



Benemérita Universidad Autónoma de Puebla

Facultad de Ciencias Físico Matemáticas

Cálculo de la probabilidad de infección en
función del número reproductivo básico \mathcal{R}_0 en
un modelo SIR epidemiológico

Tesis presentada al

Colegio de Matemáticas

como requisito parcial para la obtención del grado de

Licenciado en Matemáticas Aplicadas

por

Alejandro Romero García

Asesorado por

Dr. Jorge Velázquez Castro

Puebla Pue.
Noviembre de 2023

Título: Cálculo de la probabilidad de infección en función del número reproductivo básico \mathcal{R}_0 en un modelo SIR epidemiológico

Estudiante: ALEJANDRO ROMERO GARCÍA

COMITÉ

Dra. Beatriz Bonilla Capilla
Presidente

Dr. Andrés Anzo Hernández
Secretario

Dra. Maribel Reyes Romero
Vocal

Dr. Jorge Velázquez Castro
Asesor

Agradecimientos

A toda mi familia, en especial a mi padre Marco Antonio Romero Merino, a mi madre Maria Angélica García Luna por el apoyo y amor que he recibido de ellos a lo largo de mi vida.

A mis hermanos Marco Antonio Romero García y Maria Angélica Romero García, a mis cuñados Monserrat y Emilio que son quienes me han acompañado en toda mi vida, por quienes daría todo y se que ellos también lo harían por mí.

A mis compañeros a todos aquellos con los que compartí muy buenos momentos a lo largo de la carrera en la facultad especialmente para: Pilar Tepoz, Daniel Fuentes, Alejandro Hoyos, Emilio Taxis, Erick Maldonado y Leonardo García.

A todos los profesores de la FACULTAD DE CIENCIAS FÍSICO MATEMÁTICAS que formaron parte de mi formación ya que cada uno a parte del conocimiento teórico que me enseñaron también contribuyeron a desarrollar la nueva forma de pensamiento que he adquirido. Especialmente a a mi asesor el Dr. Jorge Velázquez Castro por darme la confianza de poder colaborar con él y quien con su guía, paciencia y aliento se pudo desarrollar este trabajo.

Introducción

A lo largo de la historia de la humanidad se pueden encontrar ejemplos sobre la forma en que las epidemias han influido en el curso de grandes eventos. Se tienen muchas referencias bíblicas de epidemias, también la caída de imperios se han atribuido directamente o indirectamente a enfermedades epidemiológicas como el Imperio Romano y el Imperio Chino. La muerte de millones de aztecas en la conquista de América se explica en parte por la epidemia de la viruela, por mencionar algunos ejemplos.

Podemos describir a una epidemia como un brote fuera de lo esperado de una enfermedad que afecta a una gran parte de la población antes de desaparecer. Es por ello que esta área de estudio es de gran interés para la salud pública. Hay muchas preguntas de interés a las que se busca respuesta, tales como: ¿Qué tan severa será la epidemia?, ¿Cuántas personas se verán afectadas? y ¿cuántas requieren tratamiento?, ¿Cuánto durará la epidemia?.

Los experimentos controlados en epidemiología son difíciles o imposibles de llevar a cabo. Si bien después de una epidemia es posible recabar información es muy difícil estimar parámetros debido a que los datos suelen tener irregularidades que llevan a problemas de interpretación. La modelación matemática en epidemiología nos ayuda a entender los mecanismos que influyen en la propagación de la enfermedad, lo que nos permite proponer estrategias de control.

Uno de los primeros triunfos de la epidemiología matemática fue la formulación del modelo de Kermack y McKendrick (1927) un modelo de compartimentos basado en suposiciones simples en las tasas del flujo entre las diferentes clases de los miembros de la población, cuyas predicciones son muy similares al comportamiento observado en incontables epidemias.

La física se encarga de estudiar fenómenos que surgen de la interacción de entidades individuales, por lo general se necesitan pocas variables para describir el comportamiento de un sistema. Sin embargo en modelos de gran escala hay interacciones que se pueden eliminar como la viscosidad, la resistencia eléctrica, entre otras. Los modelos macroscópicos dejan estas interacciones de lado cuando se quita el gran número de grados de libertad del problema original para dejarnos un simple modelo determinista. Los modelos deterministas se han aplicado satisfactoriamente a una infinidad de fenómenos físicos. Sin embargo existen situaciones donde los modelos deterministas son inadecuados, particularmente cuando el número de especies que interactúan es pequeño y el comportamiento a nivel microscópico tiene consecuencias observables.

Por ejemplo Robert Brown observó en 1827 que granos pequeños de polen suspendidos en agua se encontraban en estado de movimiento irregular, se le denominó movimiento browniano. En la solución que dio Einstein en 1905, uno de los puntos en los que se basó es que el movimiento de estas moléculas es muy complicado y solo puede ser descrito probabilísticamente en términos de los impactos que ocurren entre las moléculas, los cuales son independientes y extremadamente frecuentes. Para propósitos prácticos la explicación de Einstein de la naturaleza del movimiento browniano, debe ser reconocido como el comienzo de la modelación estocástica de fenómenos naturales.

El modelo de Kermack y McKendrick es el modelo SIR, usaremos la terminología SIR para referirnos a una enfermedad que confiere inmunidad contra reinfección y para indicar que el flujo de los individuos es de la clase de los susceptibles a la de infectados y de la clase de infectados a la de removidos.

En el estudio del modelo SIR comúnmente se emplea el número reproductivo básico para determinar si habrá epidemia o no. Un caso que llamo la atención fue al tomar como condición inicial un número de infectados menor a uno y se encontró es posible que ocurra una epidemia, esto contrasta con la realidad ya que un individuo está infectado o no lo está.

Debido a que el número de infectados con los que comienza la población es pequeño, al inicio de la epidemia las fluctuaciones estocásticas toman gran importancia en la extinción de la enfermedad. Es por ello que resulta conveniente estudiar el modelo SIR mediante un modelo estocástico de manera analítica y por medio de simulaciones computacionales. Como resultado se pudo calcular la probabilidad de infección como función del número de reproducción básico.

Índice

Introducción	2
1. Modelo SIR Determinista	5
1.1. Matriz de la próxima generación	7
1.2. Modelo SIR con demografía	9
1.3. Simulación SIR Determinista	12
2. Procesos Estocásticos	16
2.1. Procesos de Markov	16
2.2. Ecuación de Chapman-Kolmogorov	18
2.3. Ecuación Maestra	19
2.3.1. Ejemplos de la Ecuación Maestra	22
2.4. Cinética Química	23
2.5. Operador de paso E y Matriz de estequiometría S	24
2.6. Solución de la Ecuación Maestra	26
2.6.1. Función Generadora de Momentos	27
2.6.2. Método numérico- Algoritmo de Gillespie's	28
3. Modelo SIR estocástico	32
3.1. Solución de la ecuación maestra del modelo SIR estocástico por medio de la función generadora de momentos.	34
3.2. Momentos de la Ecuación Maestra del modelo SIR	37
4. Simulación SIR Estocástico	42
4.1. Probabilidad de Extinción Analítica	47
5. Probabilidad de epidemia como función de \mathcal{R}_0	53
6. Conclusión	57
Apéndice 1 Generando Numero Aleatorios	60
Apéndice 2 Generando números aleatorios	61
Bibliografía	63

1. Modelo SIR Determinista

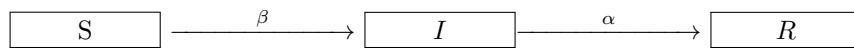
En el interés de modelar una epidemia se suele dividir a la población en clases, denotamos por $S(t)$ a la proporción de la población que son susceptibles a enfermarse al tiempo t , análogamente se denota por $I(t)$ a la proporción de infectados asumiendo que estos pueden contagiar la enfermedad al estar en contacto con los susceptibles y $R(t)$ denota a la proporción de individuos que fueron infectados y después removidos, estos últimos quedan fuera de la interacción con los otros miembros de la población, ya que no tienen la posibilidad de infectarse ni de contagiar.

Presentamos el proceso epidemiológico determinista, en el cual el comportamiento de la población está completamente determinado por su historia y por las reglas que describen el modelo. Al formular el modelo en términos de las derivadas del tamaño de cada compartimiento, asumimos que el número de miembros de cada clase es una función diferenciable con respecto al tiempo, esto es plausible una vez que se ha establecido una epidemia, pero no es válido al inicio de la enfermedad cuando hay pocos miembros infectados.

El modelo propuesto por Kermack y McKendrick en 1927, el cual marcó el comienzo del estudio de los modelos epidemiológicos es el siguiente:

$$\begin{aligned} S' &= -\frac{\beta SI}{N} \\ I' &= \frac{\beta SI}{N} - \alpha I \\ R' &= \alpha I \end{aligned} \tag{1}$$

El diagrama de flujo del modelo SIR es



El cual está basado en las siguientes suposiciones:

1. Por el contacto entre los miembros de la población la enfermedad se transmite a βN individuos por unidad de tiempo, donde N es el tamaño de la población y β es la tasa de contagio, con $\beta > 0$.
2. Los infectados pasan a la clase de removidos con una tasa αI por unidad de tiempo, donde α tasa de recuperados por unidad de tiempo con $\alpha > 0$.
3. No hay entrada ni salida de la población, no se tienen muertes debido a la enfermedad y no se toman en cuenta nacimientos ni migraciones. Para cualquier tiempo la población es cerrada es decir se satisface que $N = S + I + R$.

Conforme a la primer suposición, dado que la probabilidad de un contacto aleatorio entre un infectado y algún miembro de la población de susceptibles es $\frac{S}{N}$, el número de nuevos infectados por unidad de tiempo es $\frac{\beta NS}{N} = \beta S$, dando la siguiente tasa de nuevos infectados $(\beta S) \frac{I}{N} = \frac{\beta SI}{N}$.

Veamos cual es la media del periodo de infecci3n para ello tomemos a $u(s)$ como el n3mero de infectados que lo siguen estando s unidades de tiempo despu3s de haberlo sido y tenemos que una fracci3n α de infectados dejan la clase por unidad de tiempo. Podemos describir este cambio por la siguiente ecuaci3n diferencial $u' = -\alpha u$, cuya soluci3n es $u(s) = \exp(-\alpha s)$. La fracci3n de infectados que permanecen en la misma clase s unidades de tiempo despu3s de haber sido contagiados es $\exp(-\alpha s)$, por lo tanto el tiempo del periodo de infecci3n se distribuye exponencialmente, la media del periodo de infecci3n es $\int_0^\infty e^{-\alpha s} ds = 1/\alpha$.

Para cualquier tiempo el n3mero total de individuos permanece constante, dado que

$$N' = S' + I' + R' = -\frac{\beta SI}{N} + \frac{\beta SI}{N} - \alpha I + \alpha I = 0.$$

Como las primeras dos ecuaciones de no dependen de R , podemos calcular I, S y obtener R a partir de la relaci3n

$$R = N - S - I. \quad (2)$$

Con lo que podemos considerar el siguiente sistema de dos ecuaciones.

$$\begin{aligned} S' &= -\frac{\beta SI}{N} \\ I' &= \frac{\beta SI}{N} - \alpha I \end{aligned} \quad (3)$$

con condiciones iniciales $S(0) = S_0, I(0) = I_0, S_0 + I_0 = N$.

Una pregunta que es de nuestro inter3s es el cuando se dar3 una epidemia al introducir un n3mero peque1o de infectados en una poblaci3n de susceptibles. Tomando en cuenta que el modelo toma sentido cuando $I(t)$ y $S(t)$ sean no negativos, si alguno de los dos alcanza a cero el sistema ha llegado a un estacionario, dado que ya no hay interacci3n entre las clases del sistema, si $S(t) = 0$ los infectados ya no tienen a quien infectar y lo 3nico que resta es que se extingan, si $I(t) = 0$ la infecci3n se ha extinguido.

Observemos que $S' < 0$ para toda t y que $I' > 0$ si y solo si $S > \frac{\alpha N}{\beta}$, esto es I crece mientras se cumpla que $S > \frac{\alpha N}{\beta}$, pero como S decrece para toda t , I al final de cuenta decrecer3 y se aproximara a cero.

Si desde el comienzo tenemos que $S_0 < \frac{\alpha N}{\beta}$, entonces I decrece a cero lo que quiere decir que no hay epidemia, mientras que si $S_0 > \frac{\alpha N}{\beta}$, I en primera instancia crece a un m3ximo alcanzado cuando $S = \frac{\alpha N}{\beta}$ y luego decrece a cero, con lo que en este caso ocurre una epidemia.

A la cantidad $\frac{\beta S_0}{\alpha N}$ se le llama n3mero b3sico de reproducci3n y es denotado por \mathcal{R}_0

La definici3n del \mathcal{R}_0 es la siguiente: es el n3mero de infecciones secundarias causadas por un 3nico infectado introducido en una poblaci3n totalmente compuesta por susceptibles, de tama1o $N \approx S_0$. El cual determina cuando habr3

epidemia. Si $\mathcal{R}_0 < 1$ la infección se extinguirá, mientras que si $\mathcal{R}_0 > 1$ habrá epidemia.

Resumiendo tenemos que un infectado hace β contactos por unidad de tiempo, todos ellos con pobladores susceptibles, estos contactos provocan nuevas infecciones y recordemos que la media del periodo de infección es $\frac{1}{\alpha}$, así el número básico de reproducción del modelo SIR es

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\beta}{\alpha}. \quad (4)$$

1.1. Matriz de la próxima generación

Para modelos de compartimentos se puede definir una matriz relacionada con el número de nuevos individuos infectados en las diferentes categorías en generaciones consecutivas, esta matriz recibe el nombre de la matriz de la próxima generación.

Veremos la aproximación de Van den Driessche y Watmough, este es un método para obtener una expresión del \mathcal{R}_0 que consiste en hallar la matriz de la próxima generación de modelos de compartimentos de ecuaciones diferenciales ordinarias de transición de enfermedad.

Se dividirán los compartimentos en dos categorías, en los compartimentos de infectados y los de no infectado. Supongamos que tenemos un modelo de ecuaciones diferenciales ordinarias de $m + n$ variables dependientes donde con n compartimentos infectados y m no infectados. Sea x un vector de variables en los compartimentos infectados y sea y vector de variables en los compartimentos no infectados $x \in R^n, y \in R^m$, procedemos con los siguientes pasos:

1. Primero ordenamos las ecuaciones tal que las primeras n componentes del sistema de ecuaciones diferenciales corresponden a los compartimentos infectados, podemos escribir el sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias como sigue:

$$\begin{aligned} x_i &= f_i(x, y) & i &= 1, \dots, n \\ y_j &= g_j(x, y) & j &= 1, \dots, m \end{aligned} \quad (5)$$

2. Del sistema 5, tomamos $x_i = f_i(x, y) \quad i = 1, \dots, n$ las ecuaciones que corresponden a los compartimentos infectados y separamos el lado derecho de cada una de la siguiente manera:

$$\begin{aligned} x_i &= F_i(x, y) - V_i(x, y) & i &= 1, \dots, n \\ y_j &= g_j(x, y) & j &= 1, \dots, m \end{aligned} \quad (6)$$

donde

- $F_i(x, y)$ es la tasa que corresponde a las nuevas infecciones en el compartimento i
- $V_i(x, y)$ incorpora los términos restantes de transición como de nacimiento, muerte o recuperación.

Notemos que la descomposición de los compartimentos infectados y no infectados como la que hicimos con F y V puede no ser única, la descomposición puede depender de las diferentes interpretaciones del proceso de la enfermedad. La descomposición debe satisfacer las siguientes propiedades:

- $F_i(0, y) = 0, V_i(0, y) = 0$ para $y \geq 0, i = 1, \dots, n$ lo primero nos dice que todas las nuevas infecciones provienen de individuos infectados y la segunda nos dice que no se da inmigración de individuos susceptibles a compartimentos de enfermedad
- $F_i(x, y) \geq 0$ para todo $x, y \geq 0$.
- $V_i(x, y) \leq 0$ siempre que $x_i = 0$, para $i = 1, \dots, n$, cada componente V_i representa la salida total de un compartimento y debe ser negativo solo si el compartimento esta vacío.
- $\sum_{i=1}^n V_i(x, y) \geq 0$ para todo $x, y \geq 0$ la salida total de todos los compartimentos infectados es positivo.

3. Asumimos que el sistema libre de enfermedad

$$y' = g(0, y)$$

tiene un único punto de equilibrio libre de enfermedad $\epsilon_0 = (0, y_0)$ tal que todas las soluciones con condiciones iniciales $(0, y)$ se aproximan a $(0, y_0)$ cuando $t \rightarrow \infty$

4. Linealizando el modelo alrededor del estado libre de enfermedad, donde toda la población es susceptible obtenemos

$$x'_j = (F - V)x$$

donde

$$F = \left[\frac{\partial F_i(0, y_0)}{\partial x_j} \right],$$

$$V = \left[\frac{\partial V_i(0, y_0)}{\partial x_j} \right].$$

5. La matriz de la próxima generación se define como

$$K = FV^{-1},$$

y el número básico de reproducción esta dado por

$$R_0 = p(FV^{-1}).$$

Donde $\rho(A)$ denota el radio espectral de la matriz A ,

Definición 1.1. El radio espectral de una matriz A , denotado por $\rho(A)$ se define como el máximo de los valores absolutos de los eigenvalores de la matriz, es decir:

$$\rho(A) = \text{Sup}\{Re|\lambda| : \lambda \in \sigma(A)\}$$

donde $\sigma(A)$ es el conjunto de valores propios de A

Definición 1.2. Definimos que una matriz A es llamada una M -matriz si:

- Si los elementos que no se encuentran en la diagonal principal son no positivos
- La inversa de A existe y tiene elementos no negativos: $A^{-1} \geq 0$

V es una M -matriz esto es $V^{-1} \geq 0$, V^{-1} solo tiene entradas no negativas y dado que F también solo tiene entradas no negativas por lo tanto la matriz de la próxima generación $K = FV^{-1}$ es no negativa. Esto implica que la matriz de la próxima generación tiene por eigenvalor al radio espectral y no tiene otro eigenvalor con modulo mas grande.

El número básico de reproducción R_0 se puede calcular como el eigenvalor positivo más grande de la matriz de la próxima generación.

1.2. Modelo SIR con demografía

Asumimos que todos los individuos que nacen son susceptibles y los individuos mueren con una tasa μ , así la tasa total de muertes en la clase de susceptibles es μS , en la clase de infectados μI y el de removidos μR .

El modelo SIR con demografía es:

$$\begin{aligned} S' &= \gamma - \beta SI - \mu S \\ I' &= \beta SI - \alpha I - \mu I \\ R' &= \alpha I - \mu R \end{aligned}$$

Las primeras dos ecuaciones de I y S son independientes de la tercera, así que consideramos el sistema de dos ecuaciones:

$$\begin{aligned} S' &= \gamma - \beta SI - \mu S \\ I' &= \beta SI - \alpha I - \mu I \end{aligned} \tag{7}$$

Donde $R = N - S - I$. Podemos escribir el modelo SIR en forma general de la siguiente manera:

$$\begin{aligned} S' &= \gamma - \beta SI - \mu S \\ I' &= g(S, I) \end{aligned}$$

El sistema 1.2 es no lineal dado que el termino de incidencia βSI hace que f y g sean funciones no lineales. Aun más es un sistema autónomo dado que f y g no dependen explícitamente de la variable de tiempo t .

Ahora bien veamos cuales son las unidades de las cantidades del modelo. Dado que S se mide en número de personas, entonces S' se mide en número de personas por unidad de tiempo. La tasa de nacimiento γ se mide en número de personas por unidad de tiempo. La tasa per capita de muerte μ se mide en [unidades de tiempo] $^{-1}$ por lo que μS se mide en número de personas por unidad de tiempo. Para el termino βIS dado que la fuerza de infección βI es una tasa per capita con lo que tiene unidades [unidades de tiempo] $^{-1}$, en consecuencia β debe tener unidades de [número de personas x unidades de tiempo] $^{-1}$.

Una transformación que ayuda a simplificar el sistema 7 consiste en cambiar las variables, que transforma a la variable dependiente y a la independiente en cantidades no dimensionales.

Los parámetros α, μ se miden en [unidades de tiempo] $^{-1}$, dado que t es la [unidad de tiempo], notemos que si $\tau = (\alpha + \mu)t$, por como hemos tomado a τ es una cantidad no dimensional.

Sea $N(t) = N(\frac{\tau}{\alpha+\mu}) = \widehat{N}(\tau)$, similarmente tomamos $I(t) = \widehat{I}(\tau), S(t) = \widehat{S}(\tau)$. Por la regla de la cadena tenemos:

$$\begin{aligned}\frac{d\widehat{S}}{d\tau} &= \frac{1}{\alpha + \mu} \frac{dS}{dt} \\ \frac{d\widehat{I}}{d\tau} &= \frac{1}{\alpha + \mu} \frac{dI}{dt}\end{aligned}$$

Tomando $x(t) = \frac{\mu\widehat{S}}{\gamma}$ y a $y(t) = \frac{\mu\widehat{I}}{\gamma}$, estas nuevas variables dependientes también son no dimensionales. El sistema para con estas variables es el siguiente:

$$\begin{aligned}x' &= \rho(1 - x) - \mathcal{R}_0 xy \\ y' &= (\mathcal{R}_0 x - 1)y\end{aligned}$$

Donde $\rho = \frac{\mu}{\alpha+\mu}$ y $\mathcal{R}_0 = \frac{\gamma\beta}{\mu(\alpha+\mu)}$ los cuales son no dimensionales.

Teorema 1.1. *Asumimos que $\mathcal{R}_0 < 1$. Entonces el punto de equilibrio es globalmente estable.*

Demostración. Tomamos el modelo SIR no dimensional 1.2. Notemos que si $x(0) > 1$, entonces $1 - x(0) < 0$ y $x'(\tau) < 0$, de esta forma tenemos que $x(\tau)$ es una función decreciente si $x > 1$

Sea $\tau_0 > 0$ tal que $x(\tau_0) = 1$, entonces $x'(\tau) < 0$, entonces $x(\tau) \leq 1$ para todo $\tau \geq \tau_0$. Si $x(0) < 1$ debemos tomar $\tau_0 = 0$.

Ahora consideramos la ecuación para $y(\tau)$:

$$y'(\tau) = (\mathcal{R}_0 x - 1)y(\tau)$$

Para $\tau \geq \tau_0$ tenemos

$$y'(\tau) \leq (\mathcal{R}_0 - 1)y(\tau)$$

Integrando obtenemos

$$y(\tau) = y(\tau_0)e^{(\mathcal{R}_0 x - 1)y}$$

De donde podemos observar que si $\mathcal{R}_0 < 1$, entonces $\lim_{\tau \rightarrow \infty} (y(\tau)) = 0$.

Es más difícil observar que x tiende a 1. Lo primero que vamos a ver es que $\limsup_{\tau \rightarrow \infty} (x) \leq 1$.

De la ecuación correspondiente a x podemos obtener:

$$x' = \rho(1 - x) - \mathcal{R}_0 xy \leq \rho(1 - x)$$

La cual puede resolverse de la misma forma en la que haría con la igualdad correspondiente. Tenemos

$$\begin{aligned} x(\tau) &\leq e^{-\rho\tau} x(0) + \rho \int_0^\tau e^{-\rho(\tau-s)} ds \\ &\leq e^{-\rho\tau} x(0) + \rho[1 - e^{-\rho(\tau)}] \end{aligned}$$

Tomando el límite $\tau \rightarrow \infty$

$$\lim_{\tau \rightarrow \infty} (x) \leq e^{-\infty} x(0) + \rho[1 - e^{-\infty}]$$

Entonces

$$\lim_{\tau \rightarrow \infty} (x) \leq \rho = \frac{\mu}{\alpha + \mu} \leq 1$$

Por lo tanto

$$\limsup_{\tau \rightarrow \infty} (x) \leq 1$$

Por otro lado tenemos que como $\lim_{\tau \rightarrow \infty} (y(\tau)) = 0$, para cada $\epsilon > 0$, existe $\tau_0 > 0$ tal que $y(\tau) \leq \epsilon$ para $\tau > \tau_0$. Sea $\tau > \tau_0$ entonces se cumple que:

$$x'(\tau) \geq \rho(1 - x) - \mathcal{R}_0 xy \geq \rho(1 - x) - \epsilon \mathcal{R}_0 x$$

Integrando obtenemos

$$x(\tau) \geq e^{-\tau(\rho+\epsilon\mathcal{R}_0)}x(0) + \rho \int_0^\tau e^{-(\rho+\epsilon\mathcal{R}_0)(\tau-s)} ds$$

Desarrollando obtenemos:

$$x(\tau) \geq e^{-\tau(\rho+\epsilon\mathcal{R}_0)}x(0) + \frac{\rho}{\rho + \epsilon\mathcal{R}_0} [1 - e^{-\tau(\rho+\epsilon\mathcal{R}_0)}]$$

Tomando limite $\tau \rightarrow \infty$

$$\lim_{\tau \rightarrow \infty} (x(\tau)) \geq 0 + \frac{\rho}{\rho + \epsilon\mathcal{R}_0} [1 - 0] = \frac{\rho}{\rho + \epsilon\mathcal{R}_0}$$

Dado que la desigualdad se debe cumplir para cada valor de ϵ , si tomamos $\epsilon = 0$ tenemos que

$$\liminf_{\tau \rightarrow \infty} (x(\tau)) \geq 1$$

Por lo tanto como el limite superior e inferior son el mismo, el limite cuando $\tau \rightarrow \infty$ existe y

$$\lim_{\tau \rightarrow \infty} (x(\tau)) = 1.$$

Esto completa la prueba de la estabilidad global del punto de equilibrio libre de enfermedad \square

1.3. Simulación SIR Determinista

Realizamos simulaciones el modelo SIR determinista, para ello estudiamos el sistema de dos ecuaciones.

$$\begin{aligned} S' &= -\frac{\beta SI}{N}, \\ I' &= \frac{\beta SI}{N} - \alpha I. \end{aligned} \tag{8}$$

Con condiciones iniciales $S(0) = S_0$, $I(0) = I_0$, $N = S_0 + I_0$, recordando que posteriormente podemos analizar al compartimento de los recuperados R a partir de la ecuación 3.

Una forma en la que podemos ver la evolución de la enfermedad en la población mediante el uso de simulaciones computacionales es al graficar la relación entre susceptibles e infectados.

Para la primera simulación que presentamos en la figura 1 se tomaron por condiciones iniciales $N = 99$, $S_0 = 98$, $I_0 = 1$, con parámetros $\beta = .5$, $\alpha = .1$ y número básico de reproducción $\mathcal{R}_0 = \frac{\beta}{\alpha} = \frac{.5}{.1} = 5$ y como podemos observar que ocurre una epidemia en la casi la mitad de la población ha sido infectada.

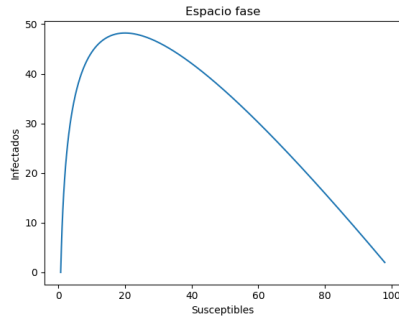


Figura 1: SIR determinista en el cual ha ocurrido una epidemia

La figura 2 muestra el comportamiento de cada compartimento lo largo del tiempo de la simulación de la figura 1.

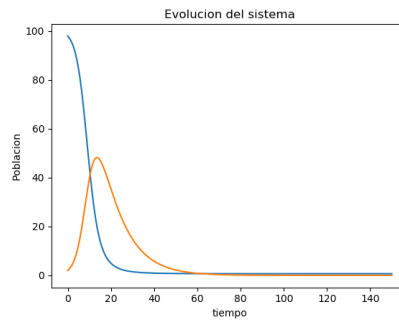


Figura 2: Susceptibles e infectados a lo largo del tiempo de una simulación en la que ha ocurrido una epidemia

Para la simulación de la figura 3, en la que la enfermedad se extingue antes de generar una epidemia, se tomaron por condiciones iniciales $N = 99, S_0 = 98, I_0 = 1$, con parámetros $\beta = .3, \alpha = .6$ y número básico de reproducción $\mathcal{R}_0 = \frac{\beta}{\alpha} = \frac{.3}{.6} = .5$.

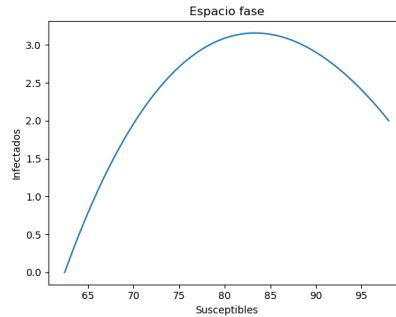


Figura 3: SIR determinista en el cual la enfermedad se extingue antes de generar una epidemia

La figura 4 muestra el comportamiento de cada compartimento a lo largo del tiempo de la simulación de la figura 3.

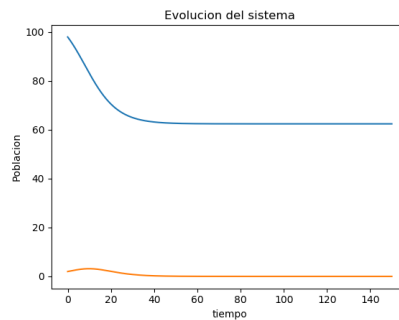


Figura 4: Susceptibles e infectados a lo largo del tiempo de una simulación en la que la enfermedad se extinguió

Durante el estudio del modelo SIR desde un enfoque determinista, llama la atención que puede ocurrir la siguiente situación, es posible que ocurra una epidemia teniendo por condición inicial un número de infectados menor a uno esto es $I_0 \leq 1$. El que ocurra la epidemia contrasta con la realidad dado que al comienzo de la enfermedad no se cuenta con al menos un infectado que propague la enfermedad,

Para ejemplificar este caso se muestra el resultado de la siguiente simulación donde hemos tomado como condiciones iniciales $I_0 = 0.5$, $S = 99$ y los siguientes parámetros $\alpha = .1$, $\beta = .5$. En la siguiente figura del lado izquierdo se muestra la evolución del proceso donde podemos ver que ha ocurrido una epidemia.

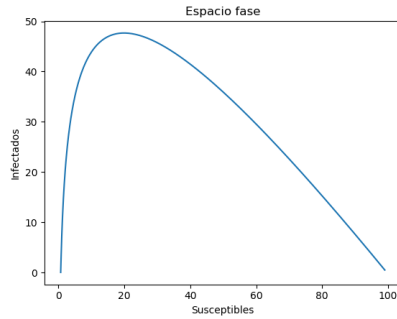


Figura 5: SIR Determinista con condiciones iniciales $I_0 = .5$, $S = 99$ donde ha ocurrido una epidemia

Remarcamos que tenemos por condición inicial un numero de infectados menor a 1.

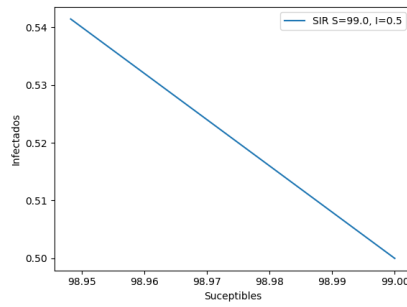


Figura 6: Remarcamos que $I_0 = .5 < 1$

Para tener con que comparar y poder decir algo respecto a esta situación que hemos planteado en los siguientes capítulos desarrollaremos el modelo SIR desde un enfoque estocástico.

2. Procesos Estocásticos

Con el objetivo de realizar un estudio del modelo SIR desde un punto estocástico, dedicaremos este capítulo para realizar una revisión de los procesos estocásticos, los procesos de Markov y la ecuación de Chapman-Kolmogorov.

Presentamos la ecuación maestra y ejemplos del uso de ella en procesos específicos. Los contagios en epidemiología pueden ser comparados con las reacciones que ocurren en procesos químicos.

Como la ecuación maestra del modelo SIR es multidimensional es de gran ayuda estudiar el operador de paso y la matriz de estequiometría.

Por último presentamos dos formas en las que se puede hallar la solución de la ecuación maestra mediante la Función Generadora de Momentos y el Algoritmo de Gillespie's

Considere un sistema que puede caracterizarse por estar en cualquiera de un conjunto de estados previamente especificado. Suponga que el sistema evoluciona o cambia de un estado a otro a lo largo del tiempo de acuerdo a una cierta ley de movimiento, y sea X_t el estado del sistema al tiempo t . Si se considera que la forma en la que el sistema evoluciona no es determinista, sino provocada por algún mecanismo azaroso, entonces puede considerarse que X_t es una variable aleatoria para cada valor del índice t .

Esta colección de variables aleatorias es la definición de proceso estocástico, y sirve como modelo para representar la evolución aleatoria de un sistema a lo largo del tiempo. En general, las variables aleatorias que conforman un proceso no son independientes entre sí, sino que están relacionadas unas con otras de alguna manera particular.

Definición 2.1. Un proceso estocástico es una colección de variables aleatorias $\{X_t : t \in T\}$ parametrizada por un conjunto T , llamado espacio parametral, y con valores en un conjunto S llamado espacio de estados [?].

Generalmente se toma como espacio parametral el conjunto discreto $T = \{0, 1, 2, \dots\}$, en este caso se dice que el proceso es a tiempo discreto, y en general este tipo de procesos se denotan por $\{X_n : n = 0, 1, \dots\}$ o bien el conjunto continuo $T = [0, \infty)$, donde el proceso es a tiempo continuo y se denota por $\{X_t : t \geq 0\}$.

2.1. Procesos de Markov

Al variar el espacio parametral, el espacio de estados o la relación de dependencia entre las variables aleatorias que conforman el proceso obtenemos diferentes tipos de procesos estocásticos. Nosotros estaremos interesados en los procesos de Markov pero antes de ver la propiedad de Markov, veamos la definición de una función de probabilidad o densidad condicional de X dado que $Y = y$.

Definición 2.2. Sea (X, Y) un vector aleatorio discreto o continuo con función de probabilidad o de densidad $f_{X,Y}(x, y)$. Sea y un valor de la variable Y tal

que $f_Y(y) \neq 0$. La función de probabilidad o densidad condicional de X dado que $Y = y$, se define de la siguiente manera:

$$f_{X|Y} = \frac{f_{X,Y}(x,y)}{f_Y(y)}. \quad [?]$$

Los procesos de Markov son importantes y son modelos en donde, suponiendo conocido el estado presente del sistema, los estados anteriores no tienen influencia en los estados futuros del sistema. Esta condición se llama propiedad de Markov y puede expresarse de la siguiente forma: Para cualesquiera estados x_0, x_1, \dots, x_{n-1} pasado, x_n presente, x_{n+1} futuro, se cumple la igualdad

$$P(X_{n+1} = x_{n+1} | X_0 = x_0, \dots, X_n = x_n) = P(X_{n+1} = x_{n+1} | X_n = x_n)$$

Consideramos procesos estocásticos a tiempo discreto X_n y a la probabilidad $P(X_n = x_n)$ la escribiremos como $p(x_n)$, el subíndice indica también la variable a la que se hace referencia, análogamente tomamos la probabilidad condicional $p(x_{n+1}|x_n)$

Definición 2.3. Una cadena de Markov es un proceso estocástico a tiempo discreto $\{X_n : n = 0, 1, \dots\}$, con espacio de estados discreto que satisface la propiedad de Markov, esto es, para cualquier entero $n \geq 0$ y para cualesquiera estados x_0, \dots, x_{n+1} , se cumple

$$p(x_{n+1}|x_0, \dots, x_n) = p(x_{n+1}|x_n). \quad (9)$$

Cuando el espacio de estado de una cadena de Markov es un conjunto finito se dice que la cadena es finita.

Es posible demostrar que la condición 9 es equivalente a poder calcular la distribución conjunta de las variables X_0, X_1, \dots, X_n de la siguiente forma: $p(x_0, x_1, \dots, x_n) = p(x_0)p(x_1|x_0) \cdots p(x_n|x_{n-1})$.

Veamos que se cumple para $n=1$. Por definición de la función de densidad condicional se satisface:

$$p(x_1|x_0) = \frac{p(x_1, x_0)}{p(x_0)}.$$

Despejando $p(x_1, x_0)$

$$p(x_1, x_0) = p(x_1|x_0) * p(x_0).$$

Con lo que se cumple para $n=1$.

Tenemos por hipótesis de inducción lo siguiente:

$$p(x_0, x_1, \dots, x_n) = p(x_0)p(x_1|x_0) \cdots p(x_n|x_{n-1}).$$

Resta ver que se cumple para $n+1$. Por definición de la función de densidad condicional se satisface que:

$$p(x_{n+1}|x_0, \dots, x_n) = \frac{p(x_{n+1}, x_0, \dots, x_n)}{p(x_0, \dots, x_n)}.$$

Despejando $p(x_{n+1}|x_0, \dots, x_n)$

$$p(x_{n+1}|x_0, \dots, x_n) = p(x_{n+1}|x_0, \dots, x_n) * p(x_0, \dots, x_n).$$

Por hipótesis de inducción se cumple que:

$$p(x_{n+1}|x_0, \dots, x_n) = p(x_{n+1}|x_0, \dots, x_n) * p(x_0)p(x_1|x_0) \cdots p(x_n|x_{n1}).$$

Al aplicar la propiedad de Markov a $p(x_{n+1}|x_0, \dots, x_n)$ obtenemos el resultado deseado:

$$p(x_{n+1}|x_0, \dots, x_n) = p(x_0)p(x_1|x_0) \cdots p(x_n|x_{n1}) * p(x_{n+1}|x_n).$$

2.2. Ecuación de Chapman-Kolmogorov

La ecuación de Chapman-Kolmogorov permite descomponer la probabilidad de pasar del estado i al estado j en n pasos, en la suma de la probabilidad de pasar del estado i a un estado k cualquiera en un tiempo intermedio r mas la probabilidad de pasar del estado k al estado j en $n - r$ pasos.

La probabilidad de transición $P(X_{n+1} = j|X_n = i)$ la denotaremos por $p_{ij}(n, n+1)$ y representa la probabilidad de transición del estado i en el tiempo n , al estado j en el tiempo $n+1$.

Ecuación de Chapman-Kolmogorov. Para cualesquiera números enteros r y n tales que $0 \leq r \leq n$ y para cualesquiera estados i y j se cumple:

$$p_{ij}(n) = \sum_k p_{ik}(r)p_{kj}(nr). \quad (10)$$

Demostración.

$$\begin{aligned} p_{ij}(n) &= P(X_n = j|X_0 = i) \\ &= P(X_n = j, \bigcup_k X_r = k|X_0 = i) \\ &= \sum_k P(X_n = j, X_r = k|X_0 = i) \\ &= \sum_k \frac{P(X_n = j, X_r = k, X_0 = i)}{P(X_0 = i)} \\ &= \sum_k \frac{P(X_n = j|X_r = k, X_0 = i)P(X_r = k, X_0 = i)}{P(X_0 = i)} \end{aligned}$$

Aplicando la propiedad de Markov a $P(X_n = j|X_r = k, X_0 = i)$

$$\begin{aligned}
&= \sum_k \frac{P(X_n = j|X_r = k)P(X_r = k|X_0 = i)P(X_0 = i)}{P(X_0 = i)} \\
&= \sum_k P(X_n = j|X_r = k)P(X_r = k|X_0 = i) \\
&= \sum_k p_{kj}(nr)p_{ik}(r)
\end{aligned}$$

□

Introducimos la siguiente notación $f(x_2, t_2|x_1, t_1) = p(x_2|x_1, \tau)$ donde $\tau = t_2 - t_1$, en términos de esta notación tendríamos que la ecuación de Chapman-Kolmogorov sería de la siguiente manera

$$p(x_3|x_1, \tau + \tau') = \int_{-\infty}^{\infty} p(x_3|x_2, \tau')p(x_2|x_1, \tau)dx_2 \quad (11)$$

donde $\tau' = t_3 - t_2$

2.3. Ecuación Maestra

La importancia de la ecuación de Chapman-Kolmogorov es que nos da la posibilidad de construir la función de densidad de probabilidad condicional sobre el intervalo “largo” de tiempo (t_1, t_3) a partir de los intervalos de tiempo cortos (t_1, t_2) (t_2, t_3) .

Deseamos hallar una expresión para $p(x|z, \tau')$, para ello tenemos que el desarrollo en serie de Taylor de $p(x|z, \tau')$ es:

$$p(x|z, \tau') = p(x|z, 0) + \frac{\partial p(x|z, 0)}{\partial \tau'} + o(\tau')$$

Tomamos a $w(x|z)$ como la probabilidad de transición por unidad de tiempo y a_0 como el momento cero de esto es:

$$a_0(z) = \int_{-\infty}^{\infty} w(x|z)dx. \quad (12)$$

Tenemos los siguientes dos casos:

1. CASO I: Si $x \neq z$

$$p(x|z, \tau') = p(x|z, 0) + \tau' \frac{\partial p(x|z, 0)}{\partial \tau'} \quad (13)$$

Notemos que $p(x|z, 0)$ es la probabilidad de pasar del estado z a x_0 en un tiempo 0 es decir sin que transcurra tiempo alguno, lo cual no puede ocurrir, por lo tanto

$$p(x|z, 0) = 0$$

por otro lado

$$\frac{\partial p(x|z, \tau')}{\partial \tau'} \Big|_{\tau'=0} = w(x|z)$$

Sustituyendo $p(x|z, 0)$ y $\frac{\partial p(x|z, \tau')}{\partial \tau'} \Big|_{\tau'=0}$ en la ecuación 13 obtenemos:

$$p(x|z, \tau') = \tau' w(x|z) \quad (14)$$

2. CASO II: Si $x = Z$

$$p(x|z, \tau') = p(z|z, 0) + \tau' \frac{\partial p(z|z, 0)}{\partial \tau'} \quad (15)$$

Notemos que

$$\frac{\partial p(z|z, \tau')}{\partial \tau'} \Big|_{\tau'=0} = w(x, x) = 0.$$

Por otro lado $p(z|z, 0)$ es la probabilidad de que el estado se mantenga en z

$$p(z|z, 0) = 1 - \int_{-\infty}^{\infty} p(x|z, \tau) dx$$

Sustituyendo la expresión que tenemos para $p(x|z, \tau)$ en la ecuación 14 obtenemos lo siguiente:

$$\begin{aligned} p(z|z, 0) &= 1 - \int_{-\infty}^{\infty} \tau' w(x|z) dx \\ &= 1 - \tau' \int_{-\infty}^{\infty} w(x|z) dx \\ &= 1 - \tau' a_0 \end{aligned}$$

Sustituyendo $\frac{\partial p(z|z, \tau')}{\partial \tau'} \Big|_{\tau'=0}$ y $p(z|z, 0)$ en 15

$$\begin{aligned} p(x|z, \tau') &= 1 - \tau' a_0 + \tau' (0) \\ &= 1 - \tau' a_0 \end{aligned} \quad (16)$$

Podemos ocupar la delta de dirac, denotada por $\delta(x - z)$, la cual satisface las ecuaciones 17 y 18

$$\delta(x - z) = \begin{cases} 0 & \text{si } x = z \\ 1 & \text{si } x \neq z \end{cases} \quad (17)$$

$$\int_{-\infty}^{\infty} \delta(x - z) f(x) dx = f(z) \quad (18)$$

Haciendo uso de la propiedad 17 de la delta de dirac podemos unir las ecuaciones 14 y 16 en la siguiente ecuación:

$$p(x|z, \tau') = (1 - a_0 \tau') \delta(x - z) + \tau' w(x|z) + o(\tau') \quad (19)$$

La ecuación 19 se lee de la siguiente manera:

La probabilidad de transición de moverse de z a x durante un tiempo τ' es igual a la probabilidad de que ocurra una transición ($z \rightarrow x$) más la probabilidad de que no ocurra ninguna transición durante ese tiempo ($z = x$).

Sustituyendo la probabilidad de transición 19 en la ecuación de Chapman-Kolmogorov 11 obtenemos:

$$\begin{aligned} p(x_3 | x_1, \tau + \tau') &= \int_{-\infty}^{\infty} [(1 - a_0(x_2)\tau')\delta(x_2 - x_3) + \tau' w(x_3|x_2)]p(x_2 | x_1, \tau)dx_2 \\ &= \int_{-\infty}^{\infty} (1 - a_0(x_2)\tau')\delta(x_2 - x_3)p(x_2 | x_1, \tau)dx_2 \\ &\quad + \int_{-\infty}^{\infty} \tau' w(x_3|x_2)p(x_2 | x_1, \tau)dx_2 \end{aligned} \quad (20)$$

utilizando la propiedad 18 de la delta de Dirac tenemos:

$$p(x_3 | x_1, \tau + \tau') = (1 - a_0(x_3)\tau')p(x_3 | x_1, \tau) + \tau' \int_{-\infty}^{\infty} w(x_3|x_2)p(x_2 | x_1, \tau)dx_2 \quad (21)$$

dividiendo ambos lados de la ecuación 21 sobre τ' y sustituyendo la expresión de a_0 que tenemos en la ecuación 12 obtenemos:

$$\begin{aligned} \frac{p(x_3 | x_1, \tau + \tau') - p(x_3 | x_1, \tau)}{\tau'} &= - \int_{-\infty}^{\infty} w(x_2|x_3)p(x_3 | x_1, \tau)dx_2 \\ &\quad + \int_{-\infty}^{\infty} w(x_3|x_2)p(x_2 | x_1, \tau)dx_2 \end{aligned} \quad (22)$$

tomando limite $\tau' \rightarrow 0$ en ambos lados de la ecuación 22 tenemos

$$\frac{\partial p(x_3 | x_1, \tau)}{\partial \tau} = \int_{-\infty}^{\infty} (w(x_3|x_2)p(x_2 | x_1, \tau) - w(x_2|x_3)p(x_3 | x_1, \tau)) dx_2 \quad (23)$$

A la ecuación 25 generalmente se le conoce como la Ecuación Maestra, notemos que es una ecuación de conservación del tipo ganar-perder, la Ecuación Maestra discreta es de la siguiente forma:

$$\frac{dp_n(t)}{dt} = \sum_m (w_{nm}p_m(t) - w_{mn}p_n(t)). \quad (24)$$

Donde n se refiere a todos los posibles estados del proceso estocástico, la probabilidad de transición w_{nm} denota la probabilidad de una pasar del estado m a n en un incremento pequeño del tiempo dt .

2.3.1. Ejemplos de la Ecuación Maestra

Procesos de un paso

Muchos procesos estocásticos son de un tipo especial llamados procesos de un paso, de nacimiento-muerte, son procesos de Markov de tiempo continuo, cuyo rango de valores consiste de n enteros y su probabilidad de transición por unidad de tiempo w_{nm} salta solo entre valores adyacentes, esto es solo tiene la siguiente probabilidad de transición.

$$w_{nm} = \begin{cases} r_n & \text{si } m = n - 1 \\ g_n & \text{si } m = n + 1 \\ 1 - (r_n + g_n) & \text{si } m = n \end{cases} \quad (25)$$

Donde r_n es la probabilidad por unidad de tiempo de estando en el estado n ocurra un salto al estado $n - 1$ y g_n es la probabilidad de estando en el estado n ocurra un salto al estado $n + 1$.

Tomando las probabilidades de salto de la siguiente manera $g_n = \frac{1}{2} = r_n$. Definiendo la probabilidad de densidad $p_{n|m,s}$ como la probabilidad de que un caminante estando en el estado n al tiempo $t = 0$ este en el estado m después de s pasos, la ecuación maestra para esta caminata aleatoria es:

$$p_{n|m,s+1} = \frac{1}{2}p_{n|m-1,s} + \frac{1}{2}p_{n|m+1,s}. \quad (26)$$

Urnas de Bernoulli

Un proceso que nos ayuda a ejemplificar como hallar la ecuación maestra es el problema que planteó Bernoulli :

Se tienen dos urnas A y B cada una contiene n bolas, donde n de las $2n$ bolas son blancas y las n restantes son negras. Se elige una bola de manera aleatoria de cada una de las urnas. La que fue tomada de la urna A es colocada en la urna B y viceversa.

Estamos concentrados en hallar la ecuación maestra para este problema con lo no nos es relevante las condiciones iniciales del problema. Deseamos dar respuesta a la siguiente pregunta: ¿Cuál es la probabilidad, misma que denotaremos por $z_{x,r+1}$, que después de $r + 1$ ciclos, la urna A contenga x bolas blancas?. Para dar respuesta notemos que se tienen las siguientes cuatro posibles formas en las que puede ocurrir esta situación.

1. Después de r ciclos tener $x + 1$ bolas blancas en la urna A y en Último ciclo sacar una bola blanca de la urna A y una bola negra de la urna B
2. Después de r ciclos tener $x - 1$ bolas blancas en la urna A y en Último ciclo sacar una bola negra de la urna A Y una bola blanca de la urna B

3. Después de r ciclos tener x bolas blancas en la urna A y en Último ciclo sacar una bola blanca de la urna A y una bola blanca de la urna B
4. Después de r ciclos tener x bolas blancas en la urna A y en Último ciclo sacar una bola negra de la urna A una bola negra de la urna B

Donde el primer sumando del lado derecho de la ecuación representa la pérdida de una bola blanca de la urna A , la segunda el ganar una bola blanca de la urna A y los últimos dos contribuyen con el que no se tengan cambios del número de bolas blancas en la urna A .

La ecuación maestra que representa al proceso de manera más concisa es la siguiente.

$$z_{x,r+1} = \left(\frac{x+1}{n}\right)^2 z_{x+1,r} + 2\frac{x}{n} \left(1 - \frac{x}{n}\right) z_{x,r} + \left(1 - \frac{x-1}{n}\right)^2 z_{x-1,r} \quad (27)$$

2.4. Cinética Química

Muy seguido la cinética de la química se describe en términos de ecuaciones deterministas con tasas químicas (mismas que se pueden tomar ver se comportan son equivalentes se asimilan en el estudio del modelos epidemiólogos a las tasas de contagio y de recuperación), las cuales toman la forma de un sistema acoplado de ecuaciones diferenciales no lineales.

La evolución de la población de un país entero puede describirse usando ecuaciones diferenciales, pero la evolución de la población de una comunidad pequeña ocurre en un proceso estocástico. Este ejemplo ilustra la dicotomía de la evolución discreta de los individuos en una mano y la casi evolución continua de la densidad de una población.

Podemos hacer explícita esta relación, tomando a n como el número de individuos proporcional a la densidad X , con la constante de proporcionalidad Ω , siendo una medida del tamaño del sistema $n = \Omega X$ en el ejemplo de las urnas Ω es el número total de bolas en una urna.

La dinámica de las reacciones químicas pueden describirse por una ecuación maestra gobernada por la densidad de probabilidad del número de moléculas n .

$$\frac{\partial P(n,t)}{\partial t} = \sum_n' w_{nn'} P(n',t) - w_{n'n} P(n,t)$$

Donde $w_{nn'}$ denota la transición de probabilidad de n' al estado n , en contraste a los ejemplos estudiados $P(n,t)$ es usualmente una distribución de probabilidad multivariada.

2.5. Operador de paso E y Matriz de estequiometría S

Para ecuaciones maestras multidimensionales sobre un espacio de estado discreto, es conveniente introducir los siguientes objetos.

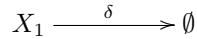
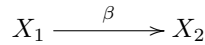
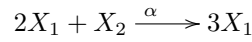
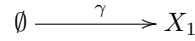
El operador de paso E el cual sirve para escribir de manera más corta la evolución sobre un espacio discreto, lo definimos de la siguiente manera.

Sea f una función cualquiera que dependa de varias variable, E_i^k , es el incremento de la i -ésima variable por un entero k , esto es:

$$E_i^k f(n_1, n_2, \dots, n_i, \dots) = f(n_1, n_2, \dots, n_i + k, \dots). \quad (28)$$

También usaremos la matriz de estequiometría S la cual describe que tanto cambia cada especie cuando se completa alguna reacción específica, mientras que el vector de propensión describe la tasa en la cual una reacción particular procede. Veremos dos ejemplos que nos ayudarán a tener una mejor comprensión de los objetos que acabamos de mencionar.

1. Brusselator El modelo es un proceso químico de dos especies descrito por las siguientes reacciones:



Sin pérdida de generalidad escalamos el tiempo y el volumen, tomando $\alpha = 1 = \delta$, nos da las ecuaciones deterministas.

$$\frac{\partial dX_1}{\partial t} = 1 + \alpha X_1^2 X_2 - (\beta + 1)X_1$$

$$\frac{\partial dX_2}{\partial t} = -\alpha X_1^2 X_2 + \beta X_1$$

y consecuentemente la ecuación maestra que gobierna la densidad de probabilidad $P(n_1, n_2, t)$ es

$$\begin{aligned} \frac{\partial P(n_1, n_2, t)}{\partial t} = & \Omega(E_1^{-1} - 1)P(n_1, n_2, t) + \frac{\alpha}{\Omega^2}(E_1^{-1}E_2^1 - 1)n_1(n_1 - 1)n_2P(n_1, n_2, t) \\ & + (E_1^1 - 1)n_1P(n_1, n_2, t) + \beta(E_1^1E_2^{-1} - 1)n_1P(n_1, n_2, t) \end{aligned}$$

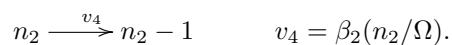
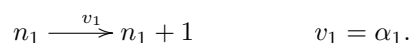
Se tiene que el vector de propensión y la matriz estequiométrica S están dadas por

$$v = \begin{bmatrix} 1 \\ \alpha \frac{(n_1)(n_1-1)(n_2)}{\Omega^3} \\ \beta \frac{n_1}{\Omega} \\ \frac{n_1}{\Omega} \end{bmatrix}$$

$$S = \begin{matrix} & v_1 & v_2 & v_3 & v_4 \\ \begin{bmatrix} 1 & 1 & -1 & -1 \\ 0 & -1 & 1 & 0 \end{bmatrix} & n_1 \\ & & & & n_2 \end{matrix}$$

2. Proceso de Poisson acoplado.

Consideremos el siguiente modelo de dos estados lineales:



Las reacciones tienen unidades $\frac{1}{t}$ y generalmente se guardan las reacciones de propensión en un vector $v = [v_1, v_2, v_3, v_4]$ y las estequiometrías en una matriz S . Para este ejemplo tenemos que.

$$S = \begin{matrix} & v_1 & v_2 & v_3 & v_4 \\ \begin{bmatrix} 1 & -1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & -1 \end{bmatrix} & n_1 \\ & & & & n_2 \end{matrix}$$

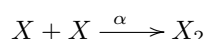
Donde cada columna de la matriz de estequiometría corresponde a una reacción en particular y cada fila a un reactante en particular. Usando esta notación, en el límite cuando $\Omega \rightarrow \infty$ con $\frac{n_i}{\Omega} = x_i$ permanece constante, la ecuación determinista puede escribirse en términos de matriz de estequiometría y el vector de propensión de la siguiente forma [4]:

$$\frac{dx}{dt} = \lim_{\Omega \rightarrow \infty} (S * v) \quad (29)$$

O explícitamente como un sistema de ecuaciones diferenciales

$$\begin{aligned}\frac{dx_1}{dt} &= \alpha_1 - \beta_1 x_1 \\ \frac{dx_2}{dt} &= \alpha_2 x_1 - \beta_2 x_2\end{aligned}\tag{30}$$

- Nota sobre las propensiones de reacciones microscópicas Para tasas de transición no lineales, la propensión que aparece en la ecuación maestra no es idéntica a la propensión de la ecuación determinista 29, consideremos la siguiente reacción



En un sistema determinista donde el número de moléculas es muy grande, la tasa de acumulación del producto X_2 se escribe por

$$\frac{d}{dt}(X_2) = \alpha(X)^2$$

Desde un punto microscópico a lo que nos referimos por evento de reacción es que dos moléculas de X se encuentran una a la otra con suficiente energía para formar a X_2 . La probabilidad de que ocurra la reacción es proporcional al número de formas en las que dos moléculas puedan chocar.

$$\frac{d}{dt}(X_2) \propto \frac{1}{2}(n_X)(n_X - 1).$$

Donde n_X es el número de moléculas de X en un recipiente de reacción de volumen Ω . El último termino del lado derecho de la ecuación ?? es $(n_X - 1)$ dado que se necesitan al menos dos moléculas para tener una reacción y el termino $\frac{1}{2}$ ayuda a que no se cuente doble las posibilidades de que una molécula choque con otra, así tenemos la tasa de reacción microscópica

$$v\left(\frac{n_X}{\Omega}\right) = \frac{\alpha'}{2} \frac{n_X}{\Omega} \frac{n_X - 1}{\Omega}$$

tomando $n_X \rightarrow \infty$ la tasa de reacción macroscópica es

$$\bar{v}(|X|) = \frac{\alpha'}{2} |X| |X|.$$

2.6. Solución de la Ecuación Maestra

Ya hemos visto como hallar la ecuación maestra, esta ecuación es de importancia ya que es la base para la mayoría de las aplicaciones de los procesos estocásticos, y es más fácil trabajar con ella que con la ecuación de Chapman-Kolmogorov, aunque es difícil hallar su solución veremos una forma de hallar su solución exacta y un método numérico de aproximación.

2.6.1. Función Generadora de Momentos

Existen pocos métodos generales para resolver la ecuación maestra, el que veremos es el método que usa a la función generadora de momentos, el cual es usado para transformar la ecuación maestra en una ecuación diferencial parcial lineal, este método solo funciona si las probabilidades de transición son lineales en las variables de estado.

La función generadora de momentos $Q(z, t)$ [2], asociada con la probabilidad $P(n, t)$ es la versión discreta de la transformada de Laplace, y esta dada por:

$$Q(z, t) = \sum_{n=0}^{\infty} z^n P(n, t). \quad (31)$$

La función es llamada así ya que los momentos de $P(n, t)$ son generados por las derivadas de $Q(z, t)$

$$Q(1, t) = 1$$

$$\frac{\partial Q(z, t)}{\partial z} \Big|_{z=1} = \sum_{n=0}^{\infty} n z^{n-1} P(n, t) \Big|_{z=1} = \langle n(t) \rangle$$

$$\frac{\partial^2 Q(z, t)}{\partial z^2} \Big|_{z=1} = \sum_{n=0}^{\infty} n(n-1) z^{n-2} P(n, t) \Big|_{z=1} = \langle n^2(t) \rangle - \langle n(t) \rangle.$$

Multiplicando ambos lados de la ecuación maestra por z^n y sumando sobre todos los valores de n nos permite transformar la ecuación maestra diferencial discreta de $P(n, t)$ en una ecuación diferencial parcial para $Q(z, t)$.

Ejemplifiquemos el como se podría ocupar la función generadora de momentos para hallarla solución de la ecuación maestra aplicándolo a el proceso de Poisson. Para ello consideremos un proceso de un paso con tasa de nacimiento constante $g_n = \alpha$ y tasa de muerte lineal $r_n = \beta n$ y tomemos a $P(n, t)$ como la probabilidad de que el estado se encuentre en el estado n al tiempo t . La ecuación maestra correspondiente a este proceso es la siguiente:

$$\frac{dP(n, t)}{dt} = \alpha [P(n-1, t) - P(n, t)] + \beta [(n+1)P(n+1, t) - nP(n, t)]. \quad (32)$$

Podemos hacer uso del operador de paso E_i^k con el cual podemos reescribir la ecuación 32 de la siguiente forma:

$$\frac{dP(n, t)}{dt} = \alpha [E_1^{-1} - 1]P(n, t) + \beta [E_1^1 - 1](nP(n, t)). \quad (33)$$

Multiplicando por z^n ambos lados de la ecuación 33

$$\frac{dz^n P(n, t)}{dt} = \alpha [E_1^{-1} z - 1]z^n P(n, t) + \beta [E_1^1 - z](z^{n-1} n P(n, t)). \quad (34)$$

Sumando sobre todos los posibles valores de n obtenemos:

$$\begin{aligned} \frac{d \sum_{n_1=0}^{\infty} z^n P(n, t)}{dt} = \alpha & \left[\sum_{n=0}^{\infty} z^n P(n-1, t) - \sum_{n=0}^{\infty} z^n P(n, t) \right] \\ & + \beta \left[\sum_{n=0}^{\infty} z^n (n+1) P(n+1, t) - \sum_{n=0}^{\infty} z^n n P(n, t) \right]. \end{aligned} \quad (35)$$

Recorriendo índices

$$\begin{aligned} \frac{d \sum_{n=0}^{\infty} z^n P(n, t)}{dt} = \alpha & \left[\sum_{n=-1}^{\infty} z^{n+1} P(n, t) - \sum_{n=0}^{\infty} z^n P(n, t) \right] \\ & + \beta \left[\sum_{n=1}^{\infty} z^{n-1} (n) P(n, t) - \sum_{n=0}^{\infty} z^n n P(n, t) \right]. \end{aligned} \quad (36)$$

Notemos que $P(-1, t) = 0$ y que si $n = 0$ $z^{n-1}(n)P(n, t) = 0$ con lo que todas las sumas en 36 pueden comenzar en $n = 0$, finalmente sustituyendo la función generadora de momentos 31 obtenemos:

$$\frac{\partial Q(z, t)}{\partial t} = \alpha(z-1)Q(z, t) - \beta(z-1)\frac{\partial Q(z, t)}{\partial z}. \quad (37)$$

De esta manera se ha transformado la ecuación maestra del proceso de Poisson 32 a una ecuación diferencial parcial lineal de primer orden 37, el cual era el motivo del ejemplo, la solución de $Q(z, t)$ no se va a desarrollar pero se puede determinar usando el método de las características [4].

2.6.2. Método numérico- Algoritmo de Gillespie's

Para ecuaciones maestras con probabilidades de transición no lineales, toda la distribución $P(n, t)$ raramente se puede resolver de forma exacta. El algoritmo de Gillespie's es un método en el cual una trayectoria de muestra que comienza en un punto inicial, se puede simular en el tiempo tal que se ajusta a la distribución que buscamos, para una población lo suficientemente grande de trayectorias de muestra la distribución de probabilidad inferida se acerca a la solución exacta que deseamos [4].

El algoritmo consiste en los siguientes tres pasos:

1. Sea v el vector de propensiones del modelo, usamos las propensiones v_j para generar una distribución de probabilidad para el siguiente tiempo de reacción τ , y τ es una realización de esta distribución.
2. Las propensiones v_j se usan para generar la distribución de probabilidad para la siguiente reacción que ocurrirá en el sistema, es decir cual de los v_j 's ocurrió en el tiempo $t + \tau$, denotaremos por μ como el índice de la reacción.

3. Sea S la matriz estequiométrica del modelo, el tiempo avanza de $t \rightarrow t + \tau$ y el estado del proceso se actualiza usando la matriz estequiométrica para cada reacción $n_i \rightarrow n_i + S_{iu}$
4. Si el proceso va a continuar, repetir para obtener el siguiente tiempo de reacción τ junto con la reacción v_j 's que ocurrió y actualizar el sistema con el vector de propensiones y la matriz estequiométrica.

Para avanzar de estado con cada una de las reacciones, necesitamos dos variables aleatorias, una para el tiempo en el que se da la siguiente reacción τ y otra para el índice de la reacción que ocurre μ . Esto es Gillespie's nos permite determinar la distribución de probabilidad para cada una, y en consecuencia el como generar el par (τ, μ) mediante el uso de un número aleatorio generado de una distribución uniforme.

Algoritmo de Gillespie's para la simulación estocástica de la ecuación maestra

1. Inicializar

$$t_0 \rightarrow t$$

$$n_0 \rightarrow n$$

2. Escoger τ acorde a la función de densidad

$$p_1(\tau | n, t) = a(n) \exp[-a(n)\tau]$$

3. Escoger μ acorde a la función de densidad

$$p_2(\Delta n_\mu | n, t) = \frac{v_\mu(n)}{a(n)}$$

4. Avanzar el proceso

$$n_i + S_{i\mu} \rightarrow n_i$$

$$t + \tau \rightarrow t$$

5. Guardar

$$n(t') = \begin{cases} n - S_\mu & \text{si } t - \tau < t' < t \\ n & \text{si } t' = t \end{cases}$$

6. Si el proceso va a continuar regresar al paso 2, en otro caso parar.

Tenemos $p(n + \Delta n, t + \tau | n, t) d\tau$ es la probabilidad de que, dado el sistema en el estado n al tiempo t el siguiente salto ocurre entre $t + \tau$ y $t + \tau + d\tau$, que lleva al estado de n a $n + \Delta n$

de la cual se van obteniendo los números aleatorios $(\tau, \Delta n)$ para que el sistema avance.

Como la matriz S guarda como el estado avanza con cada reacción que ocurre, es suficiente el generar una variable aleatoria que especifique que reacción ha ocurrido (τ, μ) .

Si siguiendo con el algoritmo, se introduce $q(n, t; \tau)$ de que el sistema en el estado $n(t)$ salte en un instante de t y $t + \tau$, de las tasas microscópicas de transición $v(n)$, sabemos que sobre un intervalo infinitesimal dt .

$q(n, t; dt) \equiv$ (probabilidad de que la reacción 1 ocurra + probabilidad de que la reacción 2 ocurra + ...)

$$q(n, t; dt) = [v_1(n)dt + v_2(n)dt + \dots] = \sum_{j=1}^N v_j(n)dt \equiv a(n)dt$$

Sobre un intervalo infinitesimal, a lo más un salto puede ocurrir, así que la probabilidad de que ningún salto ocurra es $q^*(n, t, d\tau) = 1 - q(n, t; \tau)$.

Sobre un intervalo que no sea infinitesimal ocurre lo siguiente, para hallar una expresión para $q^*(n, t; \tau)$ primero notemos que la probabilidad de que no ocurra ningún salto estando en el estado n esta dada por $1 - \sum_{j=1}^N v_j(n)d\tau$. por lo que tenemos la siguiente igualdad.

$$q^*(n, t; \tau + d\tau) = q^*(n, t, \tau) \left(1 - \sum_{j=1}^N v_j(n)d\tau \right)$$

desarrollando obtenemos

$$q^*(n, t; \tau + d\tau) - q^*(n, t, \tau) = q^*(n, t, \tau) \sum_{j=1}^N v_j(n)d\tau$$

dividiendo sobre $d\tau$

$$\frac{q^*(n, t; \tau + d\tau) - q^*(n, t, \tau)}{d\tau} = \frac{1}{d\tau} q^*(n, t, \tau) \sum_{j=1}^N v_j(n)d\tau$$

$$\frac{q^*(n, t; \tau + d\tau) - q^*(n, t, \tau)}{d\tau} = q^*(n, t, \tau) \sum_{j=1}^N v_j(n)$$

Tomando el limite $d\tau \rightarrow 0$

$$\frac{dq^*(n, t; \tau)}{d\tau} = q^*(n, t, \tau) \sum_{j=1}^N v_j(n)$$

de donde obtenemos que:

$$q^*(n, t; \tau) = e^{-a(n)\tau}$$

Así la probabilidad $p(n + \Delta n, t + \tau | n, t)$ se escribe de la siguiente manera:

$$p(n + \Delta n, t + \tau | n, t) = q^*(n, t; \tau) \times a(n)d\tau \times w(\delta n | n, t + \tau)$$

donde $q^*(n, t; \tau)$ es la probabilidad de que el estado no salte durante el intervalo $[t, t + \tau]$, $a(n)d\tau$ es la probabilidad de que el estado salte en $[t + \tau, t + \tau + d\tau]$, $w(\delta n | n, t + \tau)$ es la probabilidad de que el estado salte en $t + \tau$ este lo haga en $n + \Delta n$

Los primeros dos términos del lado derecho de la igualdad determina el próximo tiempo de reacción τ , mientras que el ultimo termino determina el índice de la siguiente reacción, con lo que podemos reescribir a $p(n + \Delta n, t + \tau | n, t)$ como sigue

$$p(n + \Delta n, t + \tau | n, t) = a(n)e^{-a(n)\tau} d\tau \times w(\delta n | n, t + \tau)$$

Tomando $p_1(\tau | n, t) = a(n)e^{-a(n)\tau} d\tau$ y $p_2(\delta n | n, t + \tau) = w(\delta n | n, t + \tau)$ la probabilidad p_1 se distribuye exponencialmente, en consecuencia se puede usar r_1 un número aleatorio para simular τ vía inversión (ver Apéndice 1)

$$\tau = \frac{1}{a(n)} \ln \left(\frac{1}{r_1} \right)$$

Para el índice de la siguiente reacción, recordemos la ecuación $q(n, t; dt) = (\sum_{j=1}^N v_j(n)) dt \equiv a(n)dt$ notemos que la probabilidad de la reacción μ es proporcional a la tasa de reacción v_μ . La condición de normalización asegura que la probabilidad de que la reacción μ que haya causado el salto de estado es

$$p(\Delta n_\mu) = \frac{v_\mu}{\sum_{j=1}^N v_j(n)} \equiv \frac{v_\mu}{a(n)}$$

donde Δn_μ es la columna correspondiente a μ de la matriz estequiométrica S . El índice de la siguiente reacción μ se simula utilizando un número aleatorio r_2 vía el método de inversión de entero ver Apéndice 2.

Esto es el siguiente índice μ que se obtiene por p_2 , es el primer entero para el cual se cumple

$$\frac{1}{a(n)} \sum_{j=1}^{\mu} v_j(n) > r_2$$

Con la pareja (τ, μ) actualizamos el sistema

$$t \longrightarrow t + \tau$$

$$\mu \longrightarrow n_i + S_{i\mu}$$

La ventaja de los algoritmos de simulaciones estocásticas es que son simples de programar y proveen trayectorias que se ajustan exactamente a la solución de la ecuación maestra, la desventaja es que tienen un alto costo computacional y el método no se puede escalar bien cuando el número de moléculas es grande. El algoritmo de Gillespie's es el punto de referencia de los otros métodos que buscan solucionar la ecuación maestra.

3. Modelo SIR estocástico

Recordemos que el modelo SIR determinista está planteado de la siguiente manera:

$$\begin{aligned} S' &= -\frac{\beta SI}{N}. \\ I' &= \frac{\beta SI}{N} - \alpha I. \\ R' &= \alpha I. \end{aligned} \tag{38}$$

Como se vio en el capítulo anterior, para estudiar un proceso estocástico es de gran ayuda hallar la ecuación maestra. Nos basamos en las siguientes hipótesis para hallar la ecuación maestra del modelo SIR estocástico, no se tomarán en cuenta el nacimiento y muerte de la población y el cambio en el número de infectados lo tomaremos como en un un proceso de un paso, ya que su probabilidad de transición por unidad de tiempo salta solo entre valores adyacentes.

Sean x_1 el número individuos susceptibles y x_2 el de individuos infectados, tomando a j como el cambio por unidad de tiempo en la población de infectados, j toma el valor de 1 cuando ocurre una infección y de -1 si un infectado pasa a la clase de los removidos, del mismo modo k representa el cambio por unidad de tiempo en la población de susceptibles cuando ocurre una infección toma el valor de -1 y 0 si no ocurrió una infección. Tomando de esta forma a j y k tenemos que la probabilidad de transición es la siguiente:

$$P_{(x_1+k, x_2+j), (x_1, x_2)}(\Delta t) = \begin{cases} \frac{\beta x_2 x_1}{N} \Delta t & (k, j) = (-1, 1) \\ \alpha x_2 \Delta t & (k, j) = (0, -1) \end{cases} \tag{39}$$

El proceso tiene dos posibles reacciones, que un individuo susceptible pase al compartimento de los infectados que se lleva a cabo con una tasa β o que un individuo infectado sea removido del sistema que se lleva a cabo con una tasa α y las podemos representar de la siguiente manera:



Con esta notación podemos escribir el modelo SIR de la siguiente manera:

$$\begin{aligned} \frac{dx_1}{dt} &= -\frac{\beta x_1 x_2}{N} \\ \frac{dx_2}{dt} &= \frac{\beta x_1 x_2}{N} - \alpha x_2 \end{aligned} \tag{41}$$

Deseamos hallar la ecuación maestra que gobierna la probabilidad de densidad $P(n_1, n_2, t)$, que es la probabilidad de que al tiempo t se tengan n_1 susceptibles y n_2 infectados.

Para hallar la probabilidad debemos sumar los casos favorables para que ocurra lo que deseamos, que son los siguientes:

1. Si al tiempo t se tienen $n_1 + 1$ susceptibles, $n_2 - 1$ infectados y en la siguiente reacción un susceptible sea infectado.

$$\frac{\beta}{N}(n_1 + 1)(n_2 - 1)P(n_1 + 1, n_2 - 1, t) \quad (42)$$

2. Si al tiempo t se tienen n_1 susceptibles, $n_2 + 1$ infectados y en la reacción un infectado sea removido del sistema.

$$\alpha(n_2 + 1)P(n_1, n_2 + 1, t) \quad (43)$$

Debemos de restar a la probabilidad los casos en los que no se cumple lo que deseamos, que son los siguientes:

1. Si al tiempo t se tienen n_1 susceptibles, n_2 infectados y en la siguiente reacción un susceptible sea infectado.

$$\frac{\beta n_1 n_2}{N}P(n_1, n_2, t) \quad (44)$$

2. Si al tiempo t se tienen n_1 susceptibles, n_2 infectados y en la siguiente reacción un infectado sea removido del sistema

$$\alpha n_2 P(n_1, n_2, t) \quad (45)$$

Por lo tanto tenemos que la ecuación maestra que gobierna la probabilidad de densidad $P(n_1, n_2, t)$ es:

$$\begin{aligned} \frac{\partial P(n_1, n_2, t)}{\partial t} &= \frac{\beta}{N}(n_1 + 1)(n_2 - 1)P(n_1 + 1, n_2 - 1, t) + \alpha(n_2 + 1)P(n_1, n_2 + 1, t) \\ &\quad - \left(\frac{\beta n_1 n_2}{N} + \alpha n_2\right)P(n_1, n_2, t) \end{aligned} \quad (46)$$

Haciendo uso del operador de paso E presentado en el capítulo anterior podemos reescribir la ecuación maestra de la siguiente manera:

$$\frac{\partial P(n_1, n_2, t)}{\partial t} = \frac{\beta}{N}(E_1^1 E_2^{-1} - 1)(n_1)(n_2)P(n_1, n_2, t) + \alpha(E_2^1 - 1)(n_2)P(n_1, n_2, t) \quad (47)$$

Una vez que ya hemos obtenido la ecuación maestra vamos a calcular la función generadora de momentos y desarrollaremos simulaciones computacionales del modelo SIR por medio del método numérico de Gillespie's.

3.1. Solución de la ecuación maestra del modelo SIR estocástico por medio de la función generadora de momentos.

Recordemos que la función generadora esta dada de la siguiente forma:

$$Q(z_1, z_2, t) = \sum_{n_1=0}^{\infty} \sum_{n_2=0}^{\infty} z_1^{n_1} z_2^{n_2} P(n_1, n_2, t). \quad (48)$$

Y la ecuación maestra del modelo SIR estocástico está dada por:

$$\frac{\partial P(n_1, n_2, t)}{\partial t} = \frac{\beta}{\Omega} (E_1^1 E_2^{-1} - 1)(n_1)(n_2)P(n_1, n_2, t) + \alpha(E_2^1 - 1)(n_2)P(n_1, n_2, t). \quad (49)$$

Multiplicando ambos lados de la ecuación 49 por $z_1^{n_1} z_2^{n_2}$

$$\begin{aligned} \frac{\partial z_1^{n_1} z_2^{n_2} P(n_1, n_2, t)}{\partial t} &= \frac{\beta}{\Omega} (E_1^1 E_2^{-1} z_2 - z_1) z_1^{n_1-1} z_2^{n_2} (n_1)(n_2)P(n_1, n_2, t) \\ &+ \alpha(E_2^1 - z_2) z_1^{n_1} z_2^{n_2-1} (n_2)P(n_1, n_2, t) \end{aligned} \quad (50)$$

Sumando en ambos lados de la ecuación 50 sobre todos los valores de (n_1, n_2) obtenemos:

$$\begin{aligned} \frac{\partial}{\partial t} \left(\sum_{n_1=0}^{\infty} \sum_{n_2=0}^{\infty} z_1^{n_1} z_2^{n_2} P(n_1, n_2, t) \right) &= \sum_{n_1=0}^{\infty} \sum_{n_2=0}^{\infty} \frac{\beta}{\Omega} (E_1^1 E_2^{-1} z_2 - z_1) z_1^{n_1-1} z_2^{n_2} (n_1)(n_2)P(n_1, n_2, t) \\ &+ \sum_{n_1=0}^{\infty} \sum_{n_2=0}^{\infty} \alpha(E_2^1 - z_2) z_1^{n_1} z_2^{n_2-1} (n_2)P(n_1, n_2, t) \end{aligned} \quad (51)$$

Sustituyendo en el lado izquierdo de la ecuación 51 la expresión que tenemos de la función generadora de momentos y desarrollando el lado derecho tenemos:

$$\begin{aligned} \frac{\partial Q(z_1, z_2, t)}{\partial t} &= \frac{\beta}{\Omega} \sum_{n_1=0}^{\infty} \sum_{n_2=0}^{\infty} z_1^{n_1} z_2^{n_2} (n_1 + 1)(n_2 - 1)P(n_1 + 1, n_2 - 1, t) \\ &- \frac{\beta}{\Omega} \sum_{n_1=0}^{\infty} \sum_{n_2=0}^{\infty} z_1^{n_1} z_2^{n_2} (n_1)(n_2)P(n_1, n_2, t) \\ &+ \alpha \sum_{n_1=0}^{\infty} \sum_{n_2=0}^{\infty} z_1^{n_1} z_2^{n_2} (n_2 + 1)P(n_1, n_2 + 1, t) \\ &- \alpha \sum_{n_1=0}^{\infty} \sum_{n_2=0}^{\infty} z_1^{n_1} z_2^{n_2} (n_2)P(n_1, n_2, t) \end{aligned} \quad (52)$$

Tomando los siguientes cambios de variable $n'_1 = n_1 + 1$, $n'_2 = n_2 + 1$, $n''_2 = n_2 - 1$

$$\begin{aligned}
\frac{\partial Q(z_1, z_2, t)}{\partial t} &= \frac{\beta}{\Omega} \sum_{n'_1=1}^{\infty} \sum_{n''_2=-1}^{\infty} z_1^{n'_1-1} z_2^{n''_2+1} (n'_1)(n''_2) P(n'_1, n''_2, t) \\
&\quad - \frac{\beta}{\Omega} \sum_{n_1=0}^{\infty} \sum_{n_2=0}^{\infty} z_1^{n_1} z_2^{n_2} (n_1)(n_2) P(n_1, n_2, t) \\
&\quad + \alpha \sum_{n_1=0}^{\infty} \sum_{n'_2=1}^{\infty} z_1^{n_1} z_2^{n'_2-1} (n'_2) P(n_1, n'_2, t) \\
&\quad - \alpha \sum_{n_1=0}^{\infty} \sum_{n_2=0}^{\infty} z_1^{n_1} z_2^{n_2} (n_2) P(n_1, n_2, t)
\end{aligned} \tag{53}$$

Tenemos las siguientes dos observaciones con respecto a la ecuación 53:

1. En el lado derecho de la ecuación en la primera doble suma se tiene lo siguiente:

- Si $n'_1 = 0$, $P(n_1, n_2, t)$, para cualquier valor de n''_2 se cumple que:

$$z_1^{n'_1-1} z_2^{n''_2+1} (n'_1)(n''_2) P(n'_1, n''_2, t) = z_1^{0-1} z_2^{n''_2+1} (0)(n''_2) P(0, n''_2, t) = 0.$$

Con lo que la primer suma puede comenzar desde $n'_1 = 0$

- Si $n''_2 = -1$, para cualquier valor de n'_1 se cumple que $P(-1, n''_2, t) = 0$, con lo que la segunda suma puede comenzar en $n''_2 = 0$

2. En el lado derecho de la ecuación en la primera tercera doble suma se tiene lo siguiente:

Si $n_2 = 0$, para cualquier valor de n_1 se cumple :

$$z_1^{n_1} z_2^{n_2-1} (n_2) P(n_1, n_2, t) = z_1^{n_1} z_2^{0-1} (0) P(n_1, 0, t) = 0.$$

Con lo que la segunda suma puede comenzar en $n_2 = 0$

Tomando en cuenta las dos observaciones anteriores la ecuación 53 queda de la siguiente manera

$$\begin{aligned}
\frac{\partial Q(z_1, z_2, t)}{\partial t} &= \frac{\beta}{\Omega} z_2^2 \sum_{n'_1=0}^{\infty} \sum_{n''_2=0}^{\infty} z_1^{n'_1-1} z_2^{n''_2} (n'_1)(n''_2) P(n'_1, n''_2, t) \\
&\quad - \frac{\beta}{\Omega} z_1 z_2 \sum_{n_1=0}^{\infty} \sum_{n_2=0}^{\infty} z_1^{n_1-1} z_2^{n_2-1} (n_1)(n_2) P(n_1, n_2, t) \\
&\quad + \alpha \sum_{n_1=0}^{\infty} \sum_{n'_2=1}^{\infty} z_1^{n_1} z_2^{n'_2-1} (n'_2) P(n_1, n'_2, t) \\
&\quad - \alpha \sum_{n_1=0}^{\infty} z_2 \sum_{n_2=0}^{\infty} z_1^{n_1} z_2^{n_2-1} (n_2) P(n_1, n_2, t)
\end{aligned} \tag{54}$$

Notemos que del lado derecho de la ecuación podemos sustituir las parciales de la función generadora de momentos 3.1.

$$\begin{aligned} \frac{\partial Q(z_1, z_2, t)}{\partial t} &= \frac{\beta}{\Omega} [z_2^2 - z_1 z_2] \frac{\partial}{\partial z_2} \left(\frac{\partial Q(z_1, z_2, t)}{\partial z_1} \right) \\ &+ \alpha [1 - z_2] \frac{\partial Q(z_1, z_2, t)}{\partial z_2}. \end{aligned} \quad (55)$$

Así hemos transformado la ecuación diferencial discreta en una ecuación diferencial parcial. Proponemos que su solución es de la forma

$$Q(z_1, z_2, t) = Q_1(z_1, z_2) Q_2(t) \quad (56)$$

Sustituyendo la propuesta de $Q(z_1, z_2, t)$ en 55 obtenemos:

$$Q_1(z_1, z_2) \frac{\partial Q_2(t)}{\partial t} = Q_2(t) \frac{\beta}{\Omega} [z_2^2 - z_1 z_2] \frac{\partial}{\partial z_2} \left(\frac{\partial Q_1(z_1, z_2)}{\partial z_1} \right) + Q_2(t) \alpha [1 - z_2] \frac{\partial Q_1(z_1, z_2)}{\partial z_2} \quad (57)$$

$$Q_1(z_1, z_2) \frac{\partial Q_2(t)}{\partial t} = Q_2(t) \frac{\beta}{\Omega} [z_2^2 - z_1 z_2] \frac{\partial}{\partial z_1} \left(\frac{\partial Q_1(z_1, z_2)}{\partial z_2} \right) + Q_2(t) \alpha [1 - z_2] \frac{\partial Q_1(z_1, z_2)}{\partial z_2}$$

$$\frac{\partial Q_2(t)}{\partial t} = \frac{\beta}{\Omega} [z_2^2 - z_1 z_2] \left(\frac{\frac{\partial}{\partial z_1} \left(\frac{\partial Q_1(z_1, z_2)}{\partial z_2} \right)}{Q_1(z_1, z_2)} \right) + \alpha [1 - z_2] \left(\frac{\frac{\partial Q_1(z_1, z_2)}{\partial z_2}}{Q_1(z_1, z_2)} \right)$$

De esta manera se tiene que el lado derecho solo depende de $Q_1(z_1, z_2)$ mientras que el lado izquierdo de $Q_2(t)$. Como esta igualdad se debe satisfacer para cualesquiera (z_1, z_2, t) no queda más que sean iguales a una constante λ , es decir

$$\frac{\partial Q_2(t)}{\partial t} = \frac{\beta}{\Omega} [z_2^2 - z_1 z_2] \left(\frac{\frac{\partial}{\partial z_1} \left(\frac{\partial Q_1(z_1, z_2)}{\partial z_2} \right)}{Q_1(z_1, z_2)} \right) + \alpha [1 - z_2] \left(\frac{\frac{\partial Q_1(z_1, z_2)}{\partial z_2}}{Q_1(z_1, z_2)} \right) = \lambda$$

Para $Q_2(t)$ tenemos

$$\frac{\partial Q_2(t)}{\partial t} = \lambda \quad \Rightarrow \quad \frac{\partial Q_2(t)}{\partial t} = \lambda Q_2(t)$$

de donde

$$Q_2(t) = c_1 e^{\lambda t}$$

Por otro lado para $Q_1(z_1, z_2)$ tenemos que

$$\frac{\beta}{\Omega} [z_2^2 - z_1 z_2] \left(\frac{\frac{\partial}{\partial z_1} \left(\frac{\partial Q_1(z_1, z_2)}{\partial z_2} \right)}{Q_1(z_1, z_2)} \right) + \alpha [1 - z_2] \left(\frac{\frac{\partial Q_1(z_1, z_2)}{\partial z_2}}{Q_1(z_1, z_2)} \right) = \lambda$$

Tomando a $P(z_1, z_2) = \frac{\partial Q_1(z_1, z_2)}{\partial z_2}$, podemos reescribir la ecuación de la siguiente manera

$$\frac{\beta}{\Omega} [z_2^2 - z_1 z_2] \frac{\partial}{\partial z_1} P(z_1, z_2) + \alpha [1 - z_2] P(z_1, z_2) = \lambda Q_1(z_1, z_2)$$

La cual podemos resolver como una Ecuación Diferencial Ordinaria.

$$\frac{\partial}{\partial z_1} P(z_1, z_2) + \frac{\alpha [1 - z_2]}{\frac{\beta}{\Omega} [z_2^2 - z_1 z_2]} P(z_1, z_2) = \frac{\lambda Q_1(z_1, z_2)}{\frac{\beta}{\Omega} [z_2^2 - z_1 z_2]}$$

tomando a $b = \frac{\beta}{\Omega}$ y a $\mu_1(z_1)$ como factor integrante de la siguiente forma:

$$\mu_1(z_1) = e^{\int \frac{\alpha [1 - z_2]}{b(z_1 z_2 - z_2^2)} dz_1} = e^{\frac{\alpha (1 - z_2) \ln(z_2^2 - z_1 z_2)}{b z_2}}$$

AL multiplicar por el factor integrante y posteriormente integrando encontramos la solución

$$P(z_1, z_2) = e^{\frac{\alpha (1 - z_2) \ln(z_2^2 - z_1 z_2)}{b z_2}} \left(\int e^{\frac{\alpha (z_2 - 1) \ln(z_2^2 - z_1 z_2)}{b z_2}} \frac{\lambda Q_1(z_1, z_2)}{b(z_2^2 - z_1 z_2)} dz_1 \right)$$

$$P(z_1, z_2) = (z_2^2 - z_1 z_2)^{\frac{\alpha (1 - z_2)}{b z_2}} \left(\int \frac{\lambda}{b} (z_2^2 - z_1 z_2)^{\frac{\alpha (z_2 - 1)}{b z_2} - 1} Q_1(z_1, z_2) dz_1 \right)$$

Recordemos que $P(z_1, z_2) = \frac{\partial Q_1(z_1, z_2)}{\partial z_2}$, con lo que tenemos

$$\frac{\partial Q_1(z_1, z_2)}{\partial z_2} = (z_2^2 - z_1 z_2)^{\frac{\alpha (1 - z_2)}{b z_2}} \left(\int \frac{\lambda}{b} (z_2^2 - z_1 z_2)^{\frac{\alpha (z_2 - 1)}{b z_2} - 1} Q_1(z_1, z_2) dz_1 \right)$$

de donde obtenemos que

$$Q_1(z_1, z_2) = \int (z_2^2 - z_1 z_2)^{\frac{\alpha (1 - z_2)}{\Omega z_2}} \int \frac{\lambda}{\frac{\beta}{\Omega}} (z_2^2 - z_1 z_2)^{\frac{\alpha (z_2 - 1)}{\Omega z_2} - 1} Q_1(z_1, z_2) dz_1 dz_2$$

3.2. Momentos de la Ecuación Maestra del modelo SIR

Deseamos hallar la esperanza de la población de Susceptibles y de Infectados para ello usaremos la ecuación maestra 47 y recordemos que se la esperanza se puede hallar a partir de las siguientes ecuaciones:

$$E[I(t)] = \sum_{n_1=0}^N \sum_{n_2=0}^N n_2 P(n_1, n_2, t) \quad (58)$$

$$E[S(t)] = \sum_{n_1=0}^N \sum_{n_2=0}^N n_1 P(n_1, n_2, t) \quad (59)$$

Nos sera de utilidad hallar la esperanza para del producto de la población de Susceptibles e Infectados, que se puede obtener de la siguiente ecuación:

$$E[S(t)I(t)] = \sum_{n_1=0}^N \sum_{n_2=0}^N n_1 n_2 P(n_1, n_2, t) \quad (60)$$

Usemos la ecuación maestra del modelo SIR para hallar la esperanza de la población de infectados, la definición de esperanza es la siguiente

$$E[I(t)] = \sum_{n_1=0}^N \sum_{n_2=0}^N n_2 P(n_1, n_2, t)$$

Aplicando la parcial con respecto a t

$$\begin{aligned} \frac{\partial E[I(t)]}{\partial t} &= \frac{\partial}{\partial t} \sum_{n_1=0}^N \sum_{n_2=0}^N n_2 P(n_1, n_2, t) = \sum_{n_1=0}^N \sum_{n_2=0}^N \frac{\partial n_2 P(n_1, n_2, t)}{\partial t} \\ &= \sum_{n_1=0}^N \sum_{n_2=0}^N n_2 \frac{\partial P(n_1, n_2, t)}{\partial t} \end{aligned}$$

Sustituyendo la expresión que tenemos en la ecuación maestra del modelo SIR obtenemos.

$$\begin{aligned} \frac{\partial E[I(t)]}{\partial t} &= \sum_{n_1=0}^{N-1} \sum_{n_2=1}^N n_2 \frac{\beta}{\Omega} (n_1 + 1)(n_2 - 1) P(n_1 + 1, n_2 - 1, t) \\ &\quad - \sum_{n_1=0}^N \sum_{n_2=0}^N n_2 \frac{\beta}{\Omega} (n_1)(n_2) P(n_1, n_2, t) \\ &\quad + \sum_{n_1=0}^N \sum_{n_2=0}^{N-1} n_2 \alpha (n_2 + 1) P(n_1, n_2 + 1, t) \\ &\quad - \sum_{n_1=0}^N \sum_{n_2=0}^N n_2 \alpha (n_2) P(n_1, n_2, t) \end{aligned}$$

Recorriendo índices y agrupando obtenemos

$$\begin{aligned} \frac{\partial E[I(t)]}{\partial t} &= \sum_{n_1=0}^N \sum_{n_2=0}^N [(n_2 + 1) \frac{\beta}{\Omega} n_1 n_2 - n_2 \frac{\beta}{\Omega} n_1 n_2] P(n_1, n_2, t) - \sum_{n_1=0}^N (N + 1) \frac{\beta}{\Omega} n_1 N P(n_1, N, t) \\ &\quad + \sum_{n_1=0}^N \sum_{n_2=0}^N [(n_2 - 1) \alpha n_2 - n_2 \alpha n_2] P(n_1, N, t) \end{aligned}$$

notemos que el único sumando de $\sum_{n_1=0}^N (N+1) \frac{\beta}{\Omega} n_1 N P(n_1, N, t)$ en el que $P(n_1, N, t) \neq 0$ es cuando $n_1 = 0$, así

$$\frac{\partial E[I(t)]}{\partial t} = \sum_{n_1=0}^N \sum_{n_2=0}^N \left[\frac{\beta}{\Omega} n_1 n_2 P(n_1, n_2, t) - \alpha n_2 P(n_1, n_2, t) \right] - (N+1) \left(\frac{\beta}{\Omega} \right) (0) (N) P(0, N, t)$$

$$\frac{\partial E[I(t)]}{\partial t} = \sum_{n_1=0}^N \sum_{n_2=0}^N \left[\frac{\beta}{\Omega} n_1 n_2 P(n_1, n_2, t) - \alpha n_2 P(n_1, n_2, t) \right]$$

Por lo tanto

$$\frac{\partial E[I(t)]}{\partial t} = \frac{\beta}{\Omega} E[S(t)I(t)] - \alpha E[I(t)]$$

Como podemos observar depende de $E[S(t)I(t)]$.

- De la misma forma podemos hallar la ecuación que corresponde a $E[S(t)I(t)]$

$$\frac{\partial E[S(t)I(t)]}{\partial t} = \sum_{n_1=0}^N \sum_{n_2=0}^N n_1 n_2 \frac{\partial P(n_1, n_2, t)}{\partial t}$$

$$\begin{aligned} &= \sum_{n_1=0}^{N-1} \sum_{n_2=1}^N n_1 n_2 \frac{\beta}{\Omega} (n_1+1)(n_2-1) P(n_1+1, n_2-1, t) - \sum_{n_1=0}^N \sum_{n_2=0}^N n_1 n_2 \frac{\beta}{\Omega} (n_1)(n_2) P(n_1, n_2, t) \\ &+ \sum_{n_1=0}^N \sum_{n_2=0}^{N-1} n_1 n_2 \alpha (n_2+1) P(n_1, n_2+1, t) - \sum_{n_1=0}^N \sum_{n_2=0}^N n_1 n_2 \alpha (n_2) P(n_1, n_2, t) \end{aligned}$$

Recorriendo índices y agrupando obtenemos

$$\begin{aligned} &= \sum_{n_1=0}^N \sum_{n_2=0}^N \left[(n_1-1)(n_2+1) \frac{\beta}{\Omega} n_1 n_2 - n_1 n_2 \frac{\beta}{\Omega} n_1 n_2 \right] P(n_1, n_2, t) \\ &- \sum_{n_1=0}^N (n_1-1)(N+1) \frac{\beta}{\Omega} n_1 N P(n_1, N, t) + \sum_{n_1=0}^N \sum_{n_2=0}^N \left[(n_1)(n_2-1) \alpha n_2 - n_1 n_2 \alpha n_2 \right] P(n_1, N, t) \\ &= \sum_{n_1=0}^N \sum_{n_2=0}^N \left[(n_1-n_2-1) \frac{\beta}{\Omega} n_1 n_2 P(n_1, n_2, t) - n_1 \alpha n_2 P(n_1, n_2, t) \right] \\ &\quad - \sum_{n_1=0}^N (n_1-1)(N+1) \frac{\beta}{\Omega} n_1 N P(n_1, N, t) \end{aligned}$$

$$= \sum_{n_1=0}^N \sum_{n_2=0}^N [(n_1 - n_2 - 1) \frac{\beta}{\Omega} n_1 n_2 P(n_1, n_2, t) - n_1 \alpha n_2 P(n_1, n_2, t)]$$

Por lo tanto

$$\frac{\partial E[I(t)S(t)]}{\partial t} = \frac{\beta}{\Omega} E[S^2(t)I(t)] - \frac{\beta}{\Omega} E[S(t)I^2(t)] - (\frac{\beta}{\Omega} + \alpha) E[S(t)I(t)]$$

- Por ultimo hallamos la ecuación para $E[S(t)]$

$$\frac{\partial E[S(t)]}{\partial t} = \sum_{n_1=0}^N \sum_{n_2=0}^N n_1 \frac{\partial P(n_1, n_2, t)}{\partial t}$$

$$\begin{aligned} \frac{\partial E[S(t)]}{\partial t} &= \sum_{n_1=0}^{N-1} \sum_{n_2=1}^N n_1 \frac{\beta}{\Omega} (n_1+1)(n_2-1) P(n_1+1, n_2-1, t) - \sum_{n_1=0}^N \sum_{n_2=0}^N n_1 \frac{\beta}{\Omega} (n_1)(n_2) P(n_1, n_2, t) \\ &+ \sum_{n_1=0}^N \sum_{n_2=0}^{N-1} n_1 \alpha (n_2+1) P(n_1, n_2+1, t) - \sum_{n_1=0}^N \sum_{n_2=0}^N n_1 \alpha (n_2) P(n_1, n_2, t) \end{aligned}$$

Recorriendo índices y agrupando obtenemos

$$\begin{aligned} \frac{\partial E[S(t)]}{\partial t} &= \sum_{n_1=0}^N \sum_{n_2=0}^N [(n_1 - 1) \frac{\beta}{\Omega} n_1 n_2 - n_1 \frac{\beta}{\Omega} n_1 n_2] P(n_1, n_2, t) \\ &- \sum_{n_1=0}^N (n_1 - 1) \frac{\beta}{\Omega} n_1 N P(n_1, N, t) + \sum_{n_1=0}^N \sum_{n_2=0}^N [(n_1) \alpha n_2 - n_1 \alpha n_2] P(n_1, N, t) \\ \frac{\partial E[S(t)]}{\partial t} &= \sum_{n_1=0}^N \sum_{n_2=0}^N [-\frac{\beta}{\Omega} n_1 n_2 P(n_1, n_2, t)] \end{aligned}$$

Por lo tanto

$$\frac{\partial E[S(t)]}{\partial t} = -\frac{\beta}{\Omega} E[S(t)I(t)]$$

Hemos obtenido el siguiente sistema de ecuaciones para los momentos:

$$\frac{\partial E[I(t)]}{\partial t} = \frac{\beta}{\Omega} E[I(t)S(t)] - \alpha E[I(t)]$$

$$\frac{\partial E[I(t)S(t)]}{\partial t} = \frac{\beta}{\Omega} E[S^2(t)I(t)] - \frac{\beta}{\Omega} E[S(t)I^2(t)] - (\frac{\beta}{\Omega} + \alpha) E[I(t)S(t)]$$

$$\frac{\partial E[S(t)]}{\partial t} = -\frac{\beta}{\Omega} E[S(t)I(t)]$$

Notemos que la ecuación que corresponde a $E[I(t)S(t)]$ depende de $E[S^2(t)I(t)]$ y $E[S(t)I^2(t)]$, con el objetivo de poder realizar simulaciones proponemos la siguiente cerradura de modelos que es comúnmente utilizada en este tipo de modelos [?].

$$E[S^2(t)I(t)] \cong E[S(t)I(t)]E[S(t)], \quad E[S(t)I^2(t)] \cong E[S(t)I(t)]E[I(t)]$$

Aplicando la cerradura de momentos el sistema nos queda de la siguiente forma

$$\frac{\partial E[I(t)]}{\partial t} = \frac{\beta}{\Omega} E[I(t)S(t)] - \alpha E[I(t)]$$

$$\frac{\partial E[I(t)S(t)]}{\partial t} = \frac{\beta}{\Omega} E[S(t)I(t)]E[S(t)] - \frac{\beta}{\Omega} E[S(t)I(t)]E[I(t)] - \left(\frac{\beta}{\Omega} + \alpha\right) E[I(t)S(t)]$$

$$\frac{\partial E[S(t)]}{\partial t} = -\frac{\beta}{\Omega} E[S(t)I(t)]$$

Tomando las mismas condiciones iniciales que cuando realizamos la simulación del modelo SIR determinista, es decir $S_0 = 99, I_0 = 1$ y los mismos parámetros $\alpha = .1, \beta = .5$. En la siguiente imagen podemos ver la evolución del sistema.

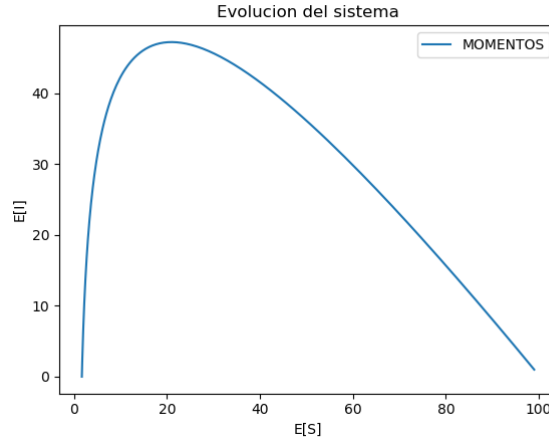


Figura 7: Simulaciones de los momentos del modelo SIR

4. Simulación SIR Estocástico

Ya hemos hallado la ecuación maestra del modelo SIR y encontramos la función generadora de momentos, lo que ahora realizamos fue implementar el algoritmo de Gillespie's para simular la ecuación maestra.

Las siguientes imágenes muestran el resultado de una simulación estocástica del modelo SIR en la que ha ocurrido una infección. Tal como en el enfoque determinista la evolución del sistema la podemos observar graficando la relación entre la población de infectados y de susceptibles

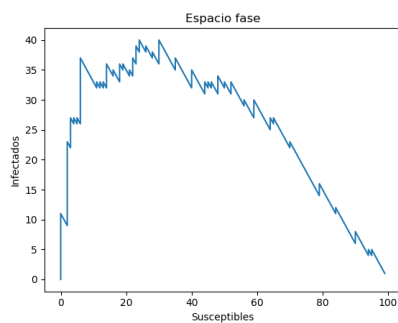


Figura 8: Modelo SIR estocástico

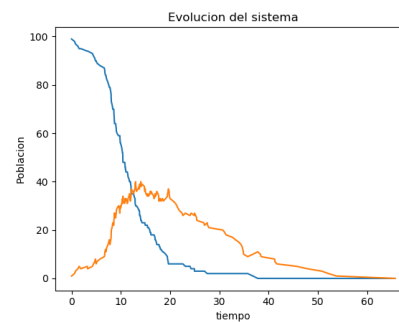


Figura 9: Susceptibles e Infectados a lo largo del tiempo

Si bien desde los dos enfoques determinista y estocástico cuando se ocurre una epidemia la gráfica que muestra la relación entre la población de susceptibles e infectados a lo largo del proceso de la enfermedad tienen comportamientos similares, una diferencia notable es que en estas dos últimas gráficas se observa como si se tuvieran picos, esto ocurre dado que en el proceso estocástico tenemos como hipótesis que en cada tiempo ocurre una infección o bien se remueve a un infectado, estos cambios generan los picos.

Posteriormente realizamos múltiples simulaciones para poder comparar como se dio la evolución del sistema en cada una de ellas. Uno de los propósitos de tener múltiples simulaciones del modelo SIR desde el enfoque estocástico, es que podemos hacer uso de la probabilidad (en un sentido clásico) y así poder calcular probabilidades que son de nuestro interés.

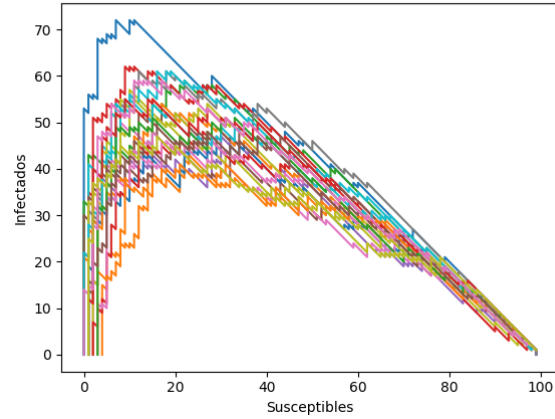


Figura 10: Múltiples simulaciones del modelo SIR estocástico

En cada simulación los tiempos en los que van ocurriendo las reacciones se generan de manera aleatoria, es por ello que varían en cada una de ellas. Hemos tomado el arreglo que denotamos por PT como el promedio del tiempo en el que ocurren las reacciones de cada una de las simulaciones para tomarlo como base, de esta forma el tiempo en el que ocurren las reacciones en todas las simulaciones es el mismo.

Con las simulaciones que hemos desarrollado podemos utilizarlas para calcular la probabilidad de que se tenga uno o más de un infectados en cada tiempo t del arreglo PT , a la cual tomaremos como la probabilidad de estar infectado a lo largo del proceso.

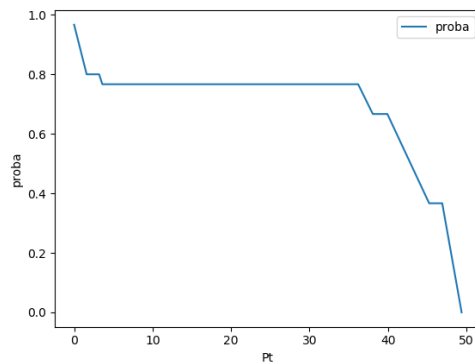


Figura 11: Probabilidad de estar infectado vs PT

En la imagen anterior se muestra como va variando la probabilidad a lo largo del tiempo. Como podemos ver comienza en 1 dado que al principio todas las simulaciones tienen como condición inicial $I_0 = 1$, después comienza a bajar la probabilidad esto refleja a las simulaciones en las que los infectados se extinguieron, para luego mantenerse dado que en ese lapso la epidemia está ocurriendo en las simulaciones restantes, para luego ir disminuyendo hasta cero reflejando la extinción de la epidemia.

Ahora tomamos los primeros y últimos tiempos quitando así la parte donde se mantiene constante la probabilidad para poder ver a detalle donde si cambia la epidemia.

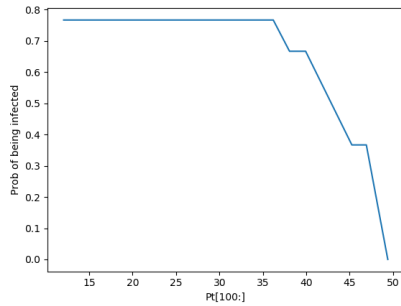


Figura 12: Probabilidad de estar infectado vs PT, final

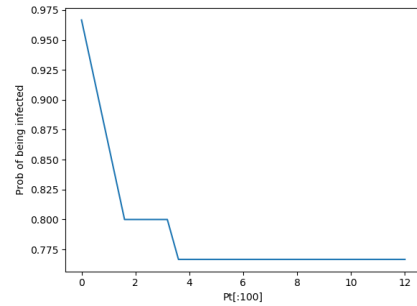


Figura 13: Probabilidad de estar infectado vs PT, Inicio

Como hemos podido observar en las gráficas anteriores que involucran la probabilidad de estar infectado en los primeros momentos tiene un pequeño decaimiento, como ya se dijo esto se debe a las simulaciones que se van extinguiendo.

Para darnos una mejor idea de lo que planteamos anteriormente se muestran las siguientes figuras, en las cuales podemos ver como desde el primer paso se da la dicotomía, entre las simulaciones en las que la infección va creciendo y de las que se ha removido.

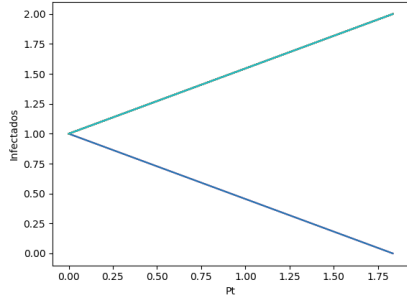


Figura 14: Primer paso de las simulaciones

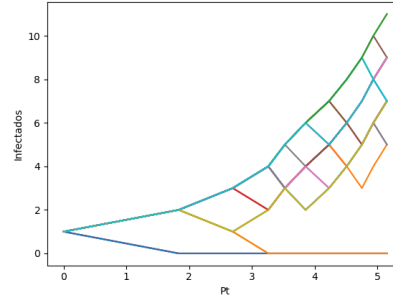


Figura 15: Primeros pasos de las simulaciones

Esto nos llevó al interés de buscar la Probabilidad de que la infección se extinga antes de que pueda ocurrir una epidemia. La denotaremos como probabilidad de extinción.

Hemos realizado varias simulaciones del modelo variando los parámetros y hemos podido notar que después de siete pasos es muy difícil que una simulación que aún tenga infectados no sufra una epidemia. Ponemos un ejemplo de esta situación en la siguiente imagen.

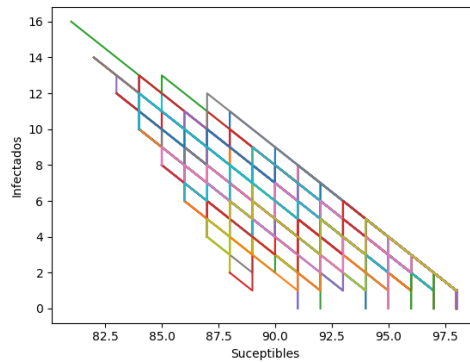


Figura 16: Primeros pasos de las simulaciones

Es por ello que se tomaron los primeros siete pasos y se vio cuantas simulaciones ya no tenían infectados, para así poder calcular la probabilidad deseada. Para calcularla variamos el parámetro β que es la tasa de contagio, mientras que al parámetro α que es la tasa de recuperación, la hemos dejado fija.

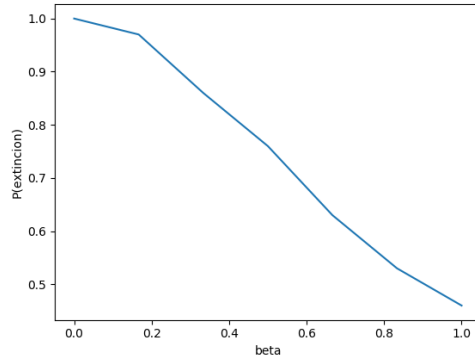


Figura 17: P(extincion) vs beta

Como podemos ver mientras más va creciendo la tasa de contagio la probabilidad de extinción va disminuyendo. Aún más podemos obtener la gráfica de la probabilidad de extinción contra el índice \mathcal{R}_0 .

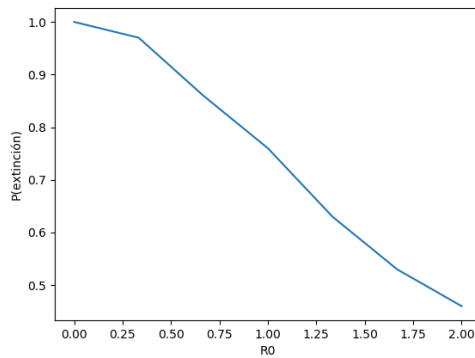


Figura 18: P(extincion) vs R_0

Si una simulación no se extinguió antes del paso siete para nosotros representa que ocurrió una epidemia, con lo que teniendo la probabilidad de extinción podemos hallar la probabilidad de que una epidemia ocurra de la siguiente manera: Probabilidad(epidemia)=1-Probabilidad(extinción)

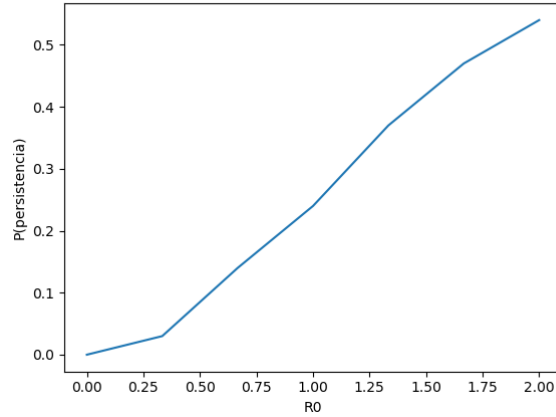


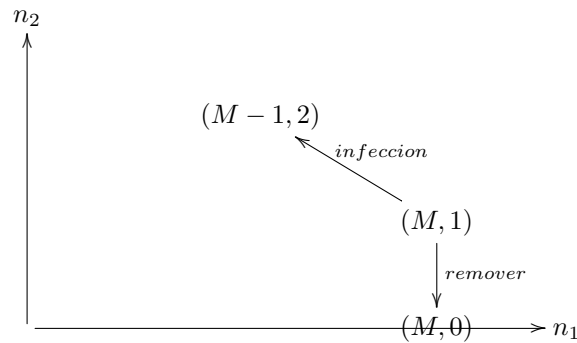
Figura 19: P(epidemia) vs R_0

4.1. Probabilidad de Extinción Analítica

Mediante las simulaciones hemos podido hallar una gráfica para la probabilidad de que la infección se extinga contra el índice \mathcal{R}_0 , lo que deseamos hacer a continuación es intentar hallar una expresión analítica para dicha probabilidad.

Partimos de la misma suposición que se realizó previamente, en la que tomamos que una infección se extingue a lo más en siete pasos. Y tomaremos las mismas condiciones iniciales comenzamos con solo un infectado y el resto de la población son individuos susceptibles. Al inicio de la infección se cumple que $P(n_1 = M, n_2 = 1) = 1$, donde $M = N - 1$, donde N es el tamaño total de la población, n_1 representa a los susceptibles y n_2 a los infectados.

Ahora vamos a ver en las siguientes figuras las formas en las que se puede ir dando la interacción del sistema, Comenzaremos en el punto $(M, 1)$ lo que puede ocurrir es que se de una nueva infección, pasar de $(M, 1)$ a $(M - 1, 2)$ o que directamente se extinga la epidemia, pasar de $(M, 1)$ a $(M, 0)$,



De la ecuación maestra podemos ver que el flujo con el que la población se va infectando es $\frac{\beta}{N}(n_1)(n_2)$ y con el que se van removiendo a la población infectada es $\alpha(n_2)$, así tenemos que la probabilidad de infección y de remover en un paso están dadas por

$$P(\text{infeccion}) = \frac{\frac{\beta}{N}(n_1)(n_2)}{\frac{\beta}{N}(n_1)(n_2) + \alpha n_2}, \quad P(\text{remover}) = \frac{\alpha n_2}{\frac{\beta}{N}(n_1)(n_2) + \alpha n_2}$$

En el primer paso la probabilidad de extinción sería de la siguiente manera

$$P(\text{extincion}) = \frac{\alpha(1)}{\frac{\beta}{N}(M)(1) + \alpha(1)}$$

Ahora para el segundo paso estando en el punto $(M - 1, 2)$, una forma en la que la infección se extinga es que en los dos siguientes pasos se remuevan los dos infectados.

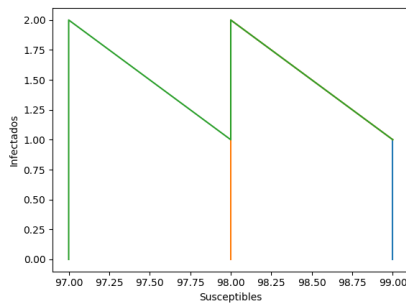
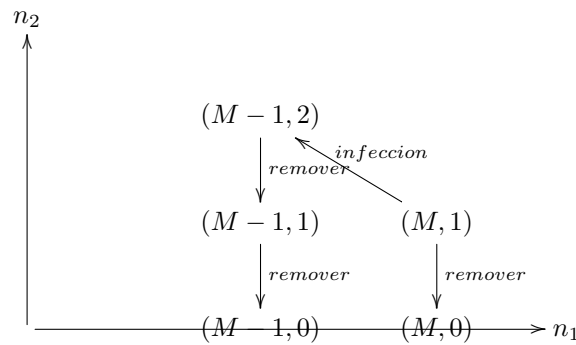


Figura 20: Ejemplo de como se extingue la enfermedad

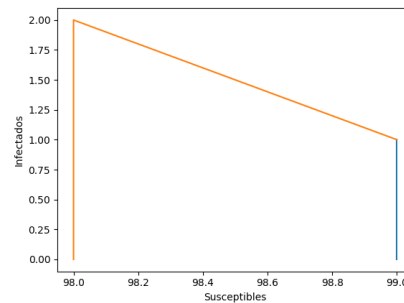


Figura 21: Ejemplo de como se extingue la enfermedad

Agregando esta posibilidad de que la enfermedad se extinga, la probabilidad de extinción quedaría da la siguiente forma.

$$P(\text{extincion}) = \frac{\alpha(1)}{\frac{\beta}{N}(M)(1) + \alpha(1)} + \left(\frac{\frac{\beta}{N}(M)(1)}{\frac{\beta}{N}(M)(1) + \alpha(1)} \right) \left(\frac{\alpha(2)}{\frac{\beta}{N}(M-1)(2) + \alpha(2)} \right) \left(\frac{\alpha(1)}{\frac{\beta}{N}(M-1)(1) + \alpha(1)} \right)$$

Notemos que se puede factorizar el término que corresponde a n_2 en el denominador, de este modo podemos reducir términos y la probabilidad de extinción queda de la siguiente manera.

$$P(\text{extincion}) = \frac{\alpha}{\frac{\beta}{N}(M) + \alpha} + \left(\frac{\frac{\beta}{N}(M)}{\frac{\beta}{N}(M) + \alpha} \right) \left(\frac{\alpha}{\frac{\beta}{N}(M-1) + \alpha} \right) \left(\frac{\alpha}{\frac{\beta}{N}(M-1) + \alpha} \right)$$

En la siguiente imagen se muestran todas las formas en las que se puede extinguir la infección a lo más en siete pasos.

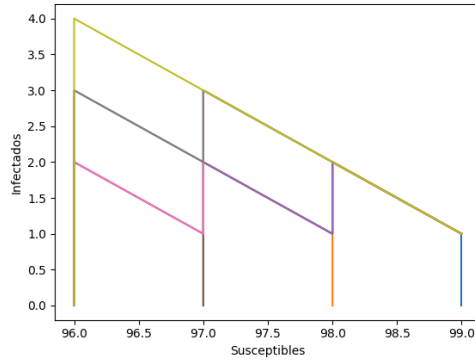


Figura 22: Ejemplo de como se extingue la enfermedad

Expresando cada una de las posibles formas de extinción en términos de las probabilidades de infección y de la probabilidad de remover a un infectado, podemos hallar una expresión analítica para la probabilidad de extinción.

$$P(\text{extincion}) = \frac{\alpha}{\frac{\beta}{N}(M) + \alpha} + \left(\frac{\frac{\beta}{N}(M)}{\frac{\beta}{N}(M) + \alpha} \right) \left(\frac{\alpha}{\frac{\beta}{N}(M-1) + \alpha} \right) \left(\frac{\alpha}{\frac{\beta}{N}(M-1) + \alpha} \right) + \left(\frac{\frac{\beta}{N}(M)}{\frac{\beta}{N}(M) + \alpha} \right) \left(\frac{\alpha}{\frac{\beta}{N}(M-1) + \alpha} \right) \left(\frac{\frac{\beta}{N}(M-1)}{\frac{\beta}{N}(M-1) + \alpha} \right) \left(\frac{\alpha}{\frac{\beta}{N}(M-2) + \alpha} \right)$$

$$\begin{aligned}
& \left(\frac{\alpha}{\frac{\beta}{N}(M-2) + \alpha} \right) \\
& + \left(\frac{\frac{\beta}{N}(M)}{\frac{\beta}{N}(M) + \alpha} \right) \left(\frac{\alpha}{\frac{\beta}{N}(M-1) + \alpha} \right) \left(\frac{\frac{\beta}{N}(M-1)}{\frac{\beta}{N}(M-1) + \alpha} \right) \left(\frac{\alpha}{\frac{\beta}{N}(M-2) + \alpha} \right) \\
& \quad \left(\frac{\frac{\beta}{N}(M-2)}{\frac{\beta}{N}(M-2) + \alpha} \right) \left(\frac{\alpha}{\frac{\beta}{N}(M-3) + \alpha} \right) \left(\frac{\alpha}{\frac{\beta}{N}(M-3) + \alpha} \right) \\
& + \left(\frac{\frac{\beta}{N}(M)}{\frac{\beta}{N}(M) + \alpha} \right) \left(\frac{\alpha}{\frac{\beta}{N}(M-1) + \alpha} \right) \left(\frac{\frac{\beta}{N}(M-1)}{\frac{\beta}{N}(M-1) + \alpha} \right) \left(\frac{\frac{\beta}{N}(M-2)}{\frac{\beta}{N}(M-2) + \alpha} \right) \\
& \quad \left(\frac{\alpha}{\frac{\beta}{N}(M-3) + \alpha} \right) \left(\frac{\alpha}{\frac{\beta}{N}(M-3) + \alpha} \right) \left(\frac{\alpha}{\frac{\beta}{N}(M-3) + \alpha} \right) \\
& \quad + \left(\frac{\frac{\beta}{N}(M)}{\frac{\beta}{N}(M) + \alpha} \right) \left(\frac{\frac{\beta}{N}(M-1)}{\frac{\beta}{N}(M-1) + \alpha} \right) \left(\frac{\alpha}{\frac{\beta}{N}(M-2) + \alpha} \right) \\
& \quad \left(\frac{\alpha}{\frac{\beta}{N}(M-2) + \alpha} \right) \left(\frac{\alpha}{\frac{\beta}{N}(M-2) + \alpha} \right) \\
& + \left(\frac{\frac{\beta}{N}(M)}{\frac{\beta}{N}(M) + \alpha} \right) \left(\frac{\frac{\beta}{N}(M-1)}{\frac{\beta}{N}(M-1) + \alpha} \right) \left(\frac{\alpha}{\frac{\beta}{N}(M-2) + \alpha} \right) \left(\frac{\alpha}{\frac{\beta}{N}(M-2) + \alpha} \right) \\
& \quad \left(\frac{\frac{\beta}{N}(M-2)}{\frac{\beta}{N}(M-2) + \alpha} \right) \left(\frac{\alpha}{\frac{\beta}{N}(M-3) + \alpha} \right) \left(\frac{\alpha}{\frac{\beta}{N}(M-3) + \alpha} \right) \\
& + \left(\frac{\frac{\beta}{N}(M)}{\frac{\beta}{N}(M) + \alpha} \right) \left(\frac{\frac{\beta}{N}(M-1)}{\frac{\beta}{N}(M-1) + \alpha} \right) \left(\frac{\alpha}{\frac{\beta}{N}(M-2) + \alpha} \right) \left(\frac{\frac{\beta}{N}(M-2)}{\frac{\beta}{N}(M-2) + \alpha} \right)
\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
& \left(\frac{\alpha}{\frac{\beta}{N}(M-3) + \alpha} \right) \left(\frac{\alpha}{\frac{\beta}{N}(M-3) + \alpha} \right) \left(\frac{\alpha}{\frac{\beta}{N}(M-3) + \alpha} \right) \\
& + \left(\frac{\frac{\beta}{N}(M)}{\frac{\beta}{N}(M) + \alpha} \right) \left(\frac{\frac{\beta}{N}(M-1)}{\frac{\beta}{N}(M-1) + \alpha} \right) \left(\frac{\frac{\beta}{N}(M-2)}{\frac{\beta}{N}(M-2) + \alpha} \right) \\
& \left(\frac{\alpha}{\frac{\beta}{N}(M-3) + \alpha} \right) \left(\frac{\alpha}{\frac{\beta}{N}(M-3) + \alpha} \right) \left(\frac{\alpha}{\frac{\beta}{N}(M-3) + \alpha} \right) \left(\frac{\alpha}{\frac{\beta}{N}(M-3) + \alpha} \right)
\end{aligned}$$

Si tomamos a N lo suficientemente grande podemos tomar la siguiente aproximación

$$M \cong N, M-1 \cong N, M-2 \cong N$$

Desarrollando y aplicando la aproximación obtenemos

$$\begin{aligned}
P(\text{extincion}) &= \frac{\alpha}{\beta + \alpha} + \frac{\beta\alpha^2}{(\beta + \alpha)^3} + \frac{\beta^2\alpha^3}{(\beta + \alpha)^5} + \frac{\beta^3\alpha^4}{(\beta + \alpha)^7} + \frac{\beta^3\alpha^4}{(\beta + \alpha)^7} + \frac{\beta^2\alpha^3}{(\beta + \alpha)^5} + \\
& \frac{\beta^3\alpha^4}{(\beta + \alpha)^7} + \frac{\beta^3\alpha^4}{(\beta + \alpha)^7} + \frac{\beta^3\alpha^4}{(\beta + \alpha)^7}
\end{aligned}$$

Así llegamos a la siguiente expresión analítica de la probabilidad de extinción

$$P(\text{extincion}) = \frac{\alpha}{\beta + \alpha} + \frac{\beta\alpha^2}{(\beta + \alpha)^3} + \frac{2\beta^2\alpha^3}{(\beta + \alpha)^5} + \frac{5\beta^3\alpha^4}{(\beta + \alpha)^7}$$

Podemos obtener una nueva gráfica de la probabilidad de extinción a partir de esta expresión como se realizó mediante las simulaciones, fijando a α y haciendo variar a β .

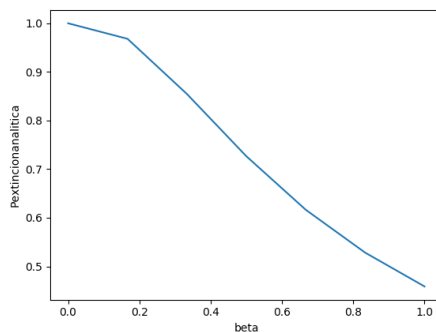


Figura 23: P(extincion analítica) vs beta

Tenemos que $\mathcal{R}_0 = \frac{\beta}{\alpha}$ sustituyendo $\beta = \mathcal{R}_0\alpha$ obtenemos

$$P(\text{extincion}) = \frac{\alpha}{\mathcal{R}_0\alpha + \alpha} + \frac{(\mathcal{R}_0\alpha)\alpha^2}{(\mathcal{R}_0\alpha + \alpha)^3} + \frac{2(\mathcal{R}_0\alpha)^2\alpha^3}{(\mathcal{R}_0\alpha + \alpha)^5} + \frac{5(\mathcal{R}_0\alpha)^3\alpha^4}{(\mathcal{R}_0\alpha + \alpha)^7}$$

$$P(\text{extincion}) = \frac{1}{\mathcal{R}_0 + 1} + \frac{\mathcal{R}_0}{(\mathcal{R}_0 + 1)^3} + \frac{2(\mathcal{R}_0)^2}{(\mathcal{R}_0 + 1)^5} + \frac{5(\mathcal{R}_0)^3}{(\mathcal{R}_0 + 1)^7}$$

En esta ultima expresión tenemos a la probabilidad de extinción en función del número básico de reproducción. Como podemos ver en la siguiente gráfica mientras el valor del \mathcal{R}_0 va aumentando la probabilidad de que la enfermedad se extinga va disminuyendo.

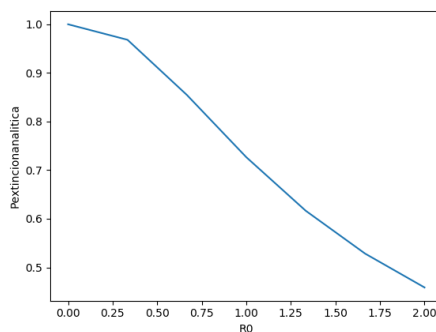


Figura 24: P(extincion analítica) vs \mathcal{R}_0

5. Probabilidad de epidemia como función de \mathcal{R}_0

Hemos podido hallar por medio de las simulaciones y mediante una aproximación analítica la probabilidad de que la enfermedad se extinga en términos del número básico de reproducción \mathcal{R}_0 . En la siguiente gráfica se comparan estas dos probabilidades.

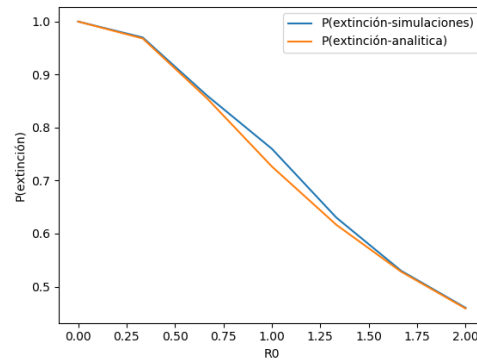


Figura 25: Comparación de las probabilidades de extinción obtenidas analítica y numéricamente

La idea por la cual se desarrolló el estudio del modelo SIR desde un enfoque estocástico fue para poder tener un punto comparación con el determinista. Ahora bien, hasta éste punto ya hemos desarrollado varias herramientas para poder retomar el análisis de la situación que planteamos en el estudio del modelo SIR determinista.

En un principio se podría pensar que el estudio desde un enfoque estocástico no nos sería de utilidad para este caso, dado que no podemos tener como condición inicial un número de infectados entre cero y uno.

Al tomar a $\langle I \rangle$ como el promedio de Infectados de N simulaciones estocásticas se cuenta con un cierto grado de control sobre las condiciones iniciales, en especial con la cantidad de infectados con los que inicie $\langle I_0 \rangle$, lo que deseamos que $\langle I_0 \rangle$ sea menor que uno.

Para ello de las N simulaciones estocásticas tomamos que una porción sea tal que el número de infectados iniciales sea 1 y la otra porción con el número de infectados iniciales sea 0. Para estas últimas simulaciones no puede ocurrir epidemia alguna dado que $I_0 = 0$.

Para ejemplificarlo tomemos n de las N simulaciones, con $n \in \{1, \dots, N-1\}$, tales que tienen como condición inicial $I_0 = 1$, y las restantes $N-n$ simulaciones

comiencen con $I_0 = 0$, el promedio de infectados iniciales es:

$$\frac{n(1) + (N - n)(0)}{N} = \frac{n}{N} < 1$$

ya que $n \in \{1, \dots, N - 1\}$

Tomando estas condiciones e implementándolas en las simulaciones se calculó el promedio de los individuos susceptibles e infectados en cada tiempo, una vez hecho esto podemos observar el resultado del proceso graficando la relación entre infectados y susceptibles.

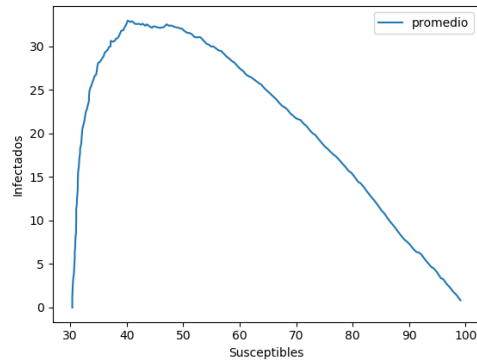


Figura 26: SIR estocástico: promedio infectados vs promedio susceptibles

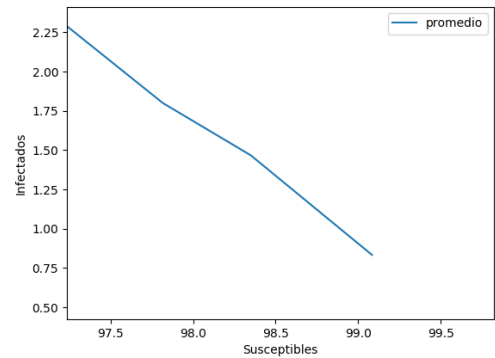


Figura 27: Remarcamos que en el promedio de infectados comienza con $I_0 < 1$

En las siguientes gráficas comparamos la evolución de la enfermedad a lo largo del proceso de la enfermedad desde cada enfoque, en ella podemos observar que tienen un comportamiento similar.

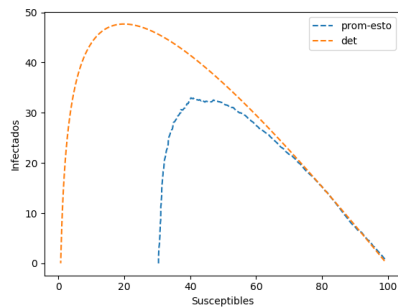


Figura 28: Comparación SIR-Determinista-Estocástico

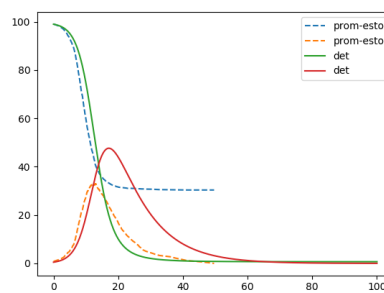


Figura 29: Comparación SIR-Determinista-Estocástico

Notemos que el número de casos favorables donde es posible que se pueda dar una epidemia es $I_0 = \frac{n}{N}$, para el desarrollo de las siguientes gráficas tomamos $I_0 = .46$. Proponemos que la probabilidad de ocurra una epidemia en el promedio de los infectados esta dada por

$$P_{epidemia}(\langle I_0 \rangle) = I_0 \gamma$$

Donde γ es la probabilidad de que la epidemia persista, la cual la podemos calcular a partir de la probabilidad de extinción de la siguiente forma

$$\gamma = 1 - P_{extincion}$$

Sustituyendo obtenemos

$$P_{epidemia}(\langle I_0 \rangle) = I_0(1 - P_{extincion})$$

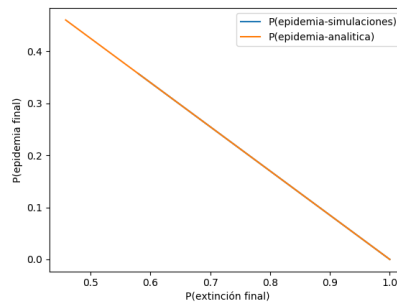


Figura 30: $P_{epidemia}(\langle I_0 \rangle)$ vs $P_{extincion}$

Como a la probabilidad de extinción la logramos obtener con respecto del \mathcal{R}_0 , podemos obtener la siguiente gráfica de la probabilidad de epidemia con respecto \mathcal{R}_0 .

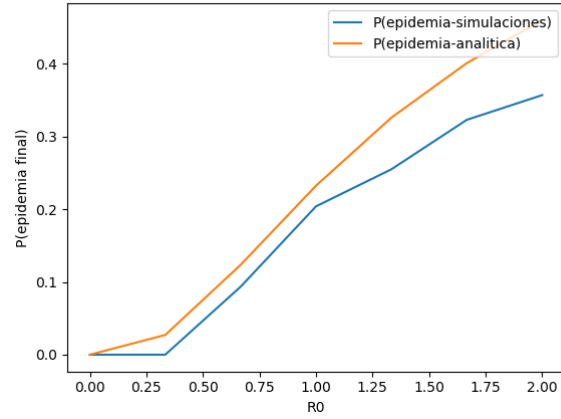


Figura 31: R_0 vs $P_{epidemia}(< I_0 >)$

Análogamente podemos obtener la probabilidad de que infección se extinga en términos del \mathcal{R}_0 de la siguiente manera

$$P_{extincion}(< I_0 >) = 1 - P_{epidemia}(< I_0 >)$$

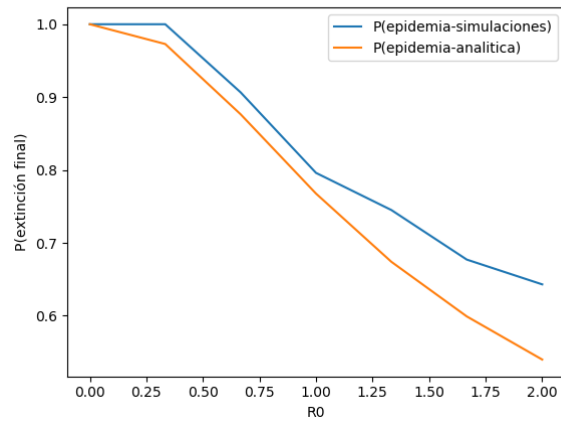


Figura 32: R_0 vs $P_{extincion}(< I_0 >)$

6. Conclusión

Por ultimo comparemos las simulaciones que hemos desarrollado a lo largo de este trabajo. En cada una de las siguientes simulaciones se tomaron por condiciones iniciales $S = 99, I = 1$, con los parámetros $\alpha = .1, \beta = .5$

La primer simulación que obtuvimos fue la del modelo SIR determinista. Luego al estudiar la ecuación maestra calculamos el sistema para los momentos y con el logramos simular la evolución del sistema. Al comparar estas dos simulaciones podemos ver que el resultado de ambas simulaciones es prácticamente el mismo. Sin embargo, vemos que el efecto de las fluctuaciones es reducir el tamaño de la epidemia

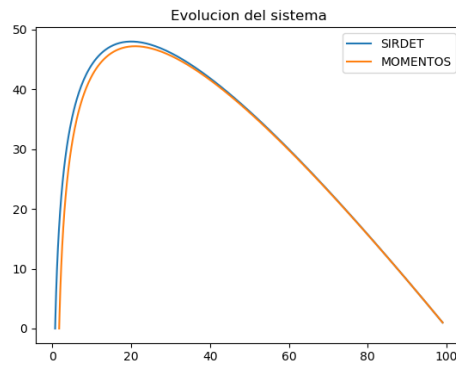


Figura 33: Comparación SIR-Momentos SIR

Al estudiar el modelo SIR desde un enfoque estocástico se realizaron simulaciones mediante el uso del algoritmo de Gillespie's, Tomamos el promedio de $n = 300$ simulaciones y la comparamos con las simulaciones anteriores

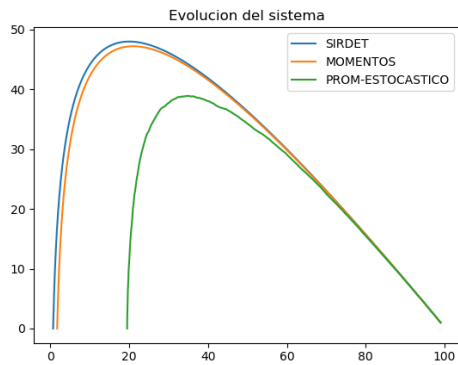


Figura 34: Comparación SIR-Determinista-Momentos-Estocástico

En el promedio de las simulaciones estocásticas también nos encontramos que ha ocurrido una epidemia. La diferencia es que en las primeras simulaciones el resultado es una epidemia que infecta casi a la mitad de la población, mientras que en esta última simulación la epidemia infecta a más de un tercio de la población.

Ahora bien si al tomar el promedio dejamos de lado las simulaciones en las que la enfermedad se extingue y solo nos quedamos con las que ha ocurrido una epidemia, obtenemos que el resultado es parecido a las simulaciones anteriores.

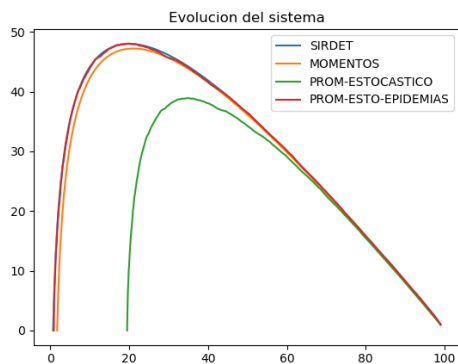


Figura 35: SIR-Determinista-Momentos-Estocástico

Hemos estudiado el modelo SIR determinista y estocástico. Inicialmente se observó que la diferencia entre los dos se debía al efecto que causan las fluctuaciones que ocurren en el estudio estocástico ya que reducen el tamaño del promedio de la epidemia. Esta diferencia se volvió a presentar con las ecuaciones de evolución de los momentos. Realizando un análisis se concluyó que esta reducción es debido a la probabilidad de extinción que hay en el proceso estocástico. Si quitamos la posibilidad de extinción, los resultados del modelo estocástico y determinista son similares. Es por ello que se nos hizo importante hallar la probabilidad de extinción de una epidemia dado que se comienza con un sólo infectado.

Comúnmente se determina con el valor del número básico de reproducción \mathcal{R}_0 . Si es mayor a uno habrá epidemia. Sin embargo este resultado es deducido a partir de modelos deterministas donde se ha despreciado las fluctuaciones de tamaño finito. Con la ayuda del modelo estocástico logramos encontrar la probabilidad de extinción de una epidemia tipo SIR en términos del número básico de reproducción \mathcal{R}_0

Apéndice 1 Generando Numero Aleatorios

La función de distribución $F(X)$ por definición siempre cae entre 0 y 1, entonces es posible obtener una muestra x de cualquier distribución, generando una variable aleatoria uniforme $r \in U(0, 1)$ y resolviendo para $F(x) = r$

$$x = F^{-1}(r)$$

Poniendo en el eje vertical una muestra aleatoria distribuida uniformemente, la función de distribución refleja la muestra en el eje horizontal, de la siguiente manera transformando r en una variable aleatoria x con las estadísticas deseadas.

Como $F'(x) = f(x)$, y se tiene que $f(x) \geq 0$, la función $F(x)$ es estrictamente creciente y su inversa F^{-1} esta definida de forma única para cada distribución.

Por ejemplo sea $E(a)$ una variable aleatoria distribuida exponencialmente, luego

$$F(x) = 1 - \exp[-ax]$$

Si tomamos $F(x) = 1 - r$, donde r es una unidad de una variable distribuida uniformemente, entonces

$$1 - r = 1 - \exp[-ax]$$

$$\Rightarrow r = \exp[-ax]$$

$$\Rightarrow \exp[ax] = \frac{1}{r}$$

$$\Rightarrow ax = \ln\left(\frac{1}{r}\right)$$

de donde

$$x = \frac{1}{a} \ln\left(\frac{1}{r}\right)$$

es una variable aleatoria, exponencialmente distribuida con constante de decaimiento a . Esta relación sera de particular importancia cuando se considere la simulación de procesos aleatorios.

Apéndice 2 Generando números aleatorios

Dado una distribución de probabilidad P , muestra que para r tomado de una distribución uniforme $U(0, 1)$, el entero n que satisface

$$\sum_{i=-\infty}^{n-1} P(i) \leq r \leq \sum_{i=-\infty}^n P(i)$$

es una realización de $P(n)$.

Solución:

Tomemos a P como una distribución de probabilidad y a r tomado de una distribución uniforme $U(0, 1)$ y supongamos que n es tal que satisface lo siguiente:

$$\sum_{i=-\infty}^{n-1} P(i) \leq r < \sum_{i=-\infty}^n P(i)$$

Como $P(n)$ es una distribución de probabilidad cumple que

$$\sum_{i=-\infty}^{\infty} P(i) = 1$$

en especial

$$\sum_{i=-\infty}^{n-1} P(i) < 1$$

y

$$\sum_{i=-\infty}^n P(i) < 1$$

es más tenemos que

$$0 \leq \sum_{i=-\infty}^{n-1} P(i) < \sum_{i=-\infty}^n P(i) < 1$$

Aún más

$$\tilde{P} \left(\sum_{i=-\infty}^{n-1} P(i) \leq r < \sum_{i=-\infty}^n P(i) \right) = F_r \left(\sum_{i=-\infty}^n P(i) \right) - F_r \left(\sum_{i=-\infty}^{n-1} P(i) \right)$$

Donde F_r es la función de distribución acumulada de r la cual se tomo de una variable uniforme $U(0, 1)$, que tiene la siguiente función de distribución acumulada

$$F_r(x) = \begin{cases} 0 & \text{si } x < 0 \\ \frac{x-0}{1-0} = x & \text{si } 0 \leq x < 1 \\ 1 & \text{si } 1 \leq x \end{cases} \quad (61)$$

Así

$$\tilde{P} \left(\sum_{i=-\infty}^{n-1} P(i) \leq r < \sum_{i=-\infty}^n P(i) \right) = \sum_{i=-\infty}^n P(i) - \sum_{i=-\infty}^{n-1} P(i)$$

simplificando

$$\tilde{P} \left(\sum_{i=-\infty}^{n-1} P(i) \leq r < \sum_{i=-\infty}^n P(i) \right) = P(n)$$

Por lo tanto n es una realización de la distribución P .

Bibliografía

Referencias

- [1] Linda J. S. Allen. An Introduction to Stochastic Epidemic Models. In J. M. Morel, F. Takens, B. Teissier, Fred Brauer, Pauline van den Driessche, and Jianhong Wu, editors, *Mathematical Epidemiology*, volume 1945, pages 81–130. Springer Berlin Heidelberg, Berlin, Heidelberg, 2008.
- [2] Fred Brauer and Carlos Castillo-Chávez. *Mathematical models in population biology and epidemiology*. Number 40 in Texts in applied mathematics. Springer, New York, 2nd ed edition, 2012.
- [3] Gerardo Chowell, James M. Hyman, Luís M. A. Bettencourt, and Carlos Castillo-Chavez, editors. *Mathematical and Statistical Estimation Approaches in Epidemiology*. Springer Netherlands, Dordrecht, 2009.
- [4] M. Scott. *Applied Stochastic Processes in science and engineering*. University of Waterloo, 2013.