un esponente pari a circa  $-\frac{3}{2}$  che è maggiore di quelli che caratterizzano le dipendenze dall'area e dal gruppo A.