

Modelo epidemiológico con particle MCMC

Profesores: Joaquín Fontbona, Camilo Carvajal, Arie Wortsman, Pablo Zuñiga.

Integrantes: Matías Ortiz, Diego Olguín.

1. Contexto y problema

El presente proyecto se enfoca en estudiar, inferir y predecir el comportamiento de una epidemia infecciosa del tipo Reed Frost: un modelo estocástico de tiempo discreto en el que cada paso temporal resulta una nueva generación de agentes infecciosos en una población particular susceptible. El modelo obedece lo que sigue:

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

donde para cierto tiempo n : \mathcal{F}_n es la filtración asociada, S_n la cantidad de susceptibles, I_n la cantidad de infectados, y finalmente $p_n = (1 - p)^{I_n}$. Este $p \in [0, 1]$ será el parámetro bajo estimación en este proyecto.

Además la enfermedad es detectada mediante exámenes y -ya sea por falsos negativos o por el no chequeo de toda la población infectada- se supone la imposibilidad de observación de todos los casos diarios. Esto es una Cadena de Markov Oculta, un proceso de Markov pero con la particularidad de que los estados reales de la cadena no son directamente observados, puede verse solo una parte de la información. En el modelo actual, la cadena resulta (X_n, Y_n) dada por

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

donde s será un parámetro conocido y p_{obs} la probabilidad de subreporte $p_{obs} \in [0, 1]$.

2. Metodología

Se usarán los algoritmos de Particle Markov Chain Monte Carlo (PMCMC) y Sequential Monte Carlo (SMC).

SMC es un algoritmo que en cierto tiempo t y dado un cierto parámetro p propuesto, devolverá la probabilidad marginal resultante con ese parámetro entregado dada toda la información anterior hasta ese tiempo. A su vez, PMCMC invocará al SMC en cada iteración temporal y aprovechando este muestreo "por pasos", con un método del tipo aceptación rechazo, compara la verisimilitud actual con la del paso anterior, actualizando para que mejor se adecúe a la que se está estudiando, de forma que con el paso del tiempo esta distribución convergerá a la distribución real.

3. Resultados principales

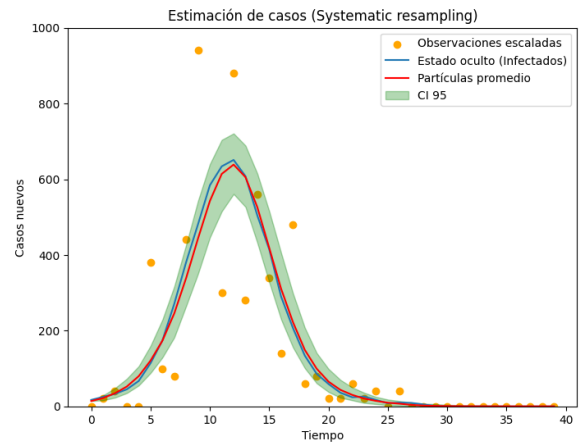


Figura 1: Estimación de Contagios

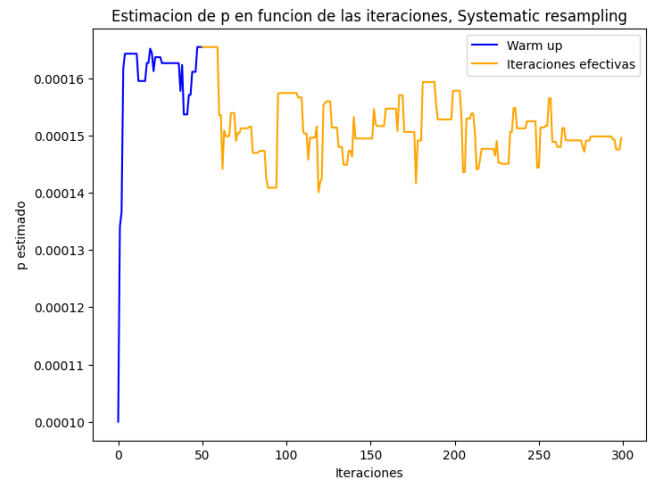


Figura 2: Estimación del parámetro p

Referencias

- [1] Akira Endo, Edwin van Leeuwen, Marc Baguelin, Introduction to particle Markov-chain Monte Carlo for disease dynamics modellers, Epidemics, Volume 29, 2019.
- [2] Doucet, Arnaud & Johansen, Adam. (2009). A Tutorial on Particle Filtering and Smoothing: Fifteen Years Later. Handbook of Nonlinear Filtering. 12.