

# **El valor optimo del indice de comportamiento**

Irasema Pedroza Meza

2024-12-08

# Tabla de contenidos

<b>Prefacio</b>	<b>3</b>
<b>1 Introducción</b>	<b>4</b>
<b>2 Formulación del Proceso de Decisión de Markov</b>	<b>5</b>
<b>3 Dinámica del Modelo</b>	<b>7</b>
<b>4 Descripción y justificación del costo</b>	<b>9</b>
<b>5 Justificación de las acciones</b>	<b>10</b>
<b>6 Simulaciones del proceso de Markov</b>	<b>11</b>

# **Prefacio**

En este libro se desarrollara el proyecto de la clase de Aprendizaje Reforzado.

# 1 Introducción

En la literatura existen una variedad de modelos tipo SIRS en los cuales consideran la vacunación como medida de prevención para el control de enfermedades (Kribs-Zaleta y Velasco-Hernández 2000) . Sin embargo, este medio de control llega a presentar algunas fallas como son: la falla de grado, falla en la toma y falla en la duración (McLean y Blower 1993). En la modelación de enfermedades respiratorias con ecuaciones diferenciales, se suele considerar que las vacunas tienen una falla tipo de grado (Arino, McCluskey, y Driessche 2003). Por otro lado, (Pedroza-Meza, Velasco-Hernández, y Acuña-Zegarra 2025), proponen un modelo de ecuaciones diferenciales donde consideran que la vacuna tiene los tre tipos de fallas.

En este ultimo trabajo, proponen un índice de comportamiento ( $\psi$ ) el cual permite medir que tan riguroso pueden seguir las medidas de prevención una vez que son vacunados. En el modelo que proponen este índice solo afecta a los vacunados no inmunes ya que supone que los vacunados que generan inmunidad no se pueden infectar. En este trabajo se desarrollará un proceso de decisión de Markov diseñado para identificar el conjunto de valores de  $\psi$  que minimice la cantidad de infectados al finalizar un año (Sutton 2018).

## 2 Formulación del Proceso de Decisión de Markov

Los estados de nuestro proceso de decisión de Markov representarán la proporción de la población en cada categoría del modelo propuesto por (Pedroza-Meza, Velasco-Hernández, y Acuña-Zegarra 2025):

- $S_t$ : Fracción de susceptibles en el tiempo  $t$ .
- $V_{+t}$ : Fracción de vacunados inmunes en el tiempo  $t$ .
- $V_{-t}$ : Fracción de vacunados no inmunes en el tiempo  $t$ .
- $I_t$ : Fracción de infectados en el tiempo  $t$ .
- $R_t$ : Fracción de recuperados en el tiempo  $t$ .

El estado global del sistema en el tiempo  $t$  se presenta como

$$x_t = (S_t, V_{+t}, V_{-t}, I_t, R_t)$$

El escenario que consideraremos para cada  $t \in 0, 1, \dots, N$  para el proceso de Markov:

- $x_t$ : representa la dinámica de la enfermedad en el tiempo  $t$ .
- $a_t$ : representa en qué escenario del índice de comportamiento se encuentra la población en el tiempo  $t$ .

Algunos supuestos que estaremos considerando para nuestro proceso son:

- Las personas cambian su comportamiento en el tiempo  $t$  de forma instantánea.
- Las únicas personas que pueden cambiar su comportamiento son los vacunados no inmunes.
- Supondremos que las personas cambian su comportamiento bajo una distribución uniforme  $[0.5, 2]$ .

Bajo los supuestos anteriormente mencionados, consideramos el siguiente Modelo de Control de Markov.

$$(\mathbf{X}, \{A(x) : x \in X\}, \mathbf{P}, \mathbf{C})$$

donde  $\mathbf{X}$  es el espacio de los estados,  $\{A(x) : x \in X\}$  es el espacio de las acciones admisibles,  $\mathbf{P}$  es la ley de transición de modelo y  $\mathbf{C}$  es la función de costo.

En la siguiente figura se ilustra el cambio de un estado a otro por las acciones admisibles. Desarrollaremos la dinámica de la cadena de Markov en las siguientes secciones.

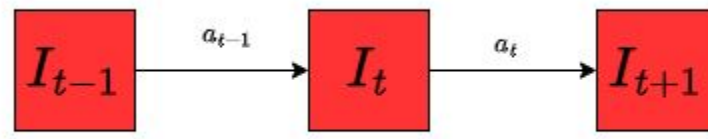


Figura 2.1: Diagrama del cambio de un estado a otro.

### 3 Dinámica del Modelo

En esta sección veremos cómo evoluciona el sistema a través del tiempo  $t$ . La dinámica de la enfermedad está representando por la siguiente cadena de Markov

- $S_{t+1} = \mu - \beta S_t I_t - (\mu + \phi) S_t + \omega V_{+t} + \xi R_t$
- $V_{+t+1} = \phi_+ S_t - (\mu + \omega) V_{+t}$
- $V_{-t+1} = \phi_- S_t - \psi(1 - \sigma)\beta V_{-t} I_t - \mu V_{-t}$
- $I_{t+1} = \beta S_t I_t + \psi(1 - \sigma)\beta V_{-t} I_t - (\mu + \gamma) I_t$
- $R_{t+1} = \gamma I_t - (\mu + \xi) R_t$

En la siguiente figura es una representación de la cadena de Markov descrita anteriormente.

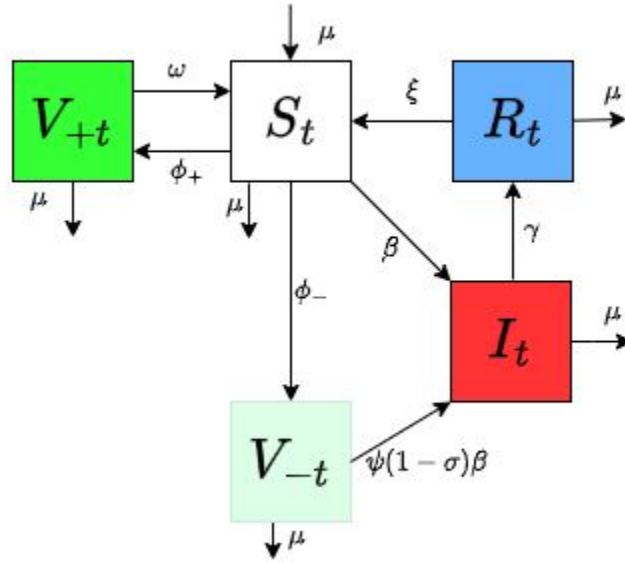


Figura 3.1: Diagrama de la cadena de Markov en el tiempo  $t$

Las acciones representan los valores del índice de comportamiento ( $\psi$ ). Supondremos que los valores del índice de comportamiento están restringidos al intervalo  $[0.5, 2]$ . Las acciones consideradas en nuestro modelo están divididas en tres principales acciones:

- Si  $\psi \in [0.5, 0.9)$  entonces diremos que las personas se portan bien, es decir, que las personas siguen las medidas de prevención de forma estricta.
- Si  $\psi \in [0.9, 1.2]$  entonces diremos que las personas se portan normal, es decir, que las personas siguen las medidas de prevención.
- Si  $\psi \in (1.2, 2]$  entonces diremos que las personas se portan mal, es decir, que las personas no siguen las medidas de prevención.

Supondremos que las personas toman decisiones diarias mediante una distribución  $x_t \sim Uni[0.5, 2]$  el periodo de observación será de un año. Como se ha mencionado con anterioridad el objetivo de este trabajo es encontrar el valor de  $\psi$  que permita tener la incidencia acumulada más pequeña al final del año. Entonces la probabilidad de tener  $i$  de incidencia acumulada y cambiar el comportamiento  $\alpha$  en el tiempo  $t$  y pasar al estado  $j$  está dada por:

$$P_{ij}(\alpha) = P[x_{t+1} = j | x_t = i, a_t = \alpha]$$



## 4 Descripción y justificación del costo

En las secciones anteriores hemos mencionado que el objetivo es disminuir la incidencia acumulada en el tiempo  $t = 365$ . Por lo tanto, proponemos que la función de costo este dado por el costo de la enfermedad ( $C_I$ ) y costo de vacunas con falla en la toma ( $C_V$ ) sea

$$C_I(t) = c_i I_t$$

donde  $c_i$  es el costo unitario por persona infectada y  $I_t$

$$C_{V-}(t) = c_v \phi_- V_-$$

$c_v$  es el costo de generar vacunas con falla en la toma y  $\phi_- S$  es el número de susceptibles vacunados que no generan inmunidad. Ahora podemos calcular el impacto global que es:

$$C(t) = C_I(t) + C_{V-}(t)$$

Entonces el costo total esta dado por  $C_{total} = \sum_{t=0}^{365} (0.5)^2 C(t)$

Las recompensas estarán determinadas mediante las acciones tomadas en el estado anterior. En la siguiente sección profundizaremos sobre las acciones y las recompensas que proponemos que se consideren esta clase de modelos.

## 5 Justificación de las acciones

En la sección 3 se observó como el conjunto principal de acciones que se consideran esta dada por intervalos. Consideramos que los valores de  $\psi$  va aumentando o disminuyendo en 0.1. Lo que nos lleva

- **Portarse bien:** serán los valores cuando  $\psi = 0.5, 0.6, 0.7$  o  $\psi = 0.8$
- **Portarse normal:** serán los valores cuando  $\psi = 0.9, 1, 1.2$
- **Portarse mal:** serán los valores cuando  $\psi = 1.3, 1.4, \dots$  o  $\psi = 2$

Cada una de estas acciones deben tener una recompensa y estara dada por la siguiente tabla

$X_t$	$X_{t+1}$	Recompesa
Portarse bien	Portarse bien	-0.5
Portarse bien	Portarse normal	1
Portarse bien	Portarse mal	2
Portarse normal	Portarse bien	0.5
Portarse normal	Portarse normal	1
Portarse normal	Portarse mal	-0.5
Portarse mal	Portarse bien	1
Portarse mal	Portarse normal	0.5
Portarse mal	Portarse mal	-1

## 6 Simulaciones del proceso de Markov

Hemos realizado simulaciones utilizando el programa R, el cual nos permitirá visualizar el proceso de toma de decisiones en cada caso, i.e., si las personas siguieron o abandonaron las medidas de prevención. Además, mostraremos cómo son las recompensas asociadas a estas acciones.

Primero, definiremos la función que almacenará nuestro sistema de ecuaciones diferenciales.

```
EDO_SVVIR_Normalizado <- function(Time, State, Pars) {  
  with(as.list(c(State, Pars)), {  
    dS <- mu - (vbeta * S * I) - (mu + phi) * S + (omega * V_plus) + (xi * R)  
    dV_plus <- phi_plus * S - (mu + omega) * V_plus  
    dV_minus <- phi_minus * S - ((c * vbeta) * (V_minus * I)) - mu * V_minus  
    dI <- (vbeta * S * I) + ((c * vbeta) * (V_minus * I)) - (mu + vgamma) * I  
    dR <- (vgamma * I) - (mu + xi) * R  
  
    return(list(c(dS, dV_plus, dV_minus, dI, dR)))  
  })  
}
```

Ahora definiremos los valores de los parámetros necesarios para el sistema de ecuaciones diferenciales

```
# Limpiar la memoria de las variables  
rm(list = ls())  
  
# Paquetes necesarios para simulación  
library(deSolve)  
library(plotly)  
  
# Sistema de ecuaciones  
source("EDO_SVVIR_Normalizado.R", local = FALSE)  
  
# Parámetros iniciales  
mu <- 1 / (70 * 365)  
omega <- 0.02
```

```

vgamma <- 1 / 14
p <- 0.7
vsigma <- 0.75
p_e <- p * vsigma
vT <- 35
phi_plus <- (-log(1 - p_e)) / vT
phi_minus <- (1 / vT) * log((1 - p_e) / (1 - p))
phi <- phi_plus + phi_minus
xi <- 1 / 30
vbeta <- 0.270

```

En el siguiente código, mostraremos los pasos a seguir para realizar las simulaciones del proceso de Markov.

```

# Simulaciones del modelo
for (k in 1:n) {
  t0 <- 0
  T0 <- 65
  t <- 1
  RejillaTiempo <- seq(from = t0, to = T0, by = 1 / t)

  vecTime <- numeric()
  velec <- character()
  vpsi <- numeric()

  psi0 <- runif(1, 0.5, 2)
  vpsi[1] <- psi0
  c <- (1 - vsigma) * psi0

  vpar <- c(
    vbeta = vbeta, mu = mu, phi = phi, omega = omega,
    xi = xi, phi_plus = phi_plus, phi_minus = phi_minus,
    c = c, vgamma = vgamma
  )

  outSVVIR <- ode(yinicial, RejillaTiempo, EDO_SVVIR_Normalizado, vpar, method = "lsoda")
  vPI <- numeric()
  vPI[1] <- outSVVIR[T0, 5] * 10000

  velec[1] <- if (0.5 < psi0 && psi0 < 0.9) {
    "bien"
  } else if (0.9 <= psi0 && psi0 <= 1.2) {

```

```

    "normal"
  } else {
    "mal"
  }

  vecTime[1] <- T0

  for (i in 1:3) {
    T0 <- 65 + (100 * i)
    RejillaTiempo <- seq(from = t0, to = T0, by = 1 / t)
    vecTime[i + 1] <- T0

    psi0 <- runif(1, 0.5, 2)
    c <- (1 - vsigma) * psi0
    vpsi[i + 1] <- psi0

    vpar <- c(
      vbeta = vbeta, mu = mu, phi = phi, omega = omega,
      xi = xi, phi_plus = phi_plus, phi_minus = phi_minus,
      c = c, vgamma = vgamma
    )

    outSVVIR <- ode(yinicial, RejillaTiempo, EDO_SVVIR_Normalizado, vpar, method = "lsoda")
    vPI[i + 1] <- outSVVIR[T0, 5] * 10000

    velec[i + 1] <- if (0.5 < psi0 && psi0 < 0.9) {
      "bien"
    } else if (0.9 <= psi0 && psi0 <= 1.2) {
      "normal"
    } else {
      "mal"
    }
  }

  MPI[, k] <- vPI
  Mpsi[, k] <- vpsi
  Mnames[, k] <- velec
}

```

Siguiendo los códigos anteriores, podemos desarrollar las simulaciones necesarias para ilustrar la dinámica del proceso de Markov. En el siguiente escenario, se toma una decisión cada 100 días durante un año, y cada simulación representa un año diferente. En la siguiente gráfica, se

muestran los diferentes valores de  $\psi$  asociados a las decisiones tomadas por las personas, ya sea seguir o no las medidas de prevención

En la siguiente gráfica, mostramos cómo serían las recompensas correspondientes a cada una de las decisiones tomadas. Estas recompensas están relacionadas con la tabla presentada en la Sección 5 de este documento.

Finalmente, en esta última figura se muestran las consecuencias de tomar ese conjunto de decisiones en la prevalencia de la enfermedad.

Con las figuras anteriores, se puede observar cómo los años 2 y 3 pueden tener la misma recompensa, aunque la selección de los valores de  $\psi$  sea diferente. Finalmente, concluimos este proyecto con un video que explica en detalle los resultados mencionados.

[https://www.youtube.com/watch?v=TGxwYWF3zRI&ab\\_channel=IrasemaPedrozaMeza](https://www.youtube.com/watch?v=TGxwYWF3zRI&ab_channel=IrasemaPedrozaMeza)

Arino, Julien, C Connell McCluskey, y Pauline van den Driessche. 2003. «Global results for an epidemic model with vaccination that exhibits backward bifurcation». *SIAM Journal on Applied Mathematics* 64 (1): 260-76.

Kribs-Zaleta, Christopher M, y Jorge X Velasco-Hernández. 2000. «A simple vaccination model with multiple endemic states». *Mathematical biosciences* 164 (2): 183-201.

McLean, Angela Ruth, y Sally M Blower. 1993. «Imperfect vaccines and herd immunity to HIV». *Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences* 253 (1336): 9-13.

Pedroza-Meza, Irasema, Jorge X Velasco-Hernández, y M Adrian Acuña-Zegarra. 2025. «Multiple endemic equilibria in the presence of imperfect vaccine coverage». *Mathematical biosciences* 164 (2).

Sutton, Richard S. 2018. «Reinforcement learning: An introduction». *A Bradford Book*.

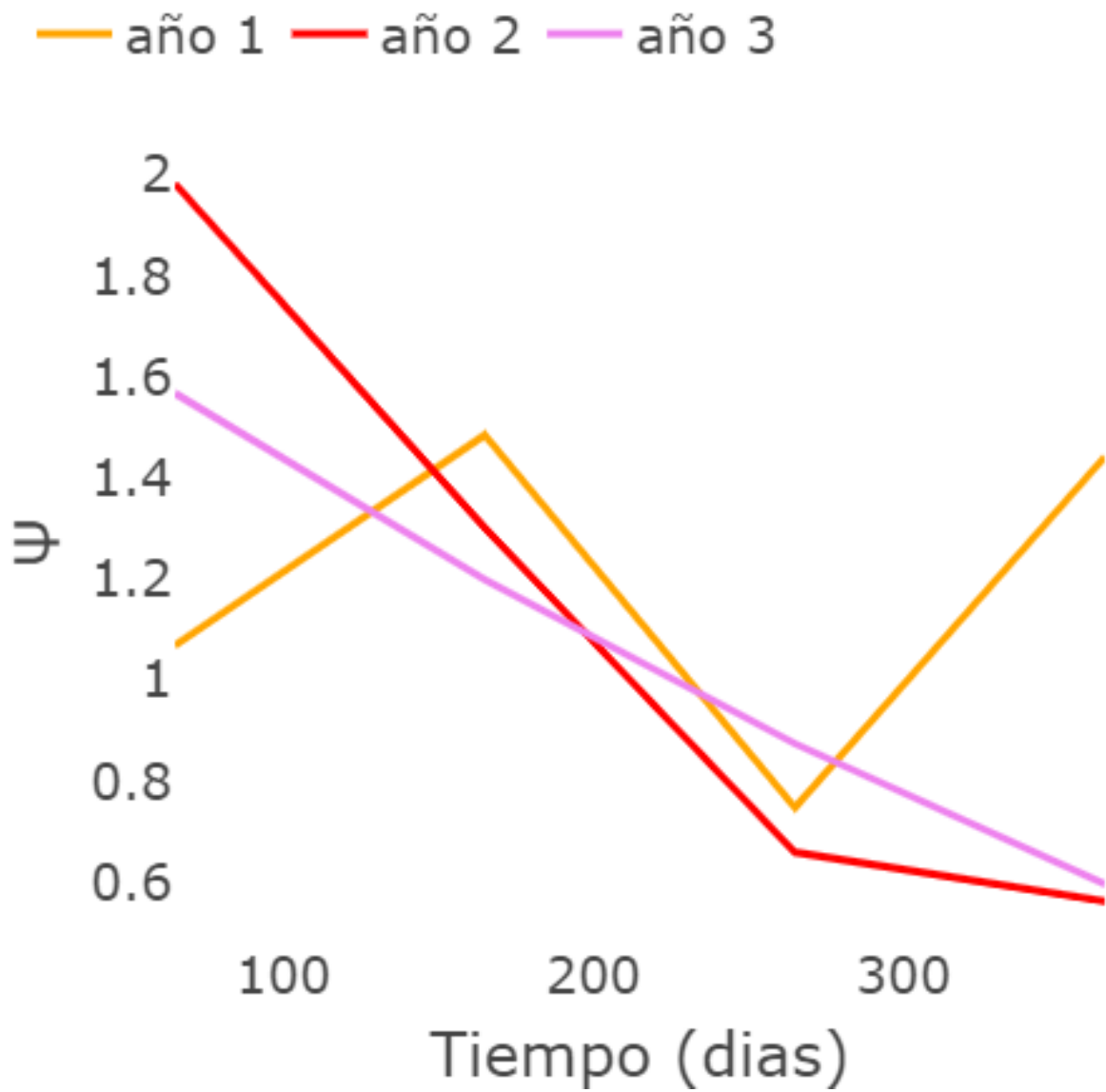


Figura 6.1: Graficas de los valores de  $\psi$ .

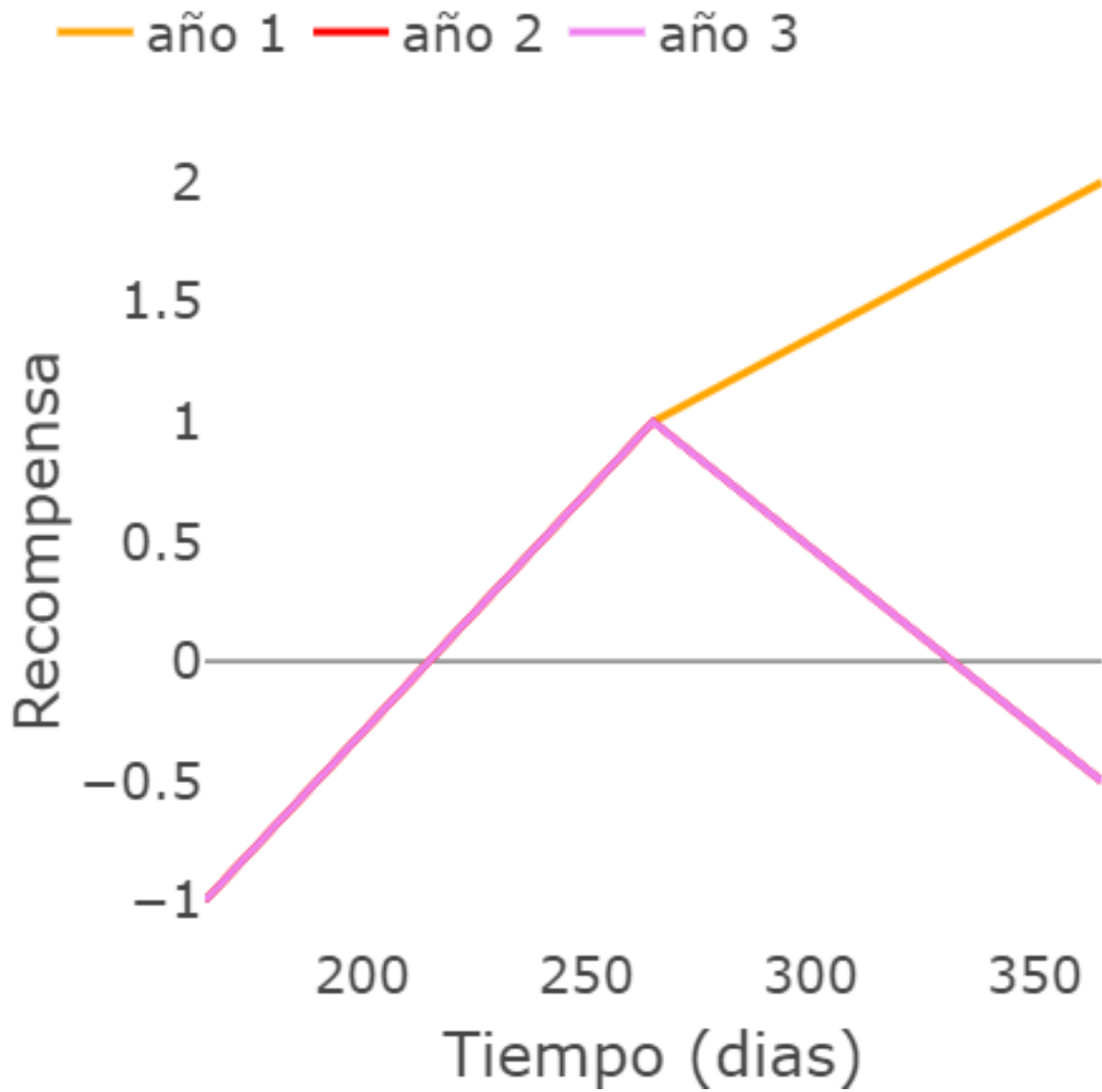


Figura 6.2: Se muestra las diferentes recompensas para cada uno de los valores de  $\psi$ .



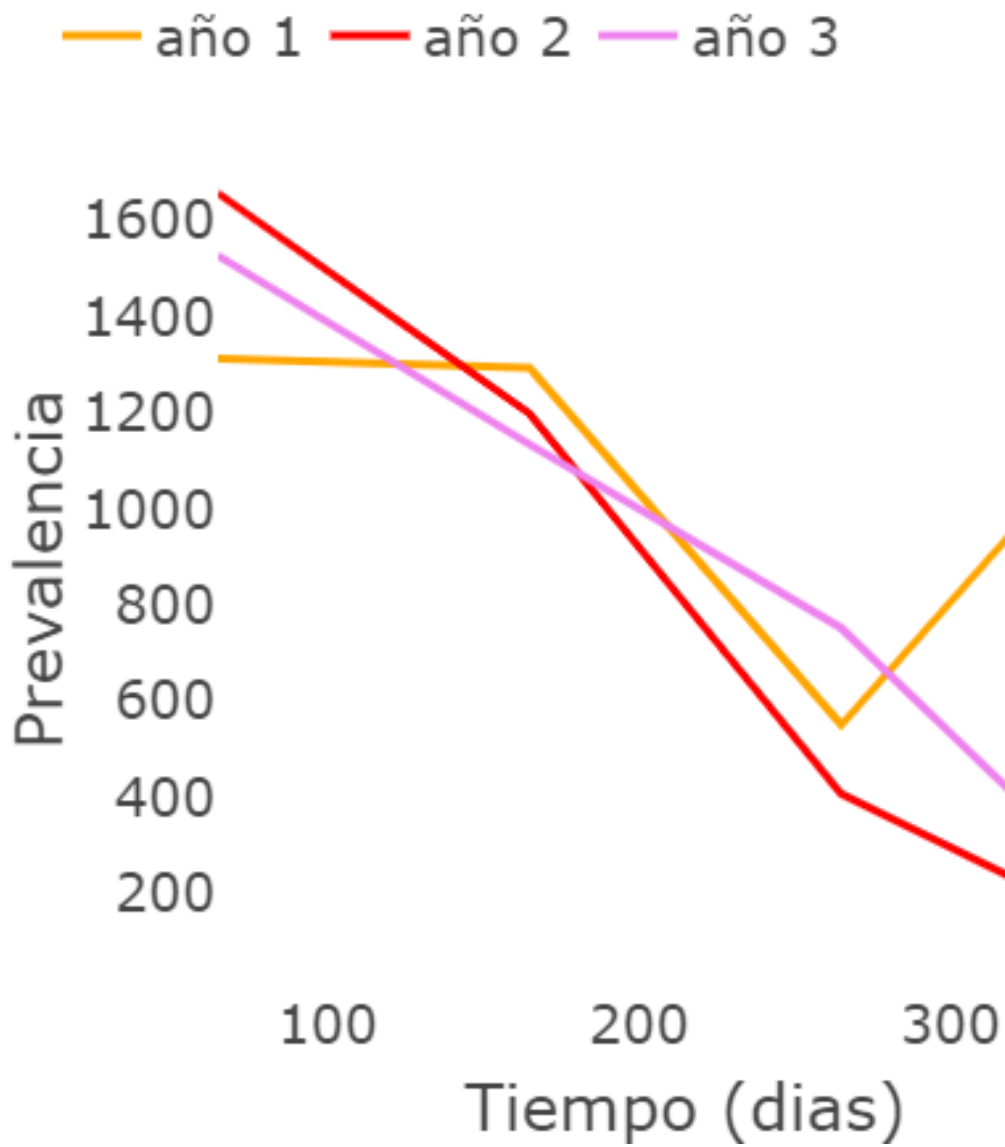


Figura 6.3: La prevalencia de la enfermedad en cada año.