



UNIVERSIDAD CENTRAL DE VENEZUELA  
FACULTAD DE CIENCIAS  
ESCUELA DE MATEMÁTICA

## **Estudio de los modelos epidémicos SIS y SIR por medio de la teoría de Cadenas de Markov.**

Trabajo Especial de Grado presentado ante  
la ilustre Universidad Central de Venezuela  
por la **Br. Alan David Gonzalez Gómez**  
para optar al título de Licenciada en  
Matemática.

**Tutora: Dra. Mairene Colina**

Caracas - Venezuela

May 29, 2012

Nosotros, los abajo firmantes, designados por la Universidad Central de Venezuela como integrantes del Jurado Examinador del Trabajo Especial de Grado titulado “**Estudio de los modelos epidémicos SIS y SIR por medio de la teoría de Cadenas de Markov.**”, presentado por la **Br. Alan David Gonzalez Gomez**, titular de la Cédula de Identidad **V-17.965.091**, certificamos que este trabajo cumple con los requisitos exigidos por nuestra Magna Casa de Estudios para optar al título de **Licenciada en Matemática**.

---

**Dra. Mairene Colina**  
**Tutora**

---

**MSc. Angie Pineda.**  
**Jurado**

---

**MSc. Maira Valera**  
**Jurado**

## Índice general

Introducción	1
Capítulo 1. Marco Teórico	4
1. Probabilidad Condicional	4
2. Proceso Estocástico	6
3. Cadenas de Markov	6
4. Estudio Cualitativo de Ecuaciones Diferenciales	14
Capítulo 2. Modelos Epidémicos	23
1. Introducción a los Modelos Epidémicos SIR y SIS	23
2. Formulación de Modelos Epidémicos:(Cadenas de Markov a Tiempo Discreto CMTD)	39
3. Modelo Epidémico SIS	39
4. Estudio de Distribución de Probabilidades Modelo Epidemico SIS	48
5. Modelo Epidémico SIR	50
Apéndice	54
Conclusiones	56
Bibliografía	58

## Introducción

Los modelos matemáticos han sido sin duda una herramienta que históricamente han resuelto innumerables problemáticas en el quehacer científico. En epidemiología es probable que se formularan teorías sobre las enfermedades infecciosas desde tiempos remotos. Por ejemplo en una de estas teorías, se atribuyó a una lenta nube de aire dañino la difusión de la peste negra en el siglo XI como una explicación causal.

La construcción de modelos matemáticos es una de las herramientas utilizadas hoy en día para el estudio de problemas en medicina, biología, bioquímica, epidemiología, entre otras áreas del conocimiento; sus objetivos primordiales son describir, explicar y predecir fenómenos y procesos en dichas áreas. Sin embargo, su aplicación se ve limitada con frecuencia por la falta de conocimientos e información acerca de los principios básicos del modelamiento matemático.

En epidemiología se han desarrollado modelos tanto descriptivos como predictivos, ayudando a prevenir pandemias (epidemias que se propagan por áreas y poblaciones de enorme tamaño) o interviniendo en las políticas sobre vacunación y adquisición de medicamentos. Por ello las epidemias son un tema de gran relevancia en la actualidad y existe un gran interés en usar métodos cuantitativos basados en modelos matemáticos para estudiar la dinámica de transmisión y control de las enfermedades infecciosas. Algunos de los modelos empleados para el modelamiento de enfermedades son los modelos epidémicos susceptible-infectado-susceptible SIS y susceptible-infectado-recuperado SIR estos modelos son llamados así de acuerdo a los posibles estatus sanitarios de los individuos para cada uno de los modelos: Modelo epidémico SIS, en el que los individuos pertenecientes a una población determinada se clasifican en dos grupos susceptibles (personas que pueden adquirir la enfermedad) e infectados (personas

que poseen la enfermedad y están en condiciones contagiar a individuos susceptibles) y el modelo epidémico SIR en el cual los individuos pertenecientes a una población determinada se clasifican en tres grupos susceptibles (personas que pueden adquirir la enfermedad), infectados (personas que poseen la enfermedad y pueden contagiar a individuos susceptibles) y recuperados (personas que están recuperados de la enfermedad y que ya no están en condiciones ni de enfermar nuevamente ni de transmitir la enfermedad), este modelo se aplica especialmente a enfermedades infantiles como la lechía, la rubéola, el sarampión etc.

Dentro del estudio de modelos epidémicos, los procesos estocásticos han sido una herramienta de mucha utilidad en especial la teoría de cadenas de Markov el cual es un tipo especial de proceso estocástico en el que la probabilidad de que ocurra un evento depende del evento inmediatamente anterior. En efecto, las cadenas de este tipo tienen memoria. Recuerdan el último evento y esto condiciona las posibilidades de los eventos futuros. Esta dependencia del evento anterior distingue a las cadenas de Márkov de las series de eventos independientes, como tirar una moneda al aire o un dado. Reciben su nombre del matemático ruso Andrei Andreevitch Markov (1856-1922), que las introdujo en 1907.

Estamos interesados en estudiar la formulación de modelos epidémicos tales como SIS y SIR mediante la teoría de las cadenas de Markov a tiempo discreto, este estudio se hará en base a las ecuaciones diferenciales que modelan las dinámicas de dichos procesos y ciertas suposiciones iniciales.

Este trabajo se distribuye en dos capítulos: en el primero se realiza una revisión de la teoría, conceptos y herramientas fundamentales relacionadas con probabilidad condicional, procesos estocásticos, cadenas de Markov y estudio cualitativo de ecuaciones diferenciales, y en el segundo se introduce la teoría sobre procesos epidémicos, se realizan demostraciones útiles para el estudio asintótico de los modelos epidémicos SIS y SIR, este capítulo contiene además la formulación de los procesos epidémicos antes mencionados por medio de teoría de cadenas de Markov a tiempo discreto y ciertos resultados matemáticos que son de utilidad en el estudio de epidemias

como la matriz de probabilidades de transición y el valor esperado de infectados a lo largo del tiempo.

## Capítulo 1

### Marco Teórico

En este capítulo presentaremos una pequeña introducción acerca de conceptos básicos de la teoría de probabilidades

#### 1. Probabilidad Condicional

Antes de definir formalmente la probabilidad condicional, vamos a definir lo que es un espacio de probabilidad para ello necesitamos las siguientes definiciones

DEFINICIÓN 1.1. Una  $\sigma$ -álgebra  $F$ , sobre  $\Omega$ , es una colección de subconjuntos de  $\Omega$  que satisfacen las siguientes condiciones:

- $\emptyset \in F$ .
- Si  $A \in F$ , entonces  $A^c \in F$ .
- Si  $A_1, A_2, \dots \in F$ , entonces  $\bigcup_{i=1}^{\infty} A_i \in F$

DEFINICIÓN 1.2. Un espacio de medida es un par ordenado  $(\Omega, F)$  donde  $\Omega$  es un conjunto cualquiera y  $F$  una  $\sigma$ -álgebra sobre él.

DEFINICIÓN 1.3. Sea  $(\Omega, F)$  un espacio de medida. Una probabilidad  $P$  es una función  $P : F \rightarrow [0, 1]$  que cumple las siguientes condiciones

- $P(\Omega) = 1$ .
- $P(\emptyset) = 0$ .
- Si  $\{A_1, A_2, \dots\}$  es una sucesión de eventos mutuamente disjuntos, es decir,  $A_i \cap A_j = \emptyset$ , para  $i \neq j$ , entonces:

$$P\left(\bigcup_{i=1}^{\infty} A_i\right) = \sum_{k=1}^{\infty} \mathbb{P}(A_k).$$

DEFINICIÓN 1.4. Un espacio de probabilidad es una terna  $(\Omega, \mathcal{F}, P)$  donde  $\Omega$  es un conjunto distinto del vacío,  $\mathcal{F}$  es una  $\sigma$ -álgebra y  $P$  es una medida de probabilidad.

DEFINICIÓN 1.5. Dado un espacio de probabilidad  $(\Omega, \mathcal{F}, \mathbb{P})$  y dos eventos (o sucesos)  $A, B \in \mathcal{F}$  con  $P(B) > 0$ , se define la probabilidad condicional de  $A$  dado  $B$  como:

$$(1.1) \quad P(A|B) = \frac{P(A \cap B)}{P(B)}.$$

DEFINICIÓN 1.6. Dos eventos  $A$  y  $B$  se dice que son *independientes* si

$$P(A \cap B) = P(A)P(B),$$

por la ecuación (1.1) esto implica que  $A$  y  $B$  son independientes si

$$P(A|B) = P(A).$$

De forma análoga, bajo la condición de independencia también se sigue que

$$P(B|A) = P(B).$$

Este resultado nos dice que,  $A$  y  $B$  son independientes si la ocurrencia del evento  $A$  es independiente de lo que sucede en el evento  $B$ .

OBSERVACIÓN 1.7. Dos eventos  $A$  y  $B$  que no son independientes se dice que son *dependientes*.

Los eventos  $A_1, A_2, \dots, A_n$  se dice que son independientes si para cada subconjunto  $A_1, A_2, \dots, A_r$ , con  $r \leq n$  de estos eventos

$$P(A_1, A_2, \dots, A_r) = P(A_1)P(A_2)\dots P(A_r).$$

Intuitivamente, los eventos  $A_1, A_2, \dots, A_n$  son independientes si la ocurrencia de alguno de estos eventos no tiene efecto en la probabilidad de ocurrencia de cualquier otro evento.



DEFINICIÓN 1.8. Sea  $(\Omega, F, P)$  un espacio de probabilidad, una función

$$X : \Omega \rightarrow \mathbb{R},$$

es una variable aleatoria, si para cada  $B \in \mathcal{B}_1$  se cumple que  $X^{-1}(B) \in \mathcal{F}$ .

## 2. Proceso Estocástico

Un concepto de gran utilidad en el desarrollo de este trabajo es el de Procesos Aleatorios.

DEFINICIÓN 1.9. Un proceso estocástico discreto es una colección de variables aleatorias  $\{X_t\}_{t \in T} = \{X_t(w) : t \in T, w \in \Omega\}$  definidas sobre un espacio de probabilidad  $(\Omega, F, P)$  donde  $T$  es un conjunto de índices finito o infinito numerable.

El conjunto de índices  $T$  puede ser por ejemplo un subconjunto de los reales o los naturales. Cuando el conjunto es un subconjunto de  $\mathbb{R}$  es llamado *Proceso Estocástico a Tiempo Continuo* en caso contrario es decir que sea subconjunto de los naturales es llamado *Proceso Estocástico a Tiempo Discreto*.

## 3. Cadenas de Markov

En esencia, una cadena de Markov es un proceso estocástico que tiene la propiedad de que la probabilidad de que  $X_n = j$ , solo depende del estado inmediatamente anterior del sistema  $X_{n-1}$ .

DEFINICIÓN 1.10. Una cadena de Markov a tiempo discreto es un proceso estocástico,  $\{X_n\}_{n \in \mathbb{N}}$ , donde  $X_n$  toma valores en un espacio  $S$  finito o infinito numerable que satisface la propiedad de Markov:

$$P(X_{n+1} = j | X_0 = i_0, X_1 = i_1, \dots, X_{n-1} = i_{n-1}, X_n = i) = P(X_{n+1} = j | X_n = i).$$

OBSERVACIÓN 1.11. En esencia esta ecuación representa que la distribución condicional de cualquier estado futuro  $X_{n+1}$  dados los estados anteriores  $X_0, X_1, \dots, X_{n-1}, X_n$  es independiente de todos los estados excepto el estado  $X_n$ .

DEFINICIÓN 1.12. Una cadena de Markov se dice homogénea si la probabilidad de ir del estado  $i$  al estado  $j$  en un paso, no depende del tiempo, esto es

$$P\{X_{n+1} = j | X_n = i\} = P\{X_1 = j | X_0 = i\}$$

### 3.1. Probabilidades de Transición.

DEFINICIÓN 1.13. En una cadena homogénea con una cantidad numerable de posibles estados, la probabilidad de transición  $p_{ij}$  representa la probabilidad de que el proceso pase del estado  $i$  al estado  $j$ , es decir

$$p_{ij} = \mathbb{P}\{X_{n+1} = j | X_n = i\},$$

donde  $i, j \in \{0, 1, 2, \dots\}$ . Si  $p_{ij} > 0$  se dice que el estado  $i$  se *comunica* con el estado  $j$ . La comunicación entre estados se dice que es mutua si además  $p_{ji} > 0$ . Las probabilidades de transición  $p_{ij}$  satisfacen las siguientes condiciones

$$p_{ij} \geq 0 \text{ para todo } i, j \geq 0,$$

$$\sum_{j=0}^{\infty} p_{ij} = 1, \text{ para } i = 0, 1, 2, \dots .$$

Todos estos valores se combinan formando una *matriz de probabilidades de transición* que denotaremos  $P = (p_{ij})$ :

$$P = \begin{bmatrix} P_{00} & P_{01} & P_{02} & \cdots \\ P_{10} & P_{11} & P_{12} & \cdots \\ P_{20} & P_{21} & P_{22} & \cdots \\ \cdots & \cdots & \cdots & \cdots \end{bmatrix}$$

Claramente  $P$  es una matriz cuadrada (de orden infinito ya que la cadena posee una cantidad numerable de estados) con elementos no negativos, ya que  $p_{ij} \geq 0$  para todo  $i$  y  $j$ , y además, la suma de las filas es igual a 1,  $\sum_{j=0}^{\infty} p_{ij} = 1$ ,

DEFINICIÓN 1.14. Sea  $P$  una matriz de orden finito o infinito y  $p_{ij}$  las entradas de la matriz  $P$ , entonces se dice que la matriz  $P$  es *estocástica* si

$$0 \leq p_{ij} \leq 1 \text{ para todo } i \text{ y } j, \text{ y además } \sum_{j=0}^{\infty} p_{ij} = 1$$

OBSERVACIÓN 1.15. Si  $A$  es una matriz de orden  $(m \times k)$  y  $B$  es una matriz de orden  $(k \times n)$  y ambas son matrices estocásticas entonces  $A.B$  es una matriz estocástica de orden  $M \times N$ .

### 3.2. Probabilidad $P_{ij}^{(n)}$ .

Una cadena de Markov está completamente definida por una matriz de probabilidad de transición  $P$  y un vector columna  $Q^{(0)} = (q(0), q(1), \dots)$ , el cual denota la probabilidad de distribución para los estados  $i = 0, 1, 2, \dots$  al tiempo cero. Además de las probabilidades de transición de un paso  $p_{ij}$ . Ahora es de interés considerar las probabilidades de transición desde un estado  $i$  a un estado  $j$  en  $n > 1$  pasos, la cual llamaremos probabilidades de transición al  $n$ -ésimo paso  $p_{ij}^{(n)}$ . Estas probabilidades pueden, por ejemplo, caracterizar un cambio en el tamaño de la población de  $i$  a  $j$  en  $n$  generaciones. Las probabilidades en  $n$ -pasos  $p_{ij}^{(n)}$  pueden ser definidas recursivamente de la siguiente manera,

$$(1.2) \quad p_{ij}^{(1)} = p_{ij}, \quad p_{ij}^{(n+1)} = \sum_{v=0}^{\infty} p_{iv}^{(n)} p_{vj}.$$

Una propiedad importante que satisface la transición en  $n$  pasos es la siguiente

$$(1.3) \quad p_{ij}^{(k)} = P\{X_{m+k} = j | X_m = i\}$$

Veamos que esta se verifica, para ello usaremos inducción sobre  $k$ . En el caso cuando  $k = 1$  lo anterior es cierto por la definición (1.13). Ahora asumiremos que (1.3) es verdad para  $k = n + 1$ . Consideremos  $\{X_{m+n} = u\}$  una partición disjunta del espacio muestral donde  $u = 1, 2, \dots$ , entonces tenemos

$$P\{X_{m+n+1} = j | X_m = i\} = \sum_{u=0}^{\infty} P\{X_{m+n+1} = j, X_{m+n} = u | X_m = i\}.$$

Ahora bien, de la definición de probabilidad condicional sabemos que para eventos  $A$ ,  $B$  y  $C$  se satisface que

$$P(A \cap B|C) = P(A|B \cap C) \cdot P(B|C)$$

si consideramos

$$A = \{(X_{m+n+1} = j)\},$$

$$B = \{(X_{m+n} = u)\},$$

$$C = \{(X_m = i)\},$$

y por la definición de cadenas de Markov se tiene

$$\begin{aligned} P\{X_{m+n+1} = j|X_m = i\} &= \sum_{u=0}^{\infty} P\{X_{m+n+1} = j, X_{m+n} = u|X_m = i\} \\ &= \sum_{u=0}^{\infty} P\{X_{m+n+1} = j|X_{m+n} = u, X_m = i\} \times P\{X_{m+n} = u|X_m = i\} \\ &= \sum_{u=0}^{\infty} P\{X_{m+n+1} = j|X_{m+n} = u\} \times P\{X_{m+n} = u, X_m = i\} \\ &= \sum_{u=0}^{\infty} p_{uj}^{(1)} p_{iu}^{(n)} \\ &= p_{ij}^{(n+1)}. \end{aligned}$$

Por lo tanto, por inducción, hemos demostrado que (1.3), es verdad para todo  $k$ . En general, tenemos la siguiente relación:

$$(1.4) \quad p_{ij}^{(m+n)} = \sum_{v=0}^{\infty} p_{iv}^{(m)} p_{vj}^{(n)}$$

Note que para  $m = 1$  la ecuación(1.4) es la ecuación (1.2). Demostrar que la ecuación (1.4) es verdadera para todo  $m$  se realiza de manera análoga a la ecuación (1.3).

La ecuación (1.4) demuestra que pasar del estado  $i$  al  $j$  en  $m + n$  pasos, significa que toma  $m$  pasos pasar del estado  $i$  al estado  $v$  y  $n$  pasos pasar del estado  $v$  al  $j$ . Además es necesario sumar todos los estados intermedios posibles con el fin de obtener todas las posibles transiciones de  $i$  hasta  $j$ .

Otro resultado que podemos obtener es que si se denota a  $P^n$  la matriz de las probabilidades de transición al  $n$ -ésimo paso, i.e.,  $P^n = \left( p_{ij}^{(n)} \right)$  la ecuación (1.4) en forma de matriz se convierte en

$$(1.5) \quad P^{m+n} = P^m P^n.$$

La ecuación (1.5) es la forma matricial de la *ecuación Funcional Chapman-Kolmogorov* [1].

DEFINICIÓN 1.16. La probabilidad  $p_{ij}^{(m)} = \mathbb{P}(X_{n+m} = j | X_n = i)$  se define como la probabilidad de transición de  $i$  a  $j$  en  $m$  pasos,  $m \geq 1$ ,  $n \geq 0$  e  $i, j \geq 0$ .

### 3.3. Probabilidad Absoluta.

DEFINICIÓN 1.17. Sea  $q(i)$  la probabilidad de que el sistema este en el estado  $i$  cuando  $n = 0$ , es decir,  $q(i) = P\{X_0 = i\}$ , entonces la *probabilidad absoluta de que el sistema este en el estado  $j$  al tiempo  $n$*  esta dada por,

$$(1.6) \quad q^{(n)}(j) = \sum_{i=0}^{\infty} q(i) p_{ij}^n,$$

si ahora las probabilidades absolutas son definidas de forma vectorial  $Q = (q(0), q(1), \dots)$ , y se escriben las probabilidades de transición en su forma matricial  $P^n = \left( p_{ij}^{(n)} \right)$  la ecuación (1.6) se escribe de la siguiente manera

$$(1.7) \quad Q^{(n)} = Q^{(0)} P^n$$

### 3.4. Clasificación de Estados.

Dada una cadena de Markov  $\{X_n, n = 0, 1, 2, \dots\}$ , estos estados pueden ser clasificados de varias maneras. La clasificación es de gran importancia en el estudio de los comportamientos asintóticos de las probabilidades de transición en el  $n$ -ésimo paso  $p_{ij}^{(n)}$  y también en la interpretación física de los estados de la cadena.

DEFINICIÓN 1.18. Un estado  $i$  es llamado *esencial* si existe un entero positivo  $n$  y un estado ( $j \neq i$ ) tal que  $p_{ij}^{(n)} > 0$  implica la existencia de un entero positivo  $m$  tal que  $p_{ji}^{(m)} > 0$ , de lo contrario es llamado *no esencial*.

DEFINICIÓN 1.19. Sean  $i$  y  $j$  dos estados de una cadena de Markov, entonces  $i$  y  $j$  se dice que *se comunican* si existen  $n \geq 1$  y  $m \geq 1$  tal que  $p_{ij}^{(n)} \geq 0$  y  $p_{ji}^{(m)} \geq 0$ . Si  $i$  y  $j$  se comunican, escribimos  $i \rightarrow j$ . Es fácil ver que las siguientes relaciones se cumplen para estados que se comunican:

- $i \rightarrow j$  implica  $j \rightarrow i$ .
- $i \rightarrow j$  y  $j \rightarrow k$  implica  $i \rightarrow k$ .
- si  $i \rightarrow j$  para algún  $j$ , entonces  $i \rightarrow i$ .

DEFINICIÓN 1.20. Sea  $\mathfrak{X}$  el espacio de estados, un conjunto de estados  $S \subset \mathfrak{X}$  es llamado *cerrado* si no hay transición de un paso posible desde cualquier estado  $S$  a cualquier estado  $\mathfrak{X} - S$ , el complemento del conjunto  $S$ . Por lo tanto,  $p_{ij} = 0$  para  $i \in S$  y  $j \in \mathfrak{X} - S$ . Si el conjunto  $S$  contiene solo un estado, entonces este estado es llamado *estado absorbente*.

DEFINICIÓN 1.21. Sea  $i$  un estado de una cadena de Markov perteneciente al espacio de estados  $\mathfrak{X}$ , se dice que  $i$  es un estado absorbente si  $p_{ii} = 1$ .

DEFINICIÓN 1.22. Si el espacio de estados  $\mathfrak{X}$  contiene dos o más conjuntos cerrados, la cadena es llamada *reducible*.

La matriz de Markov asociada con una cadena reducible puede ser escrita en forma de una matriz particionada; por ejemplo,

$$P = \begin{pmatrix} P_1 & 0 \\ 0 & P_2 \end{pmatrix}.$$

En lo anterior,  $P_1$  y  $P_2$  representan matrices de Markov las cuales describen las transiciones dentro de dos conjuntos cerrados de estados.

**OBSERVACIÓN 1.23.** Una cadena, o matriz, la cual no es reducible es llamado *irreducible*, una cadena es irreducible si y solo si todos los estados pueden ser alcanzados desde cualquier otro estado.

**DEFINICIÓN 1.24.** Si  $i \rightarrow i$ , el máximo común divisor del conjunto de los enteros  $n$  tales que  $p_{ii}^{(n)} > 0$  es llamado *periodo* del estado  $i$ . Denotamos el periodo de  $i$  como  $\omega(i)$  y decimos que  $i$  es *periodico* con periodo  $\omega(i)$ . Si  $i \nrightarrow i$ , se define  $\omega(i) = 0$ . Un estado que no es periódico es llamado *no periodico*.

Ahora vamos a introducir y definir varias probabilidades que serán útiles a continuación.

Definimos

$$(1.8) \quad K_{ij}^{(n)} = P\{X_n = j | X_0 = i, X_h \neq j, 1 \leq h \leq n-1\}$$

como la probabilidad de transición de  $i$  a  $j$  en  $n$  pasos con la condición adicional de que el estado  $j$  no es alcanzado antes de  $n$  pasos. Del mismo modo definimos la probabilidad de alcanzar el estado  $j$  al menos una vez partiendo del estado  $i$  como

$$(1.9) \quad L_{ij} = P\{X_h = j \text{ para al menos un } h \geq 1 | X_0 = i\}.$$

Se puede demostrar a partir de la ecuación (1.8) que

$$(1.10) \quad L_{ij} = \sum_{n=1}^{\infty} K_{ij}^{(n)}.$$

Finalmente, definimos la probabilidad de visitar al estado  $j$  partiendo del estado  $i$  infinitas veces como

$$\begin{aligned} Q_{ij} &= P\{X_h = j \text{ infinitas veces} \mid X_0 = i\} \\ (1.11) \quad &= P\{X_h = j \text{ para un infinito número de valores de } h \mid X_0 = i\}. \end{aligned}$$

A continuación utilizaremos las probabilidades que acabamos de definir para clasificar los estados de una cadena de Markov.

DEFINICIÓN 1.25. Un estado  $i$  es llamado *recurrente* si

$$Q_{ii} = 1 \quad \text{o} \quad L_{ii} = 1,$$

y es llamado *no recurrente* o *transitorio* si

$$Q_{ii} = 0 \quad \text{o} \quad L_{ii} < 1.$$

Es necesario probar la equivalencia de las condiciones sobre  $Q_{ii}$  y  $L_{ii}$  con el fin de verificar que la definición anterior está bien definida, esto puede ser hecho de la siguiente manera:

Sea

$$F_n = \mathbb{P}\{X_h = i \quad \text{para al menos } n \text{ valores de } h \mid X_0 = i\},$$

entonces de (1.9) tenemos que

$$F_1 = L_{ii}, \quad F_2 = L_{ii}F_1, \quad \dots, \quad F_N = L_{ii}F_{N-1}.$$

Por lo tanto,  $F_n = (L_{ii})^n$ , entonces tenemos

$$\begin{aligned} Q_{ii} &= \lim_{n \rightarrow \infty} F_n = \lim_{n \rightarrow \infty} (L_{ii})^n = 0 \quad \text{si } L_{ii} < 1, \\ Q_{ii} &= \lim_{n \rightarrow \infty} F_n = \lim_{n \rightarrow \infty} (L_{ii})^n = 1 \quad \text{si } L_{ii} = 1. \end{aligned}$$

TEOREMA 1.26. *Considere la serie*

$$(1.12) \quad \sum_{n=1}^{\infty} p_{ij}^n$$



- (1) Si (1.12) converge, entonces  $Q_{ij} = 0$  (Esto es siempre cierto si el estado  $j$  no es recurrente.)
- (2) Si (1.12) diverge, entonces  $Q_{ij} > 0$  y  $Q_{ii} = 1$ .
- (3) Si  $i \rightarrow j$  entonces  $Q_{ij} = Q_{ii} = 1$ .

La demostración de este teorema se encuentra en Barucha, Reid (pag 15) [1].

TEOREMA 1.27. Si el estado  $j \neq 0$  es transitorio o no recurrente, entonces

$$\lim_{n \rightarrow +\infty} p_{ij}^n = 0$$

para todo estado  $i$ .

DEMOSTRACIÓN. De el teorema (1.26) se tiene que  $\sum_{n=1}^{\infty} p_{ij}^n < \infty$  para los estados no recurrentes, por lo tanto  $p_{ij}^n \rightarrow 0$ . □

#### 4. Estudio Cualitativo de Ecuaciones Diferenciales

En esta sección se va a abordar el estudio cualitativo de los sistemas de ecuaciones diferenciales. Se comenzará dando un conjunto de conceptos generales que incluyen las primeras nociones de punto de equilibrio, estabilidad y comportamiento asintótico de soluciones. Se estudia a continuación, el problema de estabilidad en los sistemas homogéneos con coeficientes constantes.

Consideremos sistemas de ecuaciones de primer orden de tipo general como,

$$(1.13) \quad \mathbf{x}'(t) = f(t, \mathbf{x}(t)),$$

donde

$$\mathbf{x}(t) = (x_1(t), \dots, x_n(t)), \quad f(t, \mathbf{x}(t)) = (f_1(t, \mathbf{x}(t)), \dots, f_n(t, \mathbf{x}(t))),$$

siendo el segundo miembro una función vectorial, no necesariamente lineal, de las variables  $x_1, \dots, x_n$ . Desafortunadamente, en general, no se conocen métodos analíticos de resolución de estas ecuaciones. Sin embargo, en la mayoría de los casos no es necesario conocer explícitamente

las soluciones del sistema, sino que basta con obtener resultados de tipo cualitativo sobre el comportamiento del sistema.

#### 4.1. Puntos de Equilibrio.

PROPOSICIÓN 1.28. *Sea un sistema de ecuaciones diferenciales de la forma (1.13) en  $I \subseteq \mathbb{R}$ .  $\mathbf{x}_0 \in \mathbb{R}^n$  es un punto de equilibrio del sistema, si y solo si,  $f(t, \mathbf{x}_0) = 0$ , para todo  $t \in I$ , (o bien  $f(\mathbf{x}_0) = 0$ , si  $f$  no depende explícitamente de  $t$ ).*

#### 4.2. estabilidad.

DEFINICIÓN 1.29. Sea un sistema de  $n$  ecuaciones diferenciales de la forma (1.13).

- Se denomina puntos de equilibrio del sistema a los puntos  $\xi = (\xi_1, \dots, \xi_n) \in \mathbb{R}^n$  tales que

$$\mathbf{x}(t) \equiv (x_1(t), \dots, x_n(t)) = (\xi_1, \dots, \xi_n) \equiv \xi,$$

es solución del sistema.

- Se dice que las soluciones son estables si y solo si dada una solución del sistema  $\mathbf{x}_1(t)$ , para toda otra solución  $\mathbf{x}_2(t)$  tal que para un valor inicial  $t_0$  y para todo  $i = 1, \dots, n$ ,  $x_{1i}(t_0)$  y  $x_{2i}(t_0)$  tienen valores muy cercanos, se cumple que los valores  $x_{1i}(t)$  y  $x_{2i}(t)$  permanecen próximos, para todo  $t > t_0$  y para todo  $i = 1, \dots, n$ .
- Si  $\mathbf{x}(t)$  es una solución del sistema, se denomina comportamiento asintótico de la misma a su comportamiento cuando  $t \rightarrow \infty$ ; es decir, al resultado del  $\lim_{x \rightarrow \infty} \mathbf{x}(t)$ .

#### 4.3. Estabilidad de Sistemas Lineales Homogéneos con Coeficientes Constantes.

Considérese un sistema de ecuaciones diferenciales lineal homogéneo con coeficientes constantes

$$(1.14) \quad \mathbf{x}'(t) = A\mathbf{x}(t).$$

Vamos a estudiar por simplicidad, el caso en que  $A \in M_{2 \times 2}(\mathbb{R})$ ; es decir, sistemas de dos ecuaciones diferenciales (a fin de poder hacer razonamientos sobre sus orbitas).

Dentro del análisis del sistema (1.14) se pueden distinguir varios casos, dependiendo de la naturaleza de los autovalores de  $A$ . En particular para este trabajo estudiaremos solo algunos de ellos de acuerdo a [2].

- (1) La matriz  $A$  tiene valores propios reales  $\lambda_1, \lambda_2 \in \mathbb{R}$  y  $\det(A) \neq 0$  (es decir ninguno de ellos es nulo). Si  $v_1, v_2 \in \mathbb{R}^2$  son los valores propios correspondientes  $\lambda_1$  y  $\lambda_2$ , la solución general es

$$\mathbf{x}(t) = c_1 e^{\lambda_1 t} v_1 + c_2 e^{\lambda_2 t} v_2 \equiv \begin{pmatrix} x_1 \\ x_2 \end{pmatrix},$$

donde se pueden distinguir los siguientes sub casos.

- (a)  $\lambda_1 > \lambda_2 > 0$  (ambos autovalores son positivos y distintos).

Si  $t \rightarrow \infty$  entonces  $x_1, x_2 \rightarrow \infty$ . Todas las trayectorias crecen exponencialmente como funciones de  $t$  y se alejan del punto crítico en el origen. En este caso el origen es un nodo inestable o repulsor.

- (b)  $\lambda_1 < \lambda_2 < 0$  (ambos autovalores son negativos y distintos).

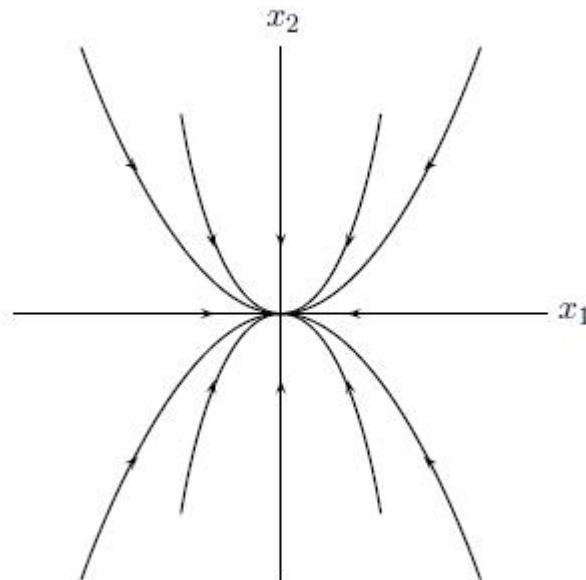


FIGURA 1.1. Diagrama de Fases Nodo estable  $\lambda_1 < \lambda_2 < 0$

Si  $t \rightarrow \infty$  entonces  $x_1, x_2 \rightarrow 0$ . En este caso se observa que al pasar el tiempo,  $e^{\lambda_1 t}$  y  $e^{\lambda_2 t}$  disminuyen, por lo tanto  $\mathbf{x}(t)$  se acerca al origen, todas las soluciones tienden al punto crítico cuando  $t \rightarrow \infty$ , por lo cual se tiene que este es un nodo estable.

(c)  $\lambda_1 < 0 < \lambda_2$  (un autovalor positivo y otro negativo).

En este caso para la mayoría de las condiciones iniciales, el término exponencial positivo termina por dominar y hace que  $\mathbf{x}(t) \rightarrow \infty$ . Del diagrama de fases, ver Figura (2.4) formado, por las trayectorias se observa que  $\mathbf{x}_0(t) = 0$  es solución inestable, luego toda solución es inestable, se dice en este caso, que el punto de equilibrio es un *punto de silla*.

(d)  $\lambda_1 = \lambda_2 \equiv \lambda > 0$  (ambos son positivos e iguales).

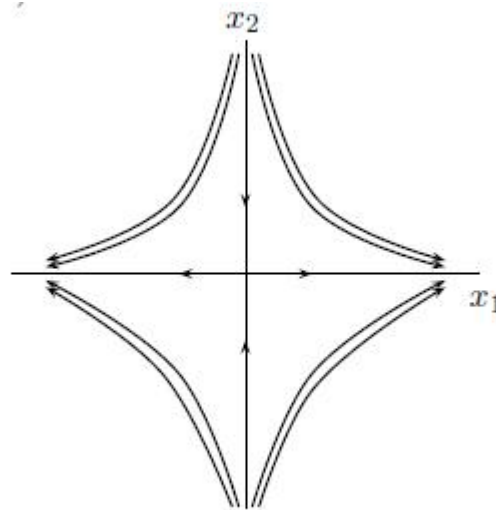


FIGURA 1.2. Diagrama de Fases Punto de Silla  $\lambda_1 < 0 < \lambda_2$

Para este caso hay que distinguir dos posibilidades:

- (i) Hay dos vectores propios  $v_1, v_2 \in \mathbb{R}^2$  linealmente independientes. En este caso la solución general es

$$\mathbf{x}(t) = (c_1 v_1 + c_2 v_2) e^{\lambda t} = \begin{pmatrix} x_1 \\ x_2 \end{pmatrix}.$$

Si  $t \rightarrow \infty$  entonces  $x_1, x_2 \rightarrow \infty$ . Del diagrama de fases formado por las trayectorias se observa que  $\mathbf{x}_0(t) = 0$  es solución inestable. El punto crítico es un nodo inestable.

- (ii) Hay un solo vector propio  $v_1 \in \mathbb{R}^2$  linealmente independiente. En este caso la solución general es

$$\mathbf{x}(t) = (c_1 v_1 + c_2 (t v_1 + v_2)) e^{\lambda t} = \begin{pmatrix} x_1 \\ x_2 \end{pmatrix},$$

en donde  $v_1$  es el vector propio y  $v_2$  es el vector propio generalizado asociado con el vector propio repetido. Si  $t \rightarrow \infty$  se tiene que  $x_1, x_2 \rightarrow \infty$ , por lo tanto se tiene que  $\mathbf{x}_0(t) = 0$  es solución inestable. El punto crítico es un nodo inestable.

- (e)  $\lambda_1 = \lambda_2 \equiv \lambda < 0$  (ambos son negativos e iguales).

Para este caso hay que distinguir dos posibilidades:

- (i) Hay dos vectores propios  $v_1, v_2 \in \mathbb{R}^2$  linealmente independientes. En este caso la solución general es

$$\mathbf{x}(t) = (c_1 v_1 + c_2 v_2) e^{\lambda t} = \begin{pmatrix} x_1 \\ x_2 \end{pmatrix}.$$

Si  $t \rightarrow \infty$  entonces  $x_1, x_2 \rightarrow 0$ . Del diagrama de fases formado por las trayectorias se observa que  $\mathbf{x}_0(t) = 0$  es solución asintóticamente estable. El punto de equilibrio es un nodo estable.

- (ii) Hay un solo vector propio  $v_1 \in \mathbb{R}^2$  linealmente independiente. En este caso la solución general es

$$\mathbf{x}(t) = (c_1 v_1 + c_2 (t v_1 + v_2)) e^{\lambda t} = \begin{pmatrix} x_1 \\ x_2 \end{pmatrix},$$

en donde  $v_1$  es el vector propio y  $v_2$  es el vector propio generalizado asociado con el vector propio repetido. Si  $t \rightarrow \infty$  se tiene que  $x_1, x_2 \rightarrow 0$ , por lo tanto se tiene que  $\mathbf{x}_0(t) = 0$  es solución asintóticamente estable, en este caso el punto crítico es un nodo estable.

- (2) Si la matriz  $A$  tiene valores propios complejos,  $\alpha \pm i\beta$  donde  $\alpha \neq 0$  y  $\det(A) \neq 0$  (es decir ninguno de ellos es nulo). Sean  $v_1$  y  $v_2$  los autovectores correspondientes. La solución general del sistema es

$$\mathbf{x}(t) = e^{\alpha t}(c_1 v_1 \cos \beta t + c_2 v_2 \sin \beta t) = \begin{pmatrix} x_1 \\ x_2 \end{pmatrix}.$$

- (a) Si  $\alpha > 0$  y  $t \rightarrow \infty$  entonces  $x_1, x_2 \rightarrow \infty$ . Las trayectorias se alejan del origen en este caso el origen es un nodo inestable o punto espiral inestable.
- (b) Si  $\alpha < 0$  y  $t \rightarrow \infty$  entonces  $x_1, x_2 \rightarrow 0$ . Las trayectorias se acercan al origen en espiral, en este caso el punto es un nodo estable o punto espiral estable.

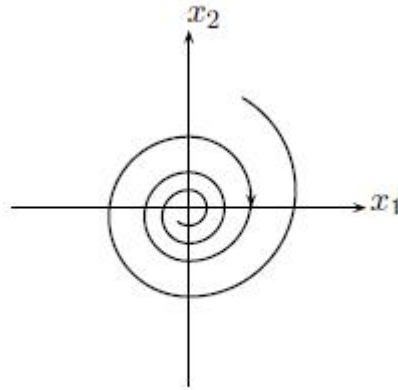


FIGURA 1.3. Diagrama de Fases Espiral Estable  $\alpha < 0$

- (c) Si  $\alpha = 0$  todas las trayectorias permanecen acotadas pero no se aproximan al punto crítico cuando  $t \rightarrow \infty$ . En este caso el punto crítico es estable y es llamado *centro*.

- (3) La matriz  $A$  tiene un autovalor igual a cero. Sean  $\lambda_1 = 0$  y  $\lambda_2 \neq 0$  los autovalores de  $A$  y  $v_1$  y  $v_2$  los autovectores asociados respectivamente. La solución general es

$$\mathbf{x}(t) = c_1 v_1 + c_2 v_2 e^{\lambda_2 t}$$

en donde consideramos los siguientes casos:

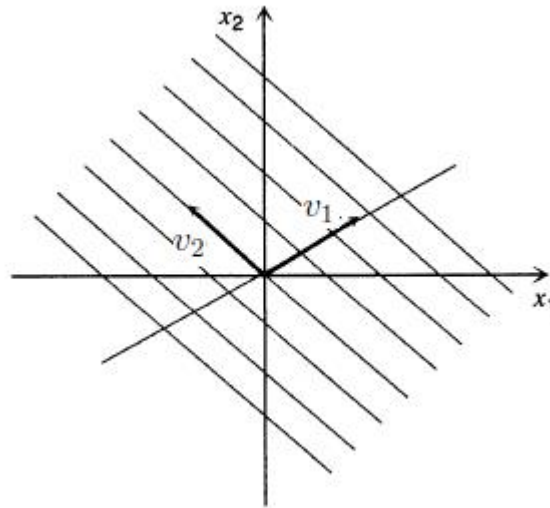


FIGURA 1.4. Diagrama de fases  $\lambda_1 = 0$

- (a) Si la solución de  $\mathbf{x}' = A\mathbf{x}(t)$  inicia sobre la recta que pasa por  $v_1$ , entonces  $c_2 = 0$ . Así,  $\mathbf{x}(t) = c_1 v_1$ , es decir, la solución es constante y en el plano fase de la trayectoria correspondiente es el punto  $c_1 v_1$ .
- (b) Si la solución de  $\mathbf{x}' = A\mathbf{x}(t)$  inicia sobre la recta que pasa por  $v_2$ , entonces  $c_1 = 0$ . Así,  $\mathbf{x}(t) = c_2 v_2 e^{\lambda_2 t}$ . Luego, si  $\lambda_2 < 0$ , la trayectoria (recta que pasa por  $v_2$ ) es recorrida hacia el punto crítico  $\mathbf{x}_0(t) = 0$ . Si  $\lambda_2 > 0$ , el recorrido de la trayectoria es alejándose de  $(0,0)$ .
- (c) En el caso  $c_1, c_2 \neq 0$ , tenemos que es una recta que pasa por  $c_1 v_1$  y tiene vector de direccional a  $v_2$ . Esto es, las trayectorias son rectas paralelas a  $v_2$ . Si  $\lambda_2 < 0$ ,

$\mathbf{x}(t) \rightarrow c_1 v_1$  cuando  $t \rightarrow \infty$ , por lo que el sentido de las trayectorias es hacia el punto  $c_1 v_1$ . Si  $\lambda_2 > 0$ , el sentido es alejándose de  $c_1 v_1$ .

#### 4.4. Estudio de sistemas autónomos no lineales. .

Un sistema autónomo es un sistema de ecuaciones diferenciales de la forma

$$(1.15) \quad \begin{cases} \frac{dx}{dt} = f(x, y) \\ \frac{dy}{dt} = g(x, y) \end{cases}$$

donde supondremos  $f$  y  $g$  son funciones continuas con derivadas parciales de primer orden continuas en todo el plano. Obsérvese que el sistema (1.15) no contiene de manera explícita a la variable  $t$ . Se dice que un sistema con esta propiedad es autónomo.

Sea el sistema autónomo no lineal (1.15) tal que  $F = \begin{pmatrix} f(x, y) \\ g(x, y) \end{pmatrix} \in C^2$ . Sea  $X^*$  un punto crítico de (1.15). Entonces, estudiar la estabilidad de  $X^*$  en (1.15) es equivalente a estudiarla en el sistema lineal

$$(1.16) \quad X' = F'(X^*)X$$

donde  $F'(X^*)$  es el jacobiano evaluado en  $X^*$ .

En efecto para el caso en el que el sistema (1.15) es de orden  $2 \times 2$ , consideramos  $X = (x_1, x_2)^t$ ,  $F = (f, g)$  y  $X^* = (x_1^*, x_2^*)$ . Aplicando el desarrollo de Taylor alrededor de  $X^*$ ,  $f$  y  $g$  pueden expresarse como  $(F(X^*) = (f(X^*), g(X^*)) = (0, 0))$ , luego se tiene,

$$\begin{aligned} f(x_1, x_2) &= f(X^*) + (x_1 - x_1^*)f_{x_1}(X^*) + (x_2 - x_2^*)f_{x_2}(X^*) + \sigma((x_1 - x_1^*)(x_2 - x_2^*)) \\ g(x_1, x_2) &= g(X^*) + (x_1 - x_1^*)g_{x_1}(X^*) + (x_2 - x_2^*)g_{x_2}(X^*) + \sigma((x_1 - x_1^*)(x_2 - x_2^*)), \end{aligned}$$



donde  $\sigma((x_1 - x_1^*)(x_2 - x_2^*))$  indica el orden de truncamiento de la serie de Taylor, es decir los términos de la serie de orden igual o mayor a  $(x_1 - x_1^*)(x_2 - x_2^*)$  son despreciados cuando  $X \rightarrow X^*$ .

Si hacemos el siguiente cambio de variable  $U = X - X^*$  entonces  $U' = X'$ , luego la ecuación (1.16) se reescribe como

$$(1.17) \quad U' = \begin{pmatrix} f_{x_1}(X^*) & f_{x_2}(X^*) \\ g_{x_1}(X^*) & g_{x_2}(X^*) \end{pmatrix} U + \begin{pmatrix} \sigma(u_1 u_2) \\ \sigma(u_1 u_2) \end{pmatrix},$$

Dado que el término no lineal en (1.17) es pequeño en comparación con el término lineal  $F'(X^*)U$ , cuando  $U \rightarrow \vec{0}$ , se tiene que las trayectorias del sistema lineal  $U' = F'(X^*)U$ , son buenas aproximaciones a las del sistema no lineal (1.16), por lo menos cerca del origen.

Esto se puede concluir ya que las trayectorias del sistema no lineal (1.16) pueden ser diferentes a las del sistema lineal correspondiente, excepto muy cerca del punto crítico.

## Capítulo 2

# Modelos Epidémicos

El modelaje matemático de epidemias consiste en el uso del lenguaje y herramientas matemáticas para explicar y predecir el comportamiento de agentes infecciosos y potencialmente dañinos a poblaciones humanas o animales. Algunos de ellos se clasifican de acuerdo al estatus sanitario de los individuos de la población.

Los modelos más importantes son: susceptible-infectado (SI), susceptible - infectado - susceptible (SIS) y susceptible - infectado - recuperado (SIR), que pueden modelarse en forma determinista o estocástica y en todos ellos se asume que la interacción entre los individuos es aleatoria. La mejor manera de modelar las enfermedades infantiles consiste en emplear un modelo SIR puesto que la infección lleva a una inmunidad vitalicia. Para la mayor parte de las enfermedades de transmisión sexual (ETS) resulta más útil el modelo SIS, ya que, tan solo un número reducido de ETS confiere inmunidad tras la infección. El virus de inmunodeficiencia humana (VIH) es una excepción clara y todavía puede describirse de forma adecuada, al menos en el mundo occidental.

### 1. Introducción a los Modelos Epidémicos SIR y SIS

**1.1. Modelo SIS.** El modelo SIS considera una enfermedad que se desarrolla a lo largo del tiempo en el cual los individuos según su estatus sanitario pueden ser susceptible  $S(t)$  o infectado  $I(t)$ ,  $t \in T \subseteq \mathbb{R}$

- $S(t)$  cuenta la cantidad de individuos susceptibles al tiempo  $t$ , es decir, aquellos que no han enfermado anteriormente o ya se han recuperado de la enfermedad.

- $I(t)$  cuenta la cantidad de individuos infectados al tiempo  $t$  y, por lo tanto, en condiciones de transmitir la enfermedad a los individuos susceptibles, es decir, a los del grupo  $S$ .

En este modelo los individuos que son infectados luego de recuperarse pertenecen de nuevo al conjunto de los susceptibles, es decir, no desarrollan inmunidad contra la enfermedad y están en riesgo de contraerla nuevamente. La siguiente figura ilustra la dinámica del modelo epidémico SIS. Las flechas solidas denotan infección o recuperación. Las flechas punteadas que apuntan hacia abajo denotan muertes, el resto de las flechas punteadas denotan nacimientos en el caso de que un individuo susceptible o infectado muera.

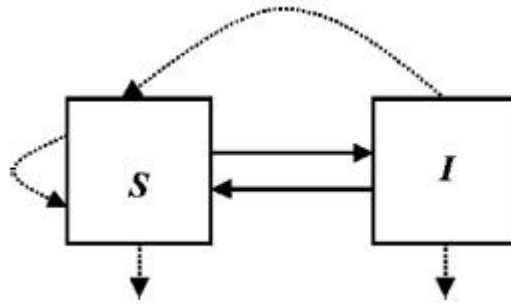


FIGURA 2.1. Diagrama modelo epidemico SIS

Las ecuaciones diferenciales que describen la dinámica del modelo epidémico SIS tienen la siguiente forma [3]:

$$(2.1) \quad \frac{\partial S}{\partial t} = \frac{-\beta}{N}SI + (b + \gamma)I$$

$$(2.2) \quad \frac{\partial I}{\partial t} = \frac{\beta}{N}SI - (b + \gamma)I,$$

donde  $\beta > 0$  es la tasa de contacto,  $\gamma > 0$  es la tasa de recuperación, y  $b \geq 0$  es la tasa de natalidad.

El tamaño total de la población  $N$  al tiempo  $t$  satisface que:

$$N = S(t) + I(t).$$

Se suponen las siguientes condiciones iniciales

$$S(0) > 0, I(0) > 0, \quad \text{y} \quad S(0) + I(0) = N.$$

Además, asumiremos que la tasa de natalidad es igual a la tasa de mortalidad y que el tamaño de la población es constante, es decir,

$$\frac{\partial N}{\partial t} = 0.$$

Ahora con el fin de deducir el modelo determinístico a tiempo discreto descrito en Allen, Burgin (pág 3) [5] consideramos una discretización la ecuación (2.2):

$$(2.3) \quad \frac{I(t + \Delta t) - I(t)}{\Delta t} = \frac{\beta}{N} S(t) I(t) - (b + \gamma) I(t).$$

Para simplificar la notación denotamos

$$(2.4) \quad \lambda(t) = \frac{\beta}{N} I(t),$$

así la ecuación (2.3) queda de la siguiente manera:

$$\frac{I(t + \Delta t) - I(t)}{\Delta t} = \lambda(t) S(t) - (b + \gamma) I(t).$$

Si despejamos  $I(t + \Delta t)$  de la ecuación anterior obtenemos

$$I(t + \Delta t) = I(t)(1 - b\Delta t - \gamma\Delta t) + \lambda(t)\Delta t S(t),$$

aplicando un procedimiento análogo para  $S(t)$  obtenemos el modelo determinístico SIS en Allen, Burgin (pág 3)[5]:

$$(2.5) \quad S(t + \Delta t) = S(t)(1 - \lambda(t)\Delta t) + (b\Delta t + \gamma\Delta t)I(t)$$

$$(2.6) \quad I(t + \Delta t) = I(t)(1 - b\Delta t - \gamma\Delta t) + \lambda(t)\Delta t S(t).$$

La función  $\lambda(t)$  es la fuerza infección (número de contactos que resultan en infección por individuo susceptible por unidad de tiempo),  $b\Delta t$  es el número de nacimientos o fallecimientos durante una unidad de tiempo  $\Delta t$ , y  $\gamma\Delta t$  es el número de eliminación o exclusion (número de individuos que se recuperan en un intervalo de tiempo  $\Delta t$ )

El modelo determinístico conformado por las ecuaciones (2.5) y (2.6) generaliza los modelos epidémicos considerados en [4] a través de la fuerza de infección considerada en [4].

Ahora, es necesario definir en los modelos estadísticos epidemiológicos el concepto de **número básico de reproducción**.

DEFINICIÓN 2.1. El número básico de reproducción es el número esperado de contactos que un individuo infectado tiene durante su periodo de infección, definiendo como un contacto cualquier actividad que pueda causar la infección de un susceptible. Se denota como  $R_0$  y su ecuación es la siguiente:

$$(2.7) \quad R_0 = \frac{\beta}{b + \gamma}.$$

La fracción  $1/(b+\gamma)$  representa el tamaño del periodo de infección ajustado por las muertes. La dinámica del modelo (2.1) se resume en el siguiente teorema.

TEOREMA 2.2. Sean  $S(t)$  e  $I(t)$  solución del modelo epidémico SIS (2.1) se tiene que

- (1) Si  $R_0 \leq 1$  entonces  $\lim_{t \rightarrow +\infty} (S(t), I(t)) = (N, 0)$  (equilibrio libre de enfermedad)
- (2) Si  $R_0 > 1$  entonces  $\lim_{t \rightarrow +\infty} (S(t), I(t)) = \left( \frac{N}{R_0}, N \left( 1 - \frac{1}{R_0} \right) \right)$  (equilibrio endémico)

DEMOSTRACIÓN. En primer lugar consideremos las ecuaciones (2.1) y (2.2) que describen al sistema epidémico SIS, al sumar las dos ecuaciones de dicho sistema se obtiene

$$\frac{\partial S}{\partial t} + \frac{\partial I}{\partial t} = 0,$$

para simplificar la notación escribiremos los sumandos de la expresión anterior de la siguiente manera  $S' + I' = 0$ , está ecuación nos asegura que el modelo matemático verifica la hipótesis

de que el tamaño de la población no varia pues ocurre un equilibrio entre sus ecuaciones diferenciales.

Es de interés para nosotros conocer cuales son los puntos de equilibrio dados por las ecuaciones (2.1) y (2.2), es decir, en que puntos se satisface que  $S' = I' = 0$ . Dado que  $S' + I' = 0$ , si una de las derivadas se anula la otra también se anulará, por ello en este caso solo analizaremos la derivada del estado susceptible, es decir

$$(2.8) \quad S' = \frac{-\beta}{N}SI + (b + \gamma)I.$$

Al observar la ecuación anterior es evidente que existe una solución trivial cuando  $I = 0$ , es decir, el número de individuos infecciosos es cero, por lo que toda la población es susceptible. Obviamente ante la ausencia de enfermedad todos los individuos seguirán siendo susceptibles a lo largo del tiempo, en términos matemáticos esto se traduce a

$$\lim_{t \rightarrow \infty} S(t) = N \text{ y } \lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = 0.$$

Estos limites verifican el caso (1) del teorema, aunque es importante señalar que este punto de equilibrio es independiente del valor del parámetro de  $Ro$  por si solo.

Se debe verificar la estabilidad del punto de equilibrio  $(N, 0)$  determinado anteriormente. Para ello consideramos la siguiente notacion:

$$(2.9) \quad f(S, I) = \frac{-\beta}{N}SI + (b + \gamma)I$$

$$g(S, I) = \frac{\beta}{N}SI - (b + \gamma)I,$$

Luego calculamos la matriz jacobiana asociada a (2.9) y estudiaremos los autovalores de esta matriz. Las derivadas parciales que conforman la matriz jacobiana son:

$$\begin{aligned}\frac{\partial f}{\partial S} &= \frac{-\beta I}{N}, \\ \frac{\partial f}{\partial I} &= \frac{-\beta S}{N} + (b + \gamma), \\ \frac{\partial g}{\partial S} &= \frac{\beta I}{N}, \\ \frac{\partial g}{\partial I} &= \frac{\beta S}{N} - (b + \gamma).\end{aligned}$$

Así la matriz jacobiana queda de la siguiente manera

$$(2.10) \quad A = \begin{pmatrix} \frac{-\beta I}{N} & \frac{-\beta S}{N} + (b + \gamma) \\ \frac{\beta I}{N} & \frac{\beta S}{N} - (b + \gamma) \end{pmatrix}.$$

Para obtener los autovalores de la matriz  $A$ . Sea  $\lambda \in \mathbb{R}$ ,  $I$  la matriz identidad de orden  $2 \times 2$ , luego

$$|A - \lambda I| = \begin{vmatrix} \frac{-\beta I}{N} - \lambda & \frac{-\beta S}{N} + (b + \gamma) \\ \frac{\beta I}{N} & \frac{\beta S}{N} - (b + \gamma) - \lambda \end{vmatrix}.$$

Sustituyendo el punto de equilibrio en la matriz anterior obtenemos dichos autovalores

$$\begin{vmatrix} -\lambda & -\beta + b + \gamma \\ 0 & \beta - (b + \gamma) - \lambda \end{vmatrix} = -\lambda(\beta - (b + \gamma) - \lambda) \Rightarrow \begin{cases} \lambda = 0 \\ \lambda = \beta - (b + \gamma) \end{cases}$$

Ahora analizamos los autovalores obtenidos. Se tiene por hipótesis que  $Ro < 1$ , por lo tanto el autovalor  $\lambda = \beta - (b + \gamma)$  es menor que cero y el segundo autovalor es  $\lambda = 0$ , gracias a la teoría de estabilidad de ecuaciones diferenciales revisada en el capítulo 1, se tiene que las trayectorias tienden a acercarse al punto crítico, o al punto  $c_1 v_1$  donde  $v_1$  es el autovector asociado a  $\lambda = 0$  y  $c_1 \in \mathbb{R}$ .

Para demostrar el caso (2) del teorema, tomemos la solución no trivial de la ecuación (2.8), es decir, cuando,

$$(2.11) \quad S = \left( \frac{b + \gamma}{\beta} \right) N.$$

La ecuación anterior puede ser escrita en términos de la ecuación del número básico de reproducción (2.7), así la ecuación (2.11) queda de la siguiente manera

$$S = \frac{N}{Ro}.$$

Dado que por hipótesis  $S + I = N$  y, en este caso, el valor de  $I$  es no nulo. La solución anterior debe satisfacer la condición  $S < N$ , es decir,

$$\left( \frac{b + \gamma}{\beta} \right) N < N,$$

por lo tanto, se debe cumplir que

$$\frac{b + \gamma}{\beta} < 1,$$

lo que es equivalente a

$$(2.12) \quad b + \gamma < \beta.$$

Dado que el valor del número básico de reproducción es

$$Ro = \frac{\beta}{b + \gamma},$$

la condición de la inecuación (2.12) es equivalente al hecho de que el valor de  $Ro$  sea mayor que 1.

Calculemos el valor de la población infectada sustituyendo la ecuación (2.11) en la ecuación  $S + I = N$

$$\left( \frac{b + \gamma}{\beta} \right) N + I = N,$$



y despejando  $I$ , obtenemos la ecuación

$$\begin{aligned}
 I &= N - \left(\frac{b+\gamma}{\beta}\right) N, \\
 I &= N \left(1 - \frac{b+\gamma}{\beta}\right), \\
 (2.13) \quad I &= N \left(1 - \frac{1}{Ro}\right).
 \end{aligned}$$

Una vez obtenidos los valores de  $S$  e  $I$  debemos comprobar que dichos valores son positivos ya que no tiene sentido que el número de infectados o susceptibles sea menor que cero.

Primero veamos que la ecuación (2.11) es mayor que cero lo cual es bastante fácil ya que por hipótesis tenemos que  $b, \beta, \gamma$  y  $N$  son mayores que cero.

Ahora demostraremos que la ecuación (2.13) es mayor que cero, para ello recordemos que por hipótesis se tiene que  $b > 0, \beta > 0$  y  $\gamma > 0$  y además se tiene que  $Ro > 1$ , es decir

$$\begin{aligned}
 \frac{\beta}{b+\gamma} &> 1, \\
 \beta &> b+\gamma.
 \end{aligned}$$

Luego en consecuencia, se tiene que la expresión  $1 - \left(\frac{b+\gamma}{\beta}\right)$  es mayor que cero, por lo tanto, se demuestra que la ecuación (2.13) es positiva.

Se debe ahora comprobar la estabilidad del punto de equilibrio

$$\left(\frac{N}{Ro}, \left(1 - \frac{1}{Ro}\right) N\right),$$

Para ello obtenemos los autovalores de la matriz (2.10). Sea  $\lambda \in \mathbb{R}$ ,  $I$  la matriz identidad, luego

$$|A - \lambda I| = \begin{vmatrix} \frac{-\beta I}{N} - \lambda & -\frac{\beta S}{N} + (b + \gamma) \\ \frac{\beta I}{N} & \frac{\beta S}{N} - (b + \gamma) - \lambda \end{vmatrix}.$$

Luego sustituyendo el punto de equilibrio en la matriz anterior obtenemos dichos autovalores

$$\begin{vmatrix} -\beta + b + \gamma - \lambda & 0 \\ -\beta + b + \gamma & -\lambda \end{vmatrix} = -\lambda(-\beta + b + \gamma - \lambda) \Rightarrow \begin{cases} \lambda = 0, \\ \lambda = -\beta + b + \gamma. \end{cases}$$

Ahora se deben analizar los autovalores obtenidos. Se tiene por hipótesis que  $R_0 > 1$ , por lo tanto, el autovalor  $\lambda = -\beta + b + \gamma$  es menor que cero y el segundo autovalor es  $\lambda = 0$ , por la información obtenida en la sección 4 del capítulo 1 se tiene que las trayectorias tienden a acercarse al punto crítico o al punto  $c_1 v_1$  donde  $v_1$  es el autovector asociado a  $\lambda = 0$  y  $c_1 \in \mathbb{R}$

□

**1.2. Modelo SIR.** El modelo SIR considera una enfermedad que se desarrolla a lo largo del tiempo en el cual los individuos según su status sanitario pueden ser susceptible  $S(t)$ , infectado  $I(t)$  o recuperado  $R(t)$ :

- $S(t)$  cuenta a los individuos susceptibles, es decir, aquellos que no han enfermado anteriormente y, por lo tanto, pueden resultar infectados al entrar en contacto con la enfermedad.
- $I(t)$  representa a los individuos infectados y, por lo tanto, en condiciones de transmitir la enfermedad a los del grupo  $S$ .
- $R(t)$  representa a los individuos recobrados de la enfermedad y, que ya no están en condiciones ni de enfermar nuevamente ni de transmitir la enfermedad a otros.

En este modelo, las personas son infectadas pero luego, cuando se recuperan, desarrollan inmunidad contra la enfermedad y salen del proceso infeccioso. Normalmente se aplica este modelo a enfermedades infantiles como varicela, sarampión y las paperas. La Figura (2.2) ilustra la relación entre los tres posibles estados sanitarios. Las flechas solidas denotan una infección o una recuperación, las flechas punteadas que apuntan hacia abajo denotan muertes ya que salen del sistema y el resto de las flechas punteadas denotan un nacimiento en el caso de que un individuo de alguno de los posibles grupos sanitarios muera.

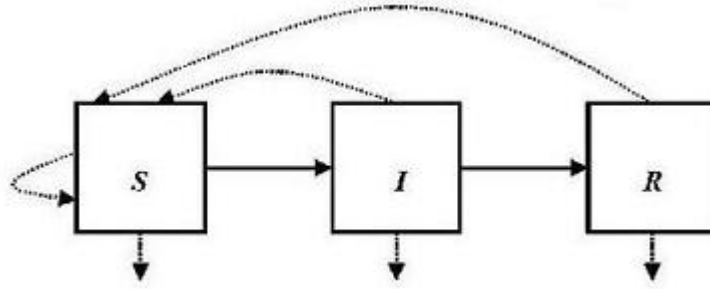


FIGURA 2.2. Diagrama modelo epidémico SIR

Las ecuaciones diferenciales que describen la dinámica del modelo epidémico SIR tienen la siguiente forma:

$$(2.14) \quad \begin{aligned} \frac{\partial S}{\partial t} &= \frac{-\beta}{N}SI + b(I + R), \\ \frac{\partial I}{\partial t} &= \frac{\beta}{N}SI + -(b + \gamma)I, \\ \frac{\partial R}{\partial t} &= \gamma I - bR, \end{aligned}$$

donde  $\beta > 0$ ,  $\gamma > 0$ ,  $b \geq 0$  y el tamaño total de la población al tiempo  $t \in T \subseteq R$  satisface  $N = S(t) + I(t) + R(t)$ . Las condiciones iniciales para este modelo son:

$$S(0) > 0, I(0) > 0, R(0) \geq 0 \quad \text{y} \quad S(0) + I(0) + R(0) = N.$$

Adicionalmente se supone que la tasa de natalidad es igual a la tasa de mortalidad y que el tamaño de la población es constante, es decir,

$$\frac{\partial N}{\partial t} = 0.$$

A continuación, deduciremos el modelo determinístico en [5] del modelo epidémico SIR así como se hizo para el modelo epidémico SIS.

Consideremos la discretización de la ecuación (2.18),

$$(2.15) \quad \frac{I(t + \Delta t) - I(t)}{\Delta t} = \frac{\beta}{N}S(t)I(t) - (b + \gamma)I(t),$$

para simplificar la notación denotamos

$$(2.16) \quad \lambda(t) = \frac{\beta}{N}I(t),$$

la ecuación (2.15) queda de la siguiente manera:

$$\frac{I(t + \Delta t) - I(t)}{\Delta t} = \lambda(t)S(t) - (b + \gamma)I(t),$$

despejamos  $I(t + \Delta t)$  de la ecuación anterior

$$I(t + \Delta t) = I(t)(1 - b\Delta t - \gamma\Delta t) + \lambda(t)\Delta tS(t).$$

Si repetimos el procedimiento para  $S(t)$  y  $R(t)$  obtenemos (el modelo determinístico SIR a tiempo discreto), [5]:

$$(2.17) \quad \begin{aligned} S(t + \Delta t) &= S(t)(1 - \lambda(t)\Delta t) + (N - S(t))b\Delta t, \\ I(t + \Delta t) &= I(t)(1 - b\Delta t - \gamma\Delta t) + \lambda(t)\Delta tS(t), \\ R(t + \Delta t) &= R(t)(1 - b\Delta t) + \gamma\Delta tI(t), \end{aligned}$$

**OBSERVACIÓN 2.3.** El número básico de reproducción (2.7) y la tasa de natalidad  $b$  determinan la dinámica del modelo (2.14). La dinámica del modelo epidémico SIR es resumida en el siguiente teorema.

**TEOREMA 2.4.** Sean  $S(t)$ ,  $I(t)$  y  $R(t)$  solución del modelo epidémico SIR planteado por el sistema de ecuaciones (2.14):

- (1) Si  $Ro \leq 1$  entonces  $\lim_{t \rightarrow +\infty} I(t) = 0$  (equilibrio libre de enfermedad),
- (2) Si  $Ro > 1$  entonces

$$\lim_{t \rightarrow +\infty} (S(t), I(t), R(t)) = \left( \frac{N}{Ro}, \frac{bN}{b + \gamma} \left( 1 - \frac{1}{Ro} \right), \frac{\gamma N}{b + \gamma} \left( 1 - \frac{1}{Ro} \right) \right),$$

(equilibrio endémico).

OBSERVACIÓN 2.5. El *número inicial de reemplazo*  $Ro \frac{S(0)}{N}$  es el número de infecciones secundarias causadas por un individuo infectado cuando se introduce en una población susceptible de tamaño  $N \approx S(0)$ .

DEMOSTRACIÓN. En primer lugar consideremos las ecuaciones del sistema (2.14) al sumar las tres ecuaciones de dicho sistema se obtiene

$$\frac{\partial S}{\partial t} + \frac{\partial I}{\partial t} + \frac{\partial R}{\partial t} = 0,$$

para simplificar la notación escribiremos los sumandos de la expresión anterior de la siguiente manera  $S' + I' + R' = 0$ , esta ecuación nos asegura que el modelo matemático verifica la hipótesis de que el tamaño de la población no varía.

A continuación es de interés para nosotros conocer cuales son los puntos de equilibrio del sistema (2.14), es decir, para que puntos se satisface que  $S' + I' + R' = 0$ . Dado que  $S' + I' + R' = 0$ , si dos de las derivadas se anulan, la tercera también se anulará, por ello en este caso solo analizaremos la derivada de los estados infeccioso y resistente,

$$\begin{aligned} I' &= \frac{\beta}{N}SI + -(b + \gamma)I, \\ R' &= \gamma I - bR \end{aligned}$$

Al observar las ecuaciones anteriores es evidente que existe una solución trivial cuando  $I = R = 0$ , es decir, el número de infectados y recuperados es igual a cero, por lo que toda la población es susceptible. Obviamente ante la ausencia de enfermedad todos los individuos seguirán siendo susceptibles a lo largo del tiempo, en términos matemáticos esto se traduce a

$$\lim_{x \rightarrow \infty} S(t) = N, \quad \lim_{x \rightarrow \infty} I(t) = 0 \quad \text{y} \quad \lim_{x \rightarrow \infty} R(t) = 0.$$

Lo cual verifica el caso (1) del teorema, además es importante señalar que este punto de equilibrio es independiente del valor del parámetro  $Ro$  por si solo.

Ahora debemos verificar la estabilidad del punto de equilibrio  $(N, 0, 0)$  que acabamos de determinar para ello consideramos la notación:

$$\begin{aligned}
 (2.18) \quad f(S, I, R) &= \frac{-\beta}{N}SI + b(I + R), \\
 g(S, I, R) &= \frac{\beta}{N}SI + -(b + \gamma)I, \\
 h(S, I, R) &= \gamma I - bR,
 \end{aligned}$$

Luego calculamos matriz jacobiana asociada a (2.18) y obtenemos sus autovalores. Con el fin de simplificar los cálculos sustituimos  $I + R = N - S$  en la ecuación  $h(S, I, R)$  y calculamos las derivadas parciales del sistema de ecuaciones diferenciales (2.18).

$$\begin{aligned}
 \frac{\partial S'}{\partial S} &= \frac{-\beta I}{N} - b, & \frac{\partial S'}{\partial I} &= \frac{-\beta S}{N}, & \frac{\partial S'}{\partial R} &= 0, \\
 \frac{\partial I'}{\partial S} &= \frac{\beta I}{N}, & \frac{\partial I'}{\partial I} &= \frac{\beta S}{N} - (b + \gamma), & \frac{\partial I'}{\partial R} &= 0, \\
 \frac{\partial R'}{\partial S} &= 0, & \frac{\partial R'}{\partial I} &= \gamma, & \frac{\partial R'}{\partial R} &= b.
 \end{aligned}$$

Así la matriz jacobiana queda de la siguiente manera

$$(2.19) \quad A = \begin{pmatrix} \frac{-\beta I}{N} - b & \frac{-\beta S}{N} & 0 \\ \frac{\beta I}{N} & \frac{\beta S}{N} - (b + \gamma) & 0 \\ 0 & \gamma & b \end{pmatrix}.$$

Para obtener los autovalores de la matriz  $A$ . Sea  $\lambda \in \mathbb{R}$ ,  $I$  la matriz identidad de orden  $3 \times 3$  luego

$$|A - \lambda I| = (-b - \lambda) \begin{vmatrix} \frac{-\beta I}{N} - b - \lambda & \frac{-\beta S}{N} \\ \frac{\beta I}{N} & \frac{\beta S}{N} - (b + \gamma) - \lambda \end{vmatrix}.$$

Sustituyendo el punto de equilibrio  $(N, 0, 0)$  en la matriz anterior obtenemos dichos autovalores

$$(-b - \lambda) \begin{vmatrix} -b - \lambda & -\beta \\ 0 & \beta - b - \gamma - \lambda \end{vmatrix} = (-b - \lambda)^2(\beta - b - \gamma - \lambda),$$

$$\Rightarrow \begin{cases} \lambda = -b, \\ \lambda = \beta - \gamma - b. \end{cases}$$

Ahora analizamos los signos de los autovalores, es obvio que el autovalor  $\lambda = -b$  es negativo, ya que  $b > 0$  por hipótesis. Para deducir el signo del autovalor  $\lambda = \beta - \gamma - b$  usaremos la hipótesis del número básico de reproducción  $R_0 < 1$ , lo cual implica  $\beta < b + \gamma$ . Por lo tanto, se tiene que el autovalor  $\lambda = \beta - \gamma - b$  es menor que cero. Dado que ambos autovalores son menores que cero, por la información suministrada en la sección 4 del capítulo 1 concluimos que el punto  $(N, 0, 0)$  es un punto de equilibrio estable.

A continuación veamos el caso cuando  $R_0 > 1$ , sea el sistema de ecuaciones diferenciales (2.14) y consideremos cuando se anulan las derivadas del estado infeccioso y recuperado.

La derivada del estado infeccioso se anula cuando el número de susceptibles es

$$S = \left( \frac{b + \gamma}{\beta} \right) N.$$

Esta ecuación se puede reescribir en términos del número básico de reproducción de la siguiente manera

$$\frac{N}{R_0},$$

Luego, para que la derivada del estado recuperado se anule, se debe cumplir que

$$\gamma I - bR = 0 \Rightarrow R = \frac{\gamma I}{b}.$$

Calculemos ahora el valor de la población infecciosa correspondiente al punto de equilibrio de la siguiente manera:

Por hipótesis sabemos que

$$S + I + R = N,$$

además, se tiene que

$$(2.20) \quad \begin{aligned} S &= \left( \frac{b + \gamma}{\beta} \right) N, \\ R &= \frac{\gamma I}{b}, \end{aligned}$$

sustituyendo los valores de  $S$  y  $R$  en la ecuación  $S + I + R = N$  se obtiene

$$\begin{aligned} N &= \frac{b + \gamma}{\beta} N + I + \frac{\gamma I}{b}, \\ N &= \left( \frac{b + \gamma}{\beta} \right) N + \left( \frac{b + \gamma}{b} \right) I, \end{aligned}$$

despejando  $I$  de la ecuación anterior se tiene

$$I = \left( \frac{\frac{\beta - b - \gamma}{\beta}}{\frac{b + \gamma}{b}} \right) N,$$

de donde

$$(2.21) \quad I = \frac{b(\beta - b - \gamma)}{\beta(b + \gamma)} N,$$

la ecuación anterior puede ser escrita de la siguiente manera:

$$\begin{aligned} I &= \frac{bN}{b + \gamma} \left( \frac{\beta - b - \gamma}{\beta} \right), \\ &= \frac{bN}{b + \gamma} \left( 1 - \frac{b + \gamma}{\beta} \right), \end{aligned}$$

entonces

$$I = \frac{bN}{b + \gamma} \left( 1 - \frac{1}{Ro} \right).$$



Sustituyendo (2.21) en la ecuación (2.20). Se obtiene el valor de  $R$ .

$$R = \left( \frac{\gamma(\beta - b - \gamma)}{\beta(b + \gamma)} \right) N.$$

Podemos reescribir la ecuación anterior de la siguiente manera:

$$\begin{aligned} R &= \frac{\gamma N}{b + \gamma} \left( \frac{\beta - b - \gamma}{\beta} \right) \\ &= \frac{\gamma N}{b + \gamma} \left( 1 - \frac{b + \gamma}{\beta} \right), \end{aligned}$$

así

$$(2.22) \quad R = \frac{\gamma N}{b + \gamma} \left( 1 - \frac{1}{Ro} \right)$$

Comprobemos que los valores de  $I$  y  $R$  son positivos ya que no tiene sentido que el número de individuos susceptibles e infectados sea menor que cero. Dado que por hipótesis  $b, \beta, \gamma$  son valores reales mayores que cero y  $Ro > 1$  lo cual implica  $\beta > b + \gamma$ , se tiene que.

$$\left( \frac{b(\beta - b - \gamma)}{\beta(b + \gamma)} \right) N > 0 \text{ y } \left( \frac{\gamma(\beta - b - \gamma)}{\beta(b + \gamma)} \right) N > 0 \Leftrightarrow \beta - b - \gamma > 0 \Leftrightarrow Ro > 1,$$

por lo tanto podemos asegurar que:

$$(2.23) \quad \left( \frac{b + \gamma}{\beta} N, \frac{b(\beta - b - \gamma)}{\beta(b + \gamma)} N, \left( \frac{\gamma(\beta - b - \gamma)}{\beta(b + \gamma)} \right) N \right)$$

es un punto fijo que únicamente existe si  $Ro > 1$ .

Verifiquemos la estabilidad de dichos puntos como se hizo para el caso anterior  $Ro < 1$ , para ello sustituimos el punto (2.23) en la matriz jacobiana (2.19) y  $\lambda \in \mathbb{R}$ ,

$$\begin{aligned}
A &= (-b - \lambda) \begin{vmatrix} \frac{-b(\beta - b - \gamma)}{\gamma + b} - b - \lambda & -(\gamma + b) \\ \frac{-b(\beta - b - \gamma)}{\gamma + b} & -\lambda \end{vmatrix} \\
&= (-b - \lambda) \left[ \lambda^2 + \frac{b\beta}{\gamma + b} \lambda + b(\beta - b - \gamma) \right] \\
&\Rightarrow \begin{cases} \lambda = -b, \\ \lambda = -\frac{1}{2} \frac{b\beta + \sqrt{b^2\beta^2 - 4b(\beta - \gamma - b)(\gamma + b)^2}}{\gamma + b}, \\ \lambda = -\frac{1}{2} \frac{b\beta - \sqrt{b^2\beta^2 - 4b(\beta - \gamma - b)(\gamma + b)^2}}{\gamma + b}. \end{cases}
\end{aligned}$$

Dado que por hipótesis  $R_0 > 1$ , se tiene que la parte real de todos los autovalores es negativa. En el caso de que la parte dentro de la raíz sea positiva, estaremos ante un nodo estable (autovalores reales negativos), pero si esta es negativa estaremos ante una espiral estable (autovalores imaginarios con parte real negativa). En ambos casos, por la teoría de estudio cualitativo de sistema de ecuaciones diferenciales revisada en capítulo 1 concluimos que estamos ante un punto de equilibrio estable.  $\square$

## 2. Formulación de Modelos Epidémicos:(Cadenas de Markov a Tiempo Discreto CMTD)

Sean  $S(t)$ ,  $I(t)$  y  $R(t)$  variables aleatorias discretas que denotan el número de individuos susceptibles, infectados y recuperados (inmunes) para un tiempo  $t$ . En un modelo epidémico CMTD,  $t \in \{0, \Delta t, 2\Delta t, \dots\}$  y las variables aleatorias discretas  $S(t)$ ,  $I(t)$  y  $R(t)$  toman los valores  $\{0, 1, 2, \dots, N\}$ .

### 3. Modelo Epidémico SIS

En un modelo epidémico SIS solo existe una variable aleatoria independiente  $I(t)$  ya que  $S(t) = N - I(t)$  donde  $N$  es la constante del tamaño de población al tiempo  $t \in T \subseteq R$ .

El proceso estocástico  $\{I(t)\}_{t=0}^N$  tiene una función de distribución asociada,

$$p_i(t) = P\{I(t) = i\},$$

para  $i = 0, 1, 2, \dots, N$  y  $t = 0, \Delta t, 2\Delta t, \dots$ , tal que

$$\sum_{i=0}^N p_i(t) = 1$$

Consideremos  $p(t) = (p_0(t), p_1(t), \dots, p_N(t))^T$  el cual denota al vector de probabilidad asociado a  $I(t)$ , entonces el proceso estocástico antes descrito tiene la propiedad de Markov si

$$P\{I(t + \Delta t)|I(0), I(\Delta t), \dots, I(t)\} = P\{I(t + \Delta t)|I(t)\}.$$

La propiedad de Markov significa que el proceso en el tiempo  $t + \Delta t$  solo depende del valor del proceso en el instante de tiempo previo  $t$ . Para terminar de completar la formulación para CMTD SIS es necesario definir la relación entre los estados  $I(t)$  e  $I(t + \Delta t)$ . Esta relación esta determinada por los supuestos fundamentales del modelo epidémico SIS y esta definida por la matriz de transición. La probabilidad de transición del estado  $I(t) = i$  a otro  $I(t + \Delta t) = j, i \rightarrow j$ , en un tiempo  $\Delta t$  se denota como

$$p_{ji}(t + \Delta t, t) = P\{I(t + \Delta t) = j|I(t) = i\}.$$

Cuando la probabilidad de transición  $p_{ji}(t + \Delta t, t)$  no depende de  $t$ , decimos que el proceso es de tiempo homogéneo. Dado que la cadena de markov  $\{I(k\Delta t)\}_{k \in \mathbb{N}}$  no depende de  $t$  se dice que la cadena es homogénea y en ese caso podemos considerar las siguiente notación

$$(2.24) \quad p_{ji}(\Delta t).$$

Para reducir el número de transiciones en un tiempo  $\Delta t$ , haremos una suposición adicional. El tiempo  $\Delta t$  será elegido lo suficientemente pequeño de tal manera que la variación de la cantidad de personas infectadas durante el intervalo  $\Delta t$  sea máximo de una, es decir, si  $i$  es el

número de infectados en el tiempo  $t$  en el siguiente estado  $t + \Delta t$  las transiciones pueden ser las siguientes:

$$i \rightarrow i + 1,$$

$$i \rightarrow i - 1,$$

$$i \rightarrow i.$$

La primera representa una nueva infección, la segunda una muerte de un infectado o un recuperado y, la última, que el número de infectados no es modificado durante el intervalo de tiempo  $\Delta t$ . Sí el intervalo  $\Delta t$  no puede elegirse arbitrariamente pequeño para cumplir la condición las probabilidad de transición deben ser definidas para todas las posibles transiciones que puedan ocurrir  $i \rightarrow i, i \rightarrow i + 1, i \rightarrow i + 2, i \rightarrow i + 3$ , etc. En el modelo epidémico determinístico SIS, considerando el caso simple con solo tres transiciones posibles, las probabilidades de transición son definidas usando las tasas y multiplicando por  $\Delta t$ . las cuales definiremos a continuación:

Probabilidad de una nueva infección,

$$P\{I(t + \Delta t) = i + 1 | I(t) = i\} = \frac{\beta i(N - i)}{N} \Delta t.$$

Probabilidad de una muerte o recuperación,

$$P\{I(t + \Delta t) = i - 1 | I(t) = i\} = (b + \gamma)i \Delta t.$$

Probabilidad de que no cambie el numero de infectados

$$P\{I(t + \Delta t) = i | I(t) = i\} = 1 - \left[ \frac{\beta i(N - i)}{N} + (b + \gamma)i \right] \Delta t.$$

Las probabilidades de transición antes mencionadas pueden ser resumidas de la siguiente manera

$$p_{ji}(\Delta t) = \begin{cases} \frac{\beta i(N-i)}{N} \Delta t, & j = i+1 \\ (b+\gamma)i \Delta t, & j = i-1 \\ 1 - \left[ \frac{\beta i(N-i)}{N} + (b+\gamma)i \right] \Delta t, & j = i \\ 0, & j \neq i+1, i, i-1. \end{cases}$$

El nacimiento de un individuo en la población debe ir acompañado por la muerte de un individuo de la misma para mantener el tamaño de la población constante.

Para simplificar la notación, la probabilidad de una nueva infección se denotara como  $b(i)\Delta t$  y la probabilidad una muerte o recuperación como  $d(i)\Delta t$  entonces

$$p_{ji}(\Delta t) = \begin{cases} b(i)\Delta t, & j = i+1, \\ d(i)\Delta t, & j = i-1, \\ 1 - [b(i) + d(i)] \Delta t, & j = i, \\ 0, & j \neq i+1, i, i-1. \end{cases}$$

La suma de las tres transiciones es igual a 1 porque ellas representan todos los cambios posibles de estados  $i$  durante el intervalo  $\Delta t$ . Para garantizar que las probabilidades de transición se encuentran en el intervalo  $[0, 1]$  el paso de tiempo  $\Delta t$  debe ser elegido suficientemente pequeño de tal manera que

$$\max_{i \in 1, \dots, N} \{[b(i) + d(i)]\Delta t\} \leq 1.$$

Aplicando la propiedad de Markov de que toda transición  $i$  depende únicamente de la transición anterior  $(i-1, i, i+1)$  y de las anteriores probabilidades de transición,  $p_i(t + \Delta t)$  puede ser expresado en términos de las probabilidades en el instante  $t$  para el tiempo  $t + \Delta t$ , esto es,

$$(2.25) \quad p_i(t + \Delta t) = p_{i-1}(t)b(i-1)\Delta t + p_{i+1}(t)d(i+1)\Delta t + p_i(t)(1 - [b(i) + d(i)]\Delta t)$$

para  $i = 1, 2, \dots, N$ , donde  $b(i) = \beta i(N-i)/N$  y  $d(i) = (b+\gamma)i$ .

Una matriz de transición es formada cuando los estados son ordenados de 0 a  $N$ , por ejemplo el elemento,  $(1, 1)$  de la matriz de transición, es la probabilidad de transición de mantenerse en el estado cero y se denota,

$$p_{00}(\Delta t) = 1,$$

y el elemento  $(N + 1, N + 1)$  es la probabilidad de transición del estado  $N$  al estado  $N$ ,

$$p_{NN}(\Delta t) = 1 - [b + \gamma]N\Delta t = 1 - d(N)\Delta t.$$

La matriz de transición se denota como  $P(\Delta t)$ . Esta matriz es una matriz tridiagonal de tamaño  $(N + 1) \times (N + 1)$  de la siguiente forma

$$\begin{pmatrix} 1 & d(1)\Delta t & 0 & \cdots & 0 & 0 \\ 0 & 1 - (b + d)(1)\Delta t & d(2)\Delta t & \cdots & 0 & 0 \\ 0 & b(1)\Delta t & 1 - (b + d)(2)\Delta t & \cdots & 0 & 0 \\ \vdots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots & \vdots \\ 0 & 0 & 0 & \cdots & d(N - 1)\Delta t & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \cdots & 1 - (b + d)(N - 1)\Delta t & d(N)\Delta t \\ 0 & 0 & 0 & \cdots & b(N - 1)\Delta t & 1 - d(N)\Delta t \end{pmatrix},$$

donde se considera la notación  $(b + d)(i) = [b(i) + d(i)]$  para  $i = 1, 2, \dots, N$ . La matriz  $P(\Delta t)$  es una matriz estocástica, es decir, la suma de sus columnas es igual a 1.

El proceso epidémico CMTD SIS  $\{I(t)\}_{t=0}^{\infty}$  está completamente formulado dado un vector de probabilidad inicial  $p(0)$ , además, tenemos que  $p(\Delta t) = P(\Delta t)p(0)$ , por lo que la identidad (2.25) expresada en notación vectorial y matricial es

$$(2.26) \quad p((n + 1)\Delta t) = P(\Delta t)p(n\Delta t) = P^{n+1}(\Delta t)p(0),$$

A continuación dispondremos a estudiar la forma de la **Esperanza de  $I(\mathbf{t})$** , sabemos que

$$E(I(t)) = \sum_{i=0}^N ip_i(t),$$

luego, multiplicando la ecuación (2.25) por  $i$  y sumando sobre  $i$  se tiene la siguiente expresión

$$\begin{aligned}
E(I(t + \Delta t)) &= \sum_{i=0}^N ip_i(t + \Delta t) \\
&= \sum_{i=0}^N i [p_{i-1}(t)b(i-1)\Delta t + p_{i+1}(t)d(i+1)\Delta t + p_i(t)(1 - [b(i) + d(i)]\Delta t)] \\
&= \sum_{i=1}^N ip_{i-1}(t)b(i-1)\Delta t + \sum_{i=0}^{N-1} ip_{i+1}(t)d(i+1)\Delta t + \sum_{i=0}^N ip_i(t) \\
&\quad - \sum_{i=0}^N ip_i(t)b(i)\Delta t - \sum_{i=0}^N ip_i(t)d(i)\Delta t.
\end{aligned}$$

Para simplificar los cálculos denotaremos a cada uno de los sumandos de la ecuación anterior de la siguiente manera

$$\begin{aligned}
A &= \sum_{i=1}^N ip_{i-1}(t)b(i-1)\Delta t. \\
B &= \sum_{i=0}^{N-1} ip_{i+1}(t)d(i+1)\Delta t. \\
C &= \sum_{i=0}^N ip_i(t). \\
D &= - \sum_{i=0}^N ip_i(t)b(i)\Delta t. \\
E &= - \sum_{i=0}^N ip_i(t)d(i)\Delta t.
\end{aligned}$$

Ahora bien,

$$\begin{aligned}
 B + E &= \sum_{i=0}^{N-1} ip_{i+1}(t)d(i+1)\Delta t - \sum_{i=0}^N ip_i(t)d(i)\Delta t \\
 &= 0 + p_2(t)d(2)\Delta t + 2p_3(t)d(3)\Delta t + \cdots + (N-2)p_{N-1}(t)d(N-1)\Delta t + (N-1)p_N(t)d(N)\Delta t \\
 &\quad - p_1(t)d(1)\Delta t - 2p_2(t)d(2)\Delta t - 3p_3(t)d(3)\Delta t - \cdots - (N-1)p_{N-1}(t)d(N-1)\Delta t \\
 &\quad - Np_N(t)d(N)\Delta t,
 \end{aligned}$$

simplificando los términos de la ecuación obtenemos,

$$\begin{aligned}
 B + E &= -p_1(t)d(1)\Delta t - p_2d(2)\Delta t - \cdots - p_{N-1}(t)d(N-1)\Delta t - p_N(t)d(N)\Delta t \\
 &= -\sum_{i=0}^{N-1} p_{i+1}(t)d(i+1)\Delta t, \\
 A + D &= \sum_{i=1}^N ip_{i-1}(t)b(i-1)\Delta t - \sum_{i=1}^N ip_i(t)b(i)\Delta t \\
 &= p_0(t)b(0)\Delta t + 2p_1(t)b(1)\Delta t + 3p_2(t)b(2)\Delta t + \cdots + (N-1)p_{N-2}(t)b(N-2)\Delta t \\
 &\quad + Np_{N-1}(t)b(N-1)\Delta t - p_1(t)b(1)\Delta t - 2p_2(t)b(2)\Delta t - 3p_3(t)b(3)\Delta t - \cdots \\
 &\quad - (N-1)p_{N-1}(t)b(N-1)\Delta t - Np_N(t)b(N)\Delta t,
 \end{aligned}$$

simplificando los términos de la ecuación obtenemos,

$$\begin{aligned}
 A + D &= p_0(t)b(0)\Delta t + p_1(t)b(1)\Delta t + p_2(t)b(2)\Delta t + \cdots + p_{N-1}(t)b(N-1)\Delta t - Np_N(t)b(N)\Delta t \\
 &= \sum_{i=1}^N p_{i-1}(t)b(i-1)\Delta t,
 \end{aligned}$$

además se tiene que

$$C = \sum_{i=0}^N ip_i(t) = E(I(t)),$$



simplificando y sustituyendo la expresión  $d(i) = (b + \gamma)i$  y  $b(i) = \frac{\beta i(N-i)}{N}$  en la ecuación  $(A + D)$  y  $(B + E)$  resulta

$$\begin{aligned} B + E &= - \sum_{i=0}^{N-1} p_{i+1}(t)(b + \gamma)(i + 1)\Delta t, \\ A + D &= \sum_{i=1}^N p_{i-1}(t) \frac{\beta(i-1)(N - [i-1])\Delta t}{N}. \end{aligned}$$

Finalmente sustituyendo estos resultados en  $E(I(t + \Delta t))$  se tiene

$$\begin{aligned} E(I(t + \Delta t)) &= E(I(t)) + \sum_{i=1}^N p_{i-1}(t) \frac{\beta(i-1)(N - [i-1])\Delta t}{N} \\ &\quad - \sum_{i=0}^{N-1} p_{i+1}(t)(b + \gamma)(i + 1)\Delta t \\ (2.27) \quad E(I(t + \Delta t)) &= E(I(t)) + [\beta - (b + \gamma)]\Delta t E(I(t)) - \frac{\beta}{N}\Delta t E(I^2(t)), \end{aligned}$$

donde  $E(I^2(t)) = \sum_{i=0}^N i^2 p_i(t)$ .

El resultado obtenido muestra que la media de la variable aleatoria  $\{I(t)\}$  depende del segundo momento y además que la ecuación de la media para momentos mas altos dependen de momentos de orden aun mas alto. Por lo tanto estas ecuaciones no pueden ser resueltas a menos que se tome una hipótesis adicional con respecto a los momentos de orden superior. Sin embargo debido a que  $Var(X) = E(I^2(t)) - E^2(I(t))$  y  $Var(X) \geq 0$  tenemos que  $E(I^2(t)) \geq E^2(I(t))$ , realizando una discretizacion de la ecuacion (2.27). La ecuacion para la media queda de la siguiente manera,

$$(2.28) \quad \frac{E(I(t + \Delta t)) - E(I(t))}{\Delta t} \leq [\beta - (b + \gamma)]E(I(t)) - \frac{\beta}{N}E^2(I(t)),$$

como  $\Delta t \rightarrow 0$

$$\begin{aligned} \frac{dE(I(t))}{dt} &\leq [\beta - (b + \gamma)]E(I(t)) - \frac{\beta}{N}E^2(I(t)) \\ (2.29) \quad &= \frac{\beta}{N}[N - E(I(t))]E(I(t)) - (b + \gamma)E(I(t)). \end{aligned}$$

El lado derecho de la ecuación (2.29) es la misma ecuación diferencial para  $I(t)$  en (2.1), si en (2.1),  $I(t)$  y  $S(t)$  son reemplazadas por  $E(I(t))$  y  $N - E(I(t))$ , respectivamente. La inecuación diferencial implica que la media de la variable aleatoria  $I(t)$  en el proceso epidémico SIS es menor que la solución  $I(t)$  para la ecuación diferencial determinística en (2.1).

De este modelo epidémico siguen algunas propiedades de la teoría de cadenas de Markov. Los estados se clasifican según su conexión directa en un gráfico o digrafo. El digrafo del modelo epidémico de cadena de Markov SIS es ilustrado en la siguiente figura donde  $i = 0, 1, 2, \dots, N$  son los estados infectados.

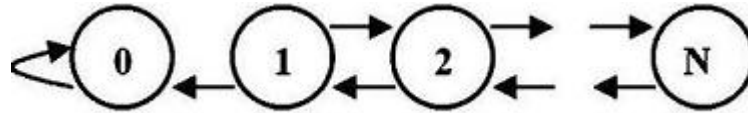


FIGURA 2.3. Digrafo del modelo epidemico estocástico SIS

Los estados  $\{0, 1, 2, \dots, N\}$  pueden ser divididos en dos conjuntos que consisten en el estado recurrente 0 y los estados transitorios  $\{1, \dots, N\}$ . El estado cero es un estado absorbente, es decir, a partir del estado cero no se puede llegar a otro estado. El conjunto  $\{0\}$  es cerrado. Adicionalmente, otro estado en el conjunto  $\{1, 2, \dots, N\}$  puede ser alcanzado desde cualquier otro estado pero el conjunto no es cerrado porque  $p_{01}(\Delta t) > 0$ . Para los estados transitorios se demostró que los elementos de la matriz de transición tienen la siguiente propiedad  $P^n = (p_{ij}^{(n)})$ , donde  $p_{ij}^{(n)}$  es el  $(i, j)$  elemento de la  $n$ -ésima potencia de la matriz de transición  $P^n$  donde,

$$\lim_{n \rightarrow +\infty} p_{ij}^{(n)} = 0,$$

para cualquier estado  $j$  y cualquier estado transitorio  $i$ . El límite de  $P^n$  cuando  $n \rightarrow \infty$  es una matriz estocástica; todas las filas son cero excepto la primera que las tiene todas diferentes de cero. De la relación (2.26) y la teoría de las cadenas de Markov se tiene que,

$$(2.30) \quad \lim_{t \rightarrow +\infty} p(t) = (1, 0, 0, \dots, 0)^T,$$

donde  $t = n\Delta t$ .

Este resultado implica que en un modelo epidémico CMTD SIS, la población se acerca al equilibrio libre de enfermedad, es decir, la probabilidad de absorción del estado 0 es 1 independientemente de la magnitud del número de reproducción básica, lo cual es una diferencia entre este resultado estocástico y el resultado obtenido del modelo determinístico SIS (teorema 1). Ya que este resultado es asintótico, la velocidad de convergencia para alcanzar el estado libre de enfermedad puede ser muy lenta dependiendo de las condiciones iniciales y los parámetros de los valores puede ser extremadamente larga. El valor esperado de la duración de una epidemia son estudiados en [3].

#### 4. Estudio de Distribución de Probabilidades Modelo Epidemico SIS

En el presente trabajo se modeló la distribución de probabilidad del modelo epidémico SIS a través del uso del paquete Matlab. A continuación veremos algunos resultados del algoritmo usado.

La imagen (2.4) es la distribución de probabilidad de un modelo epidémico CMTD SIS de parámetros  $\Delta t = 0,01$ ,  $N = 100$ ,  $\beta = 1$ ,  $b = 0,25$ ,  $\gamma = 0,25$  e  $I(0) = 2$ .

En la imagen (2.4) se puede ver que la probabilidad de tener dos infectados cuando  $t$  es cero es 1, la cual fue una de las condiciones iniciales consideradas en el modelo para garantizar que la enfermedad fuese transmitida a mas individuos. Además se percibe que al transcurrir el tiempo siempre existe la probabilidad de tener entre 40 y 60 individuos infectados, por otro lado, la probabilidad de no tener infectados siempre es mayor que cero, y en el caso cuando  $t > 500$ , la probabilidad de no tener infectados destaca siendo la mas alta, por lo cual existe la posibilidad de que alguna trayectoria de  $I(t)$  alcance el equilibrio libre de enfermedad independientemente del valor  $R_0 > 1$ .

La siguiente imagen a estudiar es la distribución de probabilidad de un modelo epidémico CMTD SIS de parámetros  $\Delta t = 0,01$ ,  $N = 100$ ,  $\beta = 0,8$ ,  $b = 0,5$ ,  $\gamma = 0,5$  e  $I(0) = 2$

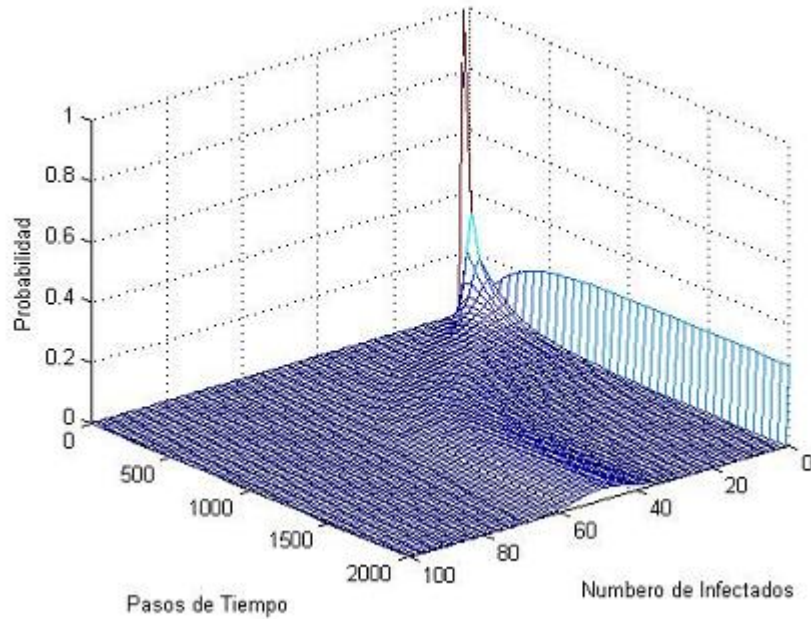


FIGURA 2.4. Distribución de Probabilidad de modelo epidémico SIS,  $R_0 > 1$

En la imagen (2.5) se puede ver al igual que (2.4) la probabilidad de tener dos infectados cuando  $t$  es cero es 1, que fue una de las condiciones iniciales consideradas en la el modelo para garantizar que la enfermedad fuese transmitida a mas individuos. El gráfico de distribución de probabilidades en este caso nos muestra que la probabilidad de no tener infectados crece con el pasar del tiempo hasta que no hay mas individuos infectados y por lo tanto la enfermedad desaparece. Este resultado es coherente con el resultado del modelo deterministico teorema (2.2) cuando  $R_0 < 1$ , dicho teorema establece que al pasar del tiempo la población de individuos infectados tiende a cero.

La última figura a estudiar es la distribución de probabilidad de un modelo epidémico CMTD SIS de parámetros  $\Delta t = 0,01$ ,  $N = 100$ ,  $\beta = 1$ ,  $b = 0,05$ ,  $\gamma = 0,1$  e  $I(0) = 2$ .

La imagen (2.6) al igual que la imagen (2.4) estudia el caso en el que numero básico de reproducción es mayor que 1, sin embargo en la imagen (2.6) el numero básico de reproducción es mayor a seis, un valor alto en el estudio de enfermedades epidémicas, como resultado podemos

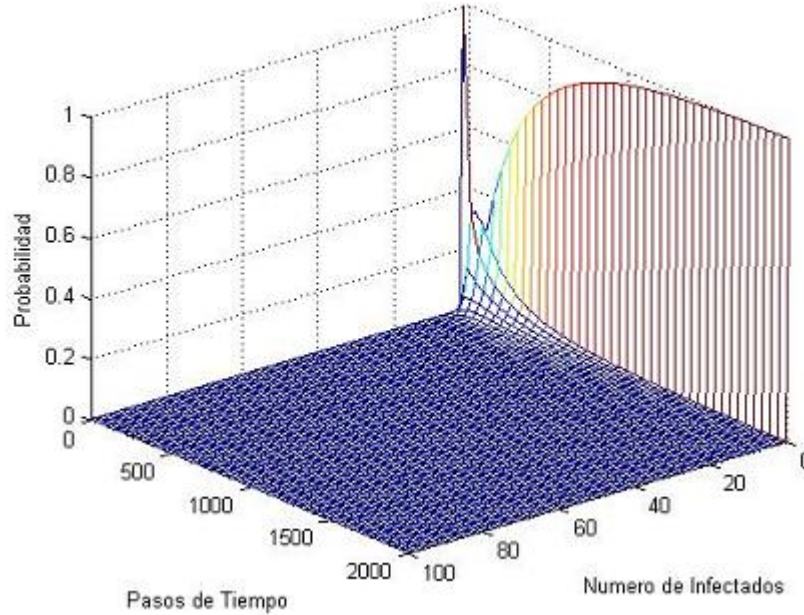


FIGURA 2.5. Distribución de Probabilidad de modelo epidémico SIS,  $R_0 < 1$

ver que la probabilidad de tener entre 80 y 100 infectados es alta y tiende a mantenerse a lo largo del tiempo. Por otra parte la probabilidad de no tener infectados aunque es baja sigue siendo mayor que cero. A pesar de que aparentemente la enfermedad se va a mantener a lo largo del tiempo el resultado estocástico (2.30) sugiere que en algún momento se alcanzara el estado libre de enfermedad aunque  $t$  deba ser muy grande.

## 5. Modelo Epidémico SIR

Sean  $S(t)$ ,  $I(t)$  y  $R(t)$  denotan variables aleatorias discretas para el número de personas susceptibles, infectados e inmunes en un tiempo  $t$ , respectivamente. El modelo epidémico CMTD SIR es un proceso bivariado porque hay dos variables aleatorias independientes  $S(t)$  e  $I(t)$ . La variable aleatoria  $R(t) = N - S(t) - I(t)$ . El proceso bivariado  $\{S(t), I(t)\}_{t=0}^{\infty}$  tiene una función de probabilidad conjunta dada por

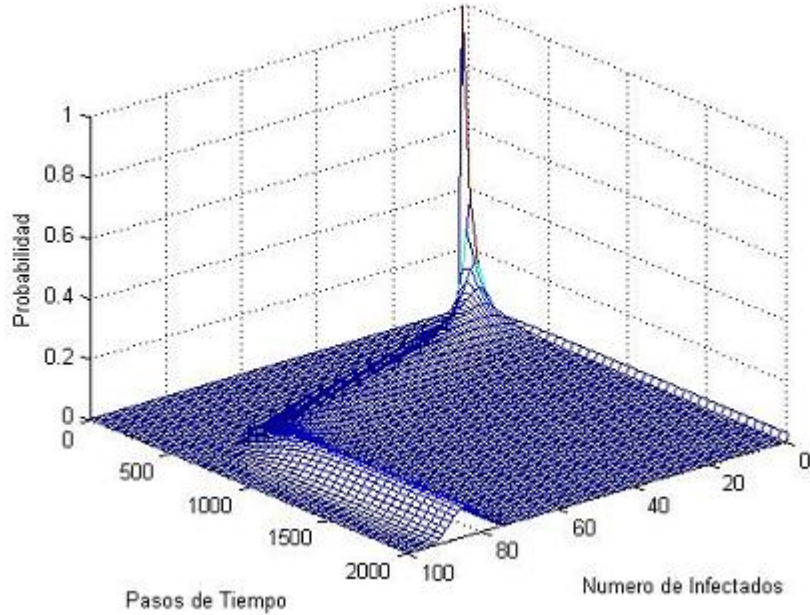


FIGURA 2.6. Distribución de Probabilidad de modelo epidemico SIS,  $Ro > 6$

$$p_{(s,i)}(t) = P\{S(t) = s, I(t) = i\}.$$

Este proceso bivariado posee la propiedad de Markov y es de tiempo homogéneo, las probabilidades de transición pueden ser definidas basadas en las suposiciones de la formulación determinística SIR. Primero asumimos que  $\Delta t$  puede ser elegido suficientemente pequeño de tal manera que a lo sumo un cambio de estado se produce durante el intervalo de tiempo  $\Delta t$ . En particular, puede ser una nueva infección, nacimiento, o recuperación. Las probabilidades de transición son denotadas de la siguiente manera:

$$p_{(s+k,i+j),(s,i)}(\Delta t) = P\{(\Delta S, \Delta I) = (k, j) | (S(t), I(t)) = (s, i)\},$$

donde  $\Delta S = S(t + \Delta t) - S(t)$ , por lo tanto,

$$(2.31) \quad p_{(s+k,i+j),(s,i)}(\Delta t) = \begin{cases} \beta is/N\Delta t, & (k,j) = (-1,1), \\ \gamma i\Delta t, & (k,j) = (0,-1), \\ bi\Delta t, & (k,j) = (1,-1), \\ b(N-s-i)\Delta t, & (k,j) = (1,0), \\ 1 - \beta is/N\Delta t - [\gamma i + b(N-s)]\Delta t, & (k,j) = (0,0), \\ 0, & \text{en otro caso.} \end{cases}$$

El paso de tiempo  $\Delta t$  debe ser elegido suficientemente pequeño para cada una de las probabilidades de transición se encuentren en el intervalo  $[0, 1]$ . Debido a que ahora los estados son pares ordenados, la matriz de transición en esta caso es mas compleja que la del modelo epidémico SIS y los estados  $(s, i)$  dependen de la forma en la cual están ordenados. Sin embargo, aplicando la propiedad de Markov. La ecuación diferencial es satisfecha por la probabilidad  $p_{(s,i)}(t + \Delta t)$  la cual puede ser expresada en términos de las probabilidades de transición,

$$(2.32) \quad \begin{aligned} p_{(s,i)}(t + \Delta t) &= p_{(s+1,i-1)}(t) \frac{\beta}{N} (i-1)(s+1)\Delta t + p_{(s,i+1)}(t) \gamma (i+1)\Delta t \\ &+ p_{(s-1,i+1)}(t) b(i+1)\Delta t + p_{(s-1,i)}(t) b(N-s+1-i)\Delta t \\ &+ p_{(s,i)}(t) \left( 1 - \left[ \frac{\beta}{N} is + \gamma i + b(N-s) \right] \Delta t \right). \end{aligned}$$

El digrafo asociado con las cadenas de Markov SIR se encuentra en una red de dos dimensiones. Es fácil demostrar que el estado  $(N, 0)$  es absorbente es decir la  $(P_{(N,0),(N,0)}(\Delta t) = 1)$  si sustituimos el estado  $(N, 0)$  en (2.31) para el caso  $(k, j) = (0, 0)$  y todos los otros estados son transitorios. Por lo tanto, asintóticamente todas las trayectorias de la muestra eventualmente se absorben en el estado libre de enfermedad  $(N, 0)$ .

Las ecuaciones diferenciales para la media y los momentos de orden superior son derivados de (2.32) como se hizo para el modelo epidémico SIS.

$$E(S(t)) = \sum_{s=0}^N s p_{(s,i)}(t) \quad \text{y} \quad E(I(t)) = \sum_{s=0}^N i p_{(s,i)}(t).$$

Sin embargo, estas ecuaciones diferenciales no pueden ser resueltas directamente, porque ellas dependen de los momentos de orden superior.



## Apéndice

El siguiente programa de Matlab fue usado para generar la distribución de probabilidad del DTMC SIS (2.4).

```
clear all
time=2000;
dt=0.01; beta=1*dt;
b=0.25*dt;
gama=0.25*dt;
N=100; Tamaño total de la poblacion
en=50; T=zeros(N+1,N+1); T es la matriz de transición definida, abajo
v=linspace(0,N,N+1);
p=zeros(time+1,N+1);
p(1,3)=1; Dos individuos inicialmente infectados
bt=beta*v.*(N-v)/N;
dt=(b+gama)*v;
for i=2:N T(i,i)=1-bt(i)-dt(i); Entradas diagonales de la matriz de transicion
T(i,i+1)=dt(i+1); Entradas super diagonales
T(i+1,i)=bt(i); Entradas sub diagonales
end
T(1,1)=1;
T(1,2)=dt(2);
T(N+1,N+1)=1-dt(N+1);
for t=1:time
```

---

```
y=T*p(t,:);  
p(t+1,:)=y;  
end  
pm(1,:)=p(1,:);  
for t=1:time/en;  
pm(t+1,:)=p(en*t,:);  
end  
ti=linspace(0,time,time/en+1);  
st=linspace(0,N,N+1);  
mesh(st,ti,pm);  
xlabel('número de infectados');  
ylabel('Pasos de tiempo');  
zlabel('Probabilidad');  
view(140,30);  
axis([0,N,0,time,0,1]);
```

## Conclusiones

El análisis de modelos epidémicos a través de métodos estocásticos, específicamente por medio de la teoría de cadenas de Markov proporcionan información mas precisa en el estudio asintótico de estos modelos mediante perturbaciones de los modelos determinísticos estudiados, donde los modelos determinísticos siguen siendo una herramienta de gran importancia en el estudio de dichos procesos epidémicos.

Mediante el estudio estocástico realizado en este proyecto pudimos ver que los procesos epidémicos SIS y SIR siempre alcanzan el estado libre de enfermedad sin importar el valor del número básico de reproducción aunque cabe señalar que este proceso puede ser extremadamente largo, este resultado complementa la información obtenida sobre estudio de los modelos determinísticos SIS y SIR.

Los resultados antes mencionados nos llevan a pensar que las enfermedades de transmisión sexual que puedan ser asociadas al modelo epidémico SIS con el pasar del tiempo eventualmente desaparecerán, lo mismo aplicaría a las enfermedades infantiles asociadas al modelo epidémico SIR, esta idea no resulta descabellada teniendo en consideración que por ejemplo cada vez es menos común escuchar acerca de casos de personas infectadas con Lechía o Rubeola.

Además hemos concluido que los resultados obtenidos a través de los modelos determinísticos, no dejan de ser utilidad para predecir el comportamiento de enfermedades epidémicas que se ajusten a los modelos epidémicos estudiados, a lo largo de este trabajo, por lo tanto es de vital importancia que los departamentos de salud estén al tanto de factores demográficos tales como la tasa de natalidad y el tamaño de la población, para de esta manera en el momento de presentarse algún tipo de amenaza epidémica tener la capacidad de reaccionar ágilmente determinando la tasa de contacto y recuperación asociadas al proceso epidémico que se desea

---

estudiar, y de esta manera ser capaces de predecir número de infectados a lo largo del tiempo, haciendo de esta manera posible medir el impacto de dicha enfermedad en la población y así establecer planes de acción o medidas sanitarias para controlar la epidemia en caso de ser necesario.

## Bibliografía

- [1] A. T. Bharucha-Reid, Elements of the Theory of Markov processes and Their Applications, Dover (1997), 9-56.
- [2] B. Di Prima, Ecuaciones Diferenciales y Problemas con Valores en la Frontera, Falta Año (473-490)
- [3] F. Brauer, P Van den Driessche, J. Wu, Mathematical Epidemiology, Mathematical Biosciences subseries 1945, (2008) 80-126.
- [4] L.J.S. Allen, Some discrete-time SI, SIR and SIS epidemic models, Math. Biosci. 124 (1994) 83.
- [5] L. J .S. Allen, A. M. Burgin, Comparisson of deterministic and stochastic SIS and SIR models in discrete time, Mathematical Biosciences 163 (2000) 1-33.
- [6] L.J.S. Allen, Some discrete-time SI, SIR and SIS epidemic models, Math. Biosci. 124 (1994) 83.
- [7] S. M. Ross, Introduction to Probability Models, Ninth Edition, ELSEVIER,(2007) 189-195.