

nogreen8

opezgreen14

ongreen21

anchezgreen24

angreen27

**MODELOS DETERMINÍSTICOS Y ESTOCÁSTICOS S-I Y
S-I-R PARA DIFUSIÓN DE ENFERMEDADES CONTAGIOSAS**

Un Trabajo Presentado

por:

JULIÁN MAURICIO FAJARDO PATIÑO

CÓDIGO: 830337

Director: LILIANA BLANCO CASTAÑEDA

Remitido a la Facultad de Ciencias de la
Universidad Nacional de Colombia como requisito

para optar al título de:

MAGISTER SCIENTIAE, EN MATEMÁTICAS

DEPARTAMENTO DE MATEMÁTICAS

Bogotá, 2010

© Copyright by Julián Mauricio Fajardo Patiño

Código: 830337

All Rights Reserved 2011

MODELOS DETERMINÍSTICOS Y ESTOCÁSTICOS S-I Y S-I-R
PARA DIFUSIÓN DE ENFERMEDADES CONTAGIOSAS

Trabajo presentado

por:

JULIÁN MAURICIO FAJARDO PATIÑO

CÓDIGO: 830337

Aprobada por:

Dra. Liliana Blanco Castañeda, Director

Quien es?, Primer Evaluador

Dra. Myriam Leonor Campos Flórez, Directora de Departamento
Departamento de Matemáticas

Dedico esta tesis de maestría a mi madre, por su incondicional apoyo.

AGRADECIMIENTOS

Quiero agradecer a mi profesora, la Dra. Liliana Blanco Castañeda, por su constante apoyo y sus útiles consejos que fueron imprescindibles para el desarrollo de este trabajo. Así mismo, también quiero agradecer a mi compañero y amigo Msc. Milton Armando Reyes Villamil, por compartir conmigo sus amplios conocimientos acerca del manejo del software matemático LaTeX.

Y por último, también deseo agradecer a mis compañeros y amigos Raul Andrés Torres Díaz y Oscar Fernando Cruz Castañeda, por sus oportunas asesorías en el manejo del software matemático Matlab.

RESUMEN

TITULO DE LA TESIS EN ESPAÑOL:

MODELOS DETERMINÍSTICOS Y ESTOCÁSTICOS S-I Y S-I-R PARA DIFUSIÓN DE ENFERMEDADES CONTAGIOSAS.

TITULO DE LA TESIS EN INGLÉS:

DETERMINISTIC AND STOCHASTIC MODELS S-I AND S-I-R FOR DIFFUSION OF DISEASES.

ABSTRACT EN ESPAÑOL:

En este trabajo se hará un análisis detallado y exhaustivo de los modelos epidemiológicos S-I y S-I-R en sus versiones determinística y estocástica. Se pretende usar múltiples herramientas matemáticas para sacar conclusiones comparativas, a partir de los resultados teóricos que se obtienen en el desarrollo de los mismos. Finalmente, se usarán algunas simulaciones hechas en Matlab para establecer la eficiencia de los modelos comparando los resultados teóricos con datos reales.

ABSTRACT EN INGLÉS:

In this paper we make a detailed and comprehensive analysis of the SI and SIR epidemiological models in deterministic and stochastic versions. It intends to use multiple mathematical tools to draw conclusions and compare from the theoretical results obtained in their development. Finally, some simulations used in Matlab to establish the efficiency of the models by comparing the theoretical results with actual data.

AUTOR:

Julián Mauricio Fajardo Patiño.

DIRECTOR:

PhD. Liliana Blanco Castañeda.

ÍNDICE GENERAL

	<u>Página</u>
AGRADECIMIENTOS	V
RESUMEN	VII
CAPÍTULO	
1.. Introducción	1
1.1. Marco histórico y revisión bibliográfica	1
1.2. Marco teórico	4
1.3. Objetivos	5
2.. Conceptos básicos	9
2.1. Preliminares epidemiológicos	9
2.2. Preliminares matemáticos	12
2.2.1. Procesos Markovianos	12
2.2.2. Martingalas	18
2.2.3. El movimiento browniano	23
2.2.4. Integral de Itô	27
2.2.5. Elementos de la teoría de SDE(Stochastical Differential Equations)	38
3.. Modelos S-I	45
3.1. Un modelo determinístico S-I	45
3.2. Un modelo estocástico S-I	47
3.2.1. Solución de la ecuación diferencial	50
3.2.2. Determinación de los $P_j(t)$	53
3.2.3. Tiempo de difusión de la epidemia.	55
4.. Modelos S-I-R	57
4.1. El modelo determinístico de Kermack-McKendrick	57
4.2. Modelo estocástico de Kermack-McKendrick	70
4.2.1. El modelo mixto	71
4.3. Análisis estructural del modelo estocástico	72

5..	Aplicaciones reales de los modelos S-I y S-I-R.	81
5.1.	Epidemia de sarampión, Bristol(Inglaterra), 1945.	81
5.2.	El virus A(H1N1), La Gloria, Veracruz(México), 2009.	83
5.3.	Epidemia de peste bubónica en Bombay (India), 1905-1906.	86
5.4.	Epidemia de influenza tipo C, Londres(Inglaterra), 1978.	88
6..	Conclusiones	91
APÉNDICE		
A.	Ecuación hipergeométrica	95
B.	Métodos de Runge-Kutta	99
	B.1. Método de Runge-Kutta de segundo orden	100
	B.2. Método de Runge-Kutta de cuarto orden	101
C.	Códigos de Matlab.	103
	C.1. Modelo S-I	103
	C.2. Modelo S-I-R	108
D.	Estadísticas	111
	D.1. Epidemia de sarampión en bristol.	111
	D.2. Epidemia de A(H1N1) o gripe porcina en La Gloria.	111
	D.3. Epidemia de peste bubónica en Bombay.	112
	D.4. Epidemia de influenza tipo C, Londres.	112
BIBLIOGRAFÍA		113

C A P Í T U L O 1

Introducción

1.1. Marco histórico y revisión bibliográfica

Podemos hablar de epidemiología como una rama de la ciencia de la salud que tiene como propósito describir y explicar la dinámica de la salud poblacional, identificar los elementos que la componen y comprender las fuerzas que la gobiernan, a fin de intervenir en el curso de su desarrollo natural. Esta rama de la salud es casi tan antigua como la escritura y las primeras descripciones de padecimientos que afectan a poblaciones se refieren a enfermedades de naturaleza infecciosa. El Papiro de Ebers,¹ que menciona unas "fiebres pestilentes" (probablemente malaria) que asolaron a la población de las margenes del río Nilo alrededor del año 2000 A.C, es probablemente el texto más antiguo que hace referencia a un padecimiento colectivo. De igual manera, en la Biblia, se menciona cómo en la Ley Mosaica, que se le dio al pueblo israelita, se le daba indicaciones explícitas en salubridad para evitar la propagación de plagas y pestes en esa época.

En términos históricos, las enfermedades infecciosas han constituido una permanente amenaza para la sociedad. En todas las épocas de la historia de la humanidad las pandemias han causado muerte y pérdidas incalculables. Por esta razón el hombre consideró necesario conocer más sobre ellas, para, así, combatir de alguna manera su vertiginoso y mortal avance. Sólo por citar un ejemplo, recordemos los devastadores efectos de la peste

¹De Baillou, Guillaume. Epidemiorum, Volumen 2(1640), citado en la Enciclopedia Británica, 1999

negra en Europa, en el siglo XIV de la edad media. Esta mortal enfermedad acabó con las tres cuartas partes de toda la población de este continente, es decir, más de 21 millones de personas. Ni siquiera las dos guerras mundiales juntas exterminaron tantas vidas. Por esta razón, desde hace mucho tiempo, los hombres de ciencia (en particular, en el área de la salud) se han visto obligados a valerse de instrumentos relativamente ajenos a su conocimiento, para aplicar la mejor medicina existente contra los virus y las enfermedades producidas por estos: la prevención. Una de estas poderosas herramientas es la matemática aplicada. Aunque desde hace mucho tiempo los griegos ya usaban instrumentos matemáticos para intentar dar explicación a muchos fenómenos naturales, fué solo hasta el siglo XVIII que el matemático suizo Daniel Bernoulli (1700-1782) publicó un artículo, cuyo tema desarrollaba un modelo explícito para tratar de explicar el desarrollo de una enfermedad infecciosa. En 1760, mediante el mencionado artículo, Bernoulli usó la teoría de las ecuaciones diferenciales para explicar la difusión de las enfermedades infecciosas; en su artículo concluyó que la variolación (contaminación con la propia viruela) protegía contra la viruela y otorgaba inmunidad de por vida. ²

Sus resultados, muy aceptados por los matemáticos de la época, fueron usados para evaluar medidas alternativas en salubridad por casi 200 años. Cabe anotar que anteriormente a Bernoulli el matemático francés Jean Le Rond D'Alembert (1717-1783), quien ya había intentado usar estas herramientas matemáticas antes de Bernoulli, a principios del siglo XVIII, no tuvo el mismo éxito.

El segundo desarrollo de gran importancia en este ámbito, se debe al famoso epidemiólogo Ronald Ross. Éste, motivado por su constante lucha contra otra de las grandes asesinas en la historia de la humanidad, la malaria, explicó en su trabajo el ciclo completo de la malaria humana, con la inclusión del mosquito Anófeles como vector y el parásito Plasmodium, relacionados mediante un modelo matemático. Este trabajo le valió el pre-

²Lilinfeld AM, Lilinfeld DE, Fundamentos de Epidemiología. Mexico D.F. Addison Wesley Latinoamericana, 1987:138.

mio Nobel en 1902. Durante todo ese tiempo, mediante el desarrollo de la probabilidad avanzada, debida al matemático ruso Andrei Kolmogorov (1903-1987), se logró involucrar esta teoría a este tipo de modelos. Este modelo, que se llamaría más adelante modelo estocástico, resultó ser un resultado excepcional para los propósitos de éstos, ya que, en el modelo determinístico se presentaban múltiples desventajas, por ejemplo: En los modelos estocásticos nos es posible manejar intervalos finitos, mientras que en el modelo determinístico no. Sin embargo la diferencia fundamental entre modelo estocástico y determinístico radica en sus resultados. Los modelos estocásticos no producen resultados únicos, debido a las funciones de probabilidad correspondientes a la sucesión de variables aleatorias que representan la cantidad de personas vulnerables al virus, la cantidad de infectadas o bien, la cantidad de removidas en el instante t , las aplicaciones sucesivas del mismo modelo pueden producir resultados completamente diferentes.³

Ahora, nos referiremos a los objetivos centrales de este trabajo en este tipo de modelos: el trabajo matemático de Kermack-McKendrick, el cual básicamente trata de hacer una predicción, mediante la solución a un sistema de ecuaciones diferenciales determinísticas, de la cantidad de infectados de una población en un instante t , dado que se introduce un grupo determinado de personas contagiadas. Este trabajo fué propuesto por el epidemiólogo y físico Anderson Gray McKendrick (1876-1943) junto con el matemático William Ogilvy Kermack (1898-1970) en un trabajo desarrollado en el periodo de 1927 a 1939. En su trabajo se consideraron las enfermedades endémicas y diversos hallazgos interesantes se relacionaron con datos experimentales en ratones. El resultado excepcional extraído de este trabajo fue el célebre teorema umbral, según el cual la introducción de individuos infecciosos dentro de una población de susceptibles podía originar una epidemia, si y sólo si, la densidad de susceptibles rebasa cierto valor, llamado precisamente el valor crítico o umbral. Si el umbral se excede, entonces se desencadena el brote; si no alcanza dicho

³Montesinos, Osva. Hernandez, Carlos. Modelos Matemáticos para enfermedades infecciosas. Revista Salud Publica de México. México 2007;49:218-226

valor, el brote desaparece por si solo, y si es precisamente igual al umbral, el brote permanece en la poblacion a razón constante. Este trabajo sentó las bases de lo que será el objetivo fundamental del trabajo: La versión estocástica del modelo determinístico de Kermack y McKendrick introducida, como ya se había mencionado, por el matemático norteamericano Peter Whittle en el año 1954, modelo que como se verá, responderá a muchas de las expectativas de las áreas afines a la epidemiología.

En este trabajo también se menciona el modelo estocástico S-I, el cual fué introducido por M.S. Bartlett, estadista inglés, en 1947 y posteriormente mejorado por Norman T. Bailey, matemático y epidemiólogo inglés en 1950. Finalmente el mismo autor, en una recopilación de sus artículos publicados en 1953,1955 y 1963 presentó la versión más completa y elegante del modelo estocástico S-I que es uno de los que se analizará en este trabajo.

Ya de manera más reciente, autores como J. Stanek (2006) y J. Stephan junto con D. Hlubinka (2007) realizan en sus artículos [26] y [27] respectivamente, un análisis más detallado de los modelos S-I-R determinístico y estocástico. Por otro lado, un grupo de invertigadores de la Universidad de Loyola, Marymouth, Anderson,J., Byrne,A., Fields R.P., Segovia,L. y Swift,R. , realizan en su articulo [2] el análisis del modelo estocástico S-I de Norman Bailey y adaptan una simulación para el mismo.

1.2. Marco teórico

Una vez planteado el contexto histórico de los modelos matemáticos para epidemiología, es importante revisar de manera rápida cuales son los ejes principales de esta tesis. Los modelos matemáticos revisados en esta tesis (S-I y S-I-R) son de tipo deterministico y estocástico. Por ello, será necesario analizar previamente los conceptos siguientes:

Los modelos determinísticos se basan en sistemas de ecuaciones diferenciales ordinarias no lineales, por lo que se recordarán los métodos analíticos y numéricos que existen para

resolver los problemas de valor inicial, a saber, **los métodos de Runge-Kutta** y los resultados elementales de la **teoría de los sistemas dinámicos sobre la existencia y la unicidad de las soluciones** del sistema dinámico en cuestión.

Los modelos estocásticos por otro lado utilizan los **modelos markovianos** (cadenas continuas de Markov) para el modelo S-I el cual es modelado como un proceso markoviano de muerte pura. La **teoría de las martingalas cuadrado integrables** junto con el **movimiento browniano** para modelar un comportamiento irregular de las trayectorias que representarán la cantidad de susceptibles, infectados y removidos. Este movimiento browniano será introducido como una generalización del modelo determinístico, en forma de un sumando adicional a cada ecuación que es función de la cantidad de habitantes de la población y es regulado mediante un constante positiva, llamada constante de difusión (véase capítulo 4). La **teoría de la integración estocástica (integral de Itô)** como método de solución a las ecuaciones diferenciales estocásticas planteadas con el movimiento browniano.

1.3. Objetivos

El objetivo central de esta tesis de maestría es hacer un análisis detallado y exhaustivo del planteamiento de los modelos determinísticos y estocásticos S-I y S-I-R, así como los elementos teóricos que rodean dicho planteamiento.

Por otro lado encontramos otros objetivos secundarios, los cuales comprenden:

1. Hacer una incursión significativa en el área de la salud, haciendo uso de variadas y completas herramientas matemáticas que solidifican los planteamientos hechos en el trabajo.
2. Hacer una comparación crítica y neutral de los modelos determinístico y estocástico, usando como criterios de comparación, los resultados teóricos obtenidos en los dos

tipos de modelos.

3. Usar algunas simulaciones, programadas en Matlab, de estos modelos S-I y S-I-R en datos reales obtenidos de informes de epidemias que atacaron a alguna población en particular, en el pasado reciente o lejano. Con estos comparar el grado de precisión y certeza de los modelos analizados de manera gráfica.
4. Ofrecer información, de la manera más clara posible, acerca del poder y la utilidad de estos modelos para mis estimados colegas, particularmente para aquellos que gustan y son conscientes de la gran importancia de las matemáticas aplicadas. Así mismo, sensibilizar a aquellas personas que piensan que las matemáticas no son tan útiles, como realmente lo son.

Revisado el contexto histórico del propósito de este trabajo y los objetivos del mismo, se presenta a continuación la organización del trabajo.

- En el capítulo 2 se hará un resumen de todos los resultados teóricos que son requeridos para el óptimo desarrollo de los modelos matemáticos.
- En el capítulo 3 se explica de manera detallada la versión determinística y estocástica del modelo matemático S-I.
- En el capítulo 4 se hace un estudio sistemático del modelo de Kermack y McKendrick, junto con su respectiva versión estocástica.
- En el capítulo 5 se presentan aplicaciones reales a los modelos matemáticos analizados en los dos capítulos anteriores.
- En los apéndices se definirán algunos conceptos que, aunque no tienen una influencia sobresaliente en el modelo, son también necesarios para complementar los conceptos básicos del mismo. Además se adjuntarán los códigos en Matlab de las simulaciones hechas para observar el comportamiento gráfico de estos modelos.

Por último, se relaciona la bibliografía que se consultó para el desarrollo de este trabajo.

El contenido de los siguientes capítulos será suficiente, pienso yo, para dejar muy en claro porque es tan importante para los autores de estos modelos y para mí, transmitir esta valiosa información mediante este trabajo. Espero que la mencionada información sea del agrado del lector y, en un futuro, sea útil de alguna manera, para una generación de matemáticos que deseen explorar el apasionante mundo de las matemáticas aplicadas.

C A P Í T U L O 2

Conceptos básicos

2.1. Preliminares epidemiológicos

En el desarrollo de este trabajo, será necesario definir algunos conceptos, establecidos en el área de la salud. A continuación daremos una serie de definiciones que serán esenciales para la óptima comprensión del modelo.

Definición 2.1.1. Endemia, epidemia, pandemia

La palabra **epidemia** proviene de sus raíces griegas (epi, por sobre y demos, pueblo) es una descripción en la salud comunitaria que ocurre cuando una enfermedad afecta a un número de individuos, superior al esperado, en una población durante un determinado tiempo. Según la fase en la cual se encuentre, usamos el término **endemia** como la presencia habitual de una enfermedad en una zona geográfica, la cual se puede expandir a una epidemia si las condiciones exteriores lo favorecen. La fase más crítica, denominada **pandemia** es aquella que se extiende por distintas zonas geográficas, incluso por todo el mundo.

Aunque las epidemias se clasifican de diversas formas, nos interesaremos particularmente en una clasificación que se le da a las epidemias según la manera de afectar a la población que ataca. Estas enfermedades dividen a las población en grupos disyuntos, como sigue:

Definición 2.1.2. Sujetos que participan en una epidemia

1. Susceptible: Sujeto (persona o animal) que es propenso a ser contagiado del virus que provoca la enfermedad.
2. Infectado: Sujeto que ya ha adquirido la enfermedad, es decir, que es portador de ésta y/o manifiesta sus síntomas.
3. Removido: Sujeto que ha superado la enfermedad y por lo tanto (al menos temporalmente) adquiere una inmunidad que lo aisla del campo de acción y riesgo del virus. Por otro lado también comprende a los sujetos que fallecen por causa de la enfermedad.

A partir de esto en la epidemiología se clasifican los virus así:

1. Enfermedad S-I (Susceptible-Infectado): Sólo se considera los sujetos susceptibles y los infectados. No se considera el hecho de que estos infectados se recuperen o mueran. Por lo tanto se puede ver como un virus que se expande muy rápido dentro de una población cerrada.
2. Enfermedad S-I-S (Susceptible-Infectado-Susceptible): En este tipo de enfermedad los infectados pueden, luego de superar la enfermedad, adquirirla nuevamente. Ejemplos de este tipo, tenemos enfermedades como el cólera, algunos tipos de influenza, enfermedades de transmisión sexual, etc.
3. Enfermedad S-I-R (Susceptible-Infectado-Removido): En esta enfermedad los infectados adquieren inmunidad, o mueren. Ejemplos de este tipo: Enfermedad de origen viral es decir, sarampión, varicela, poliomielitis, etc.

Un periodo que es importante dentro del desarrollo de una enfermedad es el periodo de incubación de ésta. Este periodo de incubación es sencillamente el tiempo que transcurre entre la exposición al organismo que genera la enfermedad y la primera manifestación

Enfermedad	Periodo de Incubación
Cólera	1-3 días
Gripe	1-4 días
Escarlatina	1-4 días
Resfriado común	2-5 días
Ébola	3-21 días
Poliomielitis	7-14 días
Tétanos	8-21 días
VIH	No definido

Table 1: Periodos de incubación de algunas enfermedades

de los síntomas. Es importante resaltar que este periodo de incubación varía según el virus y de igual manera es un factor influyente en la velocidad en la que se expande una enfermedad. Como se pudo percibir los periodos de incubación ¹ varían según el sujeto, su raza o su edad. Por ello estos datos, inferidos estadísticamente, se establecen desde el décimo hasta el nonagésimo percentil. Por otro lado, dentro de los conceptos epidemiológicos, se formula uno de los más importantes, ya que, sobre él, se construyen los modelos epidemiológicos planteados aquí:

Definición 2.1.3. La ley de acción de masas

En el contexto de la epidemiología, ley de acción de masas establece que, la tasa instantánea de cambio de la cantidad de infectados en una población es directamente proporcional a la cantidad de susceptibles y a la cantidad de infectados ya presentes.

Es importante resaltar que la ley de acción de masas fué usado inicialmente por los químicos, teniendo en cuenta que se aplicaba a la masa de determinados compuestos que se involucraban en una reacción química. Sin embargo, también se aplica, con éxito, a la epidemiología.

Definición 2.1.4. Estado latente de un virus

Es la capacidad que tiene un virus para permanecer inactivo dentro de una célula, es decir,

¹www.wikipedia.com .epidemias periodos de incubación.

la capacidad de tomar las propiedades proteínicas de ésta sin manifestarse mediante signos como la destrucción celular y multiplicación mediante ésta.

Cuando hablamos de virus e infecciones, la mecánica es muy simple. Un individuo que está infectado o es portador entra en la población y bajo condiciones favorables, infectará a otros individuos. Los epidemiólogos lo llaman así:

Definición 2.1.5. Infección primaria y secundaria

Un grupo de individuos infectados que entran a una población de individuos susceptibles, en condiciones propicias para la difusión del virus, se dice que son portadores de una infección primaria. Los individuos que se infectan después, por causa del contacto directo con un sujeto que porta una infección primaria, se dice que tendrán una infección secundaria, y así sucesivamente.

2.2. Preliminares matemáticos

A continuación daremos una serie de definiciones y resultados matemáticos que serán importantes para el desarrollo de los modelos. Hablamos específicamente de resultados de la teoría de procesos estocásticos.

2.2.1. Procesos Markovianos

Dentro de la teoría de los procesos estocásticos encontramos este tipo de procesos muy especiales ya que describen una situación común a la hora de diseñar un modelo matemático estocástico: La información del pasado inmediatamente anterior es suficiente para conocer el comportamiento del proceso en el presente y en el futuro. Por ello definimos esta situación:

Definición 2.2.1. Proceso Markoviano

La propiedad de Markov establece que para $k \geq 1, 0 \leq t_1 \leq \dots \leq t_k \leq u$ y $H \in \mathfrak{B}^n$,

$$P(X_u \in H | X_{t_1}, \dots, X_{t_k}) = P(X_u \in H | X_{t_k})$$

Como caso particular de estos procesos markovianos, se generan las conocidas cadenas de Markov, que representan una parte importantísima de los procesos estocásticos. En nuestro caso particular consideramos las cadenas de Markov de parámetro de tiempo continuo y conjunto de estados discreto. La propiedad de Markov la enunciamos, en este caso, de la siguiente forma: Para cualesquiera tiempos t_1, t_2, \dots, t_n :

$$P(X_{t_n} | X_{t_1}, \dots, X_{t_{n-1}}) = P(X_{t_n} | X_{t_{n-1}}).$$

Lo anterior significa, que para conocer la evolución probabilística del proceso hasta el instante t_n sólo es necesario conocer el comportamiento de este proceso en el instante t_{n-1} . Observe además que, no estamos suponiendo que se conoce todo el proceso a tiempo continuo, sino que se conocen una cantidad finita de valores pasados t_1, \dots, t_{n-1} . De manera similar al proceso discreto, se supondrá que las probabilidades de transición son estacionarias en el tiempo, esto significa que para cada $s \geq 0$ y $t \geq 0$:

$$P(X_{t+s} = j | X_s = i) = P(X_t = j | X_0 = i).$$

Denotamos, por lo anterior, $P_{ij} := P(X_t = j | X_0 = i)$ ya que no hay dependencia de los valores de s , donde $i, j \in \mathbb{N}$. Los números P_{ij} se denominan *probabilidades de transición*, y sencillamente representan la probabilidad que existe de pasar de estado i , al estado j en t unidades de tiempo. Así, haciendo variar los parámetros i, j sobre los naturales, obtenemos la *matriz de transición*, la cual se denota P_t .

Se planteará, a continuación el modelo general de la cadena de Markov a tiempo continuo.

Definición 2.2.2. Proceso de saltos

Sea $(X_t)_{t \in T}$ un proceso estocástico con conjunto de estados S . Supóngase que $i_1, i_2, \dots, i_n \in$

$S, t_1, t_2, \dots, t_n \in T$ y sea T_{i_j} la cantidad de tiempo aleatorio que permanece el proceso estocástico X_t en el j -ésimo estado. Ahora considere: $W_n =: T_{i_1} + \dots + T_{i_n}$.

Si este proceso cumple las siguientes condiciones:

1. No explosión: Se supondrá que $\lim_{n \rightarrow \infty} W_n = \infty$.
2. Probabilidades de transición: Se supondrá que el espacio de estados es: $\mathbb{N} = \{0, 1, \dots\}$, así pues las probabilidades de transición cumplirán:
 - a) $P_{ij} \geq 0$, para todo $i, j \in \mathbb{N}$.
 - b) $P_{ii} = 0$, para todo $i \in \mathbb{N}$.
 - c) $\sum_j P_{ij} = 1$.
3. Tiempos de estancia (T_i): se supondrá que los T_i son independientes.
4. Propiedad de Markov: Las variables aleatorias T_i tienen distribución exponencial con parámetro λ .²

lo llamaremos entonces, *proceso de saltos*.

Propiedades de las cadenas de Markov a tiempo continuo

A continuación mencionaremos las propiedades más importantes de las cadenas de Markov con parámetro de tiempo continuo, las cuales caracterizan este tipo de cadenas:

Cadena a tiempo discreto asociada: Toda cadena de Markov a tiempo continuo $\{X_t : t \geq 0\}$, tiene asociada una cadena a tiempo discreto $\{X_n : n = 0, 1, \dots\}$, y que se puede deducir de la primera cadena, pero observada en los tiempos en donde se efectúan los saltos de estado a estado. Algunas propiedades de la cadena discreta se heredan a la cadena a tiempo continuo.

²Se puede demostrar que bajo las condiciones descritas arriba el proceso descrito anteriormente cumple con la propiedad de Markov, si y sólo si, las variables aleatorias T_i tienen distribución exponencial con parámetro λ . Ver Todorovic. Pag 54.

Probabilidades de transición: Como ya habíamos mencionado, para una cadena de Markov a tiempo continuo las probabilidades de transición son los números

$$P_{ij} := P(X_t = j | X_0 = i),$$

para cualesquier estados i, j y cualquier $t \geq 0$. Cuando el espacio de estados es finito, los elementos de cada fila de la matriz suman uno, sin embargo, cuando el espacio de estados es infinito la suma puede ser, eventualmente, estrictamente menor que uno. Ésta es una diferencia importante con respecto a la cadena de Markov discreta, en la cual la suma de los elementos de cada fila siempre es igual a 1.

Un problema de interés es determinar las probabilidades P_{ij} , sin embargo dar explícitamente el valor de éstas sólo se puede hacer en algunos casos especiales. El siguiente teorema mostrará cómo:

Teorema 2.2.3. Valor de los P_{ij}

Sean i, j estados arbitrarios. Para cualquier $t \geq 0$, se satisface que:

$$P_{ij}(t) = \delta_{ij}e^{-\lambda_i t} + \lambda_i e^{-\lambda_i t} \int_0^t e^{\lambda_i s} \left(\sum_{k \neq i} P_{ik} P_{kj}(s) \right) ds.$$

siendo δ_{ij} el símbolo de Kronecker y λ_i los parámetros de las variables aleatorias T_i , definidas anteriormente.

Demostración. Si i es un estado absorbente, entonces la fórmula se reduce a $P_{ij}(t) = \delta_{ij}$, lo cual, coincide con la fórmula planteada. Ahora, si i es un estado no absorbente, tenemos:

$$\begin{aligned} P_{ij} &= P(X_t = j | X_0 = i) \\ &= P(X_t = j, T_i > t | X_0 = i) + P(X_t = j, T_i \leq t | X_0 = i) \\ &= \delta_{ij}e^{-\lambda_i t} + \int_0^t f_{X_t, T_i | X_0}(j, u | i) du \\ &= \delta_{ij}e^{-\lambda_i t} + \int_0^t \sum_{k \neq i} f_{X_t, X_u, T_i | X_0}(j, k, u | i) du \end{aligned}$$

en donde las funciones f representan las funciones de densidad condicionales para las variables aleatorias, X_t, X_k, X_0, T_i . Recordemos que $f_{X|Y}(x|y) := \frac{P(X=x, Y=y)}{P(Y=y)}$. Teniendo en cuenta lo anterior, la propiedad de Markov y por la independencia de los T_i se tendrá que:

$$\begin{aligned} f_{X_t, X_u, T_i | X_0}(j, k, u | i) &= f_{X_t | X_u, T_i, X_0}(j, k, u | i) f_{X_u | T_i, X_0}(k, u | i) f_{T_i | X_0}(u | i) \\ &= P_{kj}(t - u) P_{ik} \lambda_i e^{-\lambda_i u}. \end{aligned}$$

Por lo tanto:

$$P_{ij}(t) = \delta_{ij} e^{-\lambda_i t} + \lambda_i e^{-\lambda_i t} \int_0^t e^{\lambda_i s} \left(\sum_{k \neq i} P_{ik} P_{kj}(t - u) \right) du.$$

Haciendo el cambio de variable: $s(u) = t - u$ se tiene el resultado deseado. \square

Ecuación de Chapman-Kolmogorov: Las probabilidades de transición satisfacen la llamada ecuación de Chapman-Kolmogorov. Obsérvese que dicha propiedad establece que las matrices de transición $P_t =: (P_{ij}(t))$ tienen la propiedad de semigrupo.

Teorema 2.2.4. Propiedad de semigrupo

Para cualesquiera estados i, j , y para todo $t \geq 0$ y $s \geq 0$:

$$P_{ij}(t + s) = \sum_k P_{ik}(t) P_{kj}(s).$$

En notación matricial: $P_{t+s} = P_t P_s$.

Demostración. Por la propiedad de Markov,

$$\begin{aligned} P_{ij}(t + s) &= P(X_{t+s} = j | X_0 = i) \\ &= \sum_k P(X_{t+s} = j, X_t = k | X_0 = i) \\ &= \sum_k P(X_{t+s} = j | X_t = k) P(X_t = k | X_0 = i) \\ &= \sum_k P_{ik}(t) P_{kj}(s). \end{aligned}$$

□

La ecuación de Chapman-Kolmogorov es muy útil, ya que, permite expresar las probabilidades de transición P_{ij} en términos de probabilidades infinitesimales, es decir, probabilidades de transición en intervalos de longitud muy pequeña. Por ejemplo, para un natural n suficientemente grande, si $\Delta t = \frac{t}{n}$, entonces:

$$P_{ij} = \sum_{k_1, \dots, k_{n-1}} P_{i, k_1}(\Delta t) P_{k_1, k_2}(\Delta t) \dots P_{k_{n-1}, j}(\Delta t).$$

Esto significa que es suficiente conocer el comportamiento de los P_{ij} en tiempos t pequeños, para conocer su comportamiento general.

Parámetros infinitesimales: Del resultado expuesto en el teorema 1.2.3, se observa de inmediato que las P_{ij} , como funciones de t , son continuas. Esto implica que el integrando es diferenciable y por ello, también lo será P_{ij} . Derivando la ecuación del teorema 1.2.3 se obtiene el siguiente resultado, conocido como el sistema de ecuaciones hacia atrás de Kolmogorov.

Teorema 2.2.5. Ecuaciones hacia atrás de Kolmogorov

Para cualquier $t > 0$,

$$P'_{ij}(t) = -\lambda_i P_{ij}(t) + \lambda_i \sum_{k \neq i} P_{ik} P_{kj}(t).$$

Demostración. Sólo basta con derivar, en función de la variable t , la ecuación del teorema 1.2.3, como ya habíamos mencionado y tener en cuenta las observaciones hechas sobre la continuidad de las funciones involucradas. □

Éste último resultado, es uno de los más importantes de esta parte de conceptos preliminares, ya que uno de los modelos que se estudiará, depende directamente de la solución que se obtenga del sistema de ecuaciones hacia atrás ya mencionado. Para concluir esta serie de ideas, se definirá el proceso de nacimiento y muerte.

Proceso de nacimiento y muerte

Un proceso de nacimiento y muerte es una cadena de Markov a tiempo continuo con espacio de estados $\{0, 1, 2, \dots\}$ tal que en cada salto, la cadena sólo puede avanzar o retroceder una unidad cada vez. Un salto adelante se interpreta de manera metafórica como un nacimiento y un salto hacia atrás como una muerte. Las probabilidades de salto están dadas por:

$$P_{ij} = \begin{cases} \frac{\lambda_i}{\lambda_i + \mu_i}, & \text{si } j = i + 1. \\ \frac{\mu_i}{\lambda_i + \mu_i}, & \text{si } j = i - 1. \\ 0, & \text{en otro caso.} \end{cases}$$

en donde $\lambda_0, \lambda_1, \dots, \mu_1, \mu_2, \dots$, son constantes positivas conocidas como las tasas de nacimiento y de muerte, respectivamente.

En el caso que todos los parámetros $\lambda_0, \lambda_1, \dots$ sean 0, el proceso se conoce como un proceso de muerte pura. Este concepto es de igual manera muy importante, porque uno de nuestros modelos S-I es analizado bajo este contexto.

2.2.2. Martingalas

Las martingalas constituyen un elemento básico en nuestra teoría previa al modelo. Aunque su definición radica en un determinado tipo de proceso estocástico, comúnmente se le conoce a una martingala como una estrategia de apuesta en los juegos de azar, que consiste en que, si un jugador pierde en una ronda, dobla su apuesta en la siguiente, de tal forma que si gana, recupera todo lo que había perdido y posiblemente algo más. En la teoría de la probabilidad la noción de **martingala** se usa para describir un juego equitativo. Supóngase que un juego se desarrolla continuamente con valor M_t , donde M_t representa el valor monetario obtenido en el instante t mediante una apuesta en el juego mencionado. Supóngase también que tenemos la información \mathfrak{F}_t acerca del juego (perdidas y ganancias) hasta el instante t . La definición de martingala, implica, bajo este

contexto, que la mejor predicción (en el sentido media cuadrática de los valores del juego) es precisamente el valor actual. En términos probabilísticos esto se expresa:

$$E(M_{t+h}|\mathfrak{F}_t) = M_t \quad h > 0$$

En otras palabras, las martingalas son un tipo especial de proceso estocástico que trata un tipo de dependencia de las variables aleatorias expresadas en términos de la esperanza condicional.

Las siguientes dos definiciones son importantes para la definición formal del concepto de martingala.

Definición 2.2.6. Espacio filtrado

Un espacio filtrado es un espacio $(\Omega, \mathfrak{F}, \{\mathfrak{F}_t\}, P)$ donde $(\Omega, \mathfrak{F}, P)$ es un espacio de probabilidad y $\{\mathfrak{F}_t : t \in I\}$ es una filtración, esto es, una familia creciente de sub σ -álgebras de \mathfrak{F} :

$$\mathfrak{F}_s \subseteq \mathfrak{F}_t \quad \text{si} \quad s < t$$

Definición 2.2.7. Adaptación

Un proceso estocástico se dice adaptado a la filtración $\{\mathfrak{F}_t\}_{t \in T}$, si para cada t , X_t es \mathfrak{F}_t -medible.

Definición 2.2.8. Martingala

Sea $T \subseteq \mathbb{R}$. Un proceso $(X_t)_{t \in T}$ se llama martingala relativa a la filtración $\{\mathfrak{F}_t : t \in T\}$ si:

1. X_t es adaptado respecto de \mathfrak{F}_t , es decir, X_t es \mathfrak{F}_t -medible.
2. $E(|X_t|) < \infty$ para todo t .
3. $E(X_t|\mathfrak{F}_s) = X_s$ c.s para $s < t$.

A la martingala $(X_t)_{t \in T}$ adaptada a \mathfrak{F}_t se la denota $\{X_t, \mathfrak{F}_t\}$. $(X_t)_{t \in T}$ se le llama *supermartingala* si (3) es reemplazada por:

$$E(X_t | \mathfrak{F}_s) \leq X_s, \quad s < t.$$

y es una *submartingala*, si (3) es reemplazada por:

$$E(X_t | \mathfrak{F}_s) \geq X_s, \quad s < t.$$

Adicionalmente, definimos un concepto que está muy relacionado con uno de los modelos estocásticos (que analizaremos en el capítulo 3 en detalle) y tiene que ver con lo siguiente: En muchas situaciones es importante determinar el instante en el que es conveniente "parar" el proceso, ya que, en el caso de un jugador, es deseable decidir cual es el momento ideal en el cual retirarse del juego, esta decisión debe depender sólo de la información disponible hasta ese momento y no, de lo que posiblemente, pase en el futuro. Esta situación real motiva la siguiente definición:

Definición 2.2.9. Tiempo de Parada

Sea $\Omega \neq \emptyset$ y $\{\mathfrak{F}_t : t \in T\}$ una filtración. Una variable aleatoria $\tau : \Omega \rightarrow [0, \infty]$ se llama *tiempo de parada* (o de paro) con respecto a la filtración, si $\{\tau \leq t\} \in \mathfrak{F}_t$, para todo $t \in T$.

Ahora definiremos un concepto más general que el concepto de martingala. Nos será de gran utilidad en el momento de determinar las soluciones del sistema estocástico.

Definición 2.2.10. Martingala local

Sea $(X_t)_{t \geq 0}$ un proceso continuo. Decimos que este proceso es una martingala local, si existe una sucesión no decreciente de tiempos de parada $(\tau_n)_{n \in \mathbb{N}}$ de la filtración $\{\mathfrak{F}_t\}_{t \geq 0}$ tal que el proceso cumple las siguientes condiciones:

1. $(X_t^n) := (X_{t \wedge \tau_n})_{t \geq 0}$ es una martingala para cada n .
2. $P(\lim_{n \rightarrow \infty} \tau_n = \infty) = 1$.

3. $P(X_0 = 0) = 1$.

Se puede ver que toda martingala es una martingala local, sin embargo el recíproco es, en general, falso. Como ejemplo tenemos el proceso de Bessel definido como: $R_t = \|W_t\|$, donde $W_t = (W_t^1, \dots, W_t^n)$ es un M.B n-dimensional. Si $n \geq 3$, el proceso definido por: $M_t := \frac{1}{R_t^{n-2}}, 1 \leq t < \infty$ es una martingala local que no es una martingala.³

Finalmente, hablaremos del concepto más general en relación a la martingala, que comprende la familia de procesos estocásticos sobre los cuales definiremos una integral estocástica, que, en este trabajo, será la integral de Itô.

Definición 2.2.11. Semimartingala

Se dice que el proceso $(X_t)_{t \in T}$ es una semimartingala si:

1. $(X_t)_{t \in T}$ es càdlàg y \mathfrak{F}_t -adaptada.
2. Para cualquier función continua f , \mathfrak{F}_t -adaptada y acotada las sumas:

$$S_t f = \sum_{i=0}^{2^n} f_{t_i} [X_{t_{i+1}}(\omega) - X_{t_i}(\omega)]$$

donde $t_i = it2^n$, convergen en probabilidad.⁴

Obsérvese que toda martingala local es una semimartingala⁵.

Para continuar con esta parte, demostraremos el siguiente teorema, el cual será de gran utilidad para la demostración de uno de los resultados más importantes del capítulo 3, en el cual se presentan las propiedades más importantes de las soluciones de un sistema estocástico de ecuaciones que se analizará en dicho capítulo. Tiene que ver con una importante propiedad de convergencia de las supermartingalas.

³Ver la demostración de este hecho en Brownian Motion and Stochastic Calculus de Shreve y Karatzas, capítulo 3, página 154.

⁴Se dice que un proceso $(X_t)_{t \in T}$ es càdlàg si éste está compuesto de caminos simples continuos a derecha. Este acrónimo es tomado del francés, el cual abrevia las frases *continu à droite*, *limite à gauche* y *continu à gauche*.

⁵Ver la demostración de este hecho. Stochastic Integration and Differential Equations. Protter. Páginas 54,55

Teorema 2.2.12. Teorema de convergencia de martingalas de Doob

Sea $(X_t)_{t \in T}$ una martingala a valor real, relativa al espacio filtrado $(\Omega, \mathfrak{F}, P, \{\mathfrak{F}_t\})$. Suponga además que $(X_t)_{t \in T}$ es acotada en \mathcal{L}^1 : $\sup_t E(|X_t|) < \infty$. Entonces,

$$X_\infty := \lim_{x \rightarrow \infty} X_x$$

existe en \mathbb{R} casi siempre.

Demostración. Como ya sabemos, la asignación determinada por $t \mapsto X_t(\omega)$ es continua a derecha, tenemos:

$$\limsup_{t \rightarrow \infty} X_t = \limsup_{q \rightarrow \infty} X_q, \quad \liminf_{t \rightarrow \infty} X_t = \liminf_{q \rightarrow \infty} X_q,$$

donde $q \in \mathbb{Q}$. Si el límite $\lim_{t \rightarrow \infty} X_t$ no existiera en $[-\infty, \infty]$, podríamos encontrar racionales a, b con $a < b$ tal que:

$$\liminf_{q \rightarrow \infty} X_q < a < b < \limsup_{q \rightarrow \infty} X_q,$$

por lo cual el número $U_\infty(X |_{\mathbb{Q}_+}; [a, b])$ (que es la cantidad de veces que la martingala cruza el intervalo $[a, b]$ por restricción de X a los racionales positivos) podría tomar un valor infinito. Sin embargo, por el teorema del cruce,⁶ y por argumentos ya usados en este tipo de pruebas,

$$E[U_\infty(X |_{\mathbb{Q}_+}; [a, b])] \leq (b - a)^{-1} \{ \sup_t E(|X_t|) + a \} < \infty$$

así, de esta manera, X_∞ existe, casi siempre, en $[-\infty, \infty]$. El hecho de que $X_\infty \in \mathbb{R}$ se sigue directamente del lema de Fatou. □

Finalmente, definiremos dentro de esta subsección el siguiente concepto, ya que está estrechamente relacionado con la teoría de martingalas:

⁶Ver demostración en: Teoría Avanzada de la Probabilidad de Liliana Blanco y Myriam Muñoz, página 261

Definición 2.2.13. Variación cuadrática

Sea $(X_t)_{t \in T}$ un proceso estocástico real, definido sobre un espacio de probabilidad completo $(\Omega, \mathfrak{F}, P)$. Definimos la *variación cuadrática del proceso estocástico* como la variable aleatoria:

$$[X]_t = \lim_{\Delta t_k \rightarrow 0} \sum_{t_k \leq t} |X_{t_{k+1}} - X_{t_k}|^2 \quad (\text{Límite en probabilidad})$$

donde $0 = t_1 < t_2 < \dots < t_n = t$ y $\Delta t_k = t_{k+1} - t_k$.

2.2.3. El movimiento browniano

Uno de los elementos importantes involucrado en el planteamiento del modelo, es el concepto de movimiento browniano (de ahora en adelante lo abreviaremos m.b.). En 1827, el botánico escocés Robert Brown, notó cómo unas partículas de polen se movían de manera frenética y aleatoria en un medio fluido, en su caso, agua. La causa de este movimiento, se debe a desproporcionalidades en las fuerzas ejercidas de manera casi continua por las moléculas que componen el fluido. Sin embargo, esto constituía sólo una observación. El verdadero reto, para los matemáticos de la época, sería desarrollar una teoría matemática de manera formal que explicara este fenómeno. El matemático estadounidense Norbert Wiener (1894-1964) usó múltiples observaciones hechas al respecto, en particular, las observaciones de Brown y Einstein. Éste último en uno de sus artículos exponía cómo el movimiento de una de estas partículas pequeñas en el fluido en un instante t se podía modelar usando la distribución normal.⁷ Así, Wiener, usó la teoría más apropiada para este propósito, una teoría que explicara de manera formal fenómenos de naturaleza aleatoria, es decir, la teoría de las probabilidades.

Definición 2.2.14. Movimiento browniano estándar

Un movimiento browniano estándar es un proceso estocástico real $\{W_t : t \in [0, \infty)\}$

⁷Einstein, Albert. Sobre el movimiento requerido por la teoría cinética molecular del calor de pequeñas partículas suspendidas en un líquido estacionario, publicado en 1905

definido sobre un espacio de probabilidad $(\Omega, \mathfrak{F}, P)$ tal que:

1. $W_0 := 0$.
2. Las trayectorias de W_t son continuas c.s.
3. Si se fijan n instantes $0 \leq t_1 \leq t_2 \leq \dots \leq t_n$ los incrementos $W_{t_n} - W_{t_{n-1}}, \dots, W_{t_2} - W_{t_1}$ son variables aleatorias independientes.
4. La variable aleatoria $W_t - W_s \stackrel{d}{=} \mathcal{N}(0, t - s)$, si $0 \leq s \leq t$.

La existencia de un proceso estocástico que cumpla las condiciones 1 al 4 está garantizada por dos importantes teoremas debidos al matemático ruso Andrei Kolmogorov. Estos son: El teorema de existencia de Daniell-Kolmogorov y el teorema de continuidad, el cual, garantiza la existencia de un proceso continuo equivalente al M.B.⁸ Podemos exponer las propiedades más importantes y relevantes del m.B. para nuestros propósitos. Son, básicamente, tres teoremas:

Teorema 2.2.15. *El m.b. es una martingala respecto de la filtración:*

$$\mathfrak{F}_t = \sigma(W_s : 0 \leq s \leq t).$$

Demostración. Dado que los incrementos del m.b. son variables aleatorias independientes, entonces, para $t < s$, $W_t - W_s$ es independiente de \mathfrak{F}_s , como $W_t = (W_t - W_s) + W_s$ y W_s es \mathfrak{F}_s -medible, entonces,

$$E(W_t | \mathfrak{F}_s) = E(W_t - W_s | \mathfrak{F}_s) + E(W_s | \mathfrak{F}_s) = E(W_t - W_s | \mathfrak{F}_s) + W_s = W_s$$

ya que $E(W_t - W_s | \mathfrak{F}_s) = 0$ y de las propiedades de esperanza condicional. □

En vista que uno de nuestros modelos se basará, en gran parte, a los caminos estocásticos del m.b. debemos conocer dos propiedades adicionales, que establecerán la razón de

⁸Ver demostración de estos teoremas en Probability and Measure, Billingsley, páginas 84-88.

ser de la integral de Itô y la forma cómo se define. Para ello es necesario el siguiente lema, enunciado sin demostración.⁹

Lemma 2.2.16. *La variación cuadrática de una trayectoria del m.b. sobre el intervalo $[a, b]$ es la longitud del intervalo, es decir:*

$$\limsup_{\Delta t \rightarrow 0} \sum_{i=1}^{n-1} |W_{t_{i+1}} - W_{t_i}|^2 = b - a.$$

Teorema 2.2.17. (Variación del m.b.)

La variación de una trayectoria del m.b. sobre el intervalo $[a, b]$ es infinita, casi seguramente, es decir:

$$[W]_t = \limsup_{\Delta t \rightarrow 0} \sum_{i=1}^{n-1} |W_{t_{i+1}} - W_{t_i}| = \infty, \quad c.s.$$

Demostración. Para cada natural n , sea \mathfrak{P}_n la partición uniforme del intervalo $[a, b]$ en n subintervalos, es decir, cada incremento $\Delta t_i = t_{i+1} - t_i$, tiene longitud $\frac{(b-a)}{n}$. Entonces tendremos la siguiente desigualdad para cada $\omega \in \Omega$:

$$|\Delta W_j|^2 \leq |\Delta W_j| \max_{0 \leq i < n} |\Delta W_i|,$$

para $1 \leq j < n$. A partir de la desigualdad anterior podemos afirmar que:

$$\sum_{i=0}^{n-1} |\Delta W_i|^2 \leq \left(\max_{0 \leq i < n} |\Delta W_i| \right) \sum_{i=0}^{n-1} |\Delta W_i|.$$

Sea \mathfrak{P}_{n_k} una subsucesión de particiones uniformes del intervalo $[a, b]$ tal que:

$$\lim_{k \rightarrow \infty} \sum_{i=0}^{n_k-1} |\Delta W_i|^2 = b - a,$$

casi seguro (ver lema anterior). Por otro lado, como las trayectorias del m.b. son continuas casi seguramente, se tiene que:

$$\lim_{k \rightarrow \infty} \left(\max_{0 \leq i < n} |\Delta W_i| \right) = 0,$$

⁹Ver demostración de este lema en Introducción a los procesos estocásticos de Luis Rincón, Capítulo 8, Página 220.

casi seguro. Sustituyendo los dos últimos resultados en la desigualdad anterior se obtiene que, respecto a la sucesión de particiones, que $b - a \leq 0$. Este absurdo nos lleva a la conclusión de que:

$$\lim_{k \rightarrow \infty} \sum_{i=0}^{n_k-1} |\Delta W_i| = \infty.$$

□

Es necesario, para la demostración de la siguiente propiedad, definir el siguiente concepto:

Definición 2.2.18. Propiedad de autosimilaridad del m.b

Sea W_t un m.b. Entonces para todo número real $a > 0$, el proceso:

$$(a^{-\frac{1}{2}} W_{at})_{t \geq 0},$$

es un m.b también. Este proceso es normal, con media cero y función de autocovarianza igual a $\min(s, t)$.

El siguiente resultado, muy importante, nos resulta esencial, ya que gracias a éste, podemos entender el comportamiento del m.b. en cuanto a sus cambios instantaneos.

Teorema 2.2.19. *El m.b. $(W_t)_{t \geq 0}$ es diferenciable en ninguna parte.*

Demostración. Para demostrar este teorema, usaremos el hecho de que el m.b. es un proceso estocástico auto-similar ($\frac{1}{2}$ -autosimilar). Mostraremos que para un t_0 fijo,

$$P(\limsup_{t \rightarrow t_0} \frac{|W_t - W_{t_0}|}{t - t_0} = \infty) = 1.$$

Sin pérdida de generalidad escogeremos $t_0 = 0$. Sea $(t_n)_{n \in \mathbb{N}}$ una sucesión decreciente de instantes de tiempo tales que $t_n \rightarrow 0$. Entonces, por la $\frac{1}{2}$ -autosimilaridad del m.B. $W_0 = 0$

c.s y así:

$$\begin{aligned}
P\left(\limsup_{n \rightarrow \infty} \sup_{0 \leq s \leq t_n} \left| \frac{W_s}{s} \right| > x\right) &= \lim_{n \rightarrow \infty} P\left(\sup_{0 \leq s \leq t_n} \left| \frac{W_s}{s} \right| > x\right) \\
&\geq \limsup_{n \rightarrow \infty} P\left(\left| \frac{W_{t_n}}{t_n} \right| > x\right) \\
&= \limsup_{n \rightarrow \infty} P\left(t_n^{-\frac{1}{2}} |W_1| > x\right) \\
&= 1, \quad x > 0.
\end{aligned}$$

Así, con probabilidad 1, $\limsup_{n \rightarrow \infty} \left| \frac{W_{t_n}}{t_n} \right| = \infty$ para cualquier sucesión decreciente a cero (t_n) . \square

Finalmente, definimos un concepto que será muy utilizado en el desarrollo del modelo estocástico S-I-R

Definición 2.2.20. Movimiento browniano geométrico

Al proceso estocástico $(S_t)_{t \in T}$ se le llama m.b. geométrico si para cada $t \in T$: $\ln(S_t) = W_t$, siendo W_t un m.B.

Aquí finaliza el resumen de los conceptos más importantes del m.b. A continuación se expondrán rasgos superficiales del desarrollo y las propiedades de la integral estocástica.

2.2.4. Integral de Itô

Ahora, un importante concepto necesario en nuestra búsqueda de la solución del sistema diferencial estocástico (la versión estocástica del modelo de Kermack-McKendrick), que representa uno de los objetivos centrales de este trabajo, es decir:

$$\begin{aligned}
dX_t &= -\beta(X_t, Y_t, Z_t)X_t Y_t dt + X_t \sigma(X_t + Y_t + Z_t) dW_t & X_0 &= x_0 > 0 \\
dY_t &= \beta(X_t, Y_t, Z_t)X_t Y_t dt - \gamma Y_t dt + Y_t \sigma(X_t + Y_t + Z_t) dW_t & Y_0 &= y_0 > 0 \\
dZ_t &= \gamma Y_t dt + Z_t \sigma(X_t + Y_t + Z_t) dW_t & Z_0 &= 0.
\end{aligned}$$

es la integración estocástica. Sin embargo, debido a que las ecuaciones diferenciales estocásticas involucran el diferencial dW_t del m.B. no podemos definir la integral $\int dW_t$ en el sentido usual de Riemann, ya que el m.B., como vimos en sus propiedades más importantes, es diferenciable en ninguna parte. Por otro lado, en el sentido de Riemann-Stieltjes, tenemos el problema que los caminos de éste a pesar de ser continuos, no son de variación acotada. Por lo tanto, al no garantizar esta condición, tampoco podemos garantizar la existencia de la integral de Riemann-Stieltjes para el m.B.

Con el fin de motivar la definición de la integral estocástica consideremos la siguiente situación: Suponga que X_t representa el precio de una acción en un tiempo $t > 0$. Los precios de una acción están sometidas a fluctuaciones debidas a diversos factores tales como la situación diplomática y/o militar de los países, catástrofes naturales, entre otros, estas fluctuaciones se pueden representar mediante las trayectorias del m.b. W_t . Basándose en resultados empíricos, los financistas han observado que los inversionistas manejan sus ganancias o pérdidas potenciales dX_t en proporción a la suma invertida. También han podido observar que el precio relativo $\frac{dX_t}{X_t}$ en el tiempo t , de una acción cambia en función a las fluctuaciones del mercado, dicho de otra forma, es proporcional a dW_t , es decir:

$$dX_t = \sigma X_t dW_t$$

¿Cómo, entonces resolver esta ecuación diferencial, sin tener acceso a las herramientas usuales dadas por el cálculo?. En el año 1942, Itô dió un riguroso significado a ecuaciones como la anterior, escribiéndolas en forma de ecuación integral.

$$X_t = x + \sigma \int_0^t X_s dW_s$$

y definiendo de una forma plausible la integral $\int_0^t X_s dW_s$. Antes de definir formalmente esta integral, necesitamos otros conceptos importantes:

Definición 2.2.21. Proceso simple

Un proceso estocástico X es llamado simple, si se puede expresar de la forma:

$$X = \sum_{j=1}^n \xi_j 1_{(t_{j-1}, t_j)}(t),$$

donde $0 = t_0 < t_1 < \dots < t_n = T$ y las ξ_j son variables aleatorias acotadas, cuadrado-integrables y $\mathfrak{F}_{t_{j-1}}$ -medibles, y 1_A representa la función indicadora para el conjunto A . La clase de los procesos simples será denotada por \mathfrak{L}_0 .

Observación 2.2.22. La teoría de procesos estocásticos utiliza los procesos estocásticos simples como los procesos básicos para la definición de todos los conceptos generales relacionados con la integral estocástica. Inicialmente se demuestran los resultados para procesos estocásticos simples. Después demostramos los resultados para procesos estocásticos \mathfrak{F}_t -adaptados, medibles y acotados y por último, hacemos lo propio para procesos estocásticos en general. Eso haremos, a continuación, para definir la integral de Itô.

Definición 2.2.23. La Integral de Itô

Si $X \in \mathfrak{N}$,¹⁰ entonces se escoge una sucesión de procesos elementales $\Phi_n \in \mathfrak{N}$ tales que:

$$E\left(\int_S^T (X - \Phi_n)^2 dt\right) \longrightarrow 0 \quad \text{cuando} \quad n \longrightarrow \infty$$

y se define la *integral de Itô* de f como sigue:

$$I(X)(w) := \int_S^T X(t, w) dW_t(w) := \lim_{n \rightarrow \infty} \int_S^T \Phi_n(t, w) dW_t(w).$$

Observación 2.2.24. Es importante aclarar que la existencia de una sucesión $(\Phi_n)_{n \in \mathbb{N}}$ que converja a un proceso estocástico dado, que pertenezca a \mathfrak{N} se garantiza, ya que la clase \mathfrak{L}_0 resulta ser densa en la clase de los procesos estocásticos \mathfrak{F}_t -adaptados, medibles y acotados, bajo la métrica definida por la variación cuadrática del proceso.¹¹

¹⁰ $\mathfrak{N} = \mathfrak{N}(S; T)$ es la clase de los procesos $\{X(t), t \geq 0\}$, donde $X(t, w) : [0, \infty) \times \Omega \longrightarrow \mathbb{R}$ son tales que:

- $(t, w) \longrightarrow X(t, w)$ es $\mathfrak{B} \otimes \mathfrak{F}$ -medible.
- $X(t, w)$ es \mathfrak{F}_t -adaptado.
- $E(\int_S^T X(t, w)^2 dt) < \infty$

¹¹Ver la demostración de esta afirmación en Karatzas y Shreve, página 133.

La siguiente propiedad es importantísima, ya que mediante ella logramos mostrar múltiples propiedades de la integral de Itô, entre ellas, la consistencia de su definición.

Teorema 2.2.25. Isometría de Itô

Sea $\{\Phi(t, \omega), t \geq 0\}$ un proceso simple, entonces:

$$E\left(\left(\int_S^T \Phi(t, \omega) dW_t\right)^2\right) = E\left(\int_S^T \Phi(t, \omega)^2 dt\right).$$

Demostración. En efecto, de la \mathfrak{F}_{t_j} -medibilidad de las ξ_j y de las propiedades del m.b. se tiene que:

$$\begin{aligned} E\left(\left(\int_S^T \Phi(t, \omega) dW_t\right)^2\right) &= E(\xi_i \xi_j (W_{t_{i+1}} - W_{t_i}) ((W_{t_{j+1}} - W_{t_j}))) \\ &= E(\xi_j)^2 (t_{j+1} - t_j) \end{aligned}$$

si $i = j$, de otro modo tenemos que esta expresión es igual a 0, ya que los incrementos de m.B son independientes. Ahora bien, usando el hecho similar que $\xi_i \xi_j \Delta W_i$ y ΔW_j son independientes si $i < j$, entonces:

$$\begin{aligned} E\left(\left(\int_S^T \Phi(t, \omega) dW_t\right)^2\right) &= \sum_{i,j} E(\xi_i \xi_j \Delta W_i \Delta W_j) \\ &= \sum_j E[\xi_j^2] \Delta t_j = E\left[\int_S^T \Phi(t, \omega) dt\right]. \end{aligned}$$

□

Observación 2.2.26. Como la sucesión $\Psi_n(\omega) := \int_S^T \Phi_n(t, \omega) dW_t(\omega)$, $n \in \mathbb{N}$ forma una sucesión de Cauchy en \mathcal{L}^2 (el espacio vectorial de los procesos cuadrado-integrales) y como este espacio es completo bajo la norma definida por:

$$|X| := E\left[\int_0^T X_t^2 d\langle W \rangle_t\right]$$

siendo $\langle W \rangle_t$ la variación cuadrática del m.b. ¹² entonces este límite existe en \mathcal{L}^2 , esto significa, que la integral de Itô de X es un proceso de \mathcal{L}^2 . Al aplicar la isometría de Itô,

¹²Ver Karatzas y Shreve, página 130

se tiene que el límite es totalmente independiente de la sucesión $\{\Phi_n\}_n$ y que además:

$$E\left(\left(\int_S^T X(t, \omega) dW_t\right)^2\right) = E\left(\int_S^T X(t, \omega)^2 dt\right).$$

lo cual muestra que nuestra construcción de la integral de Itô es totalmente consistente.

La evaluación de una integral de Itô, por más simple que sea el proceso estocástico, es una tarea realmente difícil si se usa la definición. Por esta razón se exponen las propiedades más importantes de la integral de Ito:

Teorema 2.2.27. Sean $X, Y \in \mathfrak{N}(0, T)$, $0 \leq S \leq U \leq T$ y $a, b \in \mathbb{R}$. Entonces:

1. $\int_S^T X(t) dW_t = \int_S^U f dW_t + \int_U^T f dW_t$.
2. $\int_S^T (aX(t) + bY(t)) dW_t = a \int_S^T X(t) dW_t + b \int_S^T Y(t) dW_t$.
3. $E(\int_S^T X(t) dW_t) = 0$

Demostración. Se puede demostrar las propiedades para procesos básicos y, luego generalizar. Así, si X, Y son procesos elementales, tomamos una partición común del mismo intervalo para los dos procesos y después, una partición más fina para $[0, T]$. Sea

$$X(t, w) = \sum_j \xi_j(w) I_{(t_j, t_{j+1}]}(t)$$

y

$$Y(t, w) = \sum_j \bar{\xi}_j(w) I_{(t_j, t_{j+1}]}(t)$$

entonces:

(1)

$$\begin{aligned} \int_S^T X dW_t &= \sum_{j \geq 0} \xi_j(w) (W_{t_{j+1}} - W_{t_j})(w) \\ &= \sum_{t_j \leq U} \xi_j(w) (W_{t_{j+1}} - W_{t_j})(w) + \sum_{t_j > U} \xi_j(w) (W_{t_{j+1}} - W_{t_j})(w) \\ &= \int_S^U X dW_t + \int_U^T X dW_t. \end{aligned}$$

(2)

$$\begin{aligned} \int_S^T (aX + bY)dW_t &= \sum_j a\xi_j(w)(W_{t_{j+1}} - W_{t_j})(w) + \sum_j b\bar{\xi}_j(w)(W_{t_{j+1}} - W_{t_j})(w) \\ &= a \int_S^U X dW_t + b \int_U^T Y dW_t. \end{aligned}$$

(3)

$$E\left(\int_S^T X dW_t\right) = E\left(\sum_j \xi_j(w)(W_{t_{j+1}} - W_{t_j})(w)\right) = \sum_j E(\xi_j)E(W_{t_{j+1}} - W_{t_j}) = 0.$$

□

Como ya veníamos mencionando, la evaluación de estas integrales no son nada sencillas. Por esta razón buscamos métodos más eficientes para su evaluación. Los siguientes resultados son de vital importancia en la búsqueda de las soluciones del sistema estocástico planteado al principio de esta subsección. Por ejemplo, el siguiente teorema nos servirá para determinar una de las propiedades más importantes de las soluciones del sistema estocástico (S3), que es, mostrar que los procesos que describen el número de infectados y removidos dentro del desarrollo de la enfermedad son supermartingalas y submartingalas, respectivamente:

Teorema 2.2.28. *Sea $X(t, w) \in \mathfrak{N}(0, T)$ para todo $T \geq 0$. Entonces*

$$M_t(w) := \int_0^t X(s, w)dW_s$$

es una martingala con respecto a \mathfrak{F}_t , la filtración canónica.

Demostración. Como $X \in \mathfrak{N}(0, T)$ entonces existe una sucesión $(\Phi_n)_n$ de procesos elementales tales que:

$$E\left(\int_0^T (X - \Phi_n)^2 dt\right) \longrightarrow 0$$

cuando $n \rightarrow \infty$. Ahora, al tomar:

$$I_n(t, w) = \int_0^t \Phi_n(s, w)dW_s(w), \text{ e, } I(t, w) = \int_0^t \Phi(s, w)dW_s(w),$$

se tiene que:

$$E(I_n(s, w)|\mathfrak{F}_t) = I_n(t, w) \text{ cuando } t < s.$$

Por lo tanto, tomando los límites:

$$\lim E(I_n(s, w)|\mathfrak{F}_t) = \lim I_n(t, w) \text{ cuando } t < s.$$

esto es,

$$E(I(s, w)|\mathfrak{F}_t) = I(t, w) \text{ cuando } t < s.$$

o sea,

$$E(M_s(w)|\mathfrak{F}_t) = M_t(w) \text{ cuando } t < s.$$

lo cual prueba que éste proceso es una martingala. □

La fórmula de Itô es uno de los resultados más importantes de la teoría de la integración estocástica. Éste nos permite determinar integrales de Itô con mayor facilidad. Podría decirse que este resultado es la versión estocástica del teorema fundamental del cálculo y a continuación veremos porqué. Primero veremos algunas definiciones:

Definición 2.2.29. \mathfrak{M} denota la colección de todos los procesos $X(t, \omega) : [0, \infty) \times \Omega \rightarrow \mathbb{R}$ tales que:

1. La aplicación $(t, \omega) \mapsto X(t, \omega)$ es $\mathfrak{B} \otimes \mathfrak{F}$ -medible¹³.
2. Existe una familia no decreciente de σ -álgebras $\{\mathfrak{G}_t, t \in [0, \infty)\}$ tal que: a) W_t es una martingala respecto a \mathfrak{G}_t y b) $X(t, \cdot)$ es \mathfrak{G}_t -adaptado.
3. $P(\int_0^t X(t, \omega)^2 dt < \infty) = 1$.

Definición 2.2.30. Sea $(\Omega, \mathfrak{F}, P)$ un espacio de probabilidad y $(W_t)_{t \geq 0}$ un m.b. unidimensional definido sobre él. Una integral estocástica unidimensional (o proceso real de

¹³La notación $\mathfrak{B} \otimes \mathfrak{F}$ se usa para representar la σ -álgebra producto.

$It\hat{o}$) es un proceso estocástico $\{X_t, t \geq 0\}$ sobre $(\Omega, \mathfrak{F}, P)$ tal que existen dos procesos integrables $U = (U_t)_{t \geq 0}$ y $V = (V_t)_{t \geq 0}$ tal que:

$$X_t(w) = X_0(w) + \int_0^t U(s, w)ds + \int_0^t V(s, w)dW_s(w),$$

en donde $V \in \mathfrak{M}$ y es \mathfrak{F}_t -adaptado y además:

$$P\left(\int_0^t |U(s, w)|ds < \infty\right) = 1 \text{ para todo } t \geq 0$$

Por último, X_0 debe ser \mathfrak{F}_0 -medible y U, V deben ser progresivamente medibles.¹⁴

Observación 2.2.31. Si $\{X_t, t \geq 0\}$ es una integral estocástica de la forma anterior, entonces dicha ecuación se acostumbra a escribir como sigue:

$$dX_t = Udt + VdW_t.$$

Y se le llama, la forma diferencial del proceso de $It\hat{o}$.

El siguiente resultado es tal vez la propiedad más útil y el resultado más importante, en la determinación de procesos que satisfagan este tipo de ecuaciones en integrales estocásticas.

Teorema 2.2.32. La Fórmula de $It\hat{o}$ Unidimensional

Sea $\{W_t, t \geq 0\}$ un m.b. unidimensional y sea $\{X_t, t \geq 0\}$ una integral estocástica tal que:

$$dX_t = Udt + VdW_t.$$

Supóngase, así mismo, que $g(t, x)$ tiene segunda derivada continua, entonces $\{Y_t, t \geq 0\}$ con $Y_t = g(t, X_t)$ es de nuevo una integral estocástica y:

$$dY_t = \frac{\partial g}{\partial t}(t, X_t)dt + \frac{\partial g}{\partial x}(t, X_t)dX_t + \frac{1}{2} \frac{\partial^2 g}{\partial x^2}(t, X_t)(dX_t)^2$$

para todo $t \geq 0$, donde $dt \cdot dt = dt \cdot dW_t = 0, dW_t \cdot dW_t = dt$.

¹⁴ Un proceso estocástico $(X_t)_{t \in T}$ es progresivamente medible con respecto a una filtración $\{\mathfrak{F}_t : t \in T\}$ si para cada $t \in T$, la asignación $(s, \omega) \rightarrow X(s, \omega)$, en $(R, B(R))$, es medible.

Se citarán importantes observaciones respecto a este último resultado, antes de hacer la prueba de la fórmula unidimensional de Itô.

Observación 2.2.33. 1. Como $dX_t = Udt + VdW_t$, entonces:

$$\begin{aligned}(dX_t)^2 &= (Udt + VdW_t)(Udt + VdW_t) \\ &= U^2dt^2 + UVdtdW_t + VUdW_tdt + V^2dW_tdW_t \\ &= V^2dt\end{aligned}$$

luego,

$$dY_t = \frac{\partial g}{\partial t}(t, X_t)dt + \frac{\partial g}{\partial x}(t, X_t)(Udt + VdW_t) + \frac{1}{2} \frac{\partial^2 g}{\partial x^2}(t, X_t)V^2dt$$

esto es,

$$\begin{aligned}Y_t = g(0, X_0) + \int_0^t \frac{\partial g}{\partial s}(s, X_s)ds + \int_0^t \frac{\partial g}{\partial x}(s, X_s)Uds + \int_0^t \frac{\partial g}{\partial x}(s, X_s)VdW_s + \\ \int_0^t \frac{1}{2} \frac{\partial^2 g}{\partial x^2}(s, X_s)V^2ds\end{aligned}$$

La anterior expresión nos resultará especialmente útil para la demostración de la fórmula de Itô.

2. (Integración por partes) Se supone que $F(s, w) = f(s)$, depende sólo de s y que f es de variación acotada en $[0, t]$, entonces:

$$\int_0^t f(s)dW_s = f(t)W_t - \int_0^t W_sdf(s).$$

En efecto, sean $g(t, x) = f(t) \cdot x$ y $X_t = W_t$, entonces:

$$Y_t = g(t, W_t) = f(t) \cdot W_t$$

Por la fórmula de Itô:

$$\begin{aligned}dY_t &= df(t) \cdot W_t + f(t) \cdot dW_t \\ Y_t &= \int_0^t df(s)W_s + \int_0^t f(s)dW_s + C \\ \int_0^t f(s)dW_s &= f(t)W_t - \int_0^t W_sdf(s),\end{aligned}$$

$C = 0$ puesto que $Y_0 = 0$.

Ahora si, realizaremos la demostración de la formula unidimensional de Itô.

Demostración. Como $dX_t = Udt + VW_t$ entonces:

$$Y_t = g(t, X_t) = g(0, X_0) + \int_0^t \left(\frac{\partial g}{\partial s} + U \cdot \frac{\partial g}{\partial x} + \frac{1}{2} V^2 \cdot \frac{\partial^2 g}{\partial x^2} \right) ds + \int_0^t V \cdot \frac{\partial g}{\partial x} dW_s$$

Y_t resulta ser una integral estocástica. Se puede suponer, sin pérdida de generalidad, que $g, \frac{\partial g}{\partial t}, \frac{\partial g}{\partial x}, \frac{\partial^2 g}{\partial x^2}$ son acotadas, pues si se prueba la anterior igualdad en ese caso, se puede obtener el caso general, puesto que se puede probar que existen funciones $g_n \in \mathcal{C}^2$ tales que $g_n, \frac{\partial g_n}{\partial t}, \frac{\partial g_n}{\partial x}, \frac{\partial^2 g_n}{\partial x^2}$ son acotadas para cada $n \in \mathbb{N}$ y convergen uniformemente sobre compactos en $[0, \infty) \times \mathbb{R}$ a $g, \frac{\partial g}{\partial t}, \frac{\partial g}{\partial x}, \frac{\partial^2 g}{\partial x^2}$ respectivamente.

Ahora, sea $0 = t_0 < t_1 < \dots < t_n < t$ una partición de $[0, t)$ con $\Delta t_j = t_j - t_{j-1} \rightarrow 0$. Por la fórmula de Taylor se obtiene:

$$\begin{aligned} g(t, X_t) &= g(0, X_0) + \sum_j \Delta g(t_j, X_{t_j}) \\ &= g(0, X_0) + \sum_j [g(t_{j+1}, X_{t_{j+1}}) - g(t_j, X_{t_{j+1}})] + \\ &\quad \sum_j [g(t_j, X_{t_{j+1}}) - g(t_j, X_{t_j})] \\ &= g(0, X_0) + \sum_j \frac{\partial g}{\partial t} \Delta t_j + \sum_j \frac{\partial g}{\partial t} \Delta X_j + \frac{1}{2} \sum_j \frac{\partial^2 g}{\partial t^2} (\Delta t_j)^2 \\ &\quad + \sum_j \frac{\partial^2 g}{\partial t \partial x} (\Delta t_j) (\Delta X_j) + \frac{1}{2} \sum_j \frac{\partial^2 g}{\partial x^2} (\Delta X_j)^2 + \sum_j R_j, \end{aligned}$$

donde $g, \frac{\partial g}{\partial t}, \frac{\partial g}{\partial x}, \frac{\partial^2 g}{\partial x^2}$ están evaluadas en (t_j, X_{t_j}) y $\Delta t_j := t_{j+1} - t_j, \Delta X_j := X_{j+1} - X_j$ y $R_j = o(|\Delta t_j|^2 + |\Delta X_j|^2)$ para todo j . Si $\Delta t_j \rightarrow 0$, entonces:

$$\begin{aligned} \sum_j \frac{\partial g}{\partial t} \Delta t_j &= \sum_j \frac{\partial g}{\partial t}(t_j, X_{t_j}) \Delta t_j \rightarrow \int_0^t \frac{\partial g}{\partial t}(s, X_s) ds \\ \sum_j \frac{\partial g}{\partial x} \Delta X_j &= \sum_j \frac{\partial g}{\partial x}(t_j, X_{t_j}) \Delta X_j \rightarrow \int_0^t \frac{\partial g}{\partial x}(s, X_s) dX_s \end{aligned}$$

Más aún:

$$\begin{aligned} \sum_j \frac{\partial^2 g}{\partial x^2} (\Delta X_j)^2 &= \sum_j \frac{\partial^2 g}{\partial x^2} U_j^2 (\Delta t_j)^2 + 2 \sum_j \frac{\partial^2 g}{\partial x^2} U_j V_j (\Delta t_j) (\Delta W_j) \\ &\quad + \sum_j \frac{\partial^2 g}{\partial x^2} V_j (\Delta W_j)^2. \end{aligned}$$

Los dos primeros términos tienden a cero cuando $\Delta t_j \rightarrow 0$. Esto se debe a la isometría de Itô, ya mencionada (la cual requiere acotación), así:

$$\begin{aligned} E \left(\sum_j \frac{\partial^2 g}{\partial x^2} U_j V_j (\Delta t_j) (\Delta W_j) \right)^2 &= \sum_j E \left(\frac{\partial^2 g}{\partial x^2} U_j V_j \right)^2 (\Delta t_j)^2 (\Delta t_j) \\ &= \sum_j E \left(\frac{\partial^2 g}{\partial x^2} U_j V_j \right)^2 (\Delta t_j)^3 \xrightarrow{\Delta \rightarrow 0} 0. \end{aligned}$$

Análogamente se verifica el otro límite. Ahora se verá que el último término tiende a $\int_0^t \frac{\partial^2 g}{\partial x^2} V^2 ds$ en \mathcal{L}^2 cuando $\Delta t_j \rightarrow 0$. Veamos. Sea:

$$a(t) = \frac{\partial^2 g}{\partial x^2}(t, X_t) V^2(t, \omega),$$

$a_j = a(t_j)$ y se considera:

$$\begin{aligned} E \left(\left(\sum_j a_j (\Delta W_j)^2 - \sum_j a_j \Delta t_j \right)^2 \right) &= \\ &= \sum_{ij} E [a_i a_j ((\Delta W_j)^2 - \Delta t_i) (\Delta W_j)^2] - \Delta t_j. \end{aligned}$$

Si $i < j$, entonces $a_i a_j ((\Delta W_i)^2 - \Delta t_i)$ y $(\Delta W_j)^2 - \Delta t_j$ son independientes y lo mismo ocurre si $i > j$. Por lo tanto,

$$\begin{aligned} E \left(\left(\sum_j a_j (\Delta W_j)^2 - \sum_j a_j \Delta t_j \right)^2 \right) &= \\ &= \sum_j E(a_j)^2 (3(\Delta t_j)^2 - 2(\Delta t_j)^2 + (\Delta t_j)^2) = 2 \sum_j E(a_j^2) (\Delta t_j)^2 \xrightarrow{\Delta \rightarrow 0} 0. \end{aligned}$$

Por lo tanto,

$$\sum_j a_j (\Delta W_j)^2 \rightarrow \int_0^t a(s) ds$$

en \mathcal{L}^2 cuando $n \rightarrow \infty$. Este último hecho se abrevia: $(dW_t)^2 = dt$. Por último, como $\sum_j R_j \rightarrow 0$ cuando $\Delta t_j \rightarrow 0$. Lo cual concluye la prueba. \square

2.2.5. Elementos de la teoría de SDE(Stochastical Differential Equations)

Como uno de los propósitos centrales de éste trabajo es determinar, si es posible, soluciones del sistema estocástico (S3) ¹⁵es fundamental ver, resultados que garanticen la existencia de las soluciones fuertes y las condiciones que deben exigirse para este propósito (más adelante se definirá que es, una solución fuerte de una ecuación diferencial estocástica). Esta teoría se desarrolla bajo el concepto de las difusiones. La palabra **difusión** transmite muchas ideas de naturaleza intuitiva. Proviene de distintos conceptos en física, en particular de la termodinámica, mecánica de fluidos y la física cuántica.

Definición 2.2.34. Proceso de difusión

El proceso $\{X_t\}_{t \in [0, \infty)}$ es un proceso de difusión si:

1. Es un proceso continuo con probabilidad 1, para todo $t \in [0, \infty)$
2. Satisface la propiedad de Markov.
3. Satisface la ecuación diferencial estocástica de la forma

$$dX_t = b(X_t)dt + \sigma(X_t)dW_t$$

en donde W_t es el movimiento browniano unidimensional, b es una función de \mathbb{R}^n en \mathbb{R}^n , y σ es una función de \mathbb{R}^n en \mathbb{R}^{n+1} , las cuales son funciones de Lipschitz, es decir para cada $x, y \in \mathbb{R}^n$:

$$|b(x) - b(y)| + |\sigma(x) - \sigma(y)| \leq C|x - y|$$

¹⁵Ver página 19 de este mismo documento.

para una constante $C < \infty$.

Ya conociendo el concepto de difusión, de manera más general podemos formular algunos conceptos y resultados de la teoría de las ecuaciones diferenciales estocásticas.

Definición 2.2.35. La SDE general

La ecuación diferencial estocástica se puede escribir de la siguiente manera:

$$X_t = X_0 + \int_0^t \sigma(X_s) dW_s + \int_0^t b(X_s) ds.$$

A $\sigma(X_t)$ se le llama el coeficiente de difusión y $b(X_t)$ se le llama el coeficiente de tendencia.

En otras palabras la SDE general no es otra cosa que una integral de Itô con $U = b$ y $V = \sigma$ que cumple las condiciones ya planteadas. La definición anterior corresponde exactamente a un proceso de Itô ya definido antes, en donde el proceso X_t es la incógnita. La solución de esta SDE es un proceso que puede interpretarse como el estado de un sistema dinámico que evoluciona de manera determinística gobernado por la parte no aleatoria de la ecuación (la tendencia) pero alterado por un ruido aditivo, (denominado ruido blanco) dado por la parte estocástica de la ecuación (la difusión).

Habíamos mencionado con anterioridad la palabra fuerte como tipo de solución existente para una SDE. A continuación se definirán estos conceptos.

Definición 2.2.36. Solución fuerte de una SDE

Una solución fuerte de una SDE en un espacio de probabilidad $(\Omega, \mathfrak{F}, P)$ dado, con respecto a un m.B. $(W_t)_{t \geq 0}$ fijado y con un valor inicial x_0 , es un proceso $X = (X_t)_{t \geq 0}$ con trayectorias continuas que cumple las siguientes propiedades;

1. X es adaptado a la filtración $\mathfrak{F}_t = \sigma(W_t)$, la filtración canónica del m.B.
2. $P[X_0 = x_0] = 1$.
3. $P[\int_0^t X_s ds < \infty] = 1$ para $0 \leq t \leq \infty$.

4. El proceso ya definido como:

$$X_t = X_0 + \int_0^t b(X_s)ds + \int_0^t \sigma(X_s)dW_s.$$

satisface la SDE c.s.

Por otro lado, veamos que es una solución débil de una SDE y que implicaciones tiene esta definición de manera práctica:

Definición 2.2.37. Solución débil de una SDE

Decimos que un proceso adaptado X es una solución débil si sólo la distribución inicial es dada y ésta consiste de una tripla $(\Omega, \mathfrak{F}, P)$ junto con un \mathfrak{F} -m.b. W_t con $P \circ X_0 = \mu$ que satisfaga la SDE general.

Las definiciones dadas anteriormente no transmiten, por sí solas, una idea clara de lo que significa una solución fuerte y una solución débil. Por ello, debemos ser más explícitos en este planteamiento, dada su importancia en el desarrollo de los resultados de unos de los modelos. Como hablaremos de procesos estocásticos reales como soluciones de SDE. sea $F = X_n$ la solución fuerte de una SDE. Si esto ocurre, es porque X_t es un proceso adaptado a la familia de σ -álgebras:

$$\mathfrak{F}_t^Z := \sigma(B_s, s \leq t, Z).$$

que resuelve la ecuación diferencial estocástica en cuestión, siendo Z una variable aleatoria generada por el m.b. Ahora, podemos plantear el problema de forma diferente. Nos dan los coeficientes $b(t, x), \sigma(t, x)$ y nos piden que encontremos un par de procesos X_t, B_t en un espacio de probabilidad determinado $(\Omega, \mathfrak{F}, P)$ tales que B_t es un m.b. relativo a una filtración \mathfrak{H}_t y X_t satisface la ecuación diferencial estocástica:

$$dX_t = b(t, X_t)dt + \sigma(t, X_t)dB_t.$$

Diremos entonces que $(\Omega, \mathfrak{F}, P, \mathfrak{H}_t, X_t, B_t)$ es una solución débil de la SDE anterior.

Pueden demostrarse los siguientes resultados:

1. Toda solución fuerte es también una solución débil.
2. Una ecuación con coeficientes $b(t, x)$ y $\sigma(t, x)$ se dice que tiene unicidad débil, si dos soluciones débiles tienen la misma ley (es decir, tienen las mismas distribuciones en dimensión finita). Si los coeficientes mencionados satisfacen las condiciones que se plantearán en el teorema 1.2.38, entonces se satisface la unicidad débil.
3. La existencia de soluciones débiles puede garantizarse suponiendo solamente que los coeficientes $b(t, x)$ y $\sigma(t, x)$ son funciones continuas y acotadas.

El siguiente resultado, tal vez el más importante de esta sección, establecerá cuales son las condiciones necesarias sobre el coeficiente de difusión y sobre el coeficiente de tendencia para la existencia y la unicidad de la solución de la SDE general.

Teorema 2.2.38. Existencia y unicidad

Fijemos un intervalo de tiempo $[0, T]$. Supongamos que los coeficientes b, σ de la ecuación:

$$dX_t = b(X_t)dt + \sigma(X_t)dW_t.$$

verifican las siguientes condiciones:

$$|b(t, x) - b(t, y)| \leq D_1|x - y|$$

$$|\sigma(t, x) - \sigma(t, y)| \leq D_2|x - y|$$

$$|b(t, x)| \leq C_1(1 + |x|)$$

$$|\sigma(t, x)| \leq C_2(1 + |x|),$$

para todo $x, y \in \mathbb{R}, t \in [0, T]$. Supongamos que Z es una variable aleatoria independiente de la σ -álgebra \mathfrak{F}_T generada por el m.b. en el intervalo $[0, T]$, tal que $E(Z^2) < \infty$. Entonces, existe un único proceso $\{X_t : t \in [0, T]\}$, continuo, \mathfrak{F}_T -adaptado, solución de la SDE general y tal que:

$$E\left(\int_0^T |X_s|^2 ds\right) < \infty.$$

Antes de hacer la prueba de este teorema, haremos unas observaciones relacionadas con éste, las cuales generalizarán y contextualizarán estos resultados. Podemos notar resultados interesantes:

1. Este resultado es cierto en dimensión superior, cuando W_t es un M.B. m -dimensional, la solución es un proceso estocástico n -dimensional, y los coeficientes son funciones definidas así: $b : [0, T] \times \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$, $\sigma : [0, T] \times \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^{m+n}$.

2. La condición de crecimiento lineal (últimas dos condiciones) garantizan que la solución no explota a infinito antes del tiempo final T . Por ejemplo, la ecuación diferencial determinística:

$$\frac{dX_t}{dt} = X_t^2, \quad X_0 = 1.$$

tiene por única solución la función de t :

$$X_t = \frac{1}{1-t}, \quad 0 \leq t < 1,$$

que diverge en el instante $t = 1$.

3. La condición de Lipschitz (primeras dos condiciones) garantiza que no exista más de una solución. El ejemplo típico para esta situación es la ecuación diferencial determinística:

$$\frac{dX_t}{dt} = 3X_t^{\frac{2}{3}}, \quad X_0 = 0,$$

tiene infinitas soluciones, ya que, por ejemplo, para cada $a > 0$, $X_t = (t - a)^3$ es una solución. En este ejemplo la función $b(t) = 3t^{\frac{2}{3}}$ no satisface la condición de Lipschitz, ya que la derivada de b no está acotada.

4. Si los coeficientes b, σ son diferenciables en la variable x , la condición de Lipschitz significa que las derivadas parciales $\frac{\partial b}{\partial x}$ y $\frac{\partial \sigma}{\partial x}$ están acotadas respectivamente, por D_1 y D_2 .

Demostración. Consideremos el espacio $\mathcal{L}_{a,T}^2$ de los procesos adaptados a la filtración $\mathfrak{F}_t^Z = \sigma(Z) \vee \mathfrak{F}_t$ y tales que $E(\int_0^T |X_s|^2 ds) < \infty$. En este espacio introduciremos la siguiente norma:

$$\|X\| = \left(\int_0^T e^{-\lambda s} E[X_s^2] ds \right)^{\frac{1}{2}},$$

donde λ es una constante tal que $\lambda > 2(TD_1 + D_2)$.

Ahora, definamos un operador en este espacio como sigue:

$$(\mathcal{L}X)_t := X_0 + \int_0^t b(s, X_s) ds + \int_0^t \sigma(s, X_s) dW_s.$$

Este operador esta bien definido, gracias a las condiciones de crecimiento lineal, impuestas en las hipótesis del teorema, sobre los coeficientes de la ecuación.

La desigualdad de Schwartz y la isometría de Itô, me permiten escribir la siguiente cadena de implicaciones:

$$\begin{aligned} E[|(\mathcal{L}X)_t - (\mathcal{L}Y)_t|^2] &\leq 2E\left[\left(\int_0^t (b(s, X_s) - b(s, Y_s)) ds\right)^2\right] \\ &\quad + 2E\left[\left(\int_0^t (\sigma(s, X_s) - \sigma(s, Y_s)) dW_s\right)^2\right] \\ &\leq 2TE\left[\left(\int_0^t (b(s, X_s) - b(s, Y_s))^2 ds\right)\right] \\ &\quad + E\left[\left(\int_0^t (\sigma(s, X_s) - \sigma(s, Y_s))^2 dW_s\right)\right] \end{aligned}$$

Usando la condición de Lipschitz, se obtiene:

$$E[|(\mathcal{L}X)_t - (\mathcal{L}Y)_t|^2] \leq CE \int_0^t (X_s - Y_s)^2 ds.$$

Pongamos $C = 2(TD_1 + D_2)$. Por consiguiente, multiplicando por el factor $e^{-\lambda t}$ e integrando en $[0, T]$ se obtiene:

$$\begin{aligned} e^{-\lambda t} E[|(\mathcal{L}X)_t - (\mathcal{L}Y)_t|^2] dt &\leq C \int_0^t e^{-\lambda t} E\left[\int_0^t (X_s - Y_s)^2 ds\right] dt \\ &\leq C \int_0^t \left(\int_s^T e^{-\lambda t} dt\right) E[(X_s - Y_s)^2] ds \\ &\leq \frac{C}{\lambda} \int_0^T e^{-\lambda s} E[X_s - Y_s^2] ds. \end{aligned}$$

Por lo tanto,

$$\|\mathcal{L}X - \mathcal{L}Y\| \leq \sqrt{\frac{C}{\lambda}} \|X - Y\|.$$

y como $\sqrt{\frac{C}{\lambda}}$. Esto nos dice que el operador \mathcal{L} es una contracción en el espacio $\mathcal{L}_{a,T}$. El teorema del punto fijo nos asegura que este operador tiene un único punto fijo, lo que implica la unicidad y existencia de la ecuación diferencial estocástica general. \square

Obsérvese que el teorema anterior no establece la forma de encontrar una solución a la SDE dada, sólo asegura la existencia de esta.

C A P Í T U L O 3

Modelos S-I

3.1. Un modelo determinístico S-I

Este modelo epidemiológico consiste en una población en la cual sólo tenemos dos grupos disyuntos: los susceptibles y los infectados (S-I). En este modelo, una vez que el individuo susceptible es infectado, permanece en ese estado para siempre. Por esta razón este modelo describe una infección con estado no latente. Esta infección se desencadena en una población sin inmunidad, donde nadie se recupera, ni nadie muere. Esta descripción nos da a entender que quizás sea un modelo un poco alejado de la realidad, ó, diciéndolo de una manera más optimista, es un modelo que servirá bajo circunstancias muy específicas. Por ejemplo, servirá para modelar la difusión de una enfermedad altamente infecciosa en los primeros días, pero no letal, tal vez una gripe o una varicela. Para empezar el análisis del modelo determinístico, tenemos, como habíamos mencionado, dos grupos disyuntos. Sea $x(t)$ la cantidad de susceptibles en el instante t y sea $y(t)$ la cantidad de infectados en el instante t . Se impondrán entonces condiciones iniciales, a saber, $x(0) = x_0, y(0) = y_0$. Como la población se asumirá constante, tendremos que $x(t) + y(t) = x_0 + y_0$ para todo t .

Se supondrá además que una persona infectada con la enfermedad entra a una población de n personas. Entonces $x_0 = n$ y $y_0 = 1$, con lo cual $x(t) + y(t) = n + 1$ para todo t . Usando la ley de acción de masas, vemos que los susceptibles llegan a ser infectados a una tasa directamente proporcional al producto de los tamaños de los dos grupos. Así, si

$\beta > 0$ (que se le llama constante de contacto ó constante de difusión) entonces $\beta x(t)y(t)$ es la cantidad de susceptibles que se infectan, por unidad de tiempo. Con esto se obtiene:

$$\begin{aligned}\frac{dx}{dt} &= -\beta x(t)y(t), \\ \frac{dy}{dt} &= \beta x(t)y(t),\end{aligned}$$

donde $x(t) \geq 0, y(t) \geq 0$ y $\beta > 0$ para todo t . Se ve de inmediato que las funciones $x(t)$ y $y(t)$ son no-creciente y no-decreciente respectivamente. Así mismo, también podemos notar que como $\beta > 0$ y $y(t) > 0$ para todo t , entonces el sistema dinámico posee un punto de equilibrio cuando $x(t) = 0$. Esto significará que la epidemia termina porque todos los individuos están infectados.

Resolviendo este sistema, tendremos que:

$$\frac{dx}{dt} = -\beta x(n+1-x).$$

Usando separación de variables y fracciones parciales se tendrá:

$$x(t) = \frac{(n+1)e^{-C\beta t(n+1)}}{1 - e^{-C\beta t(n+1)}}.$$

donde C es una constante positiva.

Con las condiciones iniciales, $x(0) = n$ y $y(0) = 1$, finalmente se deduce:

$$x(t) = \frac{n(1+n)}{n + e^{\beta(n+1)t}}.$$

De igual manera, resolviendo para $y(t)$:

$$y(t) = \frac{(n+1)e^{\beta(n+1)t}}{n + e^{\beta(n+1)t}}.$$

Analicemos los comportamientos de estas funciones. Observese que $x(t)$ es una función continua, estrictamente decreciente y $x(t) \rightarrow 0$ cuando $t \rightarrow \infty$ lo cual indica que la cantidad de susceptibles tiende a cero, a medida que el tiempo pasa. La rapidez del decrecimiento depende totalmente del valor de β . Por otro lado, la función $y(t)$ es una

función, de igual manera, continua, estrictamente creciente y $y(t) \rightarrow n+1$ cuando $t \rightarrow \infty$. Esta última afirmación significa que todos los individuos terminarán infectados. Este comportamiento resulta ser, de manera intuitiva, obvio bajo las condiciones que consideramos. Sin embargo, es analizado porque nuestro siguiente modelo, debe también obedecer a este patrón.

3.2. Un modelo estocástico S-I

La mayoría de los resultados obtenidos en esta sección provienen del artículo: Some Simple Epidemic Models, escrito por los doctores: Anderson, Bryne, Segovia, Fields y Swift.[2]

Nuestro trabajo consistirá en comparar el método determinístico con el método estocástico. Mientras los métodos determinísticos son muy útiles para entender el mecanismo de difusión de una epidemia en una población relativamente grande, estos métodos no son satisfactorios para poblaciones más pequeñas. El modelo determinístico ignora importantes aspectos tales como el efecto de un individuo en la población. El modelo estocástico, por el contrario, procura representar cómo el comportamiento individual afecta la difusión de una epidemia. El modelo estocástico S-I es similar al modelo determinístico S-I en los siguientes aspectos:

1. Hay dos tipos de individuos en la población: susceptible e infectado.
2. Se considera una tasa de difusión de la enfermedad $\beta > 0$ junto con la ley de acción de masas para analizar el comportamiento de los grupos en función del tiempo.
3. Se considera valores iniciales para cada grupo: $X(0) = n$ y $Y(0) = 1$.
4. La población es cerrada. Es decir, en todo el tiempo del desarrollo de la epidemia, no entra ni sale nadie de la población.

5. Tomando X_t como el proceso estocástico que representa la cantidad de susceptibles en el tiempo t y Y_t como la cantidad de infectados, tenemos que $X_t + Y_t = n + 1$ para todo t , en el mismo dominio considerado para el modelo determinístico.

Conociendo esto, daremos la notación y los conceptos básicos para desarrollar el modelo. Usando la notación ya considerada en el capítulo anterior, tenemos:

$$P_{nj}(t) := P[X_t = j | X_0 = n]$$

la probabilidad de que haya j susceptibles, en el tiempo t dado que inicialmente había n susceptibles. Sin embargo, dado que, para este modelo, el n es fijo (ya que el valor inicial es constante) y puesto que sólo se considerarán probabilidades condicionales con respecto a X_0 , entonces se usará una notación más compacta:

$$P_{nj}(t) := P_j(t) = P[X_t = j | X_0 = n]$$

Ahora, como la población la estamos considerando cerrada, $P_j(t) = 0$ cuando $j > n + 1$ para todo t . Así, X_t es un proceso estocástico con valores en $\{0, 1, 2, \dots, n\}$. Para el instante inicial tendremos: $P_j(0) = P[X_0 = j | X_0 = n]$, el cual valdrá 1 si $j = n$ y 0 en otro caso. Una versión estocástica del modelo S-I es obtenida asumiendo que la probabilidad de exactamente un contacto entre un susceptible y un infectado en un intervalo infinitésimo de tiempo es proporcional al producto del número de susceptibles con el número de infectados (ley de acción de masas). Esto es,

$$\begin{aligned} P[\text{exactamente un contacto en}(t, t + \Delta t)] &= \beta X_t Y_t \Delta t \\ &= \beta X_t [n + 1 - X_t] \Delta t. \end{aligned}$$

Cuando un contacto ocurre, existe la probabilidad que otro susceptible se infecte. La tasa a la cual un sujeto de la población se infecta se relaciona en el tabla 2. Para cada estado j posible, queremos determinar la probabilidad con la cual la población permanece en el estado j en el instante $(t + \Delta t)$. Aquí asumimos que Δt es tan pequeño que, en cualquier

Transiciones	Tasas
$j \rightarrow j - 1$	$\beta j(n + 1 - j)$

Table 2: Probabilidades de transición de estado a estado

periodo de tiempo, sólo uno de dos eventos puede ocurrir: o existe un contacto entre un susceptible y un infectado, es decir, un susceptible se infecta, o bien, no existe contacto es decir, ningún susceptible se infecta. Esto significa que existen sólo dos posibilidades de que la población pueda llegar al estado j en el instante $(t + \Delta t)$: 1) la población de susceptibles se encontraba en el estado $j + 1$ en el instante t y ocurrió un contacto ó 2) la población de susceptibles estaba en el estado j en el instante t y no ocurre ningún contacto. La epidemia, como habíamos mencionado, comienza con n susceptibles y terminará cuando el número de estos susceptibles sea 0, siendo éste un estado absorbente. La ley de acción de masas nos menciona que la tasa de transición entre estados será: $\beta X_t Y_t$. La probabilidad de tener $(n - 1)$ susceptibles en el instante t es la probabilidad de que: 1) Existieran n susceptibles en el instante $(t - \Delta t)$ y un contacto haya ocurrido en el intervalo infinitésimo $(t - \Delta t, t)$, así que la población susceptible decreció en uno, ó 2) habían ya $n - 1$ susceptibles y no hubo ningún contacto. La probabilidad de que esto ocurra es $1 - 2\beta(n - 1)\Delta t$, ya que es la probabilidad complementaria del evento siguiente: que la población de éstos decrezca de $n - 1$ a $n - 2$. En términos matemáticos, la afirmación anterior se traduce en:

$$\begin{aligned}
P_j(t + \Delta t) &= P[0 \text{ contactos en } \Delta t | X_t = j] + P[1 \text{ contacto en } \Delta t | X_t = j + 1] \\
&= (1 - \beta j(n + 1 - j)\Delta t)P_j(t) + \beta(j - 1)(n - j)\Delta t P_{j+1}(t)
\end{aligned}$$

Reescribiendo la igualdad inmediatamente anterior:

$$\begin{aligned}
P_j(t + \Delta t) - P_j(t) &= -\beta j(n + 1 - j)\Delta t P_j(t) + \beta(j - 1)(n - j)\Delta t P_{j+1}(t), \\
\frac{P_j(t + \Delta t) - P_j(t)}{\Delta t} &= -\beta j(n + 1 - j)P_j(t) + \beta(j - 1)(n - j)P_{j+1}(t),
\end{aligned}$$

Tomando el límite cuando $\Delta t \rightarrow 0$:

$$\lim_{\Delta t \rightarrow 0} \frac{P_j(t + \Delta t) - P_j(t)}{\Delta t} = P'_j(t) = -\beta j(n + 1 - j)P_j(t) + \beta(j - 1)(n - j)P_{j+1}(t).$$

De esto obtenemos las conocidas ecuaciones hacia adelante de Kolmogorov para el modelo S-I:

$$P'_j(t) = -\beta j(n + 1 - j)P_j(t) + \beta(j - 1)(n - j)P_{j+1}(t) \quad i = 1, 2, \dots, n - 1,$$

$$P'_n(t) = -\beta n P_n(t).$$

Naturalmente, el objetivo es determinar quiénes son los $P_j(t)$. Sin embargo, resolver el sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias que resulta aquí es muy complicado, si se hace de la forma usual, ya que la matriz que genera el sistema de ecuaciones diferenciales, tiene valores propios repetidos. Por esta razón se sugiere un método alternativo, que resulta más eficiente a la hora de encontrar la solución deseada.

3.2.1. Solución de la ecuación diferencial

El método alternativo mencionado anteriormente consiste básicamente en el uso de un conjunto de series de potencias. Pero no cualquier conjunto de series. En el desarrollo que a continuación se planteará, veremos que estas series conforman una familia muy particular de funciones. Para este desarrollo será necesario definir algunos conceptos.

Definición 3.2.1. Función generadora de probabilidad

Una función generadora de probabilidad (que se denotará PDF, por sus siglas en inglés) es una serie de potencias cuyos coeficientes son probabilidades. Bajo este contexto, tenemos que esta función se puede escribir, como sigue:

$$\varphi(x, t) = \sum_{j=0}^n P_j(t)x^j = P_0(t) + P_1(t)x + \dots + P_n(t)x^n.$$

Para determinar $P_j(t)$, usaremos las propiedades de las series de potencias, en este caso, como conocemos a $P'_j(t)$ tomaremos la derivada parcial en términos de t de la PDF,

es decir:

$$\frac{\partial \varphi}{\partial t} = \sum_{j=0}^n P'_j(t) x^j.$$

Reemplazamos esta igualdad en las ecuaciones hacia adelante de Kolmogorov, con lo cual se obtiene:

$$\begin{aligned} \frac{\partial \varphi}{\partial t} &= \beta \left[\sum_{j=0}^n [(j+1)(n+1-(j+1))P_{j+1}(t) - j(n+1-j)P_j(t)] x^j \right] \\ &= \beta \left[\sum_{j=0}^n [-j(n+1)P_j(t)x^j + j^2 P_j(t)x^j + (j+1)(n+1)P_{j+1}(t)x^j \right. \\ &\quad \left. - (j+1)^2 P_{j+1}(t)x^j] \right] \\ &= \beta \left[- \sum_{j=0}^n j(n+1)P_j(t)x^j + \sum_{j=0}^n j^2 P_j(t)x^j \right. \\ &\quad \left. + \sum_{j=0}^n (j+1)(n+1)P_{j+1}(t)x^j - \sum_{j=0}^n (j+1)^2 P_{j+1}(t)x^j \right]. \end{aligned}$$

Obsérvese que éstas sumas pueden ser expresadas en términos de las derivadas parciales de φ en términos de x , de la siguiente manera, por ejemplo para la primera suma tenemos:

$$\begin{aligned} - \sum_{j=0}^n j(n+1)P_j(t)x^j &= -x(n+1) \sum_{j=0}^n jP_j(t)x^{j-1} \\ &= -x(n+1) \sum_{j=0}^n P_j(t) \frac{\partial}{\partial x} x^j \\ &= -x(n+1) \sum_{j=0}^n \frac{\partial}{\partial x} (P_j(t)x^j) \\ &= -x(n+1) \frac{\partial \varphi}{\partial x} \end{aligned}$$

Las demás sumas se transforman de manera análoga. Sustituyendo las sumas en términos de las derivadas parciales de φ para la PDE, tendremos la expresión:

$$\begin{aligned} \frac{\partial \varphi}{\partial t} &= \beta \left[-(n+1)x \frac{\partial \varphi}{\partial x} + x^2 \frac{\partial^2 \varphi}{\partial x^2} + x \frac{\partial \varphi}{\partial x} + (n+1) \frac{\partial \varphi}{\partial x} - x \frac{\partial^2 \varphi}{\partial x^2} - \frac{\partial \varphi}{\partial x} \right] \\ &= \beta \left[\frac{\partial \varphi}{\partial x} [-(n+1)(z-1) + (z-1)] + \frac{\partial^2 \varphi}{\partial x^2} x(x-1) \right]. \end{aligned}$$

La expresión que resulta, después de realizar algunos cálculos, es:

$$\frac{\partial \varphi}{\partial t} = \beta [x(x-1) \frac{\partial^2 \varphi}{\partial x^2} - ((x-1)n) \frac{\partial \varphi}{\partial x}]. (*)$$

La anterior ecuación diferencial en derivadas parciales se puede resolver por el método de separación de variables. Para ello consideramos:

$$\varphi(x, t) = f(x)h(t)$$

en donde f y h son funciones de clase \mathcal{C}^2 , así las derivadas parciales correspondientes para la función separable φ , serán:

$$\begin{aligned} \frac{\partial \varphi}{\partial t} &= f(x)h'(t) \\ \frac{\partial \varphi}{\partial x} &= f'(x)h(t) \\ \frac{\partial^2 \varphi}{\partial x^2} &= f''(x)h(t). \end{aligned}$$

Estas tres ecuaciones pueden ser sustituidas en la ecuación (*) y luego de simplificar la expresión algebraica, se obtiene lo siguiente:

$$f(x)h'(t) = \beta [x(x-1)f''(x)h(t) - (x-1)nf'(x)h(t)].$$

Factorizando $h(t)$ y separando las variables se tiene:

$$\frac{h'(t)}{h(t)} = \frac{\beta}{f(x)} [x(x-1)f''(x) - (x-1)nf'(x)].$$

Se puede ver que el lado izquierdo de la ecuación inmediatamente anterior depende sólo de t , así mismo el lado derecho sólo depende de x . Como los dos lados de la ecuación son iguales, entonces estos cocientes deben tener un valor constante, digamos, $-c$.

$$-c = \frac{h'(t)}{h(t)}$$

y

$$-c = \frac{\beta}{f(x)} [x(x-1)f''(z)h(t) - (x-1)nf'(z)].$$

donde c tendrá que ser determinado. La primera de estas igualdades obtenidas se resuelve de forma inmediata:

$$h(t) = k \exp\{-ct\}.$$

siendo k una constante real. El verdadero problema será resolver la siguiente ecuación que se resume en la igualdad:

$$0 = x(1-x)f'' - n(1-x)f' - \frac{cf}{\beta}.$$

Esta ecuación es un caso particular de la ecuación diferencial hipergeométrica. Una de las soluciones particulares de esta ecuación diferencial se puede expresar en términos de una serie infinita a valor complejo, llamada la función hipergeométrica de Gauss.¹

3.2.2. Determinación de los $P_j(t)$

Resolveremos la ecuación diferencial hipergeométrica usando la información dada en el apéndice A, sobre su familia de soluciones. Recordemos pues, que la función $h(t)$ tenía una forma exponencial, donde sólo necesitamos determinar las constantes. Para ello necesitamos condiciones iniciales sobre ésta función. Como ya se sabe, $\varphi(0, t) = P_0(t)$ para todo t , y además, $\varphi(x, 0) = x^n$, ya que $P_j(0)$ es igual a uno, si y sólo si, $j = n$. Entonces, teniendo esto en cuenta:²

$$\begin{aligned} \varphi(x, t) &= f(x)h(t) = (c_1y_1(x) + c_2y_2(x))k \exp(-ct) \\ &= \sum_{n=0}^{\infty} k \exp(-ct) {}_2F_1(a, b, c; x)x^n \end{aligned}$$

donde $y_1(x), y_2(x)$ son las funciones hipergeométricas que generan la familia solución de la ecuación diferencial hipergeométrica. Se puede demostrar que la solución general en

¹Ver Apéndice A.

²Ver los detalles de esta deducción en el apéndice A

términos de las probabilidades de transición ³ la solución será:

$$\varphi(x, t) = \sum_{j=0}^n d_j e_2^{-j(N+1-j)\beta t} F_1(-j, j - N - 1, -N; x),$$

y los coeficientes d_j están dados por:

$$d_j = \frac{(-1)^j n!(N - 2j + 1)N!}{j!(n - j)!(N - n)! \prod_{r=0}^n (N - j - r + 1)}.$$

Recordemos además que $\varphi(z, t) = \sum_{j=0}^n P_j(t)x^j$ en donde las probabilidades de transición para este proceso son simplemente los coeficientes de este polinomio. Consecuentemente, ya habíamos mencionado que $\varphi(0, t) = P_0(t)$, donde:

$$P_0(t) = \sum_{j=0}^n d_j e_2^{-j(N-j+1)\beta t} F_1(-j, j - N - 1, -N; 0).$$

es nuestra PGF evaluada en $x = 0$. Ahora, expandiendo ${}_2F_1$, nos da:

$$\begin{aligned} {}_2F_1(-j, j - N - 1, -N, z) &= \sum_{k=0}^{\infty} \frac{(-j)_k (j - N - 1)_k}{(-N)_k} \frac{z^k}{k!} \\ &= 1 + \frac{(-j)_1 (j - N - 1)_1}{(-N)_1} \frac{z^1}{1!} + \frac{(-j)_2 (j - N - 1)_2}{(-N)_2} \frac{z^2}{2!} + \dots \end{aligned}$$

De esta expansión, se puede observar que al sustituir $x = 0$ en ${}_2F_1$, se tiene:

$${}_2F_1(-j, j - N - 1, -N, 0) = 1.$$

Así:

$$P_0(t) = \sum_{j=0}^n d_j e^{-j(N-j-1)\beta t}.$$

Tomando derivadas parciales de la función $\varphi(x, t)$ y evaluando sucesivamente en $x = 0$ obtenemos los valores de las probabilidades transitorias, así:

$$P_k(t) = \left(\frac{1}{k!}\right) \frac{\partial^k \varphi}{\partial z^k} \Big|_{z=0} \quad k \in \mathbb{N}.$$

³Para ver detalles de esta demostración ver el artículo, A Simple Stochastic Epidemic de Norman T.J.Bailey. Biometrika, Vol 37, No 3/4, páginas 193-202.

Como ${}_2F_1(-j, j - N - 1, -N, x)$ es la única parte de $\varphi(x, t)$ que contiene a x , entonces el resto de la $\varphi(x, t)$, será tratada como constante cuando evaluemos sus derivadas parciales.

La expansión

$${}_2F_1(-j, j - N - 1, -N, x) = 1 + \frac{(-j)_1(j - N - 1)_1}{(-N)_1} \frac{x^1}{1!} + \frac{(-j)_2(j - N - 1)_2}{(-N)_2} \frac{x^2}{2!} + \dots$$

tiene derivada parcial:

$$\frac{\partial}{\partial x_2} F_1(-j, j - N - 1, -N, x) = 0 + \frac{(-j)_1(j - N - 1)_1}{(-N)_1} 1 + \frac{(-j)_2(j - N - 1)_2}{(-N)_2} x + \dots$$

Cuando esta derivada es evaluada en $z = 0$, tenemos:

$$\frac{\partial}{\partial x_2} F_1(-j, j - N - 1, -N, 0) = \frac{(-j)_1(j - N - 1)_1}{(-N)_1},$$

ésta expresión corresponde al coeficiente de $P_1(t)$.

De manera totalmente análoga, se deducen todos los coeficientes:

$$P_k(t) = \sum_{j=0}^n d_j e^{-j(N-j-1)\beta t} \frac{(-j)_k(j - N - 1)_k}{(-N)_k} \frac{1}{k!}.$$

para $k = 0, \dots, n$. Esto completa nuestro trabajo.

Ahora, resulta completamente natural preguntarnos cómo se comportan estas probabilidades como función de t . Por ejemplo, veamos el comportamiento de $P_k(t)$ cuando $t \rightarrow \infty$, basta con ver que:

$$\lim_{t \rightarrow \infty} P_k(t) = \lim_{t \rightarrow \infty} d_j e^{-j(N-j-1)\beta t} \frac{(-j)_k(j - N - 1)_k}{(-N)_k} \frac{1}{k!} = 0.$$

Podemos ver que es igual a uno si $k = 0$, de otro modo estas probabilidades serán cero.

3.2.3. Tiempo de difusión de la epidemia.

La duración de la epidemia, como variable aleatoria, nos da la posibilidad de analizar y determinar el intervalo de tiempo que puede pasar hasta que la epidemia finalice. Este hecho es muy importante, ya que, conociendo al menos aproximadamente los intervalos

de tiempo que transcurren entre los contagios, el epidemiólogo puede tomar medidas preventivas individuales a las personas (o animales) que ya están infectados, minimizando así el riesgo de una epidemia dentro de la población.

El proceso X_t , mencionado al principio de este capítulo, se puede ver como un proceso de muerte pura, que involucra decrementos unitarios en los tiempos t_1, t_2, \dots, t_n .

Supóngase que en el tiempo $t = 0$ hay un infectado dentro de la población de $n + 1$ habitantes. Sea T_j la longitud del intervalo de tiempo transcurrido para que el proceso pase del estado j al estado $j - 1$ (cantidad de susceptibles). Como estamos analizando al proceso X_t como un proceso de muerte pura, entonces, las variables aleatorias T_j están, distribuidas de forma exponencial con parámetros λ_j . Afirmamos que:

$$E[T_j] = \frac{1}{\beta j(n + 1 - j)} \quad 1 \leq j \leq n,$$

ya que, como vimos en la subsección anterior $\lambda_j = \beta j(n + 1 - j)$ representa la tasa que describe el crecimiento de la subpoblación de infectados, en función de j .

Ahora tomamos τ un tiempo de parada definido así $\tau := \inf\{t : X_t = 0\}$ así que τ será naturalmente, el tiempo de difusión de la epidemia. Cabe notar que este tiempo de parada está siendo definido con respecto a la filtración canónica, es decir, aquella filtración generada por el proceso estocástico X_t . Así, ya aclarada esta cuestión, tendremos, por definición:

$$\tau := \sum_{j=1}^n T_j.$$

Por lo tanto,

$$E[\tau] = E\left[\sum_{j=1}^n T_j\right] = \sum_{j=1}^n E[T_j] = \sum_{j=1}^n \frac{1}{\beta j(n + 1 - j)}$$

que es el tiempo de difusión esperado de la epidemia. Este valor es de gran importancia para los epidemiólogos que se basan en este modelo, ya que, basándose en información histórica y comparando el tiempo de difusión con respecto a un nivel de población estándar, éstos pueden predecir los efectos de la enfermedad y tomar medidas en salubridad, en puntos neurálgicos de la población (niños, ancianos).

C A P Í T U L O 4

Modelos S-I-R

4.1. El modelo determinístico de Kermack-McKendrick

La gran mayoría de los resultados de este capítulo provienen de los artículos "Stochastic Epidemic Models" de Stanek, J. y "A Kermack-McKendrick Epidemic Model Revisited" de Stephan, J. y Hlubinka, D. En el planteamiento del modelo determinístico, primero debemos señalar que el objetivo de éste es determinar el ritmo con el cual se expande un virus en una población cuya cantidad total de individuos es igual a n . El modelo, es SIR, es decir, susceptibles (S), infectados (I) y removidos (R). Se considerará también que la población está mezclada de manera uniforme, es decir, cualquier par de individuos en la población tienen la misma probabilidad de tener contacto directo con un tercer individuo en la misma población. Se asume además que la población es cerrada, es decir, que no hay emigración, ni inmigración de habitantes.

Entonces, sea $x(t)$ la cantidad de susceptibles en el instante t , $y(t)$ la cantidad de infectados y $z(t)$ la cantidad de removidos, en cuyo caso, para todo $t > 0$, tenemos que $x(t) + y(t) + z(t) = n$, en donde n representa, como ya mencionamos, el tamaño de la población en cuestión. Así, el modelo consta de un sistema tridimensional de ecuaciones diferenciales ordinarias, modelado bajo leyes empíricas de la epidemiología, en particular, la ya mencionada ley de acción de masas. Bajo estos supuestos, el sistema de ecuaciones

diferenciales determinísticas, es:

$$\begin{aligned} dx(t) &= -\beta x(t)y(t)dt, & x(0) &= x_0 \\ dy(t) &= \beta x(t)y(t) - \gamma y(t)dt, & y(0) &= y_0 \\ dz(t) &= \gamma y(t)dt, & z(0) &= 0 \end{aligned} \quad (S1)$$

en donde β representa la tasa de infección, es decir, el ritmo con el cual los susceptibles están siendo infectados. Por otro lado γ representa la tasa con la cual los infectados se están recuperando, o bien, están muriendo. La primera ecuación de éste sistema tiene la misma connotación ya analizada en el modelo S-I, explicado en el capítulo anterior. La segunda ecuación está dada por una diferencia, ya que en ésta, se está expresando que la tasa instantánea de cambio de la cantidad de infectados depende de la cantidad resultante entre los que se infectaron, menos los que se recuperan o mueren. La tercera sólo nos expresa el principio de crecimiento exponencial, conociendo los que están ya infectados.

Analizaremos, pues, la solución a este sistema de ecuaciones diferenciales y sus propiedades más sobresalientes.

Teorema 4.1.1. Existencia de la solución y sus propiedades

Considere γ, β constantes positivas. Entonces (S1) tiene una única solución

$(x(t), y(t), z(t)) \in C^1(\mathbb{R}^+, \mathbb{R}^3)$ que es positiva en $(0, \infty)$ y tal que cumple las siguientes propiedades:

1. La cantidad de individuos en la población es constante igual a n .

2. La solución puede expresarse en términos de la función $z(t)$ así:

$$x(t) = x_0 \exp\left\{-\frac{\beta}{\gamma} z(t)\right\},$$

$$y(t) = n - x(t) - z(t).$$

Siendo el n el tamaño de la población total.

3. El número de individuos susceptibles $x(t)$ y el número de removidos $z(t)$ son funciones, no-creciente y no-decreciente en \mathbb{R}^+ , respectivamente, tal que $x(\infty) := \lim_{t \rightarrow \infty} x(t)$ cumple que: $0 < x(\infty) < n$ y $0 < z(\infty) \leq n$, mientras $y(\infty)$ existe y es igual a cero.

4. El límite $z(\infty)$ es la solución de la ecuación

$$n - z = X(z)$$

y ésta solución es única en el intervalo $[0, n]$.

5. Si $\frac{\gamma}{\beta} < x_0$, entonces el número de infectados $y(t)$ tiene un único máximo, que se representará como $y^+ := y(t^+)$, donde:

$$y^+ = n - z^+ - \frac{\gamma}{\beta}, \quad t^+ = \frac{1}{\gamma} \int_0^{z^+} \frac{1}{Y(u)} du$$

6. El número de infectados $y(t)$ es creciente en $[0, t^+)$ y decreciente en el intervalo $(t^+, \infty]$

Demostración. Primera parte:

Simplemente sumamos las tres ecuaciones del sistema (S1) y obtenemos, para todo $t \geq 0$.

$$\begin{aligned}x'(t) + y'(t) + z'(t) &= 0 \\ \frac{d}{dt}(x(t) + y(t) + z(t)) &= 0 \\ x(t) + y(t) + z(t) &= K \\ x(0) + y(0) + z(0) &= K\end{aligned}$$

y por hipótesis $x(0) + y(0) + z(0) = n$. Así $x(t) + y(t) + z(t) = n$.

Segunda parte:

La prueba de la unicidad de la solución del sistema determinístico, será un caso particular del teorema 1.2.38, tomando $\sigma = 0$. Por eso se remitirá a este teorema. Se procede a hacer un cociente entre la primera y la tercera ecuación del sistema de ecuaciones determinístico (S1), con lo que, haciendo uso de la regla de la cadena y suponiendo que $y(t) \neq 0$ para cualquier t , obtenemos:

$$\frac{dx}{dz} = -\frac{\beta}{\gamma}x(t).$$

Resolviendo la sencilla ecuación diferencial se obtiene:

$$x = C_0 \exp\left(-\frac{\beta}{\gamma}z\right).$$

Según los valores iniciales impuestos: $z(0) = 0$ y $x(0) = x_0$, se puede deducir que $C_0 = x_0$.

Con lo cual se obtiene la expresión correspondiente al numeral 1 del teorema.

Tercera parte:

De aquí en adelante se usará una notación especial para las funciones implícitas ya deducidas: $X(z)$ representará la cantidad de susceptibles pero como función de la cantidad de removidos. De la misma manera $Y(z)$ representará la cantidad de infectados. Además, denotaremos $x(\infty) := \lim_{t \rightarrow \infty} x(t)$, lo mismo se hará con las funciones $y(t)$ y $z(t)$.

El hecho de que $x(t)$ y $z(t)$ resulten no-creciente y no-decreciente, respectivamente, resulta de las expresiones: $x' = -\beta xy < 0$ y $z' = \gamma y > 0$, lo cual se extrae simplemente de

las condiciones impuestas sobre las funciones y las constantes. Ahora, como $X(z)$ es no creciente, podemos asegurar que $n > X_0 \geq X(\infty) = X(z(\infty)) > 0$. De allí:

$$y(t) = n - x(t) - z(t).$$

$$\lim_{t \rightarrow \infty} y(t) = n - \lim_{t \rightarrow \infty} x(t) - \lim_{t \rightarrow \infty} z(t)$$

y como $z(\infty) \in [0, n]$ por la restricción dada $x + y + z = n$, tenemos que los límites $\lim_{t \rightarrow \infty} x(t)$ y $\lim_{t \rightarrow \infty} z(t)$ son finitos. Luego el límite de $y(t)$, cuando $t \rightarrow \infty$, es finito. Finalmente mostraremos que el mencionado límite, es igual a cero. Procederemos por contradicción, supongamos que $y(\infty) > 0$. De la tercera ecuación de (S1):

$$z' = \gamma y$$

$$z'(\infty) = \gamma y(\infty)$$

$$z'(\infty) = \lim_{t \rightarrow \infty} z'(t) > 0$$

Esto implica que la función $z(t)$ siempre va a crecer. Ahora tomando la segunda derivada de la función $z(t)$ encontramos:

$$z'' = \gamma y' = \gamma[\beta xy - y].$$

la función es cóncava hacia arriba si $x(t) > \frac{1}{\beta}$, lo cual es cierto para valores grandes de t entonces, a partir de esto, se concluye que $z(\infty) = \infty$. Ésto es una contradicción. Entonces $y(\infty) = 0$ así $z(\infty) = n - x(\infty) < n$.

Cuarta parte:

Para la primera afirmación simplemente observe que:

$$n - z(\infty) = x(\infty) = X(z(\infty)).$$

por la parte anterior. Ahora, para probar la unicidad tendremos en cuenta lo siguiente: como $X(z)$ es una función monótona, entonces resulta ser convexa. Sean $z_1 \neq z_2$ dos

soluciones de la ecuación. Sin pérdida de generalidad se puede suponer que $0 < z_1 < z_2 \leq n$. Considere la recta que une los puntos $(0, x_0)$ y $(z_2, n - z_2)$ dibujada sobre el plano cuya abscisa corresponde a la variable z y cuya ordenada corresponde a la variable $X(z)$. Al ser $X(z)$ una función convexa, entonces los puntos de ésta gráfica están por debajo de la mencionada recta en el intervalo $[0, z_2]$. Observe que la recta tiene como ecuación:

$$X(z) = \left(\frac{n - z_2 - x_0}{z_2}\right)z + x_0$$

Reescribiendo la ecuación de la recta, evaluando en z_1 y teniendo en cuenta que $z_1 < z_2$ y que $x_0 < n$, concluiremos que:

$$X(z_1) = \left(\frac{n - x_0}{z_2}\right)z_1 + (x_0 - z_1) < n - z_1.$$

Ésto nos lleva a una contradicción ya que, por hipótesis, z_1 es una solución de la ecuación dada. Por lo tanto, concluimos que $z_1 = z_2$, lo cual muestra la unicidad de la solución.

Quinta parte:

Para determinar el máximo de $y(t)$ simplemente procedemos de la forma usual:

$$\begin{aligned} y'(t) &= \beta x(t)y(t) - \gamma y(t) \\ &= y(t)[\beta x(t) - \gamma] \\ &= \gamma y(t)\left[\frac{\beta}{\gamma}x(t) - 1\right] \end{aligned}$$

Se presentará el punto crítico, cuando $y'(z) = -1 + \frac{\beta}{\gamma}X(z) = 0$, de allí se deduce:

$$X(z) = \frac{\gamma}{\beta}$$

lo cual significa que hay un punto crítico para $y(t)$ si:

$$y(t^+) = n - z(t^+) - \frac{\gamma}{\beta}.$$

Se puede mostrar de manera sencilla, mediante el criterio de la segunda derivada aplicado para $y(t)$ que éste representa un máximo. Finalmente, sea $t = t(z)$ la función inversa de

$z = z(t)$. se sigue de (S1) que $\frac{dt}{dz} = \frac{1}{\gamma Y(z)}$, así, $t(z) = \frac{1}{\gamma} \int_0^z \frac{1}{Y(u)} du$ es el único argumento de $\max_{t < \infty} y(t) = Y(z^+)$.

Sexta parte:

Para probar esta parte, simplemente observe que:

$$y'(t) = y(t)[\beta x(t) - \gamma] < 0$$

si y sólo si, $x(t) < \frac{\gamma}{\beta}$, lo cual ocurre para valores para valores mayores que t^+ ya que la función $X(z)$ es creciente. Entonces, es decreciente para valores en (t^+, ∞) . De manera similar, mostramos que $y(t)$ es creciente para valores en $(0, t^+)$. \square

Los resultados expuestos en el anterior teorema nos muestran porque éste modelo está bien formulado. El modelo de Kermack-McKendrick coincide con muchos comportamientos que, intuitivamente, deben tener las funciones que representan la cantidad de susceptibles, infectados o removidos. En efecto, la segunda parte del teorema nos muestra que, bajo condiciones favorables para el virus el número de susceptibles no decrecerá y el número de removidos no crecerá tal y como se espera que pasará cuando el virus finalmente sea controlado y limitado a la cantidad endémica de habitantes de una población. Esta afirmación se ve sustentada por la tercera parte del teorema, la cual muestra que, después de un tiempo considerable, sólo habrá en la población una cantidad determinada susceptibles y removidos.

Por otro lado, usando éste modelo, el epidemiólogo podrá saber con exactitud cual será la cantidad máxima de infectados por el virus en la población y cuándo se presentará esa cifra, gracias a los resultados de la parte cuatro. Esto es muy importante, ya que, dependiendo de los resultados obtenidos, el epidemiólogo puede tomar medidas para minimizar los efectos del virus en la población. Por último, la quinta parte del teorema nos muestra que la cantidad de infectados en una epidemia, que puede ser controlada, crece hasta cierto punto, pero luego empieza a decrecer. Este punto es un instante de tiempo que los

epidemiólogos denominan **tiempo de control de la epidemia**, y es un objetivo central en las investigaciones y procesos que desarrollan estos profesionales.

Observación 4.1.2. El tamaño de la **tasa de remoción relativa** $\rho := \frac{\gamma}{\beta}$ es considerado por los epidemiólogos como una muy buena medida de la virulencia de la epidemia desencadenada. Específicamente hablando, si x_0 excede el valor de ρ sólo por una pequeña cantidad entonces modelamos una epidemia de carácter débil, como un resfriado común o una pequeña influenza. Por otro lado, si sus valores tienen una relación dada por: $\rho \sim \frac{x_0}{2}$ esto indica un peligro inminente de una propagación pandémica de algún virus o infección. Todas estas afirmaciones son producto de resultados determinados empíricamente y de las conclusiones extraídas en el teorema anterior.¹

Observación 4.1.3. Otros apuntes interesantes a nivel epidemiológico se pueden hacer aquí. Por ejemplo, con respecto a las constantes ya mencionadas, existe un valor que es el recíproco de la tasa de remoción, $\frac{1}{\gamma}$, el cual es una medida del tiempo gastado por la epidemia en permanecer en un estado infeccioso, es decir, un intervalo de tiempo en el cual hay por lo menos un infectado en la población.

Por otro lado se define $R_0 = \frac{\beta x_0}{\gamma}$ el cual es llamado por los epidemiólogos la **la tasa básica de reproducción de la infección**, es decir, el número de infecciones secundarias producidas por una infección primaria en una población completamente susceptible. Como ya mencionábamos, $\frac{1}{\gamma}$ representaría entonces, bajo este contexto, el tiempo promedio de infección en la población. Si más de una infección secundaria es producida por una infección primaria, es decir, si un infectado primario difunde el virus que porta a más de una persona, en promedio, esto es, $R_0 > 1$, claramente la sobreviene la epidemia.

Este fenómeno explicado aquí y en la anterior observación se denomina **teorema umbral** y es una cuestión de gran importancia en epidemiología. El mencionado teorema proviene de los siguientes cálculos sencillos: A partir de la primera y segunda ecuación de (S1),

¹Ver D.J.Daley, J.Gani. Epidemic Modelling: An introduction, página 47.

obtenemos haciendo un cociente:

$$\frac{dy}{dx} = -\frac{(\beta x - \gamma)y}{\beta xy} = -1 + \frac{\rho}{x}, \quad \rho = \frac{\gamma}{\beta}.$$

Integrando la ecuación anterior con respecto a x , se obtiene:

$$y + x - \rho \ln x = K = x_0 + y_0 - \rho \ln x_0,$$

usando las condiciones iniciales. Ahora, si una epidemia está ocurriendo, queremos saber que tan severa podría ser. De la quinta parte del teorema 3.1.1, sabemos que y tiene un máximo si $x(t) = \rho$. Por lo tanto:

$$\begin{aligned} y_{max} &= \rho \ln \rho - \rho + x_0 + y_0 - \rho \ln x_0. \\ &= y_0 + (x_0 + \rho) + \rho \ln\left(\frac{\rho}{x_0}\right). \\ &= n - \rho + \rho \ln\left(\frac{\rho}{x_0}\right). \end{aligned}$$

Entonces, si $x_0 < \rho$, entonces y decrece y la epidemia no ocurre.

En el teorema inmediatamente anterior, mostramos la existencia de al menos una solución del sistema de ecuaciones diferenciales (S1) y de las características que debe tener ésta. Sin embargo, para efectos prácticos, la solución implícita mostrada no es de gran utilidad. Por esta razón, mostraremos un resultado que suele ser una buena aproximación de lo que sería una solución explícita del sistema. Esta solución es de carácter numérico y se plantea a continuación:

Teorema 4.1.4. Solución explícita del sistema

Considere el sistema de ecuaciones (S1). Entonces una aproximación para la función $z(t)$ está dada por la expresión:

$$z(t) \approx \frac{\rho^2}{x_0} \left(\frac{x_0}{\rho} - 1 \right) + \frac{\alpha \rho^2}{x_0} \tanh\left(\frac{1}{2} \gamma \alpha t - \varphi\right)$$

en donde:

$$\alpha = \left[\frac{2x_0}{\rho^2} (n - x_0) + \left(\frac{x_0}{\rho} - 1 \right)^2 \right]^{\frac{1}{2}}$$

$$\varphi = \tanh^{-1} \left[\frac{1}{\alpha} \left(\frac{x_0}{\rho} - 1 \right) \right]$$

$$\rho = \frac{\gamma}{\beta}$$

Demostración. Primero usaremos que, para la función de clase C^∞ , $y(u) = e^{-u}$ tenemos la siguiente expansión en serie:

$$e^{-u} = \sum_{k=0}^{\infty} \frac{y^{(k)}(0)}{k!} u^k = 1 - u + \frac{u^2}{2} + O(u^3).$$

Recordemos que, la cantidad de infectados y la cantidad de removidos están relacionadas mediante la expresión:

$$x(t) = x_0 \exp\left(\frac{-z(t)}{\rho}\right).$$

siendo $\rho = \frac{\gamma}{\beta}$. Entonces a partir de la primera ecuación del sistema determinístico, tendremos:

$$\frac{dz}{dt} = \gamma(N - z(t) - x_0 \exp\left(\frac{-z(t)}{\rho}\right)).$$

Considerando el hecho de que $O(u^3)$ es pequeño, se tendrá la aproximación:

$$\frac{dz}{dt} \approx \gamma \left[N - x_0 + z \left(\frac{x_0}{\rho} - 1 \right) - \frac{z^2 x_0}{2\rho^2} \right].$$

Y el lado derecho de esta aproximación, puede a su vez, ser expresado como sigue:

$$\frac{dz}{dt} \approx \frac{\rho^2 \gamma}{2x_0} \left[(N - x_0) \frac{2x_0}{\rho} + \left(\frac{x_0}{\rho} - 1 \right)^2 - \left(\frac{x_0}{\rho^2} \left[z - \frac{\rho^2}{x_0} \left(\frac{x_0}{\rho} - 1 \right) \right] \right)^2 \right].$$

Ahora sea:

$$\alpha = \left[\frac{2x_0}{\rho} (N - x_0) + \left(\frac{x_0}{\rho} - 1 \right)^2 \right]^{\frac{1}{2}}$$

Entonces usando esta sustitución, la aproximación estará dada por una expresión un poco más conveniente, a saber:

$$\frac{dz}{dt} \approx \frac{\rho^2 \gamma}{2x_0} \left[\alpha^2 - \left(\frac{x_0}{\rho^2} \left[z - \frac{\rho^2}{x_0} \left(\frac{x_0}{\rho} - 1 \right) \right] \right)^2 \right].$$

Para facilitar la resolución de la ecuación diferencial recurrimos a la sustitución trigonométrica, así:

$$\alpha \tanh \nu = \frac{x_0}{\rho^2} \left[z - \frac{\rho^2}{x_0} \left(\frac{x_0}{\rho} - 1 \right) \right].$$

en donde, para $t = 0$, $z_0 = 0$ se tiene que $\alpha \tanh \nu_0 = 1 - \frac{x_0}{\rho}$. Con lo cual tendríamos:

$$\begin{aligned} \frac{dz}{dt} &\approx \frac{\rho^2 \gamma}{2x_0} \\ &= \frac{\rho^2 \gamma}{2x_0} (\alpha^2 - \alpha^2 \tanh^2 \nu) \\ &= \frac{\rho^2 \gamma}{x_0} \alpha^2 \operatorname{sech}^2 \nu \frac{d\nu}{dt}. \end{aligned}$$

Así de esta manera podemos notar que: $\frac{d\nu}{dt} \approx \frac{1}{2} \gamma \alpha$ o sea, $\nu \approx \frac{1}{2} \alpha \gamma t + \nu_0$. A partir de esta última observación deducimos que:

$$z(t) \approx \frac{\rho^2}{x_0} \left(\frac{x_0}{\rho} - 1 \right) + \frac{\alpha \rho^2}{x_0} \tanh \left(\frac{1}{2} \alpha \gamma t - \phi \right).$$

donde $\phi = \tanh^{-1} \left[\frac{1}{\alpha} \left(\frac{x_0}{\rho} - 1 \right) \right]$, como se quería. □

El modelo planteado anteriormente es mucho más tangible para coeficientes ya determinados. El dar valores a las constantes en el modelo es muy útil ya que nos permite familiarizarnos con éste y nos permite hacer un análisis de cómo cambian las curvas solución conforme cambiamos las constantes. Esto, a su vez nos permite evaluar la eficiencia y veracidad del modelo, teniendo en cuenta siempre datos y parámetros reales. Veamos, para ello, un ejemplo aplicado al sistema determinístico.

Ejemplo 4.1.5. Escojamos valores fijos para las constantes del modelo, a saber, $n = 10000$, $x_0 = 9999$, $\gamma = \frac{1}{3}$ y tomemos $\rho^1 \sim \frac{1}{3} x_0$ y $\rho^2 \sim \frac{1}{6} x_0$, respectivamente. Las gráficas siguientes nos dan una idea del comportamiento de las funciones x, y, z dentro de los primeros días (ver figuras 1 y 2).

Veamos otro ejemplo, en el cual mostraremos una generalización del sistema (S1), para el cual el β ya no es una constante, sino una función de Lipschitz:

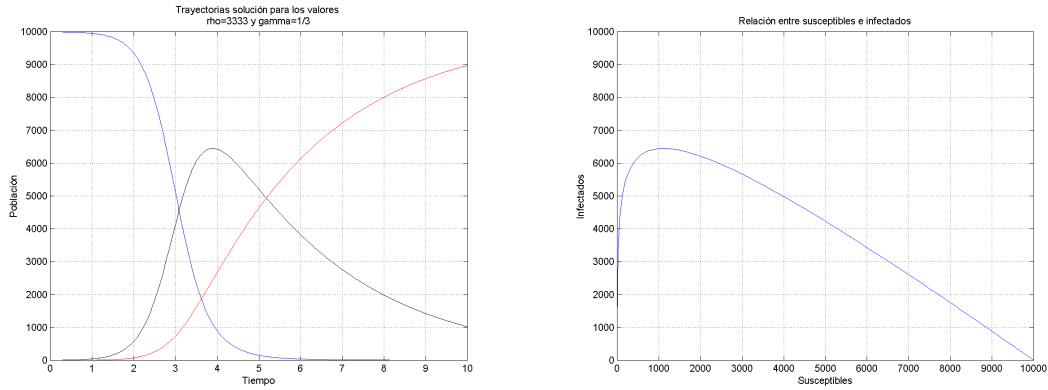


Figure 1: Comportamiento de las trayectorias para $\rho \approx 3333$ y $\gamma = \frac{1}{3}$.

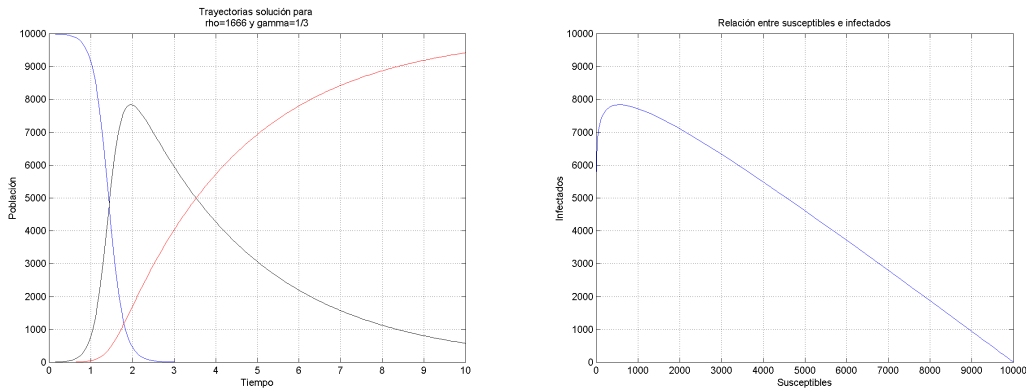


Figure 2: Comportamiento de las trayectorias para $\rho \approx 1666$ y $\gamma = \frac{1}{3}$.

Ejemplo 4.1.6. Escojamos n, x_0, β_0, γ y z_1 positivos tal que: $\rho_0 = \frac{\gamma}{\beta_0} < x_0$ y sea $\beta(z) = \beta_0(1 - \frac{z}{z_1})$ para $z \in [0, z_1]$ y $\beta(z) = 0$ si $z \geq z_1$. Obtenemos $X(z) = x_0 \exp\{-\frac{1}{\rho_0}z(1 - \frac{z}{z_1})\}$ y $z(\infty) = n - X(z_1)$. Aquí cabe aclarar (y de hecho, es muy importante hacerlo) que las condiciones establecidas para el teorema 3.1.1 también aplican aquí, ya que, por un resultado que veremos en una de las secciones posteriores², no es estrictamente necesario que β sea constante. Es suficiente con que sea una función lipschitz-continua, para garantizar unicidad en la solución del sistema y todos los demás resultados.

Continuando con lo anterior, el tiempo t^+ cuando el número de infectados alcanza su

²Ver teorema 3.3.1.

máximo valor, generalmente precede el instante t_1 de la primera entrada de $z(t)$ a z_1 ya que $y'(t_1) = -\gamma(t_1) < 0$. El máximo y^+ y su argumento t^+ son calculados mediante el proceso sugerido en la demostración del teorema 3.1.1. Es decir:

$$y^+ = n - z^+ - \frac{z_1\gamma}{(z_1 - z^+)\beta_0}, \quad t^+ = \frac{1}{\gamma} \int_0^{z^+} \frac{1}{Y(u)} du.$$

La ecuación diferencial (S1) se escribiría, en este caso:

$$x'(t) = \begin{cases} -\beta_0 \frac{z_1 - z^+}{z_1} x(t)y(t), & z(t) < z_1 \\ 0, & z(t) \geq z_1. \end{cases}$$

$$y'(t) = \begin{cases} -\beta_0 \frac{z_1 - z^+}{z_1} x(t)y(t) - \gamma y(t), & z(t) < z_1 \\ -\gamma y(t), & z(t) \geq z_1. \end{cases}$$

$$z'(t) = \gamma y(t).$$

en donde los valores iniciales para el problema de Cauchy en este sistema son:

$x(0) = x_0 > 0, y(0) = y_0 = n - x_0 > 0$ y $z(0) = 0$. Nótese que $\beta'(z(t)) = -\frac{\beta_0\gamma}{z_1}y'(t)$ para $0 < t < t_1$ en este caso.

Para ver esta situación más palpable, usaremos valores similar a los que usamos en el ejemplo anterior, es decir, sea $n = 10000, \gamma = \frac{1}{3}$ y $\rho_0 = 4995$. Escogeremos $z_1 = 4000$. Comparemos ésta con el decrecimiento de la intensidad de la infección mostrada en la figura 1, en la cual vemos que el número de infectados es mucho menor. Con ayuda del software matemático Matlab, calculamos que: $z(\infty) \approx 3303$ y $y^+ \approx 1133, z^+ = 1344$ y $t^+ = 19,0402$.

Observación 4.1.7. Podemos dar una interpretación muy práctica a la situación planteada en el sistema de ecuaciones diferenciales anterior. El coeficiente de infección β es igual a β_0 en el instante cero, ya que $z(0) = 0$. Sin embargo, éste va disminuyendo a medida que la cantidad de removidos aumenta y se acerca a un determinado nivel, que

aquí denotamos z_1 . De éste nivel en adelante $\beta = 0$, lo que significa que no hay tasa de infección y por lo tanto la epidemia se detiene. Este comportamiento se ajusta perfectamente al modelado de una situación que los epidemiólogos llaman **permeabilización de la población**. Cuando la cantidad de removidos sobrepasa cierto margen que (según los datos extraídos para epidemias anteriores) los epidemiólogos consideran preocupantes, entonces éstos profesionales de la salud aplican agresivas medidas en salubridad y prevención, como por ejemplo, aislar, de ser posible, a la población de infectados para frenar drásticamente efectos que podrían ser devastadores en la población.

Es también interesante mencionar que el coeficiente de remoción γ no puede ser controlado, aunque se quiera, ya que éste depende directamente de las condiciones ambientales y de la eficiencia del sistema inmunológico de los habitantes de la población.

4.2. Modelo estocástico de Kermack-McKendrick

Uno de los objetivos centrales de la teoría de los procesos estocásticos es dar una explicación formal de algunos fenómenos que surgen en la vida cotidiana, los cuales involucran algún grado de incertidumbre e irregularidad en los resultados generados. Se podría pensar que es poco ortodoxo usar los procesos estocásticos para modelar la difusión de una enfermedad, ya que esta teoría es, generalmente asociada con el azar y lo inesperado. Sin embargo, como ya habíamos mencionado en la introducción de este trabajo, existen factores reales de naturaleza aleatoria que pueden afectar los resultados generados en función del tiempo. De aquí en adelante, se construirá paso a paso un modelo que pretende describir los fenómenos mencionados, involucrados en el desarrollo de una epidemia, de manera analítica.

4.2.1. El modelo mixto

Antes de entrar a desarrollar el modelo estocástico como tal, resulta conveniente examinar el siguiente sistema mixto, en donde las funciones consideradas, representan, las tasas de susceptibles, de infectados y de removidos respectivamente. Se asume antes que dichas funciones son determinísticas, pero el coeficiente de difusión de la enfermedad determina una dinámica estocástica, ya que se considera una función de un proceso estocástico. Para este caso asumiremos que $\sigma \geq 0$ es una función real medible acotada tal que $supp(\sigma) \subset [a, b]^3$, donde $0 \leq a \leq n_0 \leq b < \infty$, siendo a, b reales positivos y n_0 como ya habíamos mencionado, la cantidad inicial de habitantes en la población, además $(N_t)_{t \geq 0}$ ⁴ será el proceso estocástico que representará la cantidad de habitantes en función del tiempo. N_t será la solución de la ecuación diferencial estocástica de Engelbert-Schmidt:

$$dN_t = N_t \sigma(N_t) dW_t$$

en donde W_t representa el m.b estándar. Aquí, simplemente se expresa que la razón de cambio instantánea del proceso que representa la cantidad de habitantes es directamente proporcional a dicha cantidad de habitantes, considerando un ruido blanco en el mencionado cambio instantáneo. La constante de proporcionalidad es entonces, $\sigma(N_t)$. En tal caso el modelo determinístico de Kermack-McKendrick se puede expresar como sigue:

$$\begin{aligned} x'(t) &= -\alpha(x(t), y(t), z(t), N_t) \cdot x(t)y(t) & x(0) &= \frac{x_0}{n_0} \\ y'(t) &= \alpha(x(t), y(t), z(t), N_t) \cdot x(t)y(t) - \gamma \cdot y(t) & y(0) &= \frac{y_0}{n_0} \\ z'(t) &= \gamma y(t) & z(0) &= 0. \end{aligned}$$

Supondremos que $\alpha(x, y, z, n)$ es una función de Lipschitz en

$$\Delta =: \{(x, y, z) \in [0, 1]^3 : x + y + z = 1\}$$

³ $supp(\sigma)$ representa el soporte compacto de la función σ

⁴De aquí en adelante los procesos estocásticos se denotarán así: $(X_t)_{t \geq 0} := X_t$, ya que todos estarán definidos sobre el mismo conjunto paramétrico

para cada $n \in [a, b]$. Esto lo debemos suponer para garantizar la existencia de una solución al sistema de ecuaciones diferenciales (S2), en virtud al teorema 1.2.32. De la anterior suposición: $x(t) + y(t) + z(t) = 1$ para cada $t \geq 0$.

Si éste es el caso seremos capaces de representar de manera única la cantidad $X_t = x(t) \cdot N_t, Y_t = y(t) \cdot N_t, Z_t = z(t) \cdot N_t$ de susceptibles, infectados y removidos, respectivamente, como una solución débil del sistema general estocástico (S3) que en la proxima sección se plantea, en donde se supondrá que los coeficientes $\alpha(x, y, z, n)$ y $\beta(x, y, z)$ se relacionan así: $\alpha(x, y, z, n) = n \cdot \beta(nx, ny, nz)$. En la siguiente sección entenderemos la estrecha relación que existe entre el modelo mixto y el modelo estocástico y bajo que condiciones podemos considerar soluciones comunes a ambos sistemas.

4.3. Análisis estructural del modelo estocástico

Ahora analizaremos de manera breve, las soluciones del modelo estocástico general, que está dado por las siguientes ecuaciones:

$$\begin{aligned}
 dX_t &= -\beta(X_t, Y_t, Z_t)X_tY_tdt + X_t\sigma(X_t + Y_t + Z_t)dW_t & X_0 &= x_0 > 0 \\
 dY_t &= \beta(X_t, Y_t, Z_t)X_tY_tdt - \gamma Y_tdt + Y_t\sigma(X_t + Y_t + Z_t)dW_t & Y_0 &= y_0 > 0 \quad (S3) \\
 dZ_t &= \gamma Y_tdt + Z_t\sigma(X_t + Y_t + Z_t)dW_t & Z_0 &= 0.
 \end{aligned}$$

Primero, veamos el significado de estas ecuaciones. El modelo está planteado bajo los principios establecidos para el modelo mixto, ya mencionado en la sección anterior. La diferencia es que este modelo es el más general, pues todas las variables involucradas en el problemas, son de naturaleza estocástica. Ahora bien el valor de σ representa la intensidad del ruido blanco considerado en el modelo; entre mas grande sea el valor de σ , más intensas serán las fluctuaciones manifestadas en los caminos que representan la cantidad de susceptibles, infectados o removidos. Luego, estableceremos las condiciones necesarias para garantizar la existencia y unicidad de una solución fuerte. Para ello,

tomamos el sistema estocástico (S3) y lo reescribimos de manera matricial, como sigue:

$$dL_t = b(L_t) + A(L_t)dB_t, \quad L_0 = (x_0, y_0, 0),$$

en donde, $b : \mathbb{R}^3 \rightarrow \mathbb{R}^3$ y $A : \mathbb{R}^3 \rightarrow \mathbb{M}_{3 \times 3}$, tales que:

$$b(x, y, z) = \begin{pmatrix} b_1(x, y, z) \\ b_2(x, y, z) \\ b_3(x, y, z) \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} -xy\beta(x, y, z) \\ xy\beta(x, y, z) - \gamma y \\ \gamma y \end{pmatrix}$$

$$A(x, y, z) = \begin{pmatrix} a_{11}(x, y, z) & 0 & 0 \\ a_{21}(x, y, z) & 0 & 0 \\ a_{31}(x, y, z) & 0 & 0 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} x\sigma(x, y, z) & 0 & 0 \\ y\sigma(x, y, z) & 0 & 0 \\ z\sigma(x, y, z) & 0 & 0 \end{pmatrix}$$

y $B_t = (W_t^1, W_t^2, W_t^3)$ es el m.B. tridimensional estándar con $W_t^i = W_t$, para $i = 1, 2, 3$. Ahora bien, si podemos mostrar que los operadores anteriormente definidos como A y b , en los espacios de Banach \mathbb{R}^3 y $\mathbb{M}_{3 \times 3}$ respectivamente, tienen la propiedad de ser localmente Lipschitz y de crecimiento lineal en términos de la norma euclidiana, entonces podemos aplicar el teorema 1.2.37 para finalmente mostrar existencia y unicidad de la solución del sistema (S3).

Teorema 4.3.1. Existencia y unicidad de la solución de (S3)

Considere el sistema de ecuaciones diferenciales (S3) planteado anteriormente en donde $\beta(x, y, z) \geq 0$ es Lipschitz continua en Δ_{ab} siendo,

$$\Delta_{ab} := \{(x, y, z) \in \mathcal{C}(\mathbb{R}^+, \mathbb{R}^3) : a \leq x_t + y_t + z_t \leq b, x_t, y_t, z_t \geq 0, \forall t \geq 0\}.$$

Además, suponga que $\sigma(n)$ es positivo, acotado y de soporte compacto. Entonces (S3) tiene una única solución fuerte $L_t = (X_t, Y_t, Z_t)$.

Demostración. La demostración es sencilla. Recordemos que los funcionales b y A están definidos así:

$$b : \mathcal{C}(\mathbb{R}^+, \mathbb{R}^3) \times \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}^3, \quad A : \mathcal{C}(\mathbb{R}^+, \mathbb{R}^3) \times \mathbb{R} \rightarrow M_{3 \times 3}$$

Para este proceso usaremos, para el funcional A , la norma del máximo de la suma de filas, denotada como $\|A\|_Z$ y para el funcional b , la norma del máximo, denotada como $\|b\|_\infty$, ya que son normas compatibles.⁵ Algebraicamente, se puede demostrar que para dos vectores l_t, l'_t se tiene que:

$$\|b(l_t) - b(l'_t)\| + \|A(l_t) - A(l'_t)\| \leq C_N \cdot \|l_t - l'_t\|,$$

que se cumple para $\|l\| \leq N, \|l'\| \leq N, N \in \mathbb{N}$ y $t \geq 0$ y:

$$\|b(l_t)\| + \|a(l_t)\| \leq C(1 + \|l_t\|)$$

lo cual se tiene para todo $l_t \in \mathcal{C}(\mathbb{R}^+, \mathbb{R}^3)$ y $t \geq 0$ en donde C_N y C son constantes. Así pues, tenemos que los operadores b y A son localmente Lipschitz y de crecimiento lineal. Entonces, directamente del teorema 1.2.37 se sigue que el sistema de ecuaciones diferenciales tiene una única solución fuerte. \square

El resultado anterior es de suma importancia, ya que podemos establecer las condiciones para las cuales tenemos una única solución, lo cual es significativo en el momento de realizar una simulación de las trayectorias que representarán la solución de (S3).

Ahora, podemos ir un poco más allá, es decir, no sólo conformarnos con saber que la solución existe y es única, sino también saber cual es dicha solución única. En este caso es posible conocer la solución de (S3) de manera explícita usando la fórmula de Itô. Veamos:

Teorema 4.3.2. Solución del sistema de forma explícita

Asuma que $\beta(x, y, z)$ y $\sigma(n)$ son acotados. Entonces (X, Y, Z) es una solución del sistema

⁵Ver la demostración de este hecho en Análisis Numérico de Ignacio Mantilla, páginas 150-152.

(S3) si:

$$\begin{aligned} N_t &= n_0 \exp\left\{\int_0^t \sigma(N_u) dW_u - \frac{1}{2} \int_0^t \sigma^2(N_u) du\right\}, \\ X_t &= \frac{x_0}{n_0} \exp\left\{\int_0^t -\beta(X_u, Y_u, Z_u) Y_u du\right\} \cdot N_t, \\ Y_t &= \frac{y_0}{n_0} \exp\left\{\int_0^t \beta(X_u, Y_u, Z_u) X_u du - \gamma t\right\} \cdot N_t, \\ Z_t &= \gamma \int_0^t \frac{Y_u}{N_u} du \cdot N_t. \end{aligned}$$

para todo $t \geq 0$ casi siempre.

Demostración. Primero, hallamos N_t , resolviendo la ecuación de Engelbert-Schmidt. Tenemos el problema de valor inicial:

$$dN_t = N_t \sigma(N_t) dW_t, \quad N_0 = n_0 = x_0 + y_0.$$

Entonces haciendo uso del teorema 1.2.31 (la fórmula de Itô) con $g(t, x) = \ln(x)$ y $X_t = N_t$, se tendrá que:

$$d(\ln(N_t)) = 0 dt + \sigma(N_t) dW_t - \frac{1}{2} \sigma^2(N_t) dt.$$

Ahora, integrando en términos de t :

$$\begin{aligned} \ln(N_t) &= \int_0^t \sigma(N_u) dW_u - \frac{1}{2} \int_0^t \sigma^2(N_u) du + C \\ N_t &= K \exp\left\{\int_0^t \sigma(N_u) dW_u - \frac{1}{2} \int_0^t \sigma^2(N_u) du\right\} \end{aligned}$$

Usando la condición inicial, $N_0 = n_0$ deducimos que $K = n_0$. Esto concluye la demostración de la primera ecuación.

De la misma manera podemos expresar la primera ecuación del sistema estocástico (S3)

como sigue:

$$\begin{aligned}\frac{1}{X_t}dX_t &= -\beta Y_t dt + \sigma(N_t)dW_t \\ d(\ln(X_t)) &= -\beta Y_t dt + \sigma(N_t)dW_t\end{aligned}$$

Usando de igual manera, la fórmula de Itô, y teniendo en cuenta que $X_0 = x_0$ resulta que:

$$X_t = \exp\left\{\int_0^t -\beta Y_u du + \int_0^t \sigma(N_u)dW_u - \frac{1}{2}\int_0^t \sigma^2(N_u)du\right\}$$

o sea, podemos escribir la anterior igualdad como:

$$\left(\frac{x_0}{n_0} \exp\left\{\int_0^t -\beta Y_u\right\}\right)(n_0 \exp\left\{\int_0^t \sigma(N_u)dW_u - \frac{1}{2}\int_0^t \sigma^2(N_u)du\right\})$$

que es lo mismo que:

$$X_t = \frac{x_0}{n_0} \exp\left\{\int_0^t -\beta Y_u\right\} \cdot N_t$$

como se quería. De manera totalmente análoga, se demuestran las otras dos ecuaciones del sistema estocástico (S3). \square

Ahora, conociendo los procesos solución para (S3), continuaremos con el análisis estructural del modelo. Veremos que éste posee propiedades similares, a las observadas en el modelo determinístico. El siguiente teorema nos muestra cuáles son estas propiedades:

Teorema 4.3.3. *Propiedades de los procesos X_t, Y_t, Z_t*

Suponga que $\beta(X, Y, Z)$ es una función no negativa y acotada, sea $\sigma > 0$ la función ya descrita, tal que el soporte compacto de la función σ , es el intervalo $[a, b]$, siendo σ el coeficiente de difusión para la parte estocástica del proceso de Itô, y considere una solución arbitraria $L = (X, Y, Z)$ al sistema (S3). Entonces las siguientes afirmaciones se cumplen, para todo $t \geq 0$:

1. El tamaño de la población N_t es una martingala acotada, es decir, es una martingala que cumple que $a \leq N_t \leq b$ para todo $t \geq 0$, y tal que N_∞ existe. Más aún, $E(N_t) = n_0$ para todo $t \geq 0$.
2. Con respecto a la filtración canónica, el número de susceptibles X_t es una supermartingala y el número de removidos Z_t es una submartingala.
3. Los límites X_∞, Y_∞ y Z_∞ existen, $Y_\infty = 0$, y $X_\infty > 0$, si y sólo si, $N_\infty > 0$ asumiendo $a > 0$ tenemos que X_∞ es una variable aleatoria positiva.

Demostración. Primera parte:

Primero mostremos que N_t es una martingala. Por tratarse de un proceso estocástico exponencial (m.b geométrico), tenemos que demostrar que se satisface la condición de Kamazaki, es decir, que se cumple para $\sigma \geq 0$ y para $t > 0$:⁶

$$E[\exp(\frac{1}{2} \int_0^t \sigma(N_t) dW_t)] < \infty.$$

Si la condición de Kamazaki se satisface, entonces N_t es martingala. Ver que esto es cierto es muy sencillo, ya que la función sigma está definida sobre un compacto y por ello el proceso estocástico, definido como:

$$M_t := \exp(\frac{1}{2} \int_0^t \sigma(N_t) dW_t)$$

será de igual manera acotado, y por lo tanto, su valor esperado también lo será.

Ahora para mostrar que N_t es un proceso estocástico acotado, usamos el mismo razonamiento anterior. Entonces tenemos que, para todo $t > 0$, N_t es una martingala acotada. Por lo tanto reunimos las condiciones que nos permiten aplicar el teorema 1.2.12, para concluir que $a < N_\infty < b$, para todo $t > 0$.

Segunda parte:

⁶Ver Ikeda y Watanabe (1989), sección 3.5 y sección 8.6

Como N_t es una martingala y el proceso que definiremos como:

$$\varphi_t := \exp\left(-\int_0^t \beta(X_u, Y_u, Z_u) Y_u du\right)$$

es un proceso estrictamente decreciente, entonces X_t resulta ser una supermartingala acotada, ya que el producto entre un proceso no creciente y una martingala resulta ser una supermartingala. En efecto, para $s > t$:

$$\begin{aligned} \varphi_t N_t &\leq \varphi_s N_t \\ E[\varphi_t N_t | \mathfrak{F}_s] &\leq E[\varphi_s N_t | \mathfrak{F}_s] \\ &= \varphi_s E[N_t | \mathfrak{F}_s] \\ &= \varphi_s N_s \\ &= X_s \end{aligned}$$

siendo \mathfrak{F}_t la filtración canónica correspondiente a los procesos φ_t, N_t . De manera totalmente análoga, se demuestra que Z_t es una submartingala, considerando que Z_t es un proceso no decreciente y N_t es una martingala.

Tercera parte:

Aplicando de nuevo el teorema 1.2.12 a los procesos estocásticos X_t y Z_t , tenemos que X_∞ y Z_∞ existen. Ahora mostraremos que $Y_\infty = 0$. Considere la tercera ecuación de (S3).

$$dZ_t = \gamma Y_t + Z_t \sigma(N_t) dW_t.$$

Integrando a ambos lados de la ecuación en términos de t y tomando valor esperado tenemos:

$$E[Z_t] = \gamma E\left[\int_0^t Y_u du\right] + E\left[\int_0^t Z_u \sigma(N_u) dW_u\right].$$

El segundo sumando, a la derecha de la ecuación anterior, es un proceso de Itô. Por el

teorema 1.2.27, parte 3, su valor esperado es igual a cero, por lo tanto:

$$E\left[\int_0^t Y_t\right] = \frac{1}{\gamma}E[Z_t].$$

Tomando límite cuando t tiende a infinito:

$$E\left[\int_0^\infty Y_t\right] = \frac{1}{\gamma}E[Z_\infty] \leq \frac{b}{\gamma}.$$

De allí se concluye entonces que, $\int_0^\infty Y_t dt < \infty$ y por lo tanto, por ser una Y_t un proceso positivo es necesario que $Y_\infty = 0$, ya que, de lo contrario, la integral no podría converger. Finalmente se mostrará que $X_\infty > 0$ si y sólo si $N_\infty > 0$. Ésto es fácil de mostrar, ya que:

$$\int_0^\infty \beta(X_u, Y_u, Z_u)Y_u du \leq K \int_0^\infty Y_u du < \infty.$$

para una constante $K > 0$. Ahora, como bien sabemos:

$$X_t = \frac{x_0}{n_0} \exp\left\{\int_0^t -\beta(X_u, Y_u, Z_u)Y_u du\right\} \cdot N_t$$

De la igualdad anterior deducimos inmediatamente que $X_\infty > 0$ si y sólo si $N_\infty > 0$, como se quería. \square

El teorema 3.3.3 nos arroja interesantes resultados. Desde el punto de vista epidemio prod-lógico, vemos que este modelo se comporta muy bien, es decir, concuerda con el comportamiento que esperaríamos tener en un epidemia. Siendo más puntuales, veamos uno por uno el significado de estos resultados. En la primera parte del teorema se probó que N_t es una martingala, esto significa que en el modelo considerado con emigración e inmigración estocástica, la mejor predicción para la cantidad de habitantes de la población en un t futuro, es precisamente la cantidad presente de habitantes. Esperamos que, a largo plazo, la cantidad de habitantes sea la inicial n_0 y, además, siendo una martingala acotada, nos garantiza que la cantidad de habitantes siempre será finita.

La segunda parte del teorema 3.3.3, sólo nos conforma lo que nos mostró el modelo determinístico. El hecho de que el proceso X_t sea una supermartingala nos indica que la

cantidad esperada de susceptibles en un tiempo futuro t , sera menor o igual a la cantidad presente de susceptibles. De igual manera ocurre con los removidos, es decir, al ser Z_t una submartingala la cantidad futura de removidos será mayor a la cantidad presente de removidos. Por último, la tercera parte solo garantiza que los valores reales arrojados por los procesos son finitos y pueden ser acotados convenientemente.

C A P Í T U L O 5

Aplicaciones reales de los modelos S-I y S-I-R.

El objetivo de los modelos planteados en los capítulos anteriores es ofrecer una herramienta eficiente para la predicción de sucesos futuros. Bajo algunas condiciones, estos modelos se ajustan muy bien a las circunstancias que en el momento se presentan. Sin embargo, hay que ser cuidadosos, ya que el ajuste preciso que mencionamos, por lo general es temporal, es decir, se presenta en intervalos pequeños de tiempo. La anterior afirmación se vé patente en los siguientes análisis que se harán, usando los modelos analizados en los anteriores capítulos como instrumento para hacer una comparación con los datos reales.

5.1. Epidemia de sarampión, Bristol(Inglaterra), 1945.

En el condado de Bristol, se presentó un brote de sarampión que afectó a casi la mitad de la población. El virus del sarampión produce una enfermedad altamente infecciosa y virulenta. Para esta época el gobierno británico solo tenía datos parciales relacionados con la evolución de la epidemia. Por esta razón, la OMS (Organización Mundial de la Salud) realizó un estudio en el año 1960 usando modelos matemáticos y estadísticos, entre ellos el mencionado modelo S-I, para completar los datos que se desconocían.

En el año 1945, el condado de Bristol contaba con una población aproximadamente de 1700 personas. Se desconoce el origen del virus en ese lugar, por esta razón se supuso que una sola persona infectada entró en la población. El virus de sarampión, como ya se men-

cionó, es altamente virulento, pero no letal (a excepción de niños y bebés). Basándose en los datos existentes, se hizo una estimación del coeficiente β , usando inferencia estadística. Debido a la alta virulencia del sarampión y su naturaleza de transmisión, que es por contacto directo y transmisión aérea, se estima que la probabilidad de que un susceptible adquiriera el virus, después de tener contacto con un infectado, es del 75 por ciento.¹

El modelo S-I determinístico y estocástico nos ilustra cómo habría sido el comportamiento de la epidemia (ver figura 3), si el gobierno británico no hubiese intervenido, luego de saber que más de la mitad de la población estaba infectada.

A continuación ofrecemos una breve interpretación a la gráfica 3. Se puede observar

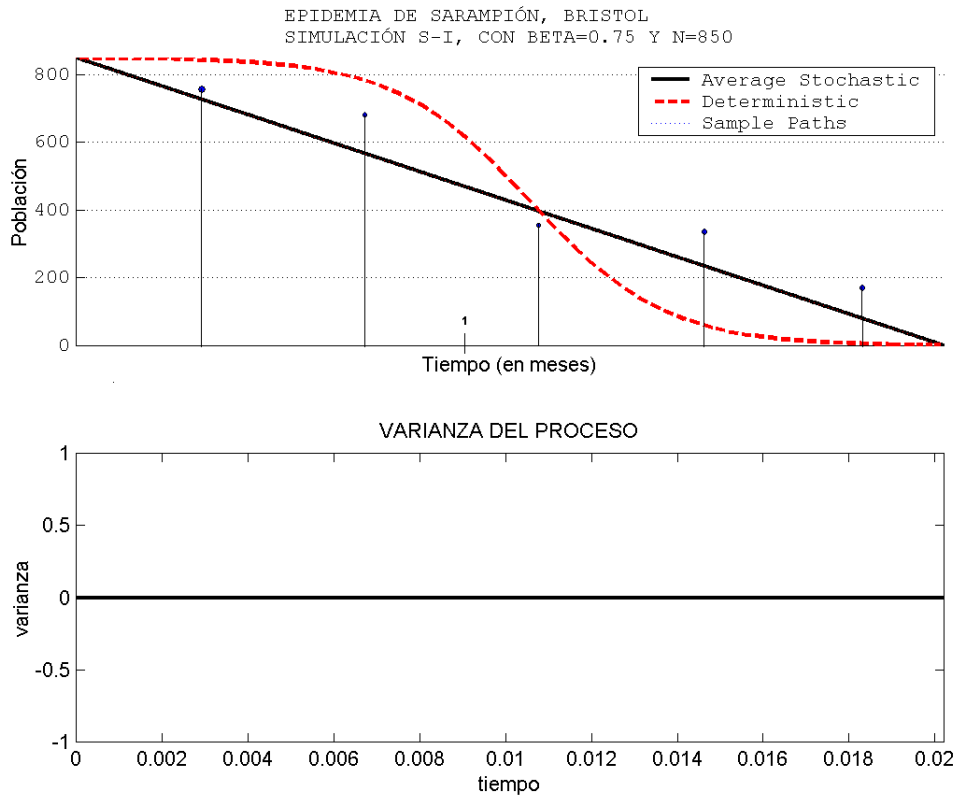


Figure 3: Evolución de la epidemia de sarampión

que en la primera subgráfica, tenemos representados las trayectorias determinística y es-

¹Tratado del sarampión escrito por G. Roux.

toestocástica de la epidemia. La línea negra, representa la media estocastica del proceso de muerte, es decir, $E(Y_t)$, la cual es una trayectoria continua que nos permite establecer una comparación más sencilla con la trayectoria determinística y con los datos reales (que están representados por los puntos azules), a diferencia de los caminos de tipo escalonado que representan el proceso markoviano Y_t . Cuando comparamos, vemos que la trayectoria estocástica tiene un mayor nivel de aproximación con respecto a los datos reales. A decir verdad, el modelo no es tan eficiente como quisieramos que lo fuera, sin embargo, logra dos importantes objetivos:

1. Determina un intervalo de tiempo aproximado de la duración de la epidemia.
2. Caracteriza el comportamiento de la epidemia, el cual, podemos observar, tiene un descenso lineal.

Esto permitió a los investigadores de la OMS, evaluar las condiciones internas y/o externas que pueden contribuir a la difusión del virus del sarampión, a fin de aplicar planes de contingencia para su control y posterior erradicación.

5.2. El virus A(H1N1), La Gloria, Veracruz(México), 2009.

A comienzos de marzo, una gripe que derivaba en muchos casos en problemas respiratorios afectó al 60 por ciento de los residentes de La Gloria, Veracruz, México. La Gloria está localizada cerca de una granja de cerdos que cría anualmente alrededor de un millón de estos animales. El propietario de la granja de cerdos declaró que no se habían encontrado signos clínicos o síntomas de presencia de la llamada gripe porcina en los animales, ni en sus empleados, y que la compañía administra rutinariamente la vacuna contra el virus a su piara, además de la realización de análisis mensuales para detectar la presencia de la gripe porcina. Los primeros casos de influenza en México se detectaron el 11 de abril en el estado mexicano de Veracruz. Al mes se extendió por varios estados de

México, Estados Unidos y Canadá y luego se difundió a otras zonas del mundo a causa de pacientes que viajaron desde allí. Un grupo de investigadores de la Universidad Autónoma de México (UNAM) procedió a realizar la pertinente investigación, luego que, en esta zona de México, se desatara el miedo en los habitantes, por el acelerado crecimiento de muertes que se presentaron a partir del mes de abril, por causa de la gripa porcina.

La Gloria, Veracruz es una localidad ubicada en el municipio de Perote, a unos 200 kilómetros de Ciudad de México. Luego de las investigaciones hechas por el grupo de la UNAM, se pudo deducir, que éste fué el lugar de origen del virus. La Gloria tiene una población de 2100 habitantes aproximadamente y está a unos 2400 metros sobre el nivel del mar, lo cual, contribuyó a la expansión de la epidemia, debido a las bajas temperaturas que se presentaron en la mencionada época del año. Algunos de los modelos aplicados por éste grupo de investigadores, fueron los modelos S-I, S-I-R y S-I-R-S con los cuales se estableció una cota superior para la cantidad de infectados y para la cantidad de removidos por muerte. El uso de modelos matemáticos, estadísticos y el análisis de los datos presentes, le sirvió a este grupo de investigadores para llegar a una importante conclusión: realmente, los supuestos efectos de la epidemia eran producto del miedo injustificado y el amarillismo de los medios de comunicación. Esta conclusión se dió porque realmente el índice de contagio del virus A(H1N1)(o coeficiente de difusión, en nuestros modelos) era relativamente bajo. Para este caso particular tenemos que $\beta = 0,0009625$, $\gamma = 0,25$ con valores iniciales: $x(0) = 2099, y(0) = 1$ y $z(0) = 0$. (Ver Figura 4).²

En la figura 4 tenemos representado con color azul, la trayectoria que representa la cantidad de susceptibles ($x(t)$), con negro la trayectoria de los infectados ($y(t)$), y con rojo la cantidad de removidos ($z(t)$). Las gráficas de estas trayectorias fueron generadas mediante el método de Runge-Kutta, el cual está codificado en Matlab, en el apéndice B2. Podemos observar ciertas particularidades en la aplicación de este modelo. Vemos

²Hekademus, Revista Científica de la FIEE, Volumen, número 4, abril de 2009

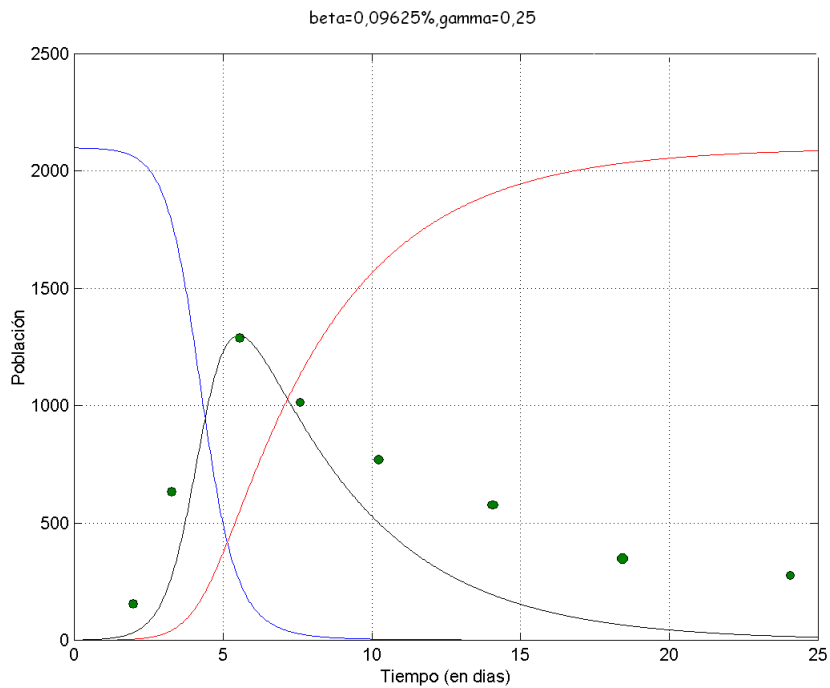


Figure 4: Evolución del virus A(H1N1).

que el ajuste de éste con los datos reales (representados con los puntos verdes) no es bueno, ya que encontramos una diferencia considerable en los últimos valores. Sin embargo, uno de los objetivos fundamentales, establecidos por los investigadores de la UNAM, era determinar la cantidad máxima de infectados y en que momento se presentaría. Este es cumplido de manera satisfactoria, ya que el modelo predijo de manera muy precisa, el número máximo de infectados por el virus A(H1N1) en La Gloria, algo que realmente fué importante en el análisis y seguimiento de éste virus.³

En efecto, la alarma roja se disparó de manera prematura y tal como lo observaron los investigadores de la UNAM, era cuestión de control, prevención y tiempo para que la epidemia dejara de ser una amenaza.

³ver apéndice C los datos muestrales y su fuente.

5.3. Epidemia de peste bubónica en Bombay (India), 1905-1906.

La peste bubónica es una enfermedad infecciosa aguda extremadamente rara y su nombre procede de la palabra latina "bubon" que significa ingle. Se trata de una zoonosis (enfermedad que afecta particularmente a los animales, y que puede ser transmisible al hombre) de la que aún se producen brotes en regiones donde las condiciones de la vivienda y de higiene son deficientes. La ciudad de Bombay es la ciudad más importante de India, después de Nueva Delhi. En el año de 1904 contaba con una población de aproximadamente 820000 personas. Sin embargo, debido a la convivencia muy cercana de los habitantes con las ratas y las bajas condiciones de asepsia, las pulgas en las ratas desataron una de las más alarmantes epidemias en la historia de la humanidad: la mencionada peste. La peste bubónica es una enfermedad producida por la bacteria *Yersinia Pestis* y causa una muerte rápida y dolorosa en un plazo de 48 a 96 horas, según el tipo de peste bubónica.

Investigadores de la universidad de Washington, dirigidos por el Dr. James D. Murray, realizaron una investigación exhaustiva sobre el comportamiento general de la peste bubónica en la ciudad de Bombay en los años 1905 y 1906, años en los cuales la epidemia se esparció por toda la ciudad y luego por todo el país. Precisamente unos de los métodos usados por el Dr Murray fue el modelo determinístico S-I-R. El objetivo central de éste y su equipo de investigadores era saber que tan rápido estaban muriendo los habitantes de Bombay por causa de la peste bubónica. En este caso todos los removidos se consideraban como muertos ya que la gran mayoría de personas que adquiría la enfermedad, moría. Debido a que la población de la ciudad era tan grande y considerando además que la cantidad de datos relativos a la evolución de la epidemia, era muy pequeña, se consideró una muestra grande de la población de Bombay y se aplicó el modelo determinístico de Kermack-McKendrick, para: $\beta = 0,20$ y $\gamma = 3,4$, datos obtenidos usando: para β y para γ la aproximación hiperbólica determinada en el teorema 3.1.4 , con la cual, cono-

ciendo la cantidad de removidos $z(t)$ en determinados instantes de tiempo y mediante la solución numérica de la ecuación formulada en éste teorema, se pudo encontrar el valor de la tasa de remoción de infectados.

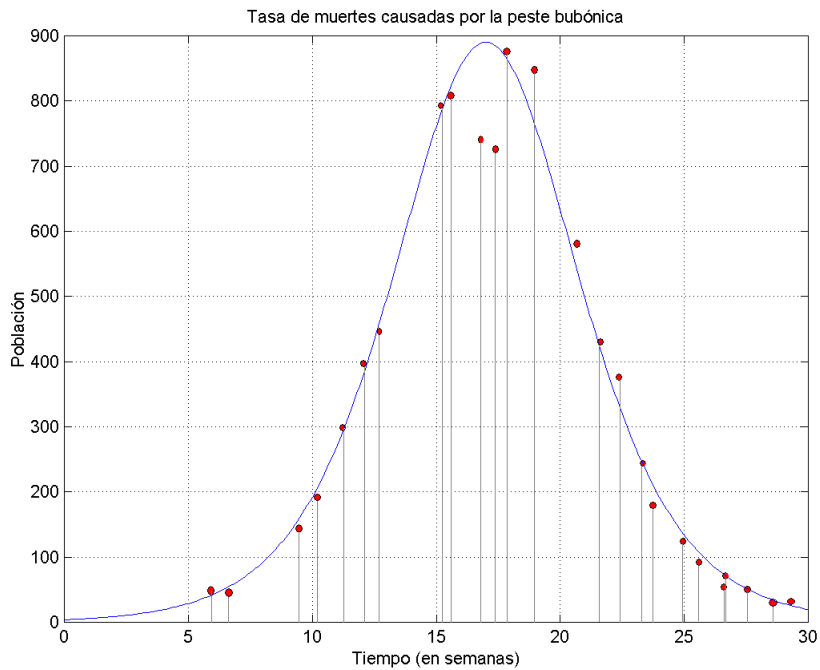


Figure 5: Tasa de muertes causadas por la peste bubónica.

En la figura número 5, podemos ver el excelente ajuste que tuvo la curva que representa la tasa de decesos con respecto a los puntos rojos, que son los datos muestrales reales. En este caso el objetivo del Dr. Murray había sido cumplido, ya que se buscaba la tasa instantánea de muertes para la epidemia de peste bubónica. Observamos como en la semana 18 aproximadamente se llegó a tener hasta 900 muertes por día, lo cual muestra la gravedad de la pandemia. Naturalmente, a partir de esta gráfica podemos deducir toda la información restante, es decir, las aproximaciones de las funciones que representan la cantidad de removidos, de infectados y susceptibles, mediante la solución de los problemas de Cauchy correspondientes.

5.4. Epidemia de influenza tipo C, Londres(Inlaterra), 1978

La influenza tipo C o resfriado común es una de las enfermedades más corrientes que existe. Salvo contadas excepciones, esta enfermedad no es letal y es removida por el sistema inmunológico humano en un tiempo promedio de 3 a 6 días. Sin embargo, esta enfermedad es altamente virulenta y, al igual que el sarampión, se transmite por contacto directo o por transmisión aérea. En 1978, la revista médica inglesa "The Lancet", reportó, con estadísticas detalladas, la evolución de una fuerte epidemia que se presentó en un internado masculino en la ciudad de Londres, en la cual resultaron afectados 763 estudiantes. De éstos, 512 tuvieron que reposar en cama durante la epidemia, la cual se inició el 22 de enero y finalizó el 4 de febrero del mismo año. Al parecer un nuevo estudiante externo, que era portador de la enfermedad, desencadenó el agresivo virus por todo el internado en un tiempo muy reducido. Podemos ver que esta epidemia cumple con los requerimientos asumidos para un modelo S-I-R. Por ello, tomando los parámetros deducidos mediante inferencia estadística, mediante un procedimiento llamado series de tiempo, con el cual se determina cual debe ser la tasa de propagación usando el llamado análisis de tendencia por medias móviles. Según lo anterior las constantes son determinadas con 95 por ciento de confianza, así: $x_0 = 762$, $\rho = 202$ y $\beta = 0,00218$, tenemos el siguiente comportamiento de la epidemia de influenza tipo C, con $N = 763$.

Observe la figura 6. Igual como se denotaron las trayectorias e la figura 4, tenemos: curva azul para los susceptibles, negra para los infectados y roja para los removidos. Es importante resaltar que en este caso los removidos no son decesos, sino más bien jóvenes que se curaron o que fueron aislados del campo de acción de la enfermedad, específicamente hablando, lo que guardaron reposo en cama pasaban a ser removidos. Esta misma gráfica nos permite hacer conclusiones muy significativas. Para empezar, vemos la buena aproximación que ofrece el modelo respecto a los datos reales. Por otro lado, se resalta el hecho de que el problema de adaptar un modelo matemático S-I-R, a una situación real,

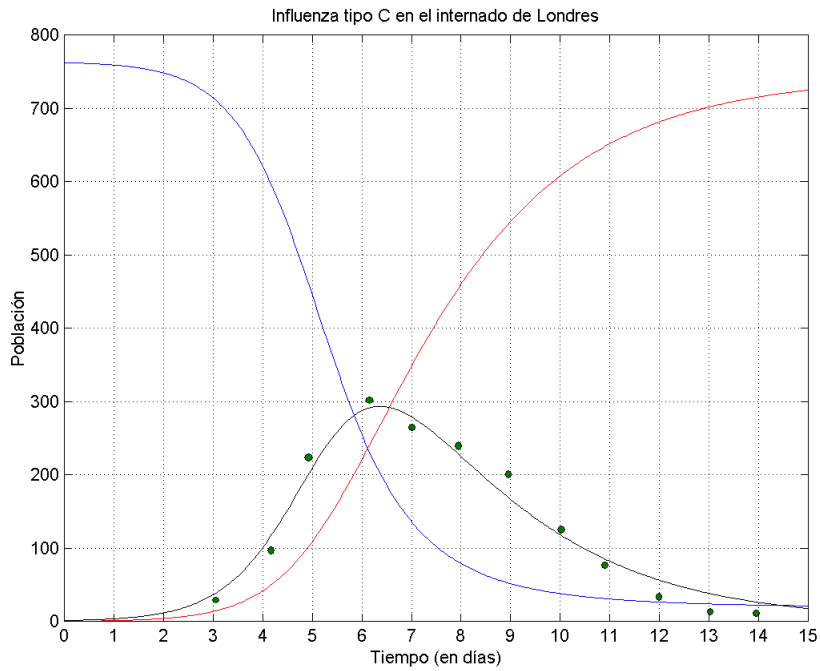


Figure 6: Evolución de la influenza tipo C.

puede mostrarse de dos maneras: 1) encontrar los parámetros que se ajusten a los datos dados ó 2) dados los parámetros, determinar ciertos datos que predecirá el modelo. Sea cuál sea el tipo de problema al cual nos enfrentamos, vemos que éste es un instrumento eficiente para predecir o inferir resultados importantes para la vida práctica.

C A P Í T U L O 6

Conclusiones

A partir de este trabajo final se pueden extraer varias conclusiones, como por ejemplo, el gran poder de las matemáticas aplicadas en los diferentes campos de la ciencia. Sólo por mencionar un caso, vimos patente esta afirmación en el campo de la epidemiología, en la cual uno de sus principales objetivos es la prevención de un desastre producido por una pandemia. Estas personas consideran muy valioso el servicio prestado por las matemáticas en las proyecciones que hacen a corto, mediano o largo plazo del comportamiento de un virus o una enfermedad en una determinada población, así como los posibles efectos que ésta pueda tener en el futuro. Por esta razón, que satisfactorio es para los matemáticos que todas estas teorías no sólo son razonamientos lógicos plasmados en un papel, sino que conforman una brillante creación al servicio de las personas.

Por otro lado, también en el desarrollo del trabajo pudimos observar que, definitivamente, los modelos matemáticos no son tan generales como los matemáticos quisieramos que lo fueran, ya que los resultados obtenidos nos mostraron que un modelo puede resultar muy preciso bajo ciertas condiciones, pero errado bajo otras. Por ello, el método científico empírico resulta ser un extraordinario complemento al método científico teórico, siendo este el más utilizado dentro de las ciencias matemáticas.

Así mismo, en el curso del documento analizamos de manera exhaustiva los modelos S-I y S-I-R en dos facetas: la faceta determinística del modelo y la faceta estocástica. La teoría desarrollada para ambos análisis es muy profunda y completa, pero, ¿cuál de estas

facetas nos permite realizar un estudio más general del comportamiento de un virus o una enfermedad dentro de una población?. Bueno, uno de los objetivos de este trabajo era, precisamente, esclarecer esta cuestión, bajo el juicio imparcial del conocimiento y la praxis científica. Vale la pena, pues, establecer una comparación entre método y método, algo que se hará en el siguiente cuadro comparativo, el cual expondrá puntos positivos y negativos de cada uno de ellos:

DIFERENCIAS ENTRE LOS TIPOS DE MODELOS		
Rasgo	Determinístico	Estocástico
Manejo algebraico	Sencillo	Complicado
Rango paramétrico	Los rangos no pueden ser definidos sobre compactos	Los rangos pueden ser definidos sobre compactos
Naturaleza de las soluciones	Cantidades de susceptibles, infectados o removidos en un instante $t \geq 0$	Probabilidad de que la cantidad de susceptibles, infectados o removidos supere cierto margen en un instante $t \geq 0$
Tipos de soluciones	Soluciones fuertes	Soluciones fuertes y débiles
Sujetos atómicos	Apropiados para poblaciones grandes, pero no para pequeñas	Apropiado para poblaciones grandes y pequeñas
Adaptación a una situación real	Sólo se adapta a una situación ideal, es decir en donde condiciones externas no alteren el curso normal del sistema dinámico	Se adapta a una situación real en la medida que toma en cuenta rasgos exteriores al sistema dinámico, que influyen en los resultados finales.
Unicidad de la solución	Depende de propiedades de Lipschitzianidad	Depende de propiedades de Lipschitzianidad y la Markovianidad de los procesos estocásticos que actúan como variables.
Análisis estructural del modelo	Sólo permite efectuar un análisis con respecto a las soluciones	Permite realizar un análisis markoviano (proceso de muerte) y un análisis browniano (proceso de Itô) de las soluciones.

Table 3: Comparación entre los modelos determinístico y estocástico

A P É N D I C E A

Ecuación hipergeométrica

En este apéndice mostraremos en detalle una ecuación diferencial que será involucrada en el desarrollo del modelo estocástico S-I. Esta ecuación es la *ecuación diferencial hipergeométrica unidimensional*.

Definición A.0.1. Ecuación Diferencial Hipergeométrica de Gauss

Llamamos ecuación diferencial hipergeométrica de Gauss, a una ecuación que se pueda escribir de la forma:

$$x(1-x)y''(x)[c - (a+b+1)x]y'(x) - aby(x) = 0.$$

en donde los parámetros a, b, c pueden ser complejos. Sin embargo, para nuestros propósitos, tomaremos éstos parámetros como valores reales.

Debemos resaltar el hecho de que esta ecuación diferencial no es soluble por métodos analíticos ya conocidos. Sólo podemos obtener una solución usando series de potencias. Esta ecuación diferencial tiene puntos singulares regulares en $x = 0$ y $x = 1$. Por ello, usaremos el método de Frobenius para obtener dicha solución, como sigue: Sea:

$$y(x) = \sum_{n=0}^{\infty} c_n x^{n+r}.$$

en donde r es un real que debe determinarse, y $c_0 \neq 0$. Tomamos primera y segunda derivada de la serie de potencias y reemplazamos en la ecuación hipergeométrica de

Gauss para obtener:

$$((r-1)+c)c_0 + \sum_{k=1}^{\infty} [(k+r)(k+r-1+c)c_k - [(k+r-1)(k+r-2) + \alpha(k+r-1+ab)c_{k-1}]]x^k = 0.$$

de donde los posibles valores de r son: $r = 0$ y $r = 1 - c$.

Para $r = 0$, como el coeficiente de x^k , $k \geq 1$ en el lado izquierdo de la ecuación anterior debe ser cero, se tiene:

$$k(k+c-1)c_k - [(k-1)(k-2) + \alpha(k-1) + ab] = 0, \quad k \geq 1,$$

si se usa la sustitución $k-1 = n$, se obtiene la siguiente fórmula de recurrencia para los coeficientes c_n :

$$c_{n+1} = \frac{(n+a)(n+b)}{(n+1)(n+c)c_n}, \quad n = 0, 1, 2, \dots$$

y por inducción matemática se establece que:

$$c_n = \frac{(a)_n(b)_n}{n!(c)_n}.$$

con estos coeficientes la serie de potencias, que puede escribirse así:

$$y_1(x) = \sum_{n=0}^{\infty} \frac{(a)_n(b)_n}{n!(c)_n} x^n,$$

lo cual motiva la siguiente definición:

Definición A.0.2. Función hipergeométrica de Gauss

La función hipergeométrica de Gauss se define como:

$${}_2F_1(a, b, c; x) = \sum_{n=0}^{\infty} \frac{(a)_n(b)_n}{(c)_n} \frac{z^n}{n!}.$$

en donde $a, b, c \in \mathbb{C}$ y $(a)_k = a(a+1)(a+2)\dots(a+k-1)$ con $(a)_0 = 1$, es el llamado símbolo de Pochhammer.¹

¹El llamado símbolo de Pochhammer no es otra cosa que un cociente de funciones Gamma:
En efecto: $(a)_k = \frac{\Gamma(a+k)}{\Gamma(a)}$.

La siguiente parte de la solución se determina alrededor de $y = 1 - c$, usando el mismo proceso anterior se obtiene:

$$y_2(x) = x^{1-c} \sum_{n=0}^{\infty} \frac{(a+1-c)_n (b+1-c)_n}{n! (2-c)_n} x^n.$$

Esto implica que todas las soluciones de la ecuación diferencial hipergeométrica de Gauss se puede expresar en términos de combinaciones lineales de funciones hipergeométricas de Gauss. Esto será de especial utilidad en la solución de la ecuación hacia adelante de Kolmogorov, obtenida en el desarrollo del modelo S-I.

A P É N D I C E B

Métodos de Runge-Kutta

Los métodos de Runge-Kutta son métodos numéricos iterativos, usados para la solución de ecuaciones diferenciales ordinarias. Éstos son extensiones naturales del método de Euler y son, por lo general, los más usados ya que tienen una rápida convergencia. Considere el siguiente problema de valor inicial:

$$y' = f(x, y), \quad y(x_0) = y_0.$$

Supóngase que f y $\frac{\partial f}{\partial y}$ son continuas y acotadas en la franja vertical: $\{(x, y) : a < x < b, -\infty < y < \infty\}$ y que f es de clase C^n . Sea $\phi_n(x)$ la solución exacta del problema de valor inicial:

$$\phi_n'(x) = f(x, \phi_n), \quad \phi_n(x_n) = y_n.$$

La serie de Taylor para $\phi_n(x)$ en torno al punto x_n es:

$$\phi_n(x) = \phi_n(x_n) + h\phi_n'(x_n) + \frac{h^2}{2!}\phi_n''(x_n) + \dots$$

donde $h = x - x_n$. Como ϕ_n satisface el anterior problema de valor inicial, podemos escribir esta serie de la forma:

$$\phi_n(x) = y_n + hf(x_n, y_n) + \frac{h^2}{2!}\phi_n''(x_n) + \dots$$

Observe que la fórmula recursiva para y_{n+1} se obtiene truncando la serie de Taylor después del término lineal. Para una mejor aproximación, usaremos más términos en la serie de

Taylor. Para esto hay que expresar las derivadas de orden superior de la solución en términos de la función $f(x, y)$. Así, por ejemplo:

$$\begin{aligned} y'' &= \frac{\partial f}{\partial y}(x, y) + \frac{\partial f}{\partial y}(x, y)y' \\ &= \frac{\partial f}{\partial y}(x, y) + \frac{\partial f}{\partial y}(x, y)f(x, y) \\ &=: f_2(x, y). \end{aligned}$$

De manera similar, definimos f_3, f_4, \dots correspondientes a las expresiones $y'''(x), y^{(4)}$, etc. Si truncamos el desarrollo de la serie después del término h^p , entonces, con la notación anterior las fórmulas recursivas son:

$$\begin{aligned} x_{n+1} &= x_n + h, \\ y_{n+1} &= y_n + hf(x_n, y_n) + \frac{h^2}{2!}f_2(x_n, y_n) + \dots + \frac{h^p}{p!}f_p(x_n, y_n) \end{aligned}$$

De estas expresiones iterativas, conocidas como el método general de Taylor de orden p , se desprenden los eficientes métodos de Runge-Kutta.

B.1. Método de Runge-Kutta de segundo orden

Con una velocidad cuadrática de convergencia, este método es uno de los más eficientes a la hora de determinar soluciones de ecuaciones diferenciales definidas para un intervalo $[x_0, x_0 + h]$. Observe que el método general de Taylor tiene la forma:

$$y_{n+1} = y_n + hF(x_n, y_n; h) \quad (1)$$

donde la elección de F depende de p . La idea detrás del método de Runge-Kutta de orden 2 consiste en elegir F en (1) de la forma:

$$F = K_2(x, y; h) := f(x + \alpha h, y + \beta h f(x, y)), \quad (2)$$

donde las constantes α, β se eligen de modo que (1) tenga convergencia cuadrática (o razón de convergencia $O(h^2)$). La ventaja en este caso es que K_2 se calcula mediante dos evaluaciones de la función original $f(x, y)$ y no implica directamente, las derivadas de $f(x, y)$. Para garantizar esta convergencia de orden $O(h^2)$, comparamos este nuevo esquema con el método de Taylor de orden 2 y pedimos que:

$$T_2(x, y; h) - K_2(x, y; h) = O(h^2), \quad \text{cuando} \quad h \rightarrow 0.$$

Es decir, elegimos α, β de modo que los desarrollos de Taylor para T_2 y K_2 coincidan hasta los términos de orden h . Para (x, y) fijo, al desarrollar $K_2 = K_2(h)$ dado en (2), alrededor de $h = 0$, vemos que

$$\begin{aligned} K_2(h) &= K_2(0) + \frac{dK_2}{dh}(0)h + O(h^2) \\ &= f(x, y) + \left[\alpha \frac{\partial f}{\partial x}(x, y) + \beta \frac{\partial f}{\partial y}(x, y) f(x, y) \right] h + O(h^2), \end{aligned}$$

donde la expresión en corchetes es evaluada en $h = 0$, es consecuencia de la regla de la cadena. Así para que T_2 y K_2 coincidan hasta los términos de orden h , debemos tener: $\alpha = \frac{1}{2}$ y $\beta = \frac{1}{2}$. Con ello podemos definir:

Definición B.1.1. Metodo del punto medio

El método de Runge-Kutta obtenido con anterioridad, se denomina método del punto medio y tiene las siguientes fórmulas recursivas:

$$\begin{aligned} x_{n+1} &= x_n + h. \\ y_{n+1} &= y_n + hf\left(x_n + \frac{h}{2}, y_n + \frac{h}{2}f(x_n, y_n)\right). \end{aligned}$$

B.2. Método de Runge-Kutta de cuarto orden

De manera similar, se puede trabajar con el método de Taylor de cuarto orden.

Definición B.2.1. Método de cuarto orden

El método de Runge-Kutta de cuarto orden, es un método cuyas ecuaciones se obtienen al considerar más términos en la expansión en serie de Taylor. Obviamente los cálculos necesarios para la determinación del K son muchos más complicados. Tiene las siguientes fórmulas recursivas:

$$x_{n+1} = x_n + h.$$
$$y_{n+1} = y_n + \frac{1}{6}(k_1 + 2k_2 + 2k_3 + k_4).$$

donde

$$k_1 = hf(x_n, y_n)$$
$$k_2 = hf\left(x_n + \frac{h}{2}, y_n + \frac{k_1}{2}\right),$$
$$k_3 = hf\left(x_n + \frac{h}{2}, y_n + \frac{k_2}{2}\right),$$
$$k_4 = hf(x_n + h, y_n + k_3)$$

Para el desarrollo de éste trabajo, específicamente para la obtención de las gráficas de los capítulos 4 y 5, se usó el método de Runge-Kutta de orden dos o método del punto medio en la solución del sistema de ecuaciones determinístico (M2).

A P É N D I C E C

Códigos de Matlab.

A continuación se adjuntan los códigos en Matlab, de las simulaciones realizadas para la observación gráfica del comportamiento de los modelos determinísticos y estocásticos analizados de manera teórica en el curso de este trabajo. Tenemos dos modelos codificados aquí:

Modelo S-I, el cual fué una modificación hecha del código original realizado en el artículo "Some Simple Epidemic Models" escrito por los doctores: Anderson, Bryne, Segovia, Fields y Swift, de la Universidad de Loyola, Marymouth.

Modelo S-I-R, el cual es una adaptación del código que aparece en la sección 1.2 del libro "Modeling and Simulation in Medicine and Life Sciences and Population Mathematics" escrito por Hoppensteadt, Frank en 2008.

C.1. Modelo S-I

Esta simulación es usada para comparar el comportamiento real de la epidemia de sarampión en Bristol, Inglaterra en 1945, con los caminos simples aquí generados.

```
function simpleSI(c,initPop,trials)
global contact number
contact=c;
number=initPop;
```

```

beta=0.75;

numPaths=3; %Numero de caminos para grafica con promedio.

%Primero generamos la población creciente y los tiempos en sus propias celdas.
fprintf('Generating %d trials\n',trials);
tic; %Inicia el conteo de tiempo.
A=cell(1,trials); %Arreglo de las celdas que permite "esparcir" la matriz.
for i=1:trials
    popSusc=zeros(1,initPop); %Inicializa la población y el vector de los tiempos.
    t=zeros(1,initPop);
    popSusc(1)=initPop-1; %Relleno en la población inicial en un tiempo.
    t(1)=0;
    j=1; %Conteo de los pasos para la simulación corriente.
    while(popSusc(j)>0)
        %El siguiente paso evalúa la constante beta.
        total=beta*(initPop-popSusc(j))*popSusc(j);
        %Alguien se infecta.
        popSusc(j+1)=popSusc(j)-1;
        %Genera nuevos tiempos y los añade al tiempo corriente.
        t(j+1)=-log(rand)/total+t(j); %Indica el instante del siguiente evento.
        j=j+1; %reassigna el valor de j.
    end
    A{i}={popSusc(1:j);t(1:j)}; %Guarda pop y el vector de los instantes de
    tiempo en una celda.
    if(mod(i,fix(trials/10))==0)
        fprintf(' ');
    end
end

```

```

    end

end

%Realiza un seguimiento de la longitud de los recorridos y el numero de pasos.
timeLen=zeros(1,trials); %Genera un vector de longitud-tiempo.
for i=1:trials
    %A{i}{2,end}(10)
    timeLen(i)=A{i}{2,end}(10); %Indica la duración de la epidemia.
end

%Datos que pueden ser de interés (promedios).
avgDuration=mean(timeLen);
maxTime=max(timeLen);
medianTime=median(timeLen);

%Ahora cuantificamos los datos en un intervalo de tiempo discreto
plotTime=linspace(0,maxTime,initPop); %Vector de tiempo para graficar.
plotPop=zeros(trials,initPop); %Vector de población para graficar.
plotPop(:,1)=initPop-1;
%Inicializa el vector de población.

fprintf('\n Cuantificando \n')
for i=1:trials %i=Ensayo actual.
    j=2; %j=Ensayo de conteo actual.
    k=1; %k=Ensayo de tiempo actual.
    while(k<length(A{i})& j<=initPop)
        %Si el proximo tiempo actual>paso cuantificado.
        if(A{i}{2,1}(j)>=plotTime(j))

```

```

        plotPop(i,j)=A{i}{1,1}(j);    %Grafica de la población.
        j=j+1;
    else
        k=k+1;
    end
end    %Finaliza ensayo
if(mod(i,fix(trials/10))==0)
    fprintf('.')
end
end

%Tomaremos una población inicial y hallaremos media y varianza
fprintf('\n Media y Varianza \n')
varPop=zeros(1,initPop); %Inicializa los vectores de media y varianza.
avgPop=zeros(1,initPop);
for i=1:initPop
    w=plotPop(:,i);
    avgPop(i)=mean(w);    %Media de los valores diferentes a cero.
    varPop(i)=var(w);    %Varianza de los valores diferentes de cero.
    if(mod(i,fix(initPop/10))==0)
        fprintf('.');
    end
end

end

%Realiza las graficas
fprintf('\n Plotting. \n');

```

```

idxPaths=1:ceil(trials/numPaths):trials;           %Indice de los caminos para mostrar.
plotPaths=plotPop(idxPaths,:);                   %Caminos para graficar.
maxPop=max([max(plotPaths) avgPop]);              %Población máxima para el eje y.
maxtime=max(plotTime);
figure('Position',[100 100 500 500]);

subplot(2,1,1);
%hold off
%axis([0 10 0 15]);                               %Establece una escala.
hold on
plot(plotTime,avgPop,'k','LineWidth',2);         %Grafica la media.
[t,Y]=ode45('diffpop',[0 maxTime],initPop-1);   %Gráfica determinística.
plot(t,Y,'--r','LineWidth',2);
stairs(plotTime,plotPop','');                   %Grafica los caminos simples.
axis([0 maxTime 0 maxPop]);                      %Establece la escala.
set(gca,'Fontname','Courier New'); xlabel('Time','FontName');
legend('Average Stochastic','Deterministic','Sample Paths'));
    title(sprintf('SI Epidemic Simulation \n %d Trials with population
    Size %d, and beta %d\nAverage Epidemic Duration %d,\n Maximum Epidemic
    Duration %d,Median Epidemic Duration %d',...
    trials,initPop,contact,avgDuration,maxTime,medianTime));
subplot(2,1,2);
plot(plotTime,varPop,'k','LineWidth',2);         %Dibuja varianza.
axis([0 maxTime 0 max(varPop)]);                %Edición de las gráficas.
set(gca,'FontName','Courier New');
xlabel('Time','Fontname','Courier New');

```

```

ylabel('Variance','Fontname','Courier New');
hold off
fprintf('Took %.2f sec\n',toc); %Informa sobre el tiempo total
transcurrido.

```

C.2. Modelo S-I-R

Esta simulación es usada en las epidemias de A(H1N1) en La Gloria, México del año 2009, la peste bubónica en Bombay (gráfica número 2) en 1905 y la epidemia de influenza tipo C, en Londres en 1978.

```

global r sigma

r=0.0009625; sigma=0.250;
N=2100; %tamaño de la población.
tf=25; Fs=32; tt=0:(1/Fs):tf;

x0=zeros(3,1);
x=x0;

x0(2,1)=1; %tamaño inicial de la población infectada.
x0(1,1)=N-x0(2,1); %tamaño inicial de la población susceptible.
[t,x]=ode15s('sistema',tt,x0);
% gráficas de las funciones.
figure(1), plot(t,x(:,1),'b',t,x(:,2),'k',t,x(:,3),'r')

figure(2), plot(x(:,1),x(:,2)) %

```

```
axis([0 N 0 N])
```


A P É N D I C E D

Estadísticas

En este apéndice se relacionan las estadísticas que se usaron para verificar la eficiencia de los datos, junto con las referencias de donde fueron tomadas.

D.1. Epidemia de sarampión en bristol.

Tiempo(días)	9	20	36	48	54
Infectados	744	687	379	354	181

Datos estadísticos muestrales de los enfermos de sarampión

Fuente: <http://www.who.int/gho/mdg/diseases/sarampion/en/index.html>

D.2. Epidemia de A(H1N1) o gripe porcina en La Gloria.

Tiempo(días)	2	3.5	5.5	8	14	18	24
Infectados	210	612	1278	1000	561	344	269

Datos estadísticos muestrales de los enfermos de A(H1N1)

Fuente: Hekademus, revista científica de la FIEE, Volumen número 4, abril de 2009.

D.3. Epidemia de peste bubónica en Bombay.

Tiempo(semanas)	5.5	6.5	9	10	12.5	15	17	19
Razón de muertes por día	55	50	144	300	800	721	857	824

Tiempo(semanas)	22	23.5	24	25.5	26	27.5	28	29
Razón de muertes por día	425	388	194	98	84	64	49	53

Datos estadísticos muestrales de los enfermos de peste bubónica

Fuente: Mathematical biology, Murray J.D. Springer, second edition.

D.4. Epidemia de influenza tipo C, Londres.

Tiempo(días)	3	4.1	4.9	6	7	9	12
Infectados	38	100	223	306	260	200	45

Datos estadísticos muestrales de los enfermos de influenza tipo C.

BIBLIOGRAFÍA

- [1] **Anderson,H.,Britton,T.**, *Stochastic Epidemic Models and their Statistical Analysis*, Springer
- [2] **Anderson,J., Byrne,A., Fields R.P., Segovia,L., Swift,R.**, *Some Simple Epidemic Models*,Departament of mathematics technical report. Loyola Marymount University.(2001)
- [3] **Bailey,N.**, *A Simple Stochastic Epidemic de Norman Biometrika, Vol 37, No 3/4, páginas 193-202.* (1973)
- [4] **Billingley,P.**, *Probability and Measure*, Third Edition. Wiley Sons (1995).
- [5] **Blanco,L. Muñoz,M.**, *Análisis Estocástico.Notas de Clase*, Primera edición. Universidad Nacional de Colombia (2003).
- [6] **Borrell, G.**, *Introduccion a Matlab y Octave*, <http://iimyo.forja.rediris.es/>.
- [7] **Daley,D.J,Gani,J.**, *Epidemic Modelling. An Introduction.* Cambrigde University Press. (2001).
- [8] **Deaño,A.**, *Aspectos cualitativos y numéricos de la función hipergeométrica, tesis doctoral, Universidad Carlos III de Madrid*
- [9] **De castro,R.**, *El universo Latex*, segunda edición. Universidad Nacional de Colombia.
- [10] **Hernández,A**, *Epidemiología. Diseño y análisis de estudios*, Médica Panamericana. Primera edición (2007).
- [11] **Hoppensteadt,F.**, *Modeling and Simulation in Medicine and the Life Sciences and Population Mathematics*, (2008).
- [12] **Karatzas,I.,Shreve,S.**, *Brownian Motion and Stochastic Calculus.*, Second Edition. Springer-Verlag (1991).
- [13] **Kloeden,P.E,Platen,E.**, *Numerical Solution of Stochastic Differential Equations*,Springer-Verlag (1992).
- [14] **López,S.,Garrido,F.,Hernández,M.**, *Reseña histórica de la epidemiología*, Revista Salud pública de México/vol 42,no 2,marzo 2000.

- [15] **Mikosh,T.**, *Elementary Stochastic Calculus*, World Scientific (2000).
- [16] **Montesinos,O.,Hernández,M.**,*Modelos Matemáticos para enfermedades infecciosas*, Revista Salud pública de México/vol 49,no 3, mayo-junio de 2007.
- [17] **Murray, J.D.**, *Mathematical biology*, Springer
- [18] **Nualart,D.**, *Análisis Estocástico,Notas de clase*, Universitat de Barcelona (2002).
- [19] **Oksendal,B.** *Stochastic Differential Equations, and introduction with applications*, Springer, sixth edition (2002).
- [20] **Protter,P.**, *Stochastic Integration and Differential Equations*, Second Edition. Springer-Verlag.(2004)
- [21] **Rincón,L.**, *Introducción al análisis estocástico*, Departamento de Matemáticas, Facultad de Ciencias UNAM.
- [22] **Rogers,L.C.G, Williams,D.**, *Diffusions, Markov Processes, and Martingales*, Vol 1. J. Wiley Sons. (1987).
- [23] **Rogers,L.C.G, Williams,D.**, *Diffusions, Markov Processes, and Martingales*, Vol 2. J. Wiley Sons. (1987).
- [24] **Sánchez,J.D.**, *Teoría de Ecuaciones Diferenciales Ordinarias*, Notas de clase, Bogotá, Colombia (2005).
- [25] **Snider,A.,Saff,E.,Nagle,K.**, *Ecuaciones Diferenciales y problemas con valores en la frontera*, Cuarta Edición, Pearson (2005).
- [26] **Stanek,J.**, *Stochastic Epidemic Models*, Charles University, Faculty of Mathematics and Physics, Czech Republic. WDS 06. Proceedings of contributed papers. Part 1,82-87,2006.
- [27] **Stepán,J., Hlubinka,D.**, *Kermack-McKendrick Epidemic Model revisited*, Journal Kybernetika, Vol 43 (2007), No 4. 395-414. Persistent URL: <http://dml.cz/dmlcz/135783>.
- [28] **Watch, Rubella**, *Compendio de artículos sobre el sarampión*(2009)
- [29] **Wikipedia**, [http://www.wikipedia.com/epidemiología/conceptos básicos](http://www.wikipedia.com/epidemiología/conceptos_básicos)