



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL ESTADO DE MORELOS

INSTITUTO DE INVESTIGACIÓN EN CIENCIAS Y CIENCIAS APLICADAS

CENTRO DE INVESTIGACIÓN EN CIENCIAS

“Cadenas de Markov abiertas y una aplicación en epidemiología”

TESIS PARA OBTENER EL GRADO DE:

LICENCIADO EN CIENCIAS CON AREA TERMINAL EN MATEMATICAS

YEHTLI MORALES HUERTA

DIRECTOR: DR. RAÚL SALGADO GARCÍA

SINODALES:

DR. FEDERICO VÁZQUEZ HURTADO

DR. ANTONIO DANIEL RIVERA LÓPEZ

DR. ALDO FIGUEROA LARA

DR. CESAR OCTAVIO MALDONADO AHUMADA

CUERNAVACA, MORELOS

JUNIO, 2023

DEDICATORIA

*A mi mamá, mi papá y mi hermano.
A mis abuelos por sentar la base de mis conocimientos.
A Enya por toda la motivación y entusiasmo.
A Chiqui y los michis por toda la compañía y alegría.
Al equipo: Diana, Coche, Jesus, Arturo y Vicente.
A mis profesores y demás compañeras y compañeros de clase
y a quienes me han apoyado y acompañado a lo largo de este viaje.
Todo mi aprecio y gratitud a ustedes.*

AGRADECIMIENTOS

*Mis agradecimientos al Dr. Raúl Salgado,
director de esta tesis y mi asesor en la residencia de investigación.
Agradecimientos también al comité tutorial por su presencia y apoyo,
así como a planta docente del CInC y sus trabajadores.
A cada profesora y profesor que me impartió clase en la Licenciatura en
Ciencias pues, sin con los conocimientos y aprendizajes que
me transmitieron, este trabajo no hubiese sido posible.*

Índice general

I. INTRODUCCIÓN	5
II. ANTECEDENTES	8
2.1. Situación problema	8
2.1.1. Identificación del problema	8
2.1.2. Formulación del problema	9
2.2. Objetivos de la investigación	9
2.2.1. General	9
2.2.2. Objetivos específicos	9
2.3. Cadenas de Markov	10
2.3.1. Procesos estocásticos	10
2.3.2. Descripción	10
2.3.3. Teoría de Cadenas de Markov	11
2.3.4. Aplicaciones de las cadenas de Markov	13
2.4. Cadenas de Markov abiertas	13
2.4.1. Descripción	13
2.4.2. Teoría de cadenas de Markov abiertas	14
2.4.3. Evolución de la Función Generadora de Momentos	14
2.5. Modelos epidemiológicos	17
2.5.1. Descripción y diversidad de modelos	17
2.5.2. Modelos por compartimentos	17
2.5.3. Modelo Reed-Frost	18
2.5.4. Protocolos de ingreso-egreso	18
III. RESULTADOS	19
3.1. Estructuras de CMA a estudiar	19
3.1.1. Estructura de un solo estado	19

<i>ÍNDICE GENERAL</i>	2
3.1.2. Estructura en línea de dos estados	20
3.1.3. Estructura en línea de tres estados	21
3.2. Resultados teóricos	22
3.2.1. Tiempos de permanencia	22
3.2.2. Tiempos de contagio para una CMA de un estado	25
3.3. Dinámica de una CMA de un estado	31
3.3.1. Dinámica en promedio del contagio	31
3.3.2. Dinámica tiempos de contagio y salida	32
3.4. Comparación entre acceso libre y acceso controlado	34
3.4.1. Dinámica del contagio	34
3.4.2. Dinámica tiempos de contagio y salida	36
IV. DISCUSIÓN Y CONCLUSIONES	41
REFERENCIAS	44

Índice de tablas

2.1. Clasificación de modelos epidémicos.	17
---------------------------------------------------	----

Índice de figuras

2.1. Diagrama de una cadena de Markov de dos estados.	10
2.2. Diagrama de la cadena de markov X	12
2.3. Cadena de Markov abierta de dos estados.	14
3.1. Cadena de Markov abierta de un solo estado.	19
3.2. Cadena de Markov abierta de dos estados y dos entradas y salidas.	20
3.3. Cadena de Markov Abierta de dos estados y una entrada y salida.	21
3.4. Cadena de Markov Abierta de tres estados con dos entradas y dos salidas. . .	21
3.5. Cadena de Markov Abierta de tres estados con una entrada y una salida. . . .	21
3.6. Cadena de Markov abierta de dos estados.	22
3.7. Cadena de Markov abierta de un estado con probabilidad de salida $1 - q$. . .	25
3.8. Gráfica de la cantidad de salida de individuos contagiados y sanos en media al variar p_C para una CMA con un estado.	32
3.9. Gráfica de tiempos de contagio de individuos en una CMA de un estado. . . .	33
3.10. Gráfica de tiempos de permanencia de individuos en una CMA de un estado. .	33
3.11. Gráficas de la cantidad de salida de contagiados y sanos en media teórica contra simulados al variar p_C en una CMA de dos estados.	34
3.12. Gráficas de la cantidad de salida de contagiados y sanos en media teórica contra simulados al variar p_C en una CMA de tres estados.	35
3.13. Gráfica de tiempos de contagio de individuos en una CMA de dos estados. . .	37
3.14. Gráfica de tiempos de contagio de individuos en una CMA de tres estados. . .	38
3.15. Gráfica de los tiempos de permanencia de individuos en una CMA de dos estados.	39
3.16. Gráfica de los tiempos de permanencia de individuos en una cadena de tres estados.	40

Capítulo I

INTRODUCCIÓN

En la naturaleza observamos cambios constantes, tales como el crecimiento de un árbol o la salida del sol cada día. En la ciencia nos interesamos por estudiar dichos cambios. Esto lo hacemos con un amplia diversidad de herramientas matemáticas. Una de las herramientas utilizadas para estudiar fenómenos naturales que cambian en el tiempo son las que se conocen como *cadena de Markov*. Las cadenas de Markov son una clase amplia de modelos matemáticos que se utilizan para estudiar diferentes procesos que evolucionan en el tiempo, tales como procesos físicos, químicos, biológicos e incluso económicos y sociales. Estos modelos matemáticos fueron originalmente introducidos por el matemático ruso Andrei Markov alrededor de 1905 para estudiar la distribución de vocales y consonantes en la obra “Eugeny Onegin” del autor A. S. Pushkin. En su trabajo, Markov presentó los conceptos fundamentales, definiendo una cadena como una secuencia de variables aleatorias dependientes entre sí y definiendo también sus probabilidades de transición, así como la irreducibilidad y estacionariedad en estos modelos [4].

Las cadenas de Markov se han utilizado para estudiar propagación de enfermedades de forma general, estudiando la dinámica del contagio, su impacto en la salud pública y formulando modelos para simular la dinámica en las poblaciones, entre otras aplicaciones [29, 22, 8]. En particular, las cadenas de Markov, también se han empleado para estudiar el contagio o la dinámica de una enfermedad en específico. Las cuales pueden ser enfermedades no infecciosas o infecciosas [25, 12]. Las enfermedades de tipo no infeccioso también se suelen denominar enfermedades no comunicables o *NCDs* por sus siglas en inglés y dentro de estas se incluyen hipertensión, diabetes y cáncer, entre otras [6]. En cuanto a las de tipo infeccioso, se encuentran todas aquellas enfermedades que pasan de un individuo a otro mediante un proceso de contagio definido. Algunas estas enfermedades son: VIH, hepatitis B tuberculosis y COVID-19. [14, 28].

En general, las enfermedades infecciosas se han estudiado desde diferentes puntos de vista, empleando una amplia gama de modelos matemáticos y computacionales tales como ecuaciones diferenciales, procesos estocásticos, dinámica de redes complejas, simulación de Monte Carlo, autómatas celulares, entre otros modelos y herramientas [9].

Ahora, motivado por la pandemia provocada por la enfermedad infecciosa COVID-19 y su propagación, en este estudio será de particular interés la representación de modelos epidemiológicos en sistemas con cierta estructura los cuales poseen uno o más recintos en los que entran y salen personas. Ejemplos de este tipo de sistemas son: centros comerciales, supermercados, escuelas y lugares de trabajo. Al modelarlos como una estructura compuesta de recintos conectados entre sí, podemos hablar de un flujo de personas entre los recintos de estos lugares. Un proceso aleatorio sobre uno de estos sistemas estructurados con recintos, y con cierta probabilidad de salto entre un recinto y otro, puede modelarse mediante cadenas de Markov. En este caso los recintos equivaldrán a los estados y las probabilidades de salto son las también llamadas probabilidades de transición. Por otra parte, estas cadenas son procesos aleatorios que evolucionan con el tiempo, en los cuales el evento presente depende únicamente del evento anterior, lo que se conoce como la propiedad de Markov. Además, las cadenas de Markov poseen una representación gráfica que puede ser relativamente sencilla en la que se incluyen los diferentes estados y las probabilidades de saltar de un estado a otro. Sin embargo, las cadenas de Markov son sistemas cerrados, pues al ver la trayectoria del proceso como la trayectoria de un individuo o una partícula podremos observar que las partículas se mantendrán al interior de los estados que ya posee la cadena. Como mencionamos antes, en los sistemas de interés estaremos tratando con la entrada y salida de personas, por lo tanto, si en una cadena de Markov permitimos el ingreso o abandono de los estados ya existentes, es posible tener un sistema que siga las reglas de las cadenas de Markov pero también sea un sistema abierto [21].

Llamaremos a este tipo de sistemas *cadena de Markov abiertas (CMAs)* y estas, al igual que las cadenas de Markov, podrán representar diferentes fenómenos y sistemas. En nuestro caso las CMAs son de particular utilidad para modelar los sistemas con estructura y recintos en los cuales las personas pueden entrar y salir, pues en estos modelos encontraremos un flujo constante de individuos que pueden entrar al sistema, desplazarse entre los recintos y salir. Tal como lo haría una persona al entrar a uno de estos sistemas estructurados. Es importante considerar que, al modelar mediante un proceso aleatorio, consideramos el movimiento de un individuo entre recintos como un proceso dado de forma aleatoria. Por ello, no entrarán en juego variables externas que de alguna forma influyeran el comportamiento de los individuos, fuera de aquellas predefinidas en el proceso de cadena de Markov abierta.

En este trabajo mencionaremos las propiedades principales de las cadenas de Markov

abiertas y estudiaremos su evolución, los estados estacionarios, el comportamiento del flujo de salida. Después, implementaremos sobre los sistemas de cadena de Markov abierta un proceso de contagio para simular la propagación de enfermedades infecciosas en tiempos de estancia cortos. Acercándonos a la simulación de recintos públicos en los cuales el tiempo de permanencia de una persona es menor que un día horario, es decir, a lo mas se trata con horas de estancia. Siendo también de interés la estimación de las probabilidades de contagio para tiempos de permanencia específicos mediante aproximaciones y la simulación computacional del sistema abierto con la implementación del contagio.

Capítulo II

ANTECEDENTES

2.1. Situación problema

2.1.1. Identificación del problema

Una epidemia o pandemia es un fenómeno biológico y social que afecta la vida cotidiana de personas y comunidades a diferentes niveles de organización. Por esta razón los gobiernos y entidades nacionales e internacionales proponen e implementan medidas sanitarias y de seguridad para la prevención de la propagación de la enfermedad correspondiente. Las estrategias de prevención y seguridad que se suelen establecer comúnmente pueden consistir, por ejemplo, en difundir información entre la población para concientizar acerca de las medidas sanitarias, o bien, la implementación de medidas más estrictas para prevenir contagios.

En el caso de enfermedades respiratorias algunas medidas comunes implementadas son: aislamiento social, uso de mascarillas respiratorias, higiene del lavado de manos, ventilación de espacios cerrados, entre otras [2, 5]. En ocasiones, las medidas implementadas se estudian a detalle para corroborar su efectividad en la prevención de la propagación de la enfermedad en cuestión. Por citar un ejemplo, el uso de mascarillas se ha estudiado extensivamente dentro del contexto de la COVID-19, lo cual ha resultado en la mejora continua del uso correcto de la mascarilla para incrementar su efectividad. [1, 16, 27]

Una de las medidas de prevención del contagio tomada en México es la separación física de entradas y salidas [23, 26]. Esto podía llevarse a cabo separando una única entrada con medios físicos, determinando así una sección específica para la entrada y otra para la salida. O bien, dado el caso en el que un establecimiento o recinto de trabajo previamente contaba con dos o más lugares de entrada separados, se designarían sitios que fuesen únicamente de entrada y otros sitios específicos para la salida. La pregunta a formularse es, ¿es esta

medida de prevención del contagio realmente eficiente? Siendo el objetivo de esta medida la prevención del contagio, esta medida se consideraría eficiente si al implementarla ayuda o contribuye a reducir la cantidad de personas contagiadas.

2.1.2. Formulación del problema

Para verificar la efectividad de la medida sanitaria llamada en general *protocolos de ingreso y egreso* puede establecerse un modelo de la realidad en el que se implemente la medida y un modelo de control en el que esta medida no sea implementada, esto así para poder realizar un contraste entre ambos modelos. Para esto se reducirán las estructuras en general de espacios públicos, a diagramas en los que pueda implementarse un modelo probabilístico de cadenas de Markov abiertas, cuyas cualidades generales son: dependencia del tiempo, capacidad de intercambio con el exterior permitiendo la entrada y salida de individuos a un sistema y las probabilidades de ir de un recinto a otro en el espacio público a otro están predeterminadas.

2.2. Objetivos de la investigación

2.2.1. General

El objetivo primario es determinar la efectividad de los protocolos sanitarios de ingreso y egreso en cuanto a la prevención de contagios, es decir, la investigación busca establecer un fundamento de simulación por computadora y teórico que permita determinar la efectividad de las medidas en cuanto a la prevención del contagio de enfermedades.

2.2.2. Objetivos específicos

1. Estudiar los tiempos de permanencia de partículas en cadenas de Markov abiertas.
2. Estudiar la dinámica de propagación de enfermedades infecciosas utilizando modelos de cadenas de Markov abiertas, tanto de forma simulada como teórica.

2.3. Cadenas de Markov

2.3.1. Procesos estocásticos

Para entender fenómenos matemáticos y naturales es posible plantearlos como procesos que cambian o van evolucionando de cierta forma. Una dependencia del tiempo habla de un proceso que varía conforme avanza el tiempo. Si consideramos que la evolución de un proceso que depende del tiempo está sujeta al azar, entonces, es posible establecer un tipo de proceso aleatorio que a su vez depende del tiempo y esto es lo que a grandes rasgos llamaremos un proceso estocástico. Un tipo particular de proceso estocástico son las cadenas de Markov, de las que hablamos a continuación.

2.3.2. Descripción

Las cadenas de Markov son un tipo de proceso estocástico. Fueron teorizadas por el matemático ruso Andrey Markov a inicios del siglo XX con la finalidad inicial de crear un modelo para inferir la frecuencia de vocales y consonantes en poemas y textos, es decir, con la finalidad de estudiar el lenguaje [4, 20].

Las cadenas de Markov son una herramienta matemática relativamente sencilla de visualizar por medio de diagramas que utilizan círculos y flechas, siendo los círculos la representación de estados y las flechas la representación direccionada de la probabilidad de pasar de un estado a otro, con la condición de que la suma de las probabilidades de saltar desde un estado a cualquier otro debe ser igual a uno, es decir, en el diagrama el valor probabilístico de las flechas que salen de un solo estado deben tener suma igual a uno. En el siguiente ejemplo podemos ver muestra de ello.

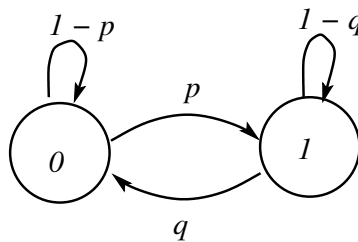


Figura 2.1: Diagrama de una cadena de Markov de dos estados.

Sin embargo, aunque sea posible darles una representación sencilla, pueden también ser complejas y útiles para representar algunas características no triviales o difíciles de observar

en un sistema. Mas adelante presentaremos algunas aplicaciones importantes de las cadenas de Markov.

2.3.3. Teoría de Cadenas de Markov

Para el estudio formal de cadenas de Markov, es importante mencionar algunas definiciones y teoremas. El material presentado en esta sección está basado en el libro *Introducción a los Procesos estocásticos* de L. Rincón [20].

Definición 1 (Cadena de Markov) *Una cadena de Markov es un proceso estocástico a tiempo discreto $X_n : n = 0, 1, \dots$ con espacio de estados discreto \mathcal{S} y que satisface la propiedad de Markov, esta es, para cualquier entero $n \geq 0$, y para cualesquiera estados x_0, \dots, x_n , se cumple*

$$p(x_{n+1}|x_0, \dots, x_n) = p(x_{n+1}|x_n).$$

Por ello una Cadena de Markov es un proceso dependiente del tiempo en el cual el siguiente evento depende del evento actual.

Definición 2 (Probabilidad de transición) *Sean $i, j \in \mathcal{S}$ dos estados en el espacio de estados de una cadena de Markov. La probabilidad condicional*

$$P(X_{n+1} = j | X_n = i),$$

denotada por $p_{ij}(n, n+1)$ representa la probabilidad de transición del estado i en el tiempo n al estado j en el tiempo siguiente $n+1$.

Cuando dichas probabilidades de transición $p_{ij}(n, n+1)$ no dependen del valor de n , es decir, las probabilidades no son dependientes del tiempo, se dice que la cadena es homogénea en el tiempo. Con frecuencia esto se suele asumir, de modo que las probabilidades de transición en un solo paso de tiempo se escriben simplemente como p_{ij} .

Definición 3 (Matriz de transición) *La matriz de transición asociada a una cadena de Markov, es tal que la entrada (i, j) corresponde a la probabilidad de transición p_{ij} , dado que $i, j \in \mathcal{S}$.*

$$\mathbf{Q} = \begin{pmatrix} p_{00} & p_{01} & p_{02} & \dots \\ p_{10} & p_{11} & p_{12} & \dots \\ p_{20} & p_{21} & p_{22} & \dots \\ \vdots & \vdots & \vdots & \ddots \end{pmatrix},$$

dicha matriz cumplirá las propiedades

$$i) p_{ij} \geq 0.$$

$$ii) \sum_j p_{ij} = 1.$$

Donde el índice i se refiere al renglón de la matriz y el punto de partida para la transición y el índice j hace referencia a la columna y al punto de llegada de la transición.

Ejemplo 1 Sea X una cadena de Markov con espacio de estados $S = \{0, 1\}$ tal que $p, q \in (0, 1)$ de modo que ninguna de las probabilidades de transición sea nula. Tenemos su diagrama en la figura 1.

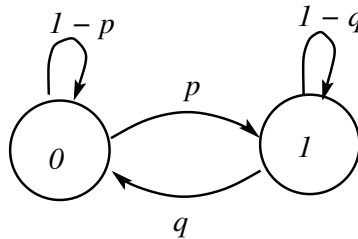


Figura 2.2: Diagrama de la cadena de Markov X .

De donde tenemos la matriz estocástica de la forma:

$$\mathbf{Q} = \begin{bmatrix} 1-p & p \\ q & 1-q \end{bmatrix}.$$

Teorema 1 Sea X_0, X_1, X_2, \dots una cadena de Markov con matriz de transición \mathbf{Q} . Entonces las probabilidades de transición en k pasos están dadas por la matriz \mathbf{Q}^k , de modo que,

$$\mathbb{P}(X_t = j | X_0 = i) = (\mathbf{Q}^t)_{ij}.$$

De igual forma se sigue que $\mathbb{P}(X_t = n + j | X_n = i) = (\mathbf{Q}^t)_{ij}$ para cualquier $n \in \mathbb{N}$.

Además, si la distribución de probabilidad para el estado inicial X_0 está dada por el vector π_0 . Entonces la distribución de probabilidad de X_t está dada por

$$X_t \sim \pi_0 \mathbf{Q}^t.$$

2.3.4. Aplicaciones de las cadenas de Markov

Aplicaciones

Algunas aplicaciones específicas de las cadenas de Markov son las siguientes:

- **Google:** Fue usada por Sergey Brin y Larry Page, entonces estudiantes de posgrado, quienes después crearon Google utilizando el proyecto PageRank para organizar la información de la World Wide Web [7].
- **Teoría de la información:** Aplicación de Claude Shannon para estudiar mensajes en teoría de la información y crear criterios para decidir si un texto contiene o no información [24].
- **Sistemas financieros:** Son usadas en sistemas para ventas de seguros de automóviles, seguros de gastos médicos, entre otros tipos de seguros mediante el sistema de *bonus-malus* [18].
- **Biología:** Tienen amplios usos en biología, un ejemplo interesante es su uso propuesto por Motoo Kimura para modelar las mutaciones genéticas de bases nitrogenadas en ADN y ARN [15].

2.4. Cadenas de Markov abiertas

2.4.1. Descripción

La idea de una Cadena de Markov abierta es permitir una extensión de las cadenas de Markov, siendo que en el caso abierto se permitirá tanto la *entrada* como *salida* del sistema. Es decir, es posible que el sistema tenga un intercambio con el exterior. Si consideramos una partícula que está dentro de una cadena de Markov, esta partícula permanecerá siempre en el *interior* de la cadena. Lo cual significa que en cualquier momento dado la partícula está necesariamente en uno de los estados de la cadena. En cambio, en una cadena de Markov abierta la partícula tiene la posibilidad de salir mediante alguno de los estados, o bien, existe la posibilidad de que una partícula en el *exterior*, o que está fuera de la cadena, se incorpore al sistema ingresando por alguno de los estados que permita la entrada.

Esta sección en la que incluimos la definición formal de cadena de Markov abierta y el desarrollo teórico de la Función Generadora de Momentos está basada en el artículo *Open Markov Chains: Cumulant Dynamics, Fluctuations and Correlations*. [21]

2.4.2. Teoría de cadenas de Markov abiertas

Definición 4 (Cadenas de Markov Abiertas) Sea S un conjunto finito de estados y sea $\mathbf{Q} : S \times S \rightarrow [0, 1] \subset \mathbb{R}$ una matriz irreducible y aperiodica con radio espectral menor que uno. Y sea $\{\mathbf{J}^t : t \in \mathbb{N}\}$ una secuencia de vectores aleatorios que toman valores en \mathbb{N}_0^S . Decimos que $(S, \mathbf{Q}, \{\mathbf{J}^t : t \in \mathbb{N}\})$ es una cadena de Markov Abierta con espacio de estados S , matriz de saltos \mathbf{Q} y protocolo de entrada $\{\mathbf{J}^t : t \in \mathbb{N}\}$.

Retomando el ejemplo de Cadena de Markov en la figura 2.3 con dos estados, añadiendo una entrada y salida.

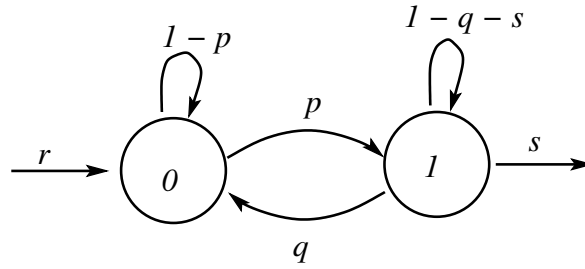


Figura 2.3: Cadena de Markov abierta de dos estados.

2.4.3. Evolución de la Función Generadora de Momentos

Teorema 2 Sea $p_t(\mathbf{n}) := \mathbb{P}(\mathbf{N}^t = \mathbf{n})$ el vector de probabilidad asociado a \mathbf{N}^t . Y sea $\mathcal{G}_t : \mathbb{R}^S \times \mathbb{R}^S \rightarrow \mathbb{R}$ la función generadora de momentos (f.g.m) de \mathbf{N}^t . Dados \mathbf{J}^t y \mathbf{R}^t independientes con f.g.m. $\mathcal{F}_t(\boldsymbol{\alpha})$ y $\mathcal{H}(\boldsymbol{\alpha}) := e^{k\mathbf{H}^T(\boldsymbol{\alpha})}$, respectivamente, entonces

$$\mathcal{G}_t(\boldsymbol{\alpha}) = \mathcal{G}_0(\mathbf{H}^{(t)}(\boldsymbol{\alpha})) \prod_{r=0}^{t-1} \mathcal{F}(\mathbf{H}^{(r)}(\boldsymbol{\alpha})),$$

donde $\mathbf{H}^{(r)}$ es la r -ésima iteración de la función \mathbf{H} , es decir, $\mathbf{H}^{(r)} := \mathbf{H} \circ \mathbf{H} \circ \dots \circ \mathbf{H}$, r veces.

Demostración 1 Tenemos $p_t(\mathbf{n})$ distribución de partículas en el espacio de estados, veamos

que al tiempo $t + 1$,

$$\begin{aligned} p_{t+1}(\mathbf{n}) &:= \mathbb{P}(\mathbf{N}^{t+1} = \mathbf{n}), \\ &= \sum_{\mathbf{k} \in \mathbb{N}_0^S} \mathbb{P}(\mathbf{N}^t = \mathbf{k}) \mathbb{P}(\mathbf{N}^{t+1} = \mathbf{n} | \mathbf{N}^t = \mathbf{k}), \\ &= \sum_{\mathbf{k} \in \mathbb{N}_0^S} p_t(\mathbf{k}) K(\mathbf{k}, \mathbf{n}), \end{aligned}$$

que es la ecuación de evolución de $p_t(\mathbf{n})$.

Veamos ahora que $K(\mathbf{k}, \mathbf{n})$ es la probabilidad condicional en la ecuación de evolución de $p_t(\mathbf{n})$, de modo que

$$\begin{aligned} K(\mathbf{k}, \mathbf{n}) &= \mathbb{P}(\mathbf{N}^{t+1} = \mathbf{n} | \mathbf{N}^t = \mathbf{k}), \\ &= \mathbb{P}(\mathbf{J}^t + \mathbf{R}^t = \mathbf{n}), \\ &= \sum_{\mathbf{j} + \mathbf{r} = \mathbf{n}} \mathbb{P}(\mathbf{J}^t = \mathbf{j}) \mathbb{P}(\mathbf{R}^t = \mathbf{r}). \end{aligned}$$

Esta última igualdad está dada por la independencia de \mathbf{J}^t y \mathbf{R}^t , pues su probabilidad conjunta es de la forma

$$\mathbb{P}(\mathbf{J}^t = \mathbf{j}; \mathbf{R}^t = \mathbf{r}) = (\mathbf{J}^t = \mathbf{j})(\mathbf{R}^t = \mathbf{r}).$$

Ahora, la función generatriz de \mathbf{N}^t está dada por,

$$\mathcal{G}_t(\boldsymbol{\alpha}) = \mathbb{E}[\exp(\mathbf{N}^t \boldsymbol{\alpha}^T)] = \sum_{\mathbf{n} \in \mathbb{N}_0^S} p_t(\mathbf{n}) e^{\mathbf{n} \boldsymbol{\alpha}^T},$$

y la evolución de la función generatriz,

$$\begin{aligned} \mathcal{G}_{t+1}(\boldsymbol{\alpha}) &= \sum_{\mathbf{n} \in \mathbb{N}_0^S} \sum_{\mathbf{k} \in \mathbb{N}_0^S} p_t(\mathbf{k}) K(\mathbf{k}, \mathbf{n}) e^{\mathbf{n} \boldsymbol{\alpha}^T}, \\ &= \sum_{\mathbf{n} \in \mathbb{N}_0^S} \sum_{\mathbf{k} \in \mathbb{N}_0^S} \sum_{\mathbf{j} + \mathbf{r} = \mathbf{n}} p_t(\mathbf{k}) \mathbb{P}(\mathbf{J}^t = \mathbf{j}) \mathbb{P}(\mathbf{R}^t = \mathbf{r}) e^{\mathbf{n} \boldsymbol{\alpha}^T}. \end{aligned}$$

Notemos que en la ecuación anterior la suma sobre \mathbf{n} y la suma sobre la restricción

$\mathbf{j} + \mathbf{r} = \mathbf{n}$ resulta en una doble suma sobre \mathbf{j} y \mathbf{r} , por lo que reescribimos,

$$\mathcal{G}_{t+1}(\boldsymbol{\alpha}) = \sum_{\mathbf{k} \in \mathbb{N}_0^S} \sum_{\mathbf{j} \in \mathbb{N}_0^S} \sum_{\mathbf{r} \in \mathbb{N}_0^S} p_t(\mathbf{k}) \mathbb{P}(\mathbf{J}^t = \mathbf{j}) \mathbb{P}(\mathbf{R}^t = \mathbf{r}) e^{(\mathbf{j}+\mathbf{r})\boldsymbol{\alpha}^T},$$

recordando que

$$\mathcal{F}_t(\boldsymbol{\alpha}) = \mathbb{E}[\exp(\mathbf{J}^t \boldsymbol{\alpha}^T)] = \sum_{\mathbf{j} \in \mathbb{N}_0^S} \mathbb{P}(\mathbf{J}^t = \mathbf{j}) e^{\mathbf{j}\boldsymbol{\alpha}^T},$$

$$\mathcal{H}(\boldsymbol{\alpha}) = \mathbb{E}[\exp(\mathbf{R}^t \boldsymbol{\alpha}^T)] = \sum_{\mathbf{r} \in \mathbb{N}_0^S} \mathbb{P}(\mathbf{R}^t = \mathbf{r}) e^{\mathbf{r}\boldsymbol{\alpha}^T},$$

$$\mathcal{G}_{t+1}(\boldsymbol{\alpha}) = \sum_{\mathbf{k} \in \mathbb{N}_0^S} p_t(\mathbf{k}) \mathcal{F}_t(\boldsymbol{\alpha}) \mathcal{H}(\boldsymbol{\alpha}).$$

Siendo que, por la hipótesis

$$\mathcal{H}(\boldsymbol{\alpha}) = e^{\mathbf{k}\mathbf{H}^T(\boldsymbol{\alpha})},$$

donde $\mathbf{H} : \mathbb{R}^S \rightarrow \mathbb{R}^S$ es una función vectorial, tendremos componente a componente:

$$H_i(\boldsymbol{\alpha}) := \log \left(e_i + \sum_{j=1}^S q_{i,j} e^{\alpha_j} \right).$$

Entonces, la ecuación de evolución de la f.g.m., es

$$\mathcal{G}_{t+1}(\boldsymbol{\alpha}) = \mathcal{F}_t(\boldsymbol{\alpha}) \mathcal{G}_t(\mathbf{H}(\boldsymbol{\alpha})),$$

iterando, tenemos:

$$\begin{aligned} \mathcal{G}_1(\boldsymbol{\alpha}) &= \mathcal{F}(\boldsymbol{\alpha}) \mathcal{G}_0(\mathbf{H}(\boldsymbol{\alpha})), \\ \mathcal{G}_2(\boldsymbol{\alpha}) &= \mathcal{F}(\boldsymbol{\alpha}) \mathcal{F}(\mathbf{H}(\boldsymbol{\alpha})) \mathcal{G}_0(\mathbf{H}(\mathbf{H}(\boldsymbol{\alpha}))), \\ \mathcal{G}_3(\boldsymbol{\alpha}) &= \mathcal{F}(\boldsymbol{\alpha}) \mathcal{F}(\mathbf{H}(\boldsymbol{\alpha})) \mathcal{F}(\mathbf{H}^{(2)}(\boldsymbol{\alpha})) \mathcal{G}_0(\mathbf{H}^{(3)}(\boldsymbol{\alpha})), \\ &\vdots \\ \mathcal{G}_t(\boldsymbol{\alpha}) &= \mathcal{G}_0(\mathbf{H}^{(t)}(\boldsymbol{\alpha})) \prod_{r=0}^{t-1} \mathcal{F}(\mathbf{H}^{(r)}(\boldsymbol{\alpha})) \quad \square. \end{aligned}$$

2.5. Modelos epidemiológicos

2.5.1. Descripción y diversidad de modelos

Diferentes modelos requieren también herramientas computacionales diferentes que se adapten a las consideraciones y parámetros del modelo. La siguiente tabla [9] muestra los diferentes tipos de acercamiento computacional dependiendo del modelo empleado.

Tipos	Nombres	Métodos
Modelos matemáticos	Modelos por compartimentos, modelos Reed-Frost	Ecuaciones diferenciales, procesos estocásticos, Monte Carlo, Cadenas de Markov
Modelos de redes complejas	Dinámicas de sistema en redes complejas, simulaciones numéricas de epidemias en redes complejas, modelos de metapoblación, redes pesadas, redes adaptativas	Ecuaciones diferenciales, procesos estocásticos
Modelos basados en agentes	Bio-War, EpiSims, FluTE, MASON, GeoGraphs, EpiFast	Algoritmos, técnicas computacionales, redes complejas, atomatas celulares, GIS, simulación

Tabla 2.1: Clasificación de modelos epidémicos.

2.5.2. Modelos por compartimentos

En los modelos por compartimentos se fragmenta alguna o varias poblaciones de partículas o individuos en diferentes grupos que compartan determinada característica. Además los grupos en los que se dividen, es decir, los compartimentos, pueden y suelen tener intercambio entre ellos, siendo así una partícula o individuo puede pasar de un compartimento a otro. [11] En epidemiología se utilizan estos modelos para separar personas por su estado de salud en relación a alguna enfermedad en específico. Un modelo frecuente es el modelo *SIR*, cuyas siglas indican *Susceptible-Infected-Recovered*, [19] análogo a las siglas en español *Susceptible-Infectado-Recuperado*, en el cual hay personas que pueden contraer la enfermedad, personas que están contagiadas y pueden propagar la enfermedad y personas que se han recuperado de la enfermedad y ahora poseen inmunidad a la misma. Desde ese modelo se

han dado lugar a otras variaciones, nombrando otros compartimentos diferentes a los del *SIR* o especificando sobre los mismos, donde además existe un intercambio entre estos compartimentos mediante el proceso definido de contagio para cada enfermedad. En el caso, por ejemplo, de enfermedades cuya infección no supone inmunidad, se habla de un modelo *SIS*, en el que las personas susceptibles después de ser infectadas vuelven a ser susceptibles a la enfermedad. [13]

2.5.3. Modelo Reed-Frost

El modelo de Reed-frost es un modelo S-I-R a tiempo discreto.[3] que evoluciona de acuerdo a la recursión de Markov y asume que en cualquier momento dado cualesquiera par de partículas puede entrar en contacto, es decir, asume que el sistema es homogéneo y además no requiere grandes capacidades de cómputo pues no se enfoca en cada una de las interacciones individuo-individuo. Si bien, esto le resta complejidad computacional, también reduce la cercanía del modelo con la realidad, dado que se toma en cuenta una versión simplificada de las interacciones sociales. [10]

2.5.4. Protocolos de ingreso-egreso

A nivel nacional se emitieron recomendaciones para la separación de entradas y salidas en lugares públicos, para lo cual los estados emitieron sus propias recomendaciones, a continuación se cita un documento oficial emitidos por el gobierno de la Ciudad de México y el acuerdo emitido por la Secretaría de Salud de gobierno de México.

Emitidos por el Gobierno de la Ciudad de México

‘Si el inmueble cuenta con 2 accesos, deberá habilitar uno de manera exclusiva para el ingreso y otro de manera exclusiva para la salida. En el caso de no ser factible lo anterior, es decir, donde se cuente solo con un acceso, utilizado para entrada y salida, esta deberá dividirse, indicando y marcando el sentido de circulación para el ingreso y para la salida. En ambos casos, se debe señalar claramente el tránsito para el ingreso y salida.’ [23].

Emitidos por la Secretaría de Salud del Gobierno de México

‘Establecer entradas y salidas exclusivas del personal; en caso de que se cuente con un solo acceso, éste se deberá dividir por barreras físicas a fin de contar con espacios específicos para el ingreso y salida del personal.’ [26]

Capítulo III

RESULTADOS

3.1. Estructuras de CMA a estudiar

Para este estudio los estados de las cadenas de Markov se consideran cada uno como un recinto, o bien, una división entre recintos de lugares públicos. A continuación detallamos las estructuras de CMA que se eligieron para desarrollar los resultados teóricos y realizar simulaciones.

3.1.1. Estructura de un solo estado

Es la CMA mas simple, en este caso se incluye un protocolo de entrada binomial, en el que cada partícula antes de entrar lanza un volado y al ganarlo entra a la cadena, es decir, al recinto. Y de perderlo simplemente no entrará. Notemos que tiene una probabilidad de entrada p y una probabilidad de salir q o quedarse en la cadena $1 - q$, las cuales suman 1.

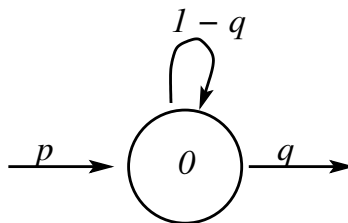


Figura 3.1: Cadena de Markov abierta de un solo estado.

Este diagrama puede analogarse con un recinto público como una plaza abierta o una reunión de personas en un único espacio que permite entrada y salida. En este sistema de un solo estado no es consideramos el caso con mas de una entrada y una salida ya que aunque el recinto físico lo pudiera permitir, las probabilidades de salida en cada puerta se sumarían para hacer una sola probabilidad de salida, así como las probabilidades de entrada que además estarán contempladas en el protocolo de entrada.

3.1.2. Estructura en línea de dos estados

Para este caso es posible hacer una comparación entre el caso en el que se aplican protocolos de ingreso-egreso y en el caso en el que no se aplican. Llamaremos *Acceso Libre (AL)* al caso sin protocolos de ingreso-egreso y *Acceso Controlado (AC)* a el caso en el que se aplican los protocolos. Como es mencionado antes, cada estado en los diagramas representa un recinto en un espacio público, por tanto, la siguiente cadena modela un espacio con dos recintos en los que cada uno tiene su propia entrada y salida y se permite el intercambio entre ambos. Además esta es la representación de Acceso Libre (AL).

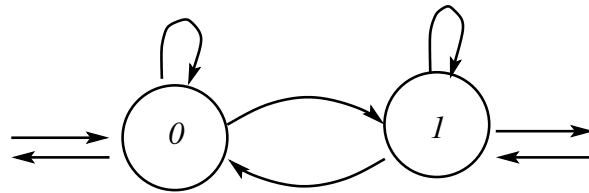


Figura 3.2: Cadena de Markov abierta de dos estados y dos entradas y salidas.

Al aplicarse el protocolo de *ingreso-egreso* y realizar la separación de entradas y salidas, una de la anterior entrada y salida del sistema anterior tiene que pasar a ser únicamente una entrada y la otra a ser únicamente salida, por tanto tendremos diagrama indicado en la figura 3.3. para el caso de Acceso Controlado (AC).

Es importante notar que la estructura de línea permite establecer una secuencia entre los estados, siendo en el caso de acceso controlado el estado cero al que se puede acceder inicialmente y el estado siguiente el que permite la salida.

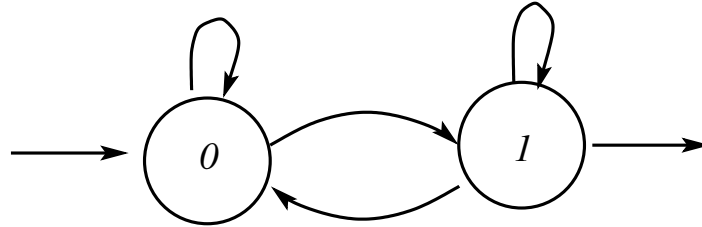


Figura 3.3: Cadena de Markov Abierta de dos estados y una entrada y salida.

3.1.3. Estructura en línea de tres estados

En el caso en el que tenemos tres estados conectados en una estructura de línea, de los cuales es posible la entrada y salida por los estados extremos, tendremos el siguiente diagrama para Acceso Libre.

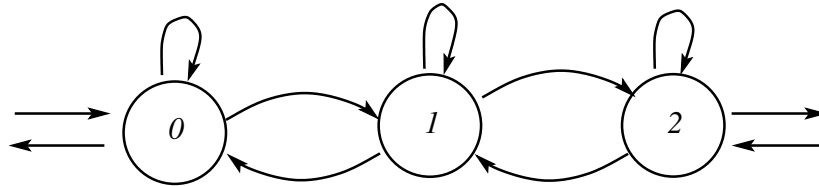


Figura 3.4: Cadena de Markov Abierta de tres estados con dos entradas y dos salidas.

Y el siguiente diagrama representa el acceso controlado en una CMA de tres estados en línea.

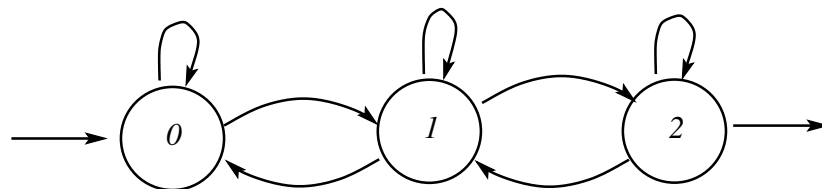


Figura 3.5: Cadena de Markov Abierta de tres estados con una entrada y una salida.

En este caso se puede analogar el sistema a un supermercado en el que hay un lugar definido para entrar y un lugar diferente para salir, siendo el recinto central en sí el centro del supermercado, el recinto inicial la entrada principal y el recinto final el área de cajas o bien, la salida principal.

3.2. Resultados teóricos

3.2.1. Tiempos de permanencia

Para estudiar los tiempo de permanencia de partículas, considerademos una cadena de Markov abierta de dos estados con estructura de línea, en la que además consideramos *el exterior* de la cadena.

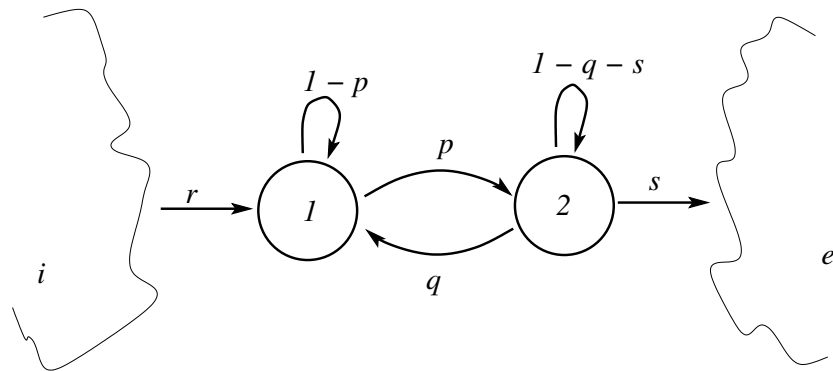


Figura 3.6: Cadena de Markov abierta de dos estados.

Donde $\mathcal{S} = \{0, 1\}$ es su espacio de estados.

Sea X_t el estado de la partícula al tiempo k . Definimos $X_{-1} = "i"$, donde i es el estado de inicio en el exterior, donde podemos decir se encuentra la partícula antes de entrar a la cadena de Markov. Así como $X_0 = 1$ y X_1, X_2, \dots el resto de los estados de la partícula al tiempo t .

Definición 5 (Tiempo de permanencia) Sea τ la variable aleatoria que indica el tiempo en el que la partícula se encuentra dentro de la cadena justo antes de salir. Definimos

$$\tau = \max\{k : X_k \in \mathcal{S}\},$$

de modo que $\tau \in \{0, 1, 2, 3, \dots\} = \mathbb{N}$.

Definición 6 (Probabilidad de Salida) Sea $p_s(k)$ la probabilidad de que una partícula permanezca dentro de la cadena de Markov durante un tiempo k antes de salir, entonces

$$p_s(k) := \mathbb{P}(\tau = k).$$

Teorema 3 (Probabilidad de tiempo de permanencia) \mathbf{Q} la matriz de saltos, \mathcal{S} los estados de una cadena de Markov abierta, así como ε la probabilidad de salir de la cadena. Y sea τ la variable aleatoria que indica el tiempo en el que la partícula se encuentra dentro de la cadena justo antes de salir. Entonces, la probabilidad de que una partícula que está dentro de la cadena salga al tiempo k esta dada por:

$$\mathbb{P}(\tau = k) = \varepsilon \cdot (\mathbf{Q}^{k-1})_{1,s}.$$

Demostración 2 Definimos los conjuntos S_k , representados de forma que s es el último estado que toma antes de salir y e cuando la partícula se posiciona en el exterior del sistema.

$$\begin{aligned} S_1 &= \{x = i1se\}, \\ S_2 &= \bigcup_a \{x = i1ase\}, \\ S_3 &= \bigcup_{a_1} \bigcup_{a_2} \{x = i1a_1a_2se\}, \\ &\vdots \\ S_k &= \bigcup_{a_1} \bigcup_{a_2} \dots \bigcup_{a_k} \{x = i1a_1a_2 \dots a_kse\}, \\ &= \bigcup_{a_1^{k-1}} \{x = i1a_1^{k-1}se\}, \end{aligned}$$

de donde tenemos

$$\mathcal{S}^{k-1} = \{a_1^{k-1}se = a_1a_2 \dots a_{k-1}se : a_j \in \mathcal{S}, \quad 1 \leq j \leq k-1\}.$$

Para calcular $\mathbb{P}(\tau = k)$ es necesario calcular la probabilidad de S_k puesto que $\mathbb{P}(\tau = k) = \mathbb{P}(S_k)$, luego, al ser las trayectorias disjuntas dos a dos de modo que $S_k \cap S_m = \emptyset, \forall k \neq m$, podemos descomponer $\mathbb{P}(\tau = k)$ de la siguiente forma

$$\begin{aligned}
\mathbb{P}(\tau = k) &= \mathbb{P}(S_k), \\
&= \mathbb{P}\left(\bigcup_{a_1^{k-1}} \{x = i1a_1^{k-1}se\}\right), \\
&= \sum_{a_1^{k-1}} \mathbb{P}(\{x = i1a_1^{k-1}se\}).
\end{aligned}$$

Dada la estructura de línea de la cadena de Markov abierta es posible calcular las trayectorias individuales. Para ello, primero suponemos que la partícula entra a la cadena, por lo tanto la probabilidad de saltar del exterior i a al estado 0 es $\mathbb{P}(i \rightarrow 1) = 1$. Entonces, para una trayectoria cualesquiera, tendremos

$$\begin{aligned}
\mathbb{P}(\{x = i1a_1^{k-1}se\}) &= \pi_0(1)\mathbf{Q}(a_1, a_2)\mathbf{Q}(a_2, a_3) \dots \mathbf{Q}(a_{k-2}, a_{k-1})\varepsilon, \\
&= \mathbf{Q}(a_1, a_2)\mathbf{Q}(a_2, a_3) \dots \mathbf{Q}(a_{k-2}, a_{k-1})\varepsilon.
\end{aligned}$$

Por tanto, para todas las trayectorias tendremos

$$\begin{aligned}
\mathbb{P}(S_k) &= \sum_{a_1 \in \mathcal{S}} \sum_{a_2 \in \mathcal{S}} \dots \sum_{a_{k-1} \in \mathcal{S}} \mathbb{P}(\{i1a_1^{k-1}se\}), \\
&= \sum_{a_1 \in \mathcal{S}} \sum_{a_2 \in \mathcal{S}} \dots \sum_{a_{k-1} \in \mathcal{S}} \mathbf{Q}(a_1, a_2)\mathbf{Q}(a_2, a_3) \dots \mathbf{Q}(a_{k-2}, a_{k-1})\varepsilon,
\end{aligned}$$

al sumar sobre el producto matricial obtenemos la expresión

$$\mathbb{P}(S_k) = (\mathbf{Q}^{k-1})_{(1,s)} \cdot \varepsilon,$$

por lo tanto

$$\mathbb{P}(\tau = k) = \varepsilon \cdot (\mathbf{Q}^{k-1})_{(1,s)}.$$

Observación 1 En los casos con más de una entrada y salida tomando el vector de la dis-

tribución inicial π_0 y el vector de salida ε asociado a la cadena en el que cada componente es la probabilidad de salir de cada estado, podemos obtener un resultado similar al incluir la suma sobre las entradas de los vectores de probabilidad inicial y de la probabilidad de salida, de este modo, tendremos

$$\mathbb{P}(\{x = ia_0^{k-1}s_l e\}) = \pi_0(a_0)\mathbf{Q}(a_1, a_2)\mathbf{Q}(a_2, a_3) \dots \mathbf{Q}(a_{k-2}, s_l)\varepsilon(s_l),$$

$$\mathbb{P}(S_k) = \sum_{a_0 \in \mathcal{S}} \sum_{a_1 \in \mathcal{S}} \sum_{a_2 \in \mathcal{S}} \dots \sum_{a_{k-1} \in \mathcal{S}} \sum_{s_l \in \mathcal{S}} \pi_0(a_0)\mathbf{Q}(a_1, a_2)\mathbf{Q}(a_2, a_3) \dots \mathbf{Q}(a_{k-2}, s_l)\varepsilon(s_l),$$

$$\Rightarrow \mathbb{P}(\tau = k) = \pi_0 \cdot (\mathbf{Q}^{k-1})\varepsilon.$$

Esta última observación es un resultado teórico que generaliza la probabilidad del tiempo de permanencia en una CMA con cualquier estructura, con la cual es posible dar una distribución teórica del tiempo de permanencia siempre que se cuente con el vector de probabilidad inicial, la matriz de saltos y un vector de las probabilidades de salida.

3.2.2. Tiempos de contagio para una CMA de un estado

Sea la siguiente cadena de Markov Abierta que representa un recinto con una entrada y una salida para las partículas.

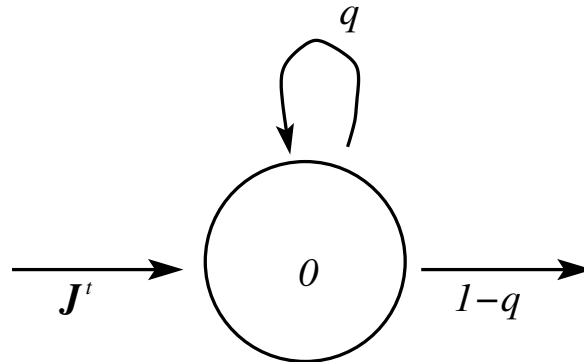


Figura 3.7: Cadena de Markov abierta de un estado con probabilidad de salida $1 - q$.

Cuya matriz de probabilidad de transición es $\mathbf{Q} = 1 - q = \varepsilon$ con ε siendo la probabilidad de salida y donde tenemos la entrada de partículas \mathbf{J} y \mathbf{K} de partículas sanas y contagiosas, respectivamente. Al interior del recinto tendremos partículas sanas denotada por \mathbf{H} , contagiosas

\mathbf{M} y contagiadas/expuestas \mathbf{C} .

Definimos la probabilidad de contagio de una partícula por

$$p := \frac{\alpha \mathbf{M}}{\mathbf{H} + \mathbf{M} + \mathbf{C}} = \frac{\alpha \mathbf{M}}{\mathcal{L}},$$

donde α es un factor de contagio tal que $\alpha \in [0, 1]$.

En este proceso consideraremos dos pasos de tiempo consecutivos, el primero de movimiento y el segundo de contagio. En el primer paso tendremos las siguientes ecuaciones para las poblaciones de partículas sanas, contagiosas y expuestas.

$$\begin{aligned}\mathbf{H}^{t+1} &= \mathbf{J} + R(\mathbf{H}^t), \\ \mathbf{M}^{t+1} &= \mathbf{K} + R(\mathbf{M}^t), \\ \mathbf{C}^{t+1} &= R(\mathbf{C}^t),\end{aligned}$$

con $R(X) \sim \text{Binom}(X, q)$ para cada $X \in \{\mathbf{H}^t, \mathbf{M}^t, \mathbf{C}^t\}$.

Para el contagio pasaremos al segundo tiempo, $t + 2$, donde tendremos las ecuaciones de evolución en función de las partículas contagiadas A al tiempo $t + 1$,

$$\begin{aligned}\mathbf{H}^{t+2} &= \mathbf{H}^{t+1} - A(\mathbf{H}^{t+1}, \mathbf{M}^{t+1}, \mathbf{C}^{t+1}), \\ \mathbf{M}^{t+2} &= \mathbf{M}^{t+1}, \\ \mathbf{C}^{t+2} &= \mathbf{C}^{t+1} + A(\mathbf{H}^{t+1}, \mathbf{M}^{t+1}, \mathbf{C}^{t+1}).\end{aligned}$$

Para el cálculo en valores promedio del contagio, aplicamos la operación de esperanza a todas las ecuaciones de evolución. Definiendo $\mathbf{h}_t = \mathbb{E}[\mathbf{H}^t]$, $\mathbf{m}_t = \mathbb{E}[\mathbf{M}^t]$ y $\mathbf{c}_t = \mathbb{E}[\mathbf{C}^t]$.

$$\begin{aligned}\mathbf{h}_{t+1} &= \mathbf{j}_t + \mathbb{E}[R(\mathbf{H}^t)] = \mathbf{j}_t + q\mathbf{h}_t, \\ \mathbf{m}_{t+1} &= \mathbf{k}_t + \mathbb{E}[R(\mathbf{M}^t)] = \mathbf{k}_t + q\mathbf{m}_t, \\ \mathbf{c}_{t+1} &= \mathbb{E}[R(\mathbf{C}^t)] = q\mathbf{c}_t,\end{aligned}$$

de la misma forma para $t + 2$ tendremos $\mathbf{h}_{t+2} = \mathbf{h}_{t+1} - \mathbb{E}[A]$, de donde la esperanza de A estará dada por $\mathbb{E}[A] = p(\mathbf{h}_{t+1}, \mathbf{m}_{t+1}, \mathbf{c}_{t+1}) \cdot \mathbf{h}_{t+1}$ entonces

$$\begin{aligned}\mathbf{h}_{t+2} &= \mathbf{h}_{t+1}(1 - p(\mathbf{h}_{t+1}, \mathbf{m}_{t+1}, \mathbf{c}_{t+1})), \\ \mathbf{m}_{t+2} &= \mathbf{m}_{t+1}, \\ \mathbf{c}_{t+2} &= \mathbf{c}_{t+1} + p(\mathbf{h}_{t+1}, \mathbf{m}_{t+1}, \mathbf{c}_{t+1}) \cdot \mathbf{h}_{t+1}.\end{aligned}$$

Para continuar, como hipótesis tomemos constantes a \mathbf{j}_t y \mathbf{k}_t , de modo que $\mathbf{j}_t = \mathbf{j}$ y $\mathbf{k}_t = \mathbf{k}$, teniendo así las siguientes ecuaciones

$$\begin{aligned}\mathbf{h}_{t+1} &= \mathbf{j} + q\mathbf{h}_t, \\ \mathbf{m}_{t+1} &= \mathbf{k} + q\mathbf{m}_t, \\ \mathbf{c}_{t+1} &= q\mathbf{c}_t.\end{aligned}$$

y

$$\begin{aligned}\mathbf{h}_{t+2} &= \mathbf{h}_{t+1} \left(1 - \frac{\alpha \mathbf{m}_{t+1}}{\mathbf{h}_{t+1} + \mathbf{m}_{t+1} + \mathbf{c}_{t+1}} \right), \\ \mathbf{c}_{t+2} &= \mathbf{c}_{t+1} + \left(\frac{\alpha \mathbf{m}_{t+1}}{\mathbf{h}_{t+1} + \mathbf{m}_{t+1} + \mathbf{c}_{t+1}} \right).\end{aligned}$$

Convirtiendo las ecuaciones anteriores a un sistema matricial con las ecuaciones para \mathbf{h} y \mathbf{c} , con $r_t = [\mathbf{h}_t, \mathbf{m}_t, \mathbf{c}_t]^t$, tendremos

$$r_{t+1} = a + T_1 r_t,$$

$$r_{t+1} = \begin{bmatrix} \mathbf{h}_{t+1} \\ \mathbf{m}_{t+1} \\ \mathbf{c}_{t+1} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{j} \\ \mathbf{k} \\ 0 \end{bmatrix} + q \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{h}_t \\ \mathbf{m}_t \\ \mathbf{c}_t \end{bmatrix}.$$

Notemos que $T_1 = qI_3$, por tanto, para el siguiente paso de tiempo

$$r_{t+2} = T_2 r_{t+1},$$

lo cual, en su forma matricial es

$$r_{t+2} = \begin{bmatrix} \mathbf{h}_{t+2} \\ \mathbf{m}_{t+2} \\ \mathbf{c}_{t+2} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1-p & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ p & 0 & 1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{h}_{t+1} \\ \mathbf{m}_{t+1} \\ \mathbf{c}_{t+1} \end{bmatrix}.$$

Entonces, sustituyendo tendremos

$$r_{t+2} = T_2 r_{t+1} = T_2(a + T_1 r_t) = T_2 a + T_2 T_1 r_t,$$

como T_1 es la matriz identidad multiplicada por q , tendremos que

$$r_{t+2} = T_2 a + T_2(qI_3)r_t = T_2 a + qT_2 r_t = T_2(a + qr_t),$$

y en el caso estacionario

$$r = T_2(a + qr),$$

que está basado en $r = \begin{bmatrix} \mathbf{h} \\ \mathbf{m} \\ \mathbf{c} \end{bmatrix}$, T_2 y a . Desarrollando la forma matricial,

$$r = \begin{bmatrix} \mathbf{h} \\ \mathbf{m} \\ \mathbf{c} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1-p & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ p & 0 & 1 \end{bmatrix} \left(\begin{bmatrix} \mathbf{j} \\ \mathbf{k} \\ 0 \end{bmatrix} + q \begin{bmatrix} \mathbf{h} \\ \mathbf{m} \\ \mathbf{c} \end{bmatrix} \right),$$

$$r = \begin{bmatrix} 1-p & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ p & 0 & 1 \end{bmatrix} \left(\begin{bmatrix} \mathbf{j} + q\mathbf{h} \\ \mathbf{k} + q\mathbf{m} \\ q\mathbf{c} \end{bmatrix} \right).$$

Realizando el producto matricial y sustituyendo $\hat{p} = 1 - p$ para simplificar la notación

$$r = \begin{bmatrix} \mathbf{j} - p\mathbf{j} + q\mathbf{h} - p\mathbf{h} \\ \mathbf{k} + q\mathbf{m} \\ p\mathbf{j} + pq\mathbf{h} + q\mathbf{c} \end{bmatrix},$$

$$r = \begin{bmatrix} \hat{p}\mathbf{j} + q\hat{p}\mathbf{h} \\ \mathbf{k} + q\mathbf{m} \\ p\mathbf{j} + pq\mathbf{h} + q\mathbf{c} \end{bmatrix},$$

tendremos las siguientes tres ecuaciones

$$\mathbf{h} = \hat{p}\mathbf{j} + q\hat{p}\mathbf{h},$$

$$\mathbf{m} = \mathbf{k} + q\mathbf{m},$$

$$\mathbf{c} = p\mathbf{j} + pq\mathbf{h} + q\mathbf{c},$$

de las cuales podemos resolver las primeras dos sin la dependencia de alguna de las otras variables \mathbf{h} , \mathbf{m} y \mathbf{c} y la tercera que depende unicamente de \mathbf{h} de modo que tendremos

$$\begin{aligned} \mathbf{h} &= \frac{p\mathbf{j}}{1 - \widehat{p}q}, \\ \mathbf{m} &= \frac{\mathbf{k}}{1 - q}, \\ \mathbf{c} &= \frac{p\mathbf{j} + pq\mathbf{h}}{1 - q}. \end{aligned}$$

Recordemos que $p = \frac{\alpha\mathbf{m}}{\mathbf{h} + \mathbf{m} + \mathbf{c}}$, llamemos ℓ al total de partículas $\ell := \mathbf{h} + \mathbf{m} + \mathbf{c}$, notemos entonces que $p = \alpha\mathbf{m}/\ell$ y $\widehat{p} = \ell - \alpha\mathbf{m}/\ell$. Así podemos reescribir las ecuaciones que parten de la forma matricial del sistema como

$$\begin{aligned} \mathbf{h} &= \frac{(\mathbf{j} + q\mathbf{h})(\ell - \alpha\mathbf{m})}{\ell}, \\ \mathbf{m} &= \mathbf{k} + q\mathbf{m}, \\ (1 - q)\mathbf{c} &= \frac{\alpha\mathbf{m}}{\ell}(\mathbf{j} + q\mathbf{h}). \end{aligned}$$

Notemos que el total de las partículas entran al recinto y luego salen siguiendo la dinámica de una cadena de Markov Abierta.

Observación 2 *El colectivo de partículas o individuos, sin importar su condición de salud, siguen las reglas de una cadena de Markov abierta. Por lo tanto la dinámica del total de partículas alcanzará un estado estacionario, es decir, ℓ se puede suponer constante y es independiente al tener su dinámica también independiente.*

Así, continuando con el desarrollo de las ecuaciones, tendremos

$$\begin{aligned} \frac{\mathbf{j}(\ell - \alpha\mathbf{m})}{\ell} &= (1 - q)\mathbf{h} + \frac{\alpha q}{\ell}\mathbf{h}\mathbf{m}, \\ \mathbf{m} &= \frac{\mathbf{k}}{1 - q}, \\ \mathbf{c} &= \frac{\alpha\mathbf{m}}{\ell} \cdot \frac{\mathbf{j} + q\mathbf{h}}{1 - q}, \end{aligned}$$

y finalmente, añadiendo también la notación $\hat{q} = 1 - q$,

$$\begin{aligned} \mathbf{h} &= \frac{\mathbf{j} \left(1 - \frac{\alpha \mathbf{k}}{\ell \hat{q}}\right)}{\hat{q} + \frac{\alpha q \mathbf{k}}{\ell \hat{q}}}, \\ \mathbf{m} &= \frac{\mathbf{k}}{\hat{q}}, \\ \mathbf{c} &= \frac{\alpha \mathbf{m}}{\ell} \cdot \frac{\mathbf{j} + q \mathbf{h}}{\hat{q}}, \end{aligned}$$

Obtenemos las ecuaciones que proveen de la cantidad en promedio de poblaciones de personas sanas, contagiosas y contagiadas respectivamente, para una CMA de un estado. Para obtener las salidas correspondientes a cada población de individuos, basta con multiplicar cada población por la probabilidad de salida ε correspondiente a la CMA de un estado, teniendo así las ecuaciones

$$\begin{aligned} o &= \mathbf{h} \varepsilon, \\ u &= \mathbf{m} \varepsilon, \\ v &= \mathbf{c} \varepsilon, \end{aligned}$$

para las poblaciones de salida de individuos sanos, contagiosos y contagiados respectivamente en una CMA de un estado.

Si deseamos ampliar este el resultado de una CMA con más de un estado, basta con seguir el procedimiento anterior analogando las probabilidades de contagio correspondientes mediante una matriz diagonal $\bar{\mathbf{P}}$ que indique la esperanza del contagio en cada estado y utilizando también la matriz de transición \mathbf{Q} correspondiente a la CMA [17].

$$\begin{aligned} \bar{\mathbf{h}} &= \mathbf{j} (\mathbf{I} - \bar{\mathbf{P}}) \left(\mathbf{I} - \mathbf{Q} (\mathbf{I} - \bar{\mathbf{P}}) \right)^{-1}, \\ \bar{\mathbf{m}} &= \mathbf{k} (\mathbf{I} - \mathbf{Q})^{-1}, \\ \bar{\mathbf{c}} &= (\mathbf{j} + \bar{\mathbf{h}} \mathbf{Q}) \bar{\mathbf{P}} (\mathbf{I} - \mathbf{Q})^{-1}. \end{aligned}$$

De forma análoga, las poblaciones de salida se calculan multiplicando por el vector columna

ε que contiene la probabilidad de salida para cada estado en la CMA.

$$\begin{aligned}\bar{o} &= \bar{\mathbf{h}} \varepsilon, \\ \bar{u} &= \bar{\mathbf{m}} \varepsilon, \\ \bar{v} &= \bar{\mathbf{c}} \varepsilon.\end{aligned}$$

Teniendo así las expresiones en media para la cantidad de individuos sanos, contagiosos y contagiados que salen de una CMA con cualquier estructura dada.

3.3. Dinámica de una CMA de un estado

Para estudiar la dinámica en una CMA de un estado se estudiaron las cantidades promedio de personas contagiadas y sanas al variar la probabilidad de ingreso de personas contagiosas, así como las probabilidades de tiempo de permanencia de forma teórica y simulada.

3.3.1. Dinámica en promedio del contagio

En las gráficas de la figura 3.8. se muestra en la parte superior la salida en media de individuos contagiados al variar la probabilidad de ingreso de personas contagiosas y en la parte inferior la salida media de individuos sanos variando también la probabilidad ingreso de personas contagiosas. Para este modelo y los siguientes mostrados en los resultados consideramos que las personas tanto sanas como contagiosas siguen cada una un protocolo de entrada con distribución binomial, al simular que cada persona antes de entrar lanza un volado para decidir si entra o no. Denotaremos por p_C a la probabilidad de que una ingreso de individuos contagiosos, es decir, la probabilidad que una persona contagiosa gane un volado para entrar al sistema.

Las líneas continuas en la figura 3.8. representan la media teórica calculada para un barrido de mil pasos y los círculos representan los resultados en promedio de cien simulaciones con mil pasos de tiempo cada una. Estas simulaciones se realizaron con parámetro de permanencia $q = 0.99$, probabilidad de ingreso de personas sanas $p_H = 0.8$ y parámetro de contagio $\alpha = 0.3$.

Como es posible notar, al aumentar la probabilidad de que ingrese una persona contagiosa, incrementa la probabilidad de que una persona que originalmente estaba sana salga de la CMA estando contagiada. En consecuencia a ello, la salida media de personas sanas decrece al aumentar la probabilidad de ingreso de personas contagiosas.

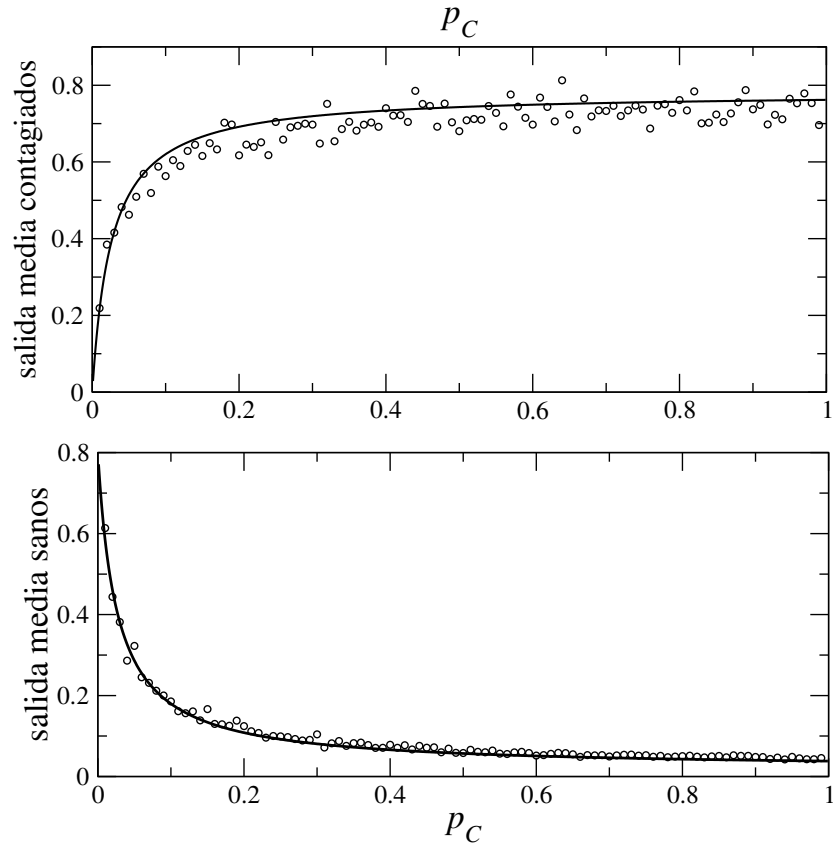


Figura 3.8: Gráfica de la cantidad de salida de individuos contagiados y sanos en media al variar p_C para una CMA con un estado.

3.3.2. Dinámica tiempos de contagio y salida

En la gráfica de la figura 3.9. se presenta la distribución de probabilidad simulada del tiempo de contagio en una CMA de un estado, estos datos se obtuvieron al normalizar la cantidad de personas para cada tiempo de contagio. El tiempo de contagio es la cantidad de tiempo que transcurre desde que una persona entra al recinto hasta que se contagia dentro de la CMA. Para elaborar la gráfica se realizaron mil simulaciones con tiempo límite de simulación $t_{max} = 1000$, probabilidad de entrada de individuos contagiosos $p_C = 0.2$, probabilidad de ingreso de individuos sanos $p_H = 0.8$, parámetro de contagio $\alpha = 0.2$ y probabilidad de permanencia $q = 0.8$.

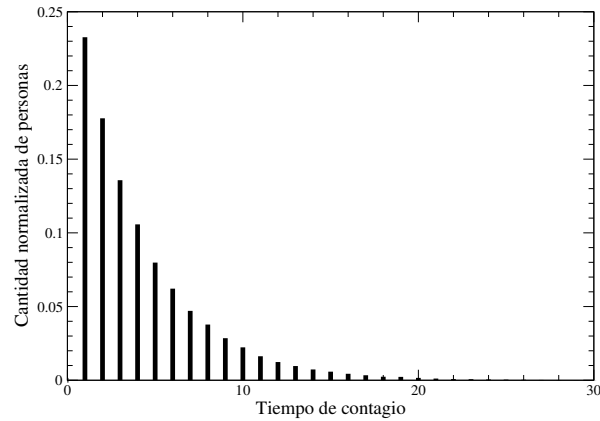


Figura 3.9: Gráfica de tiempos de contagio de individuos en una CMA de un estado.

Ahora, en la gráfica siguiente se presenta la distribución de probabilidad de tiempo de permanencia teórico y simulado en una CMA de un estado.

Para la curva teórica, que se muestra en como una línea continua, se utilizó el teorema de

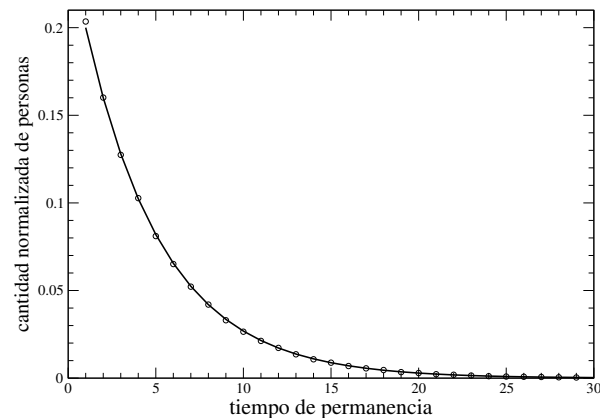


Figura 3.10: Gráfica de tiempos de permanencia de individuos en una CMA de un estado.

tiempo de permanencia para cada tiempo $t \in \{1, 2, \dots, 50\}$ y para obtener la curva simulada se normalizaron los resultados de mil simulaciones cortadas a tiempo $t_{max} = 1000$ con parámetro de permanencia $q = 0.8$.

Podemos notar en las gráficas de tiempo de permanencia y tiempo de contagio que decrecen

con el tiempo, alcanzando valores cercanos a cero alrededor de $t = 20$ para el contagio y de $t = 25$ para el tiempo de permanencia.

3.4. Comparación entre acceso libre y acceso controlado

3.4.1. Dinámica del contagio

En las gráficas mostradas en esta sección podremos observar la cantidad de salidas en promedio de personas sanas y contagiadas en la CMA de dos y tres estados con estructura de línea al variar la probabilidad p_C de ingreso para una persona contagiosa.

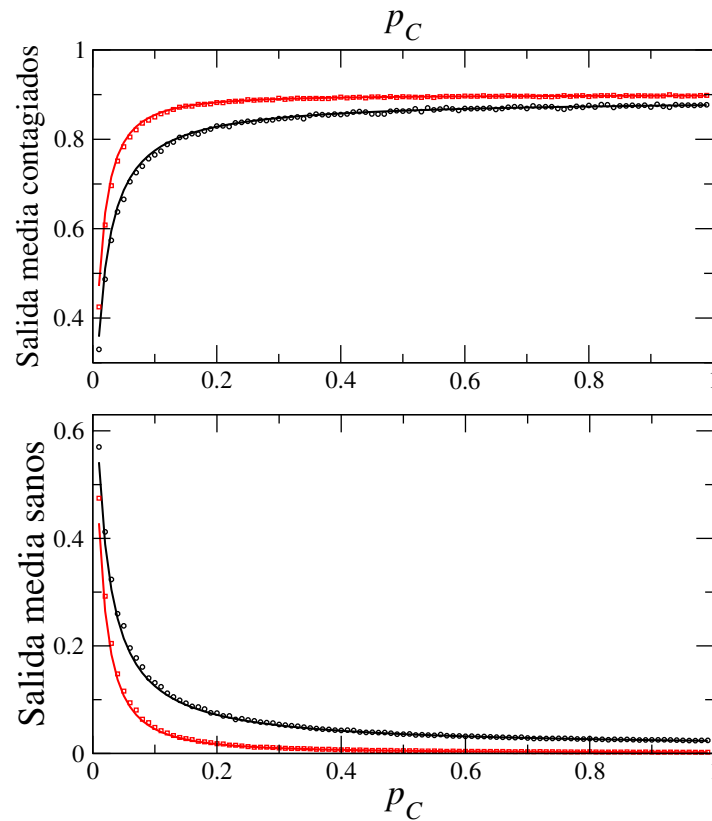


Figura 3.11: Gráficas de la cantidad de salida de contagiados y sanos en media teórica contra simulados al variar p_C en una CMA de dos estados.

En el par de gráficas mostradas anteriormente tenemos en la parte superior la salida media de personas contagiadas y en la parte inferior la salida media de personas sanas. Las líneas continuas representan resultados teóricos mientras que las de dispersión los resultados de las simulaciones realizadas, mientras que lo mostrado en color negro representa el modelo de Acceso Libre (AL), es decir, sin protocolos de ingreso-egreso y lo mostrado en color rojo corresponde al modelo de Acceso Controlado (AC) que tiene protocolos sanitarios de ingreso-egreso. En estas gráficas podemos observar que al aumentar la probabilidad de entrada de personas contagiosas, la salida de personas contagiadas en el modelo de acceso libre (AL) es menor que en el modelo de acceso controlado (AC). De forma contraria, la salida de personas sanas en el modelo AL es mayor a la salida en el modelo AC.

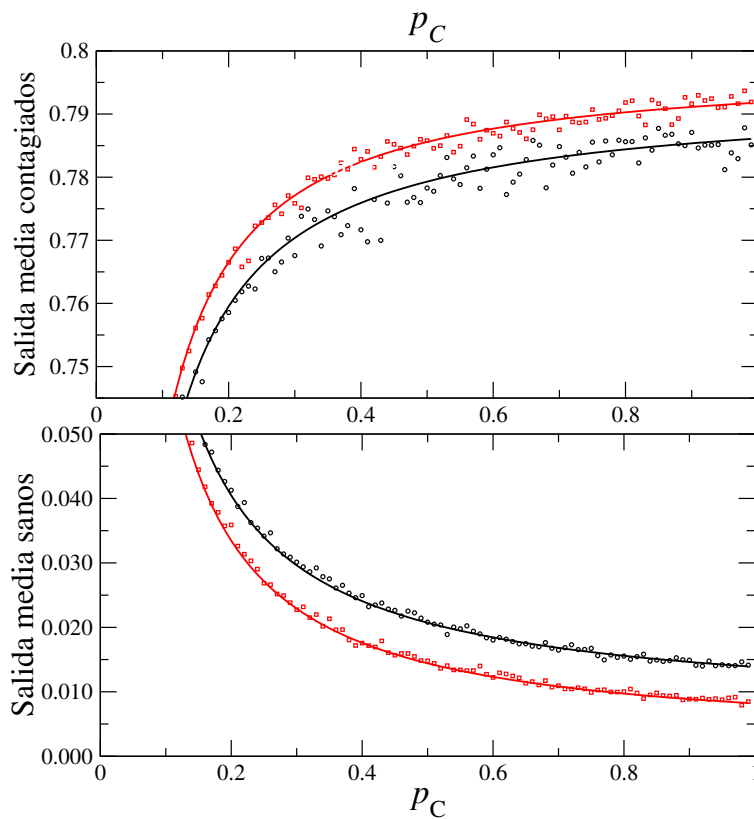


Figura 3.12: Gráficas de la cantidad de salida de contagiados y sanos en media teórica contra simulados al variar p_C en una CMA de tres estados.

En la figura anterior tenemos lo análogo a las gráficas de la figura 3.11. pero ahora se trata de la CMA de tres estados con estructura de línea. En este caso de nuevo podemos notar que al aumentar p_C la salida media de contagios crece más en el modelo AC en comparación con el modelo AL. Y de forma contraria, la cantidad media de salida de personas sanas es en general más grande en el modelo AL que en el modelo AC.

Para las simulaciones se tomaron en cuenta las matrices de transición Q_{2s} y Q_{3s} que se detallan a continuación

$$Q_{2s} = \begin{bmatrix} 1 - q & q \\ r & 1 - r - s \end{bmatrix}, \text{ con } q = r = 0.01 \text{ y}$$

$$Q_{3s} = \begin{bmatrix} 1 - q & q & 0 \\ r & 1 - q - r & q \\ 0 & r & 1 - r - s \end{bmatrix}, \text{ con } q = r = 0.05.$$

Además, como parámetro de salida se usó $s = 0.01$ en ambos casos, así como el parámetro de contagio $\alpha = 0.3$ y como probabilidad de ingreso de personas sanas se utilizó $p_H = 0.8$ para el modelo con dos estados y $p_H = 0.9$ para el de tres estados. Para permitir la comparación en probabilidad del modelo AC y el modelo AL en primer caso se toman p_H , p_C y s tal como se describen arriba, pues este solo cuenta con una entrada y una salida y en el caso AL, tomamos $p_H/2$, $p_C/2$ y $s/2$ ya que la CMA cuenta con dos entradas y dos salidas. Esta consideración también se toma para todas las gráficas de comparación entre AC y AL.

3.4.2. Dinámica tiempos de contagio y salida

En la siguientes gráficas tenemos los resultados de los tiempos de contagio simulados. Para estos, el contador de tiempo empieza desde que una persona sana entra en el sistema y marca el momento de tiempo en el que se contagió. La primera gráfica es para la CMA de dos estados y la segunda para tres estados, ambas con estructura de línea, para obtenerlas se realizaron mil simulaciones con tiempo límite de simulación igual a mil. Las barras mostradas en color negro de nuevo corresponden al modelo de Acceso Libre (AL) y las de color rojo al modelo de Acceso Controlado (AC). Veamos que en la CMA de dos estados la probabilidad de contagio simulada es menor al tener acceso libre para tiempos cortos, en este caso, hasta alrededor de $t = 12$ es cuando empieza a cambiar esta tendencia y después de $t = 20$ es notorio como la cantidad de contagios es mayor al tener acceso libre.

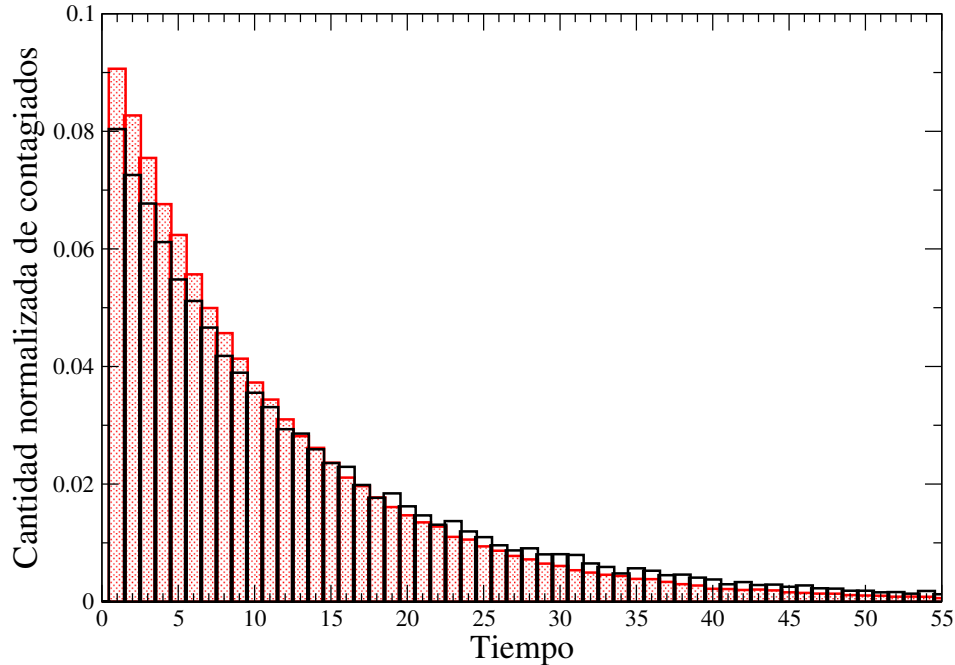


Figura 3.13: Gráfica de tiempos de contagio de individuos en una CMA de dos estados.

Ahora, en la CMA de tres estados, ocurre algo similar, pues hasta alrededor de $t = 16$ es cuando la probabilidad de contagiarse en el modelo de AC, en color rojo, se empieza a aproximar al caso de AL, en color negro, y es hasta después de $t = 20$ que el modelo de AL tiene una mayor cantidad normalizada de contagios. En estas simulaciones los parámetros de contagio se establecieron en $\alpha = 0.2$ en ambos casos, así como se usaron las matrices \mathbf{Q}_{2s} y \mathbf{Q}_{3s} mostradas en la sección 3.4.1. pero ahora con parámetros $q = 0.3$, $r = 0.2$. En los protocolos de ingreso se usaron las probabilidades de ingreso de individuos contagiosos $p_C = 0.1$ y de ingreso de individuos sanos $p_H = 0.9$, así como una probabilidad de salida $s = 0.1$.

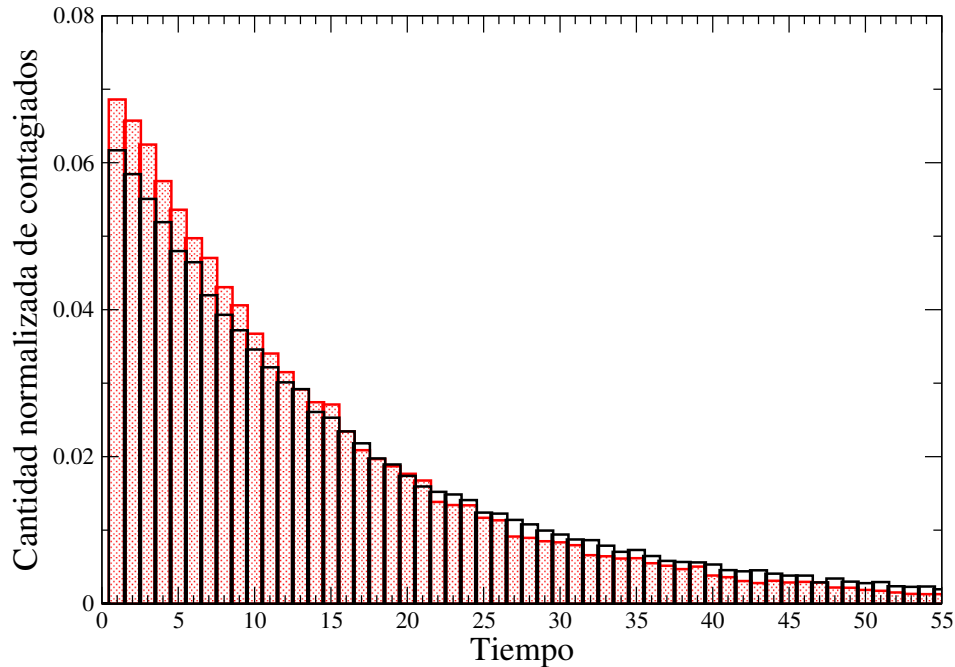


Figura 3.14: Gráfica de tiempos de contagio de individuos en una CMA de tres estados.

Para continuar, mostraremos en las siguientes gráficas el comportamiento de los tiempos de permanencia para las CMA de dos y tres estados con estructura de línea, respectivamente. De nuevo, las curvas que se muestran continuas representan los resultados teóricos y los gráficos de dispersión, los resultados de las simulaciones. Siendo lo trazado en color negro lo correspondiente al acceso libre (AL) y en color rojo el acceso controlado (AC). Las simulaciones tomadas para estas gráficas contienen los mismos parámetros que las anteriores a excepción de que la probabilidad de entrada de contagiosos p_C se hizo igual a cero para tener solo la posibilidad de que entre una persona a la vez, pues si bien la dinámica de movimiento no depende de la dinámica del contagio, los cálculos teóricos en estos casos se hicieron tomando en cuenta un protocolo de entrada para solo un tipo de individuo.

Algo que es importante notar es que el acceso libre supone una ventaja para las probabilidades de tiempo de permanencia iniciales. Esta ventaja es que, al poder salir una persona por el mismo lugar por el que entró, tiene la posibilidad de permanecer solo un tiempo dentro de la cadena. En cambio, cuando el acceso es controlado, para que una persona que ingresa al sistema pueda salir del mismo necesita transitar por uno o dos estados adicionales para los

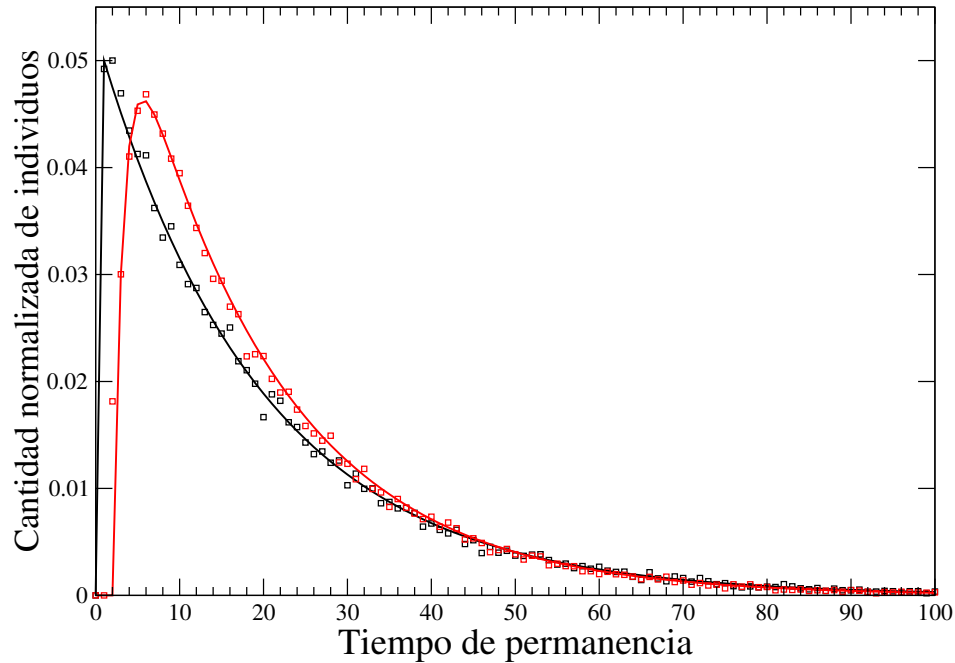


Figura 3.15: Gráfica de los tiempos de permanencia de individuos en una CMA de dos estados.

casos con dos y tres estados, respectivamente. Así, una persona que entra en una CMA de dos estados con estructura de línea tiene un tiempo mínimo de permanencia $t_{min} = 1$ para el acceso libre y de $t_{min} = 2$ para el acceso controlado, de forma similar, una persona que ingresa a una CMA de tres estados en línea tiene un tiempo mínimo de permanencia $t_{min} = 1$ para el acceso libre y $t_{min} = 3$ para acceso controlado.

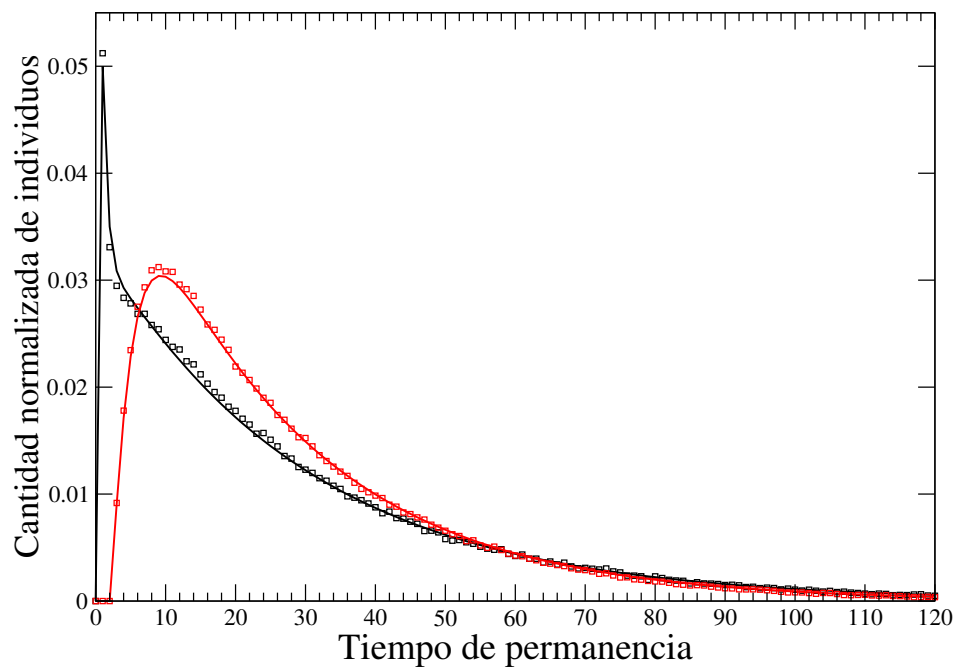


Figura 3.16: Gráfica de los tiempos de permanencia de individuos en una cadena de tres estados.

Capítulo IV

DISCUSIÓN Y CONCLUSIONES

El presente trabajo propone un modelo de propagación de enfermedades en un sistema abierto. Este modelo también nos permite obtener probabilidades de contagio simuladas en recintos públicos con cierta estructura en los que ingresan y egresan personas.

Asimismo, bajo este modelo de CMAs obtuvimos expresiones exactas para la distribución del tiempo de salida mediante el teorema de tiempos de permanencia, tal como se obtuvieron expresiones analíticas aproximadas de las poblaciones promedio con las que se pueden calcular las poblaciones promedio de salida las cuales se pueden corroborar mediante simulaciones numéricas.

Además mediante este estudio pudimos mostrar que las condiciones de acceso controlado *podrían* no ayudar a controlar o disminuir la propagación de enfermedades. Esto puede ser debido a que las condiciones de acceso controlado provocan en dentro del modelo que los individuos pasen más tiempo dentro de la cadena, al tener un tiempo mínimo de permanencia mayor, en comparación con la de acceso libre. Aunque no puede asegurarse con certeza que esto refleje la realidad, debido a que no se cuenta con datos estadísticos reales, nuestro estudio sugiere que sería de gran utilidad realizar estudios más detallados del problema, así como recabar datos de algunos recintos públicos con estructura teniendo la finalidad de evaluar si los protocolos de acceso controlado permiten o no mitigar el contagio de enfermedades infecciosas.

REFERENCIAS

- [1] J. J. Arellano-Cotrina, N. Marengo-Coronel, K. J. Atoche-Socola, C. Peña-Soto, and L. E. Arriola-Guillén. Effectiveness and recommendations for the use of dental masks in the prevention of covid-19: A literature review. *Disaster Medicine and Public Health Preparedness*, 15(5):e43–e48, 2021.
- [2] S. Baharoon and Z. A. Memish. Mers-cov as an emerging respiratory illness: A review of prevention methods. *Travel Medicine and Infectious Disease*, 32:101520, 2019.
- [3] A. Barbour and S. Utev. Approximating the reed–frost epidemic process. *Stochastic Processes and their Applications*, 113(2):173–197, 2004.
- [4] G. P. Basharin, A. N. Langville, and V. A. Naumov. The life and work of a.a. markov. *Linear Algebra and its Applications*, 386:3–26, 2004. Special Issue on the Conference on the Numerical Solution of Markov Chains 2003.
- [5] L. Bennett and G. Waterer. Control measures for human respiratory viral infection. *Semin Respir Crit Care Med*, 37(4):631–639, Aug 2016.
- [6] A. D. M. Briggs, J. Wolstenholme, T. Blakely, and P. Scarborough. Choosing an epidemiological model structure for the economic evaluation of non-communicable disease public health interventions. *Population Health Metrics*, 14(1):17, 2016.
- [7] S. Brin and L. Page. The anatomy of a large-scale hypertextual web search engine. *Computer Networks and ISDN Systems*, 30:107–117, 1998.
- [8] J. Cortés, S. El-Labany, A. Navarro-Quiles, M. M. Selim, and H. Slama. A comprehensive probabilistic analysis of approximate sir-type epidemiological models via full randomized discrete-time markov chain formulation with applications. *Mathematical Methods in the Applied Sciences*, 43(14):8204–8222, 2020.

- [9] W. Duan, Z. Fan, P. Zhang, G. Guo, and X. Qiu. Mathematical and computational approaches to epidemic modeling: a comprehensive review. *Frontiers of Computer Science*, 9(5):806–826, 2015.
- [10] L. Engelmann. A box, a trough and marbles: How the reed-frost epidemic theory shaped epidemiological reasoning in the 20th century. *Hist Philos Life Sci*, 43(3):105, Aug 2021.
- [11] E. Eriksson. Compartment models and reservoir theory. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 2(1):67–84, 1971.
- [12] R. C. Franklin and P. A. Leggat. *Basic epidemiology of non-infectious diseases*, chapter 2, pages 9–22. John Wiley Sons, Ltd, 2015.
- [13] Z. F. Fred Brauer, Carlos Castillo-Chavez. *Mathematical Models in Epidemiology*, volume 1 of *Texts in Applied Mathematics*. Springer New York, 2019.
- [14] L. Galvão, C. Twumasi, L. Asiedu, and E. N. N. Nortey. Markov chain modeling of hiv, tuberculosis, and hepatitis b transmission in ghana. *Interdisciplinary Perspectives on Infectious Diseases*, 2019:9362492, 2019.
- [15] M. Kimura. The neutral theory of molecular evolution. *Jpan. J. Gen.*, 66:367–386, 2004.
- [16] T. Li, Y. Liu, M. Li, X. Qian, and S. Y. Dai. Mask or no mask for covid-19: A public health and market study. *PLOS ONE*, 15(8):1–17, 08 2020.
- [17] Y. Morales-Huerta, B. I. García-Maya, and R. S. García. *Disease spread model in structurally complex and open spaces: an open Markov chain approach*. manuscrito en preparación, 2023.
- [18] M. Niemiec. Bonus-malus systems as markov set-chains. *ASTIN Bulletin: The Journal of the IAA*, 37(1):53–65, 2007.
- [19] K. Y. Park, S. Seo, J. Han, and J. Y. Park. Respiratory virus surveillance in canada during the covid-19 pandemic: An epidemiological analysis of the effectiveness of pandemic-related public health measures in reducing seasonal respiratory viruses test positivity. *PLoS One*, 16(6):e0253451, 2021.
- [20] L. Rincón. *Introducción a los procesos estocásticos*. UNAM, Facultad de Ciencias, 1a edition, 02 2012.

- [21] R. Salgado-García. Open markov chains: Cumulant dynamics, fluctuations and correlations. *Entropy (Basel)*, 23(2):256, February 2021.
- [22] R. C. Sato and D. M. Zouain. Markov models in health care. *einstein (São Paulo)*, 8(einstein (São Paulo), 2010 8(3)):376–379, Jul 2010.
- [23] Secretaría de Trabajo y Previsión Social and Secretaria de Salud. *GUÍA DE ACCIÓN PARA LOS CENTROS DE TRABAJO ANTE EL COVID-19*, 04 2021.
- [24] C. E. Shannon. A mathematical theory of communication. *The Bell System Technical Journal*, 27:379–423, 1948.
- [25] M. J. Sotir and D. O. Freedman. *Basic epidemiology of infectious diseases*, chapter 1, pages 1–7. John Wiley Sons, Ltd, 2015.
- [26] J. C. A. VARELA, G. M. COLÍN, L. M. A. LUJÁN, and Z. A. R. ABURTO. Acuerdo. *In por el que se establecen los Lineamientos Técnicos Específicos para la Reapertura de las Actividades Económicas.*, number 26 in (Edición Vespertina). Secretaria de Salud, Secretaria de Economía, Secretaría de Trabajo y Previsión Social, Diario Oficial de la Federación, 05 2020.
- [27] C. J. Worby and H.-H. Chang. Face mask use in the general population and optimal resource allocation during the covid-19 pandemic. *Nature Communications*, 11(1):4049, 2020.
- [28] Z. Xu, H. Zhang, and Z. Huang. A continuous markov-chain model for the simulation of covid-19 epidemic dynamics. *Biology*, 11(2), 2022.
- [29] R. Yaesoubi and T. Cohen. Generalized markov models of infectious disease spread: A novel framework for developing dynamic health policies. *European Journal of Operational Research*, 215(3):679–687, 2011.



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL
ESTADO DE MORELOS



INSTITUTO DE INVESTIGACIÓN EN CIENCIAS BÁSICAS Y APLICADAS



Control Escolar de Licenciatura

VOTOS DE APROBATORIOS

Secretaria ejecutiva del Instituto de Investigación en Ciencias Básicas Aplicadas de la Universidad Autónoma del Estado de Morelos.

P r e s e n t e .

Por medio de la presente le informamos que después de revisar la versión escrita de la tesis que realizó la C. **MORALES HUERTA YEHTLI** con número de matrícula **10018781** cuyo título es:

“Cadenas de Markov abiertas y una aplicación en epidemiología”

Consideramos que **SI** reúne los méritos que son necesarios para continuar los trámites para obtener el título de **LICENCIADO EN CIENCIAS CON AREA TERMINAL EN MATEMATICAS**.

Cuernavaca, Mor a 06 de junio del 2023

Atentamente
Por una universidad culta

Se adiciona página con la e-firma UAEM de los siguientes:

DR. FEDERICO VÁZQUEZ HURTADO	(PRESIDENTE).
DR. ANTONIO DANIEL RIVERA LÓPEZ	(SECRETARIO).
DR. RAÚL SALGADO GARCÍA	(VOCAL).
DR. ALDO FIGUEROA LARA	(SUPLENTE).
DR. CESAR OCTAVIO MALDONADO AHUMADA	(SUPLENTE).

MLGE/VRRC/OAO



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL
ESTADO DE MORELOS

Se expide el presente documento firmado electrónicamente de conformidad con el ACUERDO GENERAL PARA LA CONTINUIDAD DEL FUNCIONAMIENTO DE LA UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL ESTADO DE MORELOS DURANTE LA EMERGENCIA SANITARIA PROVOCADA POR EL VIRUS SARS-COV2 (COVID-19) emitido el 27 de abril del 2020.

El presente documento cuenta con la firma electrónica UAEM del funcionario universitario competente, amparada por un certificado vigente a la fecha de su elaboración y es válido de conformidad con los LINEAMIENTOS EN MATERIA DE FIRMA ELECTRÓNICA PARA LA UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE ESTADO DE MORELOS emitidos el 13 de noviembre del 2019 mediante circular No. 32.

Sello electrónico

CÉSAR OCTAVIO MALDONADO AHUMADA | Fecha:2023-06-06 09:04:21 | Firmante

RQBMyujQ/zvblhteG0AwWFMWkkVrb/otQCnHOcqEEycTsJx6trdhRCGKOeV1SH25ivCSLKusEAaBIYraW8pbhTSVDuDFbK5RtjxZonRW8n0BAKHeTfPjWlgtVFJR4OPNxeXREcLd5Re88SzlbnQGvu5R6cwsge5+1icLoMG/ttXCqgxDLv96QtfM6C2bfN+vDvkszBI/fDRHvUJdx7wEQUFQddKexo0EygRZ9RGj6Y9s2lyZIUYEJhMcmI Gn4xPbFES4ZAXPSwR6S5PwkzHewzVD3yY26h6srD3+dJEHiJZXAUh2H90iJiXdiOdfOw+JSchHAV3c/11JHAQ9tQ==

ANTONIO DANIEL RIVERA LOPEZ | Fecha:2023-06-06 10:27:06 | Firmante

Que/VMYYx+0eivpTODhrJl5gXgawRz2hzeKWeZODj0KS8CdhIUZtwc2iRFficcgdLj5OE4qTV1ihur7Ae+1yPGYQJXu4cOsC5m/4dEqWd3fOZySRFdfXaroU1Unu00+W4VZUGSR6CV2xb60GO4m4H0L6xIYqXx/MNkKshxSLG/69UPI1NOSf5pQlzY0n+LnDxvkg/6Y3EHIWtud9VkwYN9wxuZqkPvMhJynK/JGwxKV9VNTTrG8HZ/ez8VtMyemTbSV2VYXLeq3GNjCHNuncUiZ2B2c6NtqHQSJKt3wzjOLdM8aEJCiM2z6/4nMO5zZ8diiZjAlnHTpoRvyl7pg==

RAUL SALGADO GARCIA | Fecha:2023-06-06 20:23:38 | Firmante

faoUaclde///gndKdJPEppdl9dhUIV/88yNmFIPzaM9aYaDJ0d4qRWiGOOOvYE3KXTrsekCgcQMEumt0rE4jIzJ5sMFPvJE7KETOsX+vpYzWQxdEQ11/UWXKjCPptFwpuo4uTfXtrKSL9GgTKVkp8pmKFOVeGg/b2cY+lxwDU4V0stt8aAVfWSX46xJLdud0W0lesvebEOccVymdWIHh/lxstQREe3oZ73TVJ3x7+10skAox7Pnf2G7BWP1z0j8o1S7/ebzEvd8QXHpWAmGUDrGZ0AQOWuwrXjxAMEDBja5uSyFZ2zSPIHVtpuejfTmB5Csj8RV2ulU5SjKunyg==

FEDERICO VAZQUEZ HURTADO | Fecha:2023-06-06 22:16:19 | Firmante

MHvMN+TtkAi4LZrnMZ8ksxjzbV07RFZpdQoZ1qkP8fzeON+mEds8D+mY97JP5b2kOMYqwaA09XhIhdWSGwujPQGbta0qHpnrQ7j4zgtYDQgoP0pCI1Jaf+5zXky5nxFU9gC3ZkjLuqq+t1YpS3OBhI6iJ35Mw+/Jk4HTIWBeP2E/riTntMjsCHWgsVTYGBUMmV6lGln3w86y1eJnYeK+TKP+P8mSR0YzZ3zDEa9tmXGn9LmyyoZskE45Vojy35YEMezJ/3Mlqg1mPEFmBXbljV+/oqptaoEcTs0FauVY2hYe8lwFY2yJYRRslFPGrjKfCOCF89tvx6njSlzqPRiQ==

ALDO FIGUEROA LARA | Fecha:2023-06-07 06:26:09 | Firmante

A9q3uHuQe2QKQHKgPEYUqF0pmkypVpEA0P3cusWoExjtqvd7BWQ9h10tUWfibs1ehvxiMT0WkbQos1Y4AnTpiIDF/U8sTgw6MynKD/ey82xUmSXPzrJ1KH6UYJFfsHhFnarYoRL/BerwIU5EbQxfBqxLPhwF8fHK6iOUqbWZARw2YVsi01EWOTsTKswinhxIK9HOAXqyniQZgqCOHbaNMrWdtFKySk+7YuRnlUpXzpATGcWtl+zYhmd1TvuCQE/1FWIRbtO5LM4pKssG7XmRoloRFzkhEflzcd+aam64RrF3LA/mixAxkLjgO6KyO44JdAnlhnredSP8mIlnN9Kg==

Puede verificar la autenticidad del documento en la siguiente dirección electrónica o escaneando el código QR ingresando la siguiente clave:



RwuDqj3zH

<https://efirma.uaem.mx/noRepudio/z9RgYxSezA6iYgcvptfRXAbY0E1MGEJO>



Una universidad de excelencia

RECTORÍA
2017-2023

