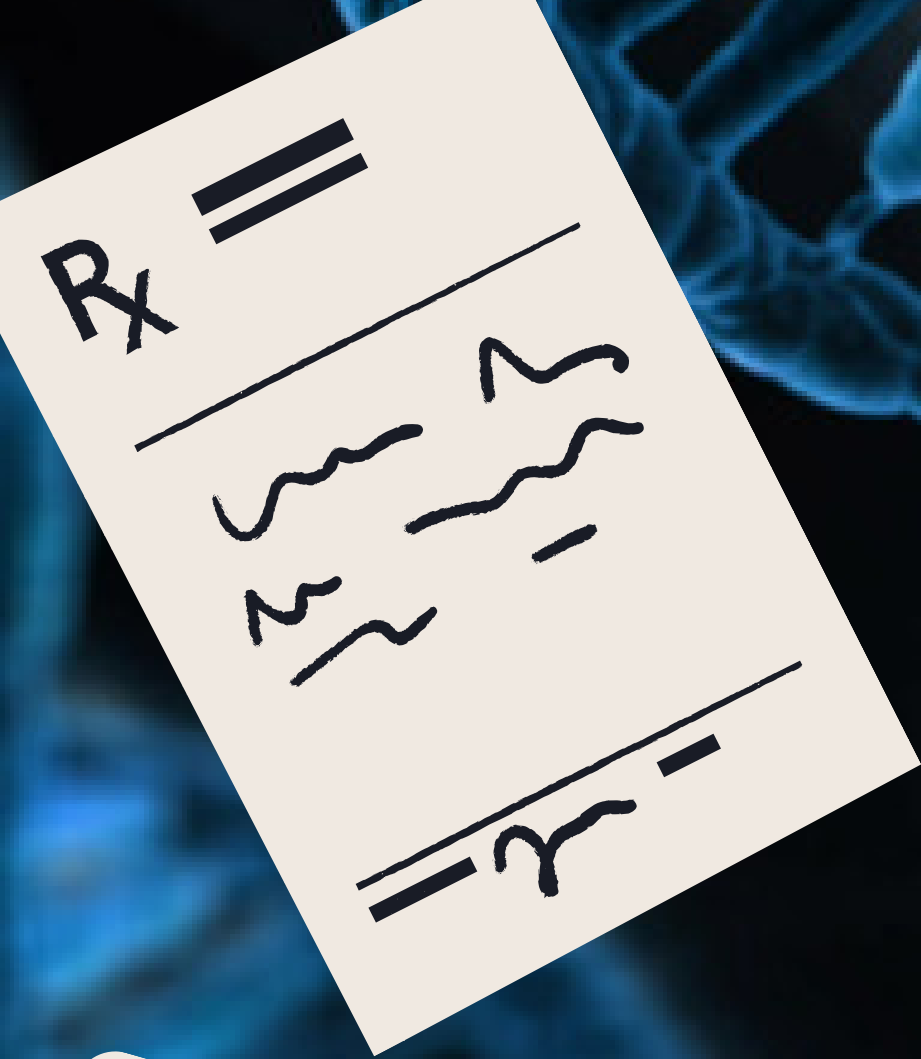


Simulación de ecosistemas con cadenas de Markov



Acosta Imandt Daniel
Ayala Salcedo Marlene Viviane
Sánchez Hatadi Luis Octavio



Un poco de cadenas de Markov



Una cadena de Markov $(X_n)_{n \geq 0}$ es un proceso estócastico en tiempo discreto donde cada (X_n) tiene soporte discreto.

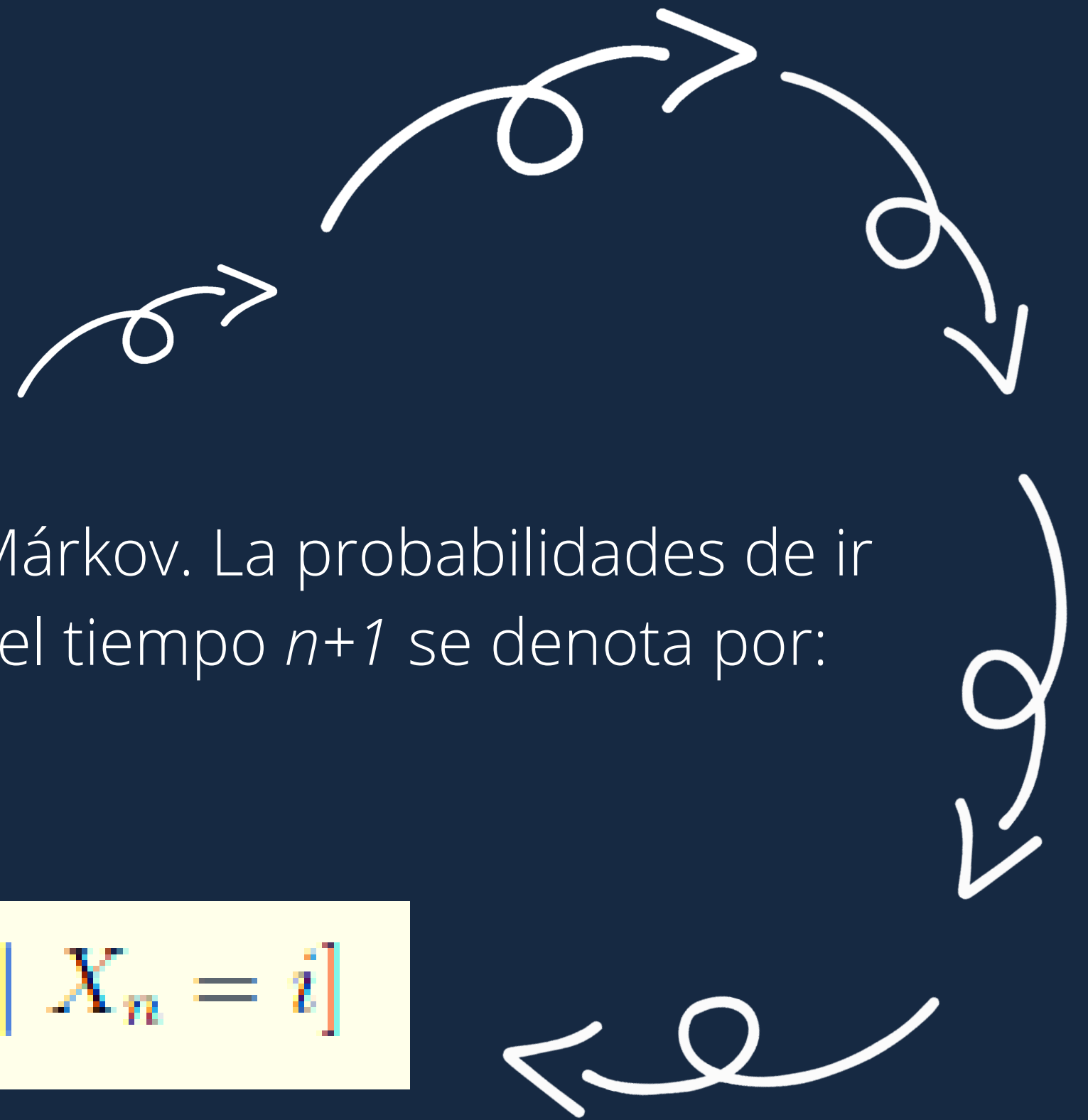
Las cadenas de Markov nos ayudan a generar (X_n) en términos de su pasado inmediato

$$P[X_{n+1} = x_{n+1} \mid X_0 = x_0, X_1 = x_1, \dots, X_n = x_n] = P[X_{n+1} = x_{n+1} \mid X_n = x_n]$$

Probabilidades de transición

Sean i y j dos estados de una Cadena de Márkov. La probabilidad de ir del estado i en el tiempo n al estado j en el tiempo $n+1$ se denota por:

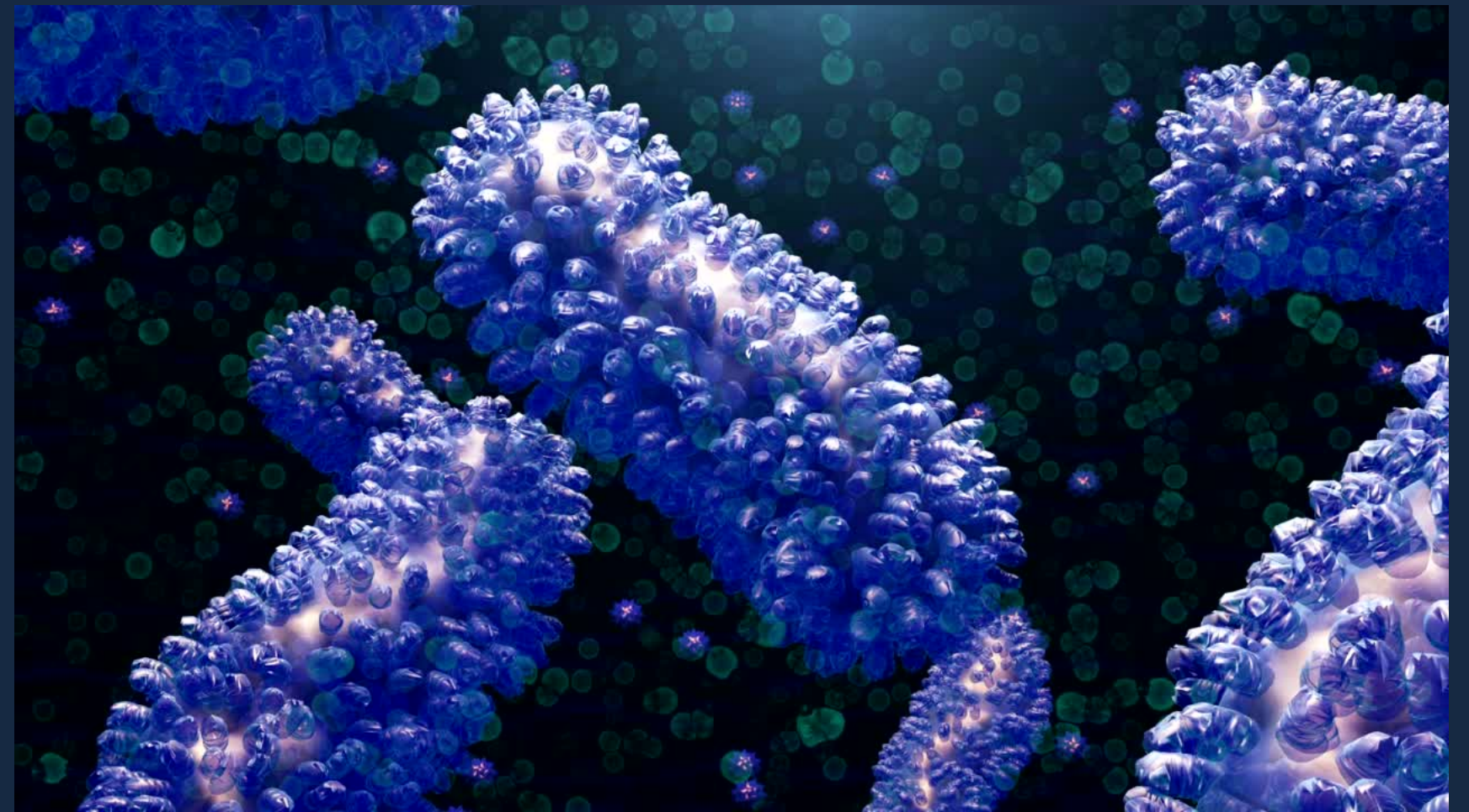
$$p_{ij} = P[X_{n+1} = j \mid X_n = i]$$



Breve recordatorio a procesos de nacimiento y muerte

La teoría de los procesos de nacimiento y muerte esta inspirada en la Biología. Pretendía modelar el crecimiento de una población, considerando factores demográficos estocásticos en donde las transiciones de un estado solo ocurren con los vecinos cercanos.

El crecimiento de una población puede representarse por un proceso de Márkov.



Modelo epidemiológico

SIR

El modelo SIR básico, es un sistema dinámico determinista formado por tres ecuaciones diferenciales, donde cada una de ellas representa a una clase epidemiológica en la que se puede dividir la población en estudio, susceptibles, infectados y recuperados.



Interpretación de las ecuaciones:

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\beta SI \\ \frac{dI}{dt} &= +\beta SI - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I\end{aligned}$$

- La primera ecuación nos dice como la población susceptible cambia dependiendo de la relación entre los susceptibles y los infectados. Aquí beta representa la tasa de transmisión.
- La segunda ecuación corresponde a la población infectada. Esta incrementa cuando los susceptibles son infectados y disminuye dependiendo la tasa de recuperación (gamma).
- La última ecuación corresponde al cambio en la población de recuperados. El tamaño de dicha población aumenta dependiendo de la tasa de recuperación.

Simulación en R

Supuestos a considerar

- Se consideraron sólo dos clasificaciones.
- Las simulaciones son discretas, es decir tomamos $t=\{0,1,2,\dots,N\}$
- Se consideraron dos casos:
 - a. Todos están conectados con todos.
 - b. Un nodo tiene a lo más dos vecinos.
- En cada iteración se extrae un nodo y se elige a uno de sus vecinos para ver si hubo contagio o recuperación de alguno de ellos.
- Cada nodo tiene la misma probabilidad de ser elegido.



Simulación en R

Tres simulaciones
con probabilidades diferentes

Los nodos verdes son personas sanas o que se
recuperaron

mientras que los rojos son infectados , en esta
enfermedad medio curiosa

si estas enfermo tienes cierta probabilidad de curarte
al convivir con alguien sano, pero tambien el sano se
puede infectar de algún enfermo.

- nodo **rojo** con probabilidad de 0.3 de contagiar y **verde** con 0.7
- nodo **rojo** con probabilidad de 0.5 de contagiar y **verde** con 0.5
- nodo **rojo** con probabilidad de 0.7 de contagiar y **verde** con 0.3

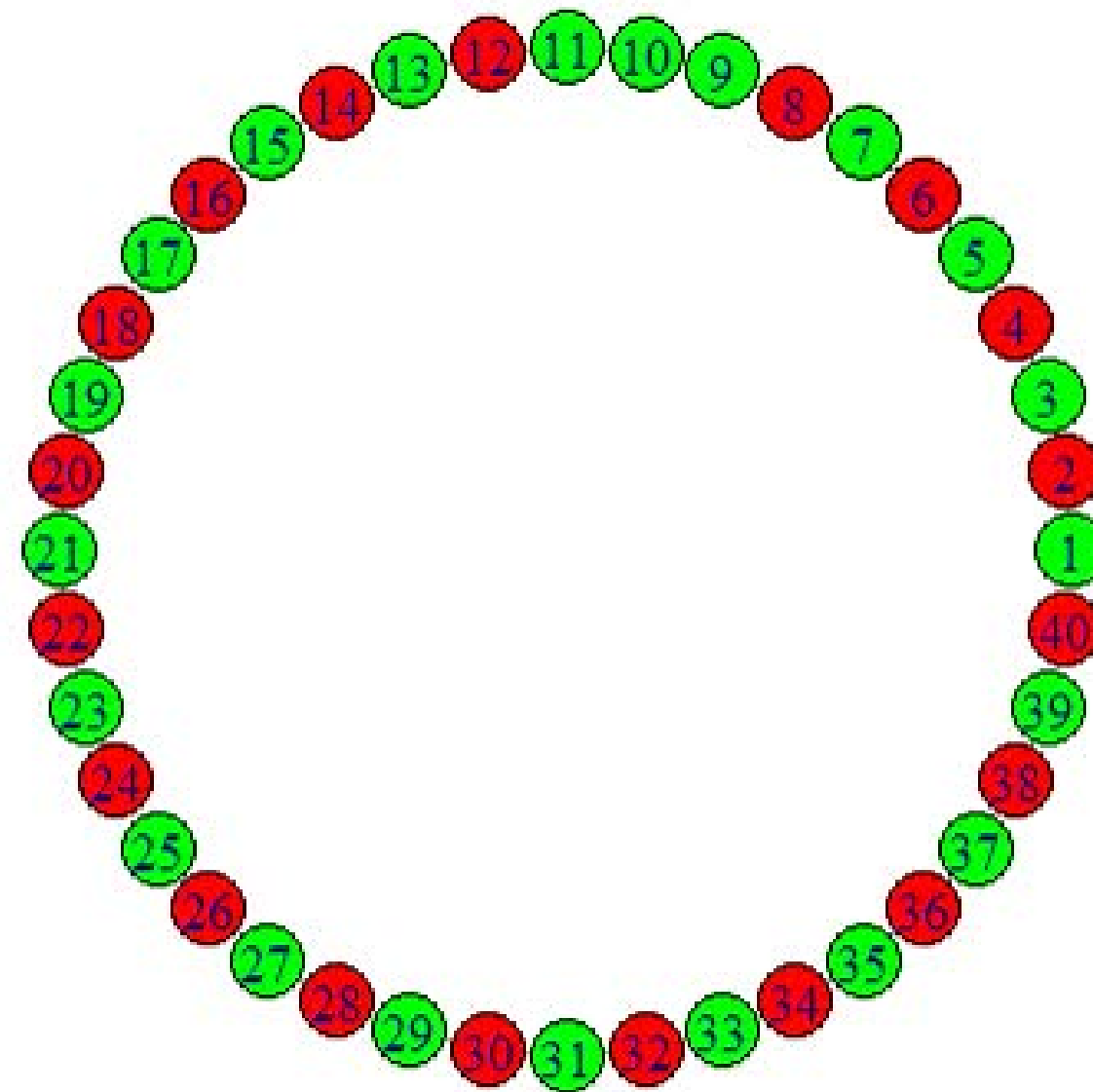




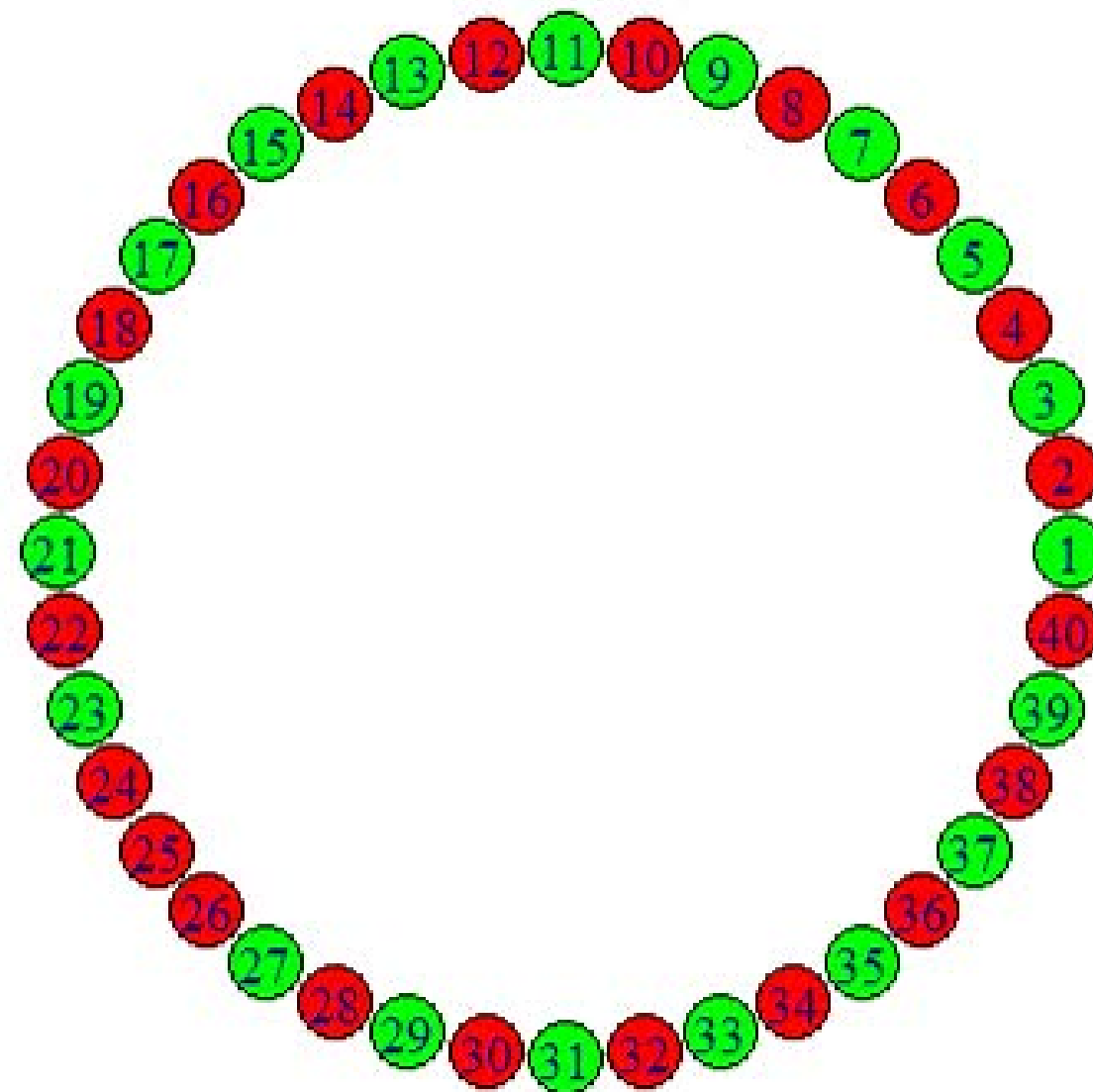
Resultados de la simulación



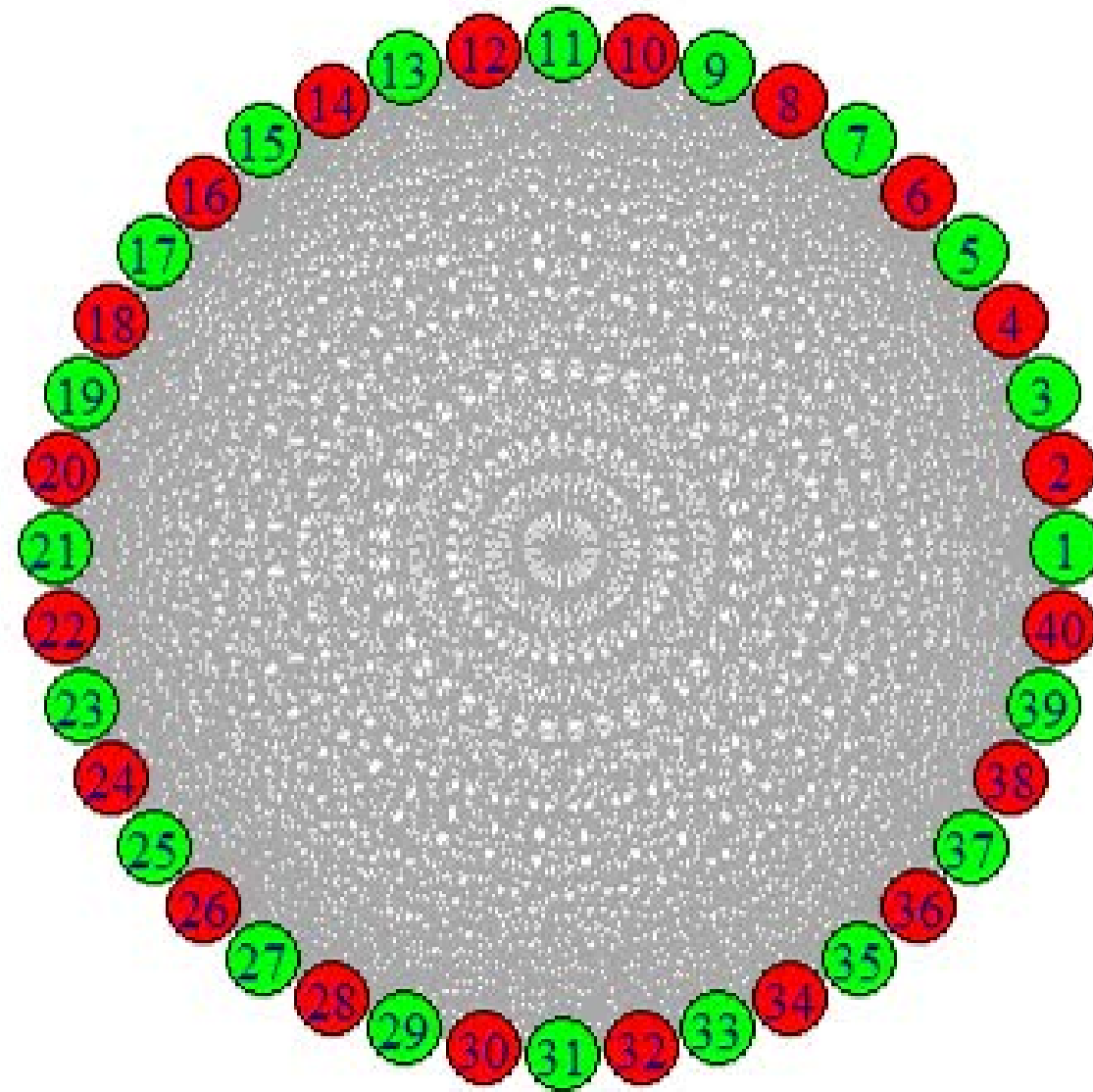
Probabilidad de infectar: 0.7, Probabilidad de recuperar: 0.3



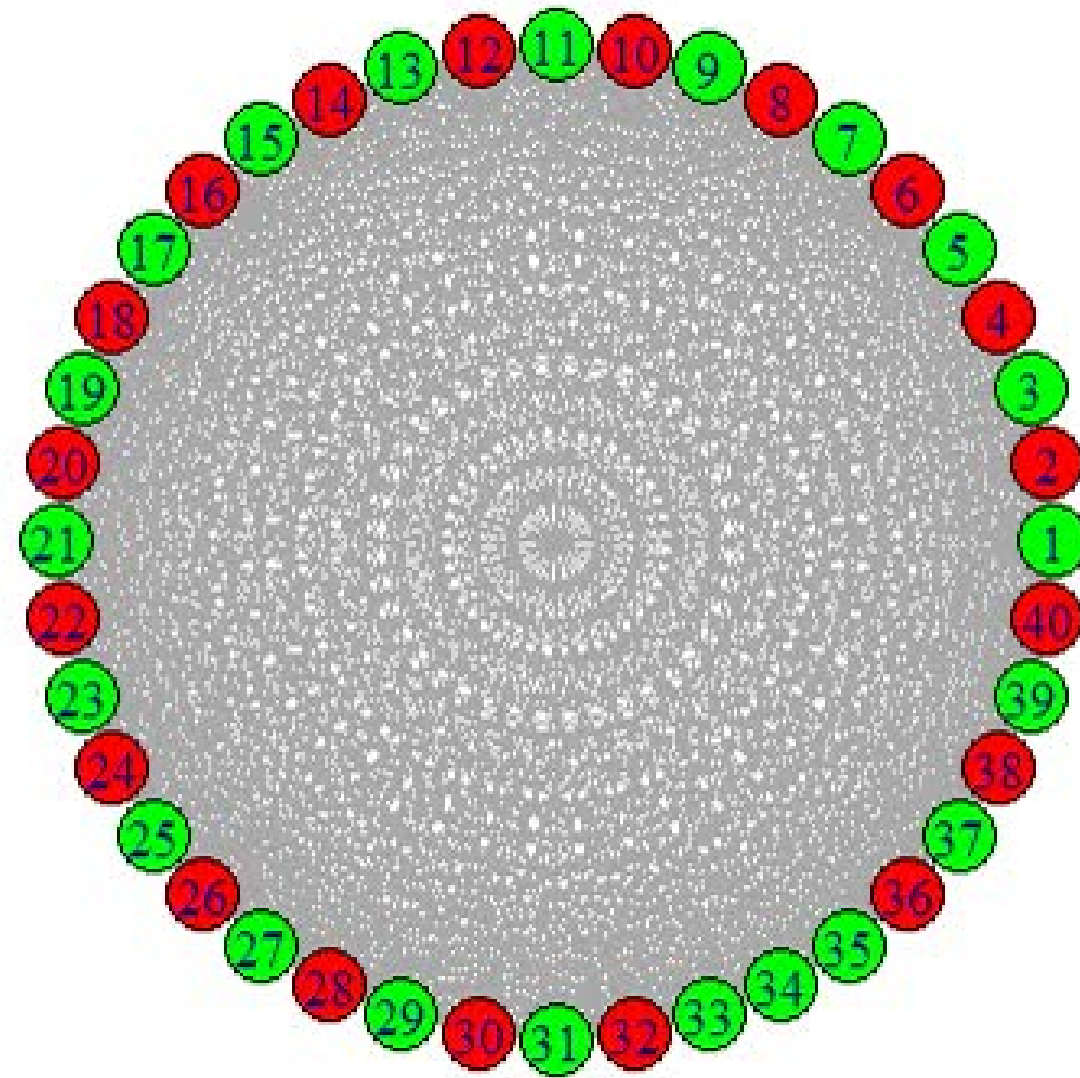
Probabilidad de infectar: 0.3, Probabilidad de recuperar: 0.7



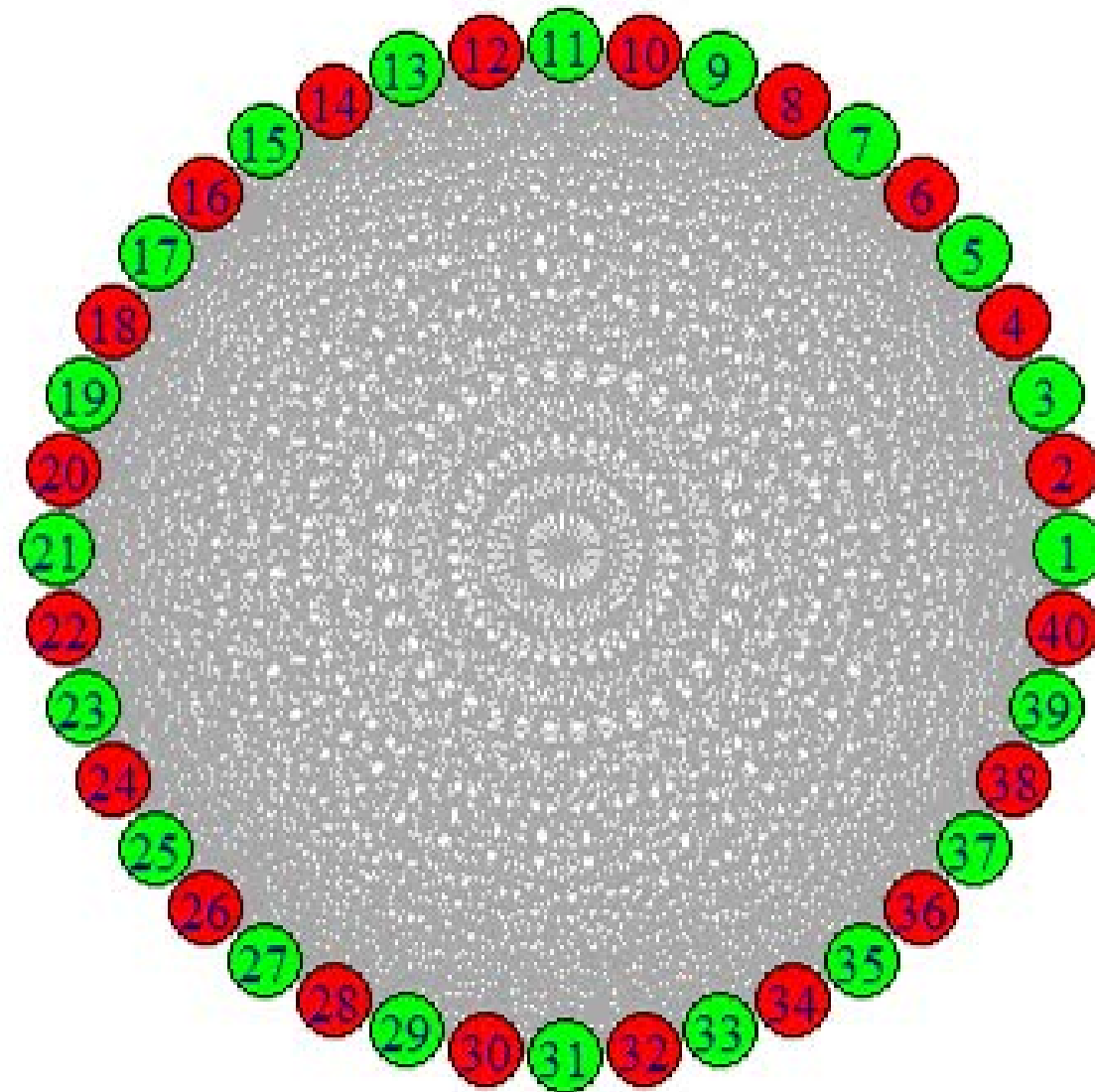
Probabilidad de infectar: 0.7, Probabilidad de recuperar: 0.3



Probabilidad de infectar: 0.3, Probabilidad de recuperar: 0.7



Probabilidad de infectar: 0.5, Probabilidad de recuperar: 0.5



Otro enfoque...



En la teoría de probabilidad, el algoritmo de Gillespie genera una trayectoria estadísticamente correcta (una posible solución) de una ecuación estocástica.

Este algoritmo permite una simulación discreta y estocástica de un sistema, en donde cada una de las reacciones en cada tiempo es simulada explícitamente.

Algoritmo

- Inicialización: Se inicializa el número de moléculas del sistema, las constantes de reacción y el generador de números aleatorios.
- Paso de Monte Carlo: Se genera dos números aleatorios para determinar la siguiente reacción que ocurrirá y el intervalo de tiempo. La probabilidad de una reacción dada para ser elegido es proporcional al número de moléculas de sustrato.
- Actualización: Se incrementa el paso del tiempo por el tiempo generado aleatoriamente en el paso 2 y se actualiza las moléculas basadas en la reacción que ocurrió.
- Iteración: Se vuelve al paso 2 al menos que el numero de moléculas sea igual a cero o el tiempo de simulación se ha excedido.

Utilizando una paqutería de Python para modelar epidemias logramos ver diferentes comportamientos de contagio dados, parámetros como tasa de transmitivilidad, de recuperación y cantidad de vacunados.

- La población se mantiene constante de 1000
- Solo se puede contagiar a los vecinos
- La zona cero es la coordenada (55,55)



Resultados de la simulación en Python



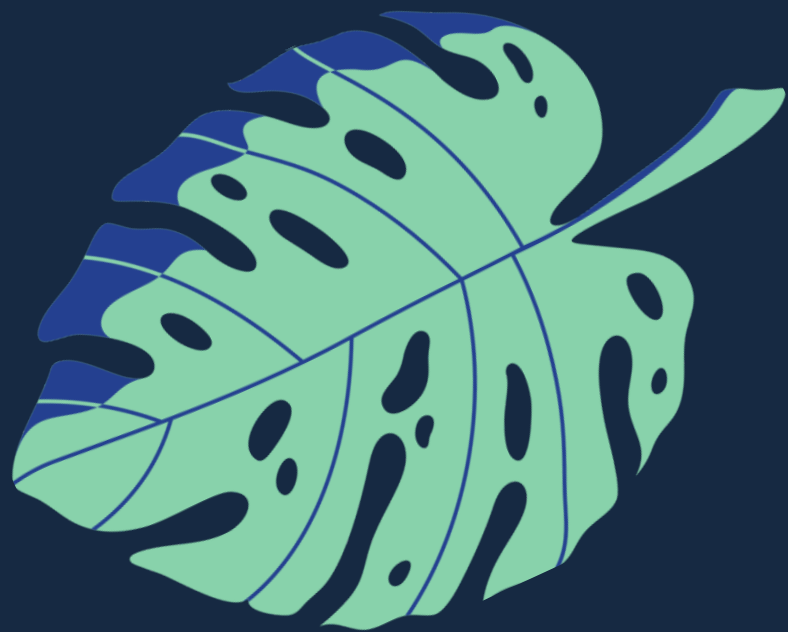
Tasas

- Vacunación: 0.7
- Recuperación: 0.8
- Infección: 2



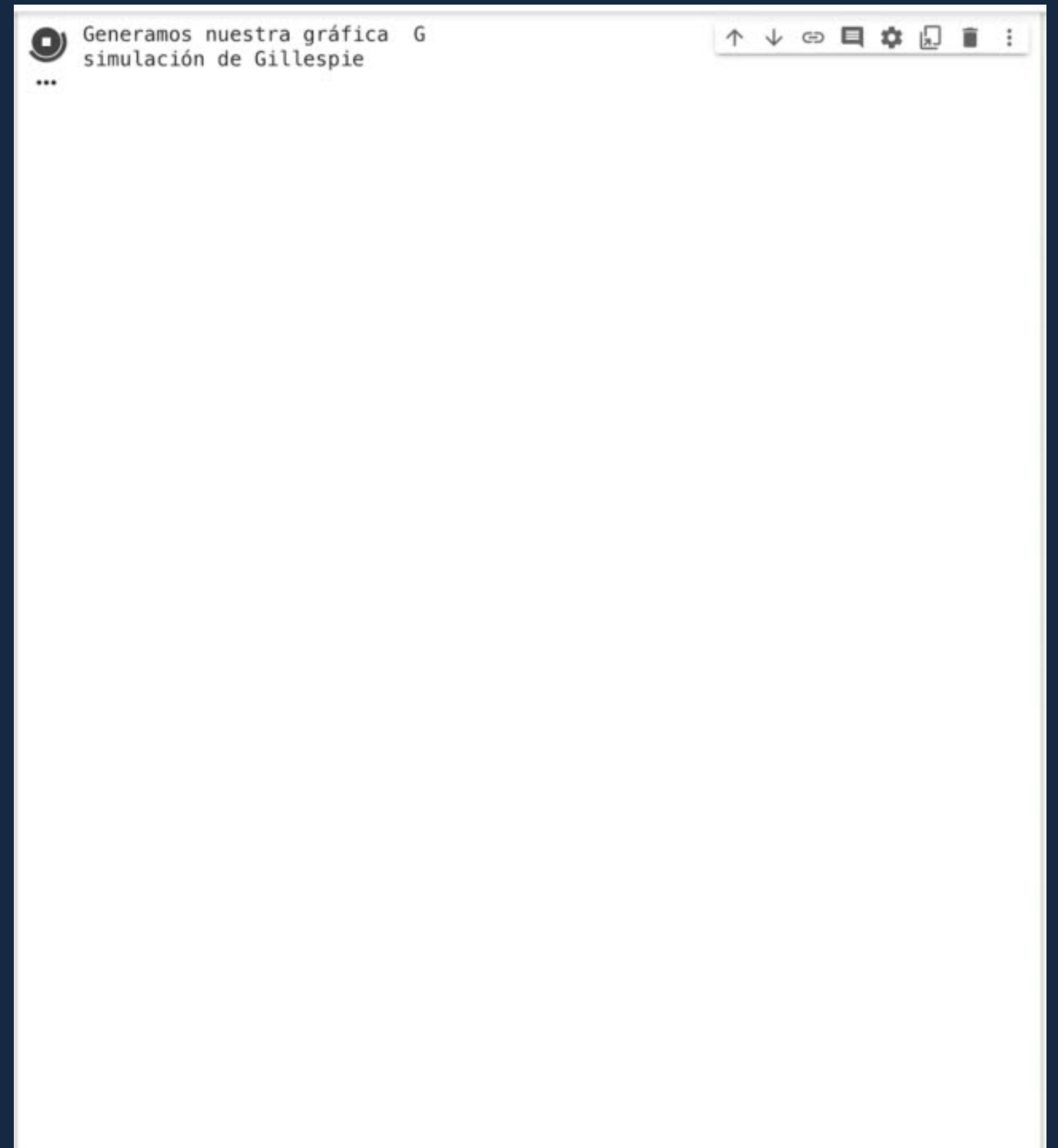
Tasas

- Vacunación: 0
- Recuperación: 0.8
- Infección: 2

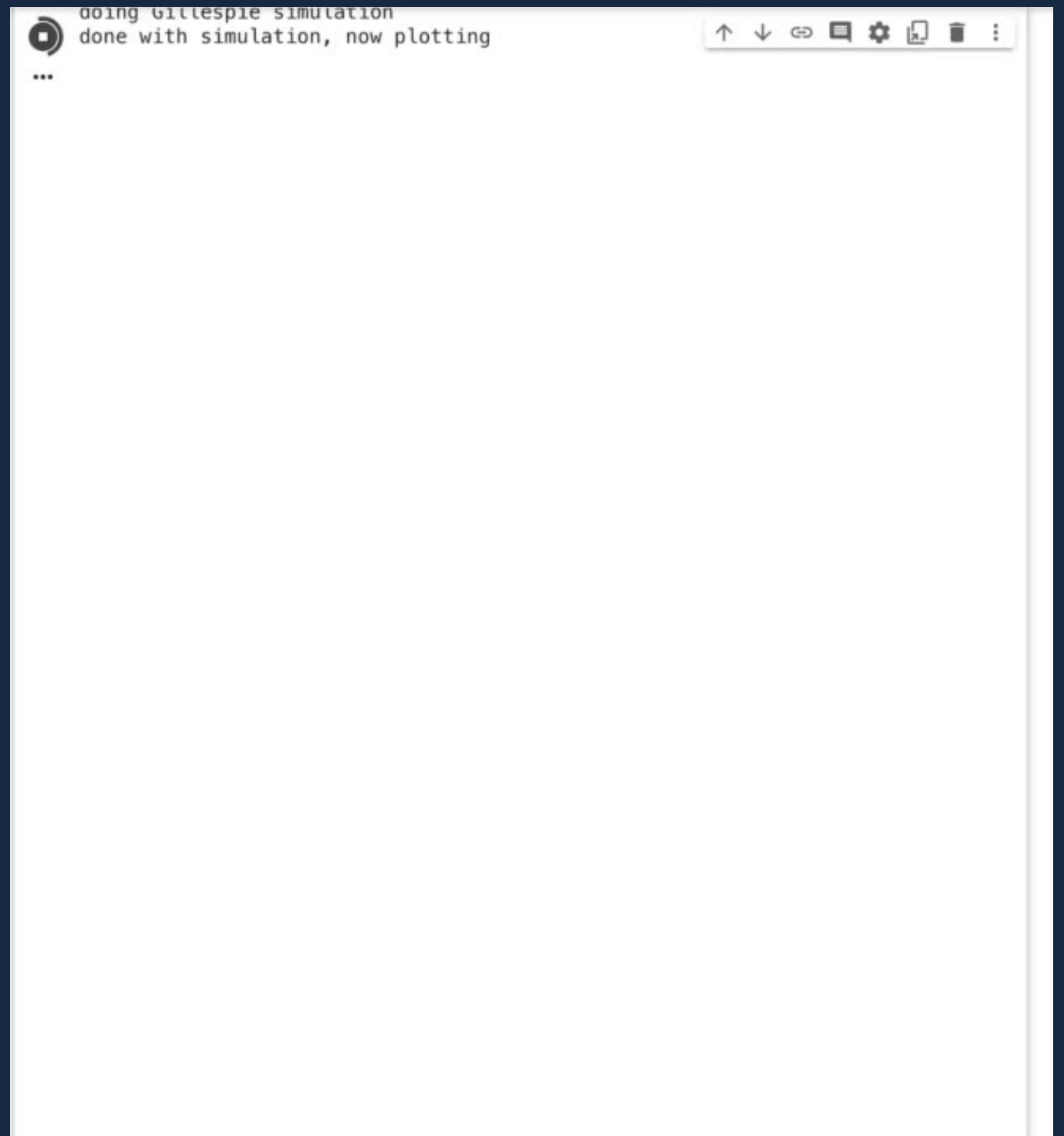


Tasas

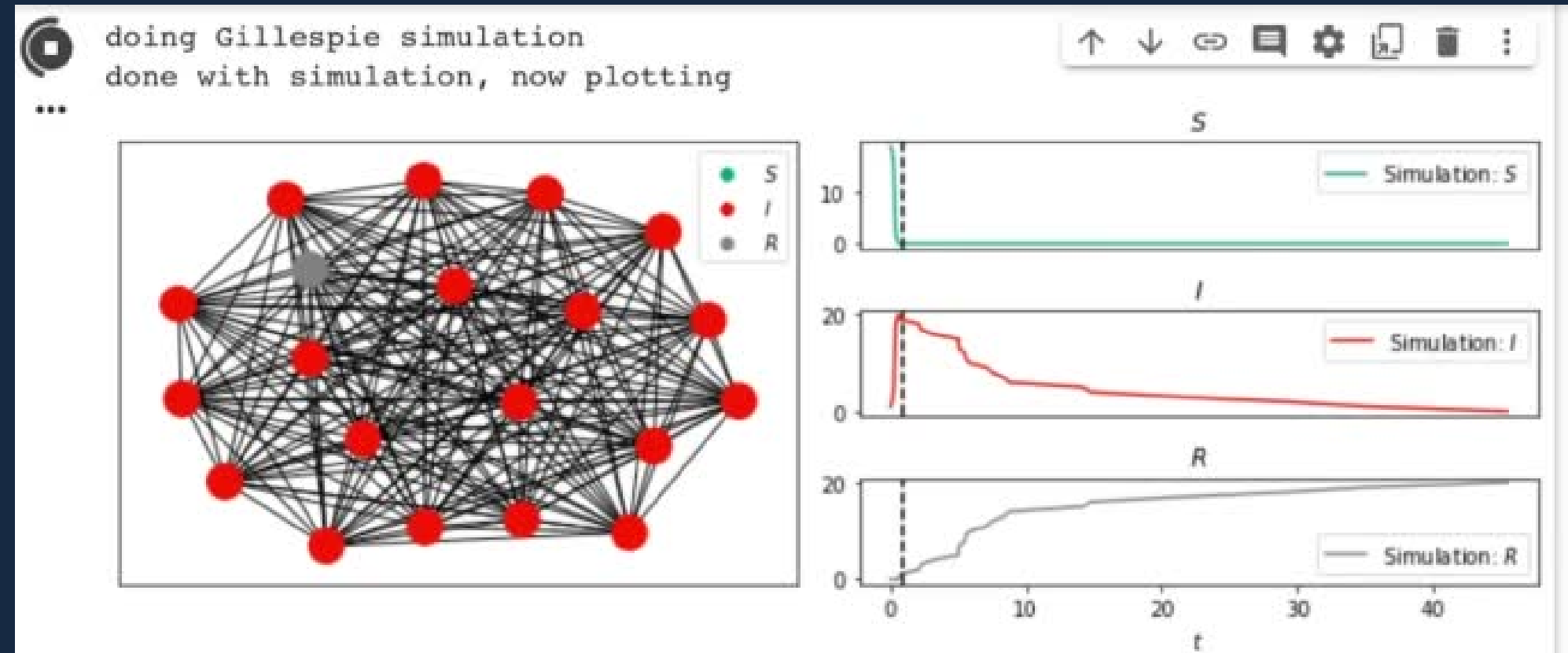
- Vacunación: 0.5
- Recuperación: 0.5
- Infección: 15



La cantidad de infectados en el tiempo inicial es mayor que la de los nodos susceptibles sin embargo la tasa de infección en este modelo es baja por lo que a largo plazo la población se recupera.



En este modelo la tasa de infección es mayor que en el anterior por lo que la población en general tarda mayor tiempo para recuperarse.



En este modelo tenemos población infectada, susceptible y vacunada por lo que en un periodo de tiempo corto la recuperación general de la población es más rápida.



```
+ Código + Texto
RAM
Disco
Editando
doing Gillespie simulation
done with simulation, now plotting
...
```


Conclusiones

Las cadenas de Markov son de gran ayuda para simular eventos que van cambiando a cada tiempo y justo dependen del estado anterior(casi todos los eventos), como es el caso de epidemias.

Al comparar los distintos modelos notamos que las simulaciones dependen mucho de que tan conectada esta una gráfica y como definimos los parametros.

Al ver las distintas simulaciones con parámetros diferentes notamos que la vacunación es de gran ayuda para frenar alguna epidemia, ya que justo al evitar que alguien se contagie en el tiempo n , se evitará que muchos se contagien en el tiempo $n+1$

#vacunate



