

# Modelo epidemiológico con particle MCMC

## Proyecto final

Expositores: Matías Ortiz, Diego Olguín



Universidad de Chile  
Facultad de Ciencias Físicas y Matemáticas  
Departamento de Ingeniería Matemática

22 de diciembre de 2022

- 1 Modelo epidemiológico
  - Modelo de Reed-Frost
- 2 Particles filters
  - Hidden Markov Process
  - PMCMC y SMC
  - Resampling
  - Warm Up
- 3 Resultados
  - Convergencia de las curvas y estimación de casos diarios

# Modelo de Reed-Frost

- En un principio existe una población susceptible y una cantidad pequeña de infectados.
- Eventualmente los infectados contagian a los susceptibles.
- Llamamos  $S_n$  a la cantidad de susceptibles en el día  $n$  y  $I_n$  la cantidad de infectados en el día  $n$ , donde

$$\text{Ley}(I_{n+1}|\mathcal{F}_n) = \text{Bin}(S_n | 1 - p_n), \quad S_{n+1} = S_n - I_{n+1}$$

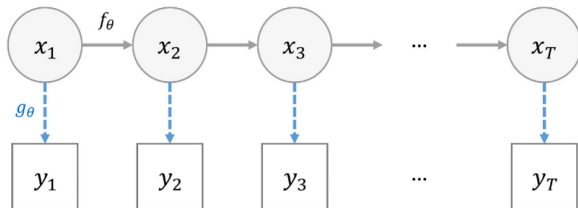
y  $\mathcal{F}_n$  es la filtración asociada a la cadena hasta el tiempo  $n$  y  $p_n = (1 - p)^{I_n}$ . Este  $p \in [0, 1]$  será el parámetro bajo estimación.

- Supondremos que no somos capaces de observar todos los casos diarios, es decir que hay una probabilidad de observación o subreporte  $p_{obs} \in [0, 1]$ .
- Debido a esto trabajamos con una Cadena de Markov Oculta  $(X_n, Y_n)$  dada por

$$X_n = (S_n, I_n), \quad Y_n \sim \text{NegBin}(\text{mean} = I_n \cdot p_{obs}, \text{size} = s)$$

- $s$  será un parámetro que asumimos conocido, al igual que  $p_{obs}$ .

# Intución de los Hidden Markov Processes



**Figura 1:** Estructura de un Hidden Markov Process genérico

# Particle Markov Chain Monte Carlo (PMCMC)

- Dirigido principalmente a Hidden Markov Process (HMP).
- Especialmente adecuado a la inferencia de datos de series temporales.
- Eficiencia en el subreporte
- ¿Por qué no usar el MCMC clásico?
- Comprende un reto y costo computacional mayor.

# Sequential Monte Carlo (SMC) o Filtrado de Partículas

- Se invocará en la implementación de PMCMC para aproximar la probabilidad marginal.
- El mayor reto en la inferencia de HMP es samplear eficientemente las variables de estado ocultas.
- PMCMC invoca a SMC y dado el parámetro  $\theta$  actual y los datos  $y_{1:T}$  SMC produce un conjunto de muestras para las series temporales  $\{X_{1:T}\}$  (trayectorias) y la correspondiente probabilidad marginal  $p(y_{1:T}|\theta)$  secuencialmente.
- Muestreo por pasos de  $x_t$  utilizando la observación  $y_t$  en cada paso temporal.
- Así el PMCMC aprovecha este muestreo 'por pasos' hecho por el SMC
- Las muestras  $X_t$  en cada paso de tiempo se denominan las partículas

# Implementación PMCMC

```
1:  $\theta^{(0)} \leftarrow \theta^0$ 
2:  $(\hat{p}_\theta(y_{1:T}), \{X_{1:T}\}) \leftarrow SMC(\theta^{(0)})$ 
3:  $\pi^{(0)} \leftarrow \hat{p}_\theta(y_{1:T})$ 
4: samplear una muestra  $x_{1:T}^{(0)} \sim \{X_{1:T}\}$ 
5: for  $n = 1, \dots, N$  : do
6:    $\theta^{*(n)} \sim q(\cdot | \theta^{(n-1)})$ 
7:    $(\hat{p}_{\theta^*}(y_{1:T}), \{X_{1:T}^*\}) \leftarrow SMC(\theta^{*(n)})$ 
8:    $\pi^{*(n)} \leftarrow \hat{p}_{\theta^*}(y_{1:T})$ 
9:   elegir aleatoriamente una trayectoria  $x_{1:T}^*$  de  $\{X_{1:T}^*\}$ 
10:   $U \leftarrow \min\left(1, \frac{\pi^{*(n)}}{\pi^{(n-1)}} \cdot \frac{q(\theta^{(n-1)} | \theta^{*(n)})}{q(\theta^{*(n)} | \theta^{(n-1)})}\right)$ 
11:   $u \leftarrow \text{Uniforme}(0, 1)$ 
12:  if  $u \leq U$  then
13:     $(\theta^{(n)}, x_{1:T}^{(n)}, \pi^{(n)}) \leftarrow (\theta^{*(n)}, x_{1:T}^*, \pi^{*(n)})$ 
14:  else
15:     $(\theta^{(n)}, x_{1:T}^{(n)}, \pi^{(n)}) \leftarrow (\theta^{(n-1)}, x_{1:T}^{(n-1)}, \pi^{(n-1)})$ 
16:  end if
17: end for
```

**Algoritmo 1:** Pseudocódigo para PMCMC



# Implementación SMC (with bootstrap filter)

```
1: INPUT:  $\theta, M$ 
2:  $X_1^{(i)} \sim p_\theta(x_1)$ , for  $i=1, \dots, M$ 
3:  $w_1^{(i)} \leftarrow g_\theta(y_1 | X_1^{(i)})$ , for  $i=1, \dots, M$ 
4:  $I^{(i)} \leftarrow \text{Resampling}(\bar{w}_1)$ , for  $i=1, \dots, M$ 
5:  $(X_1^{(i)}, l_1) \leftarrow (X_1^{I^{(i)}}, \sum_{i=1}^N w_1^{(i)})$ 
6: for  $t = 2, \dots, T$  : do
7:    $X_t^{(i)} \sim f_\theta(\cdot | X_{t-1}^{(i)})$  for  $i=1, \dots, M$ 
8:    $w_t^{(i)} \leftarrow g_\theta(y_t | X_t^{(i)})$ , for  $i=1, \dots, M$ 
9:    $I^{(i)} \leftarrow \text{Resampling}(\bar{w}_t)$ , for  $i=1, \dots, M$ 
10:   $X_t^{(i)} \leftarrow X_t^{I^{(i)}}$ 
11: end for
```

**Algoritmo 2:** Pseudocódigo para SMC

- Durante la ejecución de SMC, puede que algunos pesos queden muy pequeños, lo que provoca que el algoritmo se caiga, sea inestable o que haya partículas que en la práctica no se están utilizando, ya que tienen un peso muy bajo.
- Es por ello que la idea es volver a samplear de alguna forma partículas con pesos muy pequeños (resampling).

# Multinomial Resampling

- 1: INPUT:  $\bar{w} = (w^{(1)}, \dots, w^{(N)})$
- 2: **for**  $i = 1, \dots, N$  : **do**
- 3:    $u \leftarrow \text{Uniforme}(0, 1)$
- 4:    $I^{(i)} \leftarrow \min\{k \in \mathbb{Z} \mid u \leq \sum_{j=1}^k w^{(j)}\}$
- 5: **end for**

**Algoritmo 3:** Pseudocódigo para Multinomial Resampling

# Systematic Resampling

```
1: INPUT:  $\bar{w} = (w^{(1)}, \dots, w^{(N)})$   
2: for  $i = 1, \dots, N$  : do  
3:    $u \leftarrow \text{Uniforme}(0, 1)$   
4:    $I^{(i)} \leftarrow \min\{k \in \mathbb{Z} \mid \frac{i-1+u}{N} \leq \sum_{j=1}^k w^{(j)}\}$   
5: end for
```

**Algoritmo 4:** Pseudocódigo para Systematic Resampling

- En las primeras iteraciones, el parámetro estimado estará muy lejos del real.
- Se le dará al algoritmo una cantidad pequeña de iteraciones para que pueda acercarse más al parámetro y real y así poder dar un valor promedio mucho más representativo.

# Objetivos para este modelo

- Se busca estimar  $p$ , se utilizarán  $p_{obs} = 0.05$ ,  $s = 3$ .
- Se genera un dataset simulado con el modelo original (considerando el subreporte) a 40 unidades de tiempo y que tendrá un valor de  $p = 0.00015$ . Los métodos se deberían acercar a este valor.
- Valor inicial:  $p_0 = 0.0001$ .
- En cada iteración se actualiza el parámetro como el parámetro anterior más una normal centrada en 0.0001 y desviación estándar de  $10^{-5}$ .
- Se comparan los 3 métodos de resampling y se observan los resultados obtenidos.

# Ejecución de PMCMC con distintos resamplers

- Se utilizaron 300 iteraciones, de la cuales 50 son de *warm up*, con 2000 partículas.

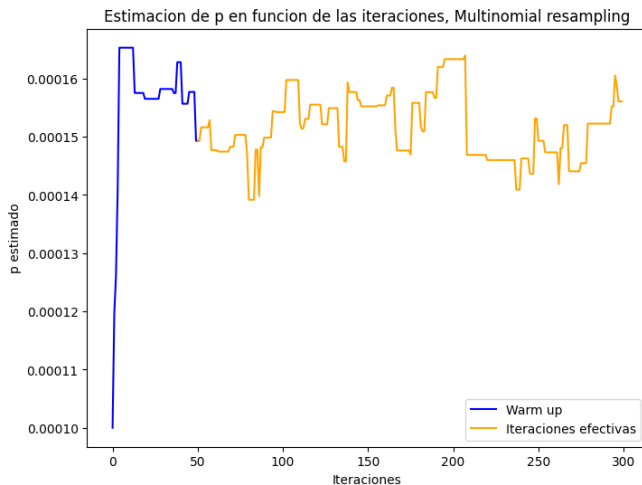
Resampler	$p$ estimado (IC 95 %)
Multinomial	0.0001515 (0.0001409, 0.0001633)
Systematic	0.0001512 (0.0001410, 0.0001654)
Sin resampling	0.00015499 (0.0001461, 0.0001633)

**Tabla 1:** Estimaciones de  $p$  para los distintos resamplers, con intervalo de confianza del 95 %.

Resampler	Tiempo de ejecución [segundos]
Multinomial	373.45
Systematic	359.69
Sin resampling	36.64

**Tabla 2:** Tiempo de ejecución de los distintos resamplers.

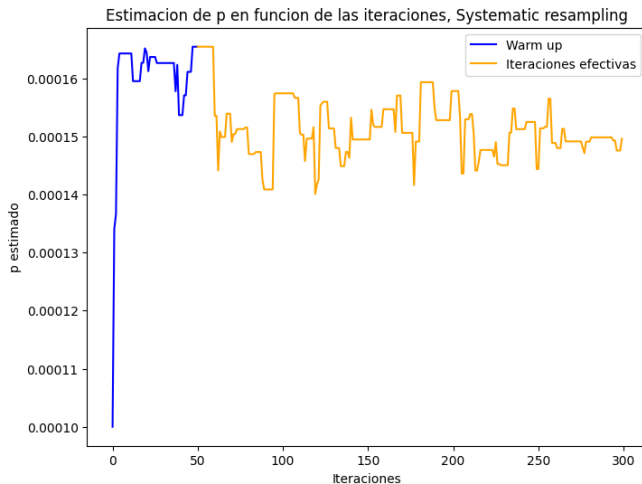
# Convergencia del parámetro con Multinomial resampling



**Figura 2:** Convergencia del parámetro, multinomial resampling.

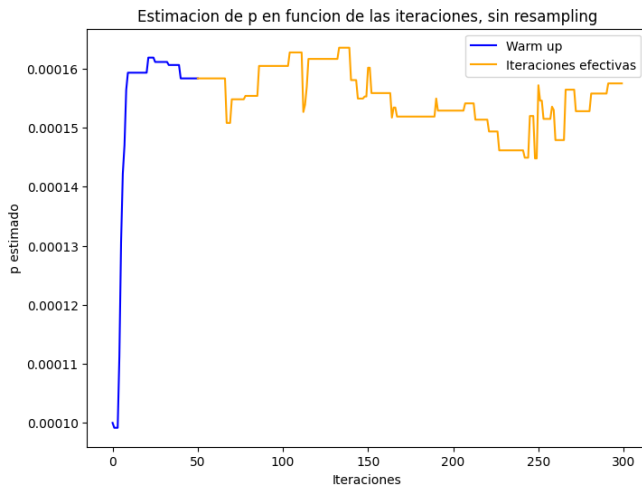


# Convergencia del parámetro con Systematic resampling



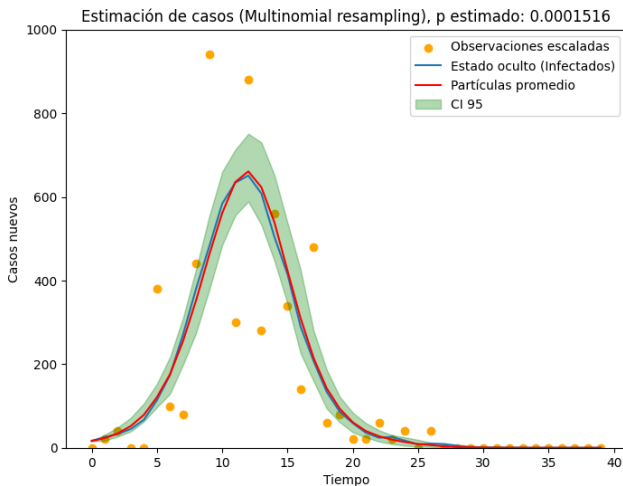
**Figura 3:** Convergencia del parámetro, systematic resampling.

# Convergencia del parámetro sin resampling



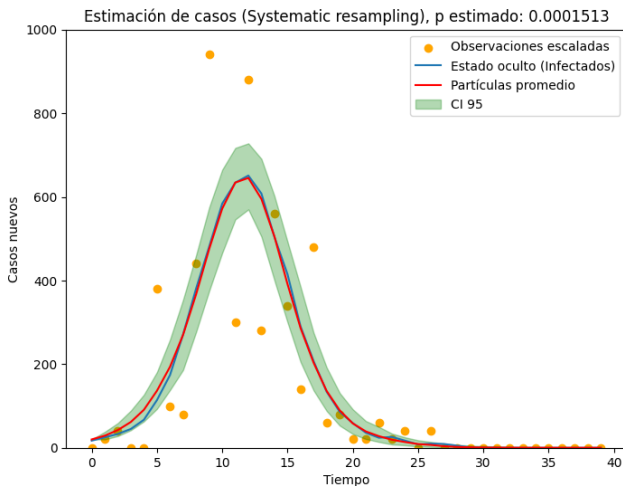
**Figura 4:** Convergencia del parámetro, sin resampling.

# Estimación de contagios con Multinomial resampling



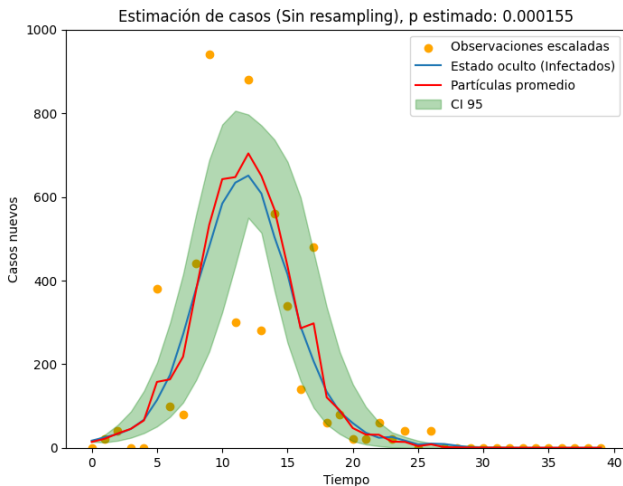
**Figura 5:** Estimación para los contagios, multinomial resampling.

# Estimación de contagios con Systematic resampling



**Figura 6:** Estimación para los contagios, systematic resampling.

# Estimación de contagios sin resampling



**Figura 7:** Estimación para los contagios, sin resampling.

# Error cuadrático medio de las estimaciones

Resampler	ECM
Multinomial	112.97
Systematic	78.66
Sin resampling	731.49

**Tabla 3:** Error cuadrático medio de las estimaciones con los tres resamplers.

# Distribución de los pesos con las iteraciones

- Multinomial y Systematic en efecto son los mejores métodos. Junto a ello son aquellos con mayor tiempo de ejecución.
- A pesar de ello no hacer resampling no se escapa tanto del parámetro real, pero la curva no acerca correctamente al modelo real.
- Se puede observar la relevancia de los métodos de resampling en la estabilidad en los pesos, en particular, en que los pesos que avanzan a las siguientes iteraciones no tienen un valor muy pequeño.





Akira Endo, Edwin van Leeuwen, Marc Baguelin, Introduction to particle Markov-chain Monte Carlo for disease dynamics modellers, *Epidemics*, Volume 29, 2019, 100363, ISSN 1755-4365, <https://doi.org/10.1016/j.epidem.2019.100363>.



Doucet, Arnaud & Johansen, Adam. (2009). A Tutorial on Particle Filtering and Smoothing: Fifteen Years Later. *Handbook of Nonlinear Filtering*. 12.



F. Ball and T. Britton and C. Laredo and E. Pardoux and D. Sirl and V. C. Tran. *Stochastic Epidemic Models with Inference*, *Lecture Notes in Statistics*, Vol. 2255, *Mathematical Biosciences Subseries*, T. Britton and E. Pardoux eds. Springer, 2019.

¡Gracias por su atención!