

UNIVERSIDAD DE EL SALVADOR
FACULTAD DE CIENCIAS NATURALES Y MATEMÁTICA
ESCUELA DE MATEMÁTICA



Universidad de El Salvador
Hacia la libertad por la cultura

TRABAJO DE GRADO TITULADO:

**MODELO BASADO EN UN PROCESO MARKOVIANO PARA
PREDECIR LA EVOLUCIÓN DE COVID-19 EN EL SALVADOR**

PRESENTADO POR:

**Br. Juan Miguel Guevara Deras
Br. Mayra Lisseth Ardón Menjívar**

PARA OPTAR AL TÍTULO DE:

Licenciatura en Matemática

BAJO LA DIRECCIÓN DE:

MSc. Walter Otoniel Campos Granados

Ciudad Universitaria, abril de 2022

AUTORIDADES

UNIVERSIDAD DE EL SALVADOR

RECTOR:

MSc. ROGER ARMANDO ARIAS ALVARADO

SECRETARIO GENERAL:

MSc. FRANCISCO ANTONIO ALARCÓN SANDOVAL

FACULTAD DE CIENCIAS NATURALES Y MATEMÁTICA

DECANO:

LIC. MAURICIO HERNAN LOVO CÓRDOBA

SECRETARIO:

LIC. JAIME HUMBERTO SALINAS ESPINOZA

ESCUELA DE MATEMÁTICA

DIRECTOR:

Dr. DIMAS NOE TEJADA TEJADA.

SECRETARIO:

MSc. CARLOS GAMEZ.

Índice general

Índice general	I
Introducción	III
1. Medidas de Probabilidad y σ-álgebras	1
1.1. Lema de Borel - Cantelli	3
1.2. Probabilidad Condicionada, Variables Aleatorias y sus Dis- tribuciones	5
1.3. Esperanza Condicionada	8
1.4. Procesos Estocásticos	9
1.5. Procesos con Incrementos Independientes	11
1.6. Procesos Estacionarios	13
2. Cadenas de Markov con parámetro discreto	16
2.1. Nociones básicas	16
2.2. Estudio distribucional de la Cadena de Markov (Homogénea)	18
2.2.1. Probabilidades de transición en n etapas	18
2.2.2. Distribución conjunta de r variables del proceso	21
2.2.3. Distribución límite de la Cadena de Markov	22
2.3. Clasificación de estados	22
2.4. Caracterización en términos de las probabilidades de transi- ción	26
3. Un modelo Markoviano	37
3.1. Modelo espacio de estados	37
3.2. Muestreador de Gibbs	38
3.2.1. Ilustración del GIBBS SAMPLER	39
3.2.4. Una prueba de convergencia simple	44
3.3. Modelo epidemiológico SIR espacio-estado	48

ÍNDICE GENERAL

3.3.1. Modelo básico de infección por coronavirus.	48
4. Análisis de los datos de COVID-19 en El Salvador	53
4.1. Modelo epidemiológico con tasa de transmisión variable en el tiempo	53
4.2. Implementación: Algoritmo de Cadenas de Markov Monte Carlo	56
4.3. Interpretación de los resultados del modelo	58
4.4. Simulaciones bajo cuarentena variable en el tiempo aplicado en El Salvador	61
4.5. Simulaciones con fechas de reapertura de la economía en El Salvador	69
4.6. Adaptando el modelo con datos de avance de aplicación de la Vacuna contra el Covid-19	74
Bibliografía	83

Introducción

Con esta investigación documental se busca mediante la aplicación de un modelo Markoviano predecir la evolución del COVID-19 en El Salvador.

En ciencias de la salud, muchas variables de interés muestran cambios en el tiempo. Predecir qué valor futuro alcanzará una variable bajo determinadas condiciones iniciales constituye una importante fuente de información para la investigación básica y aplicada, al igual que para la toma de decisiones en la gestión de servicios de salud y la atención sanitaria. Los procesos estocásticos son secuencias de variables aleatorias observadas en sucesivos instantes de tiempo, y los modelos de Markov permiten estudiar la evolución temporal de cualquier proceso cuyo estado futuro dependa solo del estado en que se encuentre en el presente, pero no de su historia pasada. Desde comienzos del siglo XX sus aplicaciones en el ámbito sanitario han sido múltiples, siendo una línea de investigación de interés en la actualidad tanto a nivel teórico como aplicado.

El objetivo de este trabajo es mostrar un modelo markoviano adaptado a un problema que ha marcado un antes y un después en la humanidad, lo que inició como una enfermedad contagiosa en Wuhan, China en Diciembre 2019, que al poco tiempo se expandió en distintos países del mundo, y el 11 de marzo de 2020, el Director General de la Organización Mundial de la Salud (OMS) anunció que la nueva enfermedad por el coronavirus 2019 (COVID-19) puede caracterizarse como una pandemia. La caracterización de pandemia significa que la epidemia se ha extendido por varios países, continentes o todo el mundo, y que afecta a un gran número de personas.

Este trabajo está conformado por Cuatro capítulos, desarrollados como se detalla a continuación en el primer capítulo introducimos las bases teóricas de un proceso estocástico para abrir camino al siguiente capítulo y definir las cadenas de markov y sus propiedades, la base matemática a

aplicaren los capítulos siguientes, como tercer capítulo definimos de manera teórica los modelos espacios estados y la adaptación del modelo SIR de manera variable en el tiempo, como último capítulo hacemos adaptamos el modelo con datos de El Salvador, aquí se presentamos distintos escenarios que se fueron realizando al ir avanzando la pandemia, se fue actualizando la base de datos y haciendo simulaciones para mostrar evoluciones actualizadas al último dato observado, tener en cuenta que las primeras simulaciones se desconocía su comportamiento si se iba a tener cura o vacuna a corto plazo, o las variantes que a la fecha ya conocemos.

Capítulo 1

Medidas de Probabilidad y σ -álgebras

Definición 1.1 Sea $\Omega \neq \emptyset$ el conjunto de todos los posibles resultados de un experimento aleatorio. Una colección \mathcal{F} de subconjuntos de Ω se llama σ -álgebra de conjuntos si:

- i) $\Omega \in \mathcal{F}$.
- ii) Si $A \in \mathcal{F}$ entonces $A^c \in \mathcal{F}$.
- iii) Si $A_1, A_2, \dots \in \mathcal{F}$ entonces $\bigcup_{n=1}^{\infty} A_n \in \mathcal{F}$.

Definición 1.2 Sea $\Omega \neq \emptyset$ y \mathcal{F} una σ -álgebra en Ω . La pareja (Ω, \mathcal{F}) se llama **espacio medible**.

Si (Ω, \mathcal{F}) es un espacio medible y $\mathcal{G} \subseteq \mathcal{F}$ es una σ -álgebra en Ω , \mathcal{G} se llama una **sub- σ -álgebra** de \mathcal{F} .

Proposición 1.1 La intersección de cualquier colección de σ -álgebras en Ω es una σ -álgebra.

Demostración: Sea \mathcal{O} una colección de σ -álgebras en Ω . Definimos:

$$\mathcal{N} = \bigcap_{\mathcal{F} \in \mathcal{O}} \mathcal{F} = \{E \in \Omega : E \in \mathcal{F} \quad \forall \mathcal{F} \in \mathcal{O}\}$$

- i) Sea $\Omega \in \mathcal{F}, \quad \forall \mathcal{F} \in \mathcal{O} \Rightarrow \Omega \in \bigcap_{\mathcal{F} \in \mathcal{O}} \mathcal{F} \Rightarrow \Omega \in \mathcal{N}$

ii) Supongamos que $A \in \mathcal{N}$. Entonces $A^c \in \mathcal{F}$ para todo $\mathcal{F} \in \mathcal{O}$. Por lo tanto $A^c \in \mathcal{N}$.

iii) Sea $A_i \in \mathcal{N} \Rightarrow A_i \in \mathcal{F}, \forall \mathcal{F} \in \mathcal{O} \Rightarrow \bigcup_{i=1}^{\infty} A_i \in \mathcal{F}, \forall \mathcal{F} \in \mathcal{O}$

$$\therefore \bigcup_{i=1}^{\infty} A_i \in \bigcap_{\mathcal{F} \in \mathcal{O}} \mathcal{F} = \mathcal{N}$$

□

Proposición 1.2 Si ξ es una colección de subconjuntos de Ω , entonces existe una σ -álgebra minimal que contiene a ξ . Dicha σ -álgebra la denotamos por $\sigma(\xi)$ y la llamamos σ -álgebra generada por ξ .

Demostración

Definimos \mathcal{F} como la intersección de todas las σ -álgebra que contienen a ξ . La intersección es no-vacía y es en sí misma un σ -álgebra por la Proposición 1.1. Por definición, \mathcal{F} está contenida en cualquier σ -álgebra que contiene a ξ . Por lo tanto $\mathcal{F} = \sigma(\xi)$.

□

Definición 1.3 Sea (Ω, \mathcal{F}) un espacio medible. Una medida sobre (Ω, \mathcal{F}) es una función μ definida sobre \mathcal{F} con valores en $\mathbb{R} \cup \{\infty\}$ tal que:

i) $\mu(A) \geq 0$ para todo $A \in \mathcal{F}$.

ii) $\mu(\emptyset) = 0$.

iii) para toda sucesión E_1, E_2, \dots de conjuntos dos a dos disjuntos de \mathcal{F} .

$$\mu \left(\bigcup_{n=1}^{\infty} E_n \right) = \sum_{n=1}^{\infty} \mu(E_n)$$

La terna $(\Omega, \mathcal{F}, \mu)$ se llama espacio de medida.

Definición 1.4 Se dice que la medida μ es finita si $\mu(\Omega) < \infty$. Si $\mu(\Omega) = 1$, μ se llama medida de probabilidad.

Definición 1.5 Sea (Ω, \mathcal{F}) un espacio medible y P una medida de probabilidad sobre (Ω, \mathcal{F}) . La terna (Ω, \mathcal{F}, P) se llama espacio de probabilidad.

Definición 1.6 Sea (Ω, \mathcal{F}, P) un espacio de probabilidad, $A_1, A_2, \dots \in \mathcal{F}$. Definimos:

I)

$$\limsup A_n := \bigcap_{n=1}^{\infty} \bigcup_{k=n}^{\infty} A_k$$

esto es $\omega \in \limsup A_n$ si y solo si para todo n , se tiene que $\omega \in A_k$ para algún $k \geq n$.

II)

$$\liminf A_n := \bigcup_{n=1}^{\infty} \bigcap_{k=n}^{\infty} A_k$$

esto es $\omega \in \liminf A_n$ si y solo si existe n tal que $\omega \in A_k$ para todo $k \geq n$.

1.1. Lema de Borel - Cantelli

Lema 1.1 (Borel-Cantelli) Sea (Ω, \mathcal{F}, P) un espacio de probabilidad y sea A_1, A_2, \dots una sucesión de sucesos $\in \mathcal{F}$

I) Si $\sum_{n=1}^{\infty} P(A_n) < \infty$ entonces $P(\limsup A_n) = 0$.

II) Sea $(A_n)_{n \in \mathbb{N}}$ una sucesión de sucesos independientes. Si $\sum_{n=1}^{\infty} P(A_n) = \infty$ entonces $P(\limsup A_n) = 1$.

Demostración

a) Si

$$\sum_{n=1}^{\infty} P(A_n) < \infty \quad \Rightarrow \quad \lim_{n \rightarrow \infty} \sum_{k=n}^{\infty} P(A_k) = 0$$

Pero

$$\begin{aligned} \limsup A_n &= \bigcap_{n=1}^{\infty} \bigcup_{k=n}^{\infty} A_k \subset \bigcup_{k=n}^{\infty} A_k \quad \forall n \\ \Rightarrow P(\limsup A_n) &\leq P\left(\bigcup_{k=n}^{\infty} A_k\right) \leq \sum_{k=n}^{\infty} P(A_k) \quad \forall n \end{aligned}$$

Entonces

$$P(\limsup A_n) \leq \lim_{n \rightarrow \infty} \sum_{k=n}^{\infty} P(A_k) = 0$$

b) Tenemos que

$$P(\limsup A_n) = 1 - P((\limsup A_n)^c) = P(\liminf A_n^c)$$

Por lo tanto basta ver que

$$P(\liminf A_n^c) = P\left(\bigcup_{n=1}^{\infty} \bigcap_{k=n}^{\infty} A_k^c\right) = 0$$

y para esto basta ver que

$$P\left(\bigcap_{k=n}^{\infty} A_k^c\right) = 0 \quad \forall n$$

Usando que $\forall x, 0 \leq x \leq 1, 1 - x \leq e^{-x}$, tenemos

$$P\left(\bigcap_{k=n}^{n+j} A_k^c\right) = \prod_{k=n}^{n+j} (1 - P(A_k)) \leq \prod_{k=n}^{n+j} e^{-P(A_k)} = \exp\left\{-\sum_{k=n}^{n+j} P(A_k)\right\}$$

Como $\sum_{n=1}^{\infty} P(A_n) = \infty$, esta ultima expresión tiende a 0 cuando $j \rightarrow \infty$ y por lo tanto

$$P\left(\bigcap_{k=n}^{\infty} A_k^c\right) = \lim_{n \rightarrow \infty} P\left(\bigcap_{k=n}^{n+j} A_k^c\right) = 0$$

□

1.2. Probabilidad Condicionada, Variables Aleatorias y sus Distribuciones

Definición 1.7 Si $P(B) > 0$ entonces la probabilidad condicionada de A dado B está definida como sigue:

$$P(A|B) := \frac{P(A \cap B)}{P(B)}$$

Definición 1.8 Sea (Ω, \mathcal{F}, P) un espacio de probabilidad. Al suceso $A \in \mathcal{F}$ con $P(A) = 0$ se le llama suceso nulo ó evento nulo.

Definición 1.9 Un espacio de probabilidad (Ω, \mathcal{F}, P) se dice completo si todos los subconjuntos de conjuntos nulos son elementos de \mathcal{F} .

Definición 1.10 Una variable aleatoria real (v.a real) es una función $X : \Omega \rightarrow \mathbb{R}$ tal que $\{\omega \in \Omega : X(\omega) \leq x\} \in \mathcal{F}$ para cualquier real x .

Si \mathcal{G} es una sub- σ -álgebra de \mathcal{F} y $\{\omega \in \Omega : X(\omega) \leq x\} \in \mathcal{G}$ para cualquier real x entonces X se llama v.a. \mathcal{G} -medible.

Ejemplo 1.1 Realicemos el experimento consistente en lanzar una moneda equilibrada dos veces y observar el resultado. El espacio muestral asociado será:

$$\Omega = (c, c), (c, z), (z, c), (z, z)$$

donde designamos por c el resultado obtener cara y por z el resultado obtener cruz. Teniendo en cuenta la naturaleza de la moneda, podemos suponer que todos los resultados son igualmente probables, es decir,

$$p[(c, c)] = p[(c, z)] = p[(z, c)] = p[(z, z)] = \frac{1}{4}, \text{ lo que implica que estamos}$$

trabajando con la σ -álgebra $\alpha = \mathcal{P}(\Omega)$

Ahora bien, nos puede interesar estudiar el número de caras obtenidas, característica numérica de los resultados del experimento que designaremos por X . Podemos

1.2. PROBABILIDAD CONDICIONADA, VARIABLES ALEATORIAS Y SUS DISTRIBUCIONES

considerar X como una aplicación que a cada resultado del experimento le hace corresponder un número real, el número de caras que se observan.

$$\begin{aligned} X : \quad \Omega &\rightarrow \mathbb{R} \\ (c, c) &\mapsto 2 \\ (c, z) &\mapsto 1 \\ (z, c) &\mapsto 1 \\ (z, z) &\mapsto 0 \end{aligned}$$

Entendiendo la probabilidad de obtener una cara como la probabilidad del conjunto de resultados del experimento en los que se observa una sola cara, podemos escribir:

$$p[X = 1] = p[(c, z), (z, c)] = p[(c, z)] + p[(z, c)] = \frac{1}{4} + \frac{1}{4} = \frac{1}{2}$$

De igual forma, obtendríamos otras probabilidades inducidas por la variable:

$$p[X \geq 1] = p[(c, z), (z, c), (c, c)] = \frac{3}{4}$$

y

$$p[X < 2] = p[(z, z), (c, z), (z, c)] = \frac{3}{4}$$

De este modo, hemos trasladado la probabilidad definida en los sucesos del experimento a subconjuntos de la recta real del tipo $\{1\}, [1, \infty), (-\infty, 2), \dots$

Definición 1.11 Sea la colección de todos los intervalos abiertos (a, b) de \mathbb{R} en donde $a \leq b$. A la mínima σ -álgebra generada por esta colección se le llama σ -álgebra de Borel de \mathbb{R} y se le denota por \mathcal{B} .

Definición 1.12 Sea (Ω, \mathcal{F}, P) un espacio de probabilidad y X una v.a. real. la medida P_X sobre $(\mathbb{R}, \mathcal{B})$ definida por $P_X(B) := P(X \in B)$ con $B \in \mathcal{B}$ se llama distribución de la variable aleatoria X

Definición 1.13 La función de distribución de una v.a. real X es la función $F : \mathbb{R} \rightarrow [0, 1]$ dada por $F(x) = P(X \leq x)$

1.2. PROBABILIDAD CONDICIONADA, VARIABLES ALEATORIAS Y SUS DISTRIBUCIONES

Definición 1.14 Una v.a. real X se dice discreta si el conjunto de posibles valores de X es contable (finito ó numerable).

Una v.a. real X se dice continua si existe una función Riemann integrable $f(x)$, llamada función de densidad, tal que

$$P(X \in B) = \int_B f(x) dx \quad \forall B \in \mathcal{B}$$

La distribución conjunta F de dos v.a X y Y esta definida por

$$F(x, y) = P(X \leq x, Y \leq y)$$

Las v.a. X y Y se dicen independientes si

$$F(x, y) = P(X \leq x).P(Y \leq y)$$

Las v.a. reales X y Y se dicen conjuntamente continuas si existe una función $f(x, y)$, llamada función de densidad de probabilidad conjunta, de X y Y tal que:

$$P(X \in A, Y \in B) = \int_A \int_B f(x, y) dy dx \quad \forall A, B \in \mathcal{B}$$

El valor esperado o media de la v.a. X , denotado por $E[X]$, se define por:

$$E[X] = \int_{-\infty}^{\infty} x dF(x)$$

siempre y cuando la anterior integral de Riemann-Stieltjes exista.

Si X y Y son variables aleatorias con funciones de distribución F_X y F_Y respectivamente, entonces la función de distribución de su suma $Z = X + Y$ es la convolución de F_X y F_Y definida por

$$F_Z(\xi) = (F_X * F_Y)(\xi) := \int_{-\infty}^{\infty} F_X(\xi - y) dF_Y(y) = \int_{-\infty}^{\infty} F_Y(\xi - x) dF_X(x)$$

Si las variables aleatorias X y Y son independientes y tienen funciones de densidad f_X y f_Y respectivamente, entonces la función de densidad de su suma $Z = X + Y$ es la convolución de f_X y f_Y definida como:

$$f_Z(\xi) = (f_X * f_Y)(\xi) := \int_{-\infty}^{\infty} f_X(\xi - y) f_Y(y) dy = \int_{-\infty}^{\infty} f_Y(\xi - x) f_X(x) dx$$

1.3. Esperanza Condicionada

Definición 1.15 Si X y Y son v.a. discretas, la probabilidad condicionada de X dado $Y = y$, se define para todo y con $P(Y = y) > 0$ como:

$$P(X = x | Y = y) = \frac{P(X = x, Y = y)}{P(Y = y)}$$

La función de distribución condicionada de X dado $Y = y$ está definida por:

$$F(x | y) = P(X \leq x | Y = y)$$

y la **esperanza condicional de X dado que $Y = y$** se define como:

$$E(X | Y = y) = \sum_x xP(X = x | Y = y)$$

Definición 1.16 Si X y Y tienen función de densidad de probabilidad conjunta $f(x, y)$, la función de densidad condicionada de X dado $Y = y$, está definida para todos los y con $f_Y(y) > 0$ por:

$$f_{X|Y}(x | y) = \frac{f(x, y)}{f_Y(y)}$$

donde $f_Y(y) = \int_{-\infty}^{\infty} f(x, y) dx$ es la función de densidad marginal de Y .

La función de distribución condicionada de X , dado $Y = y$, está definida por:

$$F_{X|Y}(x | y) = P(X \leq x | Y = y) = \int_{-\infty}^x f_{X|Y}(x | y) dx$$

La esperanza condicionada de X dado $Y = y$, está dada por:

$$E(X | Y = y) = \int_{-\infty}^{\infty} x f_{X|Y}(x | y) dx$$

Definición 1.17 Sean X y Y v.a. reales y h una función tal que $h(X)$ es una variable aleatoria. La variable aleatoria $E(h(X) | Y)$ definida por

$$E(h(X) | Y) : \Omega \rightarrow \mathbb{R} \quad \omega \mapsto E(h(X) | Y = Y(\omega))$$

se llama **valor esperado condicionado de $h(X)$ dado Y**

Definición 1.18 Sea X una v.a. real definida sobre (Ω, \mathcal{F}, P) y sea $B \in \mathcal{F}$ con $P(B) > 0$. La esperanza condicionada de X dado B se define por:

$$E(X | B) = \frac{E(X_B X)}{P(B)}$$

siempre que exista el valor esperado del lado derecho.

Definición 1.19 La función indicatriz del subconjunto A del conjunto X es una función

$\mathbf{1}_A : X \rightarrow \{0, 1\}$. Definida como:

$$\mathbf{1}_A(x) = \begin{cases} 1 & \text{si } x \in A, \\ 0 & \text{si } x \notin A. \end{cases}$$

Definición 1.20 Sea Y una v.a. definida sobre el espacio de probabilidad (Ω, \mathcal{F}, P) con $E[Y] < \infty$.

Sea ξ una sub- σ -álgebra de \mathcal{F} . La esperanza condicionada de Y dado ξ , denotada por $E(Y | \xi)$, es una v.a. ξ -medible tal que:

$$E([Y - E(Y | \xi)]1_G) = 0 \quad \forall G \in \xi$$

donde 1_G es la indicadora de G .

Observación 1.1 Si Y, X_1, X_2, \dots son variables aleatorias reales entonces $E(Y | X_1, X_2, \dots)$ denota $E(Y | \sigma(X_1, X_2, \dots))$ donde $\sigma(X_1, X_2, \dots)$ denota la menor σ -álgebra con respecto a la cual X_1, X_2, \dots son medibles.

1.4. Procesos Estocásticos

Definición 1.21 Un proceso estocástico es una familia de variables aleatorias $X = \{X_t, t \in T\}$ definidas sobre un espacio de probabilidad común (Ω, \mathcal{F}, P) y con valores en un espacio medible (S, \mathcal{A}) llamado espacio de estados. El conjunto de parámetros T se llama dominio de definición del proceso.

1.4. PROCESOS ESTOCÁSTICOS

Definición 1.22 Sea $X = \{X_t, t \in T\}$ un proceso estocástico.

- i) Decimos que X es real si las v.a. X_t son de valor real para todo $t \in T$.
- ii) Decimos que X es complejo si las v.a. X_t son de valor complejo para todo $t \in T$.
- iii) Si $T = N_0 = \{0, 1, 2, \dots\}$ entonces el proceso se llama Proceso estocástico con parámetro de tiempo discreto.
- iv) Si T es un intervalo de la recta real entonces el proceso se denomina Proceso con parámetro de tiempo continuo.
- v) Si $T \subseteq \mathbb{R}^n$ con $n > 1$ entonces el proceso se denomina campo aleatorio.

Sea $X = \{X_t, t \in T\}$ un proceso estocástico y sea $\omega \in \Omega$ fijo. La función $t \rightarrow X_t(\omega)$ se llama trayectoria del proceso estocástico X .

Definición 1.23 Sea $X = \{X_t, t \in T\}$ un proceso estocástico real y $\{t_1, t_2, \dots, t_n\} \subset T$ donde $t_1 < t_2 < \dots < t_n$ entonces

$$F_{t_1, \dots, t_n}(x_1, \dots, x_n) := P(X_{t_1} \leq x_1, \dots, X_{t_n} \leq x_n)$$

Se llama función de distribución (marginal) finito dimensional del proceso.

Definición 1.24 Sean $X = \{X_t, t \in T\}$ y $Y = \{Y_t, t \in T\}$ dos procesos estocásticos definidos sobre el mismo espacio de probabilidad (Ω, \mathcal{F}, P) , decimos:

- i) X y Y son iguales si $X_t(\omega) = Y_t(\omega)$ para todos $t \in T$ y $\omega \in \Omega$.
- ii) X y Y son estocásticamente equivalentes si $P(X_t = Y_t) = 1 \quad \forall t \in T$.
- iii) X y Y son estocásticamente equivalentes en el sentido amplio si para cada $n = 1, 2, \dots$ y $\forall \{t_1, \dots, t_n\} \subset T$ y $\{B_1, \dots, B_n\} \subset \mathcal{B}$ se satisface:

$$P(X_{t_1} \in B_1, X_{t_2} \in B_2, \dots, X_{t_n} \in B_n) = P(Y_{t_1} \in B_1, Y_{t_2} \in B_2, \dots, Y_{t_n} \in B_n)$$
- iv) X y Y se dicen indistinguibles si casi todas sus trayectorias coinciden, esto es $P(X_t = Y_t, t \in T) = 1$

Definición 1.25 Sea $X = \{X_t, t \in T\}$ un proceso estocástico sobre (Ω, \mathcal{F}, P) . Cualquier otro proceso estocástico $Y = \{Y_t, t \in T\}$ sobre el mismo espacio de probabilidad, equivalente a X , se llama una versión de X .

Definición 1.26 Sea $X = \{X_t, t \in T\}$ un proceso estocástico. Decimos que el proceso es *Cádlág* si cada una de sus trayectorias es continua por la derecha y tiene límite por la izquierda.

Teorema 1.1 Sean $X = \{X_t, t \in T\}$ y $Y = \{Y_t, t \in T\}$ dos procesos estocásticos, estocásticamente equivalentes y ambos continuos por la derecha entonces los procesos son indistinguibles.

Demostración

Sea S un subconjunto denso contable en el conjunto de parámetros T . Entonces hay un conjunto Ω' de medida nula tal que

$$X_t(\omega) = Y_t(\omega) \quad \forall t \in S, \omega \in \Omega'$$

Ya que Y_t es una modificación de X_t . Debido a la continuidad de la derecha, tenemos

$$X_t(\omega) = Y_t(\omega) \quad \forall t \in T, \omega \in \Omega'$$

Los siguientes son algunos ejemplos de procesos estocásticos que cumplen una cierta propiedad particular

1.5. Procesos con Incrementos Independientes

La estructura de la información que genera la evolución del proceso estocástico resulta relevante para determinar el futuro en función del presente y del pasado del proceso. Vamos a formalizar esta idea en términos probabilísticos a partir de las σ -álgebras que va generando el proceso.

Definición 1.27 Sea (Ω, \mathcal{F}) un espacio medible. Una filtración en (Ω, \mathcal{F}) es una familia no decreciente $\{\mathcal{F}_t, t \geq 0\}$ de sub- σ -álgebra de \mathcal{F}

1.5. PROCESOS CON INCREMENTOS INDEPENDIENTES

Nota: Dado un proceso estocástico $(X_t)_{t \geq 0}$ definido sobre (Ω, \mathcal{F}, P) se tienen que $\mathcal{F}_t^X := \sigma(X_s, 0 \leq s \leq t), t \geq 0$ es una filtración en (Ω, \mathcal{F}) .

La filtración $\{\mathcal{F}_t^X\}_t$ se llama filtración canónica con respecto a $(X_t)_t$.

Definición 1.28 El proceso estocástico $X = (X_t)_{t \geq 0}$ es adaptado a la filtración $\{\mathcal{F}_t\}_{t \geq 0}$ si para cada $t \geq 0, X_t$ es una v.a. \mathcal{F}_t -medible.

Definición 1.29 El proceso estocástico real $(X_t)_{t \geq 0}$ se llama proceso de movimiento Browniano unidimensional si satisface las siguientes condiciones:

- i) Para cualquier subconjunto finito $\{t_0, \dots, t_n\} \subseteq [0, +\infty)$ con $0 \leq t_0 < t_1 < \dots < t_n$ se tiene que los incrementos $X_{t_0}, X_{t_1} - X_{t_0}, \dots, X_{t_n} - X_{t_{n-1}}$ son v.a. independientes.
- ii) La distribución de probabilidad de $X_{t_2} - X_{t_1}, t_2 > t_1$, depende solamente de $t_2 - t_1$.
- iii) $P(X_t - X_s \leq x) = [2\pi\sigma(t-s)]^{-1/2} \int_{-\infty}^x \exp[-u^2/2\sigma(t-s)] du$ con $t > s$ y σ una constante positiva.

Esto significa que la variable $X_t - X_s$ tiene distribución $N(0, \sigma^2(t-s))$

Definición 1.30 El proceso estocástico real $\{N_t, t \geq 0\}$ se llama proceso de conteo si N_t representa el número total de "sucesos" que ocurren hasta el tiempo t . Por lo tanto, un proceso de conteo $(N_t)_{t \geq 0}$ debe satisfacer:

- i) $N_t \geq 0$
- ii) N_t es de valor entero
- iii) $N_s \leq N_t$ si $s < t$
- iv) Para $s < t, N_t - N_s$ es igual al número de sucesos que ocurran en el intervalo de tiempo $(s, t]$

Uno de los procesos de conteo más importantes es el llamado **Proceso de Poisson**.

Definición 1.31 El proceso de conteo $\{X_t, t \geq 0\}$ se llama proceso de Poisson con tasa o intensidad $\lambda > 0$ si:

- i) $X_0 = 0$
- ii) El número de sucesos que ocurren en intervalos de tiempo no superpuestos son independientes
- iii) La distribución del número de sucesos que ocurren en cualquier intervalo de tiempo depende sólo de la longitud del intervalo
- iv) $P(X_h = 1) = \lambda h + o(h), \quad h \rightarrow 0$
- v) $P(X_h \geq 2) = o(h), \quad h \rightarrow 0$

Nota: Si $\{X_t, t \geq 0\}$ es un proceso de Poisson con intensidad $\lambda > 0$ entonces $X_t \sim \mathcal{P}(\lambda t)$

Definición 1.32 Decimos que el proceso estocástico real $\{X_t, t \geq 0\}$ tiene **incrementos independientes** si para cualquier subconjunto finito $\{t_0, \dots, t_n\} \subseteq [0, +\infty)$ y cualquier n , con $0 \leq t_0 < t_1 < \dots < t_n$ los **incrementos** $X_{t_0}, X_{t_1} - X_{t_0}, X_{t_2} - X_{t_1}, \dots, X_{t_n} - X_{t_{n-1}}$ son variables aleatorias independientes.

Observación 1.2 Si el conjunto de índices es discreto, digamos $T = \{0, 1, 2, \dots\}$ entonces un proceso con incrementos independientes es una sucesión de variables aleatorias independientes $Z_0 = X_0; Z_1 = X_1 - X_0; \dots; Z_n = X_n - X_{n-1}; \dots$ con $n = 1, 2, \dots$

Definición 1.33 Decimos que el proceso estocástico real $\{X_t, t \geq 0\}$ tiene **incrementos estacionarios** si la distribución de los incrementos $X_{t+h} - X_t$ depende sólo de la longitud h del intervalo. Es decir, si $\{X_t, t \geq 0\}$ tiene incrementos estacionarios entonces

$$X_{t_2+h} - X_{t_1+h} = X_{t_2} - X_{t_1} \quad \forall t_1 < t_2; h > 0$$

1.6. Procesos Estacionarios

Definición 1.34 Sea $\{X_t\}_{t \in T}$ un proceso estocástico, tiene función de media y función de varianzas:

$$m(t) = E[X_t] \quad \sigma^2(t) = v(X_t) \quad \forall t \in T$$

función de covarianza:

$$c(s, t) = \text{cov}(X_s, X_t) \quad s, t \in T$$

Definición 1.35 Un proceso estocástico $\{X_t\}_{t \in T}$, siendo $T = \mathbb{Z}$ ó $T = \mathbb{R}$ es proceso estacionario (en sentido estricto o de primer orden o fuertemente estacionario) si $\forall h \in T$ y para todos $t_1 < t_2 < \dots < t_k$ arbitrarios la distribución conjunta de $(X_{t_1}, X_{t_2}, \dots, X_{t_k})$ es la misma que la distribución conjunta $(X_{t_1+h}, X_{t_2+h}, \dots, X_{t_k+h})$. Es decir, si efectuamos una misma traslación sobre todos los índices, la distribución finito dimensional correspondiente no varía.

Observación 1.3 $\{X_n\}$ sucesión de variables aleatorias independientes e igualmente distribuidas es proceso estacionario de primer orden.

Definición 1.36 $\{X_t\}_{t \in T}$ es proceso estacionario en covarianza (o débilmente estacionario o estacionario de segundo orden) si $\forall t \in T$, se tienen que $m(t) = m$ y $c(t, t+h) = \text{cov}(X_t, X_{t+h}) = \gamma(h) < \infty \quad \forall h \in T$, esto es, tiene función media constante y función de covarianza dependiente solo del retardo h .

Observación 1.4 La varianza de un proceso estacionario en covarianza es constante, esto es: $\gamma(0) = \text{var}[X_t] \quad \forall t \in T$

Definición 1.37 Para $\{X_t\}_{t \in T}$ proceso estacionario en covarianza se define $\gamma(h)$ como la función de autocovarianza del proceso y la función $\rho(h) = \frac{\gamma(h)}{\gamma(0)}$, con $h \in T$ se define como la función de autocorrelación (función de autocovarianza estandarizada).

Proposición 1.3 Sea $\{X_t\}_{t \in T}$ proceso estacionario en covarianza. Entonces se verifica:

1. $\rho(0) = 1$.
2. $|\rho(h)| \leq 1, \quad \forall h \in T$
3. $\rho(h) = \rho(-h), \quad \forall h \in T$

Demostración

1.6. PROCESOS ESTACIONARIOS

1. Como $\rho(h) = \frac{\gamma(h)}{\gamma(0)} \Rightarrow \rho(0) = \frac{\gamma(0)}{\gamma(0)} = 1$
2. Como $\rho(h)$ es el coeficiente de correlación lineal entre las variables aleatorias X_t y $X_{t+h} \quad \forall t, h \in T$ entonces $|\rho(h)| \leq 1$
3. Del miembro izquierdo tenemos:

$$\rho(h) = \frac{\text{cov}(X_t, X_{t+h})}{\gamma(0)} = \frac{\text{cov}(X_{t+h}, X_t)}{\gamma(0)}, \quad \forall h \in T$$

Del miembro derecho tenemos:

$$\rho(-h) = \frac{\text{cov}(X_{t+h}, X_t)}{\gamma(0)}, \quad \forall h \in T$$

Por lo tanto $\rho(h) = \rho(-h), \quad \forall h \in T$

□

Capítulo 2

Cadenas de Markov con parámetro discreto

2.1. Nociones básicas

Definición 2.1 El proceso estocástico $\{X_n\}_{n \in \mathbb{N}}$ con espacio de estado $S \subseteq \mathbb{N}$ es una **Cadena de Márkov** si $\forall n, m \in \mathbb{N}$ y $\forall i_0, \dots, i_n, j \in S$ se cumple la propiedad:

$$P(X_{n+m} = j / X_0 = i_0, X_1 = i_1, \dots, X_n = i_n) = P(X_{n+m} = j / X_n = i_n)$$

Definición 2.2 La probabilidad condicionada $p_{ij}^{n,n+1} = P(X_{n+1} = j / X_n = i)$ se denomina **probabilidad de transición** del estado i en la etapa n , al estado j en la etapa $n + 1$.

Definición 2.3 Si la probabilidad de transición verifica que:

$$p_{ij}^{n,n+1} = p_{ij}^{m,m+1} \quad \forall n, m \in \mathbb{N}$$

entonces no depende de la etapa origen de la transición (homogeneidad temporal), se llama **probabilidad de transición estacionaria** y se representa por p_{ij} .

Si las probabilidades de transición son estacionarias, la **Cadena de Márkov** se denomina homogénea.

Definición 2.4 Se define la matriz de transición de la Cadena de Márkov como la matriz de las probabilidades de transición en una etapa

$$P = \{p_{ij}\} \quad i, j \in S$$

Proposición 2.1.1 *La matriz de transición de una Cadena de Márkov es estocástica, esto es:*

1. $p_{ij} \geq 0 \quad \forall i, j \in S$
2. $\sum_j p_{ij} = 1 \quad \forall i \in S$
3. Si las matrices A y B son estocásticas, entonces $A \cdot B$ es estocástica.
4. Si A es una matriz estocástica A^n es estocástica $\forall n \geq 2$

Demostración

La primera condición es evidente a partir del hecho de que estos números son probabilidades. Para la segunda propiedad observamos primero que se cumple la descomposición disjunta:

$$\Omega = \bigcup_j (X_1 = j)$$

Por tanto, para cualquiera estados i y j ,

$$1 = P\left(\bigcup_j (X_1 = j) \mid X_0 = i\right) = \sum_j P(X_1 = j \mid X_0 = i) = \sum_j P_{ij}$$

Esto ultimo significa que a partir de cualquier estado i con probabilidad uno la cadena pasa necesariamente a algún elemento del espacio de estados al siguiente momento. En general toda matriz cuadrada que cumpla estas dos propiedades se dice que es una matriz estocástica. Debido a la propiedad de Markov, esta matriz capta la esencia del proceso y determina el comportamiento de la cadena en cualquier tiempo futuro.

Ahora demostremos la tercera propiedad.

Sea $A = (a_{ij})$ y $B = (b_{ij})$ matrices estocásticas, donde $\sum_{j=1}^n a_{ij} = \sum_{j=1}^n b_{ij} = 1$. Sabemos que $(A \cdot B)_{ij} = \sum_{k=1}^n a_{ik} b_{kj} = (a_{i1} b_{1j} + \dots + a_{in} b_{nj}) \geq 0$ por otra parte:

$$\begin{aligned}
 \sum_{j=1}^n (A \cdot B)_{ij} &= \sum_{j=1}^n \sum_{k=1}^n a_{ik} b_{kj} \\
 &= a_{i1} b_{11} + \cdots + a_{in} b_{n1} + \cdots + a_{in} b_{nn} \\
 &= a_{i1} (b_{11} + \cdots + b_{1n}) + \cdots + a_{in} (b_{n1} + \cdots + b_{nn}) \\
 &= a_{i1} + \cdots + a_{in} \\
 &= 1
 \end{aligned}$$

□

2.2. Estudio distribucional de la Cadena de Markov (Homogénea)

2.2.1. Probabilidades de transición en n etapas

Definición 2.5 *Las probabilidades*

$$p_{ij}^n = P(X_{m+n} = j / X_m = i) \quad \forall m, n \geq 0, \quad \forall i, j \in S$$

se denomina probabilidades de transición en n etapas y la matriz

$$P^{(n)} = ||p_{ij}^n||, \quad i, j \in S$$

es la matriz de transición de n etapas.

Proposición 2.1 (Ecuaciones de Chapman-Kolmogórov)

$$p_{ij}^{n+m} = \sum_{k \in S} p_{ik}^n p_{kj}^m \quad \forall n, m \geq 0, \quad \forall i, j \in S$$

Demostración

2.2. ESTUDIO DISTRIBUCIONAL DE LA CADENA DE MARKOV (HOMOGÉNEA)

Se tiene

$$\begin{aligned} p_{ij}^{n+m} &= P(X_{n+m} = j / X_0 = i) \\ &= \sum_{k \in S} P(X_{n+m} = j, X_n = k / X_0 = i) \\ &= \sum_{k \in S} P(X_{n+m} = j / X_n = k, X_0 = i) \cdot P(X_n = k / X_0 = i) \\ &= \sum_{k \in S} P(X_{n+m} = j / X_n = k) \cdot P(X_n = k / X_0 = i) \\ &= \sum_{k \in S} p_{ik}^n p_{kj}^m \quad \square \end{aligned}$$

Ejemplo 2.1 (Cálculo de P^n) Sea P la matriz de transición de una Cadena de Markov con $S = \{1, 2\}$

$$P = \begin{pmatrix} \frac{1}{2} & \frac{1}{2} \\ \frac{1}{4} & \frac{3}{4} \end{pmatrix}$$

a) Calcular P^n

Descomposición espectral: $\Lambda D \Lambda^{-1}$

$$|P - \lambda I| = 0 \quad \Rightarrow \quad \lambda_1 = 1, \quad \lambda_2 = \frac{1}{4}$$

■ Para $\lambda_1 = 1$ y $v_1 = \begin{pmatrix} x_1 \\ x_2 \end{pmatrix}$

2.2. ESTUDIO DISTRIBUCIONAL DE LA CADENA DE MARKOV
(HOMOGÉNEA)

$$(P - \lambda I)v_1 = 0 \Rightarrow \begin{pmatrix} -\frac{1}{2} & \frac{1}{2} \\ \frac{1}{4} & -\frac{1}{4} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x_1 \\ x_2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} -\frac{1}{2}x_1 + \frac{1}{2}x_2 \\ \frac{1}{4}x_1 - \frac{1}{4}x_2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \end{pmatrix}$$

\Rightarrow Resolviendo el sistema, tenemos que:

$$\Rightarrow \begin{cases} -\frac{1}{2}x_1 + \frac{1}{2}x_2 = 0 \\ \frac{1}{4}x_1 - \frac{1}{4}x_2 = 0 \end{cases} \Rightarrow x_1 = x_2$$

\Rightarrow Por lo que:

$$\Rightarrow v_1 = \begin{pmatrix} x_1 \\ x_2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} x_1 \\ x_1 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1 \\ 1 \end{pmatrix}$$

■ Para $\lambda_2 = \frac{1}{4}$ y $v_2 = \begin{pmatrix} x_1 \\ x_2 \end{pmatrix}$

$$(P - \lambda I)v_2 = 0 \Rightarrow \begin{pmatrix} \frac{1}{4} & \frac{1}{2} \\ \frac{1}{4} & \frac{1}{2} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x_1 \\ x_2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \frac{1}{4}x_1 + \frac{1}{2}x_2 \\ \frac{1}{4}x_1 + \frac{1}{2}x_2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \end{pmatrix}$$

\Rightarrow Resolviendo el sistema, tenemos que:

$$\Rightarrow \begin{cases} \frac{1}{4}x_1 + \frac{1}{2}x_2 = 0 \\ \frac{1}{4}x_1 + \frac{1}{2}x_2 = 0 \end{cases} \Rightarrow x_1 = -2x_2$$

\Rightarrow Por lo que:

$$\Rightarrow v_2 = \begin{pmatrix} x_1 \\ x_2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} x_1 \\ -\frac{1}{2}x_1 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 2 \\ -1 \end{pmatrix}$$

2.2. ESTUDIO DISTRIBUCIONAL DE LA CADENA DE MARKOV
(HOMOGÉNEA)

entonces $\Lambda = \begin{pmatrix} 1 & 2 \\ 1 & -1 \end{pmatrix}$ de donde $\Lambda^{-1} = \begin{pmatrix} \frac{1}{3} & \frac{2}{3} \\ \frac{1}{3} & -\frac{1}{3} \end{pmatrix}$

Se deduce que:

$$P = \begin{pmatrix} 1 & 2 \\ 1 & -1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 0 & \frac{1}{4} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \frac{1}{3} & \frac{2}{3} \\ \frac{1}{3} & -\frac{1}{3} \end{pmatrix}$$

Entonces

$$P^n = \begin{pmatrix} 1 & 2 \\ 1 & -1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 0 & \left(\frac{1}{4}\right)^n \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \frac{1}{3} & \frac{2}{3} \\ \frac{1}{3} & -\frac{1}{3} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \frac{1}{3} + \frac{2}{3} \left(\frac{1}{4}\right)^n & \frac{2}{3} - \frac{2}{3} \left(\frac{1}{4}\right)^n \\ \frac{1}{3} - \frac{1}{3} \left(\frac{1}{4}\right)^n & \frac{2}{3} + \frac{1}{3} \left(\frac{1}{4}\right)^n \end{pmatrix}$$

b) Hallar la probabilidad de que tras n días después de 2 se dé 1.

$$P(X_{k+n} = 1 / X_k = 2) = p_{21}^n = \frac{1}{3} - \frac{1}{3} \left(\frac{1}{4}\right)^n$$

Definición 2.6 El vector $p^{(n)} = (\dots p_i^{(n)} \dots)$, $i \in S$ de probabilidades $p_i^{(n)} = P(X_n = i)$, se denomina distribución en la n -ésima etapa. El vector $p^{(0)}$ se denomina distribución inicial.

Proposición 2.2 $p^{(n)} = p^{(0)} \cdot P^n \quad \forall n \geq 0$

Demostración

A partir de las ecuaciones de Chapman-Kolmogórov

$$p_i^n = \sum_{j \in S} p_j^0 p_{jk}^n \quad \forall n \geq 0, \quad \forall i \in S$$

matricialmente

$$p^{(n)} = p^{(0)} \cdot P^n \quad \square$$

2.2.2. Distribución conjunta de r variables del proceso

Proposición 2.3 Para toda Cadena de Márkov (homogénea) la distribución del proceso está caracterizada por $p^{(0)}$ y P .

Demostación

Sean $i_0, i_1, \dots, i_n \in S$, bastará probar que:

$$P(X_0 = i_0, X_1 = i_1, \dots, X_n = i_n)$$

está determinado a partir de $p^{(0)}$ y P .

Se tiene que:

$$\begin{aligned} P(X_0 = i_0, X_1 = i_1, \dots, X_n = i_n) &= \\ &= P(X_n = i_n / X_0 = i_0, X_1 = i_1, \dots, X_{n-1} = i_{n-1}) \cdot P(X_0 = i_0, \dots, X_{n-1} = i_{n-1}) \\ &= P(X_n = i_n / X_{n-1} = i_{n-1}) \cdot P(X_0 = i_0, X_1 = i_1, \dots, X_{n-1} = i_{n-1}) \\ &= P(X_n = i_n / X_{n-1} = i_{n-1}) \cdot P(X_{n-1} = i_{n-1} / X_0 = i_0, \dots, X_{n-2} = i_{n-2}) \cdot \\ &\quad \cdot P(X_0 = i_0, \dots, X_{n-2} = i_{n-2}) \\ &= P(X_n = i_n / X_{n-1} = i_{n-1}) \cdot P(X_{n-1} = i_{n-1} / X_{n-2} = i_{n-2}) \cdot \\ &\quad \cdot P(X_0 = i_0, \dots, X_{n-2} = i_{n-2}) \\ &= P(X_n = i_n / X_{n-1} = i_{n-1}) \cdot P(X_{n-1} = i_{n-1} / X_{n-2} = i_{n-2}) \cdots \\ &\cdots P(X_1 = i_1 / X_0 = i_0) \cdot P(X_0 = i_0) \\ &= p_{i_{n-1}i_n} \cdot p_{i_{n-2}i_{n-1}} \cdots p_{i_0i_1} \cdot p_{i_0}^{(0)} = p_{i_0}^{(0)} \cdot p_{i_0i_1} \cdots p_{i_{n-1}i_{n-2}} \cdot p_{i_{n-1}i_n} \end{aligned}$$

□

2.2.3. Distribución límite de la Cadena de Markov

El estudio de las distribuciones conjuntas de r variables puede resultar complejo; además en algunos tipos de cadenas el comportamiento asintótico de p_{ij}^n cuando $n \rightarrow \infty$ se simplifica, en el sentido de que perdida la influencia de la posición inicial, tras un número suficiente de etapas p_{ij}^n resulta depender solo de j y no del estado i . Esto lo determinan básicamente las características de los distintos estados.

2.3. Clasificación de estados

Definición 2.7 .

- a) El estado j es accesible desde i si para algún $n \geq 0$ se tiene que $p_{ij}^n > 0$ ($i \rightarrow j$)

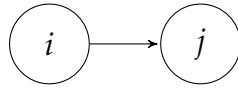


Figura 2.1: Accesibilidad

- b) Los estados i y j son estados comunicados si i es accesible desde j y j es accesible desde i ($i \leftrightarrow j$)

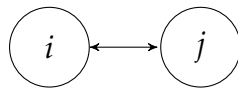


Figura 2.2: Comunicación

Observación 2.1 Si i, j no están comunicados, entonces $\forall n \geq 0$ se verifica $p_{ij}^n = 0$ ó $p_{ji}^n = 0$ ó ambos.

Proposición 2.4 La relación (\leftrightarrow) de comunicación entre estados es de equivalencia.

Demostración

1. Reflexiva. Por definición. $P(X_n = i / X_n = i) = p_{ii}^0 = 1$ entonces podemos decir que $\exists m \geq 0$ tal que $p_{ii}^m > 0$ ($i \rightarrow i$)
2. Simétrica. Por definición. Si $i \leftrightarrow j$ entonces $\exists m \geq 0$ tal que $p_{ij}^m > 0$ ($i \rightarrow j$) y $\exists n \geq 0$ tal que $p_{ji}^n > 0$ ($j \rightarrow i$). Entonces $j \leftrightarrow i$
3. Transitiva.
 - Si $i \leftrightarrow j$ entonces $\exists m \geq 0$ tal que $p_{ij}^m > 0$
 - Si $j \leftrightarrow k$ entonces $\exists n \geq 0$ tal que $p_{jk}^n > 0$
 - entonces

$$p_{ik}^{m+n} = \sum_{l \in S} p_{il}^m p_{lk}^n > p_{ij}^m p_{jk}^n > 0 \Rightarrow i \rightarrow k$$

Análogamente:

Si $k \leftrightarrow j$ entonces $\exists m \geq 0$ tal que $p_{kj}^m > 0$

2.3. CLASIFICACIÓN DE ESTADOS

Si $j \leftrightarrow i$ entonces $\exists n \geq 0$ tal que $p_{ji}^n > 0$
entonces

$$p_{ki}^{m+n} = \sum_{l \in S} p_{kl}^m p_{li}^n > p_{kj}^m p_{ji}^n > 0 \Rightarrow k \rightarrow i$$

Entonces $i \leftrightarrow k$

□

Observación 2.2 Las clases de equivalencia generada por está relación de comunicación entre estados son los subconjuntos de estados de S que se comunican entre sí. En una cadena con una sola clase, todos los estados se comunican entre sí. Además, la comunicación induce una partición del espacio de estados de una cadena de Markov dada por los subconjuntos de estados comunicantes, es decir, dos estados pertenecen al mismo elemento de la partición si, y sólo si, tales estados se comunican. De este modo el espacio de una cadena de Markov se subdivide en clases de comunicacin. A la clase de comunicación de un estado i se le denotara por $C(i)$. Por lo tanto $i \leftrightarrow j$ si, y solo si, $C(i) = C(j)$

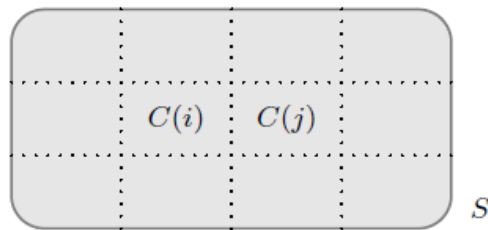


Figura 2.3: Partición de un espacio de estados en clases de comunicación

Ejemplo 2.2 La cadena de Markov con espacio de estados $\{0, 1, 2, 3\}$ y matriz de probabilidad de transición tiene tres clases de comunicación que son $C(0) = \{0\}$, $C(1) = \{1, 2\}$ y $C(3) = \{3\}$. Es evidente que el estado 0 se comunica consigo mismo pues existe una flecha que parte de tal estado y llega a el mismo. Visualmente tampoco hay duda de que la segunda colección de estados es una clase de comunicación. para $C(3)$ no existe una conexión física del estado 3 consigo mismo, sin embargo, por definición $p_{33}(0) = 1$, y ello hace que esta clase de únicamente un estado sea de comunicación. Observe que estas clases de comunicación conforman una partición del espacio de estados.

2.3. CLASIFICACIÓN DE ESTADOS

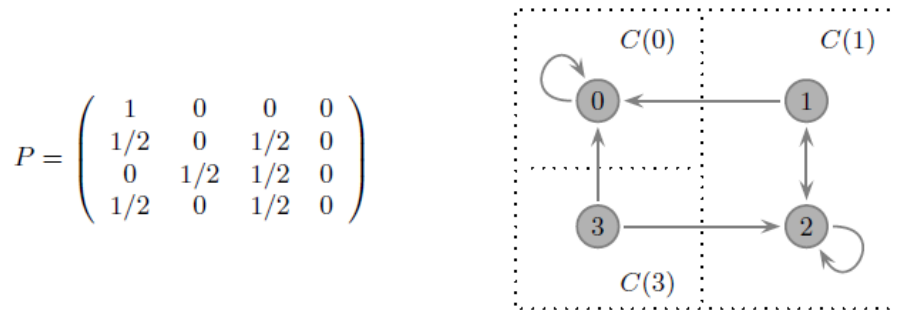


Figura 2.4:

Definición 2.8 Una cadena de Márkov es irreducible si tiene una sola clase de estados.

Definición 2.9 Un estado $j \in S$ es absorbente si $p_{jj} = 1$

Observación 2.3 Todo estado absorbente forma una sola clase.

Definición 2.10 Para todo $i \in S$, se denomina periodo de i y se denota por $d(i)$

$$d(i) = m.c.d.(n \geq 0 : p_{ii}^n > 0)$$

Si $d(i) = 1$, el estado i se denomina **estado aperiódico**.

Proposición 2.5 Si $i \leftrightarrow j$ (comunicados), entonces $d(i) = d(j)$.

Demostración

Sean $d = d(i), \delta = d(j)$. Si $i \rightarrow j$ se deduce que existe $s \geq 0, p_{ij}^s > 0$, y si $j \rightarrow i$ análogamente existe $r \geq 0$, con $p_{ji}^r > 0$

Entonces

$$p_{i,i}^{s+r} \geq p_{ij}^s p_{ji}^r = \beta > 0$$

de donde se deduce que $s + r = d'$ (múltiplo de d)

Ahora para $n \geq 0$

$$p_{ii}^{n+r+s} = p_{ij}^s p_{jj}^n p_{ji}^r = \beta p_{jj}^n$$

será:

2.4. CARACTERIZACIÓN EN TÉRMINOS DE LAS PROBABILIDADES DE TRANSICIÓN

a) $\beta p_{jj}^n > 0$ si $n = d'$ o bien

b) $\beta p_{jj}^n = 0$ si $n \neq d'$ y entonces $\delta \geq d$ ya que $p_{jj}^n = 0$ por ser $\beta > 0$

Invirtiendo los papeles de i y j se obtendría $d \geq \delta$, cuya solución es $\delta = d$ y ambos estados deberán tener el mismo período.

□

Observación 2.4 *Todos los estados comunicados entre sí tienen el mismo período.*

Para avanzar en la interpretación de los estados en que la cadena pueda encontrarse en el largo plazo, vamos a adoptar el punto de vista de “visitas” a un estado fijo.

Definición 2.11 *El estado $i \in S$ se llama recurrente si*

$$P(X_n = i \text{ para algún } n \geq 1 / X_0 = i) = 1$$

Definición 2.12 *El estado $i \in S$ es transitorio si no es recurrente.*

2.4. Caracterización en términos de las probabilidades de transición

Lema 2.1 (Lema de Abel) .

a) Si $\sum_{n=0}^{\infty} \alpha_n < \infty$

$$\Rightarrow \lim_{s \rightarrow 1^-} \sum_{n=0}^{\infty} \alpha_n s^n = \sum_{n=0}^{\infty} \alpha_n$$

b) Si $\alpha_n \geq 0$ y

$$\lim_{s \rightarrow 1^-} \sum_{n=0}^{\infty} \alpha_n s^n = \alpha \leq \infty \quad \Rightarrow \quad \sum_{n=0}^{\infty} \alpha_n = \alpha$$

2.4. CARACTERIZACIÓN EN TÉRMINOS DE LAS PROBABILIDADES
DE TRANSICIÓN

Demostración

a) Nosotros mostraremos que

$$\lim_{s \rightarrow 1^-} \left| \sum_{n=0}^{\infty} \alpha_n (s^n - 1) \right| = 0$$

ya que $\sum_{n=0}^{\infty} \alpha_n$, para cualquier $\epsilon > 0$ nosotros podemos encontrar un

$N(\epsilon)$ tal que $\left| \sum_{n=N}^{N'} \alpha_n \right| < \frac{\epsilon}{4}$ para todo $N' \geq N$. Eligiendo un N tal que:

$$\begin{aligned} \left| \sum_{n=0}^{\infty} \alpha_n (s^n - 1) \right| &= \left| \sum_{n=0}^N \alpha_n (s^n - 1) + \sum_{n=N+1}^{\infty} \alpha_n (s^n - 1) \right| \\ &\leq \left| \sum_{n=0}^N \alpha_n (s^n - 1) \right| + \left| \sum_{n=N+1}^{\infty} \alpha_n (s^n - 1) \right| \end{aligned}$$

Ahora, para $0 \leq s < 1$

$$\left| \sum_{n=0}^N \alpha_n (s^n - 1) \right| \leq MN |s^N - 1|,$$

donde $M = \max_{0 \leq n \leq N} |\alpha_n| < \infty$, de modo que para s suficientemente cerca de 1 tenemos:

$$\left| \sum_{n=0}^N \alpha_n (s^n - 1) \right| < \frac{\epsilon}{2}.$$

para estimar $\sum_{n=N+1}^{\infty} \alpha_n (s^n - 1)$ sumamos por partes. Esto nos da

$$\begin{aligned} \left| \sum_{n=N+1}^{\infty} \alpha_n (s^n - 1) \right| &= \left| \sum_{n=N+1}^{\infty} (A_k - A_{k+1})(s^n - 1) \right| \\ &= \left| A_{N+1}(s^{N+1} - 1) - \sum_{n=N+2}^{\infty} A_k (s^k - s^{k+1}) \right|, \end{aligned}$$

2.4. CARACTERIZACIÓN EN TÉRMINOS DE LAS PROBABILIDADES DE TRANSICIÓN

donde

$$A_k = \sum_{r=n}^{\infty} \alpha_r$$

Por lo que $\left| A_{N+1}(s^{N+1} - 1) - \sum_{n=N+2}^{\infty} A_k(s^k - s^{k+1}) \right|$, es acotado por

$$\frac{\epsilon}{4} |s^{N+1} - 1| + \frac{\epsilon}{4} s^{N+1} \leq \frac{\epsilon}{2}$$

Poniendo estas estimaciones juntas, tenemos

$$\left| \sum_{n=0}^{\infty} \alpha_n (s^n - 1) \right| < \epsilon$$

Siempre que s esté suficientemente cerca de 1

b) Ya que $\sum_{n=0}^{\infty} \alpha_n s^n \leq \sum_{n=0}^{\infty} \alpha_n$ para $0 < s < 1$. Los casos:

- i) Si $\alpha = \infty$ es claro que lo cumple.
- ii) Si $\alpha < \infty$, entonces por hipótesis

$$\sum_{n=0}^{\infty} \alpha_n s^n < \alpha < \infty \quad \text{para } 0 < s < 1$$

Por lo tanto,

$$\sum_{n=0}^N \alpha_n \leq \alpha \quad \forall n$$

Ya que $\sum_{n=0}^{\infty} \alpha_n$ es una función creciente monótona acotada de N tiene un límite finito llamado α' . Pero por la parte a) de este lema podemos concluir que $\alpha = \alpha'$.

□

2.4. CARACTERIZACIÓN EN TÉRMINOS DE LAS PROBABILIDADES
DE TRANSICIÓN

Proposición 2.6 El estado i es recurrente $\Leftrightarrow \sum_{n=1}^{\infty} p_{ii}^n = \infty$

Demostración

Vamos a relacionar las probabilidades de transición con las probabilidades llamadas de Primera pasada para $i, j \in S$, con $n \geq 1$.

$$f_{ij}^n = P(X_n = j, X_k \neq j, \quad k = 1, 2, \dots, n-1 / X_0 = i)$$

con $f_{ij}^0 = 0$.

Entonces $f_{ij} = \sum_{n=1}^{\infty} f_{ij}^n$ es la probabilidad de que la cadena visite el estado j alguna vez, partiendo del estado i .

Naturalmente, i es recurrente $\Leftrightarrow f_{ii} = 1$ (y el estado i es transitorio $\Leftrightarrow f_{ii} < 1$).

Sean para $|s| < 1$ las funciones:

$$F_{ii}(s) = \sum_{n=0}^{\infty} f_{ii}^n s^n$$

$$P_{ii}(s) = \sum_{n=0}^{\infty} p_{ii}^n s^n$$

entonces se verifica:

$$F_{ii}(s) \cdot P_{ii}(s) = \sum_{n=0}^{\infty} \left(\sum_{k=0}^n f_{ii}^k p_{ii}^{n-k} \right) s^n$$

$$= \sum_{n=1}^{\infty} \left(\sum_{k=0}^n f_{ii}^k p_{ii}^{n-k} \right) s^n$$

$$= P_{ii}(s) - 1$$

$$\text{de donde } P_{ii}(s) = \frac{1}{1 - F_{ii}(s)}$$

$$\text{ya que } f_{ii}^0 = 0 \text{ y } p_{ii}^0 = 1$$

$$\text{además para } n \geq 1 \quad p_{ii}^n = \sum_{k=0}^n f_{ii}^k p_{ii}^{n-k}$$

Procederemos ahora a demostrar la proposición:

2.4. CARACTERIZACIÓN EN TÉRMINOS DE LAS PROBABILIDADES
DE TRANSICIÓN

a) Necesidad:

Sea i recurrente $\Rightarrow f_{ii} = \sum_{n=1}^{\infty} f_{ii}^n = 1$, por el Lema de Abel.

$$\lim_{s \rightarrow 1} F_{ii}(s) = 1 \quad \Rightarrow \quad \lim_{s \rightarrow 1} P_{ii}(s) = \lim_{s \rightarrow 1} \sum_{n=0}^{\infty} p_{ii}^n s^n = \infty$$

nuevamente por el Lema de Abel $\sum_{n=1}^{\infty} p_{ii}^n = \infty$

b) Suficiencia: (por reducción al absurdo)

Sea $\sum_{n=1}^{\infty} p_{ii}^n = \infty$. Si $\sum_{n=1}^{\infty} f_{ii}^n < 1$ entonces por el Lema de Abel

$$\lim_{s \rightarrow 1} F_{ii}(s) < 1$$

de donde

$$\lim_{s \rightarrow 1} P_{ii}(s) < \infty$$

Aplicando nuevamente el Lema de Abel

$$\sum_{n=1}^{\infty} P_{ii}^n < \infty$$

en contra de la hipótesis de partida.

□

Proposición 2.7 $i \leftrightarrow j$ (comunicados), i es recurrente $\Rightarrow j$ es recurrente.

Demostración

Por hipótesis $\exists n, m \geq 1$ tales que $p_{ij}^n > 0$ y $p_{ji}^m > 0$.

Para $k \geq 1$

$$P_{ii}^{n+m+k} \geq p_{ii}^m p_{ii}^k p_{ii}^n$$

de donde

$$\sum_{k=0}^{\infty} P_{ii}^{n+m+k} \geq p_{ii}^m p_{ii}^n \sum_{k=0}^{\infty} p_{ii}^k = \infty$$

ya que $\sum_{k=0}^{\infty} p_{ii}^k = \infty$ por ser recurrente; luego:

$$\sum_{k=0}^{\infty} p_{jj}^k = \infty \Rightarrow j \text{ es recurrente.}$$

2.4. CARACTERIZACIÓN EN TÉRMINOS DE LAS PROBABILIDADES DE TRANSICIÓN

□

Observación 2.5 En cada clase de equivalencia (clase de estados comunicados) todos los estados tienen el mismo carácter de recurrencia o transitoriedad.

Definición 2.13 Para un estado $i \in S$ recurrente, su tiempo medio de recurrencia μ_i , es el número medio de transiciones requeridas para retornar al estado i . Esto es

$$\mu_i = \sum_{n=1}^{\infty} n f_{ii}^n$$

Definición 2.14 Sea $j \in S$ recurrente, será

- a) recurrente positivo si $\mu_j < \infty$
- b) recurrente nulo si $\mu_j = \infty \Leftrightarrow \text{si } \forall i, j \ p_{ij}^n \rightarrow_{n \rightarrow \infty} 0$
- c) ergódico si es recurrente positivo y aperiódico.

Definición 2.15 Se dice que una Cadena de Márkov $\{X_n\}_{n \in \mathbb{N}}$ con espacio de estado S tiene una distribución límite π si existe

$$\lim_{n \rightarrow \infty} P(X_n = j) = \pi_j \quad j \in S$$

Observación 2.6 Ya que:

$$P(X_n = j) = p^{(n)}(j) = \sum_{i \in S} p^{(0)}(i) p_{ij}^n$$

donde $p^{(0)}(i)$ es la i -ésima coordenada del vector inicial $p^{(0)}$, se observa que la existencia de la distribución límite no depende de $p^{(0)}$ y sí depende del

$$\lim_{n \rightarrow \infty} p_{ij}^n$$

Esto es, si existe $\alpha(j) = \lim_{n \rightarrow \infty} p_{ij}^n$ y además $\alpha(j) \geq 0 \quad \forall j$ y $\sum_{j \in S} \alpha(j) = 1 \Rightarrow \{\alpha(j)\}$ es la distribución límite.

2.4. CARACTERIZACIÓN EN TÉRMINOS DE LAS PROBABILIDADES DE TRANSICIÓN

Observación 2.7 *La distribución límite es invariante, esto es:*

$$\pi(j) = \sum_{i \in S} \pi(i) \cdot p_{ij} \quad j \in S$$

La distribución invariante se llama también estacionaria se puede calcular según

$$\begin{aligned} \pi(j) &= \lim_{n \rightarrow \infty} P(X_{n+1} = j) \\ &= \lim_{n \rightarrow \infty} \sum_{i \in S} P(X_n = i) \cdot p_{ij} \\ &= \sum_{i \in S} \left(\lim_{n \rightarrow \infty} P(X_n = i) \right) \cdot p_{ij} \\ &= \sum_{i \in S} \pi(i) \cdot p_{ij} \end{aligned}$$

aplicando el Teorema de la convergencia dominada.

Teorema 2.1 *Sea $(X_n, n \geq 0)$ una Cadena de Márkov irreducible.*

a) *Si la cadena tiene una distribución estacionaria π , necesariamente π está dada por*

$$\pi(i) = \frac{1}{\mu_i}, \quad i \in S$$

donde μ_i es el tiempo promedio de recurrencia de i . (de ahí que π sea único). Además, en este caso, todos los estados son positivos recurrentes.

b) *Por el contrario, si la cadena (irreducible) es recurrente positiva, entonces la función π en S definida por $\pi(i) = \frac{1}{\mu_i}$, $i \in S$, es una distribución estacionaria única.*

Demostración

a) Suponiendo que la cadena tiene distribución estacionaria π . Ya que la cadena es irreducible, todos los estados son ya sea transitorio o recurrente. Si la cadena es transitorio, entonces $\lim_{n \rightarrow \infty} P_{ij}^n = 0$, $\forall i, j \in S$. Ahora, como π es una distribución estacionaria, nosotros tenemos, para cada n , y $j \in S$:

$$\pi(j) = \sum_{i \in S} \pi(i) P_{ij}^n$$

2.4. CARACTERIZACIÓN EN TÉRMINOS DE LAS PROBABILIDADES DE TRANSICIÓN

Así

$$\pi(j) = \lim_{n \rightarrow \infty} \sum_{i \in S} \pi(i) P_{ij}^n = \sum_{i \in S} \lim_{n \rightarrow \infty} P_{ij}^n = 0$$

(por el **Teorema de Convergencia monótona**), contradiciendo el hecho de que π es una distribución de probabilidad. Por lo tanto la cadena tiene que ser recurrente.

Recordando que $\mu_i = E(T_i | X_0 = i)$, donde T_i es el primero que va a i . Como T_i es una variable aleatoria positiva, se puede escribir como

$$\mu_i = \sum_{n=1}^{\infty} P(T_i \geq n | X_0 = i) = \sum_{n=1}^{\infty} \frac{P(T_i \geq n | X_0 = i)}{P(X_0 = i)}$$

Tomando $\pi_0 = \pi$ así que $P(X_0 = i) = \pi(i)$, y la cadena se convierte en un proceso estacionario. Ahora como $(X_0 = i) \subseteq (T_i \geq 1)$,

$$P(T_i \geq 1, X_0 = i) = P(X_0 = i).$$

Además, si A, B son dos eventos, entonces $P(AB) = P(A) - P(AB')$. Para $n \geq 2$. Sea

$$A = (X_m \neq i, m = 1, \dots, n-1), \quad B = (X_0 = i),$$

Entonces

$$\begin{aligned} P(T_i \geq n, X_0 = i) &= P(X_m \neq i, m = 1, \dots, n-1, X_0 = i) \\ &= P(X_m \neq i, m = 1, \dots, n-1) + P(X_m \neq i, m = 0, 1, \dots, n-1) \\ &= P(X_m \neq i, m = 0, 1, \dots, n-2) - P(X_m \neq i, m = 0, 1, \dots, n-1) \\ &= \alpha_{n-2} - \alpha_{n-1} \end{aligned}$$

donde $\alpha_n = P(X_m \neq i, m = 0, 1, \dots, n)$. Como el evento $A_n = (X_m \neq i, m = 0, 1, \dots, n)$ para una sucesión de eventos no crecientes, nosotros tenemos que $A_n \rightarrow \bigcap_n A_n = (X_m \neq i, m \geq 0)$ y por lo tanto

$$\lim_{n \rightarrow \infty} \alpha_n = P(X_m \neq i, m \geq 0) = 0,$$

como i es un estado recurrente.

Ahora, por lo anterior, tenemos:

$$\begin{aligned} \mu_i \pi(i) &= \pi(i) + \sum_{n \geq 2} (\alpha_{n-2} - \alpha_{n-1}) \\ &= \pi(i) + \alpha_0 - \lim_{n \rightarrow \infty} \alpha_n \\ &= P(X_0 = i) + P(X_0 \neq i) = 1. \end{aligned}$$

2.4. CARACTERIZACIÓN EN TÉRMINOS DE LAS PROBABILIDADES DE TRANSICIÓN

Ahora, observemos que $\pi(i) > 0, \forall i \in S$. En efecto, si $\pi(i) = 0$, entonces como π es una distribución estacionaria, tenemos:

$$0 = \pi(i) = \sum_{k \in S} \pi(k) P_{ik}^n \geq \pi(j) P_{ij}^n$$

para todo n y todo $j \in S$. Por otra parte, la cadena es irreducible por hipótesis, por lo que existe un n tal que $P_{ij}^n > 0$. Así $\pi(j) = 0, \forall j \in S$, lo cual es imposible, de nuevo, si π es una probabilidad de distribución en S . Así

$$\mu_i = \frac{1}{\pi(i)} < \infty, \quad \forall i \in S,$$

lo cual implica que todos los estados son positivos recurrente.

- b) Supongamos ahora que $(X_n, n \geq 0)$ es una cadena positiva recurrente, irreducible. $\forall i \in S, 0 < \mu_i < \infty$. Definimos:

$$\pi : S \rightarrow \mathbb{R}^+$$

$$\pi(i) = \frac{1}{\mu_i}$$

Ahora tenemos que verificar directamente que π es en efecto una distribución estacionaria, que es,

$$\sum_{i \in S} \pi(i) = 1 \quad \text{y} \quad \pi(j) = \sum_{i \in S} \pi(i) P_{ij}, \quad \forall j \in S.$$

Sea $N_j(n)$ para denotar el número de veces que va a j durante las primeras n transiciones.

Entonces

$$N_j(n) = \sum_{k=1}^n 1_j(X_k)$$

Así que,

$$E(N_j(n) | X_0 = i) = \sum_{k=1}^n P_{ij}^k.$$

Como $\sum_{j \in S} P_{ij}^k = 1, \forall k$, tenemos:

$$\sum_{j \in S} \frac{1}{n} E(N_j(n) | X_0 = i) = 1 \quad \forall n.$$

2.4. CARACTERIZACIÓN EN TÉRMINOS DE LAS PROBABILIDADES DE TRANSICIÓN

Tenemos que demostrar que:

$$\lim_{n \rightarrow \infty} \frac{1}{n} E(N_j(n) | X_0 = i) = \frac{1}{\mu_j} \quad \forall i, j \in S.$$

Para este propósito, tomamos a j convenientemente, sea $T_m, m > 1$, para el tiempo de m -ésimo que pasa por j , que es

$$T_m = \text{mín}\{n \geq 1 : N_j(n) = m\}.$$

Por la naturaleza probabilística de las Cadenas de Markov, es claro que las variables aleatorias $T_1, T_2 - T_1, \dots, T_m - T_{m-1}$ son independientes e idénticamente distribuidas. Condicionado en $X_0 = j$, el promedio común de estas variables aleatorias es μ_j . Por la ley de los grandes números,

$$\frac{T_m}{m} = \frac{T_1 + (T_2 - T_1) + \dots + (T_m - T_{m-1})}{m} \rightarrow \mu_j, \quad \text{como } m \rightarrow \infty$$

Ahora, $T_{N_j(n)} \leq n \leq T_{N_j(n)+1}$ así que

$$\frac{T_{N_j(n)}}{N_j(n)} \leq \frac{n}{N_j(n)} \leq \frac{T_{N_j(n)+1}}{N_j(n)}.$$

Observemos que como j es recurrente positivo, $N_j(n) \rightarrow \infty$ casi seguramente, como $n \rightarrow \infty$. Así $\frac{N_j(n)}{n} \rightarrow \frac{1}{\mu_j}$ casi seguramente, como $n \rightarrow \infty$. Y

$$\sum_{j \in S} \frac{1}{n} E(N_j(n) | X_0 = i) = 1 \quad \forall n \text{ sigue, tomando expectativas bajo } X_0 = i$$

(La convergencia de expectativas es justificado por **Teorema de la Convergencia dominada**). Cuando S es finito, tenemos:

$$\begin{aligned} \sum_{j \in S} \frac{1}{\mu_j} &= \sum_{j \in S} \lim_{n \rightarrow \infty} \left[\frac{1}{n} E(N_j(n) | X_0 = i) \right] \\ &= \lim_{n \rightarrow \infty} \sum_{j \in S} \frac{1}{n} E(N_j(n) | X_0 = i) = 1 \end{aligned}$$

Ahora miremos que $\pi(i) = \frac{1}{\mu_j}$ es estacionario, tenemos que ver que:

$$\begin{aligned} \sum_{j \in S} \frac{1}{n} E(N_j(n) | X_0 = i) P_{jk} &= \sum_{j \in S} \frac{1}{n} \left(\sum_{m=1}^n P_{ij}^m \right) P_{jk} \\ &= \frac{1}{n} [E(N_j(n+1) | X_0 = i) - P_{jk}] \end{aligned}$$

2.4. CARACTERIZACIÓN EN TÉRMINOS DE LAS PROBABILIDADES DE TRANSICIÓN

señalando que $\sum_{j \in S} P_{ij}^m P_{jk} = P_{ik}^{m+1}$). Así, cuando S es finito, sea $n \rightarrow \infty$ en la igualdad anterior, y obtenga el resultado deseado de la siguiente manera

$$\sum_{j \in S} \frac{1}{\mu_j} P_{jk} = \frac{1}{\mu_k}, \quad \forall k \in S.$$

el mismo resultado se cumple cuando S es infinito pero con muchos más detalles técnicos.

□

Capítulo 3

Un modelo Markoviano

3.1. Modelo espacio de estados

Un modelo de espacio de estados es un modelo especificado condicionalmente que consta de dos ecuaciones y una inicialización.

$$\begin{aligned} y_t | \theta_t &\sim [y_t | \theta_t] && \text{(Ecuación de observación)} \\ \theta_t | \theta_{t-1} &\sim [\theta_t | \theta_{t-1}] && \text{(Ecuación estado)} \\ \theta_0 &\sim [\theta_0] && \text{(Inicialización)} \end{aligned} \tag{3.1}$$

El vector de estados latente $\theta_{0:T} = (\theta_0, \theta_1, \dots, \theta_T)$ es una cadena de Markov de primer orden y $y_{1:T} = (y_1, y_2, \dots, y_T)$ es una serie de tiempo observable donde y_t se asume condicionalmente independiente de y_s para $s \neq t$ dado θ_t . Adoptamos la notación abreviada donde $[X|Y]$ es la densidad condicionada de la variable aleatoria X dado Y . La distribución conjunta para $(\theta_{0:T}, y_{1:T})$ es entonces,

$$[\theta_{0:T}, y_{1:T}] = [\theta_0] \prod_{t=1}^T [y_t | \theta_t] [\theta_t | \theta_{t-1}] \tag{3.2}$$

Los modelos de espacio de estados son opciones naturales para el análisis de series de tiempo debido a cómo representan el flujo de información dentro de un sistema. La figura 3.1 muestra la representación gráfica dirigida correspondiente a los modelos de espacio de estados. Los nodos (círculos) representan variables aleatorias y los bordes dirigidos (flechas) representan dependencias. Es decir, las nociones de causalidad de un nodo a otro

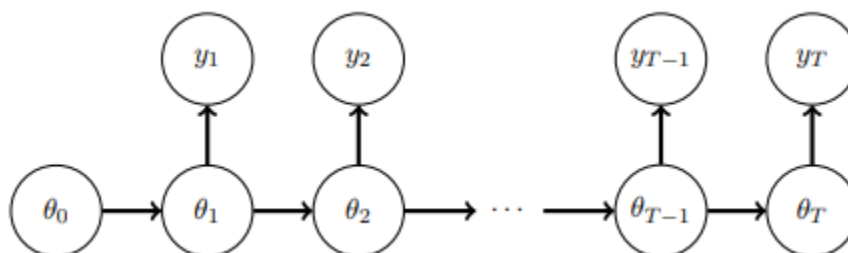


Figura 3.1: Representación gráfica de los modelos de espacio de estados

se representan gráficamente mediante aristas dirigidas. Para el análisis de series de tiempo, naturalmente pensamos en información que va del pasado al futuro. Esta noción se captura en el estado latente de la Figura 3.1, con bordes dirigidos que van de θ_{t-1} a θ_t , donde t es el tiempo de indexación. Los modelos de espacio de estados asumen que el verdadero estado del sistema no se observa directamente. Más bien, lo que se observa es una medida de serie y_t , que está relacionada con el sistema latente. Esta noción se representa gráficamente con un borde dirigido que va de θ_t a y_t .

3.2. Muestreador de Gibbs

El muestreador Gibbs es una técnica para generar variables aleatorias a partir de una distribución (marginal) indirectamente, sin tener que calcular la densidad, aunque fácil de describir, el muestreo gibbs se basa sólo en propiedades de las cadenas de Markov. A través del uso de técnicas como el muestreador Gibbs, somos capaces de evitar cálculos difíciles, sustituyéndolos en su lugar por una secuencia de cálculos más fáciles.

Estas metodologías han tenido un amplio impacto en los problemas prácticos. Aunque la mayoría de las aplicaciones del muestreador Gibbs han sido en modelos Bayesianos, también es extremadamente útil en los cálculos clásicos (probabilidad). Además, estas metodologías de cálculo también han tenido un impacto en la teoría. Al liberar a los estadísticos de lidiar con cálculos complicados, los aspectos estadísticos de un problema pueden convertirse en el foco principal.

3.2.1. Ilustración del GIBBS SAMPLER

Supongamos que se nos da una densidad conjunta $f(x, y_1, \dots, y_p)$ y estamos interesados en obtener características de la densidad marginal

$$f(x) = \int \cdots \int f(x, y_1, \dots, y_p) dy_1 \cdots dy_p \quad (3.3)$$

como la media o la varianza. Tal vez el más natural y el enfoque sencillo sería calcular $f(x)$ y utilizarlo para obtener la característica deseada. Sin embargo, hay muchos casos en los que las integrales en 3.3 son extremadamente difíciles de realizar, ya sea analítica o numéricamente. En tales casos, el muestreador Gibbs proporciona un método alternativo para obtener $f(x)$. En lugar de calcular o aproximar $f(x)$ directamente, el muestreador Gibbs nos permite generar eficazmente una muestra $X_1, \dots, X_m \sim f(x)$ sin necesidad de $f(x)$. Al simular una muestra lo suficientemente grande, la media, la varianza o cualquier otra característica de $f(x)$ se puede calcular en el grado deseado de precisión.

Es importante darse cuenta de que, en efecto, el resultado final de cualquier cálculo, aunque basado en simulaciones, son las cantidades deseadas. Por ejemplo, para calcular la media de $f(x)$, podríamos usar $\frac{1}{m} \sum_{j=1}^m X_i$, y el hecho de que

$$\lim_{m \rightarrow \infty} \frac{1}{m} \sum_{i=1}^m X_i = \int_{-\infty}^{\infty} x f(x) dx = EX. \quad (3.4)$$

Por lo tanto, tomando m lo suficientemente grande, cualquier característica de la población, incluso la densidad misma, puede obtenerse con cualquier grado de precisión. Para comprender el funcionamiento del muestreador de Gibbs, primero lo exploramos en el caso de dos variables. Comenzando con un par de variables aleatorias (X, Y) , el muestreador de Gibbs genera una muestra para $f(x)$ muestreando en lugar de las distribuciones condicionales $f(x|y)$ y $f(y|x)$, distribuciones que a menudo se conocen en modelos estadísticos. Esto se hace generando una "secuencia de Gibbs" de variables aleatorias

$$Y'_0, X'_0, Y'_1, X'_1, \dots, Y'_k, X'_k \quad (3.5)$$

El valor inicial $Y'_0 = y'_0$ se especifica, y el resto de 3.5 se obtiene de forma

iterativa generando alternativamente valores de

$$\begin{aligned} X'_j &\sim f(x|Y'_j = y'_j) \\ Y'_{j+1} &\sim f(y|X'_j = x'_j) \end{aligned} \quad (3.6)$$

Nos referimos a esta generación de 3.5 como muestreo de Gibbs. Resulta que bajo condiciones razonablemente generales, la distribución de X'_k converge a $f(x)$ (el verdadero marginal de X) cuando $k \rightarrow \infty$. Por tanto, para k suficientemente grande, la observación final en 3.5, a saber, $X'_k = x'_k$, es efectivamente un punto muestral de $f(x)$.

La convergencia (en la distribución) de la secuencia de Gibbs 3.5 se puede aprovechar de diversas formas para obtener una muestra aproximada de $f(x)$. Por ejemplo, Gelfand y Smith (1990) sugieren generar m secuencias de Gibbs independientes de longitud k , y luego usar el valor final de X'_k de cada secuencia. Si k se elige lo suficientemente grande, esto produce una muestra iid aproximada de $f(x)$. Los métodos para elegir tal k , así como los enfoques alternativos para extraer información de la secuencia de Gibbs, se discuten adelante. En aras de la claridad y la coherencia, hemos utilizado solo el enfoque anterior en todos los ejemplos ilustrativos que siguen.

Ejemplo 3.2.2 Para la siguiente distribución conjunta de X e Y ,

$$f(x, y) = \binom{n}{x} y^{x+\alpha-1} (1-y)^{n-x+\beta-1}, \quad x = 0, 1, \dots, n, \quad 0 \leq y \leq 1 \quad (3.7)$$

supongamos que estamos interesados en calcular algunas características de la distribución marginal $f(x)$ de X . El muestreador de Gibbs nos permite generar una muestra a partir de este marginal de la siguiente manera. De 3.7 se sigue (suprimiendo la dependencia general de n, α y β) que

$$f(x|y) \text{ es binomial } (n, y) \quad (3.8)$$

$$f(x|y) \text{ es beta } (x + \alpha, n - x + \beta) \quad (3.9)$$

Si ahora aplicamos el esquema iterativo 3.6 a las distribuciones 3.8 y 3.9, podemos generar una muestra X_1, X_2, \dots, X_m , de $f(x)$ y usar esta muestra para estimar cualquier característica.

Como el lector ya habrá notado, el muestreo de Gibbs en realidad no es necesario en este ejemplo, ya que $f(x)$ se puede obtener analíticamente de 3.7 como

$$f(x) = \binom{n}{x} \frac{\Gamma(\alpha + \beta)}{\Gamma(\alpha)\Gamma(\beta)} \frac{\Gamma(x + \alpha)\Gamma(n - x + \beta)}{\Gamma(\alpha + \beta + n)},$$

$$x = 0, 1, \dots, n \quad (3.10)$$

la distribución beta-binomial. Aquí, las características de $f(x)$ se pueden obtener directamente de 3.10, ya sea analíticamente o generando una muestra a partir del marginal y sin preocuparse por las distribuciones condicionales. Sin embargo, esta simple situación es útil con fines ilustrativos.

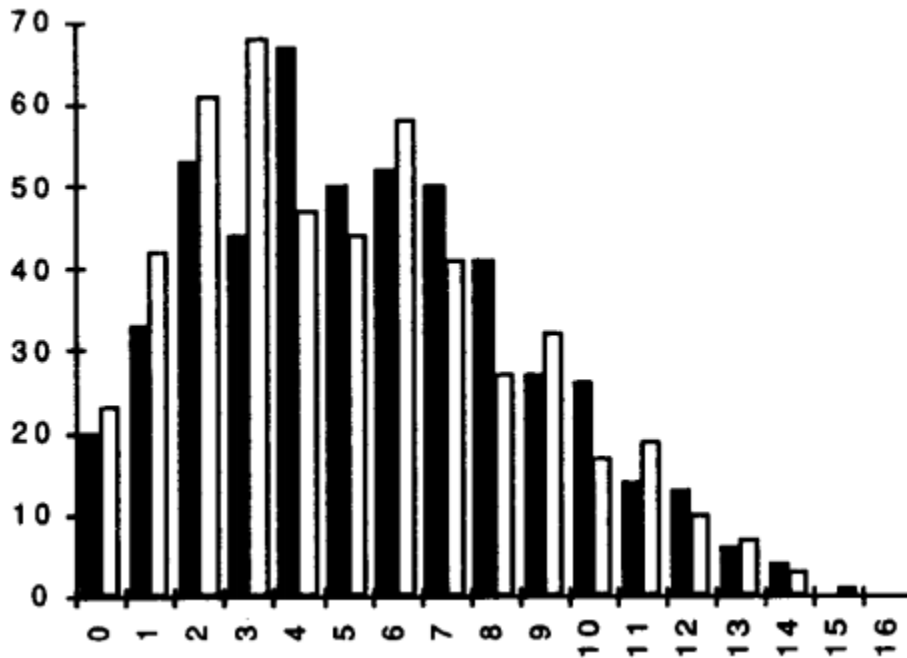


Figura 3.2: La Figura muestra histogramas de dos muestras x_1, \dots, x_m , de tamaño $m = 500$ de la distribución binomial beta de 3.10 con $n = 16$, $\alpha = 2$ y $\beta = 4$.

Los dos histogramas son muy similares, lo que da crédito a la afirmación de que el esquema de Gibbs para la generación de variables aleatorias de hecho genera variables a partir de la distribución marginal. Una característica del ejemplo 3.2.2 es que el muestreador de Gibbs no es realmente

3.2. MUESTREADOR DE GIBBS

necesario en ninguna situación bivariada en la que se pueda calcular la distribución conjunta $f(x, y)$, ya que $f(x) = f(x, y) / f(y|x)$. Sin embargo, como muestra el siguiente ejemplo, el muestreo de Gibbs puede ser indispensable en situaciones en las que $f(x, y)$, $f(x)$ o $f(y)$ no pueden ser calculado.

Ejemplo 3.2.3 *Suponga que X e Y tienen distribuciones condicionales que son distribuciones exponenciales restringidas al intervalo $(0, B)$, es decir,*

$$f(x|y) \propto ye^{-yx}, \quad 0 < x < B < \infty \quad (3.11)$$

$$f(y|x) \propto xe^{-xy}, \quad 0 < y < B < \infty \quad (3.12)$$

donde B es una constante positiva conocida. La restricción al intervalo $(0, B)$ asegura que exista el marginal $f(x)$. Aunque la forma de este marginal no se puede calcular fácilmente, aplicando el muestreador de Gibbs a los condicionales en 3.11, 3.12 se puede obtener cualquier característica de $f(x)$.

En la Figura 3.3 mostramos un histograma de una muestra de tamaño $m = 500$ de $f(x)$ obtenido usando los valores finales de secuencias de Gibbs de longitud $k = 15$. Si B no es finito, entonces las densidades en 3.11, 3.12 no son un par válido de densidades condicionales en el sentido de que no hay densidad conjunta $f(x, y)$ a la que corresponden, y la secuencia de Gibbs no converge. El muestreo de Gibbs se puede utilizar para estimar la densidad de sí mismo promediando las densidades condicionales finales de cada secuencia de Gibbs.

De 3.5, al igual que los valores $X'_k = x'_k$ producir una realización de $X_1, X_2, \dots, X_m \sim f(x)$, el valor de $Y'_k = y'_k$ se produce una realización de $Y_1, Y_2, \dots, Y_m \sim f(x)$. Además, el promedio de las densidades condicionales $f(x|Y'_k = y'_k)$ será una aproximación cercana a $f(x)$, y podemos estimar $f(x)$ con

$$\hat{f}(x) = \frac{1}{m} \sum_{i=1}^m f(x|y_i) \quad (3.13)$$

donde y_1, \dots, y_m , es la secuencia de valores realizados de las observaciones finales de Y de cada secuencia de Gibbs. La teoría detrás del cálculo en 3.13 es que el valor esperado de la densidad condicional es

$$E[f(x|Y)] = \int f(x|y)f(y)dy = f(x) \quad (3.14)$$

un cálculo similar por 3.13, ya que y_1, \dots, y_m , aproxima una muestra de $f(y)$. Para las densidades en 3.11, 3.12, esta estimación de $f(x)$ se muestra en la Figura 3.3.

Continuación ejemplo 3.2.2: La metodología de estimación de densidad de 3.13 también se puede usar en distribuciones discretas, que ilustramos para el beta-binomial del Ejemplo 3.2.2. Usando las observaciones generadas para construir la Figura 3.2, podemos, de manera análoga a 3.13, estimar las probabilidades marginales. de X usando

$$\hat{P}(X = x) = \frac{1}{m} \sum_{i=1}^m P(X = x | Y_i = y_i) \quad (3.15)$$

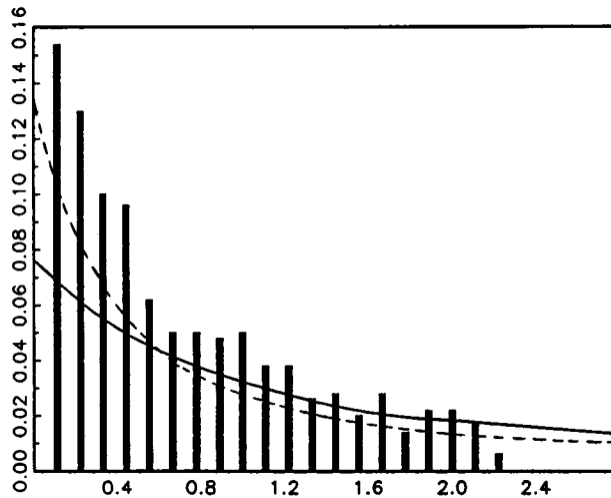


Figura 3.3: Histograma para x de una muestra de tamaño $m = 500$ de el par de distribuciones condicionales 3.11 y 3.12, con $B = 5$, obtenido usando el muestreo de Gibbs con $k = 15$ junto con una estimación de la densidad marginal obtenida de la ecuación 3.13 (línea continua). La línea punteada es la densidad marginal verdadera.

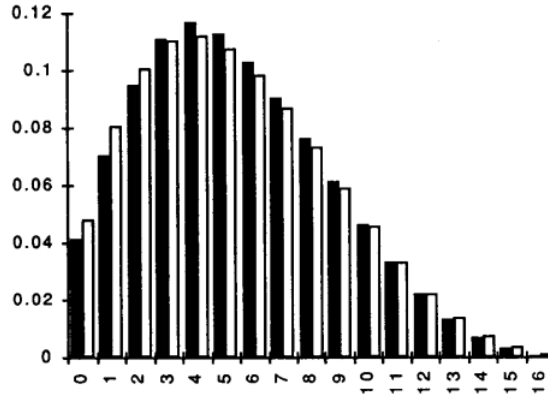


Figura 3.4: Comparación de dos histogramas de probabilidad de la distribución beta binomial con $n = 16$, $\alpha = 2$ y $\beta = 4$. El histograma negro representa estimaciones de la distribución marginal de X usando la Ecuación 3.15, basada en una muestra de Tamaño $m = 500$ del par de distribuciones condicionales en 3.8, 3.9. La secuencia de Gibbs tenía una longitud $k = 10$. El histograma blanco representa las probabilidades beta-binomiales exactas.

La Figura 3.4 muestra estas estimaciones de probabilidad superpuestas con las probabilidades beta binomiales exactas para la comparación.

Las estimaciones de densidad de 3.13 y 3.15 ilustran un aspecto importante del uso del muestreador de Gibbs para evaluar las características de $f(x)$. Las cantidades $f(x|y_1), \dots, f(x|y_m)$, calculadas utilizando los valores simulados y_1, \dots, y_m llevar más información sobre $f(x)$ que solo x_1, \dots, x_m , y producirá mejores estimaciones. Por ejemplo, una estimación de la media de $f(x)$ es $(1/m) \sum_{i=1}^m x_i f(x)$ pero una mejor estimación es $(1/m) \sum_{i=1}^m E(X|y_i)$ siempre que se puedan obtener estas expectativas condicionales. La intuición detrás de esta característica es el teorema de Rao-Blackwell (ilustrado por Gelfand y Smith 1990), y establecido analíticamente por Liu, Wong y Kong (1991).

3.2.4. Una prueba de convergencia simple

No es inmediatamente obvio que una variable aleatoria con distribución $f(x)$ puede ser producida por secuencia de Gibbs de 3.5 o que la secuencia incluso converja. Que esto sea así depende de la naturaleza markoviana de las iteraciones, que ahora desarrollamos en detalle para el simple caso de

3.2. MUESTREADOR DE GIBBS

una tabla de 2×2 con muestreo multinomial. Suponga que X e Y son variables aleatorias de Bernoulli, variables aleatorias con distribución conjunta

		X	
		0	1
Y	0	p_1	p_2
	1	p_3	p_4

Figura 3.5: $p_i \geq 0$, $p_1 + p_2 + p_3 + p_4 = 1$

o, en términos de la función de probabilidad conjunta,

$$\begin{pmatrix} f_{x,y}(0,0) & f_{x,y}(1,0) \\ f_{x,y}(1,0) & f_{x,y}(1,1) \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} p_1 & p_2 \\ p_3 & p_4 \end{pmatrix}$$

Para esta distribución, la distribución marginal de x es dada por

$$f_x = [f_x(0) \ f_x(1)] = [p_1 + p_3 \ p_2 + p_4] \tag{3.16}$$

una distribución de Bernoulli con probabilidad de éxito $p_2 + p_4$.

Las distribuciones condicionales de $X|Y = y$ e $Y|X = x$ son fáciles de calcular. Por ejemplo, la distribución de $X|Y = 1$ es Bernoulli con probabilidad de éxito $p_4/(p_3 + p_4)$. Todas las probabilidades condicionales se pueden expresar en dos matrices,

$$A_{y|x} = \begin{pmatrix} \frac{p_1}{p_1 + p_3} & \frac{p_3}{p_1 + p_3} \\ \frac{p_2}{p_2 + p_4} & \frac{p_4}{p_2 + p_4} \end{pmatrix}$$

y,

$$A_{x|y} = \begin{pmatrix} \frac{p_1}{p_1 + p_2} & \frac{p_2}{p_1 + p_2} \\ \frac{p_3}{p_3 + p_4} & \frac{p_4}{p_3 + p_4} \end{pmatrix}$$

donde $A_{y|x}$ tiene las probabilidades condicionales de Y dado $X = x$, y $A_{x|y}$ tiene probabilidades condicionadas de X dado $Y = y$.

El esquema de muestreo iterativo aplicado a esta distribución 3.5 como una secuencia de ceros y unos. Las matrices $A_{x|y}$ y $A_{y|x}$, pueden considerarse como matrices de transición que dan las probabilidades de llegar a los estados x desde los estados y y viceversa, esto es $P(X = x|Y = y) =$ probabilidad de pasar del estado y al estado x .

Si solo estamos interesados en generar la distribución marginal de X , lo que nos interesa principalmente es la secuencia X de 3.5. Para ir de $X'_0 \rightarrow X'_1$ tenemos que pasar por Y'_1 , entonces la secuencia de iteración es $X'_0 \rightarrow Y'_1 \rightarrow X'_1$ y $X'_0 \rightarrow X'_1$ forma una cadena de Markov con probabilidad de transición

$$P(X'_1 = x_1|X'_0 = x_0) = \sum_y P(X'_1 = x_1|Y'_1 = y) \times P(Y'_1 = y|X'_0 = x_0) \quad (3.17)$$

La matriz de probabilidad de transición de la secuencia X' , $A_{x|x'}$, está dada por

$$A_{x|x} = A_{y|x}A_{x|y}$$

y ahora podemos calcular fácilmente la distribución de probabilidad de cualquier X'_k en la secuencia. Es decir, la matriz de transición que da $P(X'_k = x_k|X'_0 = x_0)$ es $(A_{x|x})^k$. Además, si escribimos

$$f_k = [f_k(0) \quad f_k(1)]$$

para denotar la distribución de probabilidad marginal de X'_k , entonces para cualquier k ,

$$f_k = f_0 A_{x|x}^k = (f_0 A_{x|x}^{k-1}) A_{x|x} = f_{k-1} A_{x|x} \quad (3.18)$$

Mientras todas las entradas de $A_{x|x}$ sean positivas, entonces 3.18 implica que para cualquier probabilidad inicial f_0 , como $k \rightarrow \infty$, f_k converge a la distribución única f que es un punto estacionario de 3.18, y satisface

$$f A_{x|x} = f \quad (3.19)$$

Por tanto, si la secuencia de Gibbs converge, la f que satisface (3.19) debe ser la distribución marginal de X . Intuitivamente, no hay ningún otro lugar

3.2. MUESTREADOR DE GIBBS

para esta iteración, a largo plazo obtendremos X en la proporción dictado por la distribución marginal. Sin embargo, es sencillo comprobar que (3.19) se satisface con f , de (3.16), es decir,

$$f_x A_{x|x} = f_x A_{y|x} A_{x|y} = f_x \quad (3.20)$$

Como $k \rightarrow \infty$, la distribución de X'_k se acerca a f_x , entonces si detenemos el esquema de iteración (3.5) en un nivel suficientemente grande de k , podemos asumir que la distribución de X'_k ; es aproximadamente f_x . Además, cuanto mayor sea el valor de k , mejor es la aproximación.

El álgebra para el caso 2×2 funciona inmediatamente para cualquier distribución conjunta $n \times m$ de X e Y . Se puede definir de forma análoga la matriz de transición de $n \times n$ de $A_{x|x'}$, cuya distribución estacionaria será la distribución marginal de X . Si uno (o ambos) de X e Y son continuos, entonces los argumentos de dimensión finita no funcionarán. Sin embargo, con los supuestos adecuados, toda la teoría aún se cumple, por lo que el muestreador de Gibbs aún produce una muestra a partir de la distribución marginal de X . La ecuación (3.17) representaría la densidad condicional de X'_1 dado X'_0 , y podría escribirse

$$f_{x'_1|x'_0}(x_1|x_0) = \int f_{x'_1|y'_1}(x_1|y) f_{y'_1|x'_0}(y|x_0) dy \quad (3.21)$$

(A veces es útil utilizar subíndices para denotar la densidad.) Luego, paso a paso, podríamos escribir las densidades condicionales de $X'_2|X'_0$, $X'_3|X'_0$, $X'_4|X'_0, \dots$;

Similar a la matriz de transición de k pasos $(A_{x|x})^k$, derivamos una "matriz de transición infinita" con entradas que satisfacen la relación

$$f_{x'_k|x'_0}(x|x_0) = \int f_{x'_k|x'_{k-1}}(x|t) f_{x'_{k-1}|x_0}(t|x_0) dt \quad (3.22)$$

que es la versión continua de (3.18). La densidad $f_{x'_k|x'_{k-1}}$ representa una transición de un paso y el otro de dos densidades juegan el papel de f_k y f_{k-1} . Como $k \rightarrow \infty$, De nuevo se sigue que el punto estacionario de (3.22) es la densidad marginal de X , la densidad a la que converge $f_{x'_k|x'_{k-1}}$.

3.3. Modelo epidemiológico SIR espacio-estado

Una vez ya definido que es un modelo de espacio de estados y cómo funciona el muestreador de Gibbs podemos hablar del modelo epidemiológico. En este modelo epidemiológico que presentamos en el que tomamos dos series temporales de proporciones diarias de casos infectados y removidos. Ampliamos el modelo SIR para incorporar varios tipos de protocolos de seguridad y las fases de cuarentena.

Este modelo proporciona pronósticos, tanto en línea como fuera de línea, puntos de inflexión de interés, incluido el momento en que la proporción diaria infectada se vuelve más pequeña que las anteriores, la fecha en que la cantidad diaria de casos removidos es mayor que la de los casos infectados, o el tiempo en que la primera derivada de la prevalencia del compartimento infectado es cero (es decir, el punto de inflexión de la velocidad de infección es cero), el modelo también proporciona un tiempo previsto cuando finaliza la epidemia de COVID-19.

3.3.1. Modelo básico de infección por coronavirus.

Comenzamos con un modelo epidemiológico básico en el marco de los modelos SIR espacio-estado sin tener en cuenta los protocolos de cuarentena. Aquí consideramos dos series temporales unidimensionales de proporciones de casos infectados y recuperados, denotados por Y_t^I y Y_t^R en el tiempo t , respectivamente, donde el compartimento de recuperados R es la suma de las proporciones de casos recuperados y muertes en el tiempo t . Suponemos que la serie de tiempo bidimensional de (Y_t^I, Y_t^R) sigue un modelo de espacio de estado con las distribuciones beta en el tiempo t :

$$Y_t^I | \theta_t, \tau \sim \text{Beta}(\lambda^I \theta_t^I, \lambda^I (1 - \theta_t^I)) \quad (3.23)$$

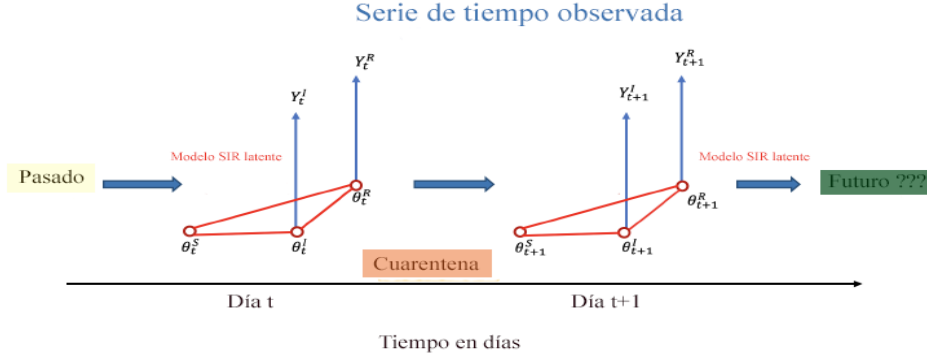
$$Y_t^R | \theta_t, \tau \sim \text{Beta}(\lambda^R \theta_t^I, \lambda^R (1 - \theta_t^I)) \quad (3.24)$$

Donde θ_t^I y θ_t^R son la prevalencia de infección y eliminación respectivamente en el tiempo t , y λ^I y λ^R son los parámetros que controlan las variaciones respectivas de las proporciones observadas.

Como se muestra en la Figura 3.6, estas series de tiempo observadas se emiten desde la dinámica latente subyacente de la infección por COVID-19 caracterizada por el proceso latente de Markov θ_t . Las proporciones

3.3. MODELO EPIDEMIOLÓGICO SIR ESPACIO-ESTADO

Figura 3.6: Un marco conceptual del modelo SIR epidemiológico propuesto de espacio de estado.



esperadas en ambos modelos (3.23) y (3.24) son iguales a la prevalencia de infección y la probabilidad de remoción en el tiempo t , es decir, $E(Y_t^I | \theta_t) = \theta_t^I$ y $E(Y_t^R | \theta_t) = \theta_t^R$. Además, la prevalencia de la población latente $\theta_t = (\theta_t^S, \theta_t^I, \theta_t^R)$ es un proceso de Markov tridimensional, en el que θ_t^S es la probabilidad de que una persona sea susceptible o esté en riesgo en el momento t , θ_t^I es la probabilidad de que una persona se infecte en el momento t , y θ_t^R es la probabilidad de que una persona sea retirada del sistema infeccioso (ya sea recuperado o muerto) en el momento t . Obviamente, $\theta_t^S + \theta_t^I + \theta_t^R = 1$. Suponemos que este proceso de prevalencia tridimensional θ_t se rige por el siguiente modelo de Markov:

$$\theta_t | \theta_{t-1}, \tau \sim \text{Dirichlet}(\kappa f(\theta_{t-1}, \beta, \gamma)) \quad (3.25)$$

donde el parámetro κ escala la varianza de la distribución de Dirichlet y la función $f(\cdot)$ es un vector tridimensional que determina la media de la distribución de Dirichlet. La función f es el motor de la dinámica de la infección, que opera de acuerdo con el modelo SIR clásico de la enfermedad infecciosa de la forma:

$$\frac{d\theta_t^S}{dt} = -\beta\theta_t^S\theta_t^I, \quad \frac{d\theta_t^I}{dt} = \beta\theta_t^S\theta_t^I - \gamma\theta_t^I \quad \text{y} \quad \frac{d\theta_t^R}{dt} = \gamma\theta_t^I \quad (3.26)$$

La solución a este sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias se resuelve con Runge – Kutta (RK4) de cuarto orden, dando como resultado una aproximación de $f(\theta_{t-1}, \beta, \gamma)$ de la siguiente manera:

$$f(\theta_{t-1}, \beta, \gamma) = \begin{pmatrix} \theta_{t-1}^S + \frac{1}{6}[k_{t-1}^{S_1} + 2k_{t-1}^{S_3} + k_{t-1}^{S_4}] \\ \theta_{t-1}^I + \frac{1}{16}[k_{t-1}^{I_1} + 2k_{t-1}^{I_3} + k_{t-1}^{I_4}] \\ \theta_{t-1}^R + \frac{1}{16}[k_{t-1}^{R_1} + 2k_{t-1}^{R_3} + k_{t-1}^{R_4}] \end{pmatrix} := \begin{pmatrix} \alpha_S(t-1) \\ \alpha_I(t-1) \\ \alpha_R(t-1) \end{pmatrix}$$

Donde:

$$\begin{aligned} k_t^{S_1} &= -\beta \theta_t^S \theta_t^I, \\ k_t^{S_2} &= -\beta[\theta_t^S + 0,5k_t^{S_1}][\theta_t^I + 0,5k_t^{I_1}], \\ k_t^{S_3} &= -\beta[\theta_t^S + 0,5k_t^{S_2}][\theta_t^I + 0,5k_t^{I_2}], \\ k_t^{S_4} &= -\beta[\theta_t^S + k_t^{S_3}][\theta_t^I + k_t^{I_3}]; \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} k_t^{I_1} &= \beta \theta_t^S \theta_t^I - \gamma \theta_t^I, \\ k_t^{I_2} &= \beta[\theta_t^S + 0,5k_t^{S_1}][\theta_t^I + 0,5k_t^{I_1}] - \gamma[\theta_t^I + 0,5k_t^{I_1}], \\ k_t^{I_3} &= \beta[\theta_t^S + 0,5k_t^{S_2}][\theta_t^I + 0,5k_t^{I_2}] - \gamma[\theta_t^I + 0,5k_t^{I_2}], \\ k_t^{I_4} &= \beta[\theta_t^S + k_t^{S_3}][\theta_t^I + k_t^{I_3}] - \gamma[\theta_t^I + k_t^{I_3}]; \end{aligned}$$

y

$$\begin{aligned} k_t^{R_1} &= -\beta \theta_t^S \theta_t^I - \gamma \theta_t^I, \\ k_t^{I_2} &= -\beta[\theta_t^S + 0,5k_t^{S_1}][\theta_t^I + 0,5k_t^{I_1}] - \gamma[\theta_t^I + 0,5k_t^{I_1}], \\ k_t^{I_3} &= -\beta[\theta_t^S + 0,5k_t^{S_2}][\theta_t^I + 0,5k_t^{I_2}] - \gamma[\theta_t^I + 0,5k_t^{I_2}], \\ k_t^{I_4} &= -\beta[\theta_t^S + k_t^{S_3}][\theta_t^I + k_t^{I_3}] - \gamma[\theta_t^I + k_t^{I_3}]; \end{aligned}$$

Denote el conjunto de parámetros del modelo mediante $\tau = (\beta, \gamma, \theta_0, \lambda, \kappa)^T$, que se estimará utilizando el método MCMC.

Un método alternativo para aproximar la solución al modelo SIR es el método de Euler. El método de Euler, sin embargo, se sabe que es inestable, mientras que el método RK4 es estable para una amplia gama de SIR parametrizado y condiciones iniciales, sin dejar de ser fácil de implementar. Las opciones de distribución Beta y Dirichlet en las ecuaciones obedecen a las restricciones de apoyo. Para las ecuaciones (3.23) y (3.24), la observación

3.3. MODELO EPIDEMIOLÓGICO SIR ESPACIO-ESTADO

$y_t^I \in [0, 1]$ y $y_t^R \in [0, 1]$, respectivamente.

Las distribuciones beta son opciones naturales para modelar datos restringidos al intervalo $[0, 1]$. Si $X \sim \text{Beta}(\eta_1, \eta_2)$ con $\eta_1 > 0, \eta_2 > 0$, entonces

$$E(X) = \frac{\eta_1}{\eta_1 + \eta_2}$$

$$\text{Var}(X) = \frac{\eta_1 \eta_2}{(\eta_1 + \eta_2)^2 (\eta_1 + \eta_2 + 1)}$$

Para la ecuación observada de DBSSM con $\eta_1 = \lambda^I \theta_t^I$ y $\eta_2 = \lambda^I (1 - \theta_t^I)$ tendríamos,

$$E(y_t^I | \theta_t, \phi) = \theta_t^I$$

$$\text{Var}(y_t^I | \theta_t, \phi) = \frac{\theta_t^I (1 - \lambda^I \theta_t^I)}{1 + \lambda^I}$$

La condición de y_t es imparcial para el estado latente y_t es en función de θ_t^I y λ^I para el caso de los infectados y para el de los removidos θ_t^R y λ^R . El parámetro λ^I desempeña un papel en el control de la varianza, pero no juega un papel en la esperanza condicional. Como λ^I tiende hacia el infinito, la varianza condicional (es decir, el error de medición) de y_t tiende a cero. También tenga en cuenta que para una λ^I fija, el error de medición aumenta al aumentar $\theta_t^I \in [0, 0,5]$

La distribución de Dirichlet es una elección natural para modelar datos con valores vectoriales sujetos a ser positivos y equilibrados.

Si $(X_1, \dots, X_p) \sim \text{Dirichlet}(\alpha_1, \dots, \alpha_p)$ con $\alpha_j > 0$ para todo $j = 1, 2, \dots, p$ entonces

$$E(X_j) = \frac{\alpha_j}{\sum_{i=1}^p \alpha_i}$$

$$\text{Var}(X_j) = \frac{\alpha_j (\sum_{i=1}^p \alpha_i) \alpha_1 - \alpha_j}{(\sum_{i=1}^p \alpha_i)^2 (1 + \sum_{i=1}^p \alpha_i)}$$

Una parametrización alternativa de los conjuntos de distribución de Dirichlet $\kappa = \sum_{j=1}^p \alpha_j$ y $\alpha_j^* = \kappa^{-1} \alpha_j$ suponiendo que $\sum_{j=1}^p \alpha_j^* = 1$. Entonces para

3.3. MODELO EPIDEMIOLÓGICO SIR ESPACIO-ESTADO

$(X_1, \dots, X_p) \sim \text{Dirichlet}(\kappa\alpha_1^*, \dots, \kappa\alpha_p^*)$ la esperanza y la varianza para X_j se expresan como,

$$E(X_j) = \alpha_j^*$$

$$\text{Var}(X_j) = \frac{\alpha_j^*(1 - \alpha_j^*)}{1 + \kappa}$$

Para la ecuación de estado de DBSSM, establecemos $\alpha_1^* = \alpha_S(t)$, $\alpha_2^* = \alpha_I(t)$, $\alpha_3^* = \alpha_R(t)$.

Basados en los parámetros de la distribución Dirichlet, tendremos que,

$$E(\alpha_t | \alpha_{t-1}, \phi) = (\alpha_S(t-1), \alpha_I(t-1), \alpha_R(t-1))'$$

$$\begin{pmatrix} \text{Var}(S(t) | \theta_{t-1}, \phi) \\ \text{Var}(I(t) | \theta_{t-1}, \phi) \\ \text{Var}(R(t) | \theta_{t-1}, \phi) \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \frac{\alpha_S(t)(1 - \alpha_S(t))}{1 + \kappa} \\ \frac{\alpha_I(t)(1 - \alpha_I(t))}{1 + \kappa} \\ \frac{\alpha_R(t)(1 - \alpha_R(t))}{1 + \kappa} \end{pmatrix}$$

donde $\alpha_S(t) + \alpha_I(t) + \alpha_R(t) = 1$

Capítulo 4

Análisis de los datos de COVID-19 en El Salvador

4.1. Modelo epidemiológico con tasa de transmisión variable en el tiempo

El modelo epidemiológico básico con tasas de transmisión constantes en el modelo SIR ecuación (3.26) no refleja la realidad, donde se han aplicado niveles de cuarentenas. Muchas formas de intervenciones humanas que están alterando la tasa de transmisión a lo largo del tiempo que incluyen:

- Medidas de protección a nivel individual, como usar mascarillas y caretas, usar alcohol gel, tomar aislamiento en el hogar y distanciamiento social en lugares públicos.
- Cuarentenas a nivel comunitario, hospitalización y aislamiento para casos infectados, bloqueo de municipios, control de tráfico y actividades sociales restringidas, etc.

Además, el virus en sí puede mutar para evolucionar, por lo que aumenta la tasa potencial de casos asintomáticos es decir falsos negativos en el diagnóstico de la enfermedad. Como resultado, algunos portadores de virus individuales no están contenidos. Por lo tanto, la velocidad de transmisión β , de hecho, varía con el tiempo, lo que debe tenerse en cuenta en el modelado.

4.1. MODELO EPIDEMIOLÓGICO CON TASA DE TRANSMISIÓN VARIABLE EN EL TIEMPO

Figura 4.1: Un modelo SIR extendido.



Una extensión del modelo epidemiológico básico anterior es permitir una probabilidad variable en el tiempo de que una persona susceptible se encuentre con una persona infectada o viceversa. Suponga que en un momento t , $q^S(t) \in [0, 1]$ es la posibilidad de que una persona en riesgo esté aislada en el hogar, y $q^I \in [0, 1]$ es la posibilidad de que una persona infectada esté en cuarentena en el hospital. Por lo tanto, la posibilidad de transmisión de la enfermedad cuando una persona en riesgo se encuentra con una persona infectada se modifica como:

$$\beta\{1 - q^S(t)\} \theta_t^S \{1 - q^I(t)\} \theta_t^I := \beta\pi(t) \theta_t^S \theta_t^I,$$

con $\pi(t) := \{1 - q^S(t)\} \{1 - q^I(t)\} \in [0, 1]$. En efecto, este $\pi(t)$ modifica la posibilidad de que una persona susceptible se reúna con una persona infectada o viceversa, lo que se denomina como un modificador de transmisión debido a la cuarentena. Obviamente, sin cuarentena, $\pi(t) = 1$ para cualquier tiempo t , figura 4.1. Esto da como resultado un nuevo modelo SIR con un modificador de velocidad de transmisión variable en el tiempo:

$$\frac{d\theta_t^S}{dt} = -\beta\pi(t)\theta_t^S \theta_t^I, \quad \frac{d\theta_t^I}{dt} = \beta\pi(t)\theta_t^S \theta_t^I - \gamma\theta_t^I \quad \text{y} \quad \frac{d\theta_t^R}{dt} = \gamma\theta_t^I \quad (4.1)$$

donde el término del producto $\beta\pi(t)$ define una tasa de transmisión realista que refleja las medidas de cuarentena actualmente aplicadas de todos los nivel. Tenga en cuenta que el modelo SIR extendido anterior supone principalmente que tanto la probabilidad a nivel de población de ser susceptible como la probabilidad a nivel de población de ser infectado siguen siendo las mismas, pero la probabilidad de que una persona susceptible se reúna con una persona infectada se reduce en $\pi(t)$.

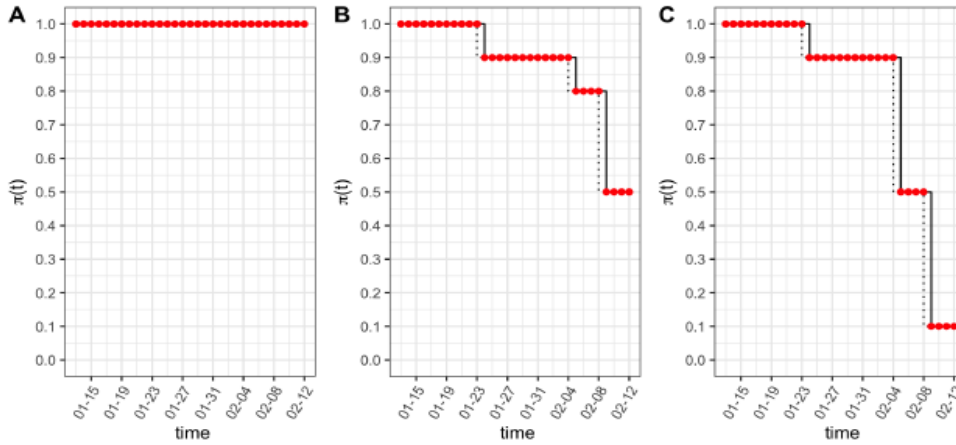
4.1. MODELO EPIDEMIOLÓGICO CON TASA DE TRANSMISIÓN VARIABLE EN EL TIEMPO

El modificador de velocidad de transmisión $\pi(t)$ debe especificarse de acuerdo con los protocolos de cuarentena reales en una región determinada. Una posible elección de $\pi(t)$ puede ser una función escalonada que refleje medidas de aislamiento, a continuación se muestra un ejemplo de una función seccionada, con algunos vectores de probabilidad:

Escenario 4.1.1

$$\pi(t) = \begin{cases} \pi_{01}, & \text{si } t \geq 23 \text{ enero } 2020, \text{ no hay protocolo de cuarentena,;} \\ \pi_{02}, & \text{si } t \in (23 \text{ enero } 2020, 4 \text{ febrero } 2020] \text{ bloqueo de la ciudad;} \\ \pi_{03}, & \text{si } t \in (4 \text{ febrero } 2020, 8 \text{ febrero } 2020], \text{ Cuarentena mejorada;} \\ \pi_{04}, & \text{si } t > 8 \text{ febrero } 2020, \text{ apertura de nuevos hospitales.} \end{cases}$$

Figura 4.2: El modificador de velocidad de transmisión toma diferentes formas de funciones escalonadas bajo diferentes medidas de cuarentena a lo largo del tiempo. Las gráficas de A a C indican $\pi_0 = (\pi_{01}, \pi_{02}, \pi_{03}, \pi_{04})$ igual a $(1, 1, 1, 1)$, $(1, 0.9, 0.8, 0.5)$ y $(1, 0.9, 0.5, 0.1)$ con puntos de cambio de tiempo (23 enero, 4 febrero, 8 febrero) respectivamente.



Cuando $\pi_0 = (\pi_{01}, \pi_{02}, \pi_{03}, \pi_{04})$ se eligen con diferentes valores, como se muestra en la Figura 4.2, obtenemos diferentes tipos de modificadores de velocidad de transmisión alineados con diferentes protocolos de cuarentena. Técnicamente, la función aproximada de f de Runge-Kutta, se puede

obtener fácilmente reemplazando β por $\beta\pi(t)$ en la especificación del mo-

delo de prevalencia latente (3.25) y, además, en todas las cantidades y pasos en la implementación de MCMC.

4.2. Implementación: Algoritmo de Cadenas de Markov Monte Carlo

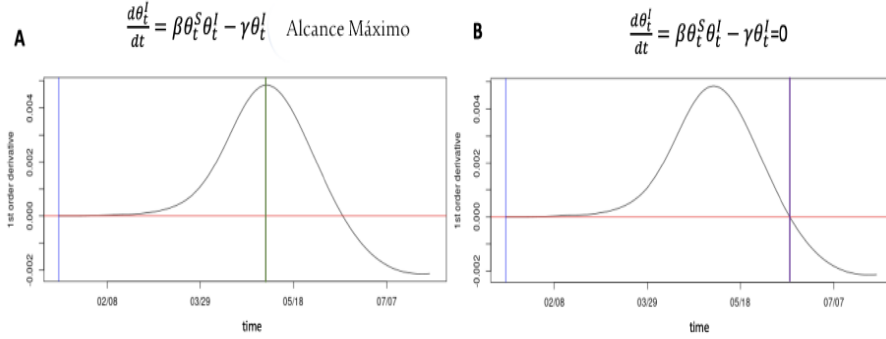
La implementación del algoritmo MCMC para recopilar sorteos de las distribuciones posteriores y obtener estimaciones e intervalos de confianza de los parámetros desconocidos en los modelos anteriores especificados en la Sección 3.3.

Los muestreos MCMC latentes son muestreados y pronosticados por MCMC, particularmente para la prevalencia de infección y la probabilidad de eliminación, θ_t^I y θ_t^R , lo que nos permite determinar los puntos de interés y el número de reproducción R_0 .

El primer punto de inflexión de interés es el momento en que el número diario de nuevos casos infectados deja de aumentar. Matemáticamente, esto corresponde al tiempo t en el cual: $\ddot{\theta}_t^I = 0$ o el gradiente de $\dot{\theta}_t^I$ es cero, como se ilustra en el Panel A en la Figura 4.3, está marcado por una línea verde, el pico de $\dot{\theta}_t^I$, denotado por la línea verde vertical, es el primer punto de inflexión de interés. El segundo punto de inflexión es el momento en que los casos infectados acumulados alcanzan su máximo, lo que significa $\dot{\theta}_t^I = 0$. En principio, el segundo punto de inflexión ocurre solo después del primero, como se muestra en el Panel B en la Figura 4.3.

4.2. IMPLEMENTACIÓN: ALGORITMO DE CADENAS DE MARKOV MONTE CARLO

Figura 4.3:



El número de reproducción R_0 de una enfermedad infecciosa se estima mediante la relación $R_0 = \beta/\gamma$, donde β y γ se estiman a partir de sus distribuciones posteriores.

Debido a que se considera el compartimento de cuarentena, R_0 puede cambiar de acuerdo con las formas de los protocolos de cuarentena.

Adoptamos un algoritmo MCMC estándar para dibujar el proceso latente. Sea t_0 el tiempo actual hasta el cual hemos observado los datos $(Y_{0:t_0}^I, Y_{0:t_0}^R)$.

Para realizar M sorteos de $Y_{0:t_0}^I, Y_{0:t_0}^R$ para $t \in [t_0 + 1, T]$, nosotros procedemos de la siguiente manera:

para cada $m = 1, \dots, M$,

- (1) traza $\theta_t^{(m)}$ de la posterior $[\theta_t | \theta_{t-1}^{(m)}, \tau^{(m)}]$ del proceso de prevalencia, en $t = t_0 + 1, \dots, T$;
- (2) traza $(Y_t^{I(m)}, Y_t^{R(m)})$ de $[Y_t^I | \theta_t^{(m)}, \tau^{(m)}]$ y $[Y_t^R | \theta_t^{(m)}, \tau^{(m)}]$ de acuerdo con el proceso observado, en $t = t_0 + 1, \dots, T$, respectivamente

Las distribuciones anteriores se especifican con algunos de los hiperparámetros que se establecen de acuerdo con los datos del SARS de Hong Kong

$$\begin{aligned} \theta_0^I &\sim \text{Beta}(1, (\gamma_1^I)^{-1}), \theta_0^S \sim \text{Beta}(1, (\gamma_1^R)^{-1}), \theta_0^R = 1 - \theta_0^S - \theta_0^I; \\ R_0 &\sim \text{Log N}(1,099, 0,096) \text{ con } E(R_0) = 3,15, SD(R_0) = 1; \\ \gamma &\sim \text{Log N}(-2,955, 0,0910) \text{ con } E(\gamma) = 0,0117, SD(\gamma) = 0,1, \beta = R_0 \gamma; \\ \kappa &\sim \text{Gamma}(2, 0,0001), \lambda^I \sim \text{Gamma}(2, 0,0001), \lambda^R \sim \text{Gamma}(2, 0,0001) \end{aligned}$$

- (1) Given M draws from $[\theta_{1:t'}, \phi | Y_{1:t'}]$,
- (2) For $m = 1, \dots, M$:
- (3) For $t = t' + 1, t' + 2, \dots, T$:
- (4) Draw $\theta_t^{(m)}$ from $[\theta_t | \theta_{t-1}^{(m)}, \phi^{(m)}]$,
- (5) Draw $Y_t^{(m)}$ from $[Y_t | \theta_t^{(m)}, \phi^{(m)}]$,
- (6) Then $Y_{(t'+1):T}^{(m)} = (Y_{t'+1}^{(m)}, Y_{t'+2}^{(m)}, \dots, Y_T^{(m)})^T$ constitutes a draw from $[Y_{(t'+1):T} | Y_{1:t'}]$.

Figura 4.4: Algoritmo MCMC

En la configuración predeterminada, las variaciones de las distribuciones anteriores se establecen en valores relativamente grandes para reflejar el hecho de que el conocimiento previo limitado de estos parámetros del modelo epidemiológico está disponible. Cuando se puede acceder a más información durante el curso de la pandemia, se pueden usar valores de varianza anteriores más pequeños, lo que lleva a intervalos creíbles más estrictos para los parámetros y puntos de inflexión del modelo.

4.3. Interpretación de los resultados del modelo

Aplicamos el modelo MCMC, usando la función `tvt.eSIR`, (donde puede leer el artículo [1] citado en la bibliografía) con tasa de transición variable en el tiempo $\pi(t)$, para analizar los datos de COVID-19 recopilados del sitio web público del gobierno de El Salvador¹, donde el primer caso por coronavirus que se identificó en el país fue el 18 de marzo del 2020, y se dió seguimiento del avance de los casos y de las distintas medidas que el gobierno Salvadoreño ejecutó desde antes del primer caso, esto ayudó a que el virus no se propagara tan rápidamente como en otros países, mostramos en este capítulo esos distintos escenarios en los que se intervino con distintas fases de cuarentenas; estrictas y moderadas, así como también mostramos escenarios para ver el comportamiento de casos hipotéticos según distintas fases propuestas para la reapertura de la economía en el país, también simulamos escenarios según avance de personas vacunas. Estos distintos escenarios, nos muestran el impacto que tendrían en el nú-

¹<https://covid19.gob.sv>

4.3. INTERPRETACIÓN DE LOS RESULTADOS DEL MODELO

mero de casos infectados según las proporciones de personas que pudieran tener contacto entre ellas, según en cada etapa o rango de fechas en la función $\pi(t)$, si se ejecuta el modelo con $\pi(t) = 1$ sería un modelo SIR básico sin restricciones de cuarentenas ni protocolos de seguridad para evitar propagación del virus.

Se presenta el primer escenario

Escenario 4.3.1

$$\pi(t) = \begin{cases} \pi_{01}, & \text{si } t \leq 11 \text{ marzo } 2020, \text{ no hay protocolo de cuarentena, ;} \\ \pi_{02}, & \text{si } t \in (11 \text{ marzo } 2020, 16 \text{ marzo } 2020] \text{ Cuarentena y} \\ & \text{suspensión de clases escuelas y Universidades ;} \\ \pi_{03}, & \text{si } t \in (16 \text{ marzo } 2020, 20 \text{ marzo } 2020], \text{ Cierre fronteras y aeropuertos;} \\ \pi_{04}, & \text{si } t > 20 \text{ marzo } 2020, \text{ Cuarentena Domiciliar y cierre de empresas.} \end{cases}$$

Probamos para la función del (Escenario 4.3.1) con vectores de probabilidad π_0 correspondientes a $(1, 0.9, 0.8, 0.5)$ y $(1, 0.9, 0.5, 0.1)$

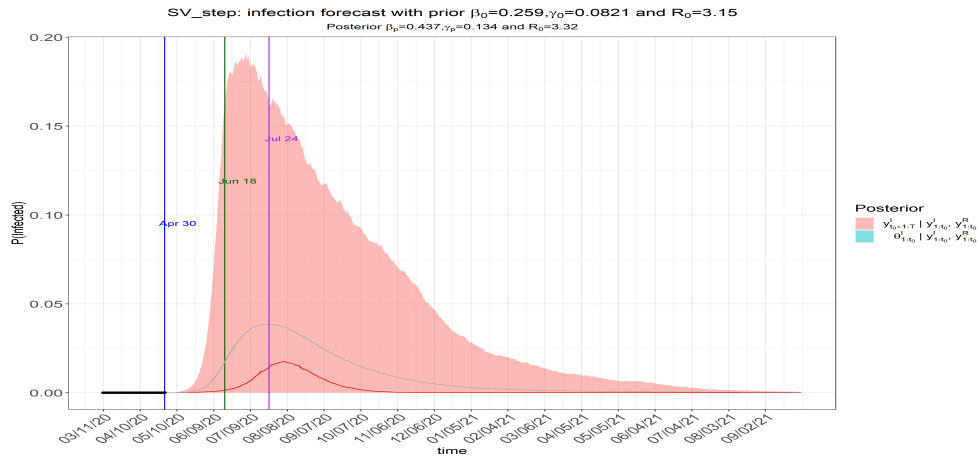
Estos vectores se definieron tomando en cuenta las probabilidades de ser infectado según las restricciones de la cuarentena, por ejemplo el primer valor de 1 hace referencia a la probabilidad de ser infectado antes del 11 de Marzo, como mencionábamos anteriormente una pandemia sin restricciones de cuarentena se puede aplicar el modelo SIR básico, que es equivalente a tomar la función constante $\pi = 1$, es decir, todo el vector de probabilidad sería igual a 1, y teniendo en cuenta que antes de esa fecha no había ninguna restricción en esta simulación le asignamos probabilidad 1 y después del 11 se inició con las medidas de cuarentena la probabilidad de una persona susceptible se encuentre con una infectada se reduce, de ahí que vamos variando la función según el tipo de restricción.

Los resultados para el Escenario 4.3.1 y tomando en cuenta los 2 vectores de probabilidad se obtiene los resultados, aplicados a la función $\text{tvteSIR}()$

4.3. INTERPRETACIÓN DE LOS RESULTADOS DEL MODELO

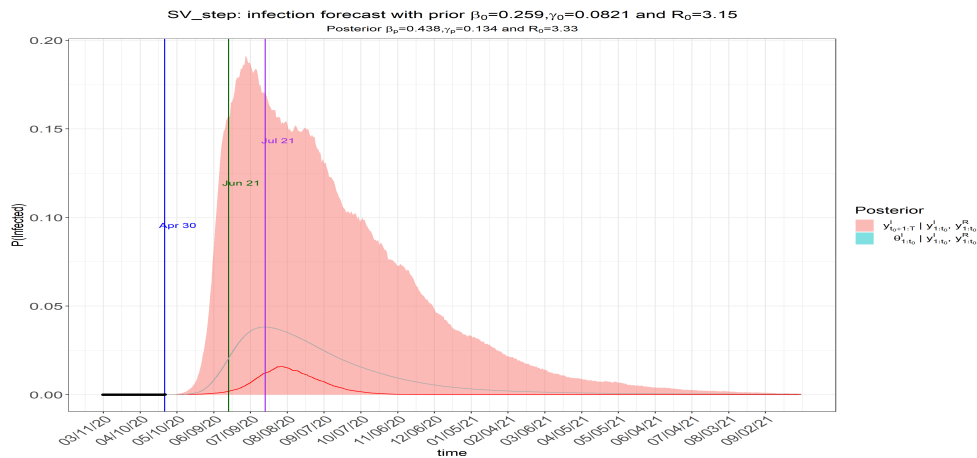
- Vector 1

$$\pi_0 = (1, 0.9, 0.8, 0.5)$$



- Vector 2

$$\pi_0 = (1, 0.9, 0.5, 0.1)$$



En estos escenarios de pronóstico de los compartimentos infectados, los puntos negros que están antes de la línea vertical azul indican las proporciones observadas de infectados hasta la última fecha de observaciones disponibles. Es decir, la línea vertical azul marca el tiempo t_0 (último dato observado) como se define en la Sección 4.2, para las gráficas del vector 1 y vector 2 el último dato observado es el 30 de abril de 2020. Las líneas verticales verde y púrpura indican el primer y el segundo punto de inflexión, respectivamente.

El primer punto de inflexión para la gráfica del vector 1 es el 18 de Junio y para la gráfica del vector 2 el 24 de Julio, ambas del año 2020, mientras que el segundo punto de inflexión para la gráfica del vector 1 es el 24 de Junio y para la gráfica del vector 2 el 21 de Julio. El área de color salmón denota el intervalo de confianza del 95% de las proporciones pronosticadas Y_t^I después de t_0 , mientras que el área de color cian representa los intervalos de confianza del 95% de la prevalencia (θ_t^I) antes del tiempo t_0 . La curva gris y roja representa la media y mediana posteriores respectivamente.

4.4. Simulaciones bajo cuarentena variable en el tiempo aplicado en El Salvador

Tomando en cuenta siempre el Escenario 4.3.1, ahora con último dato observado 1 de Mayo 2020 y tomando en cuenta otros vectores de probabilidad, para poder mostrar distintos simulaciones con vectores distintos, para mostrar diferentes situaciones que pudieran suceder, según el número de personas expuestas.

Variamos el vector de probabilidad π con el fin de mostrar cual sería el número máximo de casos o como se comportaría el final de la pandemia en cada vector. $\pi = (\pi_{01}, \pi_{02}, \pi_{03}, \pi_{04})$

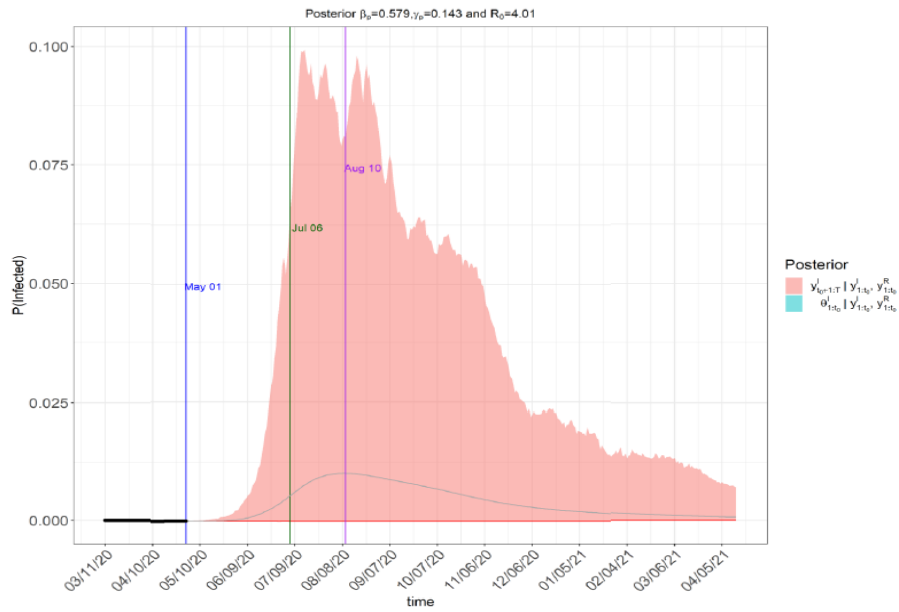
- Vector 1
 $\pi = (1.0, 0.8, 0.5, 0.3)$

En la gráfica, para el vector 1 se observa el primer punto de inflexión el 6 de Julio 2020, con una media de 34,796 infectados y una mediana de 125 infectados.

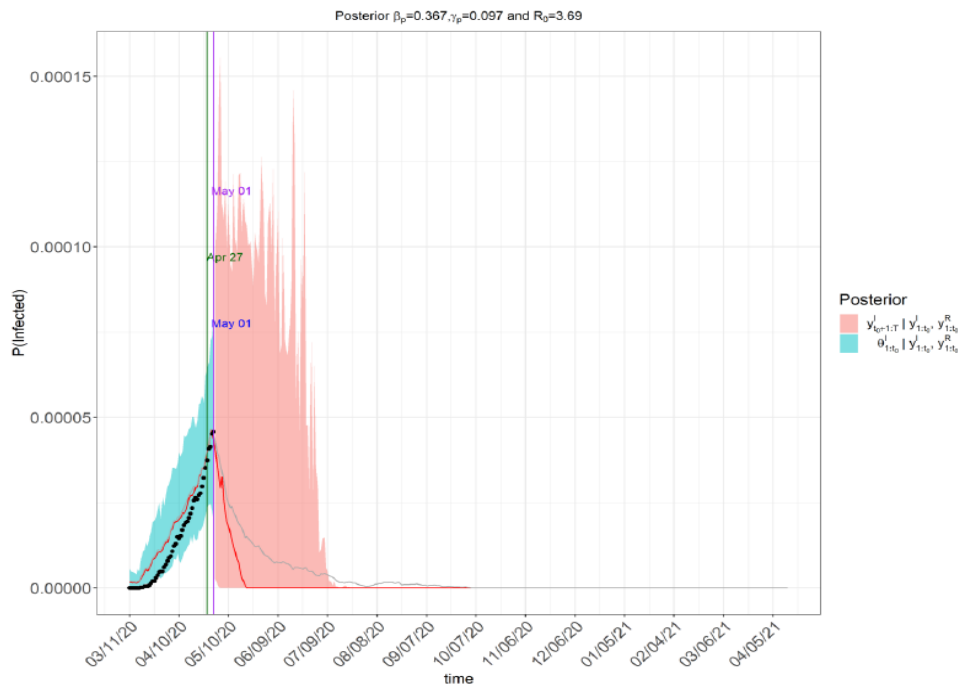
El segundo punto de inflexión para el 10 de Agosto 2020, donde estaría el máximo donde tenemos una media de 65,031 infectados y una mediana de 0 infectados.

Y en el peor de los casos, con un intervalo de confianza del 95%, tendremos un máximo de 609,995 contagios para el 17 de Agosto 2020.

4.4. SIMULACIONES BAJO CUARENTENA VARIABLE EN EL TIEMPO APLICADO EN EL SALVADOR



- Vector 2
 $\pi = (1.0, 0.5, 0.3, 0.1)$



En la gráfica, para el vector 2 se observa el primer punto de inflexión

4.4. SIMULACIONES BAJO CUARENTENA VARIABLE EN EL TIEMPO APLICADO EN EL SALVADOR

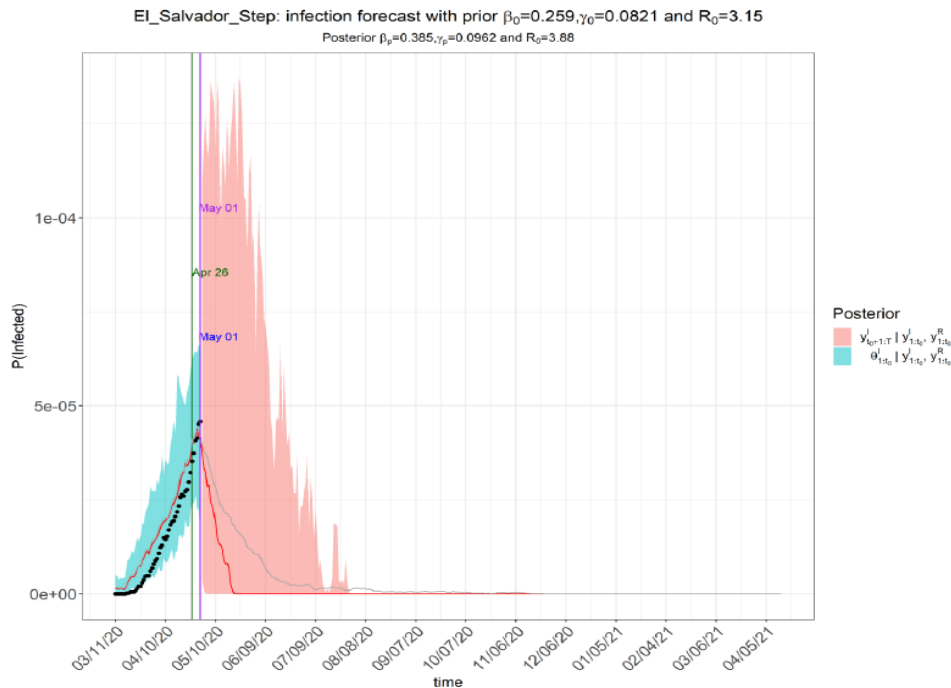
el 27 de Abril 2020, con una media de 259 infectados y una mediana de 253 infectados.

El segundo punto de inflexión para este vector está para el 1 de Mayo 2020, donde estaría el máximo con una media de 287 infectados y una mediana de 260 infectados.

Y en el peor de los casos, con un intervalo de confianza del 95 % tendremos un máximo de 963 contagios para el 3 de Mayo 2020.

■ Vector 3

$$\pi = (0.8, 0.6, 0.4, 0.2)$$



En este escenario, con el vector 3 mostramos un escenario en el que el primer valor es 0.8 se toma en cuenta que para el 11 de Marzo se inició el estado de cuarentena, podríamos decir que no es una tasa de transmisión de 1 porque el virus aún no estaba dentro del país la tasa de contagio debe ser más baja, en la gráfica, para este vector 3 se observa el primer punto de inflexión el 26 de Abril 2020 con una media de 275 infectados y una mediana de 257 infectados.

En el segundo punto de inflexión esta para el 1 de Mayo 2020, donde estaría el máximo con una media de 277 infectados y una mediana de

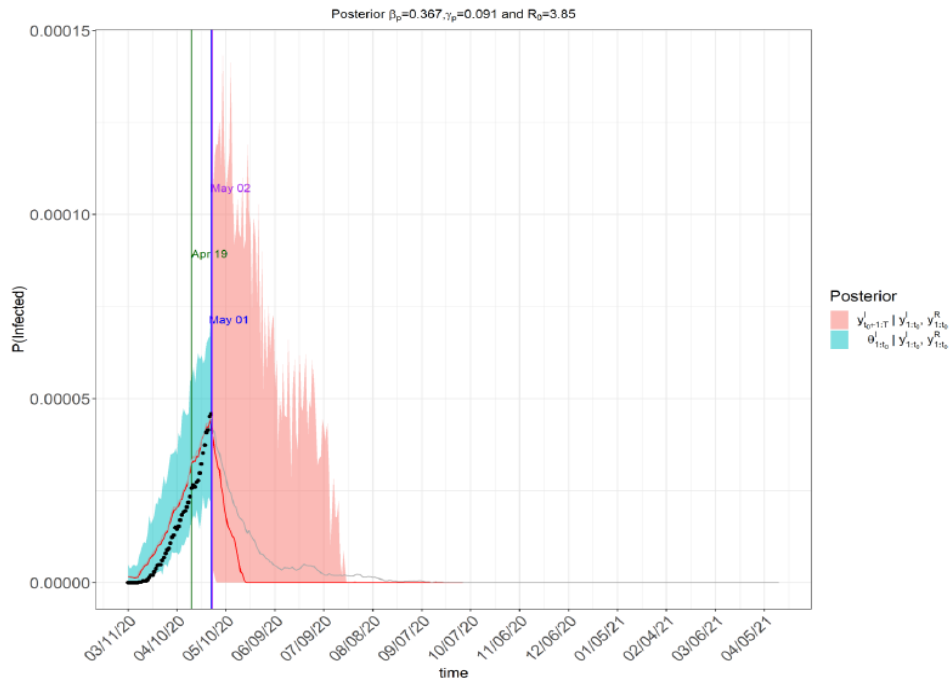
4.4. SIMULACIONES BAJO CUARENTENA VARIABLE EN EL TIEMPO APLICADO EN EL SALVADOR

281 infectados.

Y en el peor de los casos con un intervalo de confianza del 95 %, tendremos un máximo de 8433 contagios para el 9 de Junio 2020.

- Vector 4

$$\pi = (0.6, 0.5, 0.3, 0.1)$$



En la gráfica, para el vector 4 se observa el primer punto de inflexión el 19 de Abril 2020, con una media de 200 infectados y una mediana de 209 infectados.

El segundo punto de inflexión se da para el 2 de Mayo donde estaría el máximo con una media de 283 infectados y una mediana de 284 infectados.

Y en el peor de los casos con un intervalo de confianza del 95 % tendremos un máximo de 835 contagios para el 25 de mayo 2020.

Notar que en esta simulación se presenta un vector bastante estricto con una situación donde podría estar bien controlado la situación de contagios en la pandemia, por eso vemos un final como en Agosto de 2020, obviando mutaciones del virus nuevas variantes, etc.

4.4. SIMULACIONES BAJO CUARENTENA VARIABLE EN EL TIEMPO APLICADO EN EL SALVADOR

Se presentan a continuación otros escenarios simulando las distintas fases de cuarentena que se implementaron por el Gobierno central, considerando distintos valores para el vector $\pi(t)$ para ello se estimó las proporciones de personas expuestas en cada fase de cuarentena.

Escenario 4.4.1

$$\pi(t) = \begin{cases} \pi_{01}, & \text{si } t \leq 17 \text{ marzo } 2020, \text{ sin cuarentena, ;} \\ \pi_{02}, & \text{si } t \in (17 \text{ marzo } 2020, 20 \text{ marzo } 2020] \text{ Cuarentena y} \\ & \text{suspensión de clases escuelas y Universidades ;} \\ \pi_{03}, & \text{si } t \in (20 \text{ marzo } 2020, 6 \text{ abril } 2020], \text{ Aglomeración en los CENADE;} \\ \pi_{04}, & \text{si } t > 6 \text{ abril } 2020, \text{ apertura completa.} \end{cases}$$

Para este escenario mostramos 3 vectores de probabilidad distintas para la función π , donde esta función agregamos un intervalo de tiempo "Aglomeración en los CENADE" donde se hizo entrega de apoyo económico a familias afectadas por la cuarentena, esto hizo que una gran cantidad de personas llegara a los Centros de Atención por Demanda del Ministerio de Economía (Cenade) y a distintas sucursales bancarias, aumentando así el riesgo de contagio de coronavirus en la población, para este intervalo aumentamos la probabilidad de contagio para ver el efecto en las gráficas, y siempre estimando la proporción de personas expuestas en cada intervalo de fechas $\pi = (\pi_{01}, \pi_{02}, \pi_{03}, \pi_{04})$, siempre trabajamos con la misma base con último dato observado el 1 de mayo de 2020

- Vector 1

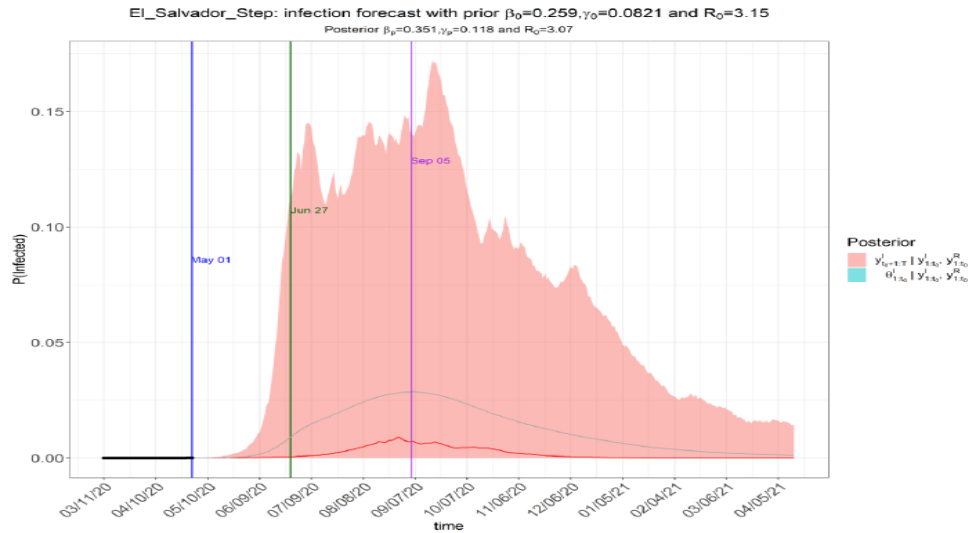
$$\pi = (1.0, 0.85, 0.95, 0.5)$$

En la gráfica, para el vector 1 se observa el primer punto de inflexión el 27 de Junio 2020, con una media de 55,092 infectados y una mediana de 3,595 infectados.

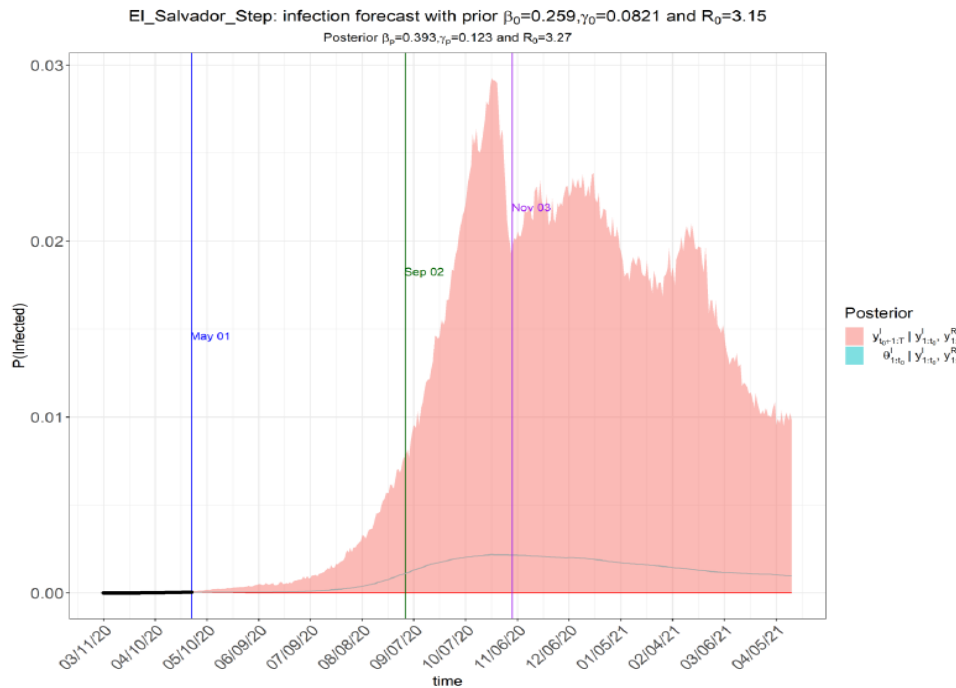
El segundo punto de inflexión el 5 de septiembre donde estaría el máximo con una media de 183,910, infectados y una mediana de 45,855 infectados.

Y en el peor de los casos con un intervalo de confianza del 95 % tendremos un máximo de 1,155,780, contagios para el 18 de septiembre 2020.

4.4. SIMULACIONES BAJO CUARENTENA VARIABLE EN EL TIEMPO APLICADO EN EL SALVADOR



- Vector 2
 $\pi = (1.0, 0.7, 0.95, 0.3)$



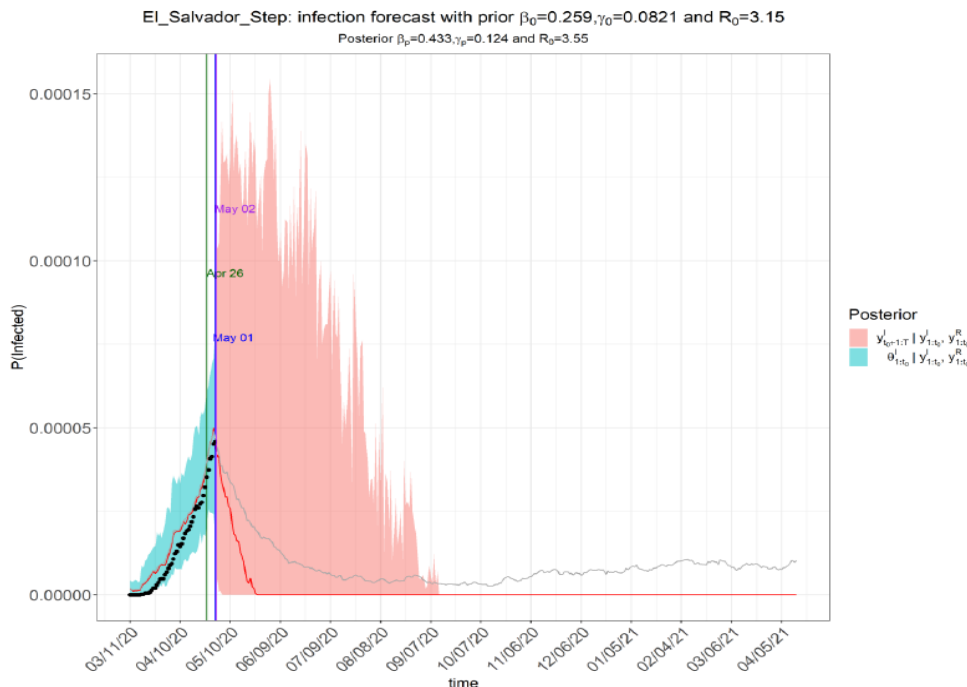
Para la gráfica, del vector 2 se observa el primer punto de inflexión el 2 de Septiembre 2020, con una media de 7,225 infectados y una mediana de 0 infectados.

4.4. SIMULACIONES BAJO CUARENTENA VARIABLE EN EL TIEMPO APLICADO EN EL SALVADOR

El segundo punto de inflexión para el 3 de noviembre 2020 donde estaría el máximo con una media de 13,805 infectados y una mediana de 0 infectados.

Y en el peor de los casos con un intervalo de confianza del 95%, tendremos un máximo de 186,209 contagios para el 25 de octubre 2020.

- Vector 3
 $\pi = (1.0, 0.6, 0.75, 0.2)$



La gráfica, para el vector 3, se observa el primer punto de inflexión el 26 de abril 2020 con una media de 258 infectados y una mediana de 254 infectados.

El segundo punto de inflexión para el 2 de Mayo 2020 donde estaría el máximo con una media de 285 infectados y una mediana de 271 infectados.

Y en el peor de los casos con un intervalo de confianza del 95% tendremos un máximo de 963 contagios para el 5 de Junio 2020.

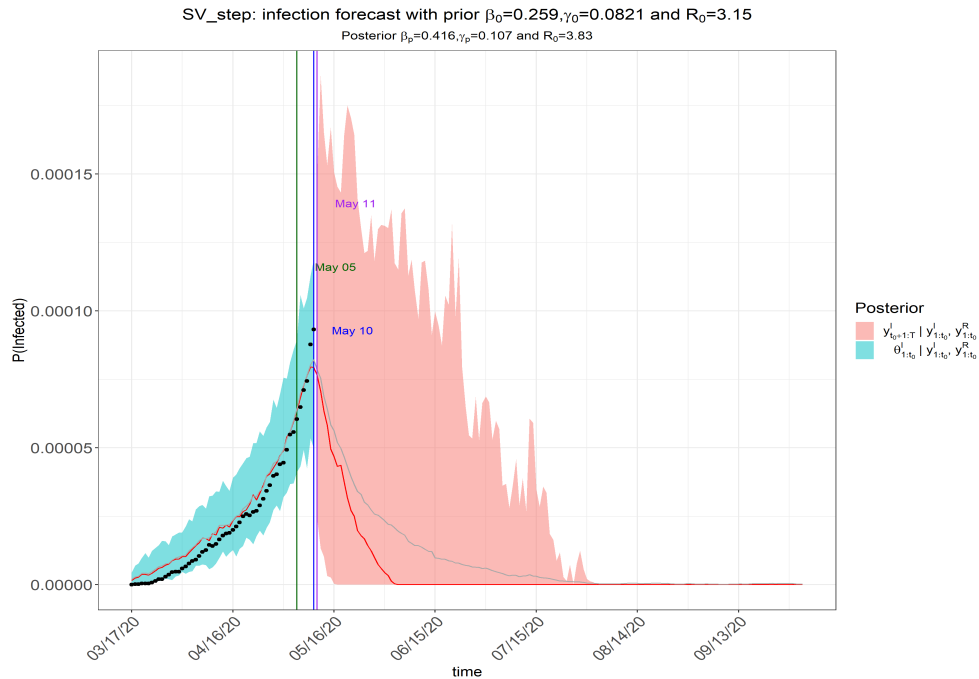
4.4. SIMULACIONES BAJO CUARENTENA VARIABLE EN EL TIEMPO APLICADO EN EL SALVADOR

Escenario 4.4.2

$$\pi(t) = \begin{cases} \pi_{01}, & \text{si } t \leq 17 \text{ marzo } 2020, \text{ sin cuarentena, ;} \\ \pi_{02}, & \text{si } t \in (17 \text{ marzo } 2020, 20 \text{ marzo } 2020] \text{ Cuarentena y} \\ & \text{suspensión de clases escuelas y Universidades ;} \\ \pi_{03}, & \text{si } t \in (20 \text{ marzo } 2020, 30 \text{ marzo } 2020] \text{ cuarentena domiciliar obligatoria;} \\ \pi_{04}, & \text{si } t \in (30 \text{ marzo } 2020, 22 \text{ abril } 2020], \text{ efecto CENADE ;} \\ \pi_{05}, & \text{si } t \in (22 \text{ abril } 2020, 6 \text{ mayo } 2020], \text{ cuarentena domiciliar obligatoria ;} \\ \pi_{06}, & \text{si } t \geq 7 \text{ abril } 2020, \text{ máxima restricción.} \end{cases}$$

■ Vector 1

$$\pi = (0.9, 0.6, 0.23, 0.46, 0.23, 0.08)$$



Como último dato observado para es para este vector 1, tenemos hasta el 10 de mayo de 2020 donde el primer punto de inflexión (línea verde) está al 5 de Mayo 2020 con una media (Curva gris) de 420 y una mediana (curva roja) de 422 casos activos infectados, para este día los casos activos reales fueron de 399.

El segundo punto de inflexión (Línea purpura): Sería el 11 de Mayo 2020 donde estaría el máximo con una media de 517 y una mediana 504 casos activos de infectados.

Y el mínima número de contagios estaríamos viéndolo el 20 de Julio 2020

4.5. Simulaciones con fechas de reapertura de la economía en El Salvador

A las autoridades de un país así como al sistema de salud y economía les interesa saber los distintos escenarios que se pueden presentar al iniciar la reapertura de la economía después de una cuarentena estricta, con estrategias de que negocios comenciar a abrir a modo de llevar un equilibrio y control de personas que estarán expuestas, y no tener un colapso en el sistema de salud, una buena estrategia puede ser a partir de nuestro modelo, simular los escenarios necesarios para tener este control y eficiencia para no saturar ni el sistema de salud ni afectar la economía, la idea de este contenido es esa mostrar esos escenarios.

Escenario 4.5.1

$$\pi(t) = \begin{cases} \pi_{01}, & \text{si } t \leq 17 \text{ marzo } 2020, \text{ sin cuarentena, ;} \\ \pi_{02}, & \text{si } t \in (17 \text{ marzo } 2020, 20 \text{ marzo } 2020] \text{ Cuarentena y} \\ & \text{suspensión de clases escuelas y Universidades ;} \\ \pi_{03}, & \text{si } t \in (20 \text{ marzo } 2020, 30 \text{ marzo } 2020] \text{ cuarentena domiciliar obligatoria;} \\ \pi_{04}, & \text{si } t \in (30 \text{ marzo } 2020, 22 \text{ abril } 2020], \text{ efecto CENADE ;} \\ \pi_{05}, & \text{si } t \in (22 \text{ abril } 2020, 6 \text{ mayo } 2020], \text{ cuarentena domiciliar obligatoria ;} \\ \pi_{06}, & \text{si } t \in (6 \text{ mayo } 2020, 8 \text{ junio } 2020], \text{ máxima restricción ;} \\ \pi_{08}, & \text{si } t \geq 9 \text{ junio } 2020, \text{ apertura bajo medidas} \end{cases}$$

Los datos para este escenario están actualizados al 28 de Mayo de 2020.

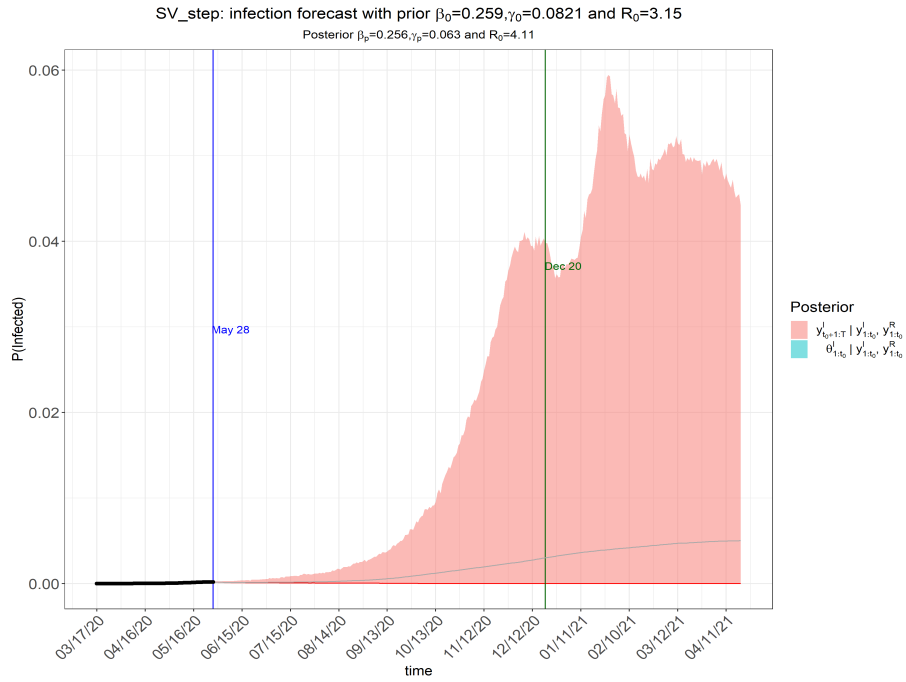
- Vector 1

$$\pi = (0.9, 0.75, 0.46, 0.6, 0.46, 0.12, 0.24)$$

El primer punto de inflexión (línea verde): Sería el 20 de diciembre 2020 con una media (Curva gris) de 19,938 y una mediana (curva roja) de 0 casos activos infectados.

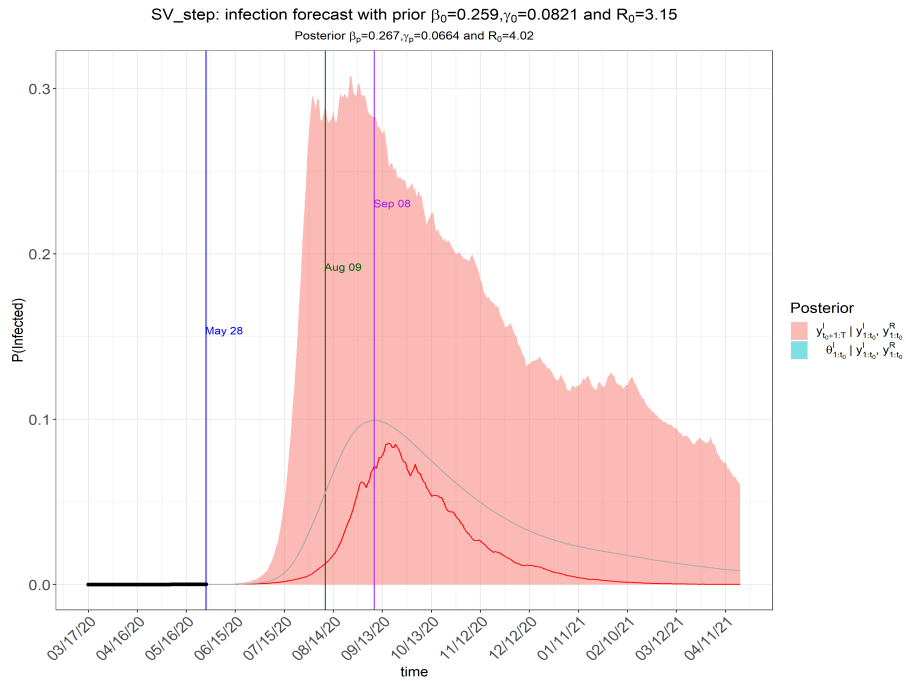
Nota: Los datos están hasta el 28 de Mayo 2020, que es lo que marca la línea azul (el último dato observado) Y en el peor de los casos con un intervalo de confianza del 95% podríamos tener un máximo de 389,400 casos activos para el 25 de Enero 2021

4.5. SIMULACIONES CON FECHAS DE REAPERTURA DE LA ECONOMÍA EN EL SALVADOR



■ **Vector 2**

$$\pi = (0.90, 0.75, 0.46, 0.60, 0.46, 0.12, 0.56)$$

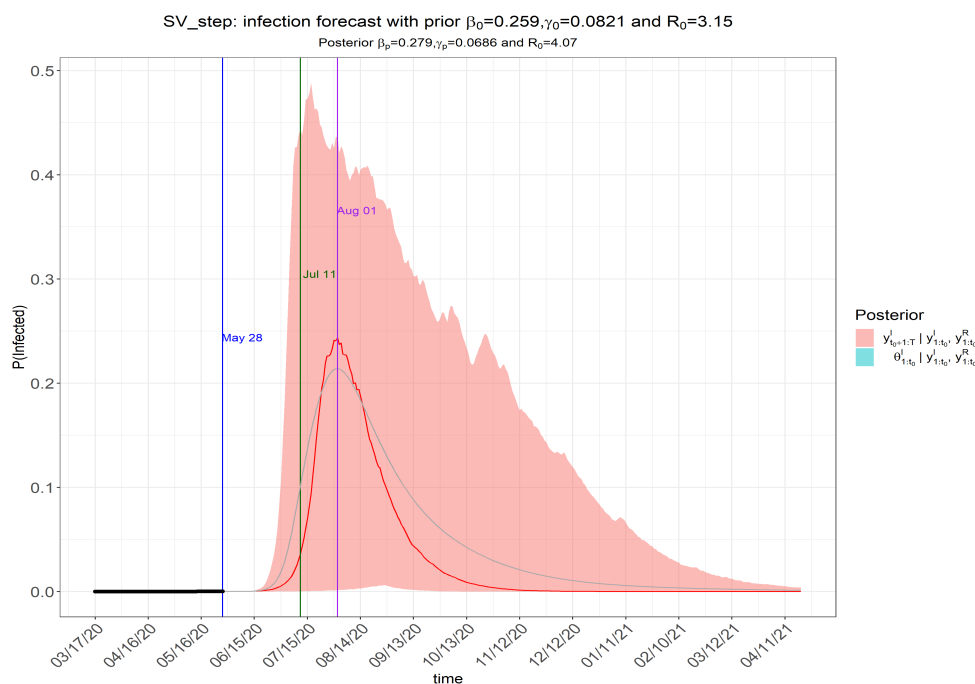


4.5. SIMULACIONES CON FECHAS DE REAPERTURA DE LA ECONOMÍA EN EL SALVADOR

El primer punto de inflexión (línea verde): Sería el 9 de Agosto 2020 con una media (Curva gris) de 384,507 y una mediana (curva roja) de 84,002 casos activos infectados. El segundo punto de inflexión (Línea purpura): Sería el 8 de Septiembre donde estaría el máximo con una media de 655,650 y una mediana 473,992 casos activos de infectados. Pero podríamos tener a lo sumo 1,980,000 casos activos con un intervalo de confianza del 95 %

■ Vector 3

$$\pi = (0.90, 0.75, 0.46, 0.60, 0.46, 0.12, 0.9)$$



El primer punto de inflexión (línea verde): Sería el 11 de Julio 2020 con una media (Curva gris) de 669,701 y una mediana (curva roja) de 239,868 casos activos infectados.

El segundo punto de inflexión (Línea purpura): Sería el 1 de Agosto 2020 donde estaría el máximo tenemos una media de 1,411,640 y una mediana de 1607902 casos activos de infectados. Pero podríamos tener a lo sumo 2,904,000 casos activos con un intervalo de confianza del 95 %.

Y la curva estaría bajando el 11 de abril 2021, a esa fecha ya no tendríamos casos activos

4.5. SIMULACIONES CON FECHAS DE REAPERTURA DE LA ECONOMÍA EN EL SALVADOR

Escenario 4.5.2

$$\pi(t) = \begin{cases} \pi_{01}, & \text{si } t \leq 17 \text{ marzo } 2020, \text{ sin cuarentena, ;} \\ \pi_{02}, & \text{si } t \in (17 \text{ marzo } 2020, 20 \text{ marzo } 2020] \text{ Cuarentena y} \\ & \text{suspensión de clases escuelas y Universidades ;} \\ \pi_{03}, & \text{si } t \in (20 \text{ marzo } 2020, 30 \text{ marzo } 2020] \text{ cuarentena domiciliar obligatoria;} \\ \pi_{04}, & \text{si } t \in (30 \text{ marzo } 2020, 22 \text{ abril } 2020], \text{ efecto CENADE ;} \\ \pi_{05}, & \text{si } t \in (22 \text{ abril } 2020, 6 \text{ mayo } 2020], \text{ cuarentena domiciliar obligatoria ;} \\ \pi_{06}, & \text{si } t \in (6 \text{ mayo } 2020, 15 \text{ junio } 2020], \text{ máxima restricción ;} \\ \pi_{07}, & \text{si } t \in (15 \text{ junio } 2020, 15 \text{ julio } 2020], \text{ apertura estricta;} \\ \pi_{08}, & \text{si } t \in (15 \text{ julio } 2020, 15 \text{ agosto } 2020], \text{ apertura intermedia;} \\ \pi_{09}, & \text{si } t \geq 16 \text{ agosto } 2020, \text{ apertura completa} \end{cases}$$

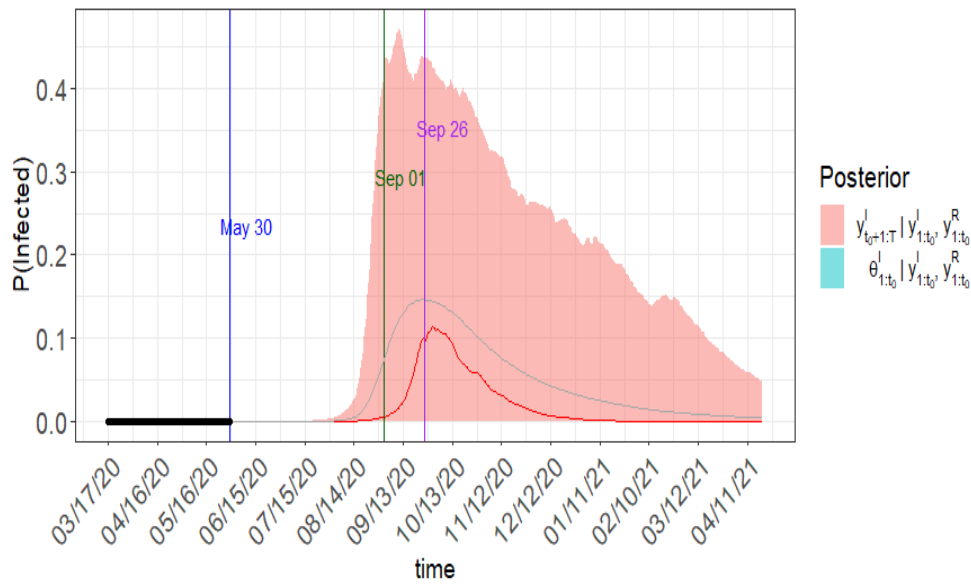
Los datos para este escenario están actualizados al 30 de Mayo de 2020.

■ Vector 1

$$\pi = (0.90, 0.75, 0.46, 0.6, 0.46, 0.12, 0.24, 0.56, 0.8)$$

SV_step: infection forecast with prior $\beta_0=0.259, \gamma_0=0.0821$ and $R_0=3.15$

Posterior $\beta_p=0.26, \gamma_p=0.0602$ and $R_0=4.34$



El primer punto de inflexión (línea verde): Sería el 1 de septiembre de 2020 con una media (Curva gris) de 402,810 y una mediana (curva roja) de 19,358 casos activos infectados.

4.5. SIMULACIONES CON FECHAS DE REAPERTURA DE LA ECONOMÍA EN EL SALVADOR

El segundo punto de inflexión (Línea purpura): Sería el 26 de septiembre de 2020 donde estaría el máximo (curva acumulada) y tenemos una media de 711,233 y una mediana de 173,324 casos activos (curva acumulada) de infectados.

Escenario 4.5.3

$$\pi(t) = \begin{cases} \pi_{01}, & \text{si } t \leq 17 \text{ marzo } 2020, \text{ sin cuarentena, ;} \\ \pi_{02}, & \text{si } t \in (17 \text{ marzo } 2020, 20 \text{ marzo } 2020] \text{ Cuarentena y} \\ & \text{suspensión de clases escuelas y Universidades ;} \\ \pi_{03}, & \text{si } t \in (20 \text{ marzo } 2020, 30 \text{ marzo } 2020] \text{ cuarentena domiciliar obligatoria;} \\ \pi_{04}, & \text{si } t \in (30 \text{ marzo } 2020, 22 \text{ abril } 2020], \text{ efecto CENADE ;} \\ \pi_{05}, & \text{si } t \in (22 \text{ abril } 2020, 6 \text{ mayo } 2020], \text{ cuarentena domiciliar obligatoria ;} \\ \pi_{06}, & \text{si } t \in (6 \text{ mayo } 2020, 7 \text{ junio } 2020], \text{ máxima restricción ;} \\ \pi_{07}, & \text{si } t \in (7 \text{ junio } 2020, 8 \text{ julio } 2020], \text{ apertura estricta;} \\ \pi_{08}, & \text{si } t \in (8 \text{ julio } 2020, 9 \text{ agosto } 2020], \text{ apertura intermedia;} \\ \pi_{09}, & \text{si } t \geq 9 \text{ agosto } 2020, \text{ apertura completa} \end{cases}$$

Los datos para este escenario están actualizados al 30 de Mayo de 2020.

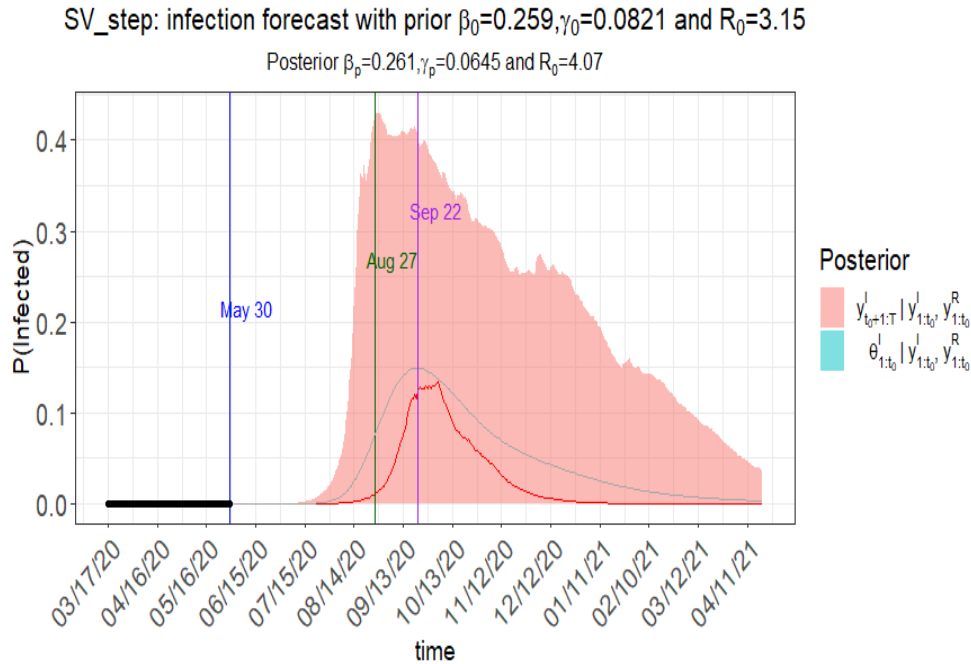
- Vector 1

$$\pi = (0.90, 0.75, 0.46, 0.60, 0.46, 0.12, 0.24, 0.56, 0.80)$$

El primer punto de inflexión (línea verde): Sería el 27 de agosto de 2020 con una media (curva gris) de 416,743 y una mediana (curva roja) de 48,910 casos activos infectados.

El segundo punto de inflexión (línea purpura): Sería el 22 de septiembre de 2020 con una mediana (curva roja) de 690,036 casos activos (curva acumulada) de infectados.

4.6. ADAPTANDO EL MODELO CON DATOS DE AVANCE DE APLICACIÓN DE LA VACUNA CONTRA EL COVID-19



4.6. Adaptando el modelo con datos de avance de aplicación de la Vacuna contra el Covid-19

En este capítulo mostraremos algunos escenarios, donde utilizamos nuestro modelo Markoviano, pero ahora tomando en nuestra función seccionada, fechas con un estimado de avance de la aplicación de la vacuna y estimando un vector de probabilidad con el porcentaje de efectividad y número de personas vacunas, en este capítulo la idea es mostrar que el modelo se puede adaptar a otras situaciones, aunque no se pretende profundizar en el tema, a manera de incentivar a seguir con este estudio se presentan algunas simulaciones.

El proceso de inmunización contra Covid-19 que inicio el 18 de febrero de 2021 con médicos, enfermeras y personal de apoyo que trabajan en primera línea contra el virus fueron los primeros en recibir la primera dosis de la vacuna.

Los vectores de probabilidad, se han tomado con estimaciones del porcentaje de avance de la segunda dosis aplicada de la vacuna, el período de datos para estas simulaciones, tenemos como primer dato el 17 de Marzo de 2020 y como último dato observado tenemos hasta el 31 de Julio de 2021

4.6. ADAPTANDO EL MODELO CON DATOS DE AVANCE DE APLICACIÓN DE LA VACUNA CONTRA EL COVID-19

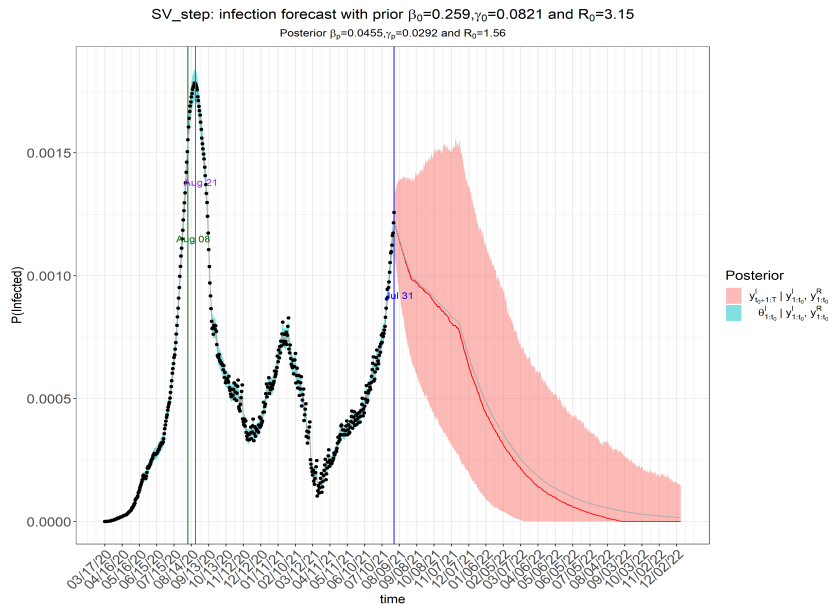
Escenario 4.6.1

$$\pi(t) = \begin{cases} \pi_{01}, & \text{si } t \leq 17 \text{ febrero } 2021 \\ \pi_{02}, & \text{si } t \in (17 \text{ febrero } 2021, 15 \text{ mayo } 2021] \\ \pi_{03}, & \text{si } t \in (15 \text{ mayo } 2021, 30 \text{ julio } 2021] \\ \pi_{04}, & \text{si } t \in (30 \text{ julio } 2021, 30 \text{ agosto } 2021] \\ \pi_{05}, & \text{si } t \in (30 \text{ agosto } 2021, 29 \text{ septiembre } 2021] \\ \pi_{06}, & \text{si } t \in (29 \text{ septiembre } 2021, 20 \text{ noviembre } 2021] \\ \pi_{07}, & \text{si } t > 20 \text{ noviembre } 2021 \end{cases}$$

Para esta función presentamos dos vectores de probabilidad, (variables en el tiempo) con sus resultado gráficamente.

■ Vector 1

$$\pi = (0.80, 0.60, 0.50, 0.50, 0.60, 0.58, 0.40)$$

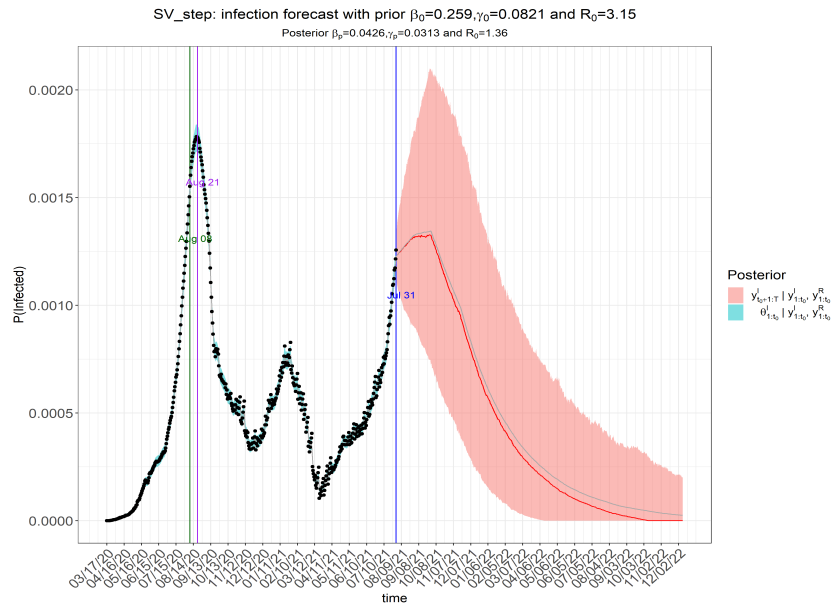


■ Vector 2

$$\pi = (0.90, 0.75, 0.70, 0.80, 0.75, 0.60, 0.50)$$

Para el Escenario 4.6.1 tenemos el vector 1 con probabilidades estrictas, haciendo referencia a un escenario donde hay más efectividad de la vacuna o más personas vacunadas, esto sin tomar en cuenta nuevas mutaciones o nuevas variantes (recordar que se están haciendo solo estimaciones, con

4.6. ADAPTANDO EL MODELO CON DATOS DE AVANCE DE APLICACIÓN DE LA VACUNA CONTRA EL COVID-19



datos más certeros se puede hacer una estimación mas exacta de estos vectores y así tener resultados mejores), y en el vector 2 tenemos un escenario menos estricto haciendo referencia o bien a un porcentaje bajo de personas vacunadas o simplemente la vacuna es poco efectiva. Como puntos importantes a destacar en las gráficas recordando que el último dato observado, es decir, la base de datos está actualizada al 31 de Julio 2021, con esto tenemos que para la gráfica del vector 1 hay un alza más o menos en Noviembre-Diciembre de 2021, pero notar que las probabilidades se fueron aumentando también provocando este pequeño cambio en el crecimiento, para la gráfica del vector 2 es menos estricto que el primero, la gráfica tiene un ligero crecimiento en Octubre de 2021 y luego solo decrece, estimando un final de la pandemia en Mayo-Junio de 2022 igual para el vector 1 tendría su final casi en las mismas fechas.

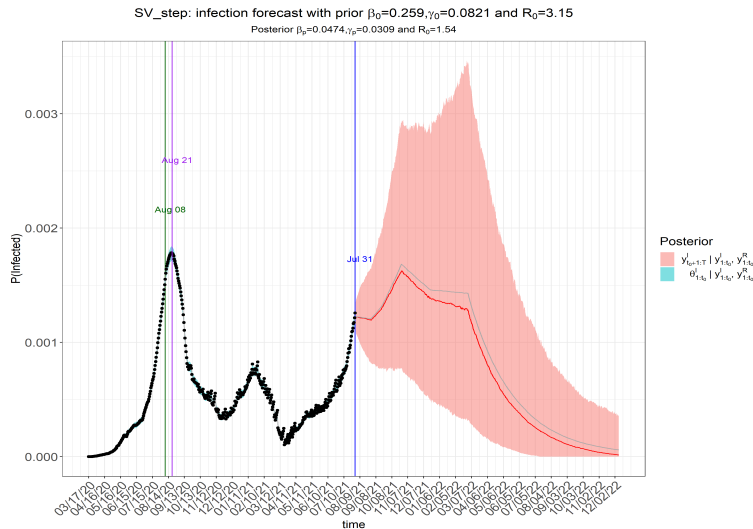
4.6. ADAPTANDO EL MODELO CON DATOS DE AVANCE DE APLICACIÓN DE LA VACUNA CONTRA EL COVID-19

Escenario 4.6.2

$$\pi(t) = \begin{cases} \pi_{01}, & \text{si } t \leq 17 \text{ febrero } 2021 \\ \pi_{02}, & \text{si } t \in (17 \text{ febrero } 2021, 30 \text{ abril } 2021] \\ \pi_{03}, & \text{si } t \in (30 \text{ abril } 2021, 30 \text{ julio } 2021] \\ \pi_{04}, & \text{si } t \in (30 \text{ julio } 2021, 30 \text{ agosto } 2021] \\ \pi_{05}, & \text{si } t \in (30 \text{ agosto } 2021, 18 \text{ septiembre } 2021] \\ \pi_{06}, & \text{si } t \in (18 \text{ septiembre } 2021, 26 \text{ octubre } 2021] \\ \pi_{07}, & \text{si } t \in (26 \text{ octubre } 2021, 20 \text{ diciembre } 2021] \\ \pi_{08}, & \text{si } t \in (20 \text{ diciembre } 2021, 28 \text{ febrero } 2022] \\ \pi_{09}, & \text{si } t > 28 \text{ febrero } 2022 \end{cases}$$

■ Vector 1

$$\pi = (0.80, 0.65, 0.60, 0.65, 0.75, 0.80, 0.60, 0.65, 0.40)$$



En este escenario, tenemos un vector que su probabilidad baja entre el 30 abril - 30 julio y luego sube y vuelve a bajar en 26 octubre (estos cambios podemos hacer referencia con nuevas variantes del virus donde la vacuna pierde su efectividad) y bajo un escenario supuesto con estas probabilidades vemos una tendencia con bastantes cambios (o picos) en la gráfica, y también se observa que el final se extiende más que en el escenario anterior para este caso sería más o menos en diciembre 2022, notar también que para este escenario el ultimo compartimento de la función esta hasta 28 de febrero de 2022, a excepción del escenario anteriores teníamos hasta diciembre 2021.

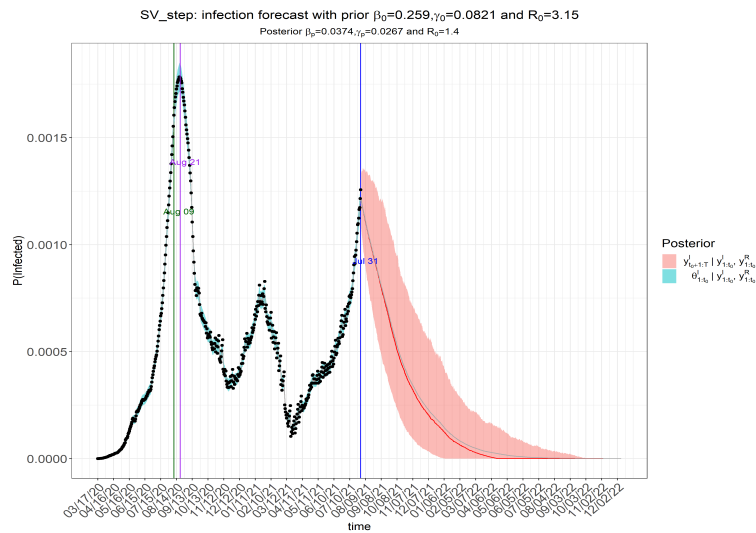
4.6. ADAPTANDO EL MODELO CON DATOS DE AVANCE DE APLICACIÓN DE LA VACUNA CONTRA EL COVID-19

Escenario 4.6.3

$$\pi(t) = \begin{cases} \pi_{01}, & \text{si } t \leq 28 \text{ febrero 2021} \\ \pi_{02}, & \text{si } t \in (28 \text{ febrero 2021}, 12 \text{ abril 2021}] \\ \pi_{03}, & \text{si } t \in (12 \text{ abril 2021}, 27 \text{ junio 2021}] \\ \pi_{04}, & \text{si } t \in (27 \text{ junio 2021}, 30 \text{ agosto 2021}] \\ \pi_{05}, & \text{si } t \in (30 \text{ agosto 2021}, 20 \text{ septiembre 2021}] \\ \pi_{06}, & \text{si } t \in (20 \text{ septiembre 2021}, 30 \text{ octubre 2021}] \\ \pi_{07}, & \text{si } t \in (30 \text{ octubre 2021}, 30 \text{ diciembre 2021}] \\ \pi_{08}, & \text{si } t > 30 \text{ Diciembre 2021} \end{cases}$$

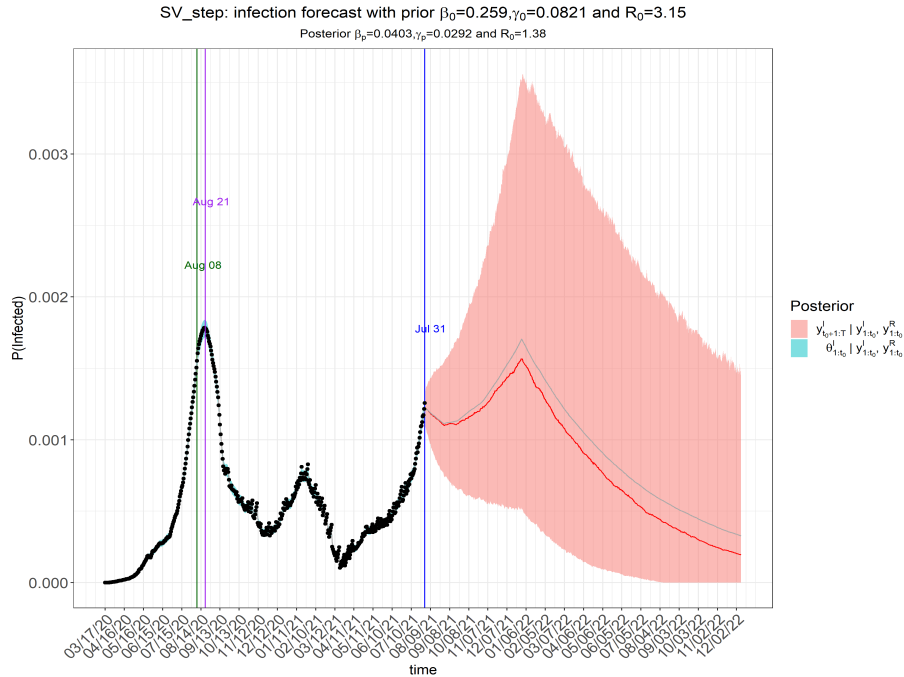
■ Vector 1

$$\pi = (0.90, 0.60, 0.50, 0.45, 0.40, 0.40, 0.35, 0.20)$$



4.6. ADAPTANDO EL MODELO CON DATOS DE AVANCE DE APLICACIÓN DE LA VACUNA CONTRA EL COVID-19

- Vector 2
 $\pi = (0.90, 0.70, 0.55, 0.65, 0.75, 0.80, 0.85, 0.6)$



En esta función tenemos dos vectores también, el vector 1 bastante estricto con un comportamiento decreciente y según ese efecto en el vector es el resultado que observamos en la gráfica, que podríamos decir que es “el caso ideal” se estaría viendo un fin más o menos en abril-mayo de 2022 alargándose un poco con el intervalo de confianza, y el vector 2 con cambios crecientes y decrecientes y por eso vemos en la segunda gráfica un pico como en enero de 2021 mostrando con este vector que si hay nuevas variantes con las que la vacuna ya no es efectiva, la probabilidad de contagio aumenta y ya no tenemos “un caso ideal” como en el anterior vector y este se estaría alargando más el final de la pandemia incluso en diciembre de 2022, aun siguen habiendo casos.

4.6. ADAPTANDO EL MODELO CON DATOS DE AVANCE DE APLICACIÓN DE LA VACUNA CONTRA EL COVID-19

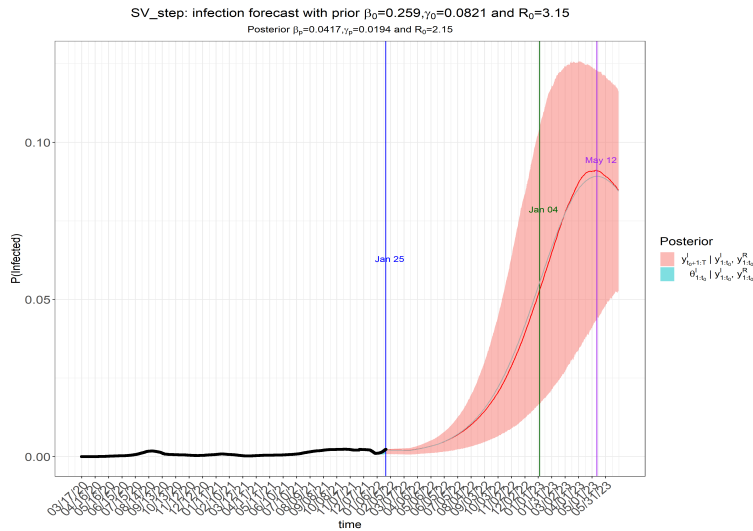
Escenario 4.6.4

$$\pi(t) = \begin{cases} \pi_{01}, & \text{si } t \leq 15 \text{ abril 2021} \\ \pi_{02}, & \text{si } t \in (15 \text{ abril 2021}, 15 \text{ junio 2021}] \\ \pi_{03}, & \text{si } t \in (15 \text{ junio 2021}, 30 \text{ septiembre 2021}] \\ \pi_{04}, & \text{si } t \in (30 \text{ septiembre 2021}, 30 \text{ noviembre 2021}] \\ \pi_{05}, & \text{si } t \in (30 \text{ noviembre 2021}, 29 \text{ enero 2022}] \\ \pi_{06}, & \text{si } t \in (29 \text{ enero 2022}, 20 \text{ marzo 2022}] \\ \pi_{07}, & \text{si } t \in (20 \text{ marzo 2022}, 20 \text{ mayo 2022}] \\ \pi_{08}, & \text{si } t > 20 \text{ mayo 2022} \end{cases}$$

Para este escenario nuestra base está actualizada hasta el 25 de enero de 2022, es decir el último dato observado es de fecha 25 de enero, presentamos el siguiente vector de probabilidad, (variables en el tiempo) con sus resultado gráficamente.

■ Vector 1

$$\pi = (0.70, 0.60, 0.50, 0.40, 0.20, 0.45, 0.75, 0.80)$$



4.6. ADAPTANDO EL MODELO CON DATOS DE AVANCE DE APLICACIÓN DE LA VACUNA CONTRA EL COVID-19

En este escenario, según el vector 1, con probabilidades de contagios en aumento desde enero 2022, presentando un escenario en el que la población sufre un alto contagio a pesar de estar vacunada, mostrando así nuevas variantes resistentes a las vacunas aplicadas a la población Salvadoreña, teniendo así el ultimo dato observado (línea azul) el 25 de enero del 2022, el primer punto de inflexión (línea verde): Sería el 4 de Enero 2023 con una media (Curva gris) de 363,660 y una mediana (curva roja) de 348,480 casos infectados activos. El segundo punto de inflexión (Línea purpura): Sería el 12 de mayo de 2023 donde estaría el máximo con una media de 588,060 y una mediana 599,280 casos activos de infectados.

4.6. ADAPTANDO EL MODELO CON DATOS DE AVANCE DE APLICACIÓN DE LA VACUNA CONTRA EL COVID-19

Dado que este modelo propuesto utiliza la fuerza del sistema dinámico del SIR para capturar el mecanismo primario de la enfermedad infecciosa COVID-19, podemos predecir episodios futuros de los patrones de propagación de la enfermedad para una cantidad de días desde la última fecha de disponible de datos, este número de días lo podemos cambiar en el modelo a conveniencia teniendo en cuenta que a mayor número de días a predecir el modelo tardará mas en ejecutarse.

Algunos de los puntos de inflexión de interés se obtienen de las curvas de pronóstico como parte de los resultados, incluido el tiempo previsto cuando la proporción diaria de casos infectados se vuelve más pequeña que los anteriores y el tiempo previsto cuando la proporción diaria de casos removidos (es decir, tanto recuperados como muertos) se vuelve más grande que la de los casos infectados, así como el momento en que termina la pandemia.

Como resultados proporciona cuantificación de la incertidumbre sobre la predicción, en lugar de solo valores de predicción puntuales, que son valiosos para ver lo mejor versus lo peor. La contribución novedosa clave es la incorporación de protocolos de cuarentena que varían con el tiempo para expandir el modelo epidemiológico básico para acomodar las tasas de transmisión cambiantes a lo largo del tiempo en la población. Esto sería muy útil para profesionales en área de salud o gobiernos para evaluar diferentes tipos de estrategias de cuarentena en la práctica.

El algoritmo MCMC implementa la estimación estadística y la predicción debido a la incertidumbre de predicción. Dada la considerable complejidad en la dinámica de propagación del virus COVID-19 y la información potencialmente inexacta de las medidas de cuarentena, así como las proporciones probablemente no reportadas de muertes, infectados y recuperados, es de importancia crítica poder medir e informar la incertidumbre en el pronóstico. Tenga en cuenta que es muy difícil, si no imposible, recopilar los datos de las personas infectadas que no presentan síntomas o síntomas leves tuvieron aislamiento en el hogar y se recuperaron, a pesar de los serios esfuerzos realizados por el gobierno para realizar una pruebas gratuitas en puntos estratégicos, también considerar que con el paso del tiempo el virus también presenta variantes unas mas fuertes y contagiosas que otras.

Bibliografía

- [1] LILI WANG, YIWANG ZHOU, JIE HE, BIN ZHU, FEI WANG, LU TANG, MARISSA EISENBERG AND PETER X.K. SONG *An epidemiological forecast model and software assessing interventions on COVID-19 epidemic in China*, Article : February, 2020.
- [2] DENIS BOSQ, *A Course in Stochastic Processes, Stochastic Models and Statistical Inference*, Institut de Statistique, Université Pierre et Marie Curie, Paris, France: 1996.
- [3] WALTER OTONIEL CAMPOS, *Estudio de modelos de riesgo actuarial y de la probabilidad de ruina*, tesis, San Salvador: 2009.
- [4] HANSPETER SCHMIDLI, *Stochastic Control in Insurance*, Springer, New York: 2007.
- [5] DAVE OSTHUS, KYLE S HICKMANN, PETRUT, A C CARAGEA, DAVE HIGDON, AND SARA Y DEL VALLE., *Forecasting seasonal influenza with a state-space sir model. The annals of applied statistics.*, Article, 2017, 11(1):202
- [6] LIANGRONG PENG, WUYUE YANG, DONGYAN ZHANG, CHANGJING ZHUGE, AND LIU HONG., *Epidemic analysis of covid-19 in china by dynamical modeling. arXiv preprint arXiv*, Article, 2020.
- [7] WILLIAM OGILVY KERMACK AND ANDERSON G MCKENDRICK., *A contribution to the mathematical theory of epidemics. Proceedings of the royal society of london. Series A, Containing papers of a mathematical and physical character*, Book, 1927: 115(772):700–721
- [8] THEMBINKOSI MKHATSHWA AND ANNA MUMMERT, *Modeling super-spreading events for infectious diseases: case study sars. arXiv preprint arXiv* Article:1007.0908, 2010.