



UNIVERSIDAD DE BUENOS AIRES
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales
Departamento de Matemática

**Ecuaciones límite para dinámicas markovianas:
vacunación óptima en grafos aleatorios e intercambio
de opiniones**

Tesis presentada para optar al título de Doctore de la Universidad de
Buenos Aires en el área Ciencias Matemáticas

Lic. Emanuel Javier Ferreyra

Director: Matthieu Jonckheere
Consejero de Estudios: Juan Pablo Pinasco

Fecha de Defensa: 17 de Diciembre de 2021
Lugar de trabajo: Instituto de Cálculo, FCEN, UBA

Ecuaciones límite para dinámicas Markovianas: vacunación óptima en grafos aleatorios e intercambio de opiniones

Resumen

En esta tesis estudiamos dos modelos: uno de propagación de epidemias y vacunación óptima en un grafo aleatorio y otro de intercambio de ideas.

Comenzamos explicando los métodos de modelado y prueba de los resultados principales de la tesis. Describimos procesos markovianos con medidas aleatorias de Poisson y mediante propiedades de semi-martingalas probamos la convergencia de las trayectorias en el espacio de Skorokhod, bajo un escalamiento adecuado de las tasas de salto, a un sistema determinístico de ecuaciones diferenciales.

El segundo capítulo está dedicado a un modelo epidémico de tipo SIR con vacunación óptima sobre un grafo aleatorio. Obtenemos un sistema infinito y determinístico que reducimos a uno de dimensión finita a través de una versión de la función generadora de la distribución inicial de grados. Posteriormente, mediante el uso de herramientas de la teoría de juegos y de control óptimo planteamos hipótesis muy generales para la existencia de estrategia de vacunación óptima (en un sentido viscoso) dentro de una familia funciones medibles que dependen del grado de los nodos y del tiempo, tanto en el caso individual como el centralizado. Derivamos una fórmula para el tamaño de la epidemia y del valor crítico R_0 que indica si habrá un brote en términos de los parámetros de la enfermedad, las tasas de vacunación y de la conectividad del grafo.

El tercero presenta simulaciones de diferentes modelos epidémicos mediante integración numérica junto con un formalismo de modelado de eventos discretos basado en agentes.

El cuarto es un modelo de propagación de ideas y análisis de consenso en una población con estructura etaria en la que se consideran nacimientos y muertes. Obtenemos la descripción de un límite fluido que luego caracterizamos con una ecuación en derivadas parciales mediante un método de *grazing limit*.

Palabras clave: *Grafos aleatorios, Procesos Markovianos, Ecuaciones diferenciales, Modelos de agentes, Límite de escala, Control óptimo.*

Limit equations for Markovian dynamics: optimal vaccination in random graphs and opinion formation

Abstract

In this thesis we study two models: one for diseases propagation and optimal vaccination strategies in a random graph and another of opinion formation.

We begin by explaining the modeling methods and the analysis of the main results of the manuscript. We describe Markovian processes with Poisson random measures and through semi-martingale properties we prove the convergence of the trajectories in the Skorokhod space, under a proper scaling of the jump rates, to a deterministic system of differential equations.

The second chapter is dedicated to an SIR epidemic model with optimal vaccination over a random graph. We obtain an infinite and deterministic system that we reduce to a finite dimension through a version of the generating function of the initial degree distribution. Later, using tools of game theory and optimal control, we state very general hypotheses for the existence of an optimal vaccination strategy (in a viscous sense) within a family of measurable functions that depend on the degree of nodes and time, both in the individual and in the centralized case. We derive a formula for the size of the epidemic and the critical value R_0 that indicates whether there is a breakout in terms of the parameters of the disease, the vaccination rates and the connectivity of the graph.

The third presents simulations of different epidemic models through numerical integration together with an agent-based discrete event modeling formalism.

Finally, in the fourth chapter we present a model of opinion formation and consensus analysis in a population with age structure in which births and deaths are considered. We obtain a description of a fluid limit and then we characterize it through a partial differential equation using a grazing limit method.

Keywords: *Random graphs, Markovian processes, Differential equations, Agent models, Scale limit, Optimal control.*

Agradecimientos

Esta tesis es el producto de un montón de vinculaciones y colaboraciones, me dió la posibilidad de conocer mucha gente que realmente ama su trabajo en la universidad: científicos, docentes y formadores de recursos humanos, estudiantes y no docentes. Compañeres. Quisiera agradecer primero a todes les que defienden de un modo u otro la educación pública y el trabajo científico.

En cuanto al trabajo como documento escrito quisiera agradecer a cualquiera que esté leyéndola, aunque parcialmente, y deseando que sea útil y de agradable lectura. De antemano agradezco a les jurades por aceptar leerla con detenimiento y especial atención, es realmente importante a los fines del manuscrito.

En su rol de director, Matt me indicó un montón de formas y trajo muchas ideas, pero me inculcó una independencia que considero sumamente valiosa en mi formación. Estoy agradecido de su trabajo y tiempo, también de las oportunidades que me ofreció de trabajar con sus colaboradores, de crear vínculos académicos nuevos y conocer tanta matemática. Por todo esto y su trato siempre amable y relajado, gracias.

Quisiera también agradecer enormemente a Juan Pablo Pinasco por haberme acompañado tanto académicamente como personalmente. Por las reuniones durante la madrugada, los mates en la oficina y las palabras de tranquilidad cuando todo se me desmoronaba. Por todos los conceptos y papers que me referenció, y todo lo que aprendí bajo su tutela, gracias.

A todo el grupo de probabilidades del DM, que fue una fuente de conocimiento constante y que estuvieron muchas veces disponibles para enseñarme. A Inés, Julián y Patu. A Dani, Maxi y Guido. A Manu Saenz que fue clave, que hicimos cuentas juntas y siempre estuvo para ayudarme con lo que no entendía y ofrecer su amistad. A Pablo Ferrari que tuvo siempre un buen consejo y las puertas de su oficina y de su casa siempre abiertas para mí.

También quiero agradecer especialmente a Mayte por haber su trabajo compartido, por haber leído la tesis con detenimiento y entusiasmo y las correcciones que me ayudaron a mejorar el manuscrito, así también como las charlas

de apoyo moral en momentos difíciles.

A Deby que me aconsejó siempre sabiamente y con mucho cariño, gracias por el tiempo y la orientación, y por todo tu trabajo.

A los trabajadores del Instituto de Cálculo, por siempre recibirme con un mate, por las charlas del almuerzo y los pizarrones espontáneos. A Willy y Dani que me escucharon cada vez y me ayudaron en todo. A Lida y Sole que lo hicieron posible. A Maru, Flor Statti, Pablo Terliski, Manu Benjamin, Marina y Fede. A Flor Slezak que me alegraba siempre compartiendo. A Ari que fue un compañero y amigo del que aprendí mucho.

A la gente del DM. Que son muchas. Ayudando con trámites, compartiendo sus oficinas conmigo, clases, el comedor, una charla de café, un sol en la terraza, conversando en las mesitas, transmitiendo su amor por la matemática. A un montón de profes que me enseñaron en el aula y fuera de ella también. A las autoridades, secretarias, no docentes y representantes, y a todes les que se ponen el DM al hombro para que sea un lugar de privilegio en el que trabajar. A mis compañeres en la docencia y a les estudiantes, porque aguante el aula y todo lo que pasa ahí.

A los vices, que fueron alegría, pasión y sostén. Enormes. Genios.

A mis amigas: Mel, Sofi, Mati y Meli, por tantas charlas; a Diana y Pau que las amo y agradezco por ser parte de mí. A Lupi que siempre tuvo ideas buenas y cariño. A Luz, por todo lo que compartimos de la vida.

A Gime que fué clave para que arranque el doctorado y me segundeó con todo. A Meli que me ayudó a reconectarme con el trabajo científico. A Cami que me acompañó en plena cuarentena mientras terminaba el trabajo de las vacunaciones y hacía cuentas en la madrugada.

A mi familia biológica y la de la vida, les subrn, que siempre siempre me apoyaron incondicionalmente. Gracias siempre.

A Emilia que me vio escribir una página de tesis por día, me abrazó doctore y le trajo a mi vida un amor hermoso. Ella, Ro y Morus son gran parte de lo que no está escrito en esta tesis pero que me identifica y transforma.

A Carlo que fue EL compañero de toda esta tesis y que su amistad trasciende el doctorado y me hace bien a la vida entera. Ojalá todes tengan un Carlo al lado.

Índice general

1. Introducción	7
1.1. Preliminares	12
1.2. Modelo SIRV	13
1.3. Simulaciones y Análisis Fenomenológico	15
1.4. Modelo de Opiniones con estructura etaria	17
2. Preliminares	19
2.1. Descripción estocástica del límite	19
2.1.1. Un modelo de ejemplo	21
2.2. Existencia, unicidad y convergencias	25
2.2.1. Renormalización	28
2.2.2. Descomposición de la Semimartingala	29
2.2.3. Convergencia vía tensión-unicidad	31
2.3. Alcances de la estrategia de modelado	36
2.3.1. Procesos de Nacimiento y Muerte	36
2.3.2. Generalización a varios eventos	37
2.3.3. Estructura etaria en la población	38
2.3.4. Grafos Aleatorios	39
3. SIR con Vacunación Óptima	43
3.1. Introducción	43
3.2. Notación y descripción del modelo	46
3.3. Demostraciones y descripción formal	52
3.3.1. Medidas Puntuales de Poisson y Ecuaciones Diferen- ciales Estocásticas	53
3.3.2. Renormalización del proceso	56
3.4. Sistema cerrado	71

3.5. Problemas de Control Óptimo	76
3.5.1. Costo Individual	76
3.5.2. Óptimo Social	80
3.6. Conclusiones Fenomenológicas y Análisis Epidémico	82
3.7. Conclusión	85
4. Simulaciones y Análisis Fenomenológico	87
4.1. Resolución numérica del modelo SIRV	87
4.2. Simulación de eventos discretos basados en agentes	94
4.2.1. Red dinámica para el modelo de <i>Preferential Attachment</i>	94
4.2.2. Un modelo SIR en redes aleatorias dinámicas	97
4.3. SIR con Super Propagadores	101
5. Dinámica de opinión	109
5.1. Introducción	109
5.2. Notación y descripción del modelo	112
5.3. Descripción del límite fluido	114
5.3.1. Descripción del modelo vía MPP	114
5.3.2. Renormalización	119
5.3.3. Convergencia del proceso a la solución de una PDE	123
5.4. Forma débil de la ecuación para la densidad de agentes	125
5.5. Simulaciones	129
5.5.1. Trabajo Futuro	130
6. Apéndice	135
6.1. Medidas Aleatorias	135
6.2. Convergencias en el Espacio de Skorokhod	137
6.3. Control óptimo y soluciones viscosas	141
6.4. Pseudo-código de los modelos EB-DEVS	144

Capítulo 1

Introducción

El comportamiento social es objeto de estudio de muchísimas disciplinas: humanísticas, filosóficas, económicas, psicológicas y podemos seguir mencionando. El conocimiento sobre la medicina o la política de hoy en día nos permite esbozar una explicación matemática sobre un tema que en este momento tiene un impacto global: la propagación a lo largo y ancho de la población tanto de ideas como de enfermedades. El surgimiento con potencial pandémico de virus zoonóticos, el desarrollo de diferentes vacunas y el impacto de movimientos en su contra o el esparcimiento de *fake news* entre los ciudadanos cobran un rol importante, y por eso nos resulta interesante el estudio formal de dos modelos de propagación: uno con enfermedades y otro con ideas.

Se evidenció después del brote de Covid que las estructuras sociales y los contactos entre las personas son un factor súper relevante en la propagación de una epidemia tanto así como los tamaños de las ciudades. Al mismo tiempo la globalización y los viajes aéreos no solo acercan información y personas de un lado al otro del mundo sino que llevan y traen ideas e ideologías, métodos, y diferentes variantes de los virus.

Por primera vez en la historia la única herramienta que tuvimos como sociedad fue cerrar las fronteras, aislar a las personas y desarrollar de manera maratónica un gran número de vacunas, en una carrera política e ideológica casi armamentista. Los diferentes gobiernos tuvieron que conseguir una gran cantidad de vacunas porque los aislamientos sociales eran efectivos pero insostenibles, al mismo tiempo que se debatía sobre cuáles eran las mejores medidas, qué se hacía en diferentes países, recomendaciones de la ONU, el uso de medicinas alternativas y demás discusiones que polarizaban a los ciudadanos. Se habló de picos de las epidemias, del famoso R_0 y de pronto estuvieron en boca de todos montones de tecnicismos epidemiológicos.

Con la aparición de las vacunas se plantean muchas aristas sobre cuál es la mejor manera de vacunar una población. Claramente, vacunar a todo el mundo en un día es prácticamente imposible, entonces, ¿qué tenemos en cuenta para priorizar a las personas? Hay muchos factores que considerar: la necesidad de trabajar o movilizarse de los ciudadanos, de retomar actividades educativas, las personas con factores de riesgo, los centros de salud viendo el inminente colapso, la presencia de los asintomáticos. Se nos hace evidente la necesidad de modelar cierta heterogeneidad en la población y asumir que hay redes que conectan a las personas.

Resulta todo un desafío poder determinar quiénes son las personas que tienen más riesgo de enfermarse y propagar: ¿les que tienen más vecinos o les que tienen un sistema inmune deprimido? ¿Cuáles son las causas? ¿Sería conveniente vacunar a las grandes ciudades primero y a los trabajadores de las escuelas, por ejemplo, en vez de vacunar a las personas que pueden sostener el aislamiento o viven en lugares donde la enfermedad se encuentra más controlada? ¿Cómo planteamos matemáticamente estas diferencias entre los individuos? Además de la estructura con la que modelamos la propagación de enfermedades, en un mundo fuertemente influenciado por decisiones económicas tiene sentido plantear costos y decidir en base a ellos cuál es la mejor estrategia de vacunación. Pero a la hora de modelar, ¿cómo incluimos los costos de morir o el costo político de tener el sistema sanitario colapsado? Claramente dar respuestas a todo en un mismo análisis resulta complicado y hay modelos que incluyen algunas de estas características. El modelado matemático, y en particular este trabajo, nos plantea el conflicto de encontrar un balance entre lo específico y lo tratable teóricamente. Algunos de todos estos interrogantes nos parecen importantes y nos gustaría, desde nuestro lugar de científicos, darle respuesta a algunos, aunque sea parcialmente y entendiendo que asumimos un contexto teórico que simplifica la realidad y sus complejidades.

Aparece otro problema: las personas que no quieren vacunarse. De pronto las vacunas se convierten en una discusión política, se habla del tema, se intercambian ideas y argumentos de todos los colores. Esto es una clara motivación para nuestro segundo modelo, en qué situaciones y formas de debate alcanzaremos un consenso? ¿se volverán todos los agentes anti-vacunas? ¿será que en algún momento todos estarán de acuerdo en vacunarse o tendremos que tomar un modelo en el que una proporción de la población se niegue a hacerlo? Estas preguntas no solo aplican a este tópico, naturalmente, sino que estamos siendo atravesados por diferentes discusiones políticas que siguen generando debate, polarizaciones y consensos, caracterizando a las poblaciones con argumentos a favor y en contra.

En esta tesis estudiamos dos modelos de agentes con todas estas motivaciones: por un lado representaremos las conexiones entre las personas mediante una red aleatoria para entender como se propaga una enfermedad y cuales son las estrategias de vacunación óptimas; y por otro, modelaremos el intercambio de ideas en una población con nacimientos y muertes, teniendo en cuenta las edades.

Para estudiar el comportamiento de estas poblaciones, que asumimos grandes, razonamos con un principio similar al de la mecánica estadística, que mediante herramientas probabilísticas describe dinámicas macroscópicas para un sistema compuesto por una cantidad muy grande de partículas. Al tratarse de sistemas tan grandes, resulta imposible la descripción exacta de cada partícula, predecir su comportamiento individual y manejar ese volumen de información: incluso con el poder de cómputo del que disponemos hoy en día, resulta intratable.

La idea es obtener resultados con el espíritu de la Ley de los Grandes Números, pero esta vez con respecto a las trayectorias de un proceso estocástico de saltos. Para eso se considera un reescalamiento del espacio de estados y de las intensidades de las transiciones, que de algún modo “esconde” las fluctuaciones aleatorias, convergiendo a un límite determinístico descrito por ecuaciones diferenciales.

Queda claro que las poblaciones son muy heterogéneas y esto motiva un análisis en este sentido: los modelos más conocidos para epidemias hacen suposiciones muy fuertes sobre la homogeneidad de la población con la intención de simplificar y poder dar alguna respuesta: nos referimos a modelos de campo medio en los que los agentes se encuentran a con las mismas intensidades y con cualquier otro con igual probabilidad. Estos modelos no incluyen a priori una red, pero sí queda una determinada por las conexiones efectivas, que puede relacionarse con un conocido modelo de grafos aleatorios, el de Erdős-Renyi. Estos modelos, además, están pensados desde una perspectiva de los individuos. Nuestro enfoque se basa directamente en la red de conexiones, algo que se conoce como *edge-based*, es decir, caracterizamos distribuciones de probabilidades sobre las chances de que una persona con la que me encuentre esté infectada o no.

Elegimos trabajar con un grafo que subyace el proceso de contacto, llamado *Configuration Model*, que es una herramienta matemática que combina cierta diversidad colectiva con una buena facilidad de formalización: es factible hacer simulaciones, su flexibilidad nos permite generalizar modelos más homogéneos y se refleja de algún modo la movilidad poblacional, gracias a la

posibilidad de incluir contactos con otros agentes de manera aleatoria. Como siempre, hay modelos de grafos que son más específicos, como podrían ser los Grafos Geométricos, que tienen una fuerte componente espacial, pero su estudio escala mucho en complejidad.

Los grafos del *Configuration Model* están caracterizados por una distribución de grados que tienen los nodos y podemos trabajar con medidas de probabilidad basadas en las aristas del grafo. Por su definición, esto nos permite construir el grafo al mismo tiempo que se propaga la dinámica de epidemia, en vez de tener que considerarlo fijo de antemano. Más aún, podemos hacer simulaciones de este proceso. Con esta herramienta, los nodos quedan caracterizados por su grado, es decir, la cantidad de vecinos que tienen en la red, favoreciéndonos analizar y responder preguntas que no podríamos con los grafos de Erdős-Renyi: la existencia de asintomáticos, de personas con mucha carga viral, o inmuno deprimidas, relacionadas con los eventos de super-propagación, puede modelarse a través del grado de los nodos. De todos modos, probamos que este modelo más general de grafos aleatorios que utilizamos, permite recuperar ecuaciones asintóticamente similares a las que ya se conocían en modelos homogéneos, cuando miramos el caso particular en que la distribución de grados inicial es Poisson.

Siguiendo con esto es que plantearemos estrategias de vacunación que dependan de manera muy general en la conectividad que tienen los agentes en la red, definiendo una tasa de vacunación máxima que se corresponde con las limitaciones prácticas que tendría cualquier plan de inmunización en término de recursos y presupuesto. Pensamos además en estrategias que dependen del tiempo y que se desarrollan simultáneamente con la propagación de la enfermedad, agregando con esto más realismo con respecto a modelos que consideran un período de vacunación previo a la epidemia. Nuestros resultados son contundentes: prácticamente sin importar cuáles sean los costos conviene vacunar a la población con el mayor esfuerzo posible hasta cierto momento (posterior al pico y anterior a la erradicación de la epidemia) y después no hacerlo más. Podemos ver que después de ese momento no hay ningún beneficio en continuar un plan de vacunación: no se reducen los números de infectados y sólo se genera más costo económico. Más aún, podemos esbozar una respuesta sobre las prioridades: conviene vacunar con más esfuerzo a las personas que tienen más chances de contagiarse o de propagar la enfermedad, asociadas a los nodos de grado alto.

Con respecto al modelo de propagación de ideas, intentamos plantear una dinámica de interacción bien general. Nuevamente los factores a considerar son muchísimos, pero el método que usamos nos permite considerar una gran

cantidad de características: pensamos que los agentes nacen y mueren (o entran y salen de la población) para lo cual tenemos en cuenta también sus edades, planteando funciones con hipótesis muy poco restrictivas y que permiten recuperar los modelos conocidos. Este proceso está acompañado de una descripción del envejecimiento de la población, teniendo esto en cuenta para todas las transiciones. Además consideramos de manera muy general funciones que describan cómo los agentes interactúan, podrían hacerlo de manera uniforme, arbitrariamente aleatoria, determinada por un grafo o, como mostramos cuando hacemos simulaciones: los agentes podrían interactuar con personas de un rango etario en particular o con ideas más o menos similares a las propias. Este tipo de análisis de confianza acotada trae comportamientos diferentes con respecto a la polarización o el consenso. Finalmente, la manera en la que los agentes actualizan su opinión respecto a un tema después de interactuar con otro también es poco restrictiva de manera teórica, permitiendo modelar que los agentes intentan adecuar sus ideas a las de sus conocidos o por el contrario que se mantienen fijas a sus convicciones.

A continuación resumimos muy brevemente el contenido de cada Capítulo, especificando en las próximas secciones de esta Introducción las principales contribuciones en cada parte y su organización.

El primer capítulo de este manuscrito intenta explicar los métodos de modelado y prueba de los resultados principales de la tesis de manera más general, usando un modelo de ejemplo que abstraer. Nos motiva la gran variedad de procesos que involucran agentes interactuantes que pueden modelarse de manera similar, y dedicamos un espacio a acercar a los lectores las herramientas que subyacen al método y las ideas en las demostraciones. Los resultados matemáticos consisten en una deducción teórica de ecuaciones diferenciales que describen la evolución de un proceso macroscópico que se obtiene como límite de un modelo basado en agentes microscópicos. Utilizaremos procesos markovianos descritos en términos de medidas aleatorias de Poisson y sus propiedades como semi-martingalas. A partir de éstas probamos la convergencia de las trayectorias en el espacio de Skorokhod, describiendo al límite como la solución de un sistema de ecuaciones diferenciales determinístico bajo un escalamiento adecuado de las tasas de salto.

El segundo capítulo está dedicado a un modelo epidémico de tipo SIR con vacunación óptima sobre un grafo aleatorio, trabajo en conjunto con los Doctores Matthieu Jonckheere y Juan Pablo Pinasco. Mediante el uso de herramientas de la teoría de juegos y de control óptimo planteamos hipótesis muy generales para la existencia de estrategia de vacunación óptima (en un sentido viscoso) dentro de una familia funciones medibles que dependen del grado de los nodos y del tiempo.

El tercero presenta simulaciones de diferentes modelos epidémicos mediante integración numérica junto con un formalismo de modelado de eventos discretos basado en agentes. Dedicamos una sección a una extensión del modelo SIR con Eventos de Super-Propagadores, donde planteamos un sistema de ecuaciones y una simulación implementada con el formalismo EB-DEVS, trabajo en conjunto con Matthieu Jonckheere y Daniel Foguelman.

El cuarto es un modelo de propagación de ideas y análisis de consenso en una población con estructura etaria en la que se consideran nacimientos y muertes, en conjunto con Juan Pablo Pinasco, Mayte Perez-Llanos y Nicolas Saintier.

Le lector podrá encontrar en el apéndice definiciones y resultados clásicos tanto de procesos aleatorios y medidas de poisson como de soluciones viscosas y control óptimo.

1.1. Preliminares

En este capítulo utilizamos un ejemplo concreto para acercar a los lectores la estrategia de modelado, desarrollada originalmente por Meleard et al [1] y posteriormente utilizada para diferentes modelos de dinámicas sociales similares a las trabajadas en esta tesis [2, 3, 4, 5, 6].

Utilizamos procesos a tiempo continuo valuados en las medidas finitas sobre un espacio de estados K , que estudiamos con la topología débil en el espacio de Skorokhod. Describimos la dinámica de estas medidas para cada cantidad finita de agentes con las cuales indexamos una sucesión a través de Medidas Puntuales de Poisson y ecuaciones estocásticas. Para cada una de estas ecuaciones probamos existencia de solución, propiedades de momentos y la estructura de estos procesos como semi-martingalas. Caracterizamos el límite de una sucesión de medidas indexadas en la cantidad de agentes mediante la ecuación de su generador infinitesimal, y probamos convergencia en distribución con una estrategia de tensión-unicidad [7].

Una vez hecho esto presentamos un panorama sobre el tipo de dinámicas que podrían modelarse con estas técnicas y mostramos cómo impactan en las ecuaciones obtenidas así como en las hipótesis que hay que considerar.

El capítulo se sustenta en resultados y definiciones más clásicas que el lector puede encontrar en el Apéndice.

1.2. Modelo SIRV

En este Capítulo trabajamos con un modelo epidemiológico en el que consideramos una población de agentes que pueden encontrarse en cuatro estados: Susceptible a una enfermedad, Infectado y posiblemente propagándola, Recuperado o Vacunado (SIRV). Los agentes interactúan según un grafo aleatorio de tipo *Configuration Model* (CM), y siguen una estrategia de vacunación arbitraria. Mostramos resultados de convergencia del sistema dinámico que planteamos cuando la cantidad de agentes tiende a infinito. Posteriormente, deducimos un sistema cerrado de finitas ecuaciones y analizamos las estrategias óptimas de vacunación para el caso centralizado y descentralizado. También calculamos el valor R_0 y el tamaño de la epidemia. El análisis del modelo concluye en el próximo capítulo, donde presentamos las simulaciones.

En la Sección 1 presentamos la notación necesaria y el modelo epidémico, indicando cómo es la dinámica sobre el *Configuration Model* y en la Sección 2 generalizamos el teorema principal de [2] incorporando una estrategia de vacunación para la población susceptible que depende arbitrariamente del tiempo y del grado de los nodos de manera general.

Presentamos nuestro resultado de límite de fluido en la tercera Sección, explicitando un sistema infinito de ecuaciones diferenciales a valores en medidas para una estrategia de vacunación fija, ver Teorema 9, junto con las herramientas de modelado y una demostración rigurosa.

Posteriormente, en la Sección 4, derivamos un sistema diferencial de dimensión finita que describe la evolución de las principales variables que describen las epidemias, a saber, el número de individuos en cada compartimento (S , I , R , V) y el probabilidad de interacción entre la población susceptible con agentes en diferentes compartimentos. En particular, p^X denotará la probabilidad de que una arista conecte un susceptible con un nodo en estado X , para $X = S, I, R$ o V . Usamos una generalización de la función generadora de probabilidad g , que involucra tanto el grado inicial de agentes como la probabilidad de que un nodo de grado uno permanezca susceptible, descrita por α y θ .

El sistema cerrado que obtenemos es el siguiente (consultar en el capítulo

para obtener las definiciones precisas y la notación):

$$\begin{cases} \dot{\alpha} = -rp^I\alpha \\ \dot{\theta} = -\pi\theta \\ \dot{I} = -\gamma I + rp^I\alpha\partial_{\alpha}g(\alpha, \theta) \\ \dot{V} = \pi\theta\partial_{\theta}g(\alpha, \theta) \\ \dot{p}^S = rp^I p^S \left(1 - \frac{\alpha\partial_{\alpha\alpha}g(\alpha, \theta)}{\partial_{\alpha}g(\alpha, \theta)} \right) - \pi p^S - \theta\pi p^S \frac{\partial_{\alpha\theta}g(\alpha, \theta)}{\partial_{\alpha}g(\alpha, \theta)} \\ \dot{p}^I = -\gamma p^I + rp^I p^S \frac{\alpha\partial_{\alpha\alpha}g(\alpha, \theta)}{\partial_{\alpha}g(\alpha, \theta)} - rp^I(1 - p^I) \\ \dot{p}^V = rp^I p^V + \theta\pi p^S \frac{\partial_{\alpha\theta}g(\alpha, \theta)}{\partial_{\alpha}g(\alpha, \theta)} \end{cases} \quad (1.1)$$

donde r , γ y π_t son las tasas de infección, recuperación y vacunación, respectivamente.

La heterogeneidad en las conexiones de los agentes, algo que es una característica importante para modelos de propagación de epidemias [8, 9, 10, 11], está presente a través de la función g definida a partir de la distribución de grados; en particular en el término $\frac{\alpha_t\partial_{\alpha\alpha}g(\alpha_t, \theta_t)}{\partial_{\alpha}g(\alpha_t, \theta_t)}$.

Como mencionamos anteriormente, ésta heterogeneidad no se considera en modelos de campo medio clásicos en los que los agentes potencialmente se encuentran con cualquier otro de la población, algo que se conoce como mixing homogéneo. De todos modos, mostraremos que el sistema (1.1) en un CM con distribución de grados Poisson converge al SIR clásico cuando el número medio de conexiones tiende a infinito.

El sistema (1.1) nos permite además hacer comparaciones entre la resolución numérica y la simulación de agentes [12]. Además, obtenemos un sistema más simple para el caso de vacunación constante y proporcional al grado.

En la Sección 5, estudiamos problemas de control óptimo asociados con la vacunación. Definimos una estrategia de vacunación como una función dependiente del tiempo, acotada y medible, que define el comportamiento de toda la población pero que depende de la conectividad de los individuos. Suponemos que la tasa de vacunación es función creciente del grado, de acuerdo con la literatura donde los individuos altamente conectados tienen más incentivos para vacunarse, mientras que los individuos con pocos contactos tienen menos incentivo. Por otro lado, se trata de una gran familia de controles, que necesitan un tratamiento teórico bastante general, que implica en particular soluciones débiles en un sentido viscoso.

Abordamos el análisis de una política de vacunación óptima desde el pun-

to de vista individual, utilizando la teoría de los juegos de campo medio y ecuaciones de Hamilton-Jacobi. Consideramos la perspectiva de un solo individuo racional agregado a una población infinita que juega una estrategia fija. Mostramos en particular que la estrategia de vacunación óptima en el caso descentralizado se reduce en ese caso a un control bang-bang, es decir, consiste en vacunar con la tasa más alta posible hasta un tiempo de parada fijo, en función de la conectividad de la red y los costos, y luego no vacunar más,

$$\pi_t = \nu \mathbb{1}_{[0, \tau]}(t),$$

donde ν es la tasa máxima de vacunación y $\mathbb{1}_{[0, \tau]}$ es la función característica del conjunto $[0, \tau]$.

Posteriormente, consideramos el óptimo social e introducimos un costo funcional particular para encontrar la estrategia óptima centralizada, apelando a teoría de control para funciones de control medibles y ecuaciones de Hamilton-Jacobi y el principio de Programación Dinámica. Como antes, mostramos que la estrategia óptima π_t es de tipo umbral, tomando el valor máximo o cero.

Finalmente, obtenemos un Número de Reproducción Básico para la epidemia en el grafo antes de comenzar el proceso de vacunación, encontrando la fórmula:

$$R_0 = \frac{r}{r + \gamma} \frac{\partial_{\alpha} g(1, 1)}{\partial_{\alpha} g(1, 1)}.$$

Por tanto, se producirá un brote epidémico con probabilidad estrictamente positiva si $R_0 > 1$, y corresponde al valor umbral crítico ya conocido indicado en [9, 13].

1.3. Simulaciones y Análisis Fenomenológico

En la primera Sección presentamos cálculos numéricos para el modelo SIRV del tercer capítulo, calculando la estrategia óptima de vacunación en distintos escenarios. Consideramos diferentes redes generadas por distribuciones de cuatro grados, todas con el mismo grado medio primero y con el mismo R_0 después. En particular tomamos redes que se distribuyen:

- (a) Poisson, que corresponde con los modelos mean field con mixing homogéneo;
- (b) Bimodal, donde una fracción de la población tiene pocos links distribuidos Poisson, y el resto tiene muchas aristas, según lo propuesto en [14] como un modelo más realista.

- (c) un grafo Regular, como ejemplo de red donde todos los nodos tienen las mismas tasas de transición; y
- (d) Ley de Potencias, un modelo clásico para redes sociales complejas [15].

Encontramos que la estructura de la red hace muy variable el resultado de la epidemia y que algunos modelos diferentes de la literatura llevan a comportamientos distintos. Analizamos los costos óptimos y el momento *threshold* de vacunación, el tamaño de la epidemia y la cantidad de vacunados en cada caso, como así también algunos coeficientes de centralidad de los grafos que podrían ayudar a explicar las diferencias entre las redes.

Calculamos la estrategia de vacunación óptima y simulamos tanto la propagación de la enfermedad como el programa de vacunación. Observamos que la estrategia óptima tiene la característica deseable de reducir considerablemente el tamaño final de la epidemia, dependiendo de las tasas r y γ , la función g , el umbral τ y la tasa de vacunación ν . Observamos de los resultados que un programa de vacunación más conservador aumentaría los costos sin tener efectos significativos sobre la epidemia.

En la segunda Sección tratamos un modelo SIR con algunas variantes, ésta vez para un sistema de agentes que desarrollamos con el formalismo EB-DEVS para simulación de eventos discretos con comportamiento emergente [12]. En una primera instancia utilizamos esta herramienta para modelar de manera microscópica el armado de una red mediante el mecanismo de *preferential attachment* que asociamos a la distribución *size-biased*, para luego desarrollarlo de manera simultánea con la propagación de la enfermedad.

Encontramos que el modelo de agentes valida la solución numérica de las ecuaciones diferenciales planteadas por Volz [16]. Una vez hecho esto planteamos un mecanismo de cuarentena opcional que depende de los valores epidémicos de manera temporal, encontrando efectos diferentes a los que se observan en los modelos SIR clásicos, más similares a los que se presentaron en algunos países durante la epidemia de Covid-19.

En la tercera sección miramos un modelo SIR con Super Spreaders, es decir, agentes con mayor número de contactos, más similar a los grafos con distribuciones Power Law pero con diferencias sustanciales en la dinámica de creación de aristas. En este caso planteamos cómo serían las ecuaciones a las que arriamos con métodos como los explicados en el segundo capítulo y resolvemos la integración numérica que luego comparamos con un modelo de agentes, que también simulamos con el formalismo DEVS.

1.4. Modelo de Opiniones con estructura etaria

En este Capítulo consideraremos una población en la que los agentes están descritos por una variable de estado d -dimensional x que representa la opinión, junto con una variable de edad a para modelar que envejecen siguiendo una regla de transporte. Modelaremos que nacen, envejecen y mueren, interactuando según reglas muy generales y modificando sus opiniones después de hacerlo.

Nuevamente, las escalas con las que suceden los eventos tendrán que ver con el comportamiento microscópico a través de mecanismos simples y mediante un escalamiento adecuado proponemos ver fenómenos y transiciones en escala macroscópica, que describiremos con ecuaciones en derivadas parciales. Estas ecuaciones han sido planteadas por diferentes autores (ver [17, 18] y sus referencias), pero en ningún caso se ha demostrado formalmente que las mismas satisfagan una ley de grandes números para un proceso descrito por leyes microscópicas. El principal aporte de este capítulo es la formalización de estas ecuaciones a partir del generador infinitesimal de un proceso estocástico obtenido como el límite fluido de una dinámica de agentes. A partir de este sistema determinístico deducimos ecuaciones en derivadas parciales mediante un método de *grazing-limit*, como en [19] para la que probamos existencia y unicidad de solución mostrando contractividad de un funcional para aplicar teoremas de punto fijo. De todos modos, hasta donde alcanza nuestro conocimiento, la descripción de una variable etaria para la población en modelos de formación de opinión es novedosa.

Concretamente, $m_t(x, a)$ describe la densidad de agentes en estado x con edad a a tiempo t , que envejecen según la velocidad v . Si los individuos nacen y mueren con tasas γ y ρ respectivamente, e interactúan a tasa α y caracterizamos la actualización de las opiniones con la funciones \tilde{Q} y Φ , obtenemos el siguiente problema cuasilineal con condiciones de borde para la densidad de agentes $m_t(x, a)$ (ver el Capítulo por la definición formal de H y G):

$$\begin{cases} \frac{\partial}{\partial t} m_t(x, a) + \operatorname{div} \left((H[f, Q, \alpha, m_t], v) m_t \right) (x, a) + \rho(x, a) m_t(x, a) = 0, \\ m_t(x, 0) v(x, 0) = G[\gamma, D, m_t](x, 0), \end{cases} \quad (1.2)$$

sujeto a la condición inicial $m_0 \in \mathcal{P}(K)$, y la condición de compatibilidad

$$m_0(x) v(x, 0) = G[\gamma, D, m_0](x) \text{ para todo } x \in [-1, 1].$$

Dependiendo de cómo sea el núcleo Q que describe cómo interactúan los agentes y de la función Φ que contiene la información de cómo se actualiza la opinión después del intercambio podemos encontrar diferentes comportamientos emergentes o estacionarios, que mostramos a través de la simulación del modelo. Plantearemos algunos escenarios en los cuales la interacción conlleva el acercamiento de las ideas.

Capítulo 2

Preliminares

2.1. Descripción estocástica para las trayectorias de procesos de medidas con saltos para poblaciones grandes

Para estudiar el comportamiento de poblaciones grandes puede muchas veces ser útil analizar qué sucede cuando consideramos que la cantidad n de individuos o agentes tiende a infinito. Este capítulo está dedicado a la descripción formal de sistemas dinámicos determinísticos que son obtenidos como límites macroscópicos bajo escalamientos adecuados de reglas de interacción microscópicas que siguen los agentes de la población.

A lo largo de la tesis notaremos con supra-índice n a las cantidades correspondientes al proceso cuando la población tiene tamaño n , eliminándolo cuando se trate de cantidades que se corresponden al proceso límite. En esta sección planteamos un ejemplo simple pero significativo sobre el tipo de problemas que podemos modelar mediante estas técnicas, planteando las hipótesis y el contexto general del objeto límite, mientras que en la sección siguiente hablaremos sobre la renormalización de procesos finitos y de cómo probar la convergencia.

El estado de los agentes será interpretado en esta tesis como un valor $x \in K$, donde K será la clausura de un abierto conexo de \mathbb{R}^d , posiblemente discreto o continuo multidimensional. Por ejemplo, si quisiéramos estudiar la opinión de un agente sobre un tema específico podríamos usar el intervalo $[-1, 1]$, si fuese su edad los reales positivos, el grado de un agente sería un entero no negativo, etc.

A partir de las tasas (intensidades) con las que sucedan los diferentes eventos,

podremos definir medidas aleatorias de Poisson que describan al proceso, identificando cómo debe actualizarse la medida en cuestión con cada uno de los eventos que ocurra. Por ejemplo, cuando el evento sea un nacimiento, agregaremos un átomo en el estado del nuevo agente; cuando suceda una interacción que modifique el estado de los agentes, quitamos el átomo del estado anterior y agregamos el del nuevo estado.

La evolución en el tiempo de la población estará descrita por una medida (puntual o finita) sobre K . Concretamente, consideraremos:

$$\mathcal{M}_P(K) = \left\{ \mu = \sum_{i=1}^{n_t} \delta_{x_i(t)} : x_i(t) \in K \right\},$$

donde δ_x es la delta de Dirac para $x \in K$, y n_t es la cantidad de agentes a tiempo t . Estudiaremos sus trayectorias en el espacio de Skorokhod, dotado de la convergencia débil, ver Apéndice para definiciones y mediremos los cambios de estado a través de funciones continuas en K , $f \in \mathcal{C}(K)$. Notaremos $\langle \mu, f \rangle = \int_K f(x) \mu(dx)$, luego, la cantidad de agentes a tiempo t vendrá dada por $n_t = \langle \mu_t, 1 \rangle$.

De este modo obtendremos la forma débil de la ecuación diferencial que cumplen las medidas μ , las cuales deducimos del generador del proceso Markoviano.

Necesitamos que las tasas individuales con las que sucederán los eventos (como pueden ser nacimientos o muertes, envejecimiento o interacciones con otros agentes) sean funciones continuas de su estado.

Las tasas que se relacionen con el tamaño de la población deberán estar acotadas por arriba o debajo dependiendo si el evento genera un aumento o un decrecimiento en la cantidad de individuos respectivamente. De este modo puede probarse que el número esperado de individuos se mantiene en la escala que la de la percolación en una red y serán finitos en probabilidad. Además, la población eventualmente va a extinguirse, por lo tanto tiene sentido considerar intervalos temporales finitos.

Por último, las tasas de interacción entre agentes $Q(x, y)$ son funciones Lipschitz.

Supongamos que intentamos modelar una dinámica social o poblacional en la que los eventos posibles suceden con probabilidad ρ_k . Es decir, si conocemos la tasa $\lambda_k(t)$ con la que sucede un evento de tipo k a tiempo t y éstas están uniformemente acotadas por un $\bar{\lambda}$ finito, entonces $\rho_k(t) = \frac{\int_0^t \lambda_k(s) ds}{\int_0^t \sum_k \lambda_k(s) ds} < \frac{\bar{\lambda}}{k\bar{\lambda}}$.

Cuando suceda un evento de tipo k a tiempo T notaremos del siguiente modo a la actualización de la medida:

$$\Delta_k(T, \mu) = \mu_T - \mu_{T-}$$

Por ejemplo, si el evento k -ésimo es el nacimiento de un agente en estado x , $\Delta_k(\mu) = \delta_x$. Si en cambio fuese que un agente pasa de estado x a y entonces $\Delta_k(\mu) = -\delta_x + \delta_y$.

Por cada evento k consideremos una Medida Puntual de Poisson N_k (ver Apéndice) definida en un espacio E_k con intensidad η_k que describirá el proceso estocástico $(\mu_t)_{t \geq 0}$ sobre $\mathcal{M}(K)$. Estas medidas nos proveerán los momentos en los que hay un salto, indicando qué agentes interaccionan, de qué forma y a qué posible nuevo estado transicionan. Para esto, utilizaremos funciones indicadoras I_k definidas sobre E_k para modelar las tasas del proceso de saltos, que involucran la intensidad de la medida de Poisson.

Con todo esto, escribimos la dinámica que satisface el proceso en la siguiente forma:

$$\mu_t = \mu_0 + \int_0^t \sum_k \int_{E_k} \Delta_k(s, \mu, e_k) I_k(\mu, e_k) dN_k(e_k). \quad (2.1)$$

2.1.1. Un modelo de ejemplo

Con el fin de hacer explícitos algunos cálculos y resultados, consideremos a modo de ejemplo, un único evento general en el que un agente en estado x se activa con tasa $\gamma(x) \in \mathbb{R}_+$ y supongamos que $\gamma(x)$ es continua y acotada superiormente por $\bar{\gamma}$. La interacción de este agente en estado x con otro agente en estado y estará modelada según $Q(x, y)$.

Aquí, por ejemplo, la tasa con la que sucede esto podría estar dada por $\tilde{Q}(x, \mu, t) = \int_K Q(x, y) \mu(dy)$.

Esta descripción podría ser un núcleo en \mathbb{R}^d , depender de distintas coordenadas de este, podría tener que ver con el grado de un agente y sus vecinos en la red siendo una medida de probabilidad en \mathbb{N}_0 , etc.

Supongamos que después de interactuar, el agente en estado x transiciona a estado z , siendo z elegido según una variable aleatoria $\tilde{D}(x, y, dz)$.

Resumimos las hipótesis sobre las tasas en la siguiente:

- Hipótesis 1.**
- i) Cualquier tasa de nacimientos o interacción individual $\gamma(x)$ es continua y está acotada superiormente por $\bar{\gamma} > 0$.
 - ii) Existe una medida de probabilidad σ -finita $P(dz)$ sobre K tal que la variable aleatoria $\tilde{D}(x, y, dz)$ que sortea el estado z se puede escribir como $\tilde{D}(x, y, dz) = D(x, y, z)P(dz)$ y la densidad D está uniformemente acotada superiormente por \bar{D} .
 - iii) Las funciones $\tilde{Q}, Q : K^2 \rightarrow \mathbb{R}$ cumpliendo $\tilde{Q}(x, \mu, t) = \int_K Q(x, y) \mu(dy)$, están acotadas superiormente por $\bar{Q} > 0$ y son uniformemente Lipschitz

con respecto a x, y .

- iv) Cualquier tasa de muertes ρ estará acotada superior e inferiormente por constantes reales positivas $\bar{\rho}$ y $\underline{\rho}$, respectivamente.

Las hipótesis de cota superior para tasas de nacimiento y muerte nos permiten acotar el tamaño de la población para todo $t \in [0, T]$ por una exponencial $e^{\bar{\Lambda}T}$ a menos de una constante, para $\bar{\Lambda}$ dependiente de las cotas superiores.

La hipótesis de que la tasa de muerte esté acotada inferiormente nos permite por un lado resolver una ecuación logística para la cantidad de agentes a tiempo t y encontrar una cota explícita (que depende del cociente $\frac{\bar{\gamma}}{\rho}$) que es uniforme en el tiempo. Por otro, es útil para acotar el segundo momento de μ , algo necesario cuando las muertes de los agentes dependen de las interacciones con otros, como en [3].

Las hipótesis en D y Q serán necesarias para intercambiar el orden de integración, para simplificar algunas interacciones y poder sortear de manera probabilística las interacciones, además de servirnos para deducir ecuaciones en derivadas parciales solubles.

Consideremos la aplicación $X = (X_1, \dots, X_n, \dots)$ sobre $K^{\mathbb{N}}$ definida por:

$$X\left(\sum_{i=1}^N \delta_{x_i}\right) = (x_1, \dots, x_n, 0, \dots, 0, \dots)$$

según la cual los individuos de la población con tamaño n quedan ordenados con algún orden arbitrario (por ejemplo el lexicográfico). Esta función es útil para poder elegir uniformemente en la población a le i -ésimo agente.

Sea $\mu_0 \in \mathcal{M}_P(K)$ una variable aleatoria con primer momento finito, definimos $N(e) = N(ds, di, dj, d\theta_1, d\theta_2, dz)$ una Medida Puntual de Poisson (ver Apéndice) sobre $\mathbb{R}_+ \times E = \mathbb{R}_+ \times \mathbb{N}^2 \times [0, 1]^2 \times K$ con intensidad $\eta = ds \bar{\gamma}(\sum_{i \in \mathbb{N}} \delta(di))(\sum_{j \in \mathbb{N}} \delta(dj))\overline{DQP}(dz)$ independiente del dato inicial μ_0 . Esta medida indicará el momento s en el que le agente i interactuará con el agente j transicionando a estado z .

Consideramos también la función indicadora

$$I(\mu_s, s, i, j, \theta_1, \theta_2, z) = \mathbb{1}_{i \leq N_s} \mathbb{1}_{j \leq N_s} \mathbb{1}_{\theta_1 \leq \gamma(X_i(\mu_{s-}), X_j(\mu_{s-})) / \overline{Q\gamma}} \mathbb{1}_{\theta_2 \leq D(X_i(\mu_{s-}), X_j(\mu_{s-}), z) / \overline{D}}, \quad (2.2)$$

que nos permitirá describir las tasas de salto del proceso Markoviano.

Finalmente, actualizaremos la medida según

$$\Delta(\mu_s, e) = \delta_z - \delta_{X_i(\mu_{s-})}.$$

Así, si el único evento que puede suceder es el descrito, podremos escribir la ecuación integro-diferencial estocástica en la forma de (2.1):

$$\mu_t = \mu_0 + \int_0^t \int_E \Delta(\mu_s, e) I(\mu_s, e) dN(e).$$

Esta ecuación, bajo las hipótesis de continuidad y cotas para las tasas, admite una única solución fuerte en el espacio de Skorokhod $\mathcal{D}(R_+, \mathcal{M}_P(K))$. Por construcción el proceso resulta Markoviano y se deduce fácilmente una manera de hacer simulaciones.

A partir de aquí, podemos describir el generador asociado al proceso estocástico que resuelve esta ecuación. Dadas $f \in \mathcal{C}^{0,1}(K, \mathbb{R})$ y $F \in \mathcal{C}^1(\mathbb{R}, \mathbb{R})$ les asociamos una función cilíndrica definida por $F_f(\mu_t) = F(\langle \mu_t, f \rangle)$. El conjunto de las funciones de este tipo caracteriza la convergencia débil en el sentido de que una sucesión de medidas de probabilidad converge si lo hacen las integrales contra esas medidas [20]. Tenemos lo siguiente:

Teorema 1. *Supongamos que vale la Hipótesis 1 y sea $\mu_0 \in \mathcal{M}_P(K)$ determinista tal que: $N_0 := \langle \mu_0, \mathbf{1} \rangle < +\infty$. Entonces la ecuación (2.1) admite una única solución fuerte en el espacio de Skorokhod $(\mu_t)_{t \in \mathbb{R}_+} \in \mathcal{D}(\mathbb{R}_+, \mathcal{M}_P(K))$ que resulta ser un proceso Markoviano cuyo generador infinitesimal está definido por:*

$$\begin{aligned} \mathcal{L}F_f(\mu_0) = \int_K \gamma(x) \int_{K^2} (F_f(\mu_0 + \delta_z - \delta_x) - F_f(\mu_0)) \\ D(x, y, z)P(dz)Q(x, y)\mu_0(dy)\mu_0(dx). \end{aligned} \quad (2.3)$$

Daremos aquí un método de prueba que puede ser útil para entender cómo demostrar este tipo de resultados de manera más general. En los dos capítulos siguientes encontraremos versiones de este teorema para los modelos estudiados en la tesis, cada uno con sus particularidades pero esencialmente similares. En sus respectivas demostraciones el lector puede encontrar más detalle en las hipótesis, formas de acotar y los cálculos necesarios.

Demostración. La idea inicial en un caso general es considerar $(T_k)_{k \in \mathbb{N}}$ los tiempos de salto del proceso Markoviano que describe la Medidas Puntuales de Poisson N . Es importante tener en cuenta que las hipótesis planteadas en las tasas de con las que agregamos o quitamos agentes de la población nos permiten controlar su tamaño y obtener que:

$$\mathbb{E} \left[\sup_{t \in [0, T]} \langle \mu_t, \mathbf{1} \rangle \right] < \mathbb{E} [\langle \mu_0, \mathbf{1} \rangle] e^{CT} < +\infty.$$

A partir de ésto podemos deducir, mediante el Lema de Fatou y un razonamiento por absurdo, que $\lim_{k \rightarrow \infty} T_k = +\infty$.

En este caso ejemplo particular no estamos modificando el tamaño de la población con el evento que consideramos, siendo este paso que acabamos de mencionar trivial, pues vale la cota anterior tomando $C = 0$. Esto también sucede para el modelo SIRV, en el que la población está fija, no así cuando miremos el problema de dinámicas de opiniones en una población con nacimientos y muertes.

El hecho de que el proceso sea Markoviano y esté unívocamente determinado proviene de su construcción, dados el dato inicial μ_0 y las Medidas Puntuales de Poisson $N(e)$, es fácil ver que el par (μ_{T_k}, T_k) depende solamente de $(\mu_0, N(e))$ con un razonamiento inductivo.

A partir de:

$$\mu_t = \mu_0 + \int_0^t \int_E \Delta(\mu_s, e) I(e) N(e),$$

podemos derivar una fórmula para $\langle \mu_t, f \rangle$ integrando, y aplicando F , mediante la fórmula de Itô y usando Fubini. Hacemos uso del hecho que $\langle \delta_x, f \rangle = \sum_y f(\delta_x(y)) = f(x)$. Obtenemos:

$$F(\langle \mu_t, f \rangle) = F_f(\mu_0) + \int_0^t \int_E \Delta^{F_f}(e, \mu_s) I(e, \mu_s) dN,$$

donde:

$$\Delta^{F_f}(e, \mu_s) = F(\langle \mu_s, f_s \rangle) + f_s(z) - f(X_i(\mu_{s-})) - F_f(\mu_{s-}). \quad (2.4)$$

Recordemos que el generador de un proceso viene dado por $\frac{\partial}{\partial t} \mathbb{E}[F_f(\mu_t)]|_{t=0}$. Por lo tanto, debemos chequear que sea derivable y que podamos intercambiar la derivada con la esperanza, por ejemplo viendo que el integrando está mayorado. Para eso definimos un tiempo de parada ζ_N que controle alguna cantidad crítica: podría ser el tamaño de la población o alguna característica cuantitativa de ésta a la hora de describir la evolución (ver los detalles en los próximos capítulos, donde por ejemplo debemos controlar la edad máxima de los agentes).

En el caso ejemplo que estamos considerando debemos tomar $\zeta_N = \inf\{t > 0 : \langle \mu_t, 1 \rangle > N\}$ para $N > N_0 > 0$. Mediante la fórmula de Campbell (28) para medidas de Poisson [21] podemos encontrar una expresión para la función Ψ definida por:

$$\mathbb{E}[F_f(\mu_{t \wedge \zeta_N})] = \mathbb{E}[F_f(\mu_0)] + \mathbb{E}[\Psi(t \wedge \zeta_N, \mu)].$$

La fórmula de Campbell (28) nos dice que la esperanza de integrar con respecto a la medida de Poisson $N(ds, de)$ es la misma que la de integrar con respecto a su intensidad $\eta(de)ds$. En nuestro caso tendremos que:

$$\Psi(t, \mu) = \int_0^t \Delta^{F_f}(x, y, z, \mu_s) \gamma(x) Q(x, y) D(x, y, z) P(dz) \mu_s(dx) \mu_s(dy) ds, \quad (2.5)$$

donde

$$\Delta^{F_f}(x, y, z, \mu_s) = F(\langle \mu_s, f \rangle + f_s(z) - f_s(x)) - F_f(\mu_{s-}).$$

Vale que Ψ en (2.5) es integrable pues su valor absoluto está mayorado por $2\|F\|_\infty \bar{\Lambda}$ para $\bar{\Lambda} = \bar{\gamma} \bar{Q} \bar{D}$.

Para $T > 0$, si miramos la aplicación $t \in [0, T] \mapsto \Psi(t \wedge \zeta_N, \mu)$ podemos acotarla por $TN2\|F\|_\infty \bar{\Lambda} < \infty$.

Como $\zeta_N > 0$ y μ es continua a derecha, podemos calcular:

$$\begin{aligned} \frac{\partial \Psi}{\partial t}(0, \mu_0) &= \int_{K^2} F(\langle \mu_0, f \rangle + f(z) - f(x)) - F_f(\mu_0) \\ &\quad \gamma(x) Q(x, y) D(x, y, z) P(dz) \mu_0(dx) \mu_0(dy), \end{aligned} \quad (2.6)$$

que está mayorada por $N_0^2 2\|F\|_\infty \bar{\gamma} \bar{Q} \bar{D} < \infty$ usando fuertemente las hipótesis sobre las tasas de salto. De este modo la aplicación $t \mapsto \mathbb{E}[F_f(\mu_{t \wedge \zeta})]$ resulta derivable en 0. Podemos entonces intercambiar el orden en el que integramos, derivamos y tomamos esperanza, obteniendo (2.3), la fórmula del generador del enunciado. \square

2.2. Demostraciones de existencia, unicidad y convergencias

En esta Sección enunciaremos los teoremas que garantizan tanto la existencia y unicidad de solución para el proceso límite como la convergencia en distribución de las sucesiones de medidas en el espacio de Skorokhod. Nos basamos en resultados conocidos sobre semimartingalas y sus propiedades estructurales, un objeto estocástico muy general que abarca a la gran mayoría de los procesos estocásticos que se presentan en la práctica. Con el fin de acercar estos conceptos y técnicas a los lectores menos familiarizados, haremos una breve introducción al tema, que puede complementarse con definiciones y resultados debidamente enunciados en el Apéndice.

Consideremos $(\mu^n)_{n \in \mathbb{N}}$ una sucesión de procesos cuyas trayectorias son elementos del espacio de funciones continuas a derecha con límite a izquierda

para cada $t \in \mathbb{R}_+$, a valores un espacio polaco E que tomaremos como el espacio de medidas finitas (o puntuales) sobre el espacio de estados K . Dicho de otro modo, la sucesión (μ^n) está compuesta por elementos aleatorios con valores en el espacio de Skorokhod $\mathcal{D}(\mathbb{R}_+, \mathcal{M}_F(K))$ que suponemos dotado de la topología débil (que es la clásica).

Para probar convergencia débil de los procesos estudiamos las propiedades que deben cumplir las leyes P^n de los procesos μ^n (que son las inducidas sobre la σ -álgebra Boreliana en \mathcal{D}). Así, que μ^n converja débilmente a μ significa que $\int FP^n$ converge a $\int FP$ para cualquier función continua y acotada a valores reales F sobre $\mathcal{D}(\mathbb{R}_+, \mathcal{M}_P(K))$.

Esto suele hacerse en dos pasos: primero se prueba que P^n tiene límite viendo que es débilmente compacta. Como \mathcal{D} es completo, metrizable y separable, esto es lo mismo que probar tensión: para cada $\varepsilon > 0$ existe subconjunto compacto $K_\varepsilon \subset \mathcal{D}$ tal que $\inf_n P^n(K_\varepsilon) > 1 - \varepsilon$. El segundo paso consiste en probar que el límite de cualquier subsucesión convergente satisface propiedades que implican unicidad, deduciendo la existencia del límite P y al mismo tiempo caracterizándolo. Por condiciones suficientes para probar tensión de manera más clásica, referimos a le lector al libro de Billingsley [22], aunque estas condiciones sólo utilizan la regularidad de las trayectorias y no características estructurales o de momentos como las que usaremos aquí.

El enfoque que se propone para los problemas aquí expuestos es el de probar que los procesos μ^n tienen una estructura especial que nos permite descomponerlos de la forma:

$$F(\mu^n) = A^{F,n} + M^{F,n},$$

donde $M^{F,n}$ es una martingala local y $A^{F,n}$ es un proceso de variación finita. Los procesos con esta característica se llaman semimartingalas, y podremos caracterizar ambas partes de la descomposición, explicitando una fórmula para la variación cuadrática de la martingala.

Dentro de las semimartingalas podemos encontrar gran cantidad de objetos estocásticos: procesos continuamente diferenciables, cualquier proceso de Lévy, movimientos Brownianos y procesos Poissonianos (que son los que usamos aquí).

Para las semimartingalas está bien definida la noción de integral estocástica: dada μ una semimartingala y F predecible y localmente acotada, se define $\int F d\mu := (\int_0^t F_s d\mu_s)_{t \in \mathbb{R}_+}$ como una semimartingala continua a derecha, y la aplicación $F \mapsto \int F d\mu$ es lineal con propiedades de continuidad análogas a las de la integral común (como Fubini o el teorema de convergencia dominada) ver [23]. Además, si μ es una martingala local, también lo es la integral [24].

Dadas dos martingalas a valores reales, μ y ν entonces vale la siguiente fórmula de integración por partes, también conocida como fórmula de Itô [24]:

$$\mu_t \nu_t = \mu_0 \nu_0 + \int_0^t \mu_{s-} d\nu_s + \int_0^t \nu_{s-} d\mu_s + [\mu, \nu]_t, \quad (2.7)$$

donde $[\mu, \nu]_t$ es un proceso de covarianzas cuya trayectoria tiene variación finita y se define como el límite en probabilidad de la suma de los productos entre las variaciones de μ y las de ν en una partición de la recta real cuyos subintervalos tienen longitud que tiende a cero. El caso particular $[\mu, \mu]_t = \langle \mu \rangle_t$ se llama variación cuadrática, y vale la fórmula:

$$\mu_t^2 = \mu_0^2 + 2 \int_0^t \mu_{s-} d\mu_s + \langle \mu \rangle_t. \quad (2.8)$$

Para probar que la sucesión $(\mu^n)_{n \in \mathbb{N}}$ es tensa comenzamos por considerarlas como medidas de probabilidad sobre $\mathcal{D}(\mathbb{R}_+, (\mathcal{M}_F(K), w))$ donde $\mathcal{M}_F(K)$ está dotado de la topología de la convergencia débil. Aquí \mathcal{M}_F con la topología débil es pensado como el espacio dual de \mathcal{C}_0 , con lo cual la topología débil es la más fina para las cuales las aplicaciones $\mu \mapsto \langle f_k, \mu \rangle$ son continuas, siendo $(f_k)_{k \in \mathbb{N}}$ es una sucesión densa en \mathcal{C}_0 .

Para esto, contamos con un criterio establecido por Roelly ([25], Teorema 2.1) que indica que $(P^n)_n$ (la sucesión de medidas de probabilidad que define μ^n) será tensa si lo es la sucesión $(\langle f_k, \mu^n \rangle)_n$ en $\mathcal{D}([0, T], \mathbb{R})$ para cada $k \in \mathbb{N}$.

Sin pérdida de generalidad, podemos hacerlo para $f \in \mathcal{C}_b^{0,1}(K, \mathbb{R}_+) \cap \mathcal{C}(K, \mathbb{R})$ que son densas en $\mathcal{C}(K, \mathbb{R})$.

Una vez probada la tensión mediante el criterio de Aldous-Rebolledo (que explicamos a continuación) [26, 27] y el Teorema de Prohorov, las leyes de μ^n para $n \in \mathbb{N}$ forman una familia de medidas acotadas, siendo un conjunto precompacto en $\mathcal{D}(\mathbb{R}_+, \mathcal{M}_P)$. Luego, también lo son las de los procesos parados $(\mu_{\cdot \wedge \tau_\varepsilon^n}^n)_{n \in \mathbb{N}}$. Tomaremos μ al límite en $\mathcal{C}(\mathbb{R}_+, \mathcal{M}_P)$ de esta secuencia de procesos parados y $(\mu^n)_{n \in \mathbb{N}}$ una subsucesión que converge a μ . Como éste límite es continuo, la convergencia en realidad es uniforme sobre conjuntos compactos de los reales positivos.

Luego de esto se prueba la unicidad de solución (en el caso más simple vía Gronwall) y se concluye la caracterización del límite en distribución a un proceso a valores medibles y continuo, que es solución de la ecuación del generador.

Definamos entonces la sucesión de medidas sobre las que aplicaremos éste método de prueba: tomamos aquellas que resuelven un sistema estocástico de ecuaciones indexadas con el tamaño de la población n .

2.2.1. Renormalización

Analizaremos el comportamiento macroscópico de la población pensando en que las masas individuales se achican a medida que aumenta el número de individuos, junto con esto pensamos que se reducen proporcionalmente las tasas de interacción. Esto es, vamos a suponer que el tamaño inicial de la población inicial tiende a infinito de manera proporcional al valor n y renormalizamos las tasas del proceso con un factor de reescale $1/n$.

Consideraremos una sucesión $(\mu_t^n, t \in \mathbb{R}_+)_{n \in \mathbb{N}}$ tal que $n\mu_t^n$ satisface la ecuación diferencial estocástica (2.1) reemplazando con:

$$\gamma^n = \frac{\gamma}{n}. \quad (2.9)$$

De este reemplazo resulta el sistema:

$$\mu_t^n = \frac{1}{n}\mu_0^n + \frac{1}{n} \int_0^t \int_E \Delta^n(e, \mu^n, s) I^n dN(e) ds. \quad (2.10)$$

Para controlar el tamaño de la población o alguna cantidad $a(x)$ que sea críticamente cero o infinito puede ser útil definir los tiempos para el proceso de saltos T_k^n y su límite T_∞^n así como los tiempos de parada:

$$\zeta_N^n = \inf\{t \geq 0, \int_K |a(x)| d\mu^n(x) \geq N \text{ o } < 1/N\} \quad (2.11)$$

La condición puede controlar tanto valores que pueden tender a infinito o ser críticamente pequeños a la hora de tomar cocientes. En particular para el sistema de probabilidades sobre las aristas de un grafo de conexiones, queremos ambas cosas.

Proposición 2. *Para cada $n \in \mathbb{N}$,*

$$\lim_{N \rightarrow \infty} \zeta_N^n = +\infty, \text{ y } T_\infty^n = +\infty$$

casi seguramente, y la ecuación (5.17) admite solución única en el espacio de trayectorias $\mathcal{D}(\mathbb{R}_+, \mathcal{M}_p^n(K))$.

Ideas de la demostración. Esta prueba es idéntica a la primera parte de la demostración de la proposición 1, consiguiendo en este caso la cota:

$$\mathbb{E} \left[\sup_{s \in [0, t \wedge \tau_N^n]} \langle \mu_s^n, 1 \rangle \right] \leq \sup_{n \in \mathbb{N}} \mathbb{E} [\langle \mu_0^n, 1 \rangle] e^{\bar{\gamma}t} < +\infty, \quad (2.12)$$

deduciendo el resultado del mismo modo. Nuevamente, en el caso ejemplo que consideramos, vale (2.12) para $\bar{\gamma} = 0$. La existencia y unicidad de la solución será también consecuencia de la construcción del proceso de saltos a través de las Medidas Puntuales de Poisson. Invitamos a le lectore a mirar la demostración de este resultado en el modelo de estructura dinámica de opiniones con estructura etaria y nacimientos y muertes, que tiene detalles técnicos. \square

Lema 3. *Sea $n \in \mathbb{N}$ fijo y sea $\mu^n \in \mathcal{D}(\mathbb{R}_+, \mathcal{M}_P^n(K))$ definida por (2.10). Sean además $F \in \mathcal{C}^1(\mathbb{R}, \mathbb{R})$ y $(f : (x, s) \mapsto f_s(x)) \in \mathcal{B}_b(K, \mathbb{R})$ tal que para todo $x \in K$, la aplicación $(x, s) \mapsto f_s(x)$ es acotada y continuamente diferenciable con derivadas acotadas uniformemente en x . Entonces, para todo $t \in \mathbb{R}_+$:*

$$F(\langle \mu_t^n, f_t \rangle) = F(\langle \mu_0^n, f_0 \rangle) + \int_0^t \int_E \Delta^{n, F_f}(s, e, \mu^n) I^n dN(e) ds \quad (2.13)$$

Donde $\Delta^{n, F_f}(s, e, \mu^n) = F(\langle \mu_s^n, f_s \rangle + \frac{1}{n} f_s(z) - \frac{1}{n} f(X_i(\mu_{s-}^n)) - F_f(\mu_{s-}^n))$.

Demostración. La demostración es idéntica a la del Teorema 1. \square

Podemos entonces enunciar las siguientes propiedades de momentos:

Lema 4. *Consideremos la sucesión $(\mu^n)_n$ definida por (2.10) suponiendo que vale la hipótesis 1. Si existe $q \geq 1$ tal que:*

$$\sup_{n \in \mathbb{N}} \mathbb{E} [\langle \mu_0^n, 1 \rangle^q] < +\infty, \quad (2.14)$$

entonces:

$$\forall T > 0, \quad \sup_{n \in \mathbb{N}} \mathbb{E} \left[\sup_{t \in [0, T]} \langle \mu_t^n, 1 \rangle^q \right] < +\infty. \quad (2.15)$$

Demostración. Partiendo de la expresión del Lema anterior para las funciones $f \equiv 1$ y $F(x) = x^q$ integrando en el tiempo mínimo entre t y los tiempos de parada τ_N^n . Aplicando la desigualdad $(1+y)^q - y^q \leq C(q)(1+y^{q-1})$ y usando Fubini llegamos a una cota que permite aplicar Gronwall. La prueba termina utilizando un argumento por absurdo para deshacerse del tiempo de parada apelando al Lema de Fatou. \square

2.2.2. Descomposición de la Semimartingala

Estamos ahora en condiciones de plantear una representación para la parte Martingala del proceso μ , resultando cuadrado-integrable con una variación cuadrática previsible que podemos calcular.

Hipótesis 2. La sucesión $(\mu_0^n)_{n \in \mathbb{N}}$ converge en probabilidad a $\mu_0 \in \mathcal{M}_P(K)$ en el espacio de medidas puntuales dotado con la topología de la convergencia débil.

Teorema 5. *Bajo las Hipótesis 1 y 2 vale que:*

i) $\mathcal{L}^n(F_f(\mu)) = \frac{\partial}{\partial t} \mathbb{E}[F_f(\mu_t^n)]|_{t=0} = \tilde{\mathcal{L}}^n F_{f^n}(n\mu)$ donde $F_{f^n}(\mu) = F_f(\mu/n)$ y $\tilde{\mathcal{L}}^n$ cumple la ecuación de \mathcal{L} , (5.2) reemplazando la tasa α por $\alpha^n = \alpha/n$.

ii) En ese caso, $F_f(\mu_t^n) - F_f(\mu_0^n) - \int_0^t \mathcal{L}^n F_f(\mu_s^n) ds$ es una martingala.

iii) Más aún,

$$\begin{aligned} M_t^{n,f} &= \langle \mu_t^n, f_t \rangle - \langle \mu_0, f_0 \rangle - \int_0^t \int_K (f_s(z) - f_s(x)) \\ &\quad \gamma^n(x) \int_K D(x, y, dz) P(dz) Q(x, y) \mu_s^n(dy) \mu_s^n(dx) ds. \end{aligned} \quad (2.16)$$

es una martingala con variación cuadrática:

$$\begin{aligned} \langle M^{n,f} \rangle_t &= \frac{1}{n} \int_0^t \int_K (f_s(z) - f_s(x))^2 \\ &\quad \gamma^n(x) \int_K D(x, y, dz) P(dz) Q(x, y) \mu_s^n(dy) \mu_s^n(dx) ds. \end{aligned} \quad (2.17)$$

Demostración. Para ver el punto i) usamos que

$$f(\mu_t) = f(\mu_0) + \sum_{s \leq t} [f(\mu_{s-} + (\mu_s - \mu_{s-})) - f(\mu_{s-})]$$

y luego hay que seguir los pasos de la demostración del Teorema 1, tomando esperanza, usando la fórmula de Campbell, mayorando y derivando en $t = 0$.

El ítem ii) vale por el teorema de Dynkin cuando se cumple i).

Para probar iii) primero usamos ii) con $F(x) = x$. Para calcular su variación cuadrática primero aplicamos lo que sabemos de ii) con $F(x) = x^2$ para obtener una descomposición de la semi-martingala $(\langle \mu_{t \wedge \zeta_N^n}^n, f_{t \wedge \zeta_N^n} \rangle^2)_{t \in \mathbb{R}_+}$.

Mediante cálculos simples vemos que:

$$\langle \mu + \delta_z - \delta_x, f \rangle^2 - \langle \mu, f \rangle^2 = 2(f(z) - f(x)) \langle \mu, f \rangle + (f(z) - f(x))^2$$

Si llamamos $\Lambda = D(x, y, z)P(dz)Q(x, y)\gamma(x)$ y $\bar{\Lambda} = \overline{DQ}\bar{\gamma}$ obtenemos que:

$$\begin{aligned} & \langle \mu_{t \wedge \zeta_N^n}, f_{t \wedge \zeta_N^n} \rangle^2 - \langle \mu_0, f_0 \rangle^2 \\ & - \int_{[0, t \wedge \zeta_N^n] \times K^2} \Lambda 2(f_s(z) - f_s(x)) \langle \mu_s, f_s \rangle + (f_s(z) - f_s(x))^2 dt \mu_s(dx) \mu_s(dy) \end{aligned}$$

es una martingala.

Por otro lado, de la fórmula de integración por partes (2.8) tenemos que:

$$\langle \mu_{t \wedge \zeta_N^n}, f_{t \wedge \zeta_N^n} \rangle^2 - \langle \mu_0, f_0 \rangle^2 - \int_{[0, t \wedge \zeta_N^n] \times K^2} \Lambda 2(f_s(z) - f_s(x)) d\langle \mu_s, f_s \rangle - \langle M^{n,f} \rangle_{t \wedge \zeta_N^n}$$

también es martingala, y lo es además la primer integral por definición de la integral estocástica [24].

Por unicidad de la descomposición de Doob-Meyer tiene que ser (2.17).

Además, vale que $\lim_{N \rightarrow \infty} \zeta_N^n = +\infty$ casi seguramente.

Lo último que queda ver es que podemos acotar la variación cuadrática, por el Lema de Fatou:

$$\mathbb{E} [\langle M^{n,f} \rangle_t] \leq \liminf_{N \rightarrow \infty} \mathbb{E} [\langle M^{n,f} \rangle_{t \wedge \zeta_N^n}] \leq \frac{t}{n} \mathbb{E} \left[\bar{\Lambda} \sup_{s \in [0, t]} \langle \mu_s^n, 1 \rangle \right] < +\infty \quad (2.18)$$

Luego, $\mathbb{E} [|M_t^{n,f}|^2] < +\infty$ y resulta que $M^{n,f}$ es una martingala cuadrado integrable con la variación del enunciado.

Esto termina la prueba. \square

2.2.3. Convergencia vía tensión-unicidad

Una vez caracterizado el proceso como una semimartingala de la que conocemos su variación y para la cual tenemos los momentos controlados, estamos en condiciones de demostrar convergencia en distribución cuando el tamaño de la población tiende a infinito.

Teorema 6. *Bajo las Hipótesis 1 y 2, la sucesión $(\mu^n)_{n \in \mathbb{N}}$ definida en (2.10) es tensa en $\mathcal{M}_F(K)$ con la topología débil. Más aún, el único valor de adherencia de la sucesión de procesos estocásticos es un proceso a valores medibles continuo que satisface la ecuación determinística de evolución:*

$$\begin{aligned} \langle \mu_t, f_t \rangle &= \langle \mu_0, f_0 \rangle + \int_0^t \int_K (f_s(z) - f_s(x)) \gamma(x) \\ & \quad \int_K D(x, y, dz) P(dz) Q(x, y) \mu_s(dy) \mu_s(dx) ds. \end{aligned} \quad (2.19)$$

Observación 7. Antes de escribir una demostración quisiéramos remarcar que en este punto es cuando los lectores deberían prestar cuidado en caso de querer practicar un cálculo similar. Si bien mostrar la propiedad de tensión es en general accesible (con hipótesis adecuadas para acotar la variación cuadrática de las martingalas $M_t^{n,f}$ y con esto convergencia en el espacio de Skorokhod), identificar el proceso límite y probar unicidad puede ser bastante más desafiante.

Perdiendo un poco de generalidad, pero priorizando el espíritu pedagógico de estas preliminares, escribimos aquí una demostración en el caso de ejemplo. En el siguiente Capítulo lidiaremos con algunos de los problemas que detallamos a continuación.

Vamos a considerar el funcional $\Psi_t(\mu)$ de modo que la ecuación (2.16) puede leerse $M_t^{n,f} = \Psi_t(\mu^n)$. La idea es probar que en el límite cuando n es grande, como tras acotar la variación cuadrática $\forall t \in \mathbb{R}_+, \lim_{n \rightarrow \infty} \mathbb{E} \left[|M_t^{f,n_k}| \right] = 0$ y $\mu^n \rightarrow \mu$, vale que $\Psi_t(\mu^n) \rightarrow \Psi_t(\mu)$.

En este caso tenemos una simplificación: la ecuación del generador puede reescribirse acomodando los factores de reescalamiento $1/n$ para coincidir los generadores del caso finito con el que describe al límite. Esto podría no ser así, es decir, podríamos tener que $M_t^{n,f} = \Psi_t^n(\mu^n)$ y con lo cual tener que mostrar una aproximación del semigrupo. En este caso tenemos que ver que $\Psi_t^n(\mu^n)$ converge de algún modo a $\Psi_t(\mu)$, es decir que la sucesión μ^n satisface asintóticamente la ecuación $\Psi(\mu) = 0$. En el mejor de los casos, tendríamos al menos que probar que las tasas para el caso n convergen tras el reescalamiento a las tasas para el caso límite, y en el peor aceptar que no se puede porque los generadores tienen diferencias irreconciliables (o no sale).

Esto enfrentamos en los pasos 3 y 4 de la demostración del Teorema 9 cuando tenemos que analizar, por ejemplo, las aproximaciones binomiales de las hipergeométricas que definen las tasas de salto del proceso Markoviano cuando definimos una dinámica sobre un grafo y sorteamos aristas.

La otra dificultad radica en la prueba de la unicidad de límite. Esto sirve para concluir la convergencia de la sucesión completa y no de la subsucesión que obtenemos por Prohorov. Lo que hacemos es probar que la sucesión admite un único valor de adherencia viendo que la ecuación que describe al generador en el enunciado del Teorema admite solución única.

En nuestro caso ejemplo, con un cálculo simple podemos acotar la distancia de variación total y usar el Lema de Gronwall para decir que dos soluciones deben ser casi seguramente iguales con esta distancia. Aquí podría servir el mismo argumento de Gronwall con otra función que mida distancias en

algún sentido equivalente, que por propiedades particulares puede convenir, como en [28]. En otros casos la estrategia es obtener una ecuación diferencial que admite solución única, como en el segundo paso de la demostración del Teorema 9.

Más aún, en algunas situaciones puede probarse que la deriva del proceso estocástico es uniformemente Lipschitz y el límite se caracteriza por una ecuación con solución única para probar la tensión-unicidad de la sucesión, como en [29].

Demostración del Teorema 6. A partir de este teorema de caracterización de la parte martingala podemos escribir $\mu_t^{n,f} = M_t^{n,f} + A_t^{n,f}$. Para probar la propiedad de tensión de $(\mu^n)_n$ será suficiente, según dos criterios propuestos por Aldous [26] y Rebolledo [27] con ver que: para todo $\varepsilon > 0$ y $\eta > 0$, existe $n_0 \in \mathbb{N}$ y $\delta > 0$, tales que, para todo $n > n_0$ y para todo par de tiempos de parada S_n y T_n vale que: por un lado para todo tiempo t en un subconjunto denso de los reales positivos, las leyes de $(\langle M^{n,f} \rangle_t)_{n \in \mathbb{N}}$ y de $(A_t^{n,f})_{n \in \mathbb{N}}$ son tensas en \mathbb{R} y que vale:

$$P(|A_{T_n}^{n,f} - A_{S_n}^{n,f}| > \eta) \leq \varepsilon, \quad (2.20)$$

$$P(|\langle M^{n,f} \rangle_{T_n} - \langle M^{n,f} \rangle_{S_n}| > \eta) \leq \varepsilon. \quad (2.21)$$

Para probar la primer parte alcanza con ver que $\forall T > 0$ vale que:

$$\sup_{n \in \mathbb{N}} \mathbb{E} \left[\sup_{t \in [0, T]} |\langle M^{n,f} \rangle_t| \right] < +\infty \text{ y } \sup_{n \in \mathbb{N}} \mathbb{E} \left[\sup_{t \in [0, T]} |\langle A^{n,f} \rangle_t| \right] < +\infty \quad (2.22)$$

A partir de la fórmula de la variación cuadrática (2.17) podemos decir que:

$$\sup_{n \in \mathbb{N}} \mathbb{E} \left[\sup_{t \in [0, T]} |\langle M^{n,f} \rangle_t| \right] \leq \|f\|_\infty^2 \bar{\Lambda} \sup_{n \in \mathbb{N}} \frac{1}{n} \mathbb{E} \left[\sup_{t \in [0, T]} \langle \mu_t^n, 1 \rangle^2 \right] \quad (2.23)$$

Que resulta finita pues en este ejemplo la cantidad de agentes no varía, y entonces $\sup_{n \in \mathbb{N}} \mathbb{E} [\sup_{t \in [0, T]} \langle \mu_t^n, 1 \rangle^2] \leq \sup_{n \in \mathbb{N}} \mathbb{E} [\langle \mu_0^n, 1 \rangle^2]$ que suponemos finito por hipótesis. Este paso debe ser tomado con cuidado: si la cantidad de agentes cambia con el tiempo, entonces esta variación debe estar controlada como mencionamos antes, del mismo modo si alguna característica de la población no está acotada. En el Capítulo 5 nos enfrentamos a ambos problemas, por lo tanto referimos a le lector al resultado sobre propiedades de momentos para la sucesión de medidas enunciado en Proposición 22.

Del mismo modo podemos acotar la parte de variación finita, obteniendo las mismas cotas y concluyendo que vale (2.22).

Como recién, ver que valen (2.20) y (2.21) se consigue de manera similar, exponemos aquí la primera. Sean entonces $T \geq 0$, $\varepsilon > 0$ y $\eta > 0$ y consideremos dos tiempos de parada S_n y T_n tales que $0 \leq S_n \leq T_n$ y $T_n \leq S_n + \delta$. A partir de (2.16):

$$\begin{aligned} \mathbb{E} [|\langle M^{n,f} \rangle_{T_n} - \langle M^{n,f} \rangle_{S_n}|] &\leq \mathbb{E} \left[\frac{1}{n} \int_{S_n}^{T_n} \|f\|_\infty^2 \bar{\Lambda} \langle \mu_s^n, 1 \rangle ds \right] \\ &\leq \frac{\bar{\Lambda} \|f\|_\infty^2 \delta}{n} \mathbb{E} \left[\sup_{t \in [0, T]} \langle \mu_t^n, 1 \rangle^2 \right] \leq \frac{C(T)\delta}{n}. \end{aligned} \quad (2.24)$$

De nuevo estamos apoyándonos fuertemente en las propiedades de momentos y de las hipótesis sobre tasas y funciones involucradas, y podemos tomar n_0 y δ de modo que la última expresión resulte menor que un ε arbitrario.

Observemos además que si tomamos $f = 1$ obtenemos que la sucesión $(\langle \mu^n, 1 \rangle)_{n \in \mathbb{N}}$ es tensa en $\mathcal{D}(\mathbb{R}_+, \mathbb{R}_+)$ con el mismo razonamiento.

Por el teorema de Prohorov, podemos extraer una subsucesión $(\mu^{n_k})_{k \in \mathbb{N}}$ que converge en ley en $\mathcal{D}(\mathbb{R}_+, \mathcal{M}_F(K))$ con la topología débil a un proceso μ cuya ley es la ley límite. Por la observación del párrafo anterior, podemos decir que $(\langle \mu^{n_k}, 1 \rangle)_{k \in \mathbb{N}}$ converge en ley a $\langle \mu, 1 \rangle$ en $\mathcal{D}(\mathbb{R}_+, \mathbb{R}_+)$. Más aún, el proceso límite μ es casi seguramente continuo, dado que por construcción vale:

$$\sup_{t \in \mathbb{R}_+} \sup_{f \in \mathcal{C}_b^0(K)} |\langle \mu_t^{n_k}, f \rangle - \langle \mu_{t-}^{n_k}, f \rangle| \leq \frac{C \|f\|_\infty}{k}. \quad (2.25)$$

Gracias al Teorema 3 en [23], la subsucesión $(\mu^{n_k})_{k \in \mathbb{N}}$ converge en ley en $\mathcal{D}(\mathbb{R}_+, \mathcal{M}_F(K))$ tanto cuando se integra contra una función continua de soporte compacto como si esta es continua y acotada. Si aplicamos nuevamente el teorema de Prohorov, podemos deducir que la sucesión original $(\mu^n)_{n \in \mathbb{N}}$ converge en ley en $\mathcal{D}(\mathbb{R}_+, \mathcal{M}_F(K))$ uniformemente sobre conjuntos compactos de los reales positivos.

Nos resta identificar el proceso límite $(\mu_t)_{t \in \mathbb{R}_+}$. Si definimos $\Psi_t(\mu)$ de modo que la ecuación (2.16) puede leerse $M_t^{n,f} = \Psi_t(\mu^n)$. Gracias al Teorema 5, conocemos una expresión para la variación cuadrática de la sucesión $(M_t^{f,n_k})_k$ y aplicando la desigualdad de Doob obtenemos que $\mathbb{E} [|M_t^{f,n_k}|^2]$ está acotada uniformemente en n y por lo tanto,

$$\forall t \in \mathbb{R}_+, \quad \lim_{n \rightarrow \infty} \mathbb{E} [|M_t^{f,n_k}|] = 0.$$

Como $(\mu^{n_k})_{k \in \mathbb{N}}$ converge en ley a μ que es continua c.t.p., y como f es continua con derivadas acotadas y continuas, Ψ_t es continua y $\lim_{k \rightarrow \infty} \Psi_t(\mu^{n_k}) = \Psi_t(\mu)$ en distribución.

Además, podemos considerar el mayorante definido por: $\forall t \in \mathbb{R}_+, \forall \nu \in \mathcal{D}(\mathbb{R}_+, \mathcal{M}_F(K))$,

$$\Psi_t(\nu) \leq C(t, f) \sup_{s \in [0, t]} \left(\langle \nu, 1 \rangle^2 \right) =: \bar{\Psi}_t(z).$$

Por Hipótesis y el hecho de que la cantidad de agentes está controlada uniformemente por el dato inicial, la sucesión $(\bar{\Psi}_t(\mu^{n_k}))_k$ es uniformemente integrable. Luego, $(|\Psi_t(\mu^{n_k})|)_k$ también lo es, y tomando esperanza podemos deducir que:

$$\lim_{k \rightarrow \infty} \mathbb{E} \left[|M_t^{f, n_k}| \right] = \mathbb{E} [|\Psi_t(\mu)|],$$

concluyendo que $\Psi_t(\mu) = 0$ y por lo tanto μ resuelve (2.19), como queríamos ver.

Para probar la convergencia de la sucesión entera mostraremos que admite un único valor de adherencia, lo cual nos lleva a demostrar unicidad de solución para (2.19) en $\mathcal{C}(\mathbb{R}_+, \mathcal{M}_F(K))$. Sean entonces $(\mu_t)_{t \in \mathbb{R}_+}, (\nu_t)_{t \in \mathbb{R}_+}$ dos soluciones correspondientes al mismo dato inicial $\mu_0 \in \mathcal{M}_F(K)$.

Notemos además que la aleatoriedad que pueden tener las soluciones de (2.19) sólo depende de la que pueda tener el dato inicial, y que son casi seguramente continuas en el sentido de L^1 y con masa finita para tiempos finitos (en el caso ejemplo porque no varía, y en casos con nacimiento o muerte porque podemos controlarla exponencialmente). Dicho esto, podemos definir casi seguramente, para $T > 0$:

$$A_T(\omega) := \sup_{t \in [0, T]} \langle \mu_t(\omega) + \nu_t(\omega), 1 \rangle < +\infty.$$

Sea $\varphi \in \mathcal{C}_b^{0,1}(K)$ con $\|\varphi\|_\infty \leq 1$, entonces vale:

$$\begin{aligned} |\langle \mu_t - \nu_t, \varphi \rangle| &\leq \int_0^t \int_K (f_s(z) - f_s(x)) \gamma(x) \\ &\quad \int_K D(x, y, dz) P(dz) Q(x, y) (\mu_s(dy) - \nu_s(dy)) (\mu_s(dx) - \nu_s(dx)) ds. \\ &\leq \bar{\Lambda} A_T \int_0^t \|\mu_s - \nu_s\|_{TV} ds \end{aligned} \tag{2.26}$$

Tomando supremo en φ a la izquierda, como cualquier función φ continua acotada es límite simple de funciones en $\mathcal{C}_b^{0,1}(K, \mathbb{R}_+)$ obtenemos que casi seguramente y para todo $t \in [0, T]$:

$$\|\mu_t - \nu_t\|_{TV} \leq C(T) \int_0^t \|\mu_s - \nu_s\|_{TV} ds,$$

donde $C(T)$ depende de Λ y A_T . Por el Lema de Gronwall podemos deducir que $\forall t \in [0, T]$, $\|\mu_t - \nu_t\|_{TV} = 0$ casi seguramente.

Como el tiempo T es arbitrario deducimos que las medidas son iguales en casi todo punto.

Luego, la ecuación (2.19) admite una única solución μ , ésta es límite en distribución de la sucesión $(\mu^n)_{n \in \mathbb{N}}$ y si el dato inicial es determinista entonces la medida converge en probabilidad sobre el espacio de Skorokhod a una solución que es continua y determinista. \square

Con esto concluimos esta parte. Mostramos la forma de probar convergencia de una sucesión de medidas a un límite cuyo generador infinitesimal tenemos caracterizado. Esto permite obtener ecuaciones que describen al proceso límite y que están formalmente deducidas. A partir de estas ecuaciones es que podemos estudiar las dinámicas del proceso cuando la cantidad de agentes es infinita, pero probamos también que este límite es una buena aproximación de lo que sucede para poblaciones suficientemente grandes.

En el tercer capítulo mostraremos cómo deducir a partir de este sistema uno que tiene una cantidad finita de ecuaciones que describen la dinámica del proceso SIRV, y en el quinto aplicamos un método de *grazing limit* para obtener Ecuaciones en Derivadas Parciales que modelan el intercambio de opiniones. A continuación comentaremos un poco qué tipo de procesos pueden modelarse con estas técnicas.

2.3. Alcances de la estrategia de modelado

2.3.1. Procesos de Nacimiento y Muerte

Para modelar que los agentes mueren o nacen haremos como explicamos recién. Es importante identificar los cambios en el tamaño de la población a la hora de probar la fórmula del generador. Así, con tasas de interacción como las descritas en la Hipótesis 1 podríamos pensar que $\Delta(F, \mu_t, x, z) := F_f(\mu + a\delta_z - b\delta_x) - F_f(\mu_t)$ y cuando nace un individuo en estado z se corresponde con $a = 1, b = 0$ y cuando un individuo muere $a = 0, b = 1$. Recordemos que en el caso de las muertes deberemos suponer además que la tasa $\rho(x)$ con la que un individuo muere está acotada por debajo por una constante positiva $\underline{\rho}$ y por arriba por $\bar{\rho}$.

2.3.2. Generalización a varios eventos

Para generalizar lo propuesto y admitir que el modelado de varios eventos simultáneamente podemos hacer dos mecanismos equivalentes. El primero es considerar una medida N_k por cada tipo de evento y luego sumar los términos, como en (2.1) utilizando las variables auxiliares θ en el intervalo $[0, 1]$. Así, la indicadora $1_{\theta < \lambda_k}$ tendrá esperanza λ_k siendo esa la tasa del evento k -ésimo. La otra opción es considerar un intervalo de longitud $\sum_k \lambda_k$ como en [3] y utilizar indicadoras $1_{\lambda_k < \theta < \lambda_{k+1}}$ para una sola medida de Poisson que considere todos los eventos posibles. Es decir, en el caso de dos eventos,

$$\mu_t = \mu_0 + \int_0^t \int_{E_1} \Delta_1(\mu_s, e_1) I_1(e_1) N_1(e_1) + \int_0^t \int_{E_2} \Delta_2(\mu_s, e_2) I_2(e_2) N_2(e_2),$$

es equivalente a usar:

$$\mu_t = \mu_0 + \int_0^t \int_E \Delta(\mu_s, e) I(e) N(e),$$

con $N = N_1 \times N_2$,

$$E = E_1 \times E_2$$

y

$$\Delta(\mu_s, e) I(e) = \Delta_1(\mu_s, e) I_1(e) 1_{0 < \theta < \lambda_1} + \Delta_2(\mu_s, e) I_2(e) 1_{\lambda_1 < \theta < \lambda_2},$$

siendo λ_i la tasa con la que sucede el evento i y considerando en I la tasa total (suma) con la que sucede algún evento.

Aquí será crucial identificar el impacto de los eventos en el tamaño de la población y la cantidad de veces que sorteamos alguna agente de ella. Es decir, los términos que afecten el tamaño de la población deberán ser mayorados por alguna función integrable y deberemos acotar los momentos de las medidas μ^n dependiendo de las interacciones entre agentes. Podemos ver en el caso de ejemplo que el hecho de tener interacciones entre dos agentes involucra el segundo momento, mientras que transiciones individuales solamente requieren controlar la masa de la medida como indicamos para dinámicas que involucran nacimientos o muertes. Por ejemplo en [1], los autores consideran un término en el que les agentes mueren a una tasa que depende de la competencia con el resto de la población, debiendo acotar tanto las tasas individuales como las del proceso de contacto con otros y apareciendo un término que depende del segundo momento $\langle \mu_t^n, 1 \rangle^2$ que debe estar acotado en esperanza uniformemente en n y t .

2.3.3. Estructura etaria en la población

Entre los trabajos de este estilo que encontramos en la literatura aparece [1] donde se modela una población que compite por recursos y aparecen mutaciones de diferentes rasgos. Posteriormente, en [30] se considera la evolución etaria de los individuos.

Para modelar esto es necesario considerar una variable de estado que represente la edad, implicando la aparición de un término de transporte en el generador infinitesimal. Consideremos entonces $\tilde{K} = K \times \mathbb{R}^d$ siendo el estado de los agentes un par (x, a) . Aquí la variable de edades no necesariamente será un escalar sino que admitimos que sea vectorial para más generalidad.

Será necesario definir una aplicación que ordene los agentes como lo hacía X . En este caso consideramos $A(\mu) = (a_1, \dots, a_N)$.

La ecuación que define al proceso será:

$$\mu_t = \mu_0 + \int_0^t \int_E \Delta(\mu_s, e) I(e) N(e) + \sum_{i=1}^{N_0} \delta_{X_i(\mu_0), A_{X_i(\mu_0)}(t, 0, A_i(\mu_0))}, \quad (2.27)$$

donde A_x es la única solución $t \mapsto A_x(t, t_0, a_0)$ de clase C^1 de la ecuación

$$\frac{da}{dt} = v(x, a(x, t))$$

con dato de borde $a(x, t_0) = a_0$ que describe el proceso determinístico de envejecimiento, siendo v el campo de velocidades con que este sucede.

El caso en que $v = 1$ y $a \in \mathbb{R}_+$ es el más simple pero muchas veces tiene sentido para modelar una edad escalar que avanza a la misma velocidad que el tiempo. Aquí, $\forall a_0, t_0 \in \mathbb{R}_+$ la aplicación que asigna a t el valor $A_x(t, t_0, a_0)$ define un difeomorfismo de clase C^1 de \mathbb{R}_+ en su imagen.

Para diferentes escalamientos como los propuestos en [31] es necesaria más generalidad. De todos modos, la existencia y unicidad de solución para la ecuación que cumple esta asignación es un resultado clásico de ecuaciones diferenciales que se deduce del teorema de Cauchy-Lipschitz. Técnicamente hablando, dada $v \in \mathcal{B}_b(K, \mathbb{R}^d)$ derivable con respecto a a , con $\nabla_a v$ siendo continuo y si vale que $\exists \bar{v} > 0$ tal que $\forall i \in \{1, \dots, d\} \forall (x, a) \in K, 0 < v_i(x, a) \leq \bar{v}(1 + a_i)$ y para el dato inicial $f_0 \in \mathcal{C}^{0,1}(K)$ la ecuación:

$$\frac{\partial f}{\partial t}(x, a, t) + v(x, a) \nabla_a f(x, a, t) = 0 \quad f(x, a, 0) = f_0(x, a), \quad (2.28)$$

admite solución única $f \in \mathcal{C}^{0,1,1}(K \times \mathbb{R}_+)$ definida por:

$$f(x, a, t) = f_0(x, A_x(0, t, a)).$$

Además vale la siguiente fórmula que nos será útil más adelante:

$$f_t(x, A_x(t, s, a)) = f_s(x, a) + \int_s^t \frac{\partial f_u}{\partial u}(x, A_x(u, s, a)) + v(x, A_x(u, s, a)) \nabla_a f_u(x, A_x(u, s, a)) du \quad (2.29)$$

Si consideramos $\Delta^{F_f}(\mu_t, x, z) := F_f(\mu + \delta_z - \delta_x) - F_f(\mu_t)$ como en el ejemplo que estudiamos en las secciones anteriores entonces tenemos el siguiente resultado:

Teorema 8. *Sea $\mu_0 \in \mathcal{M}_P(K)$ determinista tal que: $\int_K |a| \mu_0(dx, da) < +\infty$ y $N_0 = \langle \mu_0, 1 \rangle < +\infty$. Entonces el proceso $(\mu_t)_{t \in \mathbb{R}_+} \in \mathcal{D}(\mathbb{R}_+, \mathcal{M}_P(K))$ definido por 2.27 es un proceso Markoviano cuyo generador infinitesimal está definido para cada $f \in \mathcal{C}_b^{0,1}(K, \mathbb{R})$, $F \in \mathcal{C}_b^1(\mathbb{R}, \mathbb{R})$ por:*

$$\begin{aligned} \mathcal{L}F_f(\mu_0) &= \int_{\bar{K}} v(x, a) \nabla_a f(x, a) F'(\langle \mu_0, f \rangle) \mu_0(dx, da) \\ &+ \int_{\bar{K}^2 \times K} \gamma(x) \Delta^{F_f}(\mu_0, x, z) D(x, y, z) P(dz) Q(x, y) \mu(dx, da) \mu(dy, db) \end{aligned} \quad (2.30)$$

Aquí estamos pensando por simplicidad que las tasas de interacción dependen de la componente x del estado, pero podría considerarse que dependen también de la edad de los agentes. La demostración de este resultado es un caso particular de la demostración del Teorema 24.

2.3.4. Grafos Aleatorios

El trabajo [2] propone basarse en los resultados de [1] para permitir que las interacciones de los agentes no sean núcleos en \mathbb{R}^d sino que estén basadas en los estados de los agentes sobre un grafo aleatorio del tipo *Configuration Model*. Este tipo de grafos permite trabajar con medidas finitas sobre los naturales para representar la cantidad de conexiones que tienen los agentes en distintos estados con los otros. Por ejemplo, en un modelo epidemiológico de tipo SIS, en el que los agentes están en estado Susceptible (pueden contraer la enfermedad) o Infectado (están propagando la enfermedad), tendremos que medir la cantidad de aristas que conectan esos dos estados, necesitando al menos tres medidas (de las que podremos deducir la cuarta).

La dinámica SIR con vacunación que presentamos en el siguiente capítulo tiene cuatro estados, aún así, son necesarias sólo cuatro medidas que describan las conexiones entre los susceptibles con el resto para modelar la propagación de la enfermedad.

La diferencia principal en este tipo de modelos con los presentados en la sección anterior es que están basados en las aristas de un grafo aleatorio de tipo CM, introducido por Bollobás [32], que se construye de la siguiente manera. Notemos $\mathbb{N}_0^n = \{0, \dots, n\}$ y supongamos que tenemos n nodos y una secuencia de grados k_1, \dots, k_n independientes e idénticamente distribuidos según $p^{(n)} = (p_k^{(n)})_{k=1, \dots, n}$ de modo que la suma de los grados sea par. Asignamos una cantidad k_i de semi-aristas al i -ésimo nodo y luego elegimos de manera uniforme dos semi-aristas que todavía no estén conectadas, estableciendo un link entre ambos nodos, hasta que todas las semi-aristas estén apareadas. Los nodos representarán a los individuos o agentes, por eso utilizaremos estos nombres de manera equivalente a lo largo de la tesis.

Bajo la hipótesis de que $p^{(n)}$ converge en probabilidad a $p = (p_k)_{k \in \mathbb{N}_0}$ y $\mathbb{E} [p^{(n)^2}]$ converge a $E[p^2] < \infty$ cuando n tiende a infinito, hay una probabilidad asintótica estrictamente positiva de obtener un grafo simple [33]. Luego, podríamos repetir este proceso de apareamiento hasta que el grafo obtenido no tenga multiaristas ni bucles [34].

Como consecuencia de esta construcción, el grado de un nodo elegido al azar sigue distribución p^n . De todos modos, la probabilidad de que un vecino en la red tenga grado k es $\frac{kp_k}{\sum_{j=1, \dots, n} jp_j}$, una distribución que se conoce como *size-biased* pues está sesgada por la cantidad total de aristas. Esta distribución va a influenciar fuertemente la dinámica sobre un grafo de configuraciones, marcando una diferencia con modelos de tipo campo medio, donde todos los nodos y sus vecinos se tratan de manera homogénea.

Dada una distribución de grados $p = (p_k)_{k \in \mathbb{N}}$, la función generadora de probabilidad que tiene asociada se define por $\psi(z) = \sum_{k \in \mathbb{N}} p_k z^k$.

En [35] los autores presentan distintos modelos epidemiológicos de tipo SIR que pueden analizarse con este tipo de herramientas estocásticas.

Dependiendo de la dinámica que quiere modelarse será necesario considerar diferentes tipos de medidas. Podemos ver como ejemplos [2] donde se estudia un modelo SIR en un CM para una población infinita obteniendo una prueba rigurosa del sistema de ecuaciones planteado por Volz [16], o la extensión planteada en [5] donde se estudia un modelo SIR con rastreo de contagios. En el siguiente capítulo de esta tesis planteamos un modelo SIR con vacunación, generalizando el trabajo recién mencionado al admitir tasas de transición que son variables y estudiando las estrategias de vacunación óptimas que dependen del grado de los agentes. En todos estos casos las medidas que se estudian cuantifican la cantidad de nodos susceptibles de grado k , μ^S y la cantidad de individuos en estado X que tienen k vecinos susceptibles μ^{XS} .

Los modelos de agentes que aparecen en la bibliografía sobre epidemias en grafos aleatorios pueden razonarse mediante el principio de decisiones diferidas [36] que permite construir el grafo al mismo tiempo que se propaga la enfermedad, es decir, cuando un agente se infecta se sorteán sus vecinos. Luego, los agentes transicionan a un estado absorbente, no volviendo nunca a estar susceptibles. Esto plantea una limitación: si los agentes volvieran a estar susceptibles deberíamos recordar quiénes son sus vecinos en la red, rompiendo la markovianidad con la que construimos la red.

Una manera de solucionar esta limitación es considerando redes con redireccionamiento, es decir, si los agentes pudieran retornar a un estado anterior, a la hora de volver a transicionar podríamos volver a sortear sus vecinos, recuperando la markovianidad pero pagando el precio de una reasignación dinámica de los links entre agentes [37, 38, 39]. En esta dirección podemos encontrar el reciente trabajo [40] en el que se estudia lo que llaman evo-SI en el que los agentes susceptibles redireccionan sus aristas de manera aleatoria con una cierta tasa y caracterizan parámetros críticos del grafo para los cuales la enfermedad efectivamente se propaga con probabilidad estrictamente positiva. Este trabajo está muy relacionado con [41] en el que se estudia esto mismo para el modelo SIR. En ambos casos las herramientas estocásticas de prueba se sustentan en percolación, pues analizan al grafo de manera local mirando dinámicas de tipo Galton-Watson [42].

Como mencionamos anteriormente, en estos modelos el espacio de medidas que hay que considerar será $\mathcal{M}_F^d(\mathbb{N}_0)$, las medidas finitas sobre los enteros no negativos.

Para encontrar la fórmula explícita del generador infinitesimal debemos describir con qué tasas los agentes transicionan de estado, como antes, y actualizar las medidas, teniendo especial cuidado en cómo se modifican las aristas de los vecinos del nodo que cambia de estado, involucrando aquí cómo influye el grado de los nodos y utilizando fuertemente la distribución *size-biased* para analizar a los vecinos.

El desarrollo riguroso de estas ideas se encuentra en el siguiente Capítulo para el caso SIR con vacunación, fuertemente sustentado en [2] que adapta las ideas de [1] para probar convergencias de medidas en los grados, mostrando que en el límite las aristas múltiples son despreciables.

Capítulo 3

SIR con Vacunación Óptima

3.1. Introducción

En este capítulo trataremos un modelo epidemiológico en que las personas se encuentran susceptibles a una enfermedad y algunas de ellas la contraen, posiblemente infectando a sus vecinos en una red de conexiones, para luego recuperarse. Para controlar la propagación de la enfermedad hay algunas maneras de modelar mitigaciones: podríamos proteger a los susceptibles de enfermarse o reducir la cantidad de contactos que tienen los agentes en la red. Estos métodos fueron discutidos y practicados globalmente durante este año tan particular marcado por la pandemia de Covid19: se implementaron cuarentenas estrictas, rastreo de contactos, toques de queda y en este momento, vacunaciones.

Lo interesante del método que utilizamos en esta tesis, es que permite agregar otro estado absorbente como Recuperade, pero sin haber transitado la infección. Llamamos a este estado Vacunade, aunque también podría ser Aislade, y consideramos que la tasa de transición depende del tiempo y de la conectividad del nodo. Como discutimos en la introducción, esto plantea una pregunta: ¿cuál es la mejor manera de vacunar una población?

Registrar todas las conexiones de cada agente implica tener un registro temporal de cómo cambia el grado de cada nodo en la red, y los métodos que presentamos aquí todavía no fueron usados para esto. El conocido proceso de contacto [43] se enfrenta el problema de registrar toda la historia de los encuentros entre vecinos y sus conexiones entre ellos, implicando todos los momentos de las medidas aleatorias involucradas (o conocer todo el grafo).

Los modelos compartimentales Susceptible-Infectade-Recuperade (SIR) y sus variantes, han sido muy estudiados en el contexto de campo medio, don-

de los individuos pueden interactuar con cualquier otro de la población de manera uniforme, simplificando el problema de conocer cada agente en particular y asumiendo homogeneidad.

En el último tiempo, con el desarrollo de la teoría de grafos y el estudio de redes complejas, fue incorporado el efecto de interacciones locales utilizando grafos más raros [8, 44, 45]. En estos modelos se considera cierta heterogeneidad a través de una distribución de grados que describen cómo algunos agentes potencialmente interactúan más que otros y por lo tanto teniendo más riesgo de enfermarse o propagar la enfermedad, aportando un poco más de realismo al planteo teórico. En [9, 14] el lector puede encontrar referencias tan modernas como clásicas de los distintos modelos compartimentales estudiados y de estos como procesos epidemiológicos en redes complejas.

De todos modos, la descripción rigurosa matemática de estas dinámicas heterogéneas con un enfoque de tipo campo medio sigue siendo un desafío, puesto que considerar cualquier cantidad de aristas en un grafo límite implica considerar un sistema de infinitas ecuaciones diferenciales, tanto para modelos de tipo SIR como SIS (en el que los agentes vuelven a estar susceptibles después de enfermarse).

Un trabajo fundamental en esta dirección es [2], donde se encuentra una proyección de estos sistemas infinitos a un sistema con pocas ecuaciones que describe la dinámica SIR conservando propiedades del grafo de interacción. En este caso, el grafo es del tipo *Configuration Model* (CM) y se considera que la cantidad de aristas es del orden del tamaño de la población. Esta descripción asintótica es una prueba formal de ecuaciones planteadas anteriormente por Volz [16] como un límite termodinámico, es decir, cuando el número de nodos/agentes/individuos tiende a infinito. En [46] también se estudia el modelo SIR en CM y en [47] se puede encontrar una reducción del sistema de ODEs a uno equivalente.

Por otro lado, el proceso de vacunación ha sido extensamente estudiado en los últimos años, con el surgimiento de movimientos anti-vacunas amenazando programas de salud y planteando el dilema de eximirse de los costos de vacunación pero al mismo tiempo aprovechando la inmunidad de rebaño. Modelando el proceso de vacunación en el contexto de la teoría de juegos se puede plantear una perspectiva individualista en contraste con una de beneficio comunitario. En esta línea, el proceso de vacunación fue estudiado tanto de la perspectiva de la teoría de juegos como del control óptimo [10, 48, 49, 50, 51].

Se consideran dos puntos de vista principales: un individuo racional inmerso en una población que busca su propio beneficio, o un agente centralizado

que toma decisiones en pos del bienestar popular, por ejemplo un gobierno. El problema de optimización social puede pensarse como la minimización de los costos de un programa de vacunación o la búsqueda de la inmunización de rebaño. En [52] los autores consideran un modelo epidémico compartimental que es determinístico y se estudia una tasa de vacunación que depende del tiempo, planteando los costos (lineales) para los cuales se encuentra una estrategia de vacunación óptima.

En [53] se propone un juego evolutivo, en el que los agentes que deciden estiman los costos de vacunación y el modelo se basa en su punto de vista. También puede considerarse que la estrategia de vacunación se ve influenciada por el comportamiento de una vecindad, o que depende en las creencias del individuo acerca de las estrategias de sus conocidos [54, 55].

Otra forma de analizar el problema se puede encontrar en [48], donde los autores estudian cómo la psicología de los agentes interviene en su percepción sobre el riesgo, su susceptibilidad a la infección o las tasas de mortalidad.

En cuanto a modelos con redes de fondo, los autores en [56] muestran que la vacunación es más efectiva cuando la totalidad de la estructura de la red es conocida por los agentes, aunque en el mundo real estas decisiones están basadas en información parcial sobre el grafo que subyace las conexiones. Ésto podría justificar el hecho de que los agentes decidan vacunarse de manera dependiente a su grado en la red. Los agentes racionales más conectados (hubs) tienen más incentivo a vacunarse que aquellos con menos vecinos, como exponen por ejemplo en [50, 54, 57].

Nuevamente se recomienda al lector interesado el libro [14] en el que se hace un repaso extensivo sobre modelos compartimentales tanto sobre redes como de campo medio homogéneo, en el que además se discute el balance entre modelos simples contra aquellos con muchos detalles. Según Brauer, los primeros son muy útiles para conseguir resultados cualitativos analíticos, mientras que los más detallados cobran relevancia en el diseño exitoso de poblaciones y enfermedades específicas.

En [58, 59] los autores consideran distintas estrategias de vacunación locales. En una de ellas se eligen de manera aleatoria amigos de los agentes para ser vacunados, aunque se plantea en un estadio previo a la propagación de la enfermedad. Ellos obtienen fórmulas para el *tamaño de la epidemia*, que se define como el número total de agentes que se contagiaron en algún momento, utilizando herramientas de percolación, la función generadora de los grados y dependiendo de una intensidad de vacunación.

En este Capítulo estudiamos estrategias de vacunación que dependen del grado de los agentes, incluyendo los casos particulares de vacunación cons-

tante y proporcional al grado. Ésta última es muy similar a otra conocida en la literatura como “vacunación de conocidos” (*acquaintance vaccination*) originalmente propuesta por Cohen en [60]. De todas maneras, en nuestro modelo el proceso de vacunación se desarrolla simultáneamente con la propagación de la enfermedad, en vez de hacerse en un período previo.

Consideraremos una variante Markoviana del modelo SIR, donde los períodos de infecciosidad siguen una distribución exponencial, por detalles o modelos más generales le lector puede consultar [61]. Adaptaremos las técnicas desarrolladas en [2] y [46] para mostrar la convergencia de un vector de medidas que describen la dinámica markoviana de propagación de una enfermedad en un grafo aleatorio, obteniendo una descripción límite que es determinística. Como en el caso sin vacunaciones, podemos obtener un sistema finito de ecuaciones diferenciales que satisfacen las cantidades que usualmente describen la epidemia, es decir, el número de agentes en cada compartimento (Susceptibles, Infectados, Recuperados) y la tasa de reproducción efectiva (*effective reproduction number*).

El modelo de vacunación se ocupa de un contexto en el que las personas no saben si sus contactos están infectados o no (de lo contrario, podrían suprimirlos) y podrían tener un incentivo de vacunación en función de sus interacciones sociales. Por lo general, los indicadores macroscópicos a nivel de ciudad o estado dan una pista de la gravedad de la epidemia, aunque como en el caso de la pandemia de Covid-19, el conocimiento exacto del estado de sus contactos es un desafío debido a la presencia de individuos asintomáticos.

Estudiamos el problema de control óptimo para la vacunación formulado como un juego, tanto desde una perspectiva centralizada como descentralizada, siguiendo ideas desarrolladas en [62] para un contexto puramente mean-field. Mostramos que la solución óptima consiste en vacunar a la tasa más alta posible hasta un cierto momento que depende de la conectividad de la red y los costos asociados al problema, y luego de ese momento no vacunar más. Por otro lado, utilizando técnicas de optimización continua definimos las hipótesis generales para las cuales es posible probar existencia y unicidad de control óptimo medible, en el sentido de soluciones viscosas, siguiendo [63] y [64].

3.2. Notación y descripción del modelo

El entorno de conexiones entre los agentes será un grafo aleatorio de tipo CM como el descrito en la Sección 2.3.4. Para un agente Susceptible dado (es decir, uno que no contrajo la enfermedad ni fue vacunado), consideramos varios relojes exponenciales independientes con parámetro r , uno por cada

arista que le conecta con un nodo infectado (es decir, un reloj por cada encuentro potencial).

Esto describirá el proceso de contacto: si este reloj suena, el susceptible hace una transición a estado Infectado y permanece infeccioso durante un tiempo exponencial con media $1/\gamma$, después del cual ya no infectará ningún nodo, pasando al estado Recuperado. También para los Susceptibles, consideramos un Proceso de Poisson no homogéneo con parámetro $\pi_t(k)$, que es la variable de control dependiente del tiempo y representa la tasa con la que el individuo se vacuna y depende de su grado k en la red.

Tanto Recuperado como Vacunado son estados absorbentes de la cadena de Markov a tiempo continuo resultante, y diferenciamos entre ambos para realizar un seguimiento de las características epidémicas. Además, tienen un impacto diferente en los costos totales de un posible brote epidémico.

En lo que sigue, suponemos que

$$\pi_t(k) = \xi(k)\pi_t,$$

donde π_t es una función acotada medible en $[0, T]$ y $\xi : \mathbb{N} \rightarrow \mathbb{R}$.

Para la existencia del límite de fluido, se necesita alguna suposición técnica sobre ξ , y suponemos que

$$\sum_k \mu_t^S(k)\xi(k) < \sum_k \pi_t(k)\mu_0^S(k)k^3,$$

donde μ_0^S es la distribución de grados inicial de la población susceptible.

Los casos $\xi(k) = 1$ y $\xi(k) = k$ son los que aparecen con mayor frecuencia en la literatura sobre estrategias locales de vacunación. La tasa constante indica homogeneidad de los agentes en el esfuerzo de inmunización; y una tasa proporcional al grado, como en el caso de la vacunación de conocidos [58, 59, 60], toma en cuenta que la vacunación de *hubs* y nodos de mayor grado es conveniente para detener la transmisión de una enfermedad. Esto también se puede lograr usando una vacunación dirigida donde se vacunan los nodos de mayor grado, lo que corresponde a $\xi(k) = \mathbb{1}_{\kappa \leq k}(k)$ para algún umbral κ .

En la vacunación de conocidos, se toma una muestra de una fracción de los nodos, y para cada nodo muestreado, se vacuna a uno de sus vecinos elegidos uniformemente. Por lo tanto, la probabilidad de que un nodo sea seleccionado por cualquier vecino es proporcional a su grado, ya que sigue la distribución *size-biased*.

Dinámica SIR-V en un CM Denotamos S_t^n , I_t^n , R_t^n y V_t^n el número total de agentes susceptibles, infectados, recuperados y vacunados respectivamente,

y \mathcal{S}_t^n , \mathcal{I}_t^n , \mathcal{R}_t^n y \mathcal{V}_t^n los conjuntos que contienen los nodos en cada estado. Estas cantidades son de interés central en la literatura y son las principales variables que se usan para describir ecuaciones (remitimos al lector a [44] para una revisión informativa sobre la dinámica de las epidemias). Sin embargo, observemos que al estar nuestro modelo sobre un grafo aleatorio CM, calcular su dinámica es en principio muy exigente, ya que deberíamos estudiar un proceso estocástico en la dimensión (creciente) n , el número de nodos.

Como explicamos en el segundo Capítulo, estudiamos la dinámica de cuatro medidas en $\mathcal{M}_F(\mathbb{N}_0^4)$, el conjunto de medidas finitas en \mathbb{N}_0 dotado con la topología de convergencia débil, describiendo la conexión entre la población susceptible y el resto. Para ello, recurrimos al llamado *principio de decisiones diferidas*, revelando el grafo simultáneamente con la propagación de la enfermedad, distinguiendo los tipos de aristas que conectan los diferentes estados de los individuos. Este truco es posible ya que la dinámica de la epidemia se construye utilizando un emparejamiento uniforme. Seguimos aquí las ideas desarrolladas en [2] y [28].

Consideremos k_i^S el número aleatorio de aristas que conectan al i -ésimo nodo con alguene otre susceptible. Cuando la población tenga tamaño n , la medida empírica $\mu_t^{S,n} \in \mathcal{M}$ describirá el grado de un susceptible: para cada $k \in \mathbb{N}_0$, $\mu_t^{S,n}(k)$ denota el número de nodos susceptibles con grado k a tiempo t ,

$$\mu_t^{S,n} = \sum_{i \in \mathcal{S}_t^n} \delta_{k_i^S}.$$

Análogamente,

$$\mu_t^{IS,n} = \sum_{i \in \mathcal{I}_t^n} \delta_{k_i^S}, \quad \mu_t^{RS,n} = \sum_{i \in \mathcal{R}_t^n} \delta_{k_i^S} \quad \text{and} \quad \mu_t^{VS,n} = \sum_{i \in \mathcal{V}_t^n} \delta_{k_i^S}$$

representan las cantidades de nodos en estados I , R , V conectados con la población susceptible. Escribimos $\mu_t^n = (\mu_t^{S,n}, \mu_t^{IS,n}, \mu_t^{RS,n}, \mu_t^{VS,n})$.

La manera de recuperar las cantidades que describen el número de infectades de la población será a través de las momentos de las variables μ , definimos:

$$N_t^{S,n} = \langle \mu_t^{S,n}, \chi \rangle := \sum_{k \in \mathbb{N}} k \mu_t^{S,n}(k),$$

describiendo el número de semiaristas que salen de un nodo susceptible. De manera análoga, la cantidad de semiaristas que conecten a los susceptibles con el resto de la población serán $N_t^{IS,n}$, $N_t^{RS,n}$, $N_t^{VS,n}$, si es que éstos están en estado Infectade, Recuperade o Vacunade, respectivamente. También basadas en las aristas, describimos la proporción asociada a cada una de estas

cantidades con:

$$\begin{aligned} p_t^{I,n} &= \frac{N_t^{IS,n}}{N_t^{S,n}}, & p_t^{R,n} &= \frac{N_t^{RS,n}}{N_t^{S,n}}, & p_t^{V,n} &= \frac{N_t^{VS,n}}{N_t^{S,n}}, \\ p_t^{S,n} &= \frac{N_t^{S,n} - N_t^{IS,n} - N_t^{RS,n} - N_t^{VS,n}}{N_t^{S,n}}. \end{aligned} \quad (3.1)$$

Límite de escala El resultado principal de este Capítulo consiste en probar la convergencia en el espacio de Skorokhod de las medidas empíricas $(\mu^n)_{n \in \mathbb{N}}$ bajo un escalamiento que es proporcional a n , siendo que es esta la intensidad con la que los eventos suceden. Además de eso, probamos que el límite está descrito como la única solución de un sistema determinístico de ecuaciones diferenciales, expresadas con una integral en el tiempo de las tasas con las que los eventos modifican una cierta cantidad en la población, indicada en la función test f . Esto va a permitir calcular momentos de las μ y describir luego, mediante una simplificación de tipo campo medio, un sistema de ecuaciones finito que describe la dinámica SIRV en un grafo representado por las secuencias de grados inicial. Basta con suponer que el dato inicial converge cuando n tiende a infinito a alguna medida finita sobre los grados de los nodos.

Para cada $n \in \mathbb{N}$, consideramos

$$\mu_t^{(n)} = \frac{1}{n} \mu_t^n.$$

Nos referiremos al valor límite de la sucesión mediante la notación sin n , $\mu_t = (\mu_t^S, \mu_t^{IS}, \mu_t^{RS}, \mu_t^{VS})$. En el límite, consideramos también las cantidades:

$$\alpha_t = e^{-\int_0^t r p_s^I ds} \text{ y } \theta_t = e^{-\int_0^t \pi_s ds}, \quad (3.2)$$

que permiten describir la probabilidad de que un nodo de grado k no se haya enfermado, α_t^k , y la de que no se haya vacunado a tiempo t , $\theta_t^{\xi(k)}$.

Estamos en condiciones de plantear el resultado. Las ideas de las demostraciones fueron tratadas en el segundo capítulo y siguen los pasos de [2] para un SIR sin vacunaciones.

Teorema 9. *Supongamos que $(\mu_0^{(n)})_{n \in \mathbb{N}}$ converge a μ_0 en $\mathcal{M}_F^4(\mathbb{N}_0)$ dotado de la topología débil. Entonces la sucesión $(\mu^{(n)})_{n \in \mathbb{N}}$ converge en distribución en el espacio de Skorokhod, cuando n tiende a infinito, a la única solución del*

siguiente sistema determinístico de ecuaciones:

$$\left\{ \begin{array}{l}
 \langle \mu_t^S, f \rangle = \sum_{k \in \mathbb{N}} \mu_0^S(k) \alpha_t^k \theta_t^{\xi(k)} f(k), \\
 \langle \mu_t^{IS}, f \rangle = \langle \mu_0^{IS}, f \rangle - \int_0^t \gamma \langle \mu_s^{IS}, f \rangle ds + \int_0^t \sum_{k \in \mathbb{N}} r p_s^I k \\
 \quad \times \sum_{\substack{i,j,l,m/ \\ i+j+l+m=k-1}} \binom{k-1}{i,j,l,m} (p_s^S)^i (p_s^I)^j (p_s^R)^l (p_s^V)^m \mu_s^S(k) f(i) ds \\
 \quad + \int_0^t \sum_{k \in \mathbb{N}} r k p_s^I (1 + (k-1) p_s^I) \sum_{j \in \mathbb{N}_0} (f(j-1) - f(j)) \frac{j \mu_s^{IS}(j)}{N_s^{IS}} \mu_s^S(k) ds \\
 \quad + \int_0^t \sum_{k \in \mathbb{N}} \pi_s(k) k p_s^I \sum_{j \in \mathbb{N}_0} (f(j-1) - f(j)) \frac{j \mu_s^{IS}(j)}{N_s^{IS}} \mu_s^S(k) ds. \\
 \langle \mu_t^{RS}, f \rangle = \langle \mu_0^{RS}, f \rangle + \int_0^t \gamma \langle \mu_s^{IS}, f \rangle ds + \int_0^t \sum_{k \in \mathbb{N}} (r k p_s^I (k-1) p_s^R + \pi_s(k) p_s^R k) \\
 \quad \times \sum_{j \in \mathbb{N}_0} (f(j-1) - f(j)) \frac{j \mu_s^{RS}(j)}{N_s^{RS}} \mu_s^S(k) ds. \\
 \langle \mu_t^{VS}, f \rangle = \langle \mu_0^{VS}, f \rangle \\
 \quad + \int_0^t \sum_{k \in \mathbb{N}} \pi_s(k) \sum_{i+j+l+m=k} \binom{k}{i,j,l,m} (p_s^S)^i (p_s^I)^j (p_s^R)^l (p_s^V)^m \mu_s^S(k) f(i) ds \\
 \quad + \int_0^t \sum_{k \in \mathbb{N}} (r p_s^I k (k-1) p_s^V + \pi_s(k) p_s^V k) \mu_s^S(k) \\
 \quad \times \sum_{j \in \mathbb{N}_0} (f(j-1) - f(j)) \frac{j \mu_s^{VS}(j)}{N_s^{VS}} ds.
 \end{array} \right. \tag{3.3}$$

Este sistema parece muy complicado pero se explica con el proceso Markoviano subyacente que describe la propagación de la epidemia en el grafo CM. Las medidas basadas en las aristas deben actualizarse con los eventos que pueden suceder: la infección o vacunación de un individuo susceptible (con tasas que dependen del grado k), y la recuperación de un agente, que sucede de acuerdo a variables exponenciales de parámetro γ .

Para que un agente que comenzó susceptible con grado k , siga en ese estado a tiempo t no tendría que haber sido contagiado por ninguno de sus k vecinos, cuya probabilidad es α_t^k , ni haberse vacunado, lo que sucede con proba $\theta_t^{\xi(k)}$,

siguiendo las Definiciones 3.2. Como la vacunación es independiente del proceso de contagios, la probabilidad de seguir susceptible será el producto de estas dos expresiones, y sumando sobre todos los posibles grados obtenemos la primer ecuación en (3.3).

En la segunda ecuación, la primera integral se corresponde con los individuos que se recuperan y dejan de contarse en μ^{IS} ; la segunda con la adición de una infectade: rkp^I es la tasa de infección para una susceptible de grado k , y el término multinomial indica cómo sortear los vecinos que se conectarán con la nueva infectade, de acuerdo con las probabilidades de las aristas. Las tercera y cuarta integrales, corresponden con la infección o vacunación de los vecinos de quien acaba de infectarse, cuyos grados se distribuyen según la distribución *size biased* $\frac{j\mu_s^{IS}(j)}{N_s^{IS}}$, y la cantidad de aristas conectando con susceptibles decrece en uno en ambos eventos.

Si tomamos $f(k) = \mathbb{1}_i(k)$ en (3.3) obtenemos un sistema contable de ecuaciones diferenciales ordinarias que permiten describir la propagación de la infección en término de las medidas:

$$\left\{ \begin{array}{l}
\mu_t^S(i) = \mu_0^S(i) \alpha_t^i \theta_t^{\xi(i)} \\
\mu_t^{IS}(i) = \mu_0^{IS}(i) - \int_0^t \gamma \mu_s^{IS}(i) ds + \int_0^t r p_s^I \\
\quad \times \sum_{j,l,m} (i+j+l+m+1) \binom{i+j+l+m+1}{i,j,l,m} \\
\quad \times (p_s^S)^i (p_s^I)^j (p_s^R)^l (p_s^V)^m \mu_s^S(i+j+l+m+1) ds \\
\quad + \int_0^t (r p_s^I \langle \mu_s^S, \chi \rangle + r (p_s^I)^2 \langle \mu_s^S, \chi^2 - \chi \rangle + p_s^I \langle \mu_s^S \pi_s, \chi \rangle) \\
\quad \times \left(\frac{(i+1) \mu_s^{IS}(i+1) - i \mu_s^{IS}(i)}{\langle \mu_s^{IS}, \chi \rangle} \right) ds \\
\mu_t^{RS}(i) = \mu_0^{RS}(i) + \int_0^t \gamma \mu_s^{IS}(i) ds + \int_0^t (r p_s^I p_s^R \langle \mu_s^S, \chi^2 - \chi \rangle + p_s^R \langle \mu_s^S \pi_s, \chi \rangle) \\
\quad \times \left(\frac{(i+1) \mu_s^{RS}(i+1) - i \mu_s^{RS}(i)}{\langle \mu_s^{RS}, \chi \rangle} \right) ds \\
\mu_t^{VS}(i) = \mu_0^{VS}(i) + \int_0^t \sum_{j,l,m} \pi_s(i+j+l+m) \binom{i+j+l+m}{i,j,l,m} \\
\quad \times (p_s^S)^i (p_s^I)^j (p_s^R)^l (p_s^V)^m \mu_s^S(i+j+l+m) ds \\
\quad + \int_0^t (r p_s^I p_s^V \langle \mu_s^S, \chi^2 - \chi \rangle + p_s^V \langle \mu_s^S \pi_s, \chi \rangle) \\
\quad \times \left(\frac{(i+1) \mu_s^{VS}(i+1) - i \mu_s^{VS}(i)}{\langle \mu_s^{VS}, \chi \rangle} \right) ds.
\end{array} \right.$$

3.3. Demostraciones y descripción formal

En esta Sección describimos el contexto teórico para las demostraciones y los métodos de modelado. Primero introducimos las ecuaciones diferenciales estocásticas que definen el proceso y luego explicamos el escalamiento que debemos tomar para obtener el resultado de límite fluido. Utilizamos una estrategia de tensión-unicidad para probar la convergencia y caracterizamos el límite gracias a una representación de martingala como discutimos en el primer capítulo.

3.3.1. Medidas Puntuales de Poisson y Ecuaciones Diferenciales Estocásticas

Podemos observar tres eventos: una infección, una recuperación o una vacunación. Debemos primero identificar las tasas con las que sucede cada uno de ellos y luego describir cómo deben actualizarse las medidas μ en cada caso.

Supongamos que dicho evento ocurre a tiempo T y analicemos primero el caso de una infección. Para esto es conveniente considerar:

$$\lambda_{T-}(k) = rk \frac{N_{T-}^{IS}}{N_{T-}^S}, \quad (3.4)$$

la tasa con la que se infecta un individuo de grado k a tiempo T . Éste tendrá sus semiaristas conectadas de acuerdo con las cantidades μ_T y distribuidas siguiendo una distribución hipergeométrica multivariada. Denotamos:

$$p_{T-}(j, l, m \mid k-1) = \frac{\binom{N_{T-}^{IS}-1}{j-1} \binom{N_{T-}^{RS}}{l} \binom{N_{T-}^{VS}}{m} \binom{N_{T-}^S - N_{T-}^{RS} - N_{T-}^{IS} - N_{T-}^{VS}}{k-1-j-l-m}}{\binom{N_{T-}^S-1}{k-1}}. \quad (3.5)$$

Así, dados k, j, l y m , debemos actualizar μ_T eligiendo les agentes infectados, recuperados y vacunados que van a conectarse con el nuevo infectado. Para eso, sorteamos tres vectores $u = (u_1, \dots, u_{I_{T-}})$, $v = (v_1, \dots, v_{R_{T-}})$, y $w = (w_1, \dots, w_{V_{T-}})$ indicando cuántos links tiene cada agente en estado I, R o V con el recién infectado. Consideramos $\mathcal{U} = \bigcup_{n \in \mathbb{N}} (\mathbb{N}_0)^n$ y para cada $\mu \in \mathcal{M}(\mathbb{N}_0)$ y $n \in \mathbb{N}$ definimos:

$$\mathcal{U} \supseteq \mathcal{U}(\mu, n) := \left\{ u = (u_1, \dots, u_{\langle \mu, \mathbb{1} \rangle}) : \sum_{i=1}^{\langle \mu, \mathbb{1} \rangle} u_i = n \text{ and } u_i \leq \zeta_i(\mu) \right\},$$

donde $\zeta_i(\mu) := F_\mu^{-1}(i)$ es el grado según μ del i -ésimo nodo. Análogamente, definimos $v, w \in \mathcal{U}$ pero dependiendo de las medidas μ_T^{RS} y μ_T^{VS} .

Luego, el número de aristas de tipo IS, RS o VS viene dado, respectivamente, por:

$$\begin{aligned} \rho(u \mid j+1, \mu_{T-}^{IS}) &= \frac{\prod_{i=1}^{I_{T-}} \binom{\zeta_i(\mu_{T-}^{IS})}{u_i}}{\binom{N_{T-}^{IS}}{j+1}} \mathbf{1}_{u \in \mathcal{U}(\mu_{T-}^{IS}, j+1)}, \\ \rho(v \mid l, \mu_{T-}^{RS}) &= \frac{\prod_{i=1}^{R_{T-}} \binom{\zeta_i(\mu_{T-}^{RS})}{v_i}}{\binom{N_{T-}^{RS}}{l}} \mathbf{1}_{v \in \mathcal{U}(\mu_{T-}^{RS}, l)}, \\ \rho(w \mid m, \mu_{T-}^{VS}) &= \frac{\prod_{i=1}^{V_{T-}} \binom{\zeta_i(\mu_{T-}^{VS})}{w_i}}{\binom{N_{T-}^{VS}}{m}} \mathbf{1}_{w \in \mathcal{U}(\mu_{T-}^{VS}, m)}. \end{aligned} \quad (3.6)$$

Si definimos

$$D(t, u, \mu) = \sum_{i=1}^{\langle \mu_t, \mathbb{1} \rangle} \delta_{\zeta_i(\mu_t) - u_i} - \delta_{\zeta_i(\mu_t)}$$

y

$$D_f(t, u, \mu) = \sum_{i=1}^{\langle \mu_t, \mathbb{1} \rangle} f(\zeta_i(\mu_t) - u_i) - f(\zeta_i(\mu_t)),$$

entonces, utilizando la notación Δ del segundo capítulo, las medidas deben actualizarse del siguiente modo:

$$\begin{aligned} \mu_T^S &= \mu_{T-}^S - \delta_k = \mu_{T-}^S + \Delta_1^S(T-), \\ \mu_T^{IS} &= \mu_{T-}^{IS} + \delta_{k-(j+l+m+1)} + D(T, u, \mu^{IS}) = \mu_{T-}^{IS} + \Delta_1^{IS}(T-), \\ \mu_T^{RS} &= \mu_{T-}^{RS} + D(T, v, \mu^{RS}) = \mu_{T-}^{RS} + \Delta_1^{RS}(T-), \\ \mu_T^{VS} &= \mu_{T-}^{VS} + D(T, w, \mu^{VS}) = \mu_{T-}^{VS} + \Delta_1^{VS}(T-). \end{aligned} \quad (3.7)$$

Si el evento es una recuperación, elegimos de manera uniforme una infectada i (con probabilidad $1/I_{T-}$) y hacemos:

$$\begin{aligned} \mu_T^{IS} &= \mu_{T-}^{IS} - \delta_{\zeta_i(\mu_{T-}^{IS})} = \mu_{T-}^{VS} + \Delta_2^{IS}(T-), \\ \mu_T^{RS} &= \mu_{T-}^{RS} + \delta_{\zeta_i(\mu_{T-}^{IS})} = \mu_{T-}^{RS} + \Delta_2^{RS}(T-). \end{aligned} \quad (3.8)$$

El último evento es una vacunación, que sucede a tasa $\sum_{k \in \mathbb{N}} \pi_t(k) \mu_t^S(k)$. Remarcamos la dependencia en el grado del nodo. Más precisamente, la probabilidad de que le nueva vacunado tenga grado k es $\frac{\xi(k) \mu_{T-}^S(k)}{N_{T-}^S}$. Una vez sorteado, y suponiendo que su grado es k , actualizamos las medidas como sigue:

$$\begin{aligned} \mu_T^S &= \mu_{T-}^S - \delta_k =: \mu_{T-}^S + \Delta_3^S(T-), \\ \mu_T^{IS} &= \mu_{T-}^{IS} + D(T, u, \mu^{IS}) =: \mu_{T-}^{IS} + \Delta_3^{IS}(T-), \\ \mu_T^{RS} &= \mu_{T-}^{RS} + D(T, v, \mu^{RS}) =: \mu_{T-}^{RS} + \Delta_3^{RS}(T-), \\ \mu_T^{VS} &= \mu_{T-}^{VS} + \delta_{k-(j+l+m)} + D(T, w, \mu^{VS}) =: \mu_{T-}^{VS} + \Delta_3^{VS}(T-). \end{aligned} \quad (3.9)$$

Siguiendo las ideas que introdujimos en el primer capítulo, definimos las Medidas Puntuales de Poisson (MPP) con las que describimos el proceso estocástico $(\mu_t)_{t \geq 0}$ sobre $\mathcal{M}_F(\mathbb{N}_0^4)$.

La primer MPP nos provee del posible instante en el que sucede una infección. Definimos $dN_1(s, k, \theta_1, j, l, m, \theta_2, u, \theta_3, v, \theta_4, w, \theta_5)$ como una medida

producto en $\mathbb{R}_+ \times E_1$ con $E_1 = \mathbb{N}_0 \times \mathbb{R}_+ \times (\mathbb{N}_0)^3 \times \mathbb{R} \times (\mathcal{U} \times \mathbb{R}_+)^3$, donde ds y $d\theta$ son medidas de Lebesgue, y dn son medidas de contar en \mathbb{N}_0 o \mathcal{U} , según corresponda.

Le infectade, que suponemos de grado k , será conectade con j infectades, l recuperades y m vacunades, sorteades de acuerdo con u, v y w como explicamos antes.

También definimos $dN_2(s, i)$ sobre $E_2 = \mathbb{R}_+ \times \mathbb{N}$, una MPP de intensidad γ para el proceso de recuperaciones. Esto es, para cada punto de la medida asociamos un posible tiempo de recuperación s y el número identificador i de le nueve recuperade.

La última PPM, $dN_3(s, k, \theta_1, j, l, m, \theta_2, u, \theta_3, v, \theta_4, w, \theta_5)$ es definida sobre $\mathbb{R}_+ \times E_3$ donde $E_3 = E_1$, y es muy similar a la primera. Asigna una masa a cada posible tiempo s donde un agente recién vacunade se conecta con j infectades, l recuperades y m vacunades, sorteades de acuerdo con u, v y w .

En todos los casos, las variables auxiliares θ son utilizadas para describir las tasas con las que suceden los eventos en la descripción integral que planteamos.

Para simplificar la notación, no escribiremos la dependencia de las funciones en las variables. Finalmente, consideramos las siguientes funciones indicadoras que describen las tasas de saltos.

$$\begin{aligned}
I_1 &= I_1(s, k, \theta_1, j, l, m, \theta_2, u, \theta_3, v, \theta_4, w, \theta_5) \\
&= \mathbb{1}_{\theta_1 \leq \lambda_{s-}(k) \mu_{s-}^S(k)} \mathbb{1}_{\theta_2 \leq p_{s-}(j, l, m | k-1)} \mathbb{1}_{\theta_3 \leq \rho(u | j+1, \mu_{s-}^{IS})} \\
&\quad \mathbb{1}_{\theta_4 \leq \rho(v | l, \mu_{s-}^{RS})} \mathbb{1}_{\theta_5 \leq \rho(w | m, \mu_{s-}^{VS})}, \\
I_2 &= I_2(s, i) = \mathbb{1}_{i \leq I_{s-}}, \\
I_3 &= I_3(s, k, \theta_1, j, l, m, \theta_2, u, \theta_3, v, \theta_4, w, \theta_5) \\
&= \mathbb{1}_{\theta_1 \leq \pi_{s-}(k) \mu_{s-}^S(k)} \mathbb{1}_{\theta_2 \leq p_{s-}(j, l, m | k)} \mathbb{1}_{\theta_3 \leq \rho(u | j, \mu_{s-}^{IS})} \\
&\quad \mathbb{1}_{\theta_4 \leq \rho(v | l, \mu_{s-}^{RS})} \mathbb{1}_{\theta_5 \leq \rho(w | m, \mu_{s-}^{VS})}.
\end{aligned} \tag{3.10}$$

Dado que μ es un vector de medidas, podemos pensar que la evolución, por ejemplo para su segunda coordenada se escribe como sigue:

$$\mu_t^{IS} = \mu_0^{IS} + \int_0^t \sum_{k=1}^3 \int_{E_k} \Delta_k^{IS}(s) I_k dN_k ds. \tag{3.11}$$

Haciendo lo mismo con las cuatro coordenadas, podemos escribir el siguiente sistema de Ecuaciones Diferenciales Estocásticas:

$$\mu_t = \mu_0 + \int_0^t \sum_{k=1}^3 \int_{E_k} \Delta_k(s) I_k dN_k ds. \tag{3.12}$$

Proposición 10. *Dadas $\mu_0 = (\mu_0^S, \mu_0^{IS}, \mu_0^{RS}, \mu_0^{VS})$ y N_1, N_2, N_3 , existe una única solución fuerte del sistema (3.12) en el espacio de Skorokhod $\mathcal{D}(\mathbb{R}_+, (\mathcal{M})^4)$.*

Demostración. La demostración es una versión mucho más simple que la de los resultados equivalentes en otros capítulos. Ésta vez, la masa total de μ está acotada por la esperanza de $\mu_0^S + \mu_0^{IS} + \mu_0^{RS} + \mu_0^{VS}$, cuyos soportes son acotados sobre los enteros positivos. Referimos a le lector a las demostraciones de los Teoremas 1 y 18, por las ideas completas y bien desarrolladas. \square

3.3.2. Renormalización del proceso

Observamos que, como la cantidad de aristas en el grafo es proporcional a la cantidad de agentes, n , y el proceso de contagio depende de la cantidad de aristas IS, entonces el orden adecuado para el escalamiento es n . Una vez tomada esta renormalización, probaremos la convergencia de la solución para el caso finito a la solución del sistema (3.12), en el sentido débil del espacio de Skorokhod [65].

Consideremos la sucesión de medidas indexadas por $n \in \mathbb{N}$, $\mu^n = (\mu^{n,S}, \mu^{n,IS}, \mu^{n,RS}, \mu^{n,VS})$ satisfaciendo (3.12) para cada n , con condiciones iniciales $\mu_0 = (\mu_0^{n,S}, \mu_0^{n,IS}, \mu_0^{n,RS}, \mu_0^{n,VS})$. Le asociamos las cantidades S_t^n, I_t^n, R_t^n y V_t^n de individuos en cada compartimento a tiempo t . Para describir el proceso será útil considerar también $\mathcal{S}_t^n, \mathcal{I}_t^n, \mathcal{R}_t^n, \mathcal{V}_t^n$ los conjuntos que contienen a esos individuos (nodos).

Tomamos el escalamiento

$$\mu_t^{(n)} = \frac{1}{n} \mu_t^n \text{ para cada } t \leq 0.$$

Notamos

$$N_t^{(n),S} = \langle \mu_t^{(n),S}, \chi \rangle \text{ y } S_t^{(n)} = \langle \mu_t^{(n),S}, \mathbf{1} \rangle$$

y, respectivamente, $N_t^{(n),IS}, N_t^{(n),RS}, N_t^{(n),VS}, I_t^{(n)}, R_t^{(n)}$ y $V_t^{(n)}$.

Además, reescalamos las tasas y las funciones indicadoras que las describen con el mismo factor: $\lambda_t^n(k) = rk \frac{N_t^{n,IS}}{N_t^{n,S}}$,

$$y p_t^n(j, l, m \mid k-1) = \frac{\binom{N_t^{n,IS}-1}{j-1} \binom{N_t^{n,RS}}{l} \binom{N_t^{n,VS}}{m} \binom{N_t^{n,S}-N_t^{n,RS}-N_t^{n,IS}-N_t^{n,VS}}{k-1-j-l-m}}{\binom{N_t^{n,S}-1}{k-1}},$$

$$\begin{aligned} I_1^{(n)} &= I_1^{(n)}(s, k, \theta_1, j, l, m, \theta_2, u, \theta_3, v, \theta_4, w, \theta_5) \\ &= \mathbb{1}_{\theta_1 \leq \lambda_{s-}^n(k) n \mu_{s-}^{(n),S}(k)} \mathbb{1}_{\theta_2 \leq p_{s-}^n(j, l, m \mid k-1)} \mathbb{1}_{\theta_3 \leq \rho(u \mid j+1, n \mu_{s-}^{(n),IS})} \\ &\quad \mathbb{1}_{\theta_4 \leq \rho(v \mid l, n \mu_{s-}^{(n),RS})} \mathbb{1}_{\theta_5 \leq \rho(w \mid m, n \mu_{s-}^{(n),VS})}, \\ I_2^{(n)} &= I_2^{(n)}(s, i) = \mathbb{1}_{i \leq I_{s-}^n}, \\ I_3^{(n)} &= I_3^{(n)}(s, k, \theta_1, j, l, m, \theta_2, u, \theta_3, v, \theta_4, w, \theta_5) \\ &= \mathbb{1}_{\theta_1 \leq \pi_{s-}(k) \mu_{s-}^S(k)} \mathbb{1}_{\theta_2 \leq p_{s-}^n(j, l, m \mid k)} \mathbb{1}_{\theta_3 \leq \rho(u \mid j, n \mu_{s-}^{(n),IS})} \\ &\quad \mathbb{1}_{\theta_4 \leq \rho(v \mid l, n \mu_{s-}^{(n),RS})} \mathbb{1}_{\theta_5 \leq \rho(w \mid m, n \mu_{s-}^{(n),VS})}. \end{aligned}$$

Suponemos que la sucesión de condiciones iniciales converge en $\mathcal{M}_F(\mathbb{N}_0^4)$ con la topología débil a $\mu_0^S, \mu_0^{IS}, \mu_0^{RS}$ y μ_0^{VS} cuando n tiende a infinito.

Obtenemos así el sistema renormalizado:

$$\mu_t^{(n)} = \mu_0^{(n)} + \frac{1}{n} \int_0^t \sum_{k=1}^3 \int_{E_k} \Delta_k^{(n)}(s) I_k^{(n)} dN_k ds. \quad (3.13)$$

Para relajar la notación definimos:

$$\Lambda_t = \sum_{k \in \mathbb{N}} \lambda_t^{(n)}(k) \mu_t^{(n),S}(k) \sum_{j+l+m \leq k-1} p_t^n(j, l, m \mid k-1) \sum_{u \in \mathcal{U}} \rho(u \mid j+1, \mu_t^{(n),IS})$$

y

$$\Pi_t = \sum_{k \in \mathbb{N}} \pi_t(k) \mu_t^{(n),S}(k) \sum_{j+l+m \leq k} p_t^n(j, l, m \mid k) \sum_{u \in \mathcal{U}} \rho(u \mid j, \mu_t^{(n),IS}),$$

para enunciar el siguiente resultado sobre la descomposición de semimartingala del proceso:

Proposición 11. *Para cada $f \in \mathcal{B}_b(\mathbb{N})$ y $t \geq 0$ tenemos la descomposición*

$$\langle \mu_t^{(n),IS}, f \rangle = \sum_{k \in \mathbb{N}} f(k) \mu_0^{(n),IS}(k) + A_t^{(n),IS,f} + M_t^{(n),IS,f},$$

donde la parte de variación finita viene dada por:

$$\begin{aligned} A_t^{(n),IS,f} &= \int_0^t \Lambda_s (f(k - (j + l + m + 1)) + D_f(s, u, \mu^{IS})) ds \\ &\quad - \int_0^t \gamma \langle \mu_s^{(n),IS}, f \rangle ds + \int_0^t \Pi_s D_f(s, u, \mu^{IS}) ds, \end{aligned} \quad (3.14)$$

y la martingala asociada es cuadrado-integrable con variación cuadrática:

$$\begin{aligned} \langle M^{(n),IS,f} \rangle_t &= \frac{1}{n} \int_0^t \Lambda_s (f(k - (j + l + m + 1)) + D_f(s, u, \mu^{IS}))^2 ds \\ &\quad + \frac{1}{n} \int_0^t \gamma \langle \mu_s^{(n),IS}, f^2 \rangle ds + \frac{1}{n} \int_0^t \Pi_s (D_f(s, u, \mu^{IS}))^2 ds. \end{aligned}$$

Demostración. (Idea) La demostración sigue los pasos de la demostración del Teorema 5. Primero calculamos el generador infinitesimal \mathcal{L} del proceso, y escribimos la fórmula de Itô con $\phi = \langle \mu, f \rangle$ y ϕ^2 . Luego aplicamos la fórmula de integración por partes 2.8, e identificando las martingalas en ambas expresiones, reordenamos los términos para obtener la variación cuadrática. \square

Estamos en condiciones de demostrar el resultado de límite fluido:

Prueba del Teorema 9. La prueba se divide en cinco pasos. El primero consiste en la tensión del proceso renormalizado, apelando a varios criterios de convergencia en el espacio Skorokhod. El segundo paso es la unicidad de la solución. El tercer paso es la prueba de que el proceso renormalizado satisface asintóticamente el sistema determinístico (3.3), mostrando que el límite es una buena aproximación para grandes poblaciones. En el paso 4 demostramos que el límite efectivamente satisface esta ecuación. Esto se hace para la medida sobre aristas IS siendo que las otras se prueban de manera similar o más simple. En el paso 5 probamos la convergencia de las otras medidas utilizando resultados de solución para una ecuación de transporte.

Consideremos, para todos los $\varepsilon \leq 0$ y $A > 0$, los subconjuntos cerrados de $\mathcal{M} = \mathcal{M}_F(\mathbb{N}_0^4)$,

$$\mathcal{M}_{\varepsilon,A} = \{\mu \in \mathcal{M} : \langle \mu, 1 + \chi^5 \rangle \leq A \text{ y } \langle \mu, \chi \rangle \geq \varepsilon\},$$

y $\mathcal{M}_{0+,A} = \bigcup_{\varepsilon > 0} \mathcal{M}_{\varepsilon,A}$. Algunas propiedades topológicas útiles pueden encontrarse en el Apéndice.

Suponemos que $\mu_0^{(n)}$ converge a μ_0 y que $\mu_0^{(n)} \in \mathcal{M}_{0+,A}^4$ para todo n , con $\langle \mu_0^{IS}, \chi \rangle > 0$.

También suponemos que $\langle \pi_t \mu_t, 1 \rangle \leq \nu \sum_k \mu_0^S(k) \xi(k) < C \langle \mu_0^S, \chi^j \rangle$ para $j = 3$ solo para satisfacer las hipótesis de quinto momento finito, aunque podríamos cambiarlo por $j + 2$ -ésimo momento si fuese necesario, implicando condiciones más restrictivas pero derivando igualmente el resultado con los cambios adecuados.

Para probar el resultado, como $\lim_{\varepsilon' \rightarrow 0} t_{\varepsilon'} = \infty$, es suficiente probarlo en $\mathcal{D}([0, t_{\varepsilon'}], \mathcal{M}_{0+,A}^4)$ para ε' suficientemente pequeño. De aquí en adelante, tomamos $0 < \varepsilon < \varepsilon' < \langle \mu_0^{IS}, \chi \rangle$.

Step 1: Tensión de la renormalización. Tomemos $(\mu^{(n)})_{n \in \mathbb{N}}$, $t \in \mathbb{R}_{>0}$ y $n \in \mathbb{N}$. Por hipótesis, tenemos que:

$$\begin{aligned} \langle \mu_t^{(n),S}, 1 + \chi^5 \rangle + \langle \mu_t^{(n),IS}, 1 + \chi^5 \rangle + \langle \mu_t^{(n),RS}, 1 + \chi^5 \rangle + \langle \mu_t^{(n),VS}, 1 + \chi^5 \rangle \leq \\ \leq \langle \mu_0^{(n),S}, 1 + \chi^5 \rangle + \langle \mu_0^{(n),IS}, 1 + \chi^5 \rangle \leq 2A \end{aligned} \quad (3.15)$$

Esto implica que la sucesión $\mu_t^{(n)}$ es tensa para cada t . Por el criterio de convergencia para procesos a valores en medidas propuesto por Roelly [25], debemos probar que, para cada función test $f \in \mathcal{B}_b(\mathbb{N})$, $(\langle \mu^n, f \rangle)_{n \in \mathbb{N}}$ cumple la propiedad de tensión en $\mathcal{D}(\mathbb{R}_{>0}, \mathbb{R}^4)$.

Como anunciamos anteriormente, prestamos aquí sólo los cálculos para la coordenada IS dado que las otras son similares o más simples. A partir de la descomposición en semimartingala de la Proposición anterior, debemos probar que tanto la parte de variación finita como la variación cuadrática satisfacen el criterio de Aldous [26]. Queremos probar que, para todo $\theta > 0$ y $\eta > 0$, existe $n_0 \in \mathbb{N}$ y $\delta > 0$, tales que, para todo $n > n_0$ y para todo par de tiempos de parada S_n y T_n vale que:

$$P(|A_{T_n}^{(n),IS,f} - A_{S_n}^{(n),IS,f}| > \eta) \leq \theta, \quad (3.16)$$

$$P(|\langle M^{(n),IS,f} \rangle_{T_n} - \langle M^{(n),IS,f} \rangle_{S_n}| > \eta) \leq \theta. \quad (3.17)$$

Para la condición de la parte de variación finita (3.16), tomamos la siguiente cota:

$$\begin{aligned} \mathbb{E} \left[|A_{T_n}^{(n),IS,f} - A_{S_n}^{(n),IS,f}| \right] &\leq \mathbb{E} \left[\int_{S_n}^{T_n} \gamma \|f\|_\infty \langle \mu_s^{(n),IS}, \mathbf{1} \rangle ds \right] \\ &+ \mathbb{E} \left[\int_{S_n}^{T_n} \sum_{k \in \mathbb{N}} \lambda_s^n(k) \mu_s^{(n),S}(k) \sum_{j+l+m \leq k-1} p_s^n(j, l, m | k-1) (2j+1) \|f\|_\infty ds \right] \\ &+ \mathbb{E} \left[\int_{S_n}^{T_n} \sum_{k \in \mathbb{N}} \pi_s^n(k) \mu_s^{(n),S}(k) \sum_{j+l+m \leq k} p_s^n(j, l, m | k-1) 2j \|f\|_\infty ds \right]. \end{aligned}$$

Observemos que $\sum_{j+l+m \leq k} p_s^n(j, l, m | k-1) 2j \leq 2k$ porque es dos veces el número medio de aristas que conectan un susceptible de grado k con los infectados. Luego, usando las definiciones de λ^n , π y p tenemos que:

$$\begin{aligned} \mathbb{E} \left[|A_{T_n}^{(n),IS,f} - A_{S_n}^{(n),IS,f}| \right] &\leq \delta \mathbb{E} \gamma \|f\|_\infty (S_0^{(n)} + I_0^{(n)}) \\ &+ r \|f\|_\infty \langle \mu_0^{(n),S}, 2\chi^2 + 3\chi \rangle + \nu \|f\|_\infty \langle \mu_0^{(n),S}, 2\chi^2 \rangle < \end{aligned} \quad (3.18)$$

Y aplicando la desigualdad de Markov:

$$P(|A_{T_n}^{(n),IS,f} - A_{S_n}^{(n),IS,f}| > \eta) \leq \frac{(2\gamma + 5r + 2\nu)\|f\|_\infty \delta A}{\eta},$$

que es menor que θ si δ es suficientemente pequeño.

Acotamos la variación cuadrática de la martingala de manera similar:

$$\begin{aligned} \mathbb{E} [|\langle M^{(n),IS,f} \rangle_{T_n} - \langle M^{(n),IS,f} \rangle_{S_n}|] &\leq \mathbb{E} \left[\frac{\delta\gamma \|f\|_\infty^2 (S_0^{(n)} + I_0^{(n)})}{n} \right] \\ &+ \mathbb{E} \left[\frac{\delta r \|f\|_\infty^2 \langle \mu_0^{(n),S}, \chi(2\chi + 3)^2 \rangle}{n} \right] \\ &+ \mathbb{E} \left[\frac{\delta\nu \|f\|_\infty^2 \langle \mu_0^{(n),S}, \chi^3 \rangle}{n} \right] \\ &\leq \frac{(25r + 2\gamma + \nu)\delta \|f\|_\infty^2 A}{n}, \end{aligned}$$

y de nuevo aplicando Markov, tenemos que se satisface la condición (3.17), luego estamos en las hipótesis del criterio de Aldous-Rebolledo. Hemos probado tensión en $\mathcal{D}(\mathbb{R}_+, \mathcal{M}_{0,4}^4)$ concluyendo el primer paso.

Antes de probar la unicidad de la solución, observemos que, por el Paso 1 y el Teorema de Prohorov, las leyes de $\mu^{(n)}$ para $n \in \mathbb{N}$ forman una familia de medidas acotadas, siendo un conjunto precompacto en $\mathcal{D}(\mathbb{R}_+, \mathcal{M}_{0,4}^4)$. Luego, también lo son las de los procesos parados $(\mu_{\cdot \wedge \tau_\varepsilon}^{(n)})_{n \in \mathbb{N}}$. Denotemos μ al límite en $\mathcal{C}(\mathbb{R}_+, \mathcal{M}_{0,4}^4)$ de esta secuencia de procesos parados y sea $(\mu^{(n)})_{n \in \mathbb{N}}$ una subsucesión que converge a μ . Como éste límite es continuo, la convergencia en realidad es uniforme sobre conjuntos compactos de los reales positivos.

Nos será útil definir, para cada $t \in \mathbb{R}_+$ y $f \in \mathcal{C}_b(\mathbb{N})$ las aplicaciones

$$\Psi_t^{S,f}, \Psi_t^{IS,f}, \Psi_t^{RS,f}, \Psi_t^{VS,f} : \mathcal{D}(\mathbb{R}_+, \mathcal{M}_{0,A}^4) \rightarrow \mathcal{D}(\mathbb{R}_+, \mathbb{R})$$

tales que (3.3) puede leerse como:

$$(\langle \mu_t^S, f \rangle, \langle \mu_t^{IS}, f \rangle, \langle \mu_t^{RS}, f \rangle, \langle \mu_t^{VS}, f \rangle) = (\Psi_t^{S,f}(\mu), \Psi_t^{IS,f}(\mu), \Psi_t^{RS,f}(\mu), \Psi_t^{VS,f}(\mu)) \quad (3.19)$$

Step 2: Unicidad de la solución en $\mathcal{C}(\mathbb{R}_+, \mathcal{M}_{0,4} \times \mathcal{M}_{0+,4} \times \mathcal{M}_{0,4} \times \mathcal{M}_{0,4})$.

El segundo paso entonces consiste en probar que los valores límites son en realidad la única solución de (3.3). La estrategia será probar que la medida

total y los primeros dos momentos de dos soluciones son iguales, para luego probar que la función generadora de estas medidas satisface una ecuación en derivadas parciales que tiene solución única en un sentido débil.

Debido a la extensión por regularidad, es suficiente probar la unicidad en $\mathcal{C}([0, T], \mathcal{M}_{0,4} \times \mathcal{M}_{\varepsilon,4} \times \mathcal{M}_{0,4} \times \mathcal{M}_{0,4})$ para todos los $\varepsilon, T > 0$.

Tomemos $\mu^i = (\mu^{S,i}, \mu^{IS,i}, \mu^{RS,i}, \mu^{VS,i})$ para $i = 1, 2$ dos soluciones de (3.3) en este espacio con las mismas condiciones iniciales y definamos:

$$\begin{aligned} \Upsilon_t = & \sum_{j=0}^3 |\langle \mu_t^{S,1}, \chi^j \rangle - \langle \mu_t^{S,2}, \chi^j \rangle| \\ & + \sum_{j=0}^2 \left(|\langle \mu_t^{IS,1}, \chi^j \rangle - \langle \mu_t^{IS,2}, \chi^j \rangle| + |\langle \mu_t^{RS,1}, \chi^j \rangle - \langle \mu_t^{RS,2}, \chi^j \rangle| + \right. \\ & \left. + |\langle \mu_t^{VS,1}, \chi^j \rangle - \langle \mu_t^{VS,2}, \chi^j \rangle| \right) \end{aligned} \quad (3.20)$$

Observemos que, para todo $t \in [0, T)$ y $i = 1, 2$, se tiene que $N_t^{S,i} \geq N_t^{IS,i} > \varepsilon$ y por lo tanto:

$$|p_t^{I,1} - p_t^{I,2}| \leq \frac{A}{\varepsilon^2} |\langle \mu_t^{S,1}, \chi \rangle - \langle \mu_t^{S,2}, \chi \rangle| + \frac{1}{\varepsilon} |\langle \mu_t^{IS,1}, \chi \rangle - \langle \mu_t^{IS,2}, \chi \rangle| \leq \frac{A}{\varepsilon^2} \Upsilon_t. \quad (3.21)$$

Análogamente, vale una cota similar para $|p_t^{I,1} - p_t^{I,2}|$.

Como μ^i son soluciones de (3.3), tenemos, para $j = 0, \dots, 3$ y tomando $f = \chi^j$:

$$\begin{aligned} |\langle \mu_t^{S,1}, \chi^j \rangle - \langle \mu_t^{S,2}, \chi^j \rangle| &= \left| \sum_{k \in \mathbb{N}} \mu_0^S k^j (\alpha_t^1 - \alpha_t^2) \right| \\ &\leq r\nu \sum_{k \in \mathbb{N}} k^j \mu_0^S \int_0^t |p_s^{I,1} - p_s^{I,2}| ds \leq r\nu \frac{A^2}{\varepsilon^2} \int_0^t \Upsilon_s ds. \end{aligned} \quad (3.22)$$

Podemos reproducir cálculos similares para las otras cantidades:

$$\Upsilon_t \leq C(r, \gamma, \nu, A, \varepsilon) \int_0^t \Upsilon_s ds.$$

Con esto, Υ satisface una desigualdad de tipo Gronwall, implicando que es idénticamente cero para todo $t \leq T$. Luego, para todo $t < T$, $j = 1, 2, 3$, tenemos:

$$\langle \mu_t^{S,1}, \chi^j \rangle = \langle \mu_t^{S,2}, \chi^j \rangle, \langle \mu_t^{IS,1}, \chi^j \rangle = \langle \mu_t^{IS,2}, \chi^j \rangle \text{ y } \langle \mu_t^{RS,1}, \chi^j \rangle = \langle \mu_t^{RS,2}, \chi^j \rangle. \quad (3.23)$$

Esto implica que $p_t^{S,1} = p_t^{S,2}$, $p_t^{IS,1} = p_t^{IS,2}$, $p_t^{RS,1} = p_t^{RS,2}$ y $p_t^{VS,1} = p_t^{VS,2}$. De la primera ecuación en (3.3) y apelando a la regularidad de las soluciones, tenemos unicidad casi seguramente para μ^S .

Resta probar la unicidad para las otras 3 medidas. El método que utilizaremos para probar que $\mu^{IS,1} = \mu^{IS,2}$ puede ser usado para el resto.

Consideramos las funciones generadoras:

$$\mathcal{G}_t^i(\eta) = \sum_{k \geq 0} \eta^k \mu_t^{IS,i}(k),$$

para todo $t \in \mathbb{R}_+$, $i = 1, 2$ y $\eta \in [0, 1)$.

Definamos además:

$$H(t, \eta) = \int_0^t \sum_{k \in \mathbb{N}} r p_s^{I,i} k \sum_{\substack{\iota, j, l, m \\ \iota + j + l + m = k - 1}} \binom{k-1}{\iota, j, l, m} (p_s^S)^\iota (p_s^I)^j (p_s^R)^l (p_s^V)^m \mu_s^S(k) \eta^t ds$$

y

$$K_t = \sum_{k \in \mathbb{N}} [rk p_t^I (1 + (k-1)p_t^I) + \pi_t(k) k p_t^I] \frac{\mu_t^S(k)}{N_t^{IS}}.$$

Usando $f(k) = \eta^k$ en la segunda ecuación de (3.3), después de algunos cálculos básicos obtenemos:

$$\mathcal{G}_t^i(\eta) = \mathcal{G}_0^i(\eta) + H(t, \eta) + \int_0^t K_s (1 - \eta) \partial_\eta \mathcal{G}_s^i(\eta) - \gamma \mathcal{G}_s^i(\eta) ds.$$

Ahora, $H(t, \eta)$ es continuamente diferenciable con respecto a t y está bien definida y acotada en $[0, T]$; y K_t es continua a trozos en L^1 y también está bien definida y acotada en $[0, T]$. Más aún, tanto H como K no dependen de la solución que tomemos, porque ya sabemos que $\mu^{S,1} = \mu^{S,2}$ y $p^{I,1} = p^{I,2}$. Por lo tanto, las aplicaciones que mandan $t \rightarrow \tilde{\mathcal{G}}_t^i(\eta) := \mathcal{G}_t^i(\eta) e^{\gamma t}$ para $i \in \{1, 2\}$ son soluciones de la ecuación

$$\partial_t G(t, \eta) - (1 - \eta) K_t \partial_\eta G(t, \eta) = \partial_t H(t, \eta) e^{\gamma t}.$$

Considerando la regularidad de H y K es sabido que ésta ecuación admite solución única en un sentido débil (ver Apéndice o la última sección de [66]), y entonces $\mathcal{G}_t^1(\eta) = \mathcal{G}_t^2(\eta)$ para todo $t \in [0, T]$ y $\eta \in [0, 1)$. Como ambas medidas tienen la misma masa total, tenemos que $\mu^{IS,1} = \mu^{IS,2}$.

Argumentos similares prueban que $\mu^{VS,1} = \mu^{VS,2}$ y $\mu^{RS,1} = \mu^{RS,2}$.

Paso 3: $\mu^{(n)}$ satisface asintóticamente el sistema determinístico (3.3).

Recordemos primero que, para cada $f \in \mathcal{C}_b(\mathbb{N})$, podemos escribir:

$$\langle \mu_t^{(n),IS}, f \rangle = \sum_{k \in \mathbb{N}} f(k) \mu_0^{(n),IS}(k) + A_t^{(n),IS,f} + M_t^{(n),IS,f}.$$

Para poder caracterizar los valores límites, para cada $n \in \mathbb{N}$ y para todo $t \geq 0$, tenemos:

$$\langle (\mu_{t \wedge \tau_\varepsilon^n}^{(n),IS}), f \rangle = \Psi_{t \wedge \tau_\varepsilon^n}^{IS,f}(\mu^{(n)} + \Delta_{t \wedge \tau_\varepsilon^n}^{n,f} + M_{t \wedge \tau_\varepsilon^n}^{(n),IS,f}), \quad (3.24)$$

donde $\Delta_{\cdot \wedge \tau_\varepsilon^n}^{n,f}$ tiende a cero en tanto en probabilidad como uniformemente para t en intervalos compactos.

Podemos tomar cotas similares a las del Paso 1 y obtener:

$$\mathbb{E} \left[(M_t^{(n),IS,f})^2 \right] = \mathbb{E} \left[\langle M_t^{(n),IS,f} \rangle_t \right] \leq \frac{(25r + \nu + 2\gamma)A \|f\|_\infty^2 t}{n}, \quad (3.25)$$

implicando que la sucesión $(M_t^{(n),IS,f})_{n \in \mathbb{N}}$ tiende a cero tanto en probabilidad como en L^2 . Por lo tanto, apelando a la desigualdad de Cauchy-Schwartz, lo hace también en L^1 .

Por otro lado, la parte de variación finita puede separarse en dos: una que tiene en cuenta las aristas simples entre le nueve infectada y la población infectada, y una segunda parte que considera aristas múltiples, que podremos ver que es despreciable cuando el tamaño de la población es suficientemente grande. Formalmente,

$$A_t^{(n),IS,f} = B_t^{(n),IS,f} + C_t^{(n),IS,f},$$

donde:

$$\begin{aligned} B_t^{(n),IS,f} &= \int_0^t \sum_{k \in \mathbb{N}} \lambda_s^n(k) \mu_s^{(n),S}(k) \sum_{j+l+m \leq k-1} p_s^n(j, l, m | k-1) f(k - (j + l + m + 1)) \\ &\quad + \sum_{\substack{u \in \mathcal{U}(\mu_s^{(n),IS}, j+1) \\ u_i \leq 1}} \rho(u | j + 1, \mu_s^{(n),IS}) \sum_{i \leq I_s^-} [f(\zeta_i(\mu_s^{(n),IS}) - u_i) - f(\zeta_i(\mu_s^{(n),IS}))] \\ &\quad - \gamma \langle \mu_s^{(n),IS}, f \rangle ds \\ &\quad + \int_0^t \sum_{k \in \mathbb{N}} \pi_s k \mu_s^{(n),S}(k) \sum_{j+l+m \leq k} p_s^n(j, l, m | k) \sum_{\substack{u \in \mathcal{U}(\mu_s^{(n),IS}, j+1) \\ u_i \leq 1}} \rho(u | j, \mu_s^{(n),IS}) \\ &\quad \times \left(\sum_{i=1}^{I_s} f(\zeta_i(\mu_s^{(n),IS}) - u_i) - f(\zeta_i(\mu_s^{(n),IS})) \right) ds, \end{aligned} \quad (3.26)$$

y

$$\begin{aligned}
C_t^{(n),IS,f} &= \int_0^t \sum_{k \in \mathbb{N}} \lambda_s^n(k) \mu_s^{(n),S}(k) \sum_{j+l+m \leq k-1} p_s^n(j, l, m \mid k-1) \\
&\quad \times \sum_{\substack{u \in \mathcal{U}(\mu_s^{n,IS}, j+1) \\ i \leq I_{s-}^n; \exists i \leq I_{s-}^n : u_i > 1}} \rho(u \mid j+1, \mu_s^{n,IS}) \left(f(\zeta_i(\mu_{s-}^{n,IS}) - u_i) - f(\zeta_i(\mu_{s-}^{n,IS})) \right) ds \\
&\quad + \int_0^t \sum_{k \in \mathbb{N}} \pi_s k \mu_s^{(n),S}(k) \sum_{j+l+m \leq k} p_s^n(j, l, m \mid k) \sum_{\substack{u \in \mathcal{U}(\mu_s^{n,IS}, j+1) \\ \exists i \leq I_{s-}^n : u_i > 1}} \rho(u \mid j, \mu_s^{n,IS}) \\
&\quad \times \left(\sum_{i=1}^{I_{s-}} f(\zeta_i(\mu_{s-}^{n,IS}) - u_i) - f(\zeta_i(\mu_{s-}^{n,IS})) \right) ds.
\end{aligned} \tag{3.27}$$

Para probar que $C_t^{(n),IS,f}$ tiende a cero, denotemos primero:

$$q_{j,l,s}^n = \sum_{\substack{u \in \mathcal{U}(\mu_s^{n,IS}, j+1) \\ \exists i \leq I_{s-}^n : u_i > 1}} \rho(u \mid j, \mu_s^{n,IS}),$$

la probabilidad de que el nuevo individuo infectado tenga aristas múltiples con otro agente infectado. Dado un agente i , ésta probabilidad es menor que el número de pares de aristas que conectan a le nuevo infectado con i por la probabilidad de que dichas aristas en particular que conectaban a i con una susceptible a tiempo $s-$ ahora le conecten con le nuevo infectado. Esto es,

$$\begin{aligned}
q_{j,m,l,s}^n &\leq \binom{j-1}{2} \sum_{i=1}^{I_{s-}^n} \frac{k_i^{S_{s-}^n} (k_i^{S_{s-}^n} - 1)}{N_{s-}^{n,IS} (N_{s-}^{n,IS} - 1)} \\
&= \binom{j-1}{2} \frac{\frac{1}{n} \langle \mu_{s-}^{(n),IS}, \chi^2 - \chi \rangle}{N_{s-}^{(n),IS} (N_{s-}^{(n),IS} - \frac{1}{n})} \\
&\leq \binom{j-1}{2} \frac{1}{n} \frac{A}{\varepsilon (\varepsilon - \frac{1}{n})},
\end{aligned} \tag{3.28}$$

mientras que $s \leq \tau_\varepsilon^n$ y $n \geq 1/\varepsilon$. Recordemos que $k_i^{S_t^n}$ es la cantidad de aristas del i -ésimo nodo que lo conectan con la población susceptible a tiempo t , cuando el tamaño de la población es n .

Además, para todas las posibles $u \in \mathcal{U}(j, \mu_s^{n,IS})$ tenemos:

$$\left| \sum_{i=1}^{I_s} f(\zeta_i(\mu_s^{n,IS}) - u_i) - f(\zeta_i(\mu_s^{n,IS})) \right| \leq 2j \|f\|_\infty,$$

y aplicando ambas desigualdades, para $n \geq 1/\varepsilon$ se tiene:

$$\begin{aligned}
C_{t \wedge \tau_\varepsilon^n}^{(n), IS, f} &\leq \int_0^{t \wedge \tau_\varepsilon^n} \sum_{k \in \mathbb{N}} rk \mu_s^{(n), S}(k) \\
&\quad \times \sum_{j+l+m \leq k-1} p_s^n(j, l, m | k-1) 2(j+1) \|f\|_\infty \frac{Aj(j-1)}{2n\varepsilon(\varepsilon - \frac{1}{n})} ds \\
&+ \int_0^{t \wedge \tau_\varepsilon^n} \sum_{k \in \mathbb{N}} \pi_s(k) \mu_s^{(n), S}(k) \\
&\quad \times \sum_{j+l+m \leq k} p_s^n(j, l, m | k) 2j \|f\|_\infty \frac{A(j-1)(j-2)}{2n\varepsilon(\varepsilon - \frac{1}{n})} ds \\
&\leq \frac{\nu r A \|f\|_\infty t}{n\varepsilon(\varepsilon - \frac{1}{n})} \langle \mu_0^{(n), S}, \chi^A \rangle.
\end{aligned} \tag{3.29}$$

Esta última expresión tiende a cero gracias a la convergencia débil de $\mu_0^{(n), S}$ a μ_0^S y el hecho de que $\mu_s^{(n), S} \leq \mu_0^{(n), S}$ para todo $s \geq 0$ y $n \in \mathbb{N}$.

La siguiente tarea es probar que $B_{\cdot, \wedge \tau_\varepsilon^n}^{(n), IS, f}$ es de algún modo similar a $\Psi_{\cdot, \wedge \tau_\varepsilon^n}^{IS, f}(\mu^{(n)})$. Para lo cual podemos observar que:

$$\begin{aligned}
&\sum_{\substack{u \in \mathcal{U}(\mu_s^{(n), IS}, j+1) \\ \forall i \leq I_{s-}^n, u_i \leq 1}} \rho(u | j+1, \mu_s^{(n), IS}) \sum_{i \leq I_{s-}^n} (f(\zeta_i(\mu_s^{(n), IS}) - u_i) - f(\zeta_i(\mu_s^{(n), IS)})) \\
&= \sum_{\substack{u \in (I_{s-}^n)^{j+1} \\ u_0 \neq \dots \neq u_j}} \left(\frac{\prod_{l=0}^j k_{u_l}(S_{s-}^n)}{N_{s-}^{n, IS} \dots (N_{s-}^{n, IS} - (j+1))} \right) \sum_{m=0}^j f(k_{u_m}^{S_{s-}^n} - 1) - f(k_{u_m}^{S_{s-}^n}) \\
&= \sum_{m=0}^j \left(\sum_{i=1}^{I_{s-}^n} \frac{k_i^{S_{s-}^n}}{N_{s-}^{n, IS}} f(k_i^{S_{s-}^n} - 1) - f(k_i^{S_{s-}^n}) \right) \\
&\quad \times \left(\sum_{\substack{u \in (I_{s-}^n \setminus \{x\})^j \\ u_0 \neq \dots \neq u_{j-1}}} \frac{\prod_{l=0}^{j-1} k_{u_l}^{S_{s-}^n}}{(N_{s-}^{n, IS} - 1) \dots (N_{s-}^{n, IS} - (j+1))} \right) \\
&= (j+1) \frac{\langle \mu_{s-}^{(n), IS}, \chi(\tau_1 f - f) \rangle}{N_{s-}^{n, IS}} (1 - q_{j, m, l, s}^n),
\end{aligned} \tag{3.30}$$

donde $\tau_j f(k) := f(k-j)$ para toda $f : \mathbb{N} \rightarrow \mathbb{R}$ y $\forall k \in \mathbb{N}$.

Ahora introducimos un poco más de notación para la proporción de aristas que le recién infectade tendrá, descartando la arista por la que llegó la infección. En este punto resulta importante diferenciar este término de su análogo para la MMP que modela la vacunación, pues en ese caso no podemos asumir que existe al menos una vecine infectade. Definimos, para cada $t > 0$ y $n \in \mathbb{N}_0$,

$$\begin{aligned}
p_t^{n,I} &= \frac{\langle \mu_t^{n,IS}, \chi \rangle - 1}{\langle \mu_t^{n,S}, \chi \rangle - 1}, \\
p_t^{n,R} &= \frac{\langle \mu_t^{n,RS}, \chi \rangle}{\langle \mu_t^{n,S}, \chi \rangle - 1}, \\
p_t^{n,V} &= \frac{\langle \mu_t^{n,VS}, \chi \rangle}{\langle \mu_t^{n,S}, \chi \rangle - 1}, \\
p_t^{n,S} &= \frac{\langle \mu_t^{n,S}, \chi \rangle - \langle \mu_t^{n,IS}, \chi \rangle - \langle \mu_t^{n,RS}, \chi \rangle - \langle \mu_t^{n,VS}, \chi \rangle}{\langle \mu_t^{n,S}, \chi \rangle - 1}.
\end{aligned} \tag{3.31}$$

Recordemos también que:

$$\begin{aligned}
p_t^n(j, l, m \mid k-1) &= \frac{\binom{N_t^{n,IS}-1}{j} \binom{N_t^{n,RS}}{l} \binom{N_t^{n,VS}}{m} \binom{N_t^{n,S}-N_t^{n,RS}-N_t^{n,IS}-N_t^{n,VS}}{k-1-j-l-m}}{\binom{N_t^{n,S}-1}{k-1}} \\
q_t^n(j, l, m \mid k) &= \frac{\binom{N_t^{n,IS}}{j} \binom{N_t^{n,RS}}{l} \binom{N_t^{n,VS}}{m} \binom{N_t^{n,S}-N_t^{n,RS}-N_t^{n,IS}-N_t^{n,VS}}{k-j-l-m}}{\binom{N_t^{n,S}}{k}}.
\end{aligned} \tag{3.32}$$

También para el caso del proceso de infección, definimos, para todos los j, l, m tales que $j + l + m \leq k - 1$, y para todo $n \in \mathbb{N}$:

$$\tilde{p}_t^n(j, l, m \mid k-1) = \frac{(k-1)! (p_t^{n,I})^j (p_t^{n,R})^l (p_t^{n,V})^m (p_t^{n,S})^{k-1-j-l-m}}{j! l! m! (k-1-j-l-m)!},$$

y similarmente para las vacunaciones,

$$\tilde{q}_t^n(j, l, m \mid k) = \frac{k! (p_t^{n,I})^j (p_t^{n,R})^l (p_t^{n,V})^m (p_t^{n,S})^{k-j-l-m}}{j! l! m! (k-j-l-m)!},$$

las probabilidades de que las variables multinomiales que cuentan la cantidad de semiaristas contra los diferentes compartimentos que tendrá le nueve infectade o vacunade, respectivamente.

Con estas cantidades podemos escribir:

$$|B_{t \wedge \tau_{\varepsilon}^n}^{(n),IS,f} - \Psi_{t \wedge \tau_{\varepsilon}^n}^{IS,f}(\mu^{(n)})| \leq |D_{t \wedge \tau_{\varepsilon}^n}^{(n),IS,f}| + |E_{t \wedge \tau_{\varepsilon}^n}^{(n),IS,f}|, \tag{3.33}$$

donde:

$$\begin{aligned}
D_{t \wedge \tau_\varepsilon^n}^{(n), IS, f} &= \int_0^{t \wedge \tau_\varepsilon^n} \sum_{k \in \mathbb{N}} \lambda_s(k)^n \mu_s^{(n), S}(k) \\
&\quad \times \sum_{j+l+m+1 \leq k} [p_t^n(j, l, m | k-1) - \tilde{p}_t^n(j, l, m | k-1)] \\
&\quad \times \left(f(k - (j + l + m + 1)) + (j + 1) \frac{\langle \mu_{s-}^{(n), IS}, \chi(\tau_1 f - f) \rangle}{N_{s-}^{n, IS}} \right) ds \\
&+ \int_0^{t \wedge \tau_\varepsilon^n} \sum_{k \in \mathbb{N}} \pi_s(k)^n \mu_s^{(n), S}(k) \sum_{j+l+m \leq k} [q_t^n(j, l, m | k) - \tilde{q}_t^n(j, l, m | k)] \\
&\quad \times \left(j \frac{\langle \mu_{s-}^{(n), IS}, \chi(\tau_1 f - f) \rangle}{N_{s-}^{n, IS}} \right) ds, \\
E_{t \wedge \tau_\varepsilon^n}^{(n), IS, f} &= \int_0^{t \wedge \tau_\varepsilon^n} \sum_{k \in \mathbb{N}} \lambda_s(k)^n \mu_s^{(n), S}(k) \times \sum_{j+l+m+1 \leq k} p_t^n(j, l, m | k-1) \\
&\quad \times \left((j + 1) \frac{\langle \mu_{s-}^{(n), IS}, \chi(\tau_1 f - f) \rangle}{N_{s-}^{n, IS}} q_{j-1, l, m, s}^n \right) ds \\
&+ \int_0^{t \wedge \tau_\varepsilon^n} \sum_{k \in \mathbb{N}} \pi_s(k)^n \mu_s^{(n), S}(k) \times \sum_{j+l+m \leq k} q_t^n(j, l, m | k) \\
&\quad \times \left(j \frac{\langle \mu_{s-}^{(n), IS}, \chi(\tau_1 f - f) \rangle}{N_{s-}^{n, IS}} q_{j, l, m, s}^n \right) ds.
\end{aligned} \tag{3.34}$$

Luego, si consideramos las diferencias:

$$\alpha_t^n(k) = \sum_{j+l+m+1 \leq k} |p_t^n(j, l, m | k-1) - \tilde{p}_t^n(j, l, m | k-1)|$$

y

$$\gamma_t^n(k) = \sum_{j+l+m \leq k} |q_t^n(j, l, m | k) - \tilde{q}_t^n(j, l, m | k)|,$$

podemos acotar del siguiente modo:

$$\begin{aligned}
|D_{t \wedge \tau_\varepsilon^n}^{(n), IS, f}| &\leq \int_0^{t \wedge \tau_\varepsilon^n} \sum_{k \in \mathbb{N}} \left(r k \mu_s^{(n), S}(k) \alpha_s^n(k) (1 + 2k) \|f\|_\infty + \right. \\
&\quad \left. \pi_s(k) \mu_s^{(n), S}(k) \gamma_s^n(k) k \|f\|_\infty \right) ds.
\end{aligned} \tag{3.35}$$

Como el término multinomial es una buena aproximación de la hipergeométrica multivariada a medida que n crece, la última expresión tiende a cero vía convergencia mayorada.

Por otro lado,

$$\begin{aligned}
|E_{t \wedge \tau_\varepsilon^n}^{(n), IS, f}| &\leq \int_0^{t \wedge \tau_\varepsilon^n} \sum_{k \in \mathbb{N}} \left((r + \nu) k^2 \mu_s^{(n), S}(k) \|f\|_\infty 2 \frac{k^2 A}{2n\varepsilon(\varepsilon - 1/n)} \right) ds \\
&\leq \int_0^{t \wedge \tau_\varepsilon^n} \left((r + \nu) \langle \mu_s^{(n), S}, \chi^4 \rangle \|f\|_\infty \frac{A}{n\varepsilon(\varepsilon - 1/n)} \right) ds \\
&\leq \frac{A^2 t (r + \nu)}{n\varepsilon(\varepsilon - 1/n)}.
\end{aligned} \tag{3.36}$$

Juntando todas las cotas obtenidas, podemos concluir que $\langle \mu^{(n), IS}, f \rangle$ converge en probabilidad uniformemente sobre intervalos temporales compactos.

Paso 4: El límite satisface la ecuación determinística (3.3)

Estamos considerando la sucesión $(\mu_{\cdot \wedge \tau_\varepsilon^n}^{(n)})_{n \in \mathbb{N}}$, para la cual ya probamos que su límite en el conjunto cerrado $\mathcal{M}_{0,A}^4$ es μ y queremos probar que podemos deshacernos de los tiempos de parada. De acuerdo con el Teorema de Representación de Skorokhod, existe una subsucesión de μ en el mismo espacio de probabilidad cuyas distribuciones de probabilidad marginales son las mismas que las de la sucesión original pero que converge casi seguramente. Con un abuso de notación, denotemos $(\mu_{\cdot \wedge \tau_\varepsilon^n}^{(n)})_{n \in \mathbb{N}}$ a esta subsucesión.

Las aplicaciones:

$$\nu. := (\nu^1, \dots, \nu^4) \mapsto \frac{\langle \nu^k, \mathbb{1} \rangle}{\sum_{j=1}^4 \langle \nu^j, \mathbb{1} \rangle},$$

para $k \in \{1, 2, 3, 4\}$ son continuas de $\mathcal{C}(\mathbb{R}_+, \mathcal{M}_{0,A} \times \mathcal{M}_{\varepsilon,A} \times \mathcal{M}_{0,A} \times \mathcal{M}_{0,A})$ en $\mathcal{C}(\mathbb{R}_+, \mathbb{R})$. De acuerdo con el Lema 40 tenemos que, para $p \leq 5$, la aplicación $\Phi_p : \mathcal{D}(\mathbb{R}_+, \mathcal{M}_{\varepsilon,A}) \rightarrow \mathcal{D}(\mathbb{R}_+, \mathbb{R})$ que asigna $\nu. \mapsto \langle \nu., \chi^p \rangle$ es continua.

Con esto, y usando que el cociente $(X^1, X^2) \mapsto \frac{X^1}{X^2}$ de $\mathcal{C}(\mathbb{R}_+, \mathbb{R}) \times \mathcal{C}(\mathbb{R}_+, \mathbb{R}_*)$ a $\mathcal{C}(\mathbb{R}_+, \mathbb{R})$ es continuo, permitiéndonos deducir la continuidad de $\nu. \mapsto \frac{\langle \nu^1, \chi \rangle}{\langle \nu^2, \chi \rangle}$ que sale de $\mathcal{C}(\mathbb{R}_+, \mathcal{M}_{0,A} \times \mathcal{M}_{\varepsilon,A} \times \mathcal{M}_{0,A} \times \mathcal{M}_{0,A})$ y toma valores en $\mathcal{C}(\mathbb{R}_+, \mathbb{R})$. El mismo argumento vale para

$$\nu. \mapsto \frac{\mathbb{1}_{\{\langle \nu^1, \chi \rangle > \varepsilon\}}}{\langle \nu^2, \chi \rangle}$$

sobre los mismos espacios.

Como la aplicación:

$$y \in \mathcal{D}([0, t], \mathbb{R}) \mapsto \int_0^t y_s ds,$$

es continua, concluimos la demostración de que la aplicación Ψ_t^f definida en (3.19) resulta continua.

De nuevo aplicando el Lema 40 para $p = 1$ obtenemos que el proceso $(N_{\cdot \wedge \tau_\varepsilon^n}^{(n), IS})_{n \in \mathbb{N}}$ converge en distribución a $N^{IS} := \langle \mu^{IS}, \chi \rangle$, y, como el límite es continuo, la convergencia también vale en $(\mathcal{D}([0, T], \mathbb{R}_+), \|\cdot\|_\infty)$ para todo $T > 0$ [22].

Como tomar ínfimo es continuo sobre $\mathcal{D}(\mathbb{R}_+, \mathbb{R})$ tenemos que:

$$\inf_{t \in [0, T]} N_t^{IS} = \lim_{n \rightarrow \infty} \inf_{t \in [0, T]} N_{t \wedge \tau_\varepsilon^n}^{(n), IS}$$

es mayor o igual que ε casi seguramente.

Si definimos $\bar{t}_{\varepsilon'} = \inf\{t \in \mathbb{R}_+ : N_t^{IS} \leq \varepsilon'\}$, aunque no podamos afirmar que sea determinístico, sabemos que:

$$\varepsilon' \leq \inf_{t \in [0, T]} N_{t \wedge \bar{t}_{\varepsilon'}}^{(n), IS} = \lim_{n \rightarrow \infty} \inf_{t \in [0, T]} N_{t \wedge \tau_\varepsilon^n \wedge \bar{t}_{\varepsilon'}}^{(n), IS}.$$

Entonces, aplicando el Lema de Fatou,

$$\begin{aligned} 1 = P\left(\inf_{t \in [0, \bar{t}_{\varepsilon'}]} N_{t \wedge \bar{t}_{\varepsilon'}}^{(n), IS} > \varepsilon\right) &\leq \\ \lim_{n \rightarrow \infty} P\left(\inf_{t \in [0, T \wedge \tau_\varepsilon^n]} N_{t \wedge \tau_\varepsilon^n}^{(n), IS} > \varepsilon\right) &= \lim_{n \rightarrow \infty} P(\tau_\varepsilon^n > T \wedge \bar{t}_{\varepsilon'}) \end{aligned} \quad (3.37)$$

Por lo tanto, separando del siguiente modo:

$$\Psi_{\cdot \wedge \tau_\varepsilon^n \wedge \bar{t}_{\varepsilon'} \wedge T}^{IS, f}(\mu^{(n)}) = \Psi_{\cdot \wedge \tau_\varepsilon^n \wedge T}^{IS, f}(\mu^{(n)}) \mathbf{1}_{\tau_\varepsilon^n \leq \bar{t}_{\varepsilon'} \wedge T} + \Psi_{\cdot \wedge \bar{t}_{\varepsilon'} \wedge T}^{IS, f}(\mu_{\cdot \wedge \tau_\varepsilon^n}^{(n)}) \mathbf{1}_{\tau_\varepsilon^n > \bar{t}_{\varepsilon'} \wedge T}, \quad (3.38)$$

tenemos que, por las cotas y aproximaciones que hicimos en el Paso 3, que $\Psi_{\cdot \wedge \tau_\varepsilon^n \wedge T}^{IS, f}(\mu^{(n)})$ está acotada por el cuarto momento de $\mu^{(n)}$.

Como $\mu_0^{(n)} \rightarrow \mu_0$ y usando (3.37), el primer término de (3.38) converge en L^1 y en probabilidad a cero.

Por otro lado, la continuidad de $\Psi^{IS, f}$ en $\mathcal{D}(\mathbb{R}_+, \mathcal{M}_{0, A} \times \mathcal{M}_{\varepsilon, A} \times \mathcal{M}_{0, A} \times \mathcal{M}_{0, A})$, $\Psi^{IS, f}(\mu_{\cdot \wedge \tau_\varepsilon^n}^{(n)})$ converge a $\Psi^{IS, f}(\mu)$ y por lo tanto, $\Psi_{\cdot \wedge \bar{t}_{\varepsilon'} \wedge T}^{IS, f}(\mu_{\cdot \wedge \tau_\varepsilon^n}^{(n)})$ converge a $\Psi_{\cdot \wedge \bar{t}_{\varepsilon'} \wedge T}^{IS, f}(\mu)$. Luego, esta convergencia junto con (3.37) implican que el segundo término converge a $\Psi_{\cdot \wedge \bar{t}_{\varepsilon'} \wedge T}^{IS, f}(\mu)$ en $\mathcal{D}(\mathbb{R}_+, \mathbb{R})$.

Luego, $(\langle \mu_{\cdot \wedge \tau_\varepsilon^n \wedge \bar{t}_{\varepsilon'} \wedge T}^{(n), IS}, f \rangle - \Psi_{\cdot \wedge \tau_\varepsilon^n \wedge \bar{t}_{\varepsilon'} \wedge T}^{IS, f}(\mu^{(n)}))_{n \in \mathbb{N}}$ converge en probabilidad a $\langle \mu_{\cdot \wedge \bar{t}_{\varepsilon'} \wedge T}, f \rangle - \Psi_{\cdot \wedge \bar{t}_{\varepsilon'} \wedge T}^{IS, f}(\mu)$.

Reproduciendo nuevamente las cuentas del Paso 3, podemos concluir que esta sucesión también converge en probabilidad a cero. Esto implica que μ^{IS} es solución del sistema (3.3) en el intervalo $[0, \bar{t}_{\varepsilon'} \wedge T]$.

Si sucede tanto que $\langle \mu_0^{RS}, \chi \rangle > 0$ como $\langle \mu_0^{VS}, \chi \rangle > 0$, entonces podríamos aplicar técnicas similares a ambos. Si no, podemos deducir inmediatamente que cumplen el sistema, puesto que para todo $t \in [0, \bar{t}_{\varepsilon'} \wedge T]$, $\langle \mu_t^{(n), IS}, \chi \rangle > \varepsilon$ y los términos $p_t^n(j, l, m \mid k-1)$ y $q_t^n(j, l, m \mid k)$ son despreciables cuando l o m son positivos.

Así, μ es casi seguramente la única solución continua del sistema determinístico (3.3) en $[0, \bar{t}_{\varepsilon'} \wedge T]$, implicando que $\bar{t}_{\varepsilon'} = t_{\varepsilon'}$ y la convergencia en probabilidad de $(\mu_{\cdot \wedge \tau_\varepsilon^n})_{n \in \mathbb{N}}$ a μ vale, uniformemente en $[0, t_{\varepsilon'}]$, gracias a la continuidad de μ .

Para probar la convergencia en el sentido del espacio de Skorokhod, para $\eta > 0$, escribimos:

$$\begin{aligned} P\left(\sup_{t \in [0, t_{\varepsilon'}]} |\langle \mu_t^{(n), IS}, f \rangle - \Psi_t^{IS, f}(\mu)| > \eta\right) &\leq \\ P\left(\sup_{t \in [0, t_{\varepsilon'}]} |\Psi_{t \wedge \tau_\varepsilon^n}^{IS, f}(\mu^{(n)}) - \Psi_t^{IS, f}(\mu)| > \frac{\eta}{2}; t_{\varepsilon'} \leq \tau_\varepsilon^n\right) &+ P\left(\sup_{t \in [0, t_{\varepsilon'}]} |\Delta_{t \wedge \tau_\varepsilon^n}^{n, f} + M_{t \wedge \tau_\varepsilon^n}^{(n), IS, f}| > \frac{\eta}{2}\right) + P(\tau_\varepsilon^n < t_{\varepsilon'}). \end{aligned} \quad (3.39)$$

Usando la continuidad de Ψ^f y la convergencia uniforme en probabilidad que ya mostramos, el primer término de la última expresión tiende a cero. Para ver que el segundo término también lo hace, podemos reproducir las cotas que hicimos en el Paso 2 de esta prueba y aplicar la desigualdad de Doob. Finalmente, como $P(\tau_\varepsilon^n > T \wedge \bar{t}_{\varepsilon'}) \rightarrow 1$ tenemos que los tres términos tienden a cero.

Luego, por la unicidad del Paso 2, la sucesión original $(\mu^{(n)})_{n \in \mathbb{N}}$ converge.

Paso 5: La convergencia de las otras coordenadas.

Lo que hemos hecho para la medida de conectividad IS puede ser adecuadamente adaptado sin problemas para Recuperades y Vacunades. Para la medida que cuenta aristas que salen de susceptibles, podemos razonar del siguiente modo. Si tomamos la ecuación renormalizada (3.13) y tomamos límite en n , la sucesión $(\mu^{(n), S})_{n \in \mathbb{N}}$ converge en $\mathcal{D}(\mathbb{R}_+, \mathcal{M}_{0, A})$ a la solución de

la ecuación de transporte:

$$\langle \mu_t^S, f_t \rangle = \langle \mu_0^S, f_0 \rangle - \int_0^t \langle \mu_s^S, (rp_s^I + \pi_s)\chi f_s - \partial_s f_s \rangle ds. \quad (3.40)$$

Que puede ser resuelta como funcional de p^I y π , para cualquier función test $f \in \mathcal{C}_b^{0,1}(\mathbb{N} \times \mathbb{R}_+, \mathbb{R})$ con derivada acotada respecto a la variable temporal [66].

Si tomamos $f(k, s) = \varphi(k)e^{-\int_0^{t-s} rkp_u^I + \pi_u(k) du}$ obtenemos:

$$\langle \mu_t^S, \varphi \rangle = \sum_{k \in \mathbb{N}} \varphi(k) \alpha_t^k \theta^{\xi(k)} \mu_0^S(k),$$

como indica la primer ecuación de (3.3).

Esto concluye la prueba. \square

3.4. Sistema cerrado

A continuación, en la Proposición 12, obtenemos una generalización de las ecuaciones propuestas por Volz [16] en la que incluimos una estrategia de vacunación genérica. Si la función de vacunación π_t fuese constante, o continua y acotada, entonces la existencia y unicidad del problema sería trivial. Como estamos considerando una función más general, es decir, π_t medible y acotada, necesitamos un tratamiento como el planteado en [63] o [64], que determina como hipótesis que el funcional que describe la dinámica sea Lipschitz. Esto puede verificarse fácilmente utilizando cálculos básicos y acotando gracias a las propiedades de las funciones involucradas.

Definimos la función:

$$g(\alpha, \theta) = \sum_{k \in \mathbb{N}} \mu_0^S(k) \alpha^k \theta^{\xi(k)}, \quad (3.41)$$

y denotamos con un subíndice sus derivadas parciales, es decir:

$$\partial_\alpha g(\alpha, \theta) = \sum_{k \in \mathbb{N}} \mu_0^S(k) \alpha^{k-1} k \theta^{\xi(k)},$$

y de manera análoga con el resto. Esta función será crucial para reducir el sistema infinito a uno con solo siete ecuaciones, obteniendo de este modo una descripción tratable de la dinámica de la epidemia y el proceso óptimo de vacunación al mismo tiempo. Todo esto se condensa formalmente en el siguiente resultado:

Proposición 12. *Cuando la cantidad de nodos en el grafo es infinita, el sistema (3.3) puede reducirse al siguiente sistema de ecuaciones diferenciales:*

$$\begin{cases} \dot{\alpha} = -rp^I \alpha \\ \dot{\theta} = -\pi\theta \\ \dot{I} = -\gamma I + rp^I \alpha \partial_{\alpha} g(\alpha, \theta) \\ \dot{V} = \pi\theta \partial_{\theta} g(\alpha, \theta) \\ p^S = rp^I p^S \left(1 - \frac{\alpha \partial_{\alpha\alpha} g(\alpha, \theta)}{\partial_{\alpha} g(\alpha, \theta)} \right) - \pi p^S + \theta \pi p^S \frac{\partial_{\alpha\theta} g(\alpha, \theta)}{\partial_{\alpha} g(\alpha, \theta)} \\ p^I = -\gamma p^I + rp^I p^S \frac{\alpha \partial_{\alpha\alpha} g(\alpha, \theta)}{\partial_{\alpha} g(\alpha, \theta)} - rp^I (1 - p^I) \\ p^V = rp^I p^V + \theta \pi p^S \frac{\partial_{\alpha\theta} g(\alpha, \theta)}{\partial_{\alpha} g(\alpha, \theta)}. \end{cases} \quad (3.42)$$

Más aún, el lado derecho del sistema es Lipschitz y uniformemente acotado, implicando que (3.42) admite solución única para cada dato inicial y cada $\pi : [0, T] \rightarrow [0, \nu]$ medible.

Demostración. Utilizamos la función g para computar una expresión cerrada de N_t^S , N_t^{IS} , N_t^{RS} y N_t^{VS} junto con sus derivadas. Denotamos $\mathbf{1}(k) := 1$ y $\chi(k) = k$.

Primero notemos que:

$$S_t = \langle \mu_t^S, \mathbf{1} \rangle = \sum_{k \in \mathbb{N}} \mu_t^S(k) = \sum_{k \in \mathbb{N}} \mu_0^S(k) \alpha_t^k \theta_t^{\xi(k)} = g(\alpha_t, \theta_t)$$

es la proporción de susceptibles a tiempo t .

Similarmente,

$$\begin{aligned} I_t &= \langle \mu_t^{IS}, \mathbf{1} \rangle \\ &= \sum_{k \in \mathbb{N}} \mu_0^{IS} - \int_0^t \gamma I_s ds + \int_0^t rp_s^I \alpha_s \partial_{\alpha} g(\alpha_s, \theta_s) ds \\ &= I_0 + \int_0^t -\gamma I_s + rp_s^I \alpha_s \partial_{\alpha} g(\alpha_s, \theta_s) ds, \\ R_t &= R_0 + \int_0^t \gamma I_s ds, \\ V_t &= V_0 + \int_0^t \pi_s \theta_s \alpha_s \partial_{\theta} g(\alpha_s, \theta_s) ds. \end{aligned}$$

El siguiente paso es escribir las derivadas para p_t^S y las otras probabilidades sobre las aristas. Antes de calcularlas, notemos que:

$$N_t^S = \langle \mu_t^S, \chi \rangle = \sum_{k \in \mathbb{N}} \mu_t^S(k) k = \sum_{k \in \mathbb{N}} \mu_0^S(k) \alpha_t^k k \theta^{\xi(k)} = \alpha_t \partial_{\alpha} g(\alpha_t, \theta_t). \quad (3.43)$$

Usando la definición de p_t^I y el hecho de que $\dot{\alpha}_t = -rp_t^I \alpha_t$, obtenemos:

$$\frac{\dot{N}_t^S}{N_t^S} = -rp_t^I - \frac{\theta_t \pi_t \partial_{\alpha \theta} g(\alpha_t, \theta_t)}{\alpha_t \partial_{\alpha} g(\alpha_t, \theta_t)} - \frac{\alpha_t r p_t^I \partial_{\alpha \alpha} g(\alpha_t, \theta_t)}{\partial_{\alpha} g(\alpha_t, \theta_t)}.$$

Si reemplazamos f por χ en (3.3), después de cálculos básicos y reordenando los términos, podemos usar el teorema multinomial y obtener:

$$\begin{aligned} \dot{p}_t^I &= \frac{\dot{N}_t^{IS}}{N_t^S} - p_t^I \frac{\dot{N}_t^S}{N_t^S} = \\ &= -\gamma p_t^I + p_t^I r p_t^S \frac{\alpha_t \partial_{\alpha \alpha} g(\alpha_t, \theta_t)}{\partial_{\alpha} g(\alpha_t, \theta_t)} - r p_t^I (1 - p_t^I). \end{aligned} \quad (3.44)$$

El razonamiento con las otras probabilidades es análogo, y si ponemos todas las ecuaciones juntas, obtenemos, para cada control $\pi : [0, T] \rightarrow [0, \nu]$, el sistema cerrado de ecuaciones (3.42).

Esto finaliza la prueba. \square

Observación 13. El caso particular en que $\xi(k) = ak + b$, que incluye la vacunación constante y la proporcional al grado, puede ser estudiado utilizando solamente la función generadora de probabilidad de la secuencia de grados inicial de la red, $\psi(z) = \sum_{k \in \mathbb{N}} \mu_0^S(k) z^k$. Para la descripción cerrada del sistema definimos las variables:

$$\beta_t = e^{-\int_0^t r p_s^I + a \pi_s ds} \quad \text{y} \quad \phi_t = e^{-\int_0^t b \pi_s ds},$$

que ahora no tienen una interpretación tan clara como θ y α , pero que indican la intensidad de probabilidad con la que suceden eventos a tasa constante o lineal en el grado.

Reescribimos el sistema a partir de (3.3), observando que $S_t = \phi_t \psi(\beta_t)$,

obteniendo:

$$\begin{cases} \dot{\beta} = (-rp^I - a\pi)\beta \\ \dot{\phi} = -b\pi\phi \\ \dot{I} = -\gamma I + rp^I\phi\beta\psi'(\beta) \\ \dot{V} = a\pi\phi\beta\psi'(\beta) + b\pi\phi\psi(\beta) \\ \dot{p}^S = \left(1 - \frac{\beta\psi''(\beta)}{\psi'(\beta)}\right) p^S rp^I - \pi p^S(a+b) - p^S \pi a \frac{\beta\psi''(\beta)}{\psi'(\beta)} \\ \dot{p}^I = -\gamma p^I + p^I rp^S \frac{\beta\psi''(\beta)}{\psi'(\beta)} - rp^I(1-p^I) \\ \dot{p}^V = p^S \pi(a+b) + rp^I p^V + \pi p^S a \frac{\beta\psi''(\beta)}{\psi'(\beta)}. \end{cases} \quad (3.45)$$

En este sistema, nuevamente observamos la heterogeneidad en la red en la expresión $\frac{\beta_t\psi''(\beta_t)}{\psi'(\beta_t)}$, que ahora indica el número esperado de agentes susceptibles conectados con una vecine a tiempo t y que es proporcional al número de reproducción efectivo de la epidemia.

Relación asintótica con modelos mean field

Existe una relación entre el modelo planteado para vacunación lineal en el grado con el modelo de campo medio usual. La intuición proviene de observar que el número de vecinos en un grafo esparso de tipo Erdős-Renyi sigue una distribución binomial. Por otro lado, cuando el grafo está completo y el proceso de contacto sigue un proceso de Poisson, el número de vecinos con la que cada nodo interactúa es también una variable aleatoria con ley Poisson.

En el modelo de campo medio con vacunaciones [62], un individuo de una población homogénea se encuentra con otros siguiendo un proceso Markoviano a tiempo continuo de tasa r . Los individuos se encuentran en tres posibles estados: Susceptible, Infectado y Recuperado (o Vacunado); denotando por S_t , I_t y R_t , las respectivas proporciones de ellos en la población total. Aquí, las personas vacunadas o recuperadas son tratadas en el mismo estado, dado que no influyen la propagación de la enfermedad.

Si el individuo inicial del proceso de contacto es susceptible y se encuentra con un infectado, el susceptible se infecta. Un individuo infectado se recupera a una tasa γ , y un susceptible puede elegir su propia tasa de vacunación π , pasando en ambos casos al estado recuperado. La estrategia óptima π jugada por todos los jugadores se llama equilibrio de campo medio, definido como un punto fijo del funcional de mejor respuesta (*Best Response*), esto es, $\pi \in BR(\pi)$, que minimiza un determinado funcional de costo [67].

Un equilibrio de campo medio consiste en una estrategia en la que ninguno de los jugadores tiene un incentivo para desviarse de la estrategia común en su propio beneficio. Cuando el tamaño de la población llega al infinito, la dinámica de la población donde todos los jugadores usan la estrategia de vacunación π se describe mediante el siguiente sistema de ecuaciones:

$$\begin{cases} \dot{S} = -rIS - \pi S \\ \dot{I} = rIS - \gamma I \\ \dot{R} = \gamma I + \pi S. \end{cases} \quad (3.46)$$

La principal diferencia entre este sistema y el que planteamos nosotros se observa en el término asociado a la tasa de infección: en el caso de campo medio es $rS_t I_t$ y en nuestro modelo $rp_t^I \phi_t \psi'(\beta_t) = rN_t^{IS}$ puesto que los vecinos son ahora elegidos de acuerdo a la distribución *size-biased*. El caso particular en que la distribución de grados es Poisson, la distribución *size-biased* es también Poisson con el mismo parámetro, y como mostramos en esta sección, los modelos son asintóticamente similares.

Aquí, estamos considerando una dinámica basada en las aristas en lugar de una basada en los individuos. En la propagación de la enfermedad se asignan relojes exponenciales para el proceso de contacto a las aristas que conectan los nodos susceptibles con los infectados, el mecanismo no es elegir uniformemente entre todos los individuos de la población sino en un vecindario, lo que modifica cuantitativa y cualitativamente el generador de el proceso de Markov y, por tanto, la ecuación límite.

Aunque las dinámicas no son las mismas (incluso en el caso de una distribución de Poisson para el modelo de configuraciones), se puede demostrar que son asintóticamente equivalentes cuando el número medio de conexiones entre individuos crece.

Si consideramos una población de tamaño n en la que cada individuo tiene C contactos posibles y re-escalamos de modo que $\hat{r} = rC$ y $\hat{\pi}$ permanezcan constantes, la ecuación *mean-field* que describe esta dinámica es la misma que (3.46), reemplazando r y π por \hat{r} y $\hat{\pi}$, respectivamente. Entonces nuestra dinámica límite en un CM con distribución de grados Poisson de parámetro C , no totalmente conectada pero uniformemente matcheada, satisface las ecuaciones mean-field cuando C tiende a infinito, tomando $\psi(z) = Ce^{C(z-1)}$. Como $S = \phi\psi(\beta)$, tenemos que:

$$\dot{S} = \phi\beta\psi'(\beta)(-rp^I + a\pi) - \pi bS_t = -CSrp^I\beta - a\beta\pi CS - b\pi S.$$

Como \hat{r} se mantiene constante, es de orden $O(1)$ cuando C crece, y solo una proporción de orden $O(I/C)$ de las aristas podrían transmitir la infección desde alguna vecina infectada a una susceptible dado. Además, el último

término es de orden $O(1)$. Por lo tanto, para C grande, p^I puede ser aproximada por $I - O(I/C)$ y de manera similar, cuando C es suficientemente grande, $\beta = 1 - O(1/C)$. Más aún, $p^I\beta = I + O(I/C)$, obteniendo:

$$\dot{S} = -\hat{r}IS - \hat{\pi}S + O(IS/C),$$

que se corresponde asintóticamente con la primera ecuación de (3.46). La tercera ecuación se obtiene con un razonamiento muy similar, mientras que la segunda puede deducirse del hecho de que $S = 1 - I - R$.

3.5. Problemas de Control Óptimo

Una vez planteados los sistemas que describen la dinámica de propagación de la enfermedad, nos proponemos estudiar las estrategias óptimas de vacunación. La familia de funciones donde buscamos optimizar dependen del tiempo y de los grados que tienen los agentes en la red, las consideramos medibles y acotadas por cierto valor ν . Para tratar con estos controles, apelamos a la teoría desarrollada en [63, 64], caracterizando las hipótesis menos restrictivas que deben cumplirse para obtener un resultado de existencia y unicidad de solución óptima en un sentido viscoso. En el Apéndice se encuentran las definiciones y los resultados principales que utilizamos.

Analizamos el problema desde una perspectiva social e individual, obteniendo en ambos casos que la vacunación debe desarrollarse a la tasa máxima ν y en caso contrario no vacunar. El planteo es puramente teórico y entendemos que el modelo es una simplificación de la realidad, igualmente creemos que nos permite analizar cierto comportamiento fenomenológico interesante, que intentamos ilustrar en la Sección 4.1. No involucramos explícitamente en nuestro modelo características individuales como pueden ser la edad, riesgo, creencias o susceptibilidad de los agentes a la enfermedad. Sin embargo, muchas de estas particularidades pueden ser modeladas eligiendo adecuadamente los parámetros y los valores de costos.

3.5.1. Costo Individual

En esta sección, analizamos el problema de control óptimo desde un punto de vista individual. Nos enfocamos en la perspectiva de un individuo particular inmerso en la población, quien tomará decisiones con el fin de minimizar su costo mientras juega contra toda la población. Este individuo racional busca la mejor respuesta a una estrategia que pensamos fija para la población, y por lo tanto estamos en el contexto de la teoría de los juegos de campo medio,

que proporcionará nuestro contexto, definiciones de equilibrio y resultados de existencia.

Supongamos que la población sigue una estrategia de vacunación global π y agregamos a ella un nuevo individuo. Pensaremos que esta población es lo suficientemente grande como para que el comportamiento de este nuevo individuo no afecte su evolución, por lo tanto la dinámica poblacional sigue estando descrita por las ecuaciones (3.42) desarrolladas en la sección anterior, que notaremos $\dot{x} = \varphi(x, \pi)$. Además, denotaremos $\tilde{\pi}$ a la estrategia de vacunación del nuevo individuo y $\tilde{x} = (\tilde{S}_t, \tilde{I}_t, \tilde{R}_t, \tilde{V}_t)$ la distribución de probabilidades que representa su estado.

Supongamos que el nuevo individuo es susceptible y tiene grado k , entonces vale

$$\tilde{S}_t = \alpha_t^k \tilde{\theta}^{\xi(k)},$$

donde

$$\tilde{\theta}_t = e^{-\int_0^t \tilde{\pi}_s ds},$$

tiene la misma interpretación que antes, pero esta vez dependiendo de las aristas que lo conectan con la población infectada y de su propia estrategia de vacunación $\tilde{\pi}$. Así, su estado estará determinado por el sistema $\dot{\tilde{x}} = f_0(x, \tilde{x}, \pi, \tilde{\pi})$ explicitado a continuación:

$$\left\{ \begin{array}{l} \dot{\tilde{\theta}} = -\tilde{\pi}\tilde{\theta} \\ \dot{\tilde{I}} = -\gamma\tilde{I} + rp^I\alpha g'(\alpha, \tilde{\theta}) \\ \dot{\tilde{V}} = \tilde{\pi}\tilde{\theta}\partial_\alpha g(\alpha, \tilde{\theta}) \\ \dot{\alpha} = -rp^I\alpha \\ \dot{\theta} = -\pi\theta \\ \dot{I} = -\gamma I + rp^I\alpha\partial_\alpha g(\alpha, \theta) \\ \dot{V} = \pi\theta\partial_\theta g(\alpha, \theta) \\ p^S = rp^I p^S \left(1 - \frac{\alpha\partial_{\alpha\alpha} g(\alpha, \theta)}{\partial_\alpha g(\alpha, \theta)} \right) - \pi p^S - p^S\theta\pi \frac{g(\alpha, \theta)}{\partial_\alpha g(\alpha, \theta)} \\ p^I = -\gamma p^I + rp^I p^S \frac{\alpha\partial_{\alpha\alpha} g(\alpha, \theta)}{\partial_\alpha g(\alpha, \theta)} - rp^I(1 - p^I) \\ p^V = rp^I p^V + p^S\theta\pi \frac{g(\alpha, \theta)}{\partial_\alpha g(\alpha, \theta)}. \end{array} \right. \quad (3.47)$$

Consideramos un funcional de costo muy similar a los propuestos en gran parte de la literatura sobre el tema [52, 62, 68], que contiene un término lineal en la tasa de vacunación $c_V\pi_t$, donde c_V podría depender tanto de

los costos de la vacuna como de posibles efectos secundarios; y un término modelando el costo asociado a infectarse, por unidad de tiempo, que también puede incluir la pérdida que podría implicar no poder trabajar, los costos de tratamiento y consulta médica, e incluso se puede modelar aquí la severidad de la enfermedad, sus posibles secuelas o fallecimiento. Dicho esto, el costo que el nuevo individuo quiere minimizar está definido por:

$$\tilde{C}_t(\pi, \tilde{\pi}) = \int_t^T c_I \tilde{I}_s + c_V \tilde{\pi}_s \alpha_t^k \tilde{\theta}^{\xi(k)} ds. \quad (3.48)$$

Así, le nuevo agente busca la mejor respuesta a la estrategia π , es decir, quiere jugar $BR(\pi) \in \arg \min_{\tilde{\pi}} \tilde{C}_t(\pi, \tilde{\pi})$. El mínimo se toma sobre el conjunto

$$\Pi = \{\tilde{\pi} : [0, T] \rightarrow [0, \nu] \text{ bounded and measurable}\},$$

que es compacto para la topología débil. Esto implica que $BR(\pi)$ es no vacío, dado que cualquier sucesión decreciente tendrá un límite.

En el Teorema 2 de [67], los autores muestran que si la dinámica y los costos son funciones continuas de las variables involucradas entonces siempre existe un equilibrio *mean-field* para estos juegos; luego, la existencia de solución para nuestro problema se sigue de este resultado, puesto que el costo es lineal en I , la función g es analítica, y las tasas de transición para el nuevo individuo dependen linealmente de p^I o son constantes para una π fija.

Aunque este resultado garantiza la existencia de un equilibrio, computaremos la estrategia de mejor respuesta para cualquier π jugada por la población analizando el problema como uno de Decisión Markoviana a tiempo continuo con horizonte finito.

Denotamos $J_S(t)$, $J_I(t)$ los costos óptimos comenzando a tiempo t en estado Susceptible e Infectado, respectivamente. El costo óptimo J y la estrategia $\tilde{\pi}^*$ que lo realiza satisfacen la siguiente ecuación de optimalidad de Hamilton-Jacobi-Bellman [69]:

$$\begin{cases} J_S(T) = J_I(T) = 0 \\ -\dot{J}_S(t) = \inf_{\tilde{\pi}} \left[\tilde{\pi} \tilde{\theta}^{\xi(k)} (c_V - J_S(t)) + p_t^I r k (J_I(t) - J_S(t)) \right] \\ -\dot{J}_I(t) = c_I - \gamma J_I(t) \\ \tilde{\pi}^* = \arg \min_{\tilde{\pi} \in \tilde{\Pi}} \left[\tilde{\pi} \tilde{\theta}^{\xi(k)} (c_V - J_S(t)) + p_t^I r k (J_I(t) - J_S(t)) \right]. \end{cases} \quad (3.49)$$

La ecuación explica cómo las transiciones de estado y sus tasas impactan en el costo esperado de le agente minimizante. Por ejemplo, la segunda ecuación dice que buscamos la estrategia que un cambio de Susceptible a Vacunado,

por el que se deja de pagar J_S para pagar c_V (y que sucede a tasa $\tilde{\pi}\tilde{\theta}^{\xi(k)}$) sea conveniente frente al riesgo de infectarse y pagar J_I (con tasa $p_t^I r k$).

Tenemos el siguiente resultado:

Proposición 14. *Sea $\tilde{\pi}^*$ la estrategia de un agente de grado k que realiza el costo óptimo J . Entonces, $\tilde{\pi}^* = \nu \mathbf{1}_{[0, \tau]}(t)$ para algún $\tau \in [0, T]$.*

Demostración. Probaremos que la estrategia óptima es constantemente la tasa máxima de vacunación hasta cierto tiempo τ , y después de ese instante, la estrategia óptima es no vacunar (o hacerlo a tasa cero). Observemos que los costos asociados a dos estrategias iguales salvo en un conjunto de medida cero son idénticos, por lo tanto, tenemos unicidad en este sentido.

Podemos ver de (3.49) que

$$J_I(t) = \frac{c_I}{\gamma}(1 - e^{\gamma(t-T)}).$$

Luego J_I decrece de $J_I(0) = \frac{c_I}{\gamma}(1 - e^{-\gamma T})$ a $J_I(T) = 0$.

Observemos también que si $J_S(t) > c_V$ entonces $\tilde{\pi}(t) = 0$. Como $J_S(T) = 0$ y los costos son continuos, $J_S(T) = 0$ por lo tanto, si llamamos τ el primer instante en que J_S está por debajo de c_V , tenemos que $J_S(t) \leq J_I(t)$ para todo $\tau \leq t \leq T$, tal que el segundo término en la segunda ecuación de (3.49) es no negativo. Si J_S no cruza nunca c_V , entonces basta tomar $\tau = 0$.

Más aún, si el costo asociado a permanecer susceptible es más grande que el costo de vacunarse, la derivada de J_S será todavía más pequeño. Así, $J_S(t) \leq J_I(t)$ para todo $0 \leq t \leq T$ y por lo tanto J_S decrece siempre después de τ . Esto concluye la prueba. \square

Remarquemos que el costo óptimo depende del grado k de le agente, por lo tanto $\tilde{\pi}_t^*$ es en realidad $\tilde{\pi}_t^{*k}$. Si suponemos que $\xi(k)$ es decreciente en k , significando que nodos con más contactos tienen más incentivo a vacunarse, entonces la derivada de $J_S(t, k)$ es siempre mayor que la derivada de $J_S(t, j)$ cuando k sea mayor a j . Además, ambos J_S y J_I son iguales al comienzo de la propagación de la enfermedad si la proporción inicial de infectados es suficientemente pequeña. Luego, el valor del umbral de salto τ_k será mayor que τ_j . Esto se resume en lo siguiente:

Proposición 15. *Sea $\pi_t^{*k} = \nu \mathbf{1}_{[0, \tau_k]}(t)$ la estrategia de vacunación óptima para un individuo de grado k . Entonces $\tau_k > \tau_j$ siempre que $k > j$.*

Esencialmente, aquellos nodos con mayor grado deberán sostener el proceso de vacunación potencialmente durante más tiempo.

3.5.2. Óptimo Social

En esta sección consideramos el problema de vacunación óptima desde la perspectiva de un agente central que toma decisiones teniendo en cuenta a toda la población. El sistema que este agente intentará controlar viene dado en la forma $\dot{x} = \varphi(x, \pi)$ como en (1.1).

Dada una condición inicial (s, y) consideramos el problema general de optimización:

$$\text{minimizar : } J(s, y, \pi) = \int_s^T L(x(t), \pi(t))dt + \Psi(x(T)), \quad (3.50)$$

Donde L es el funcional de costo instantáneo, Ψ el costo final, y las variables de estado x depende del tiempo, del control y de la condición inicial. El mínimo se toma sobre el conjunto de controles admisibles Π que es el conjunto de funciones medibles $\pi : [0, T] \rightarrow [0, \nu]$.

Siguiendo el Método de Programación Dinámica, el control óptimo puede caracterizarse por una función de valor $V(s, y) := \inf_{\pi \in \Pi} J(s, y, \pi)$, pero la teoría clásica no admite funciones de control discontinuas. Es por eso que comenzaremos verificando las hipótesis que nuestro modelo debe satisfacer para asegurarnos existencia y unicidad de control óptimo, basandonos en resultados más generales sobre teoría de soluciones viscosas [63, 64]. Gracias a esto, para el caso de control óptimo podremos igualmente aplicar una versión del Principio del Máximo de Pontryagin que admite hipótesis menos restrictivas.

De acuerdo con el Lema 9.2 en [63] (y enunciado en el Apéndice), los funcionales involucrados deben satisfacer las siguientes hipótesis:

$$\begin{aligned} |\varphi(x, \pi)| &\leq C, & |\varphi(x_1, \pi) - \varphi(x_2, \pi)| &\leq C|x_1 - x_2|, \\ |L(x, \pi)| &\leq C, & |\Psi(x)| &\leq C, \\ |L(x_1, \pi) - L(x_2, \pi)| &\leq C|x_1 - x_2| & |\Psi(x_1) - \Psi(x_2)| &\leq C|x_1 - x_2|, \end{aligned} \quad (3.51)$$

para todo $x_1, x_2 \in \mathbb{R}^7$, y $\pi \in \Pi$, para alguna constante C . Bajo estas hipótesis, la función V es acotada, Lipschitz continua, y puede ser caracterizada como la única solución viscosa de una ecuación de Hamilton-Jacobi.

Dado que la dinámica de la epidemia satisface estas suposiciones para φ , hasta donde llega nuestro conocimiento, la condición más general que podemos pedirle a los funcionales de costo para obtener solución es que sean Lipschitz en la variable de estado y acotados, permitiéndonos modelar un amplio rango de situaciones de la realidad.

Como caso particular, e inspirados en el problema de optimización individual, definimos el costo:

$$L_1(x, \pi) = c_I I_t + c_V \pi_t g(\alpha_t, \theta_t). \quad (3.52)$$

Estos funcionales de costo o versiones similares pueden encontrarse también en la literatura antes mencionada [48, 52, 62, 68].

Podemos chequear fácilmente que nuestro entorno de modelado verifica las hipótesis (3.51), mediante cálculos simples, acotando el segundo término gracias a la regularidad de g y el Teorema de Valor Medio.

Luego, dada la condición inicial $x(0) = x_0$, sea $t \mapsto x^*(t) = x(t, \pi^*)$ la trayectoria óptima que corresponde al control óptimo π^* . Siguiendo los Teoremas 7.18 y 11.27 en [64], existen una aplicación absolutamente continua $t \mapsto p(t) \in \mathbb{R}^7$ llamada vector adjunto, y un escalar $p_0 \geq 0$, tales que (p, p_0) es no trivial y tales que para casi todo $t \in [0, T]$:

$$\begin{cases} \dot{x}^* = \varphi(x^*, \pi^*), \\ x(0) = x_0, \\ \dot{p}^* = -\frac{\partial H}{\partial x}(x^*, p^*, \pi^*), \\ p^*(T) = 0, \\ \pi^* = \operatorname{argmin}_{\pi} H(x^*, p^*, \pi), \end{cases} \quad (3.53)$$

donde el Hamiltoniano del sistema es $H = p_0 L_1 + p\varphi$.

Resumiendo, tenemos el siguiente resultado.

Proposición 16. *Sea π^* la estrategia que minimiza (3.50) para los funcionales de costo definidos arriba. Entonces π^* toma valores en $\{0, \nu\}$.*

Demostración. Si escribimos la ecuación que satisface π^* obtenemos

$$\begin{aligned} \pi^* = \operatorname{argmin} \left\{ \left(p_0 c_V g(\alpha^*, \theta^*) - p_2^* \theta^* + \right. \right. \\ \left. \left. + p_4^* \theta^* \partial_{\theta} g(\alpha^*, \theta^*) - p_5^* p^{S^*} + (p_7^* - p_5^*) p^{S^*} \theta^* p^{S^*} \frac{\partial_{\alpha \theta}(\alpha^*, \theta^*)}{\partial_{\alpha g}(\alpha^*, \theta^*)} \right) \pi \right\} \end{aligned} \quad (3.54)$$

que es una función lineal en π con coeficiente principal ρ^* . Como estamos minimizando sobre $\pi \in [0, \nu]$ podemos concluir que

$$\pi_t^* = \begin{cases} \nu & \text{si } \rho^*(t) < 0 \\ 0 & \text{si } \rho^*(t) > 0, \end{cases} \quad (3.55)$$

y esto termina la prueba. \square

Dado que es imposible resolver analíticamente el sistema (3.53), puede ser útil aplicar el método de *Forward-Backward Sweep* presentado en [70] para

entender el comportamiento de ρ^* . De (3.51) podemos deducir que $\rho^*(T) > 0$ indicando que la tasa de vacunación debe ser cero después de cierto momento.

Del mismo modo que en la sección anterior, la estrategia óptima de vacunación es de tipo *threshold*, en el sentido de que la vacunación debe desarrollarse con esfuerzo máximo (a tasa máxima) y en caso contrario no debe vacunarse.

Este resultado puede ser explicado mediante la intuición de que los agentes van a vacunarse siempre que el costo asociado a la vacuna sea menor al costo potencial de enfermarse, teniendo en cuenta la probabilidad de contraer la infección en algún momento desde que empieza a propagarse. De todos modos, queremos remarcar que una caracterización cuantitativa para el cambio de régimen depende del comportamiento total de la propagación epidémica, algo que sólo puede ser resuelto calculando ecuaciones de Bellman y usando la teoría de Programación Dinámica que resuelve de atrás para adelante (o adivinando el futuro).

3.6. Conclusiones Fenomenológicas y Análisis Epidémico

Dados los costos y la tasa máxima de vacunación, los resultados que obtuvimos nos permiten entender qué políticas combinarán efectividad para inmunizar a la población y al menor costo. Observemos que es natural suponer que existe una cota superior para la tasa de vacunación que puede devenir de la organización de un plan de vacunación y de factores económicos.

Al mismo tiempo, conociendo la tasa de contagio efectivo de la enfermedad r y su tasa de recuperación γ , el presupuesto destinado para la vacunación (representado en ν) y teniendo en cuenta la conectividad de la población, buscaremos la estrategia óptima.

En modelos SIR de campo medio usuales existen dos situaciones posibles: por encima de cierto valor crítico que depende de la razón $\frac{r}{\gamma}$, la enfermedad va a propagarse y el número final de infectados será una fracción de la población incluso cuando el número inicial de infectados ε sea arbitrariamente pequeño. Por encima de este valor crítico, el tamaño final de la epidemia (i.e., la cantidad de recuperados al final) se mantendrá proporcional a ε .

En nuestro problema, éste valor crítico puede ser descrito en términos de la conectividad del grafo a través de la esperanza de la distribución *size-biased*. Tenemos que el número de infectados nuevos en un intervalo temporal pequeño es proporcional a la cantidad p^I . El valor crítico que describe si habrá

3.6. CONCLUSIONES FENOMENOLÓGICAS Y ANÁLISIS EPIDÉMICO 85

una epidemia o no está determinado por la siguiente ecuación:

$$0 = \dot{p}_t^I|_{t=0} = (-\gamma p_t^I + p_t^I r p_t^S \frac{\alpha_t \partial_{\alpha\alpha} g(\alpha_t, \theta_t)}{\partial_{\alpha} g(\alpha_t, \theta_t)} - r p_t^I (1 - p_t^I))|_{t=0}.$$

Si tomamos una proporción ε de la población que comiencen infectades, entonces tendremos las siguientes cantidades al comienzo:

$$I_0 = \varepsilon, \quad S_0 = 1 - \varepsilon, \quad p_0^I = \frac{\varepsilon}{1 - \varepsilon}, \quad \text{and} \quad p_0^S = \frac{1 - 2\varepsilon}{1 - \varepsilon}. \quad (3.56)$$

Si asumimos que $\varepsilon \ll 1$, después de cuentas simples obtenemos:

$$r \left(\frac{\partial_{\alpha\alpha} g(1, 1)}{\partial_{\alpha} g(1, 1)} - 1 \right) > \gamma. \quad (3.57)$$

Como mencionabamos anteriormente, $\frac{\partial_{\alpha\alpha} g(1, 1)}{\partial_{\alpha} g(1, 1)}$ es la esperanza de la distribución *size-biased*, que representa el grado medio de una vecine aleatorio en la red, y que serían las nueves infectades. Restando uno a ese valor (la enfermedad continuará por una arista diferente a aquella por la que llegó) obtenemos el grado saliente esperado, que representa la cantidad de contactos a los que le nueve infectade podría contagiar. Por lo tanto, la ecuación (3.57) establece que habrá una propagación epidémica si la tasa total de infección es mayor que la tasa de recuperación. Podemos reescribir esta expresión y recuperar el valor crítico planteado en Prop 6.1 de [9]:

$$R_0 = \frac{r}{r + \gamma} \frac{\partial_{\alpha\alpha} g(1, 1)}{\partial_{\alpha} g(1, 1)} > 1.$$

Escribiendo esto en términos de la transmisibilidad $T = \frac{r}{r + \gamma}$ (i.e., la probabilidad de que se produzca una infección dado un contacto entre una susceptible y una infectade) obtenemos la fórmula establecida en [13] para el valor crítico epidémico.

Finalmente, para las estrategias óptimas que encontramos en la sección anterior, analizamos el impacto del proceso de vacunación en términos del tamaño de la epidemia (el número final de recuperades), mostrando que la disminución de la población susceptible se puede describir a través de la función generadora de la red, la proporción de aristas IS y la tasa de vacunación, a través de una fórmula sencilla.

Siguiendo a Miller [47], calculamos primero α_{∞}^k , la probabilidad de que un nodo susceptible u aleatoriamente elegido y con grado k nunca se enferme. Lo hacemos basades en la transmisibilidad $T = \frac{r}{r + \gamma}$, que puede interpretarse

aquí como la probabilidad de que alguna de las aristas que conectan a u con una infectada le transmita efectivamente la enfermedad.

La probabilidad de que este vecino nunca se infecte, dado que u no le transmitió la enfermedad, es $T \left(1 - \frac{\partial_\alpha g(\alpha_\infty, \theta_\infty)}{\partial_\alpha g(1, 1)}\right)$ puesto que el grado de este vecino sigue la distribución *size-biased*. Luego, la probabilidad de que esa arista no represente nunca un contacto infeccioso para u resuelve la siguiente ecuación de punto fijo:

$$\alpha_\infty = 1 - T + T \frac{\partial_\alpha g(\alpha_\infty, \theta_\infty)}{\partial_\alpha g(1, 1)}. \quad (3.58)$$

Tenemos el siguiente resultado para el caso en que la vacunación es proporcional al grado:

Proposición 17. Si $\pi_t = \nu \mathbb{1}_{[0, \tau]}(t)$ y $\xi(k) = k$, tomando:

$$\lambda(\tau) = \frac{\int_0^\tau \pi_t dt}{\int_0^\tau \pi_t + r p_t^I dt},$$

obtenemos:

$$R_\infty = S_0 - \psi(\alpha_\infty e^{-\tau\nu}) + \lambda(\tau)(g(\theta_\tau \alpha_\tau) - 1).$$

Demostración. Después de algunos cálculos básicos sabemos que:

$$\theta_\infty = e^{-\tau\nu}.$$

Ahora podemos calcular la probabilidad de que un nodo inicialmente susceptible se mantenga en ese estado durante toda la propagación epidémica, es decir que no se enferme ni se vacune:

$$S_\infty(k) = \theta_\infty^{\xi(k)} \alpha_\infty^k = \alpha_\infty^k e^{-\tau\nu}.$$

Con esto,

$$S_\infty = \sum_k \mu_0^S(k) \theta_\infty^{\xi(k)} \alpha_\infty^k = g(\alpha_\infty, e^{-\tau\nu}).$$

Para computar el número final de recuperados, primero debemos calcular la cantidad final de vacunados. Esto puede pensarse como una carrera de exponenciales con tasas no homogéneas. Por lo tanto, la probabilidad de que un nodo de grado k nunca se vacune es:

$$V_\infty(k) = \frac{\lambda_k^\pi(\tau)}{\lambda_k^\pi(\tau) + \lambda_k^I(\tau)} (1 - e^{-\tau\nu \xi(k)} \alpha_\tau^k),$$

donde $\lambda_k^\pi(t) = \int_0^t \xi(k) \pi_s ds$ y $\lambda_k^I(t) = \int_0^t r k p_s^I ds$. Con esto, $V_\infty = \sum_k \mu_0^S(k) V_\infty(k)$, y por lo tanto el tamaño de la epidemia es $R_\infty = 1 - S_\infty - V_\infty$. El caso en

que la vacunación es proporcional al grado, $\xi(k) = k$, puede describirse a con la función generadora de los grados iniciales de los susceptibles. Tomando

$$\lambda(\tau) = \frac{\lambda_k^\pi(\tau)}{\lambda_k^\pi(\tau) + \lambda_k^I(\tau)} = \frac{\int_0^\tau \pi_t dt}{\int_0^\tau \pi_t + rp_t^I dt},$$

une puede escribir:

$$V_\infty = \sum_k \lambda(\tau) [1 - (\theta_\tau \alpha_\tau)^k] \mu_0^S(k) = \lambda(\tau) S_0 - \lambda(\tau) \psi(\theta_\tau \alpha_\tau).$$

Por otro lado, α_∞ es el punto fijo de $\alpha_\infty = 1 - T + T\psi'(\alpha_\infty e^{-\tau\nu})/\psi'(1)$ y $S_\infty = \psi(\alpha_\infty e^{-\tau\nu})$. Esto concluye la prueba. \square

En ésta fórmula podemos observar la fuerte dependencia del modelo en la red a partir de la función g (o ψ) y en la tasa máxima de vacunación, pudiendo reducir (exponencialmente en $\tau\nu$ a través de g y ψ respectivamente) la propagación de la enfermedad. Además, como la tasa máxima de vacunación puede relacionarse con el presupuesto de vacunación de le tomadore de decisiones, puede analizarse qué tan efectiva podría ser un programa de vacunación.

3.7. Conclusión

En este capítulo consideramos una generalización de un modelo SIR en un grafo infinito agregando una estrategia de vacunación. Las variables que describen la epidemia son determinadas por un proceso de contacto markoviano donde los individuos presentan una heterogeneidad producto de la cantidad de conexiones que tienen, siendo que las políticas de vacunación dependen de esto.

Planteamos un sistema de ecuaciones infinito que describe la evolución de la epidemia y el proceso de vacunación y demostramos que se satisface como límite de un proceso microscópico a través de un escalamiento adecuado, pudiendo reducirlo posteriormente a un sistema de siete ecuaciones que modela la dinámica SIRV.

Hecho esto planteamos problemas de control óptimo para estrategias de vacunación generales, mostrando existencia y unicidad de solución bajo hipótesis poco restrictivas. Además caracterizamos estas soluciones óptimas como de tipo *threshold*.

Para éste tipo de estrategias computamos el impacto de la vacunación en términos del tamaño de la epidemia, descrito como una ecuación de punto

fijo que involucra a la función g (o ψ), el tiempo durante el cual se desarrolla la vacunación, la tasa máxima de vacunación y la proporción de aristas IS.

Concluiremos el análisis en el próximo Capítulo, donde estudiamos cuatro redes particulares con sus coeficientes de centralidad, relacionándolas con el indicador epidémico R_0 . Dados los parámetros del problema, resolveremos numéricamente el sistema de ecuaciones hallado para el caso de la vacunación constante y el de la proporcional al grado, en redes con el mismo grado medio y con el mismo R_0 . Esto nos permitirá observar que en las redes que describen mejor la interacción entre individuos el nivel de infección puede ser significativamente diferente que en modelos donde los agentes son homogéneos.

Capítulo 4

Simulaciones y Análisis Fenomenológico

4.1. Resolución numérica del modelo SIRV

Actualmente, el desarrollo de vacunas suele ser posterior a la aparición de una enfermedad. En muchos casos, es a través del valor R_0 y los tiempos estadísticos de recuperación que pueden estimarse los parámetros asociados a la enfermedad. A partir de la probabilidad con la que se produce una infección en un contacto S-I, la cantidad de encuentros en una unidad de tiempo y el período de infecciosidad, el cociente $\frac{\partial_{\alpha\alpha}g(1,1)}{\partial_{\alpha}g(1,1)}$ puede ser inferido de la fórmula (1.2).

En ésta sección fijamos los parámetros de la enfermedad y simulamos su propagación junto con el proceso de vacunación. Lo hacemos para los casos $\xi(k) = ak + b$ resolviendo numéricamente el sistema de ecuaciones (3.45).

Spondremos, a partir de nuestros resultados, que la estrategia de vacunación es de la forma $\pi_t = \nu \mathbb{1}_{[0,\tau]}$ en el período temporal $[0, T]$, siendo el costo global de optimización:

$$C(\pi) = C(\tau) = \int_0^T c_I I_t + c_V \nu \mathbb{1}_{[0,\tau]} \phi_t \psi(\beta_t) dt.$$

Recordemos que un agente de grado k va a vacunarse a tasa $(ak + b)\nu$ durante $[0, \tau]$, y que esto se encuentra modelado en la función generadora ψ .

De este modo, el problema de optimización se reduce a encontrar $\tau^* = \arg \min_{\tau} C(\tau)$, y lo hacemos corriendo una integración numérica que barre estos valores, seleccionando el tiempo crítico (*threshold*) que minimiza este costo.

Para poder comparar las políticas de vacunación constante y proporcional al grado, establecemos $a = 1$ y $b = \psi'(1)$, el grado medio de los nodos, para obtener la misma tasa de vacunación global en ambos casos.

Como mostramos en la Sección 3.4, para poblaciones grandes el modelo de campo medio se corresponde con tomar una distribución de grados Poisson. En [14], los autores establecen que esta distribución no es muy realista para el modelado de contactos, y proponen usar una distribución bimodal en la que una proporción p de la población sigue una ley Poisson de media C y el resto una delta- L . Si el total de la población sigue distribución delta, entonces el grafo asociado se llama regular. Otras propuestas para la distribución de grados pueden encontrarse en [13, 71, 72], en particular destaca la ley de potencias, presente en varias redes sociales complejas [73, 74, 75, 76].

Por lo tanto, proponemos estudiar cuatro redes distintas de tamaño $N = 10000$, asociadas a sus correspondientes funciones generadoras para la distribución de grados. Elegimos cuidadosamente los parámetros para que las cuatro tengan el mismo grado medio $\psi'(1) = 5$:

- (a) Poisson: los grados se distribuyen según una variable aleatoria $\mathcal{P}(\lambda)$ con parámetro $\lambda = 5$, obteniendo $\psi(z) = e^{5(z-1)}$.
- (b) Bimodal: una proporción $p = 4/5$ de los nodos tiene grado $\mathcal{P}(3)$ y el resto sigue una distribución delta de parámetro $L = 13$, luego $\psi(z) = pe^{3(z-1)} + (1-p)z^{13}$.
- (c) Regular: todos los nodos tienen grado 5, $\psi(z) = z^5$.
- (d) Power Law: la probabilidad de que un nodo tenga k viene dada por $p_k = \frac{k^{-\alpha} e^{-k/\kappa}}{Li_\alpha(e^{-1/\kappa})}$ para k en \mathbb{N} , $\alpha = 1,474$ y $\kappa = 100$, resultando $\psi(z) = \frac{Li_\alpha(z)(ze^{-1/\kappa})}{Li_\alpha(e^{-1/\kappa})}$ donde $Li_s(z)$ es el s -polilogaritmo de z . Consideramos un *cut-off* exponencial alrededor de $\kappa = 100$ para tener momentos finitos.

Trabajos previos indican que la estructura puede hacer una gran diferencia para la propagación o erradicación de la enfermedad gracias a la existencia de nodos de alto grado (*hubs*) que podrían jugar tanto el rol de super-propagadores como desconectar la red si se vacunacen a tasas altas [9]. Para intentar entender esto, resumimos algunas medidas de centralidad de los grafos generados.

Utilizamos el paquete de python, `networkx` para crear el grafo y calcular sus coeficientes de centralidad [77], y resolvemos el sistema (3.42) mediante el método Runge-Kutta 4.

Podemos ver de las imágenes en Figura 4.1 que la red Bimodal tiene típicamente más nodos de grado alto que la Poisson (con la misma media), aunque

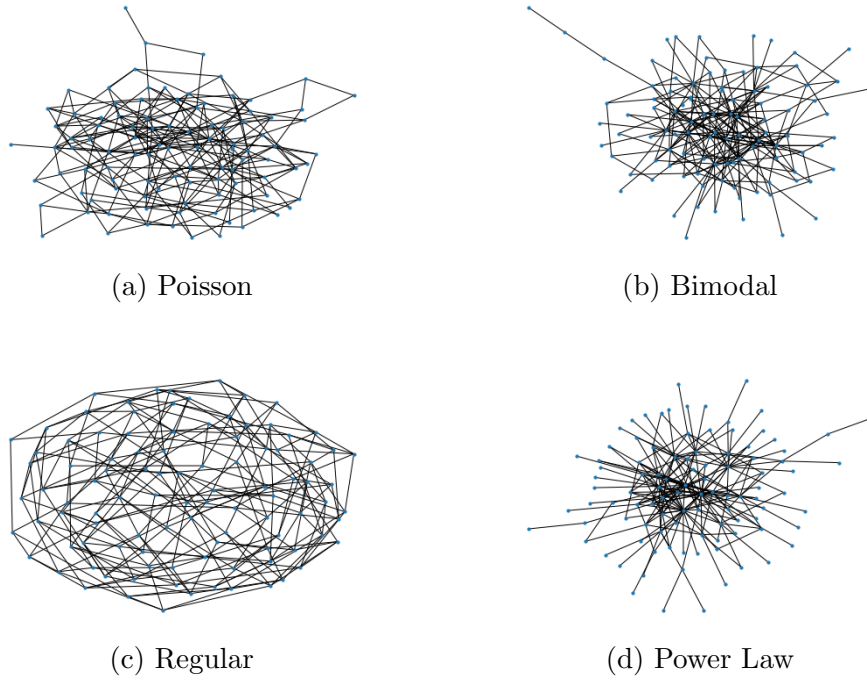


Figura 4.1: Ejemplos de los grafos cuando $N = 100$ para el mismo grado medio $\psi'(1) = 5$.

menos que la red distribuida Power Law, en acuerdo con los resultados expuestos en [14].

Fijamos los parámetros de la enfermedad $r = 3$ y $\gamma = 1$, y miramos el Número Básico de Reproducción (R_0) en la Tabla 4.1. Las redes (b) y (d) tienen un valor más alto debido al grado saliente esperado asociado a la distribución *size-biased*.

Graph	$\psi''(1)$	R_0
(a) Poisson	25	3.75
(b) Bimodal	61.5	5.76
(c) Regular	20	3.0
(d) Power-Law	80.31	12.03

Cuadro 4.1: Valores de la red

Algunos parámetros típicos de las redes sociales complejas son el coeficiente de *clustering*, que indica la tendencia de un nodo a formar clústers, y el coeficiente de *betweenness*, que mide la presencia de un nodo en los caminos

que conectan diferentes nodos [78]. Ambos juegan un rol importante en la propagación de una enfermedad, el primero debido al contagio potencial que implican grandes grupos de nodos conectados, y el segundo porque implica una conexión rápida entre partes diferentes de la red. Además, el coeficiente de *closeness* mide qué tan lejos entre sí están los nodos, ver [79].

Definiciones más precisas de estos coeficientes podrían ser:

- La centralidad *betweenness* de un nodo v es la suma de la proporción sobre el total de caminos de longitud mínima que pasan por v .
- La densidad para grafos no dirigidos es $\frac{2m}{n(n-1)}$, donde n es el total de nodos y m el número total de aristas.
- El coeficiente de *clustering* de un nodo v es la fracción de triángulos que contienen a ese nodo que efectivamente existen.
- La *closeness* de un nodo v es el inverso multiplicativo de la distancia promedio por caminos hacia v desde todos los $n - 1$ nodos.

Ver [15] para más detalles.

En la Tabla 4.2 mostramos los valores promedios para estos cuatro coeficientes sobre instancias de redes de 10^4 nodos. Podemos observar que la densidad, que está relacionada con el grado promedio, es similar en todos los casos. Sin embargo, hay diferencias considerables entre los coeficientes de *clustering* promedio y para la *betweenness*.

Grafo	Betweenness $\times 10^4$	Densidad $\times 10^4$	Clustering $\times 10^4$	Closeness
(a) Poisson	4.83	5.00	4.80	0.168
(b) Bimodal	3.77	5.06	11.46	0.18
(c) Regular	5.36	5.00	3.54	0.157
(d) Power Law	3.34	5.03	28.69	0.20

Cuadro 4.2: Coeficientes promedio para las redes estudiadas.

En la Figura 4.10, presentamos tres experimentos diferentes para el grafo con distribución Bimodal con diferentes costos de optimización y tasas de vacunación, para las estrategias de vacunación constante (abreviada Const) y proporcional al grado (abreviada Deg). Graficamos el costo total, el número final de vacunados y el tamaño de la epidemia como función del *threshold* de vacunación τ , obteniendo el mismo comportamiento y forma de las curvas

en todos los casos: la población final vacunada decrece con τ y los costos disminuyen hasta el óptimo.

De la optimización que mostramos en Figura 4.10 podemos ver que el tamaño de la epidemia decrece notablemente con respecto al caso sin vacunación, que se corresponde a $\tau = 0$. Por otro lado, observemos que la curva del tamaño de la epidemia se ameseta alrededor del valor τ^* que minimiza el costo, indicando que no tendría sentido continuar con un programa de vacunación: el costo final sería mayor y la cantidad de infectados no decrecerá por más que haya más vacunados.

En la Figura 4.2, presentamos los resultados de las simulaciones para las variables S , I , R y V cuando $\nu = 0,2$, $c_V = 10$ y $c_I = 50$, el *threshold* de vacunación es obtenido resolviendo el problema de optimización antes mencionado.

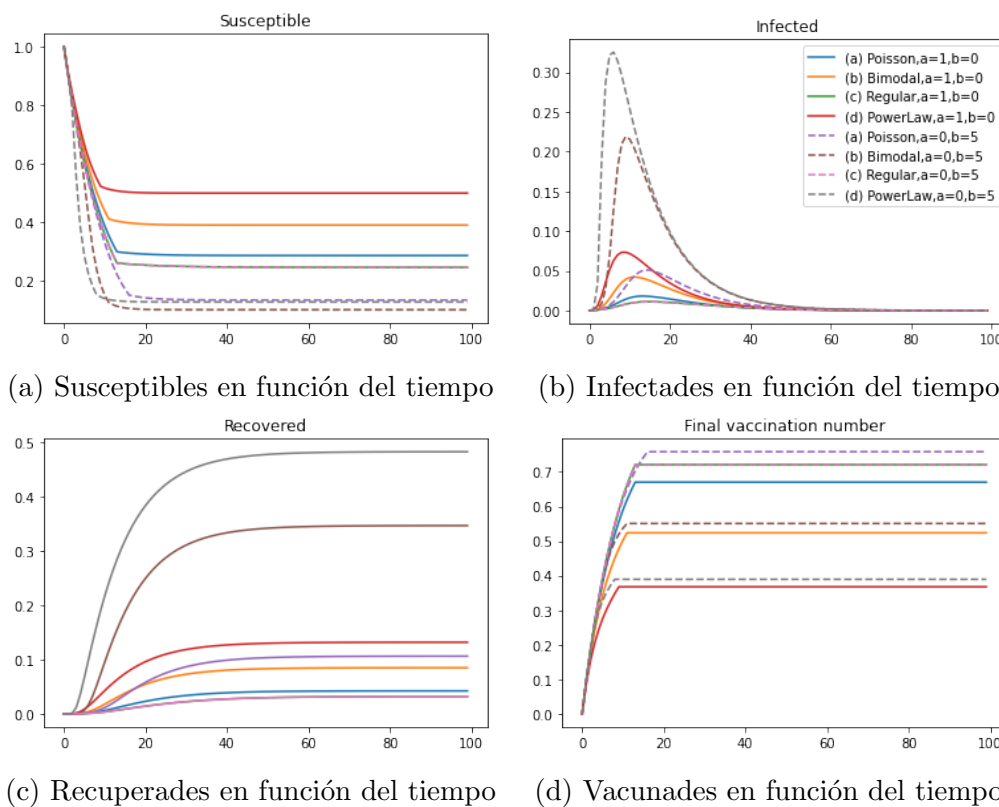


Figura 4.2: Indicadores de la evolución de la epidemia. Integración numérica del sistema 3.45 con $\xi(k) = ak + b$, líneas sólidas para $\xi(k) = k$ (vacunación proporcional al grado) y punteada para $\xi(k) = 5$ (vacunación constante) en redes con el mismo grado medio 5.

De las ideas expuestas más arriba, esperamos que la propagación de la enfermedad sea más rápida en aquellas redes con un coeficiente de *clustering* y *closeness* más alto y de *betwenness* más bajo.

Comparando la Figura 4.2 con las Tablas 4.1 y 4.2 podemos confirmar que la velocidad de propagación en la red y el número máximo de infectades es mayor en las redes (b) y (d), que presentan un R_0 más alto y los coeficientes se comportan como esperábamos en el párrafo anterior. Más aún, el tamaño de la epidemia en (d) es más grande que en las redes (a) y (c).

Por otro lado, el número final de vacunades es mayor en las redes (a) y (c), casi duplicando el mismo valor para la red (d). Las primeras son las más homogéneas en cuanto a los grados y el proceso de contacto, significando que la tasa de vacunación para diferentes individuos es similar, mientras que (d) tiene un gran número de agentes de grado 1 y una proporción considerable de nodos de alto grado, implicando que las tasas de vacunación son más variables.

Los casos Bimodal y Power Law, que parecen reflejar mejor las interacciones entre personas [73, 74, 75, 76], presentan una propagación de la epidemia más rápida, además de que el número de infectades es mayor. Esto puede tener que ver con la presencia de *hubs*, y la vacunación dependiente del grado parece no ser suficiente para contener la epidemia.

Notemos también que para las redes (b) y (d) tenemos que $R_0 \sim 10$, mientras que la inmunidad de rebaño es alcanzada cuando cerca del 50%-60% de la población está enferma o vacunada. En una red completa, necesitaríamos cerca del 90% de la población recuperada o vacunada. Además, para $R_0 \sim 3 - 4$, necesitamos cerca del 70%-75% en una red completa, mientras que en las redes (a) y (c) la cantidad de agentes vacunades o recuperades sobrepasa el 90% de la población.

Finalmente, presentamos los resultados de la integración numérica para cuatro redes con el mismo $R_0 = 3,75$. Las distribuciones de grados son las mismas que en los experimentos anteriores, pero cambiando adecuadamente los parámetros de conectividad: $\lambda = 5$ para la red Poisson, $\lambda = 3, L = 8, p = 0,73$ para la Bimodal, el grado en la red Regular es 6, y para la Power Law tomamos $\alpha = 2$ con *cut-off* exponencial $\kappa = 20$.

En este caso, la red Power Law (d) es bastante diferente con respecto a las otras. Sus coeficientes de centralidad nos hacen esperar una propagación de la enfermedad todavía más rápida. Ahora el rol de los *hubs* es incluso más relevante, puesto que el cociente $\psi''(1)/\psi'(1)$ es el mismo en las cuatro redes. Esto está resumido en la Tabla 4.3. Podemos esperar también, a partir de la Figura 4.3, que vacunar a los *hubs*, algo que sucederá con tasas más altas, pueda desconectar la red, deteniendo la propagación de la enfermedad.

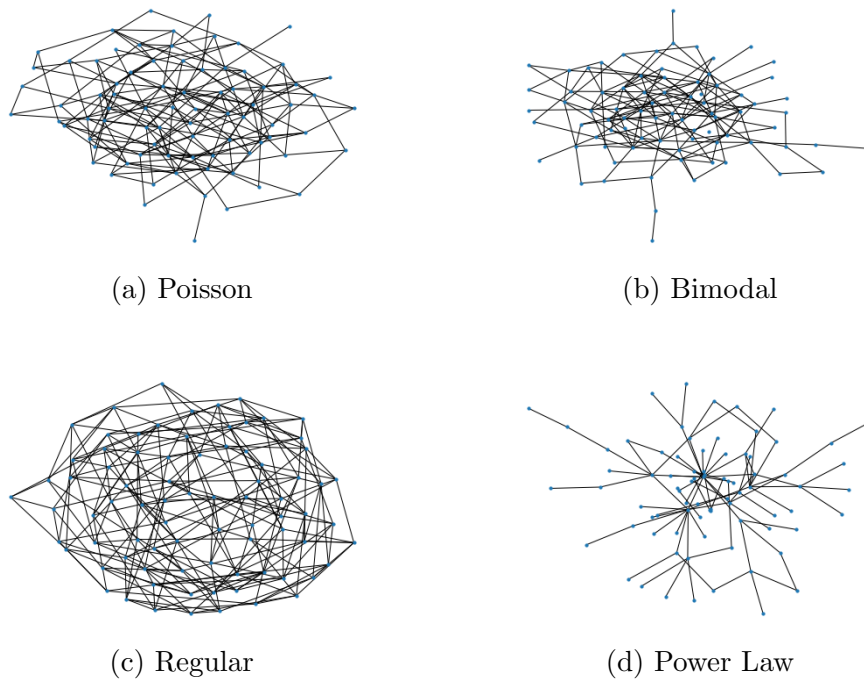


Figura 4.3: Instancias de grafos para $n=80$ para el mismo R_0 .

Efectivamente, en la Figura 4.4 observamos que el tamaño final de la epidemia es sustancialmente menor que en las otras redes y el número final de vacunados es también bastante menor, indicando que en este caso la red que usamos para modelar la realidad juega un papel crucial.

De los ejemplos presentados, podemos observar también que la vacunación proporcional al grado es más efectiva en todos los casos, obteniendo menores números de infectados con una menor cantidad de vacunados, salvo en el caso de la red Regular (c), donde ambas estrategias son la misma porque todos los nodos tienen el mismo grado.

Graph	Betweenness $\times 10^4$	Density $\times 10^4$	Clustering $\times 10^4$	Closeness
(a) Poisson	3.47	4.88	4.92	0.219
(b) Bimodal	3.29	4.38	4.45	0.199
(c) Regular	3.19	5.99	4.22	0.239
(d) Power Law	2.24	2.18	5.68	0.109

Cuadro 4.3: Coeficientes de centralidad promedio para el mismo cociente $\psi''(1)/\psi'(1)$.

4.2. Simulación de eventos discretos basados en agentes

En esta sección presentamos la simulación del modelo SIR con algunas variantes, trabajo en conjunto con Daniel Foguelman, Matthieu Jonckheere y Rodrigo Castro. Utilizamos un formalismo de modelado computacional diseñado para la simulación de eventos discretos (EB-DEVS) [12] que nos permitirá de manera simultánea trabajar con el proceso Markoviano de contacto que construye el grafo de conexiones y la propagación de la enfermedad. Esto es posible porque cada agente seguirá sus propias reglas microscópicas para conectarse, basadas en el grado que le asignamos inicialmente y tendrá sus propios tiempos aleatorios asociados a infecciones y recuperaciones siguiendo los parámetros de la enfermedad, independientemente del resto de los agentes.

Como mencionamos anteriormente, apelaremos al principio de decisiones diferidas [36], que nos permite construir el grafo al mismo tiempo que se propaga la enfermedad, pero explicaremos aquí separadamente como modelamos ambos mecanismos y explicitaremos su implementación, dado que es la primera vez que se utiliza esta herramienta para este tipo de dinámicas epidémicas en grafos.

4.2.1. Red dinámica para el modelo de *Preferential Attachment*

Como discutimos en la sección anterior, muchas redes complejas que describen interacciones sociales presentan una ley libre de escala. El grado de los nodos de redes grandes como pueden ser grafos de contactos o colaboraciones, relaciones biológicas, links entre computadoras, la *World Wide Web*, por mencionar algunas, siguen una distribución de tipo Power Law. Esta parece

4.2. SIMULACIÓN DE EVENTOS DISCRETOS BASADOS EN AGENTES97

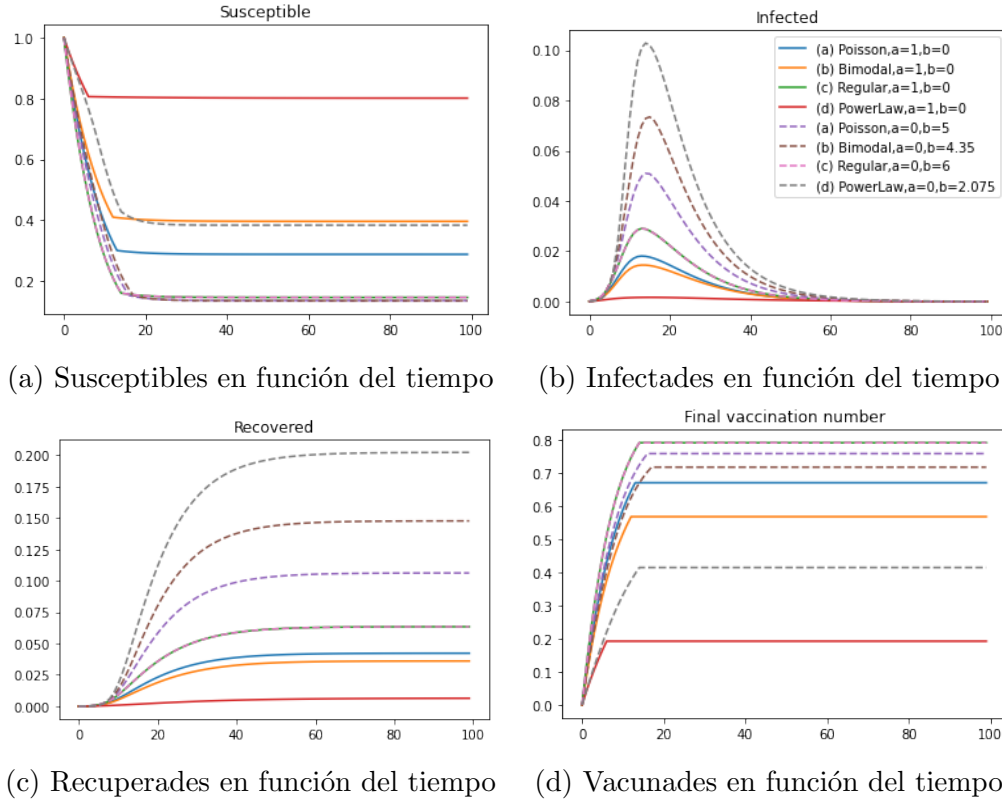


Figura 4.4: Indicadores de la evolución de la epidemia. Integración numérica del sistema 3.45 con $\xi(k) = ak + b$, líneas sólidas para $\xi(k) = k$ (vacunación proporcional al grado) y punteada para $\xi(k) = 5$ (vacunación constante) en redes con el mismo R_0 .

ser una consecuencia de la expansión de la red mediante un mecanismo de *preferential attachment*, en el que los nodos nuevos se conectan de manera preferencial con aquellos nodos existentes que tienen grado más grande. A medida que el sistema evoluciona, eventualmente se comienzan a conformar *hubs*, nodos de grado muy alto, emergiendo una distribución libre de escala para los grados de los nodos. Este comportamiento surge de las reglas de conexión microscópicas en las que el sorteo de los nodos depende de la distribución *size-biased*, presentándose estructuras macroscópicas.

Para simular este proceso, consideramos inicialmente un grafo con dos nodos conectados por una arista, y a cada paso de la simulación agregamos un nodo a la red. Este se conecta con k de los nodos existentes (parametrizado con la variable `CONNECT_TO`) siguiendo la distribución *size-biased*: la probabilidad de que un nodo vecino tenga grado k es $\frac{k p_k}{\sum_{j=1, \dots, n} j p_j}$ siendo p_k la

proporción de nodos existentes de grado k . A partir de esto, la probabilidad de ser elegida como vecina es proporcional al grado, haciendo que los nodos con grado más alto sean elegidos con preferencia. Más aún, los nodos más altos correlacionan con los *hubs*.

Al final, la distribución de grados se distribuye como una ley de potencias: las probabilidades p_k son proporcionales a $k^{-\gamma}$, siendo que la red compuesta por estos nodos que se conectan de manera preferencial tendrá una propiedad libre de escala [80].

Generación de la red libre de escala y comportamiento adaptativo

Por un lado, nos parece interesante del formalismo computacional la estructura dinámica, que nos permite modelar experimentos más complejos como veremos en la sección siguiente. Por otro, nuestra implementación de *preferential attachment* recurre a la capacidad de que haya una causalidad vertical entre las distintas estructuras del sistema, permitiendo la emergencia de propiedades en un nivel más alto: del comportamiento individual de los nodos emerge la propiedad libre de escala de la red. Esta cualidad tiene un valor de por sí dentro de las diferentes herramientas y formalismos de modelado de sistemas complejos.

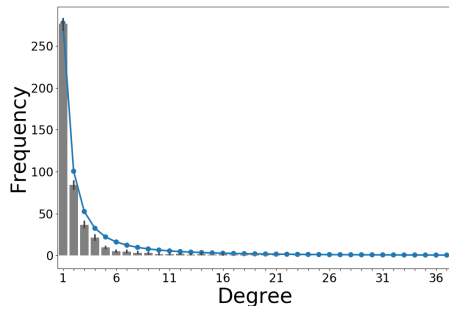
Más aún, con este modelo básico se explicita que el armado de redes dinámicas puede ser expresado con patrones simples, permitiendo implementar situaciones mucho más complejas en las que la estructura de contactos de los agentes se construya junto con la dinámica, en vez de prefijar redes y perder una parte de la aleatoriedad asociada con el *Configuration Model*.

Resultados experimentales y discusión

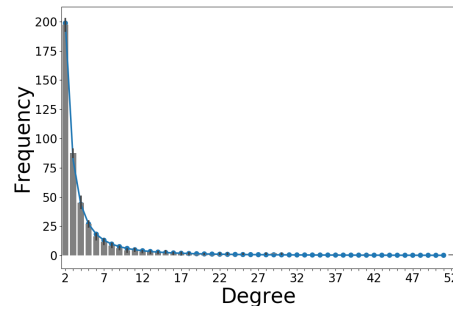
Los experimentos que mostramos en la Figura 4.5 son el resultado de 10000 iteraciones, una por cada unidad de tiempo, resultando esa cantidad final de nodos conectados. Se realizaron tres experimentos usando diferentes valores del parámetro `CONNECT_TO` que repetimos 10 veces cada uno, donde cada nodo nuevo se conectó con uno, dos y tres nodos existentes respectivamente, sorteados como explicamos antes.

En las Figuras 4.5a, 4.5b y 4.5c mostramos la distribución de grados al final de la simulación junto con un ajuste de la curva que se corresponde con la ley de potencias para cada configuración de `CONNECT_TO`. Además, en la subfigura 4.5d se muestra la evolución en el tiempo del grado promedio de los nodos en la red.

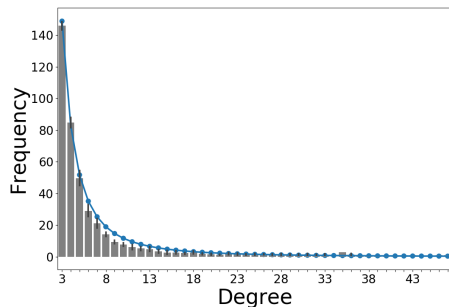
4.2. SIMULACIÓN DE EVENTOS DISCRETOS BASADOS EN AGENTES99



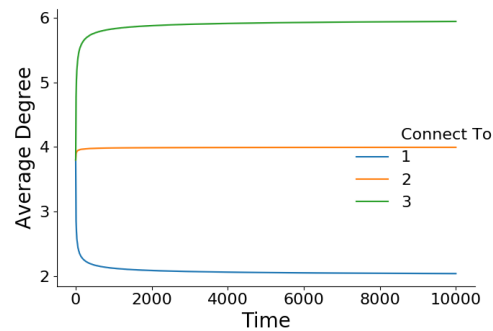
(a) Modelo de conexión con un nodo.



(b) Modelo de conexión con dos nodos.



(c) Modelo de conexión con tres nodos.



(d) Evolución del grado promedio para los tres submodelos.

Figura 4.5: Modelo de *Preferential attachment* tres variantes de conectividad.

4.2.2. Un modelo SIR en redes aleatorias dinámicas

En esta sección consideramos el modelo SIR clásico sobre un CM [2, 16] en el que una población finita está compartimentada en tres estados: Susceptible, Infectado y Recuperado. Los individuos en el primer estado pueden contraer una enfermedad y transicionar a Infectado, donde propagan la enfermedad a sus vecinos en la red siguiendo un proceso Markoviano. Pasado el período exponencial de infección van a estado Recuperado y se mantienen en ese estado absorbente. El número total de Susceptibles, Infectados y Recuperados es notado S_t , I_t y R_t respectivamente.

Como ya comentamos anteriormente, este modelo se sustenta en el principio de decisiones diferidas [36], revelando las conexiones en el grafo simultáneamente con la propagación de la enfermedad. Este truco es posible dado el ambiente aleatorio que nos provee el CM, que es construido siguiendo el mecanismo de *Preferential Attachment* que presentamos en la sección pasada. De todos modos, el proceso de PA definido en este modelo tiene algunas

diferencias que explicamos a continuación.

El formalismo de modelado EB-DEVS nos permitirá tener dos tipos de modelos internos: agentes atómicos individuales y un modelo acoplado que contiene a los agentes atómicos junto con la estructura dinámica del proceso de contacto, que pensamos de manera vertical.

Dinámica del modelo

Cada agente en estado Susceptible transicionará a Infectado cuando alguno de sus vecinos le mande un mensaje de infección. En ese momento sorteará una variable exponencial de parámetro $\beta k + \gamma$ y decidirá con probabilidad adecuada si luego de ese tiempo transiciona a Recuperado o manda un mensaje de infección a un nodo vecino que sorteará en ese momento siguiendo el mecanismo de PA que discutimos anteriormente.

En la Figura 4.6 mostramos una comparación entre la simulación basada en agentes con la integración numérica del sistema siguiente:

$$\begin{cases} \dot{\alpha} = -\beta p^I \alpha \\ \dot{I} = -\gamma I + \beta p^I \alpha g'(\alpha) \\ \dot{p}^S = -\frac{\alpha g''(\alpha)}{g'(\alpha)} p^S \beta p^I + p^S \beta p^I \\ \dot{p}^I = -\gamma p^I + p^I r p^S \frac{\alpha g''(\alpha)}{g'(\alpha)} - r p^I (1 - p^I) \end{cases} \quad (4.1)$$

Este sistema podemos encontrarlo en los trabajos [2, 16], siendo S , I y R las cantidades de agentes en cada compartimento y denotando con p^X las probabilidades de que una arista que sale de un agente susceptible lo conecte con otro en estado X . La función g es la función generadora de probabilidades de la distribución inicial de grados y α la probabilidad de que una arista no haya transmitido la enfermedad. Además, β y γ son las tasas de encuentro infeccioso y recuperación, respectivamente.

En nuestra simulación estamos considerando un grafo con distribución de grados Poisson de parámetro $\lambda = 8$, obteniendo una red asintóticamente similar a una de tipo Erdős-Renyi [9].

El modelo EB-DEVS implementado considera al proceso estocástico utilizando dos tipos de submodelo: agentes y acoplado. El acoplado contiene la información estructural y de estado de la población, teniendo canales de comunicación en ambas direcciones. Los agentes cambian su estado a Infectado después de recibir un mensaje de *'infect'*. Esto está definido en la función de transición externa. Cuando el agente se infecta, comparte su nuevo estado con su vecindad. Además, el cambio de estado dispara un evento de *upward-causation* generando un cambio en la estructura, en ese momento, el modelo

acoplado conecta a le nueve infectade con otros agentes matcheando de manera uniforme las semiaristas libres de este nodo con otras del resto del grafo. La *output function* es llamada por la transición interna que depende individualmente de le agente infectade. Une Infectade podrá entonces recuperarse o infectar a otre con una probabilidad proporcional al número de vecines susceptibles. Finalmente, el modelo atómico agente define una función de *time advance*, que indica los tiempos exponenciales de transición.

Comportamiento adaptativo y emergencia

Para evidenciar aún más la utilidad del formalismo EB-DEVS, extendemos el modelo SIR dado en el pseudocódigo 6.2 definiendo dos variables que determinan si los agentes se aíslan de la infección o se comportan como en el modelo original. La primera, que llamamos *Quarantine Threshold* (QT) indica si los agentes se aíslan y por lo tanto dejan de tener encuentros infecciosos, dependiendo en la cantidad de agentes enfermos de la población (medido en un nivel macro). Si una proporción de la población mayor que QT está infectada, se sortea una segunda variable aleatoria Bernoulli de parámetro *Quarantine Acceptance* (QA) que indica si le agente efectivamente hará una cuarentena previniendo la infección, descartando voluntariamente el mensaje de *'infect'*. Esto modela el proceso de cuarentena optativa que puede darse en un brote epidémico, ya sea por decisión individual o porque el Estado lo dictamina.

Resultados Experimentales y discusión

En la Figura 4.6 graficamos la comparación entre la simulación de agentes del modelo explicado más arriba con la integración numérica del sistema (4.1). Consideramos los parámetros $\gamma = 3$, $\beta = 3$ y la distribución de grados es $Poi(\lambda = 5)$. Después de 30 repeticiones de la simulación podemos observar que el modelo de agentes valida los resultados conocidos, siendo que las curvas son muy similares. En esta sección no estamos modificando la estructura de la red como hicimos en la anterior pero podría hacerse fácilmente modificando la sexta línea de código en 6.2.

En la Figura 4.7a podemos ver que este tipo de estrategias de cuarentena puede ser útil para controlar el crecimiento exponencial de la población infectada. Al mismo tiempo que se evita el contacto social durante el auge de la epidemia, es posible controlar el número máximo de agentes infectades en diferentes niveles, dependiendo del QT elegido. Sin embargo, esta estrategia muestra que los agentes se siguen infectando en un período de tiempo más largo (aunque posiblemente impidiendo que el sistema de salud se sobrecar-

que de pacientes infectados, permitiendo así, por ejemplo, que las Unidades de Cuidados Intensivos (UCI) funcionen a pleno rendimiento sin desabastecerse de recursos). Esto se puede hacer estableciendo cuarentenas en función del porcentaje de infectados que pueden atenderse, definiendo QT adecuadamente.

Podemos observar además que el parámetro QA juega un rol fundamental en el número de agentes infectados. Como vemos en la Figura 4.7b, el número máximo de infectados no solo depende de QT , sino que está también condicionado por la cantidad de agentes que efectivamente acatan la cuarentena. Valores más bajos de QA nos permiten recuperar el comportamiento del modelo SIR básico, mientras que valores mayores presentan comportamientos más similares a los exhibidos en la Figura 4.7a.

De la simulación podemos observar un efecto *plateau* en la curva de infectados, que no es característica de los modelos SIR usuales pero que pudo observarse en el brote epidémico del CoVid19. Efectivamente, la cuarentena controla el pico de la epidemia, mostrando que este tipo de estrategias puede ser muy útil para asegurar atención médica a toda la población infectada.

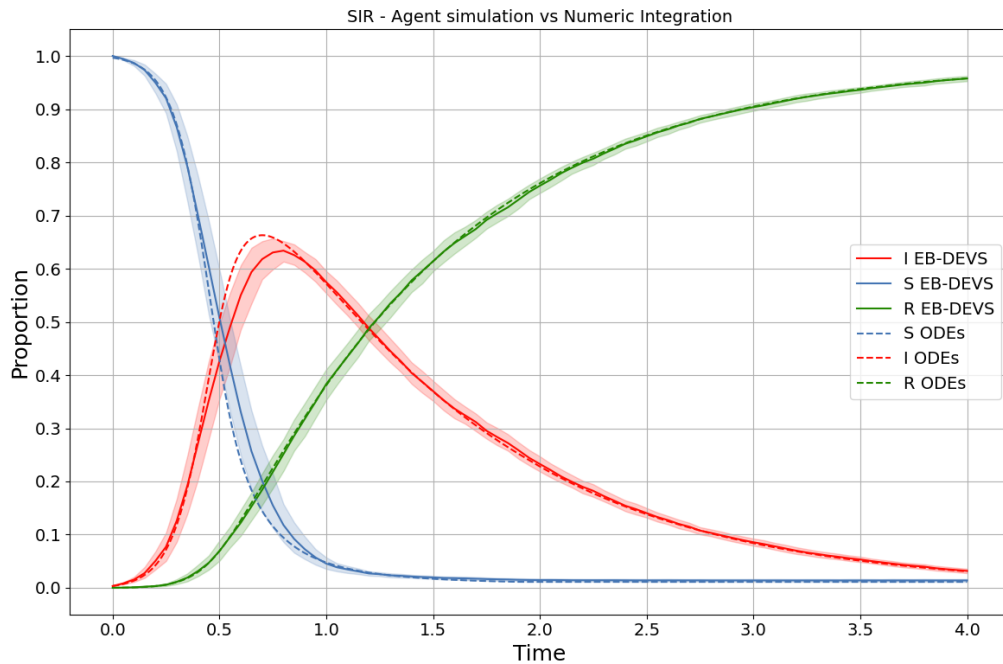
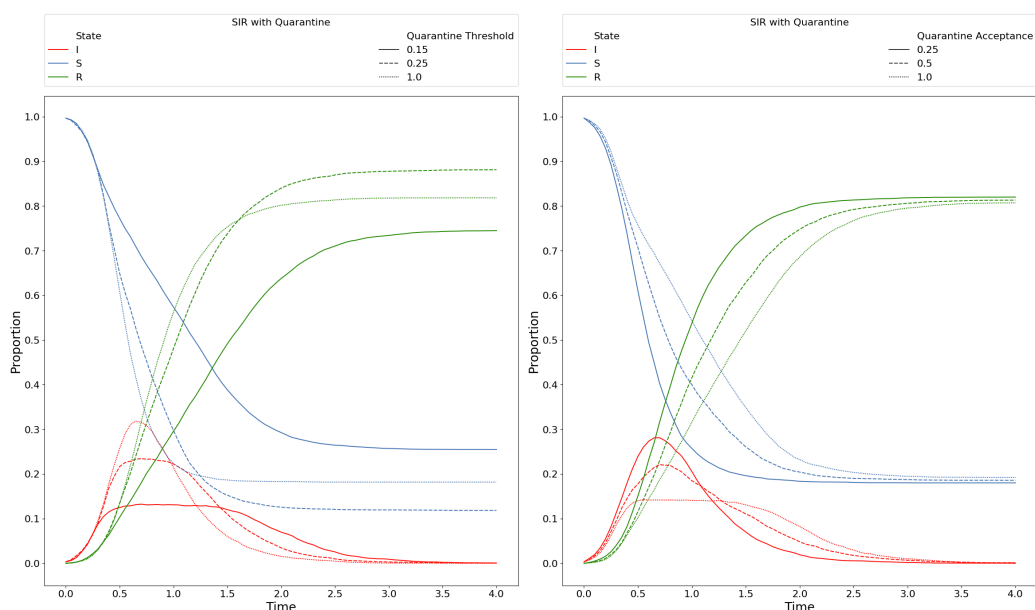


Figura 4.6: Comparación de la dinámica SIR para EB-DEVS (línea llena) contra la integración numérica de las ODE's (punteada). Parámetros: $\gamma = 1$, $\beta = 3$, $\lambda = 8$



(a) Valores para diferentes Quarantine Threshold. $\gamma = 3$, $\beta = 3$, $\lambda = 8$
 (b) Quarantine Acceptance con QT=0.25.

Figura 4.7: Comportamiento emergente para el modelo SIR con cuarentenas.

4.3. SIR con Super Propagadores

Hablamos de Eventos con Super Propagadores (ESP) cuando algunos pocos individuos son responsables de una proporción importante de los contagios. Dentro de la literatura podemos encontrar, entre otras definiciones, un método propuesto por Lloyd-Smith [81] para identificar la presencia de ESP mediante la estimación del número efectivo de reproducción R para la población y enfermedad estudiada, la construcción de una distribución de Poisson Z con ese parámetro y concluyendo que hay E0SP si algún individuo infecta más que $Z^{(n)}$ agentes, siendo $Z^{(n)}$ el n -percentil de la variable Z . Este protocolo indica que un ESP del percentil z es cualquier caso que cause más infecciones de las que ocurrirían en el $z\%$ de los antecedentes infecciosos de una población homogénea.

En algunos trabajos epidemiológicos, a través del rastreo de contactos, se identificaron ESP en sarampión, tuberculosis, viruela, rubeola, ébola, fiebre hemorrágica y SARS [81, 82]. Algunos casos de superpropagación siguen una proporción en la que aproximadamente el 20% de los individuos infectados son responsables del 80% de los contagios [83], aunque en realidad podemos hablar de ESP para porcentajes menores.

Las causas por las que se dan estos eventos son varias: virulencia, carga viral, individuos con factores de riesgo o inmunodeprimidos, falsos negativos o malos diagnósticos, dinámicas de contagio aéreos, fallas en la inmunidad de rebaño, etc. [84] En cualquiera de estos casos es posible modelar el efecto de los ESP con el grado de los agentes en la red de contactos.

En esta sección consideramos un modelo SIR como el planteado por Moyal et. al. [2] en el que con una probabilidad p un agente infectado se considera superpropagador. Modificamos levemente la dinámica con la que construimos el grafo: cuando se trate de un ESP le nuevo infectado aumentará su grado una cantidad aleatoria K discreta y con esperanza finita, matcheando uniformemente estas nuevas semiaristas con la población. Mantendremos toda la notación y planteo del problema que introdujimos en el Capítulo 3: el entorno estocástico será un grafo de tipo CM con función generadora de probabilidades de la distribución inicial de grados g y las tasas de encuentro y recuperación son r y γ . Seguimos notando S_t^n, I_t^n y R_t^n las cantidades de agentes en cada compartimento y conservamos las definiciones de $\mu_t^n = (\mu_t^{n,S}, \mu_t^{n,IS}, \mu_t^{n,RS})$,

$$N_t^{S,n} = \langle \mu_t^{S,n}, \chi \rangle := \sum_{k \in \mathbb{N}} k \mu_t^{S,n}(k),$$

el número de aristas conectando a los susceptibles; y, análogamente, $N_t^{IS,n}, N_t^{RS,n}$, cuando el tamaño de la población es n . Además consideramos $N_t^{S,2,n} = \langle \mu_t^{S,n}, \chi^2 \rangle$. Estas variables serán más importantes en este modelo pues serán útiles para describir un sistema cerrado de ecuaciones como en (3.4).

También consideramos las proporciones de aristas siguientes relacionadas con estas cantidades:

$$p_t^{I,n} = \frac{N_t^{IS,n}}{N_t^{S,n}}, \quad p_t^{R,n} = \frac{N_t^{RS,n}}{N_t^{S,n}}, \quad p_t^{S,n} = \frac{N_t^{S,n} - N_t^{IS,n} - N_t^{RS,n}}{N_t^{S,n}}.$$

Intuitivamente, la carrera exponencial que define los eventos relacionados con el nuevo infectado tendrá una tasa $(k + K)p^I r$ para infectar a otros y el mismo valor γ del modelo usual para transicionar a Recuperado.

Del mismo modo que trabajamos en los Capítulos anteriores, podemos probar la convergencia de estas medidas empíricas en el espacio de Skorokhod con la topología débil. El método es el mismo: escribimos una descomposición en martingala y describimos el proceso Markoviano mediante un sistema de ecuaciones estocásticas derivadas de MPP.

El escalamiento es el mismo porque la cantidad de aristas que agregamos en cada infección que resulta en un superpropagador tiene esperanza finita:

para cada $n \in \mathbb{N}$, tomamos:

$$\mu_t^{(n)} = \frac{1}{n} \mu_t^n.$$

Consistentemente con la notación de la tesis, cuando no escribamos el supra-índice n nos referimos a las medidas asociadas al proceso límite:

$$\mu_t = (\mu_t^S, \mu_t^{IS}, \mu_t^{RS}).$$

Consideremos la probabilidad de que una arista que sale de un susceptible no haya transmitido la infección a tiempo t , que notamos:

$$\alpha_t = e^{-\int_0^t r p_s^I ds}. \quad (4.2)$$

Del mismo modo que en el Teorema 9 podemos plantear un teorema de límite fluido. La demostración es omitida dado que es prácticamente idéntica o con leves modificaciones. Nos interesa de este modelo, más que la demostración teórica que podríamos plantear, la relación con el modelo SIR usual y el poder presentar dinámicas levemente diferentes, que se prueban del mismo modo, y que aportan resultados físicos interesantes.

Teorema 18. *Supongamos que $(\mu_0^{(n)})_{n \in \mathbb{N}}$ converge a μ_0 en $\mathcal{M}_F(\mathbb{N}_0^4)$ dotado de la topología débil. Entonces la sucesión $(\mu^{(n)})_{n \in \mathbb{N}}$ converge en (\mathcal{D}, w^*) , cuando n tiende a infinito, a la única solución del siguiente sistema determinístico de ecuaciones:*

$$\left\{ \begin{array}{l}
 \langle \mu_t^S, f \rangle = \sum_{k \in \mathbb{N}} \mu_0^S(k) \alpha_t^k f(k) \\
 \langle \mu_t^{IS}, f \rangle = \langle \mu_0^{IS}, f \rangle - \int_0^t \gamma \langle \mu_s^{IS}, f \rangle ds + \int_0^t \sum_{k \in \mathbb{N}} r p_s^I k \sum_{\kappa \in Im(K)} p_K(\kappa) \\
 \quad \times \sum_{j, l, m / j+l+m=k+\kappa-1} \binom{k-1+\kappa}{j, l, m} (p_s^S)^m (p_s^I)^j (p_s^R)^l \mu_s^S(k) f(m) \\
 \quad + \sum_{\kappa \in Im(K)} p_K(\kappa) (1 + (k-1+\kappa) p_s^I) \\
 \quad \times \sum_{j \in \mathbb{N}_0} (f(j-1) - f(j)) \frac{j \mu_s^{IS}(j)}{N_s^{IS}} \mu_s^S(k) ds \\
 \langle \mu_t^{RS}, f \rangle = \langle \mu_0^{RS}, f \rangle + \int_0^t \gamma \langle \mu_s^{IS}, f \rangle ds + \int_0^t \sum_{k \in \mathbb{N}} r k p_s^I \\
 \quad \times \sum_{\kappa \in Im(K)} p_K(\kappa) ((k-1+\kappa) p_s^R) \mu_s^S(k) \\
 \quad \times \sum_{j \in \mathbb{N}_0} (f(j-1) - f(j)) \frac{j \mu_s^{RS}(j)}{N_s^{RS}} ds.
 \end{array} \right. \tag{4.3}$$

Este sistema de ecuaciones guarda mucha similaridad con el planteado por Moyall en [2], que a su vez está generalizado en (3.3). La manera de entenderlo es la misma que lo que expusimos en el Capítulo SIRV: hay que tener en cuenta las tasas con las que ocurren los eventos para poder actualizar las medidas adecuadamente. Los términos que incluyen κ son los particulares de este modelo con super-propagadores. Cuando le agente se infecta, agrega κ aristas que provienen de sortear la v.a. K , cuya función de probabilidad puntual es notada $p_K(\kappa)$.

Sistema cerrado

Si tomamos $f = \mathbf{1}$ y $f = \chi$ en (4.3) podemos deducir el siguiente sistema cerrado de ecuaciones:

$$\begin{cases} \dot{\alpha} = -rp^I\alpha \\ \dot{N}^S = -rp^I\alpha - rp^I\alpha^2g''(\alpha) + rE[K]p^I p^S N^S \\ \dot{N}^{IS} = -\gamma N^{IS} + rp^I((p^S - p^I)(N^{S,2} - N^S + E[K]N^S) - N^S) \\ \dot{N}^{RS} = \gamma N^{IS} - rp^I p^R((N^{S,2} - N^S) + E[K]N^S) \\ \dot{N}^{S,2} = -rp^I(\alpha g'(\alpha) + \alpha^2 g''(\alpha) + \alpha^3 g'''(\alpha)) + rp^I p^S E[K](2N^{S,2} + N^S) \\ \dot{N} = rN^{IS}E[K]. \end{cases} \quad (4.4)$$

Este sistema generaliza al establecido en el Corolario 3.5 de [2], que describe al sistema propuesto por Volz [16] para un modelo SIR. Del mismo modo que antes, este sistema puede integrarse numéricamente, permitiendo observar el comportamiento de la dinámica.

Al mismo tiempo, las cantidades que usualmente describen la epidemia pueden deducirse de (4.4):

$$\begin{cases} \dot{S} = -rp^I\alpha g'(\alpha) \\ \dot{I} = -\gamma I + rp^I\alpha g'(\alpha) \\ \dot{R} = \gamma I. \end{cases} \quad (4.5)$$

En este sistema, los ESP están escondidos en la dinámica de p^I , y podemos ver cómo se agregan aristas en (4.4), que nos permiten calcular p^I mediante la ecuación:

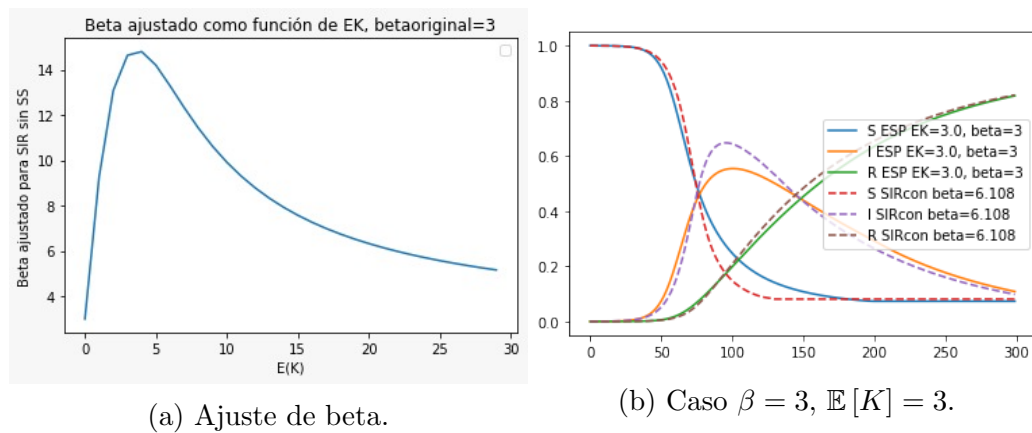
$$\dot{p}_t^I = (-\gamma p_t^I + p_t^I r p_t^S \frac{\alpha_t \psi''(\alpha_t)}{\psi'(\alpha_t)} - r p_t^I (1 - p_t^I)). \quad (4.6)$$

Simulaciones del modelo

Presentamos en esta subsección las gráficas correspondientes al modelo SIR con ESP. Para este modelo desarrollamos por un lado un algoritmo de integración numérica y por otro una implementación basada en agentes con DEVS.

En primera medida observamos que el modelo de agentes valida las ecuaciones teóricas y a modo de ejemplo mostramos las Figuras 4.9a y 4.9b, con líneas punteadas para la integración numérica y con bandas de error calculadas como el desvío estandar de 30 simulaciones con agentes. En este caso tomamos $\gamma = 3, \beta = 3$, una distribución de grados Poisson de parámetro $\lambda = 8$ y una variable aleatoria Bernoulli para K , con $\mathbb{E}[K] = 10$ y $\mathbb{E}[K] = 2$ respectivamente.

Lo segundo que miramos, es cómo la dinámica SIR usual podría compararse con el modelo con ESP, para lo cual ajustamos un β que corresponda al β_{ESP} . Es decir, para el mismo $\gamma = 1$, y para el modelo SIR-ESP con $\mathbb{E}[K] = 3$ con $\beta_{ESP} = 3$, el modelo SIR usual que mejor ajusta tiene un $\beta = 6,108$. Las curvas que describen las poblaciones en cada compartimento tienen formas levemente diferentes, aunque se ve un leve retraso y un pico un poco más pronunciado en el caso sin ESP. Para hacer esto barrimos los valores del β correspondiente al SIR usual como función de $\mathbb{E}[K]$. Mostramos esto en Figura 4.8.



(a) Ajuste de beta.

(b) Caso $\beta = 3, \mathbb{E}[K] = 3$.

Figura 4.8: Ajuste SIR usual contra SIR ESP.

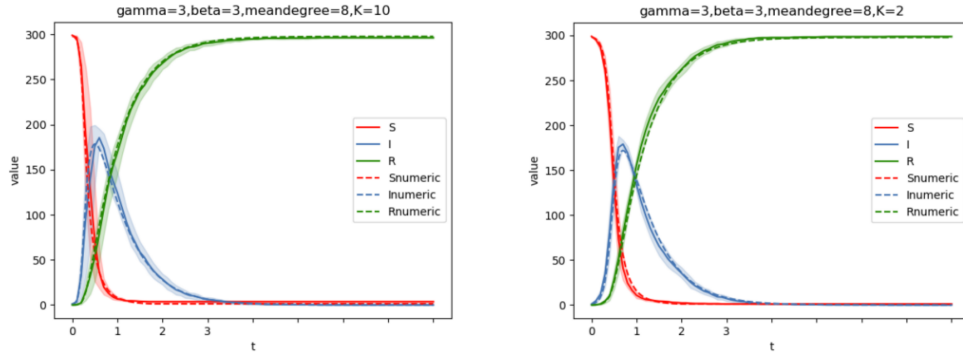
Podemos observar que el efecto de los ESP hace que el pico de la infección sea levemente más alto en el caso que estudiamos aunque entendemos que *a priori* no son equivalentes.

Por último, miramos cómo afecta en la dinámica aumentar la cantidad de aristas que agregamos en los ESP: podemos ver que el pico aumenta al mismo tiempo que se alcanza antes en el tiempo en las Figuras 4.9c y 4.9d. También podemos observar que la cantidad final de recuperados varía: desde $K = 0$ hasta 2 aumenta, obteniendo el mismo valor en $K = 5$, pero al acelerarse la epidemia con $K = 10$ el número final de recuperados disminuye.

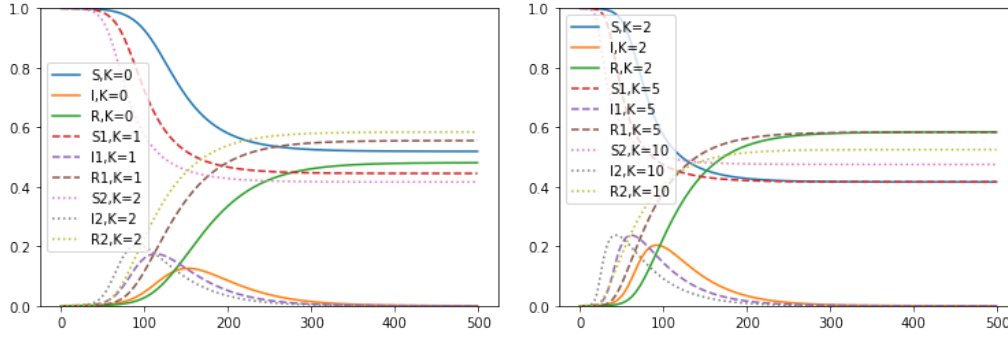
Más allá de las simulaciones, esto tiene un claro sentido: si en la población hay agentes con más poder de infección entonces el R_0 aumenta, acelerando la propagación y obteniendo un pico más alto y anterior en el tiempo. Esto además hace sentido con lo expuesto en la Sección 4.1 para redes con *hubs*.

Podemos plantear en este sentido ser más rigurosos: como ya hicimos en el caso SIRV calculemos una fórmula para R_0 .

Nuevamente, éste valor crítico puede ser descrito en términos de la conectividad del grafo a través de la esperanza de la distribución *size-biased*. Tenemos



(a) Comparación ABM con integración numérica. (b) Comparación ABM con integración numérica.



(c) Comparación numérica cuando $\mathbb{E}[K] = 0, 1, 2$ (d) Comparación numérica cuando $\mathbb{E}[K] = 2, 5, 10$

Figura 4.9: Gráficas para el modelo SIR con ESP.

que el número de infectados nuevos en un intervalo temporal pequeño es proporcional a la cantidad p^I . El valor crítico que describe si habrá una epidemia o no está determinado por la ecuación:

$$0 = \dot{p}_t^I|_{t=0} = (-\gamma p_t^I + p_t^I r p_t^S \frac{\alpha_t \psi''(\alpha_t)}{\psi'(\alpha_t)} - r p_t^I (1 - p_t^I))|_{t=0}.$$

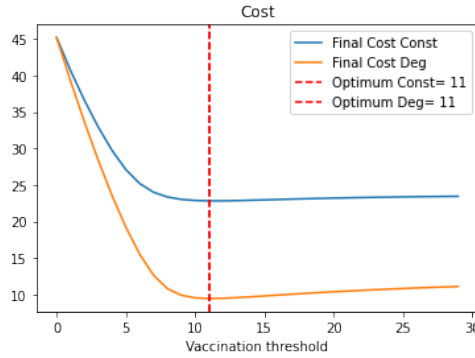
Asumiendo las condiciones iniciales (3.56) y que $\varepsilon \ll 1$, obtenemos:

$$r \left(\frac{\psi''(1)}{\psi'(1)} - 1 - \mathbb{E}[K] \right) > \gamma. \tag{4.7}$$

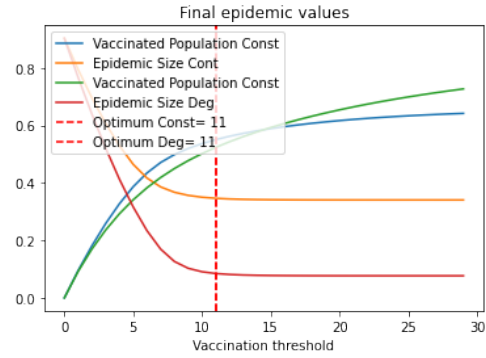
Luego,

$$R_0 = \frac{r}{r + \gamma} \left(\frac{\psi''(1)}{\psi'(1)} + \mathbb{E}[K] \right),$$

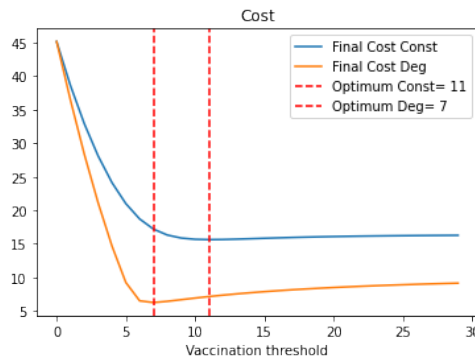
y el número esperado de vecinos infectados aumenta con $\mathbb{E}[K]$.



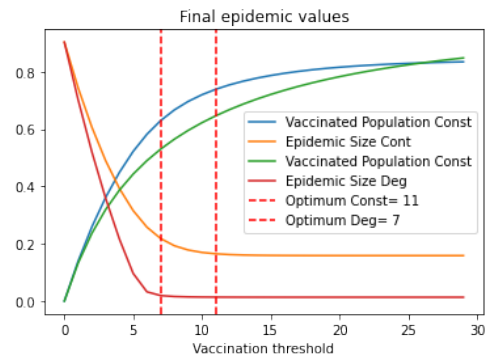
(a) Costos: $c_V=10, c_I=50, \nu=0.2$



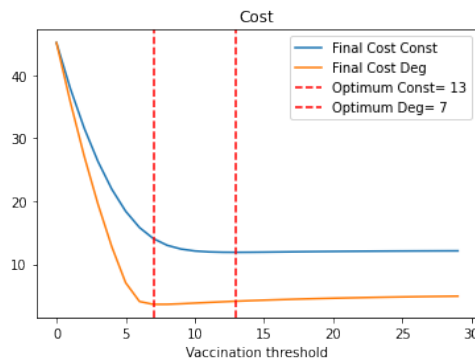
(b) Param: $c_V=10, c_I=50, \nu=0.2$



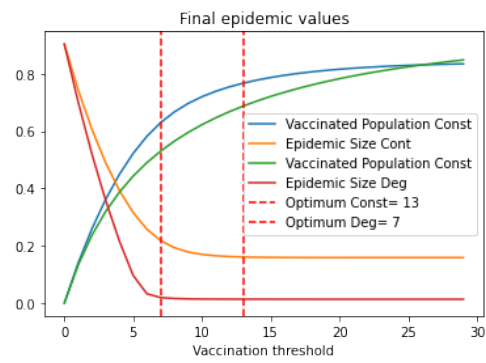
(c) Costos: $c_V=10, c_I=50, \nu=0.3$



(d) Param: $c_V=10, c_I=50, \nu=0.3$



(e) Costos: $c_V=5, c_I=50, \nu=0.3$



(f) Param: $c_V=5, c_I=50, \nu=0.3$

Figura 4.10: Optimización para la red Bimodal. Const es para vacunación constante y Deg para proporcional al grado. c_V y c_I son los costos de vacunación e infección, y ν es la tasa de vacunación.

Capítulo 5

Dinámica de opinión con estructura etaria

5.1. Introducción

Cuando un individuo discute ideas con un grupo acerca de un tema en particular podría cambiar lo que piensa, ya sea para acercarse como alejarse de las opiniones de los otros. Este tipo de dinámicas pueden llevar a que la población en su totalidad alcance estados colectivos de consenso o de coexistencia de opiniones. Durante los últimos 50-70 años se desarrollaron distintas teorías sociológicas que han motivado el estudio físico-matemático de este tipo de dinámicas para entender qué mecanismos llevan a los distintos estados colectivos.

Entre estas teorías sociológicas podemos encontrar la presión social, estudiada por Jennes en 1932, que después de que las personas expusieran su opinión acerca de un tema se les informaba el punto de vista mayoritario y se les permitía volver a emitir opinión, observando que alteraban lo expresado inicialmente para coincidir con la mayoría [85, 86]. Esto fue también analizado posteriormente y se observó que los sujetos adaptan sus opiniones presionados por un entorno [87, 88]. Otra teoría, la de imitación, plantea que en estados de duda resulta lo más racional comportarse y pensar de manera similar al resto [89, 90].

Por otro lado, encontramos los experimentos de Asch de 1951 sobre conformidad con el grupo [91] en el que investigaron algunas de las condiciones responsables de la independencia y la falta de independencia frente a la presión arbitraria de grupos. En la misma línea, las teorías cognitivas planteadas por Festinger en 1957 [92] y Heider en 1967 [93] postulan que los individuos se sienten más a gusto siendo similares a aquellas personas con las que inter-

actúan y que para esto intentan convencerlas o convencerse de pensar como ellos.

Además, se planteó la teoría de argumentos persuasivos (PAT), en los trabajos de 1977 y 1978 Vinokur y Burnstein explican la polarización cuando existen dos o más posiciones diferentes destacadas [94, 95]. También fue reportada por Myers en 1982 y estudiada por Wood [96]: se realizaron experimentos psicológicos que mostraron que los sujetos que interactuaban intercambiaban argumentos que además de persuadir a otros conseguían darse cuenta de que había ciertas opiniones que eran más adecuadas, y que después de estas interacciones los individuos ajustaban sus opiniones. Dentro de la misma teoría, Berscheid en 1966, y van Knippenberg y Wilke en 1988, concluyeron que, cuando los sujetos presentaban cierta similitud entre ellos, sus opiniones tendían a acercarse después de comunicarse [97, 98].

Por una revisión detallada de modelos sociales desde una perspectiva de la física estadística invitamos a le lector a consultar el trabajo de Castellano et.al. [99] y su recolección bibliográfica, en el que se repasan dinámicas de opinión y diseminación de la cultura, pero también dinámicas culturales como el modelo de Axelrod, dinámicas de lenguaje y comportamientos de muchedumbres entre otros más. En estos trabajos resulta interesante el cambio de fase entre cierto desorden a algún orden, como la formación espontánea de un lenguaje común o de cierto consenso de ideas. Se debate también la simplificación de la realidad que se comete al modelar humanos como agentes simples (cuando en realidad somos sumamente complejos) pero se plantea que muchas de las características emergentes que se pueden observar en el comportamiento general de las poblaciones se obtiene cuando miramos la situación a gran escala: las características se ven en un nivel macro aunque dependen de la interacción micro de los agentes. La generalización de estos temas considerando redes complejas, como el que estudiamos en el Capítulo 3, puede encontrarse de manera detallada y exhaustiva en [100].

El primer artículo en el que se estudia desde una óptica matemática este tipo de dinámicas corresponde a Harary [101] donde se estudia desde una perspectiva Markoviana la relación entre la formalización de teorías psicológicas sociales y cambios de fase estocásticas que describen condiciones necesarias y suficientes para la obtención de unanimidad de opiniones en una estructura de poder. Pocos años después, y esta vez en un contexto Bayesiano, Winkler [102] estudia el consenso como distribución de probabilidades subjetivas considerando una tomadora de decisiones que consulta un grupo de expertos para obtener sus opiniones acerca de determinado tema, teniendo en cuenta distintos parámetros de interés.

Un trabajo muy importante es el de DeGroot [103] donde se considera un

grupo en el que cada individuo tiene una distribución propia de probabilidades en un espacio de opiniones (aunque también se analiza desde una perspectiva paramétrica que puede estimarse) y se estudia en qué casos se puede describir un consenso como resultado del intercambio de éstas.

Otro artículo remarcable, en el que se concentran muchos modelos de influencia social como casos particulares, es [104] donde se trabaja con una red interpersonal de influencias y se discuten implicaciones para las teorías de conflicto social y conformidad.

El primer modelo de dinámicas de opinión diseñado por un físico fue propuesto por Weidlich en 1971 [105], reformulando los modelos de spines interactuantes de tipo Ising, basados en leyes probabilísticas para estudiar la estructura de grupos sociales que se influyen mutuamente, planteando cambios de fase en las estructuras de polarización para valores críticos de los parámetros de interacción y encontrando modelos que a priori permiten compararse cuantitativamente con observaciones empíricas.

En una línea similar pero esta vez desde una formulación matemática con ecuaciones diferenciales, considerando también difusiones de la información encontramos el trabajo de Toscani [17], en el que se encuentran las condiciones para obtener estados finales estacionarios y mostrando un límite de campo medio utilizando ecuaciones de tipo Fokker-Planck para la distribución de opiniones de los individuos cuando desaparece la difusión, mostrando consistencia entre modelos kinéticos y estocásticos. En [18], estudian modelos no lineales continuos derivados de una descripción kinética, mostrando que los únicos resultados posibles después de una dinámica de intercambio de opinión son extremales, concluyendo similitudes con los modelos de deriva clásicos en magnetización y caracterizando la distribución final.

En [106] los autores plantean un modelo de formación de opinión en el que los agentes tienen distinto poder de persuasión, además de su propia disposición a ser convencidos por otros. Consideran también la existencia de agentes que no cambian de opinión, derivando una ecuación de tipo Boltzmann para la distribución de agentes en el espacio de opiniones que se aproxima con una ecuación de transporte con un término de *drift* no local que depende de los agentes testarudes.

Por otro lado, modelos poblacionales con estructura etaria escalar planteados con ecuaciones en derivadas parciales fueron introducidos por Sharpe y Lotka [107], Mc Kendrick [108] y Von Foerster [109]. Es allí donde se plantea la EDP de McKendrick-Von Foerster, una ecuación de transporte que describe el proceso de envejecimiento, con términos de muerte y nacimiento en el

borde $a = 0$:

$$\begin{aligned} \frac{\partial n}{\partial t}(a, t) + \frac{\partial n}{\partial a}(a, t) &= -d(a)n(a, t) \quad \forall t \geq 0, \forall a \geq 0 \\ n(0, t) &= \int_0^{+\infty} b(a)n(a, t)da, \quad n(a, 0) = n_0(a). \end{aligned} \quad (5.1)$$

Aquí n describe la distribución de las edades a lo largo del tiempo, d , b y n_0 son funciones no negativas y continuas que representan las tasas de muerte y nacimiento y la distribución inicial de edades. Este modelo no considera ningún tipo de interacción entre los agentes.

Finalmente, encontramos el trabajo de Ferriere y Tran [30], que consiste en un modelo poblacional que considera los rasgos genéticos como variables de estado, evolucionando en el tiempo, y que incluye además las edades de los agentes en este proceso de mutación y adaptación. En este artículo también se estudia la convergencia del proceso de agentes a la solución de una ecuación en derivadas parciales de tipo Gurtin-McCamy. Nuevamente, las ideas de modelado se basan fuertemente en el trabajo de Fournier y Meleard [1], utilizadas en [3] y luego profundizadas en [31], considerando diferentes escalamientos en la velocidad de envejecimiento para observar comportamientos macroscópicos diferentes.

Todo este capítulo está fuertemente sustentado en el trabajo de Meleard, Tran, Fournier y Ferriere [1, 3, 30].

5.2. Notación y descripción del modelo

Supongamos que contamos con una población finita cuyo estado está descrito por dos coordenadas: la primera será la opinión $x \in [-1, 1]$ (aunque podríamos considerar de manera más general un abierto conexo de \mathbb{R}^d y podríamos obtener los mismos resultados) y la segunda será la edad $a \in [0, A]$, $A \leq \infty$. Denotaremos con K al espacio producto.

Es así que estaremos interesados en el espacio de medidas puntuales

$$\mathcal{M}_P = \left\{ \nu = \sum_{i=1}^n \delta_{(x_i, a_i)} : (x_i, a_i) \in K \right\},$$

donde δ_z es la delta de Dirac para $z \in K$.

Consideramos que un individuo con opinión x y edad a agrega a la población un nuevo individuo en estado $(z, 0)$ a tasa $\gamma(x, a)$, cuya opinión será determinada según una ley de descendencia $D(x, dz)$, y será removido de la población a tasa $\rho(x, a)$.

Además, con tasa $\alpha(x, a)$ el individuo interactuará con otro en estado (y, b) que será elegida de manera aleatoria según $Q(x, y, a, b)$. Después de interactuar, le agente en estado (x, a) transicionará a estado (x', a) siendo $x' = \Phi(x, y)$, para $\Phi \in \mathcal{C}^2(K^2)$.

Dada $f \in \mathcal{C}^{0,1}(K, \mathbb{R})$ y $F \in \mathcal{C}^1(\mathbb{R}, \mathbb{R})$ definimos $F_f(\mu_t) = F(\langle \mu_t, f \rangle)$.

Denotaremos n_t al número de agentes vivos a tiempo t y $(X_1(t), A_1(t)), \dots, (X_{n_t}(t), A_{n_t}(t))$ sus estados en K , con la intención de describir las dinámicas y trayectorias de la medida

$$\mu_t = \sum_{i=1}^{n_t} \delta_{(X_i(t), A_i(t))}.$$

Buscamos describir el proceso en \mathcal{M} cuyo generador infinitesimal viene dado por:

$$\begin{aligned} \mathcal{L}F_f(\mu) = & \int_K \left(\int_{[-1,1]} [F_f(\mu + \delta_{(z,0)}) - F_f(\mu)] \gamma(x, a) D(x, dz) \right. \\ & - [F_f(\mu - \delta_{(x,a)}) - F_f(\mu)] \rho(x, a) \\ & + \int_K [F_f(\mu - \delta_{(x,a)} + \delta_{(\Phi(x,y),a)}) - F_f(\mu)] \alpha(x, a) Q(x, y, a, b) d\mu(y, b) \\ & \left. + \partial_a f(x, a) F'(\langle \mu, f \rangle) \right) d\mu(x, a). \end{aligned} \quad (5.2)$$

Probaremos que el proceso resultante converge entonces a la solución $m \in \mathcal{C}(\mathbb{R}_+, \mathcal{M}_F(K))$ de la siguiente ecuación, que para cada $(f : (x, a, s) \mapsto f_s(x, a)) \in \mathcal{B}_b(K \times \mathbb{R}_+, \mathbb{R})$ tal que para todo $x \in [-1, 1]$, la aplicación $(a, s) \mapsto f_s(x, a)$ es acotada y continuamente diferenciable con derivadas acotadas uniformemente en x :

$$\begin{aligned} \langle m_t, f_t \rangle = & \langle m_0, f_0 \rangle + \int_0^t \int_K m_s(dx, da) ds \left[v(x, a) \nabla_a f_s(x, a) \right. \\ & + \frac{\partial f_s}{\partial s}(x, a) + f_s(z, 0) \gamma(x, a) D(x, dz) - f_s(x, a) \rho(x, a) \\ & \left. + \int_K (f_s(\Phi(x, y), a) - f_s(x, a)) \alpha(x, a) Q(x, a, y, b) m_s(dy, db) \right]. \end{aligned} \quad (5.3)$$

Después de probar que este proceso se obtiene como límite fluido de procesos renormalizados, derivaremos un sistema de ecuaciones en derivadas parciales que describirá la dinámica poblacional. Es decir, nos interesa estudiar la siguiente ecuación de transporte con término de fuente G para la densidad de agentes $m_t(x, a)$:

$$\partial_t f + \text{div}(H[m_t](x, a)m_t) = G[m_t] \quad (5.4)$$

sujeta a la condición inicial $m_0 \in \mathcal{P}(K)$, para el funcional $H[m_t]$ que especificamos en la última sección. La demostración del buen planteo de la ecuación está basada en adaptar nuestra ecuación a un caso particular de los estudiados en [114] donde bajo condiciones de regularidad en H y N se demuestra la existencia de solución única mediante un método de punto fijo de Banach. Esto se encuentra en la anteúltima sección.

Hipótesis 3. La tasa de nacimientos $\gamma(x, a)$ es continua y está acotada superiormente por $\bar{\gamma} > 0$. La distribución de opiniones de la descendencia $D(x, dz)$ está acotada por $\bar{D} > 0$. La tasa de interacción $\alpha(x, a)$ es continua y acotada superiormente por $\bar{\alpha}$. La función que determina las interacciones $Q(x, y, a, b)$ es Lipschitz continua en x, y y continua en a, b . La tasa de muertes $\rho(x, a)$ está acotada por debajo por una constante $\underline{\rho} > 0$ y por arriba por $\bar{\rho}(1 + \langle \mu, 1 \rangle)$ para $\bar{\rho} > 0$.

5.3. Descripción del límite fluido

Inspirados en [1, 3] representaremos el comportamiento de la dinámica descrita como un proceso que es solución de un sistema de ecuaciones diferenciales estocásticas derivadas de tres Medidas Puntuales de Poisson (MPP). Éstas describen los tres eventos que podrían suceder: un nacimiento, una muerte o la interacción entre dos agentes. Esto nos permitirá describir el proceso estocástico $(\mu_t)_{t \geq 0}$ a valores en $\mathcal{M}(K)$.

5.3.1. Descripción del modelo vía MPP

La primer MPP nos provee del instante posible en el cual un nuevo individuo es agregado a la población. Definimos $N_1(ds, dn, dz, d\theta)$ con intensidad $\bar{\gamma} ds \sum_{k \in \mathbb{N}} \delta_k(dn) C \tilde{D}(z) dz d\theta$ como una medida producto sobre $\mathbb{R}_+ \times E_1$ con $E_1 = \mathbb{N}_0 \times [-1, 1] \times [0, 1]$, donde ds, dz y $d\theta$ son medidas de Lebesgue y dn una medida de contar sobre \mathbb{N}_0 . Asumimos $\bar{\gamma} \geq \gamma(x, a)$ para todo par $(x, a) \in K$, $C > 0$ y que \tilde{D} es una función de densidad sobre $[-1, 1]$ tal que para todo $x \in K$, $D(x, dz) = D(x, z) dz$ con $D(x, z) \leq C \tilde{D}(z)$.

Para el evento en que un agente muere definimos $dN_2(ds, dn, d\theta)$ sobre $\mathbb{R}_+ \times E_2$ donde $E_2 = \mathbb{N} \times [0, 1]$ una MPP con intensidad $\bar{\rho} ds \sum_{k \in \mathbb{N}} \delta_k(dn) d\theta$. Aquí, $\bar{\rho} = \int_0^A \rho(a) da$.

Por último, $dN_3(ds, dn, dm, d\theta_1, d\theta_2)$ se define sobre $\mathbb{R}_+ \times E_3$ donde $E_3 = \mathbb{N}^2 \times [0, 1]^2$ con intensidad $ds \bar{Q} \bar{\alpha} \sum_{k \in \mathbb{N}} \delta_k(dn) \sum_{k \in \mathbb{N}} \delta_k(dm)$. Esta MMP asigna una masa a cada momento s donde el agente n -ésimo interactúa con el m -ésimo, sorteado de acuerdo a Q .

Estas medidas generan una filtración canónica sobre la cual podremos adaptar el proceso estocástico de nuestro interés.

Como mencionamos en las preliminares, las variables auxiliares θ serán útiles para considerar las tasas con las que suceden los eventos en esta representación integral.

También consideraremos las aplicaciones $H = (H^1, \dots, H^k, \dots) : \mathcal{M} \rightarrow (K)^{\mathbb{N}}$ y A definidas por:

$$H\left(\sum_{i=1}^n \delta_{(x_i, a_i)}\right) = (x_{\sigma(1)}, \dots, x_{\sigma(n)}, 0, \dots, 0, \dots)$$

y

$$A\left(\sum_{i=1}^n \delta_{(x_i, a_i)}\right) = (A_{\sigma(1)}, \dots, A_{\sigma(n)}, 0, \dots, 0, \dots)$$

donde σ es una permutación que define un orden arbitrario en K , por ejemplo el lexicográfico. Esta función nos permite sortear la dificultad de elegir el i -ésimo individuo de manera uniforme en $\{1, \dots, \langle \mu, 1 \rangle\}$, cuyo estado será $(H^i(\mu), A_i(\mu))$.

Del mismo modo que introdujimos en el primer capítulo, consideraremos las siguientes funciones indicadoras:

$$\begin{aligned} I_1(e_1) &= I_1(s, i, z, \theta) = \mathbb{1}_{i \leq N_{s-}} \mathbb{1}_{\theta \leq \gamma(H^i(\mu_{s-}), A_{H^i(\mu_{s-})}(t, s, 0)) D(H^i(\mu_{s-}), z)} / \bar{\gamma} C \bar{D}(z), \\ I_2(e_2) &= I_2(s, i, \theta) = \mathbb{1}_{i \leq N_{s-}} \mathbb{1}_{\theta \leq \rho(H^i(\mu_{s-}), A_{H^i(\mu_{s-})}(t, s, A_{H^i(\mu_{s-})}))} / \bar{\rho}, \\ I_3(e_3) &= I_3(s, i, j, \theta_1, \theta_2) = \mathbb{1}_{i \leq N_{s-}} \mathbb{1}_{j \leq N_{s-}} \mathbb{1}_{\theta_1 \leq \alpha(H^i(\mu_{s-}), A_{H^i(\mu_{s-})}(t, s, A_{H^i(\mu_{s-})}))} / \bar{\alpha} \\ &\quad \mathbb{1}_{\theta_2 \leq Q(H^i(\mu_{s-}), A_{H^i(\mu_{s-})}(t, s, A_{H^i(\mu_{s-})}), H^j(\mu_{s-}), A_{H^j(\mu_{s-})}(t, s, A_{H^j(\mu_{s-})}))} / \bar{Q}. \end{aligned} \tag{5.5}$$

Para la actualización de las medidas μ correspondientes a cada evento, utilizaremos la notación Δ del siguiente modo:

$$\begin{aligned} \Delta_1 &= \Delta_1(s, i, z, \mu) = \delta_{(z, 0)}, \\ \Delta_2 &= \Delta_2(s, i, \mu) = -\delta_{(H^i(\mu_{s-}), A_{H^i(\mu_{s-})}(t, s, 0))}, \\ \Delta_3 &= \Delta_3(s, i, j, \mu) = \delta_{(H^i(\mu_{s-}) + \Phi(H^i(\mu_{s-}), H^j(\mu_{s-}), A_{H^i(\mu_{s-})}(t, s, A_{H^i(\mu_{s-})}))} \\ &\quad - \delta_{(H^i(\mu_{s-}), A_{H^i(\mu_{s-})}(t, s, A_{H^i(\mu_{s-})}))}. \end{aligned} \tag{5.6}$$

Aquí, recordemos que el primer evento corresponde con agregar un nuevo individuo con edad 0 y con estado z ; el segundo corresponde a eliminar el individuo que muere; y el tercero corresponde a modificar según Φ el estado del agente que interactúa con otro.

Teniendo en cuenta todo lo descrito anteriormente podemos escribir al proceso estocástico en la siguiente representación integral:

$$\mu_t = \mu_0 + \sum_{i=1}^{n_0} \delta_{(H^i(\mu_0), A_{H^i(\mu_0)}(t, 0, A_{H^i(\mu_0)}))} + \int_0^t \sum_{k=1}^3 \int_{E_k} \Delta_k(e_k) I_k dN_k(e_k) ds. \quad (5.7)$$

El primer término será el que considera la actualización de las edades de los individuos.

Proposición 19. *Bajo la Hipótesis 3, para cada terna de MPP N_1, N_2, N_3 con intensidades η_1, η_2, η_3 y para cada condición inicial μ_0 con primer momento finito, existe una única solución fuerte a la ecuación diferencial estocástica (5.7) en el espacio de Skorokhod sobre las medidas puntuales de $\mathcal{D}(\mathbb{R}_+, \mathcal{M}_P(K))$. Más aún, ésta solución es un proceso Markoviano cuyo generador infinitesimal para cada $F_f(\mu) = F(\langle \mu, f \rangle)$ con $f \in \mathcal{C}^{0,1}(K, \mathbb{R})$, $F \in \mathcal{C}^1(\mathbb{R}, \mathbb{R})$ y $\mu \in \mathcal{M}_P(K)$ viene dado por (5.2):*

Demostración. Sean $(T_k)_{k \in \mathbb{N}}$ los tiempos de salto del proceso puntual que describe a μ y sea

$$T_\infty := \lim_{k \rightarrow \infty} T_k.$$

Para $t \leq T_\infty$ consideremos los tiempos de parada:

$$\tau_N = \inf\{t \geq 0, n_t \geq N\} \text{ y } \zeta_N = \inf\{t \geq 0, n_t \geq N \text{ ó } \int_K |a| d\mu(x, a) \geq N\} \quad (5.8)$$

La solución del sistema (5.7) puede construirse \mathbb{P} -cs sobre $[0, T_\infty)$ por lo tanto debemos mostrar que $T_\infty = +\infty$ casi seguramente. Dado $N \in \mathbb{N}$, tenemos que para todo $t \in \mathbb{R}_+$:

$$\langle \mu_{t \wedge \tau_N}, 1 \rangle = n_0 + \int_0^{t \wedge \tau_N} I_1 dN_1 - I_2 dN_2 \leq N_0 + \int_0^{t \wedge \tau_N} I_1 dN_1. \quad (5.9)$$

Esta integral está acotada por hipótesis y por definición del tiempo de parada, con lo cual, tomando esperanza y usando el Teorema de Fubini obtenemos:

$$\mathbb{E} \left[\sup_{s \in [0, t \wedge \tau_N]} n_s \right] \leq \mathbb{E} [n_0] + \bar{\gamma} \int_0^t \mathbb{E} \left[\sup_{u \in [0, s \wedge \tau_N]} n_u \right] ds \leq \mathbb{E} [n_0] e^{\bar{\gamma} t}, \quad (5.10)$$

aplicando el Lema de Gronwall en la última desigualdad. Observemos además que esta última expresión es independiente de N .

Como corolario de esta cota, tenemos que $\tau_N \rightarrow +\infty$ casi seguramente. Si no fuese así, existiría un $M < +\infty$ y un $A_M \subset \Omega$ de probabilidad positiva tal que $\forall \omega \in A_M$, $\lim_{N \rightarrow \infty} \tau_n(\omega) < M$. Entonces, para todo $T > M$, $\mathbb{E} \left[\sup_{t \in [0, T \wedge \tau_N]} n_t \right] \geq \mathbb{P}(A_M)N$ lo cual concluye un absurdo.

Mediante el lema de Fatou podemos liberar la dependencia del tiempo de parada. En efecto:

$$\mathbb{E} \left[\liminf_{N \rightarrow \infty} \sup_{t \in [0, T \wedge \tau_N]} n_t \right] \leq \liminf_{N \rightarrow \infty} \mathbb{E} \left[\sup_{t \in [0, T \wedge \tau_N]} n_t \right] \leq \mathbb{E} [n_0] e^{\bar{\gamma}T}$$

y por lo tanto:

$$\mathbb{E} \left[\sup_{t \in [0, T]} n_t \right] \leq \mathbb{E} [n_0] e^{\bar{\gamma}T} < \infty.$$

Concluyendo, con un razonamiento por el absurdo como el anterior podemos probar que el límite de los tiempos de salto es infinito casi seguramente. Si no fuese así, y existiese A_M de probabilidad positiva tal que para todo $\omega \in A_M$, $T_\infty(\omega) < M$ y si $\forall \omega \in A_M$ se tiene que $\lim_{k \rightarrow \infty} N_{T_k} < M$ entonces $\forall N > 0, \forall \omega \in B_M$, sería $\tau_M \leq M$ lo cual sería absurdo. Por otro lado, si no fuese que $N_{T_k} \rightarrow \infty$ existiría $M' > 0$ y $B \subset A_M$ tal que $\forall \omega \in B, k \in \mathbb{N}$, $N_{T_k} < M'$. Entonces para todo $\omega \in B$ podríamos construir una sucesión $(T_k(\omega))_k$ como los puntos de un proceso puntual de Poisson de intensidad $M'\bar{\gamma} + \bar{\rho}M'(1 + M')$ cuyo único valor límite es casi seguramente infinito, pero esto sería un absurdo pues $\forall \omega \in B$ tenemos que $T_\infty(\omega) < M'$.

La unicidad de la solución es una consecuencia inmediata de la construcción. Dadas $\mu_0 \in \mathcal{M}_P(K)$ una condición inicial y $\mathcal{N} = (N_1, N_2, N_3)$ las medidas aleatorias de Poisson que satisfacen las definiciones e hipótesis, probaremos por inducción en k que el par (μ_{T_k}, T_k) está unívocamente determinado por (μ_0, \mathcal{N}) . El caso $k = 0$ es trivial. Si suponemos que vale para k , observemos que T_{k+1} es el primer momento de salto de un proceso Markoviano que depende de μ_{T_k} y por lo tanto depende unívocamente de los valores iniciales. Luego, $\mu_{T_{k+1}}$ depende de T_{k+1} y de μ_{T_k} , concluyendo por hipótesis inductiva lo que queríamos probar.

Finalmente, nos resta probar que el proceso definido por (5.7) cumple la ecuación (5.2). Para eso escribiremos primero una fórmula para $F_f(\mu_t)$ para $f \in \mathcal{C}^{0,1}(K, \mathbb{R})$, $F \in \mathcal{C}^1(\mathbb{R}, \mathbb{R})$ y $\mu \in \mathcal{M}_P(K)$.

Dada $f \in \mathcal{C}^{0,1}(K, \mathbb{R})$, definiendo

$$\Delta_k^f(\mu, t, e_k) = \langle \Delta_k(t, e_k, \mu_t), f_t \rangle$$

como en (2.4), podemos escribir a partir de (5.7) la expresión:

$$\langle \mu_t, f_t \rangle = \sum_{i=1}^{N_0} f_t(H^i(\mu_0), A_{H^i(\mu_0)}(t, 0, A_{H^i(\mu_0)})) + \int_0^t \sum_{k=1}^3 \int_{E_k} \Delta_k^f(s, e_k, \mu) I_k dN_k(e_k) ds. \quad (5.11)$$

Ahora bien, usando (2.29) obtenemos el término de transporte en la edad:

$$\begin{aligned} \langle \mu_t, f_t \rangle &= \sum_{i=1}^{N_0} f_0(H^i(\mu_0), A_i(\mu_0)) + \int_0^t \sum_{k=1}^3 \int_{E_k} \Delta_k^f(s, e_k, \mu) I_k dN_k(e_k) ds \\ &\quad + \int_0^t \langle \mu_s, \frac{\partial f_s}{\partial s} + v \nabla_a f_s \rangle ds. \end{aligned} \quad (5.12)$$

Aplicando F , recordando la definición de Δ^{Ff} dada en (2.4), utilizando la fórmula de Itô y aplicando Fubini obtenemos:

$$\begin{aligned} F(\langle \mu_t, f_t \rangle) &= F(\langle \mu_0, f_0 \rangle) + \int_0^t \sum_{k=1}^3 \int_{E_k} \Delta_k^{Ff}(s, e_k, \mu) I_k dN_k(e_k) ds \\ &\quad + \int_0^t \langle \mu_s, \frac{\partial f_s}{\partial s} + v \nabla_a f_s \rangle F'(\langle \mu_s, f_s \rangle) ds. \end{aligned} \quad (5.13)$$

Para calcular el generador

$$\mathcal{L}F_f(\mu_0) = \frac{\partial}{\partial t} \mathbb{E}[F_f(\mu_t)]|_{t=0},$$

primero debemos chequear que la expresión es derivable y que se encuentra mayorada por una función integrable. Para eso consideremos un $N > \max\{N_0, \int_K |a| \mu_0\} > 0$ y los tiempos de parada ζ_N definidos en (5.8).

A partir de la expresión (5.13) tenemos que:

$$\begin{aligned} \mathbb{E}[F_f(\mu_{t \wedge \zeta_N})] &= \mathbb{E}[F_f(\mu_0)] + \mathbb{E} \left[\int_0^{t \wedge \zeta_N} \sum_{k=1}^3 \int_{E_k} \Delta_k^{Ff}(s, e_k, \mu) I_k dN_k(e_k) ds \right] \\ &\quad + \mathbb{E} \left[\int_0^{t \wedge \zeta_N} \langle \mu_s, \frac{\partial f_s}{\partial s} + v \nabla_a f_s \rangle F'(\langle \mu_s, f_s \rangle) ds \right] \\ &= \mathbb{E}[F_f(\mu_0)] + \mathbb{E}[\Psi(t \wedge \zeta_N, \mu)], \end{aligned} \quad (5.14)$$

donde Ψ viene definida a partir del Teorema (28) por:

$$\begin{aligned}
\Psi(t, \mu) = & \int_0^t \left(\int_K \int_{[-1,1]} [F(\langle \mu_s, f_s \rangle + f_s(z, 0)) - F_f(\mu_s)] \gamma(x, a) D(x, dz) \mu_s(dx, da) \right. \\
& + \int_K [F(\langle \mu_s, f_s \rangle - f_s(x, a)) - F_f(\mu_s)] \rho(x, a) \mu(dx, da) \\
& + \int_{K^2} [F(\langle \mu_s, f_s \rangle - f_s(x, a) + f_s(\Phi(x, y), a)) - F_f(\mu_s)] \\
& \quad \alpha(x, a) Q(x, y, a, b) \mu(dx, da) \mu(dy, db) \\
& \left. + \int_K \partial_a f_s(x, a) F'(\langle \mu, f_s \rangle) \mu(dx, da) \right) ds.
\end{aligned} \tag{5.15}$$

Dado $T > 0$ la aplicación que asigna a cada $t \in [0, T] \mapsto \Psi(t \wedge \zeta_N, \mu)$ está mayorada por hipótesis sobre las tasas y las funciones involucradas y es derivable $\mathbb{P} - c.s.$ en $t = 0$ porque μ es continua a derecha y ζ_N es casi seguramente positivo. Dicha derivada $\frac{\partial \Psi}{\partial t}(0, \mu_0)$ está dominada por:

$$TN_0(\bar{v}N_0\|F'\|_\infty\|\nabla_a f\|_\infty + 2\|F\|_\infty\bar{\gamma}\bar{D} + 2\|F\|_\infty\bar{\rho} + 2\|F\|_\infty\bar{Q}\bar{\alpha}) < +\infty$$

y entonces $t \mapsto \mathbb{E}[F_f(\mu_{t \wedge \zeta_N})]$ es derivable en $t = 0$ pues pueden intercambiarse el orden en que se integra y se toma esperanza. Haciendo esto se obtiene (5.2), finalizando la prueba. \square

5.3.2. Renormalización

Analizaremos el comportamiento macroscópico de la población pensando en que las masas individuales se achican a medida que aumenta el número de individuos, junto con esto pensamos que se reducen proporcionalmente las tasas de interacción pero que los recursos de supervivencia se mantienen constantes. Esto es, vamos a suponer que el tamaño inicial de la población inicial tiende a infinito de manera proporcional al valor n y renormalizamos las tasas del proceso con un factor de reescale $1/n$.

Consideraremos una sucesión $(\mu_t^n, t \in \mathbb{R}_+)_{n \in \mathbb{N}}$ tal que $n\mu_t^n$ satisface la ecuación diferencial estocástica (5.7) reemplazando con:

$$\gamma^n = \frac{\gamma}{n}, \quad \rho^n = \frac{\rho}{n} \text{ y } \alpha^n = \frac{\alpha}{n}. \tag{5.16}$$

De este reemplazo resulta el sistema:

$$\mu_t^n = \frac{1}{n}\mu_0^n + \frac{1}{n} \sum_{i=1}^{N_0^n} \delta_{(H^i(\mu_0^n), A_{H^i(\mu_0^n)})(t, 0, A_{H^i(\mu_0^n)})} + \frac{1}{n} \int_0^t \sum_{k=1}^3 \int_{E_k} \Delta_k^n(e_k) I_k^n dN_k(e_k) ds.
\end{aligned} \tag{5.17}$$

Del mismo modo que en la sección anterior definimos los tiempos para el proceso de saltos T_k^n y su límite T_∞^n así como los tiempos de parada:

$$\tau_N^n = \inf\{t \geq 0, n_t^n \geq N\} \text{ y } \zeta_N^n = \inf\{t \geq 0, n_t^n \geq N \text{ o } \int_K |a| d\mu^n(x, a) \geq N\} \quad (5.18)$$

Proposición 20. *Para cada $n \in \mathbb{N}$,*

$$\lim_{N \rightarrow \infty} \tau_N^n = +\infty, \text{ y } T_\infty^n = +\infty$$

casi seguramente, y la ecuación (5.17) admite solución única en el espacio de trayectorias $\mathcal{D}(\mathbb{R}_+, \mathcal{M}_P^n(\mathbb{R}_+ \times K))$.

Demostración. Esta prueba es idéntica a la primera parte de la demostración de la proposición 19, consiguiendo en este caso la cota:

$$\mathbb{E} \left[\sup_{s \in [0, t \wedge \tau_N^n]} \langle \mu_s^n, 1 \rangle \right] \leq \sup_{n \in \mathbb{N}} \mathbb{E} [\langle \mu_0^n, 1 \rangle] e^{\bar{\gamma}t} < +\infty, \quad (5.19)$$

deduciendo el resultado del mismo modo. La existencia y unicidad de la solución será también consecuencia de la construcción del proceso de saltos a través de las MPP. \square

El objetivo será probar propiedades para los momentos de μ_t^n y su representación como una Martingala. Para eso comenzamos mostrando una caracterización análoga a (5.13). La demostración es la misma por lo cual se excluye.

Lema 21. *Sea $n \in \mathbb{N}$ fijo y sea $\mu^n \in \mathcal{D}(\mathbb{R}_+, \mathcal{M}_P^n(\mathbb{R}_+ \times K))$ definida por (5.17). Sean además $F \in \mathcal{C}^1(\mathbb{R}, \mathbb{R})$ y $(f : (x, a, s) \mapsto f_s(x, a)) \in \mathcal{B}_b(K \times \mathbb{R}_+, \mathbb{R})$ tal que para todo $x \in [-1, 1]$, la aplicación $(a, s) \mapsto f_s(x, a)$ es acotada y continuamente diferenciable con derivadas acotadas uniformemente en x . Entonces, para todo $t \in \mathbb{R}_+$:*

$$\begin{aligned} F(\langle \mu_t^n, f_t \rangle) &= F(\langle \mu_0^n, f_0 \rangle) + \int_0^t \sum_{k=1}^3 \int_{E_k} \Delta_k^{n, F_f}(s, e_k, \mu^n) I_k^n dN_k(e_k) ds \\ &\quad + \int_0^t \langle \mu_s^n, \frac{\partial f_s}{\partial s} + v \nabla_a f_s \rangle F'(\langle \mu_s^n, f_s \rangle) ds, \end{aligned} \quad (5.20)$$

donde $\Delta_k^{n, F_f}(s, e_k, \mu^n) = F(\langle \mu_s^n, f_s \rangle + \frac{1}{n} \delta^k(\mu_s^n)) - F(\langle \mu_s^n, f_s \rangle)$ y δ^k es la función que indica cómo actualizar las medidas para el evento k -ésimo.

Podemos entonces enunciar las siguientes propiedades de momentos:

Teorema 22. *Consideremos la sucesión $(\mu^n)_n$ definida por (5.17).*

i) *Si existe $q \geq 1$ tal que:*

$$\sup_{n \in \mathbb{N}} \mathbb{E} [\langle \mu_0^n, 1 \rangle^q] < +\infty, \quad (5.21)$$

entonces:

$$\forall T > 0, \sup_{n \in \mathbb{N}} \mathbb{E} \left[\sup_{t \in [0, T]} \langle \mu_t^n, 1 \rangle^q \right] < +\infty. \quad (5.22)$$

ii) *Si existen $q, m \geq 1$ tales que:*

$$\sup_{n \in \mathbb{N}} \mathbb{E} [\langle \mu_0^n, 1 \rangle^q] < +\infty \text{ y } \sup_{n \in \mathbb{N}} \mathbb{E} \left[\left(\int_K |a|^q \mu_0^n(dx, da) \right)^m \right] < +\infty, \quad (5.23)$$

entonces:

$$\forall T > 0, \sup_{n \in \mathbb{N}} \mathbb{E} \left[\sup_{t \in [0, T]} \left(\int_K |a|^q \mu_t^n(dx, da) \right)^m \right] < +\infty. \quad (5.24)$$

iii) *Si la tasa de muertes verifica que $\exists \underline{\rho} > 0$ tal que para todo $(x, a) \in K, \forall \mu \in \mathcal{M}_P(K), \rho(x, a) \geq \underline{\rho} \langle \mu, 1 \rangle$ y si vale*

$$\sup_{n \in \mathbb{N}} \mathbb{E} [\langle \mu_0^n, 1 \rangle^2] < +\infty, \quad (5.25)$$

entonces:

$$\sup_{n \in \mathbb{N}} \sup_{t \in \mathbb{R}_+} \mathbb{E} [\langle \mu_t^n, 1 \rangle^2] < +\infty. \quad (5.26)$$

Demostración. Partiendo de la expresión del Lema anterior para las funciones $f \equiv 1$ y $F(x) = x^q$ integrando en el tiempo mínimo entre t y los tiempos de parada τ_N^n . Aplicando la desigualdad $(1+y)^q - y^q \leq C(q)(1+y^{q-1})$ y usando Fubini llegamos a una cota que permite aplicar Gronwall. La prueba termina utilizando un argumento por absurdo para deshacerse del tiempo de parada apelando al Lema de Fatou. \square

Estamos ahora en condiciones de plantear una representación para la parte Martingala del proceso μ , resultando cuadrado-integrable con una variación cuadrática previsible que podemos calcular.

Hipótesis 4. La sucesión $(\mu_0^n)_{n \in \mathbb{N}} = (\frac{1}{n} \sum_{i=1}^{N_0^n} \delta_{(H_i(0), A_i(0))})_n$ converge en probabilidad a $\mu_0 \in \mathcal{M}_P(K)$ el espacio de medidas puntuales dotado con la topología de la convergencia débil.

Teorema 23. *Bajo las Hipótesis 3 y 4 vale que:*

i) $\mathcal{L}^n(F_f(\mu)) = \frac{\partial}{\partial t} \mathbb{E}[F_f(\mu_t^n)]|_{t=0} = \tilde{\mathcal{L}}^n F_{f^n}(n\mu)$ donde $F_{f^n}(\mu) = F_f(\mu/n)$ y $\tilde{\mathcal{L}}^n$ cumple la ecuación (5.2) que define a \mathcal{L} , reemplazando el vector de tasas $(\alpha, \rho, \gamma, Q, D)$ por $(\alpha^n, \rho^n, \gamma^n, Q^n, D^n)$ como en (5.16).

ii) En ese caso, $F_f(\mu_t^n) - F_f(\mu_0^n) - \int_0^t \mathcal{L}^n F_f(\mu_s^n) ds$ es una martingala.

iii) Más aún,

$$\begin{aligned} M_t^{n,f} = & \langle \mu_t^n, f_t \rangle - \langle \mu_0, f_0 \rangle - \int_0^t \int_K \mu_s^n(dx, da) ds \left[v(x, a) \nabla_a f_s(x, a) \right. \\ & + \frac{\partial f_s}{\partial s}(x, a) + f_s(z, 0) \gamma(x, a) D(x, dz) - f_s(x, a) \rho(x, a) \\ & \left. + \int_K (f_s(\Phi(x, y), a) - f_s(x, a)) \alpha(x, a) Q(x, a, y, b) \mu_s^n(dy, db) \right]. \end{aligned} \quad (5.27)$$

es una martingala con variación cuadrática:

$$\begin{aligned} \langle M^{n,f} \rangle_t = & \frac{1}{n} \int_0^t \int_K \mu_s^n(dx, da) ds \left[f_s^2(z, 0) \gamma(x, a) D(x, dz) + f_s^2(x, a) \rho(x, a) \right. \\ & \left. + \int_K (f_s(\Phi(x, y), a) - f_s(x, a))^2 \alpha(x, a) Q(x, a, y, b) \mu_s^n(dy, db) \right]. \end{aligned} \quad (5.28)$$

Demostración. Este resultado es una aplicación inmediata del Teorema 28. La idea de la demostración con la que se puede obtener la fórmula explícita es partir de la medida compensadora de la Medida Puntual de Poisson \mathcal{N} . El proceso $(M_t^{n,f})_{t \in \mathbb{R}_+}$ es una martingala local asociada a la sucesión de tiempos de parada $(\zeta_N^n)_{N \in \mathbb{N}}$. Para obtener su variación cuadrática primero hay que aplicar la formula de Itô a 5.27 para obtener una descomposición de Doob de la semimartingala $(\langle \mu_{t \wedge \zeta_N^n}^n, f_{t \wedge \zeta_N^n} \rangle^2)_{t \in \mathbb{R}_+}$.

Por otro lado, podemos obtener una fórmula para $(\langle \mu_{t \wedge \zeta_N^n}^n, f_{t \wedge \zeta_N^n} \rangle^2)_{t \in \mathbb{R}_+}$ mediante la expresión (5.20) para $F(x) = x^2$. De la comparación entre ambas expresiones resulta, de la unicidad de la descomposición, la fórmula (5.28) para los tiempos $t \wedge \zeta_N^n$. Por las hipótesis (tasas y funciones acotadas) y el Teorema 22, $\zeta_N^n \rightarrow +\infty$ casi seguramente. Tomando esperanza a $\langle M^{n,f} \rangle_t$ y aplicando el Lema de Fatou vemos que esta es finita por las propiedades de momentos. Luego, la esperanza del cuadrado de la martingala $M_t^{n,f}$ es finita y vale la fórmula de ii). \square

5.3.3. Convergencia del proceso a la solución de una PDE

Para estudiar el límite de la sucesión $(\mu^n)_{n \in \mathbb{N}}$ cuando n tiende a infinito supondremos la siguiente hipótesis:

Hipótesis 5. La sucesión de variables aleatorias $(\mu_0^n)_{n \in \mathbb{N}} \in \mathcal{M}_F(K)$ converge en ley sobre $\mathcal{M}_F(K)$ a una medida $m_0 \in \mathcal{M}_F(K)$ (eventualmente aleatoria). Además suponemos que:

$$\sup_{n \in \mathbb{N}} \mathbb{E} [\langle \mu_0^n, 1 \rangle^3] < +\infty \text{ y } \sup_{n \in \mathbb{N}} \mathbb{E} \left[\left(\int_K |a| \mu_0^n(dx, da) \right)^2 \right] < +\infty. \quad (5.29)$$

Enunciamos entonces el teorema de convergencia de la sucesión de procesos estocásticos en el sentido de límite fluido a la única solución de la ecuación en derivadas parciales (5.4).

Teorema 24. *Bajo las hipótesis 3, 4 y 5, la sucesión $(\mu^n)_{n \in \mathbb{N}}$ definida por (5.17) es tight en $\mathcal{M}_F(K)$ con la topología débil. Más aún, el único valor de adherencia de la sucesión es un proceso a valores medibles continuos que satisfacen la ecuación de evolución (5.3).*

Demostración. Paso 1: Tensión

Comenzamos probando convergencia en el espacio de Skorokhod dotado de la topología débil utilizando el criterio de Roelly [25], Teorema 2.1, enunciado en el Anexo. Para esto, apelamos al criterio de Aldous-Rebolledo [26, 27]. Este criterio plantea las hipótesis para las cuales obtendremos la tensión de la sucesión, acotando las diferencias entre tiempos de parada de la variación cuadrática de la Martingala y de la parte de variación finita $A_t^{n,f} = \mu_t^{n,f} - M_t^{n,f}$. Esto sale de las hipótesis 3 y 4, de las que deducimos, a través del Teorema 22, cotas para los momentos, y de las propiedades de acotación de la función f .

Una vez hecho esto, por el teorema de Prohorov, es posible extraer una subsucesión $(\mu^{n_k})_{k \in \mathbb{N}}$ que converge en ley en el espacio de Skorokhod con la topología débil. De aquí obtenemos que el proceso límite es casi-seguramente continuo, pudiendo concluir gracias a [110] que la subsucesión converge en ley en el espacio de Skorokhod, esta vez dotado de la topología uniforme/-fuerte/estrecha. Nuevamente aplicando el teorema de Prohorov, obtenemos la convergencia fuerte de la sucesión original.

Para identificar el límite, definimos $\Psi_t(\mu)$ de modo que la ecuación (5.27) puede leerse $M_t^{n,f} = \Psi_t(\mu)$. Gracias al Teorema 23 conocemos una expresión

para la variación cuadrática de la sucesión $(M_t^{f,n_k})_k$ y aplicando la desigualdad de Doob obtenemos que $\mathbb{E} \left[|M_t^{f,n_k}|^2 \right]$ está acotada uniformemente en n y por lo tanto,

$$\forall t \in \mathbb{R}_+, \quad \lim_{n \rightarrow \infty} \mathbb{E} \left[|M_t^{f,n_k}| \right] = 0.$$

Como $(\mu^{n_k})_{k \in \mathbb{N}}$ converge a μ que es continua c.t.p., y como f es continua con derivadas acotadas y continuas, Ψ_t es continua y $\lim_{k \rightarrow \infty} \Psi_t(\mu^{n_k}) = \Psi_t(\mu)$ en ley.

Además, $\forall t \in \mathbb{R}_+, \forall z \in \mathcal{D}(\mathbb{R}_+, \mathcal{M}_F(K))$,

$$\Psi_t(z) \leq C(t, f) \sup_{s \in [0, t]} \left(1 + \int |a| z_s(dx, da) + \langle z, 1 \rangle^2 \right) =: \bar{\Psi}_t(z).$$

Por Hipótesis 3 y el Teorema 22, la sucesión $(\bar{\Psi}_t(\mu^{n_k}))_k$ es uniformemente integrable. Luego, $(|\Psi_t(\mu^{n_k})|)_k$ también lo es, y tomando esperanza podemos deducir que:

$$\lim_{k \rightarrow \infty} \mathbb{E} \left[|M_t^{f,n_k}| \right] = \mathbb{E} [|\Psi_t(\mu)|],$$

concluyendo que $\Psi_t(\mu) = 0$, como queríamos ver.

Paso 2: Unicidad

Sean $(m_t^1)_{t \in \mathbb{R}_+}, (m_t^2)_{t \in \mathbb{R}_+} \in \mathcal{C}(\mathbb{R}_+, \mathcal{M}_F(K))$ dos soluciones de (5.3). Probaremos que para todo $t \in \mathbb{R}_+$,

$$m_t^1(dx, da) = m_t^2(x, a) \text{ casi seguramente.}$$

Antes de comenzar notemos que la existencia de solución se deduce del paso anterior, puesto que los valores de adherencia de $(\mu^n)_{n \in \mathbb{N}}$ son soluciones. Veamos que es única.

Observemos también que estas soluciones son casi seguramente continuas en el sentido de L^1 y que a tiempo finito su masa total está acotada, es decir:

$$\begin{aligned} \forall t \geq 0, \langle m_t, 1 \rangle &= \langle m_0, 1 \rangle + \int_0^t \int_K \gamma(x, a) m_s(dx, da) ds - \int_0^t \int_K \rho(x, a) m_s(dx, da) ds \\ &\leq \langle m_0, 1 \rangle + \int_0^t \bar{\gamma} \langle m_s, 1 \rangle ds \leq \langle m_0, 1 \rangle e^{\bar{\gamma} t} < \infty \mathbb{P} - cs. \end{aligned}$$

Dado esto, podemos definir, para cada $T > 0$,

$$A_T(\omega) := \sup_{t \in [0, T]} \langle m_t^1(\omega) + m_t^2(\omega), 1 \rangle < +\infty.$$

5.4. FORMA DÉBIL DE LA ECUACIÓN PARA LA DENSIDAD DE AGENTES 127

Sea $\phi \in \mathcal{C}_b^{0,1}(K)$ con $\|\phi\|_\infty \leq 1$, si definimos:

$$\forall (x, a) \in K, \forall s \in \mathbb{R}_+, f(x, a, s) = \phi(x, A_x(t, s, a)), \quad (5.30)$$

entonces vale que $m^i, i = 1, 2$, resuelven la ecuación de transporte (2.28) y vale que, $\forall t \in [0, T]$:

$$\begin{aligned} \langle m_t^i, \phi \rangle &= \int_K \phi(x, A_x(t, 0, a)) m_0^i(dx, da) + \int_0^t \int_K m_s(dx, da) ds \\ &\quad \left[\phi(z, A_z(t, s, 0)) \gamma(x, a) D(x, dz) - \phi(x, A_x(t, s, a)) \rho(x, a) \right. \\ &\quad \left. + \int_K (\phi(\Phi(x, y), A_x(t, s, a)) \right. \\ &\quad \left. - \phi(x, A_x(t, s, a)) \alpha(x, a) Q(x, a, y, b) m_s(dy, db) \right]. \end{aligned} \quad (5.31)$$

La demostración se concluye como en (2.26) acotando $|\langle m_t^1 - m_t^2, \phi \rangle|$ con la distancia de variación total y aplicando el Lema de Gronwall. \square

De esta manera, dada una condición inicial $m_0 \in \mathcal{M}_F(K)$ la ecuación (5.3) admite solución única $(m_t)_{t \in \mathbb{R}_+} \in \mathcal{C}(\mathbb{R}_+, \mathcal{M}_F(K))$, siendo ésta el límite en probabilidad en el espacio de Skorokhod $\mathcal{D}(\mathbb{R}_+, \mathcal{M}_F(K))$ dotado de la topología débil. Además, cuando la condición inicial sea determinista, también lo será el valor límite de la sucesión de procesos estocásticos, y por lo tanto la solución m_t .

5.4. Forma débil de la ecuación para la densidad de agentes

En esta sección derivaremos la forma débil de la ecuación 5.4 que describe la evolución de la población en el tiempo, analizando existencia y unicidad de solución. Consideremos la densidad poblacional $m_t \in \mathcal{M}_F(K)$, satisfaciendo de la ecuación determinística:

$$\begin{aligned} \frac{d}{dt} \int_K f(x, a) dm_t(x, a) &= \int_K \left(\gamma(x, a) \int_{-1}^1 f(z, 0) D(x, dz) - f(x, a) \rho(x, a) \right. \\ &\quad \left. + \frac{\partial}{\partial a} (f(x, a)) v(x, a) \right. \\ &\quad \left. + \int_K (f(\Phi(x, y), a) - f(x, a)) Q(x, a, b, y) \alpha(x, a) dm_t(y, b) \right) dm_t(a, x) \end{aligned} \quad (5.32)$$

que obtuvimos la sección pasada para cualquier función test $f \in C^2(K)$.

Para deducir la ecuación (5.4) tendremos que transformar algunos de los términos con las técnicas que explicamos a continuación.

Podemos reescribir el primer término del lado derecho como:

$$\int_K (D(x, dz) \otimes \delta_{a=0}, f) \gamma(x, a) dm_t(x, a) =: (S[m_t], f)$$

donde $S[m_t]$ es la medida sobre K definida por:

$$S[m_t] = \int_K (D(x, dz) \otimes \delta_{a=0}) \gamma(x, a) dm_t(x, a).$$

Si definimos la medida:

$$G[m_t] := S[m_t] - \rho m_t,$$

podemos reescribir los primeros dos términos del lado derecho en (5.32) como $\langle G[m_t], f \rangle$.

Para los segundos dos términos de (5.32), si asumimos que $|\Phi(x, y) - x| \ll 1$ podemos aproximar: $f(\Phi(x, y), a) - f(x, a) \approx \partial_x f(x, a)(\Phi(x, y) - x)$. Así, escribimos el último término de (5.32) como:

$$\int_K \partial_x f(x, a) \left\{ \int_K (\Phi(x, y) - x) Q(x, a, b, y) \alpha(x, a) dm_t(y, b) \right\} dm_t(x, a).$$

Consideremos entonces el campo vectorial:

$$H[m_t](x, a) = H[\Phi, Q, \alpha, m_t](x, a) := (H_1[\Phi, Q, \alpha, m_t](x, a), H_2(x, a)),$$

donde:

$$H_1[\Phi, Q, \alpha, m_t](x, a) = \alpha(x, a) \int_K (\Phi(x, y) - x) Q(x, a, b, y) dm_t(y, b),$$

$$H_2(x, a) = v(x, a).$$

La ecuación (5.32) queda:

$$\frac{d}{dt} \int_K f(x, a) dm_t(x, a) = \langle G[m_t], f \rangle + \int_K \nabla f(x, a) H[\Phi, Q, \alpha, m_t](x, a) dm_t(x, a). \quad (5.33)$$

Observemos que esta es la forma débil de la ecuación de primer orden siguiente:

$$\partial_t f + \operatorname{div}(H[m_t](x, a) m_t) = G[m_t],$$

que es una ecuación de transporte con término de fuente $G[m_t]$.

Hipótesis 6. Supondremos que valen las siguientes hipótesis de regularidad:

- (i) $\rho, \gamma, v, \Phi, Q, \alpha \in W^{1,\infty}$ (acotadas y Lipschitz en su dominio),
- (ii) Existen $C_D, L_D > 0$ tales que para todo par x, x' ,

$$\|D(x, dz)\|_{TV} \leq C_D \quad \text{y} \quad \|D(x, dz) - D(x', dz)\|_{BL} \leq L_D|x - x'|.$$
- (iii) $v \geq 0$, $v(\cdot, A) = \gamma \Phi(1, \cdot) \leq 1$, $\Phi(-1, \cdot) \geq -1$.
- (iv) $\gamma \geq 0$ y $D(x, \cdot)$ es una medida finita no negativa para todo x .

Consideraremos al espacio $M(K)$, de las medidas de Borel sobre K , con la norma *Bounded Lipschitz* (BL) definida por:

$$\|m\|_{BL} = \sup_f \langle m, f \rangle$$

donde el sup lo tomamos sobre todas las $f \in W^{1,\infty}(K)$, $\|f\|_{W^{1,\infty}} \leq 1$. Esta norma está muy estudiada en teoría de probabilidades y ha sido utilizada para analizar buena definición de ecuaciones de transporte en biología de poblaciones (por ejemplo en [111]). A pesar de que esta norma no es equivalente a la de la convergencia débil, es sabido que si $\mu_n \rightarrow \mu$ débilmente, entonces $\|\mu_n - \mu\|_{BL} \rightarrow 0$ (ver [112][Teo 6]) pero la recíprova es, en general, falsa. De todos modos cuando las medidas son no negativas, ambas convergencias son equivalentes (ver [112][Teo 8]).

Apelando a los resultados expuestos en [113] (basados en el trabajo [111]) podemos probar que esta ecuación está bien planteada con las hipótesis recién enunciadas. Tenemos el siguiente resultado:

Teorema 25. *Bajo las Hipótesis 6 y para cada condición inicial $m_0 \in M(K)$, existe una única solución $m \in C([0, +\infty), M(K))$ de la ecuación (5.33) con $m|_{t=0} = m_0$. Más aún, si $m_0 \geq 0$ entonces $m_t \geq 0$ para todo $t \geq 0$.*

Demostración. De los primeros dos ítems de nuestra hipótesis, tenemos que para cada $m \in M(K)$ y $f \in C(K)$,

$$\begin{aligned} |\langle G[m], f \rangle| &\leq \int_K |\langle D(x, dz), f(x, 0) \rangle| |\gamma(x, a)| d|m|(x, a) + \int |\rho| |f| d|m| \\ &\leq (C_D \|\gamma\|_\infty + \|\rho\|_\infty) \|f\|_\infty \int_K d|m| \end{aligned}$$

y por lo tanto:

$$\|G[m]\|_{TV} \leq C_G \|m\|_{TV} \tag{5.34}$$

con $C_G := \|\rho\|_\infty + \|\gamma\|_\infty C_D$.

Verifiquemos que existe $L_G > 0$ tal que para toda $m^1, m^2 \in M(K)$,

$$\|G[m^1] - G[m^2]\|_{BL} \leq L_G \|m^1 - m^2\|_{BL}.$$

De hecho, $\|\rho m^1 - \rho m^2\|_{BL} \leq C \|m^1 - m^2\|_{BL}$ donde C depende de $\|\rho\|_{W^{1,\infty}}$. Además,

$$\|S[m^1] - S[m^2]\|_{BL} \leq \|m^1 - m^2\|_{BL} \|(D(\cdot, dz) \otimes \delta_{a=0})\gamma\|_{W^{1,\infty}} \leq C' \|m^1 - m^2\|_{BL}$$

donde C' depende sólo de $\|\gamma\|_{W^{1,\infty}}$, L_D y C_D .

Con respecto a H , notemos que para cada $R > 0$ y cada medida $m \in M(K)$, $\|m\|_{TV} \leq R$, el campo $H[m]$ está acotado y es globalmente Lipschitz, y su norma $\|H[m]\|_{W^{1,\infty}} \leq C_R$ donde la constante C_R depende tanto de R como de la norma en $W^{1,\infty}$ de los parámetros del problema Φ, Q, α, v . We examine the regularity of \cdot . For any Por un lado, para cada par de medidas $m^1, m^2 \in M(K)$ y cada variable de estado $(x, a) \in K$, tenemos la siguiente condición de regularidad de $H[m]$ con respecto a m :

$$\begin{aligned} |H[m^1](x, a) - H[m^2](x, a)| &= |\alpha(x, a)| \left| \int_K (\Phi(x, y) - x) Q(x, a, b, y) d(m^1 - m^2)(y, b) \right| \\ &\leq \|\alpha\|_\infty \|(\Phi(x, \cdot) - x) Q(x, a, \cdot, \cdot)\|_{W^{1,\infty}} \|m^1 - m^2\|_{BL} \\ &\leq L_H \|m^1 - m^2\|_{BL} \end{aligned}$$

y aquí, la constante L_H depende sólo de $\|\alpha\|_\infty, \|\Phi\|_{W^{1,\infty}}, \|Q\|_{W^{1,\infty}}$. Luego,

$$\|H[m^1] - H[m^2]\|_{L^\infty(K)} \leq L_H \|m^1 - m^2\|_{BL}.$$

Por último, de (iv) vale que $S[m] \geq 0$ para $m \geq 0$.

De todas estas propiedades, aplicando el Teorema 5.2 de [114] (ver también Teorema 3.1 en [113]) tenemos que para cada condición inicial $m_0 \in M(K)$, existe una única solución $m \in C([0, T], M(K))$ definida en un intervalo maximal $[0, T]$. Más aún, $T < +\infty$ si y sólo si $\lim_{t \rightarrow T} \|m_t\|_{TV} = +\infty$ y esta solución satisface la siguiente ecuación de punto fijo:

$$m_t = T_t \# m_0 + \int_0^t T_{t-s} \# G[m_s] ds, \quad (5.35)$$

donde T_t es el flujo del campo vectorial H . El hecho de que m_t tenga soporte en K para cada t es consecuencia de (iii) que garantiza $H|_{\partial K}$ tiene imagen en K y por lo tanto $T_t(K) \subset K$.

Podemos además probar que m está definida sobre toda la semirecta $[0, +\infty)$ haciéndolo de a partes. De (5.35) podemos concluir que para cada $f \in C(K)$, con $\|f\|_\infty \leq 1$,

$$\begin{aligned} |\langle m_t, f \rangle| &\leq |\langle m_0, f \circ T_t \rangle| + \int_0^t |\langle G[m_s], f \circ T_{t-s} \rangle| ds \leq \|m_0\|_{TV} \\ &+ \int_0^t \|G[m_s]\|_{TV} ds \leq \|m_0\|_{TV} + C_G \int_0^t \|m_s\|_{TV} ds, \end{aligned}$$

porque usamos (5.34). Así,

$$\|m_t\|_{TV} \leq \|f_0\|_{TV} + C_G \int_0^t \|m_s\|_{TV} ds.$$

Con un argumento de tipo Gronwall concluimos que $\|m_t\|_{TV} \leq \|m_0\|_{TV} e^{C_G t}$. En particular $T = +\infty$. \square

5.5. Simulaciones

Para concluir el Capítulo, presentamos una simulación con agentes para la dinámica poblacional de interacciones con intercambio de opinión, nacimientos y muertes y envejecimiento uniforme. Para dicho fin implementamos un código en `python` basado en la construcción del proceso estocástico a través de las Medidas Puntuales de Poisson. Hacemos lo siguiente:

- Para cada agente asignamos una tasa α con la que interactuará, una tasa γ con la que tendrá una descendiente y otra ρ con la que muere. Estas tasas a priori pueden depender tanto de su estado como de su edad. Sumando estas tres tasas obtenemos la tasa individual t_x con la que le agente transiciona por sí mismo.
- La suma de todas estas tasas nos da la tasa global con la que hay un salto en la cadena. Sorteamos entonces una variable aleatoria exponencial de esa tasa global. Esto es como sortear una variable aleatoria que se corresponde con el mínimo de todas las exponenciales de cada agente.
- Una vez hecho esto sorteamos qué agente es el que dispara la transición y luego cuál de los tres tipos de eventos es el que sucede. Recordemos que si X_1 e X_2 son dos variables exponenciales independientes de tasas λ_1 y λ_2 entonces $Y = \min(X_1, X_2)$ tiene distribución exponencial de parámetro $\lambda_1 + \lambda_2$ y además $Y = X_i$ con probabilidad $\frac{\lambda_i}{\lambda_1 + \lambda_2}$. Esto mismo hacemos con todos los agentes y todas sus tasas.

- Si resulta que el agente seleccionado muere entonces lo retiramos de la población; si tiene un descendiente, le agregamos en la población con edad 0 y le asignamos una opinión según $D(x)$; si interactúa con alguien entonces le sorteamos según la densidad de probabilidades $Q(x, y)$, obteniendo el agente y con el que interactuará x , luego actualizamos su opinión según $\Phi(x, y)$. Después de que el evento en cuestión sucede, actualizamos las edades de todos los individuos y las tasas con las que habrá un evento, para volver al primer paso.

Consideramos una población de tamaño inicial $n = 200$ y entre 5000 y 10000 sucesiones de eventos. En los casos que presentamos a continuación, tomamos D uniforme en el $[-1, 1]$, pensamos $\gamma(x, a) = \gamma_{global} \mathbb{1}_{a > A_{adult}}$ con $\gamma_{global} = 2$ y $A_{adult} = 16$.

En las sub-figura (b) podemos observar cómo los agentes efectivamente envejecen respondiendo a la ecuación de transporte y que mueren aquellos de mayor edad con más tasa. Esto sucede porque tomamos:

$$\rho(x, a) = 0,001 \mathbb{1}_{a < A_{adult}} + 0,1 \mathbb{1}_{A_{adult} \geq a < 70} + 1 \mathbb{1}_{a \geq 70}.$$

Además, podemos observar que la velocidad de envejecimiento que consideramos hace que los agentes envejezcan unos ≈ 60 años en mil iteraciones, que es del orden del tiempo en que se alcanza el consenso.

Por último, agregamos también la evolución de otras cantidades como la edad promedio y la edad máxima.

5.5.1. Trabajo Futuro

Por un lado, el modelo Markoviano de agentes que describimos con las MPP admite solución mediante el límite de escala en condiciones muy generales obteniendo la ecuación (5.3). Sin embargo, para obtener la ecuación en derivadas parciales (5.4) hemos hecho suposiciones sobre cómo los agentes cambian su opinión de interactuar para acercarse y aplicar sin mayores cambios las técnicas de *grazing limit*.

Dentro de las posibles generalizaciones de este trabajo encontramos dos que nos parecen interesantes y que son fácilmente simulables: considerar agentes que no cambian de opinión por un lado, y por otro suponer que los agentes interactúan sólo con aquellos que piensan muy parecido.

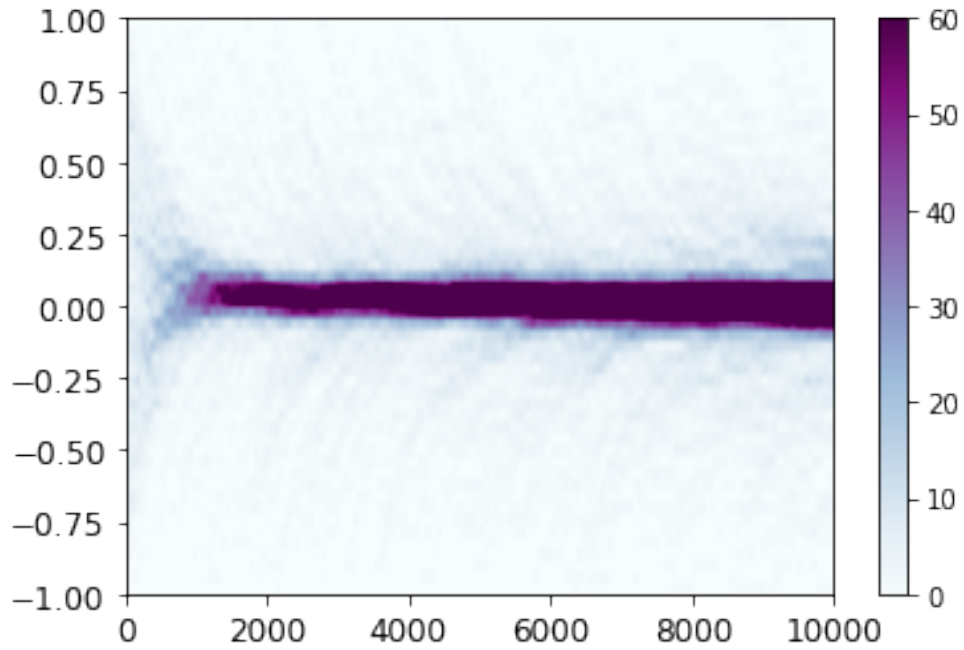
En la Figura 5.2 tomamos Q uniforme, en 5.2b consideramos que los agentes interactúan sólo si sus opiniones distan menos que 0,2 y en 5.2a si distan menos que 0,5. Esto se conoce en la literatura como *bounded confidence* [115] e indica que los agentes solo interactúan con aquellos que tienen opiniones más

o menos cercanas. De esto se desprende que en el primer caso las opiniones converjan a un consenso que es la opinión central, mientras que en los segundos haya cierta polarización, pues a partir de algún momento los agentes ya no interactúan con aquellos que están lejos. Lo que aporta aleatoriedad, y por lo que no veamos una opinión límite tan definida, se debe a haber tomado D uniforme en el espacio de opiniones.

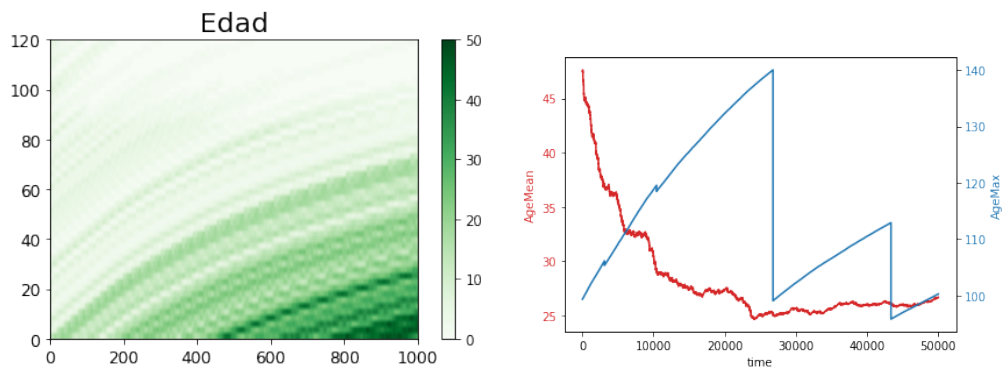
Por otro lado, en la Figura 5.3 mostramos el resultado de tomar agentes que una vez que están muy cerca de los bordes del espacio de opiniones no cambian de estado después de interactuar. Este tipo de variantes puede encontrarse por ejemplo en [106]. Además consideramos que los agentes tienen una distribución de opiniones inicial uniforme en $[-0,5, 1]$ pero nuevamente tomamos D uniforme en todo el espacio de opiniones. Vemos que aunque hay cierta acumulación en los bordes, las opiniones convergen al 0.

Deducir ecuaciones en derivadas parciales para estos dos modelos no es tan directo como en el caso expuesto en la sección anterior y forma parte de los trabajos que continuarán después de esta tesis.

Por otro lado, sería también interesante considerar una red para las interacciones de los agentes y analizar si esto puede modelarse con Q casi directamente o hay una descripción diferente del proceso límite.



(a) Convergencia de opiniones



(b) Transporte de edades

(c) Evolución de edades

Figura 5.1: Simulación del modelo de opiniones.

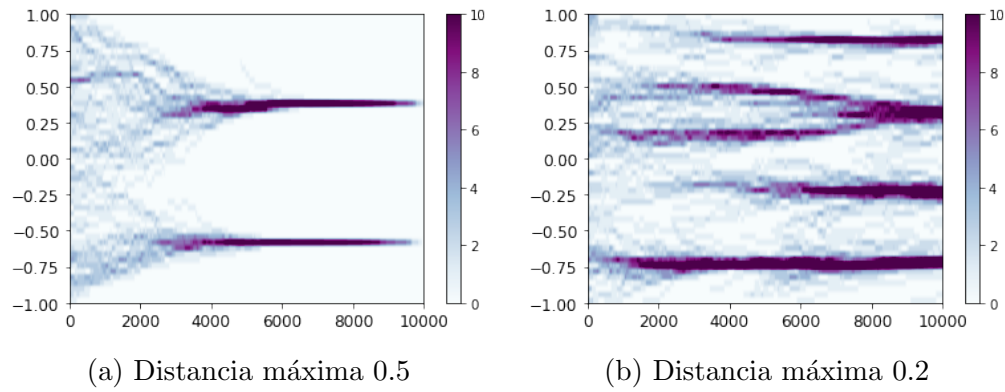


Figura 5.2: Evolución de las opiniones con *Bounded Confidence*.

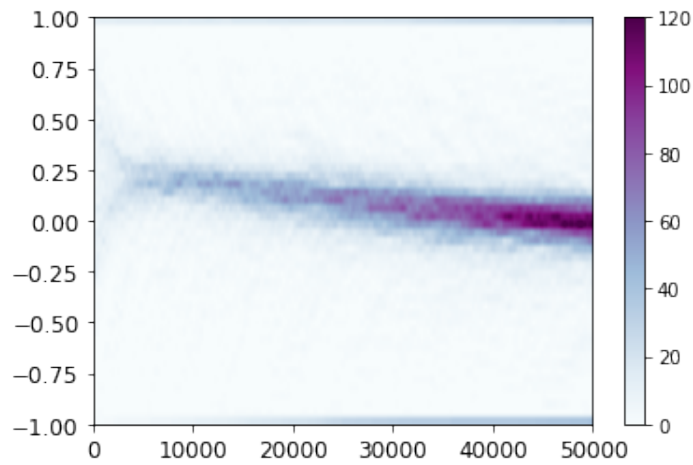


Figura 5.3: Modelo con agentes que no cambian de opinión.

Capítulo 6

Apéndice

6.1. Medidas Aleatorias

Consideremos E un espacio Polaco (*i.e.* dotado de una métrica que lo hace completo y separable) y \mathcal{E} la σ -álgebra de Borel, es decir, la generada por los abiertos de E . En el espacio (E, \mathcal{E}) se dice que una medida es de Borel-Radon, o localmente finita, si le asigna medida finita a cualquier Boreliano relativamente compacto (*i.e.* de clausura compacta o acotados). Notemos $\mathcal{M}(E)$ al conjunto de medidas de Borel-Radon, que contiene al espacio de medidas finitas $\mathcal{M}_F(E)$ y al de medidas de probabilidad $\mathcal{P}(E)$.

Definición 26 (Medidas aleatorias). Dado (Ω, \mathcal{F}, P) un espacio de probabilidad. Una medida aleatoria μ en E es una función medible

$$\mu : (\Omega, \mathcal{F}, P) \rightarrow (\mathcal{M}(E), \tilde{\mathcal{F}}).$$

La distribución, o ley de μ , denotada $P\mu^{-1}(B) = P(\mu^{-1}(B)) = P(\mu \in B)$ para todo $B \in \tilde{\mathcal{F}}$.

La intensidad de la medida μ es la medida $\eta = \eta(\mu) = \mathbb{E}[\mu(B)] = \int_{\Omega} \mu(B) dP$ para $B \in \tilde{\mathcal{F}}$.

Dada una medida aleatoria μ se define su funcional de Laplace como

$$\mathbb{E}[\exp(-\langle f, \mu \rangle)], f \in \mathcal{C}_c(E).$$

Este funcional caracteriza unívocamente a la medida.

Definición 27. Dados (E, \mathcal{E}) un espacio de medida y η una medida σ -finita, una medida aleatoria N , es una Medida Puntual de Poisson con intensidad $\eta(de)dt$ en $\mathbb{R}_+ \times E$ si satisface:

- N es una medida de contar: $\forall B \in \mathcal{B}(\mathbb{R}_+) \times \mathcal{E}$, $\forall \omega \in \Omega$, $N(\omega, B) \in \mathbb{N} \cup \{+\infty\}$.
- $\forall \omega \in \Omega$, $N(\omega, \{0\} \times E) = 0$ es decir, no hay saltos en tiempo inicial.
- $\forall B \in \mathcal{B}(\mathbb{R}_+) \times \mathcal{E}$, $\mathbb{E}[N(B)] = \nu(B)$ donde $\nu(dt, de) = \eta(de)dt$.
- Si $A, B \in \mathcal{B}(\mathbb{R}_+) \times \mathcal{E}$ tienen medida finita y son disjuntos, entonces las variables aleatorias $N(A)$ y $N(B)$ son independientes.

La existencia de estas medidas puede encontrarse en [116]. Observemos además, que para todo $A \in \mathcal{E}$, con $\eta(A) < \infty$ el proceso definido por $N_t(A) = N((0, t] \times A)$ es un proceso de Poisson con intensidad $\eta(A)$.

El siguiente resultado nos permite probar las fórmulas de los generadores que involucramos en la tesis:

Teorema 28 (Fórmula de Campbell). *Sean (E, \mathcal{E}) un espacio de medida, η una medida σ -finita en ese espacio y N una medida puntual de Poisson con intensidad $\eta(de)dt$ en $\mathbb{R}_+ \times E$. Sea $G(s, e)$ un proceso predecible y supongamos que*

$$\mathbb{E} \left[\int_0^T \int_E |G(s, e)| \eta(de) ds \right] \leq \infty.$$

Entonces:

$$\mathbb{E} \left[\int_0^T \int_E G(s, e) N(ds, de) \right] = \mathbb{E} \left[\int_0^T \int_E G(s, e) \eta(de) ds \right].$$

Además, $M_t := \int_0^t \int_E G(s, e) N(ds, de) - \int_0^t \int_E G(s, e) \eta(de) ds$ para $t \leq T$ es una martingala, y si G tiene segundo momento con respecto a η entonces M es cuadrado-integrable y su variación cuadrática viene dada por:

$$\langle M \rangle_t = \int_0^t \int_E G^2(s, e) \eta(de) ds.$$

Definición 29 (Convergencias débil y vaga). Dada una sucesión $(\mu_n)_{n \in \mathbb{N}}$ de medidas finitas en E , decimos que converge débilmente a μ si para toda $f \in \mathcal{C}_b(E)$ continua y acotada

$$\int_E f d\mu_n \xrightarrow{n \rightarrow \infty} \int_E f d\mu.$$

Diremos que una sucesión de medidas $(\mu_n)_{n \in \mathbb{N}}$ (no necesariamente finitas) converge vagamente a μ si ahora $f \in \mathcal{C}_c(E)$, es decir, es continua de soporte compacto.

En análisis funcional la convergencia débil es llamada w^* o débil-*. La convergencia débil induce en \mathcal{M}_F la topología débil y está caracterizada por las asignaciones $\mu \mapsto \langle \mu, f \rangle = \int f d\mu$.

Análogamente, con la topología vaga y notamos $\tilde{\mathcal{F}}$ a la σ -álgebra que genera esta última topología en el espacio de medidas.

6.2. Convergencias en el Espacio de Skorokhod

Comenzamos enunciando algunas definiciones y resultados básicos: Consideremos E un espacio de Banach. Para cada operador T acotado en E y para cada $t \in \mathbb{R}_+$ se define $\exp\{tB\} = \sum_{k \in \mathbb{N}} \frac{1}{k!} t^k B^k$.

Definición 30. Una familia de $\{T_t\}_{t \geq 0}$ de operadores lineales se llama semigrupo si $T_0 = Id$ y $T_{s+t} = T_s T_t$ para todo par $s, t \geq 0$. Un semigrupo se dice fuertemente continuo si $\lim_{t \rightarrow 0} T_t f = f$ con la norma de E para toda $f \in E$ y es un semigrupo de contracción si la norma de los T_t es menor o igual que uno.

Vale que si $\{T_t\}_{t \geq 0}$ es un semigrupo fuertemente continuo en E entonces existen una constante $M \geq 1$ y $w \geq 0$ tales que $\|T_t\| \leq M \exp(wt)$ y como corolario, para cada $f \in E$ la aplicación $t \mapsto T_t f$ es una función continua de $[0, \infty)$ en E .

Definición 31. El generador infinitesimal de un semigrupo $\{T_t\}_{t \geq 0}$ es el operador lineal $Lf = \lim_{t \rightarrow 0} \frac{1}{t}(T_t f - f)$. El dominio $D(L)$ es el espacio de todas las f para las cuales éste límite existe con la norma de E .

Proposición 32 (Fórmula de Dynkin). *Consideremos una sucesión de procesos markovianos X^n con generadores L^n . Dada F_f en el dominio $D(L^n)$ del generador definida por $F_f(\mu) = F(\langle f, \mu \rangle)$, la fórmula de Dynkin indica que:*

$$F_f(\mu_t) = F_f(\mu_0) + \int_0^t L^n(F_f(\mu_s)) dA_s + M_t^{f,n}.$$

Siendo que $\mathbb{E}[F_f(\mu_t^n)] < \infty$ y $M^n(\mu)$ una martingala.

Definición 33. Cualquier proceso Markoviano X_t que puede escribirse como $X_t = A_t + M_t$ con A_t sus trayectorias de variación finita y M_t una martingala local se dice una semimartingala.

Compacidad débil de una sucesión de medidas de probabilidad en el Espacio de Skorokhod

E denotará un espacio con una métrica d completo separable, y se nota con $\mathcal{D}(\mathbb{R}_+, E)$ al conjunto de funciones a valores en E definidas sobre los reales positivos que son continuas a derecha y tienen límite a izquierda (*cadlag*).

El espacio $\mathcal{D}(\mathbb{R}_+, E)$ será dotado de una topología análoga a la planteada originalmente por Skorokhod, ver [22, 117, 118, 119] por detalles (con la topología original el espacio no era separable).

La idea de esta topología es la siguiente: dada una sucesión x_n en $\mathcal{D}(\mathbb{R}_+, E)$, diremos que converge a x si y sólo si existe una sucesión de homeomorfismos de los reales positivos λ_n , cuyo límite es la identidad, de modo que al componerla con la sucesión original converge a x , siendo ambas convergencias uniformes sobre los compactos de \mathbb{R}_+ .

Intuitivamente, podemos permitirnos movernos un poquito tanto en la variable de estado como en la temporal, para obtener convergencias uniformes. Formalmente, la topología será la inducida por la métrica:

$$d_{\mathcal{D}}(x, y) := \inf_{\lambda \in \Lambda(\mathbb{R}_+)} \left\{ \sup_{s, t \in \mathbb{R}_+, s \neq t} \left| \log \frac{\lambda(s) - \lambda(t)}{s - t} \right| + \sup_{t \in \mathbb{R}_+} d(x_t, y_{\lambda(t)}) \right\}, \quad (6.1)$$

donde el ínfimo es tomado sobre el conjunto Λ de homeomorfismos crecientes de la semirecta de los reales no negativos, aunque podría considerarse cualquier intervalo compacto $[0, T]$ y las funciones continuas crecientes λ tales que $\lambda(0) = 0$ y $\lambda(T) = T$ y obtener una topología equivalente.

Definimos además, para cada $x \in \mathcal{D}(\mathbb{R}_+, E)$, $N > 0$, $\delta > 0$:

$$w^N(x, \delta) := \inf_{\Pi_\delta} \max_{t_i \in \Pi} \sup_{t_i \leq s < t < t_{i+1}} d(x_t, x_s)$$

donde Π_δ es el conjunto de todas las sucesiones decrecientes $t = t_0 < t_1 < \dots < t_n < N$ en los reales positivos con $\inf_i |t_{i+1} - t_i| \geq \delta$. Si para todo N el límite cuando δ tiende a cero de $w^N(x, \delta)$ es cero para todo $x \in A$ y $\{x_t : x \in A\}$ es relativamente compacto en E entonces decimos que A es relativamente compacto.

Definición 34. Consideremos $\Omega = \mathcal{D}(\mathbb{R}_+, E)$ y \mathcal{B} la σ -álgebra de Borel asociada a la topología que definimos recién. Una sucesión $(P^n)_{n \in \mathbb{N}}$ de medidas de probabilidad converge débilmente a P si para toda función f continua y acotada definida sobre Ω vale que $\lim_n \int f dP^n = \int f dP$.

Diremos que $(P^n)_{n \in \mathbb{N}}$ es relativamente compacta en sentido débil si cualquier subsucesión admite una subsucesión débilmente convergente.

Una condición necesaria para la compacidad relativa es la propiedad de tensión, atribuida a Prohorov:

Definición 35. Decimos que la sucesión P^n es tensa si para todo $\varepsilon > 0$ existe un compacto $\Omega_\varepsilon \subset \Omega$ tal que $\inf_n P^n(\Omega_\varepsilon) \geq 1 - \varepsilon$.

En general contamos con el siguiente resultado:

Proposición 36. Dada una sucesión de procesos μ^n definidos en sus respectivos espacios de probabilidad $(\tilde{\Omega}^n, \tilde{\mathcal{A}}^n, \tilde{P}^n)$ a valores en E , la sucesión $(P^n)_{n \in \mathbb{N}}$ de las leyes de los procesos μ^n forman una sucesión tensa si y sólo si:

- i) para todo t en un subconjunto denso de \mathbb{R}_+ las leyes de las variables aleatorias $(\mu_t^n)_{n \in \mathbb{N}}$ forman una secuencia de leyes tensas en E .
- ii) Para todos los $N, \eta, \varepsilon > 0$ existe $\delta > 0$ tal que $\lim_n \sup \tilde{P}^n \{ \omega \in \Omega^n : w^N(\mu^n(\cdot, \omega), \delta) > \eta \} \leq \varepsilon$.

Criterio de Aldous

Consideremos una sucesión $(\mu^n)_{n \in \mathbb{N}}$ de procesos càdlàg definidos en sus respectivos espacios de probabilidad $(\Omega^n, \mathcal{A}^n, P^n)$ tomando valores en el espacio métrico completo y separable (E, d) y que en cada espacio tenemos una filtración $(\mathcal{F}_t^n)_{t \in \mathbb{R}_+}$ de σ -álgebras para los cuales μ^n está adaptada.

Diremos que la sucesión $(\mu^n)_{n \in \mathbb{N}}$ satisface la condición de Aldous si para cada $N > 0, \varepsilon > 0, \eta > 0$ existe un $\delta > 0$ y un n_0 con la propiedad de que para cualquier familia de tiempos de parada $(\tau_n)_{n \in \mathbb{N}}$ en la filtración \mathcal{F}^n con $\tau_n \leq N$, vale que:

$$\sup_{n \geq n_0} \sup_{\theta \leq \delta} P^n(d(\mu_{\tau_n}^n, \mu_{\tau_n + \theta}^n) \geq \eta) \leq \varepsilon. \quad (6.2)$$

El teorema de Aldous prueba que esta condición es equivalente a la que enunciamos a continuación y que además ambas implican la condición (ii) de tensión: para cada $N > 0, \varepsilon > 0, \eta > 0$ existe un $\delta > 0$ y un n_0 con la propiedad de que para cualquier par de tiempos de parada $(S_n, T_n)_{n \in \mathbb{N}}$ de la filtración \mathcal{F}^n con $S_n \leq T_n \leq N$, vale que:

$$\sup_{n \geq n_0} P^n(d(\mu_{S_n}^n, \mu_{T_n}^n) \geq \eta, T_n < S_n + \delta) \leq \varepsilon. \quad (6.3)$$

Contamos también con el siguiente resultado de Rebolledo [27]:

Teorema 37. Sea $(\mu^n)_{n \in \mathbb{N}}$ una sucesión de semimartingalas finito-dimensionales en la forma $\mu^n = A^n + M^n$ con A^n de variación finita y M^n una martingala cuadrado integrable. Si las sucesiones A^n y $\langle M^n \rangle$ satisfacen las condiciones del teorema de Aldous, las leyes de probabilidad $(P^n)_{n \in \mathbb{N}}$ de μ^n forman una familia tensa.

Finalmente tenemos este criterio [7]:

Proposición 38. *La sucesión $(\mu^n)_{n \in \mathbb{N}}$ es tensa si para todo $\varepsilon > 0$ y $\eta > 0$, existe $n_0 \in \mathbb{N}$ y $\delta > 0$, tales que, para todo $n > n_0$ y para todo par de tiempos de parada S_n y T_n vale que: por un lado para todo tiempo t en un subconjunto denso de los reales positivos, las leyes de $(\langle M^{n,f} \rangle_t)_{n \in \mathbb{N}}$ y de $(A_t^{n,f})_{n \in \mathbb{N}}$ son tensas en \mathbb{R} y que vale:*

$$P(|A_{T_n}^{n,f} - A_{S_n}^{n,f}| > \eta) \leq \varepsilon, \quad (6.4)$$

$$P(|\langle M^{n,f} \rangle_{T_n} - \langle M^{n,f} \rangle_{S_n}| > \eta) \leq \varepsilon. \quad (6.5)$$

Medidas finitas sobre \mathbb{N} .

A continuación enunciamos algunos resultados para el caso particular en que el espacio que consideramos es el de las medidas finitas sobre los naturales, las demostraciones rigurosas pueden encontrarse en [2]. Recordemos que habíamos definido, para todos los $\varepsilon \leq 0$ y $A > 0$, los subconjuntos de $\mathcal{M}_F(\mathbb{N}_0^d)$,

$$\mathcal{M}_{\varepsilon,A} = \{\mu \in \mathcal{M} : \langle \mu, 1 + \chi^5 \rangle \leq A \text{ y } \langle \mu, \chi \rangle \geq \varepsilon\},$$

y $\mathcal{M}_{0+,A} = \bigcup_{\varepsilon > 0} \mathcal{M}_{\varepsilon,A}$.

Como primera observación tenemos que, cualquier función real de orden 5 f tenemos la siguiente condición de integrabilidad uniforme:

$$\lim_{K \rightarrow \infty} \sup_{\nu} |\langle \nu, f \mathbf{1}_{[K,\infty)} \rangle| = 0. \quad (6.6)$$

Esto vale por la desigualdad de Markov. Esto implica que, para cada $A > 0$, el conjunto $\mathcal{M}_{\varepsilon,A}$ es un cerrado para la topología de la convergencia débil, hecho simple de verificar mediante el Lema de Fatou.

Además vale que si $(\mu_n)_{n \in \mathbb{N}}$ es una sucesión de medidas en $\mathcal{M}_{\varepsilon,A}$ que converge débilmente, vale por (6.6) que:

$$d_{TV}(\mu_n, \mu) \leq \sum_{k \in \mathbb{N}} |\mu_n(k) - \mu(k)|$$

converge a cero cuando n crece. Esto implica que las trayectorias en $\mathcal{M}_{\varepsilon,A}$ con respecto a la topología débil y la de variación total (que es más fuerte) coinciden. De aquí se puede deducir el siguiente resultado:

Lema 39. *Si una sucesión $(\mu_n)_{n \in \mathbb{N}}$ de $\mathcal{M}_{\varepsilon,A}^{\mathbb{N}}$ converge en el sentido débil a una medida $\mu \in \mathcal{M}_{\varepsilon,A}$, entonces $(\langle \mu_n, f \rangle)_{n \in \mathbb{N}}$ converge a $\langle \mu, f \rangle$ para toda función $f(k) = o(k^5)$ con k grande.*

Finalmente, vale el siguiente Lema:

Lema 40. *Para todo $p \leq 5$, la aplicación $\Phi_p : \mathcal{D}(\mathbb{R}_+, \mathcal{M}_{\varepsilon, A}) \rightarrow \mathcal{D}(\mathbb{R}_+, \mathbb{R})$ que asigna $\Phi(\nu) \mapsto \langle \nu, \chi^p \rangle$ es continua.*

6.3. Control óptimo y soluciones viscosas

Consideremos el problema de control general:

$$\dot{x} = \varphi(t, x, \pi), \quad x(0) = x_0, \quad (6.7)$$

donde la función φ es de clase \mathcal{C}^1 de $I \times V \times U$ en \mathbb{R}^d , siendo I un intervalo real, V un abierto de \mathbb{R}^d y U un abierto de \mathbb{R}^m , $(t_0, x_0) \in I \times V$. Tenemos el siguiente resultado [64]:

Teorema 41 (Cauchy-Lipschitz). *Supongamos que φ es localmente Lipschitz con respecto a x en el sentido de que $\forall x \in V$ existen $r > 0$, $B(x, r) \subset V$ y $\alpha \in L^1_{loc}(I, \mathbb{R}_+)$ tales que $\forall t \in I, \forall y, z \in B(x, r)$ vale $\|\varphi(t, y, \pi) - \varphi(t, z, \pi)\| \leq \alpha(t)\|y - z\|$ y supongamos también que φ es localmente integrable con respecto a t en el sentido de que $\forall x \in V$ existe una función localmente integrable β tal que para todo $t \in I$, $\|\varphi(t, x, \pi)\| \leq \beta(t)$. Entonces, para cada dato inicial (t_0, x_0) existe una única solución al problema de Cauchy (6.7).*

Lo expuesto a continuación puede encontrarse mucho más desarrollado en [63]. Supongamos que queremos estudiar de manera general el problema de Dirichlet para la ecuación de Hamilton-Jacobi. Sea H una función continua sobre $U \times \mathbb{R} \times \mathbb{R}^d$ que llamamos el Hamiltoniano y g una función continua en ∂U . Consideremos la ecuación de Hamilton-Jacobi de primer orden sobre U :

$$H(x, u(x), \nabla u(x)) = 0 \text{ sobre } U, \quad S = g \text{ sobre } \partial U \quad (6.8)$$

Recordemos antes las siguientes definiciones:

Definición 42. Una función u definida en U se dice sub-solución de la ecuación 6.8 en un sentido viscoso si para cada punto $x \in U$ y cualquier función $f \in \mathcal{C}^1(U)$ tal que $f \geq u$ en un entorno de x y $f(x) = u(x)$ vale que $H(x, f(x), \nabla f(x)) \leq 0$.

Análogamente, se dice super-solución en un sentido viscoso si para cada punto $x \in U$ y cualquier función $f \in \mathcal{C}^1(U)$ tal que $f \leq u$ en un entorno de x y $f(x) = u(x)$ vale que $H(x, f(x), \nabla f(x)) \geq 0$.

Por último, u es una solución viscosa de la Ecuación en Derivadas Parciales $H(x, u(x), \nabla u(x)) = 0$ en U si es ambas sub-solución y super-solución.

Consideremos entonces el problema de control (6.7) para $t \in [0, T]$ y supongamos que π toma valores en un conjunto U compacto de reales. Supongamos también que la función φ es continua, acotada y Lipschitz en la variable de estado x . Consideremos el conjunto $\Pi = \{\pi : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}^m : \text{medible } \pi(t) \in U \text{ c.t.p.}\}$ de controles admisibles. Con estas hipótesis y dado un dato inicial $x(s) = y \in \mathbb{R}^d$, para cada π el problema de Cauchy tiene solución única.

Dado entonces (s, y) consideremos el problema de optimización:

$$\text{minimizar : } J(s, y, \pi) = \int_s^T L(x(t), \pi(t)) dt + \Psi(x(T)), \quad (6.9)$$

Donde L es el funcional de costo instantáneo, Ψ el costo final, y las variables de estado x dependen del tiempo, del control y de la condición inicial. El mínimo se toma sobre el conjunto de controles admisibles Π que es el conjunto de funciones medibles.

Supongamos entonces que valen las hipótesis:

$$\begin{aligned} |\varphi(x, \pi)| &\leq C, & |\varphi(x_1, \pi) - \varphi(x_2, \pi)| &\leq C|x_1 - x_2|, \\ |L(x, \pi)| &\leq C, & |\Psi(x)| &\leq C, \\ |L(x_1, \pi) - L(x_2, \pi)| &\leq C|x_1 - x_2| & |\Psi(x_1) - \Psi(x_2)| &\leq C|x_1 - x_2|, \end{aligned} \quad (6.10)$$

Siguiendo el Método de Programación Dinámica, el control óptimo puede caracterizarse por una función de valor $V(s, y) := \inf_{\pi \in \Pi} J(s, y, \pi)$. Se tiene el siguiente Lema (9.2 en [63]):

Lema 43. *Sean las funciones φ, L y Ψ satisfaciendo las hipótesis (6.10) entonces la función de valor V es acotada y Lipschitz continua.*

Una vez que tenemos esto podemos caracterizar a la función de valor V puede caracterizarse como la única solución viscosa de una ecuación de Hamilton-Jacobi. Esto es posible gracias al siguiente Principio de Bellman.

Teorema 44 (Principio de Programación Dinámica). *Para todo $\tau \in [s, T]$ y $y \in \mathbb{R}^d$ se tiene:*

$$V(s, y) = \inf_{\pi} \left\{ \int_s^{\tau} L(x(t, s, y, \pi), \pi(t)) dt + V(\tau, x(\tau, s, y, \pi)) \right\}. \quad (6.11)$$

Según este principio, podemos resolver el problema de optimización en el subintervalo $[\tau, T]$ según el costo L y Ψ , determinando el valor $V(\tau, \cdot)$; luego, se resuelve el problema en el subintervalo $[s, \tau]$ ya conociendo el valor terminal $V(\tau, \cdot)$.

A partir de la ecuación (6.11), podemos deducir que:

$$\min_{\omega \in U} \{L(y, \omega) + V_t(s, y) + \nabla V(s, y) \cdot \varphi(y, w)\} = 0. \quad (6.12)$$

$$\pi(s) = \pi^*(s, y) \in \arg \min_{\omega \in U} \{L(y, \omega) + \nabla V(s, y) \cdot \varphi(y, w)\} \quad (6.13)$$

Si definimos:

$$H(y, p) := \min_{\omega \in U} \{L(y, \omega) + p \cdot \varphi(y, w)\} \quad (6.14)$$

tenemos que V satisface la ecuación:

$$V_t(s, y) + H(y, \nabla V(s, y)) = 0. \quad (6.15)$$

Finalmente, se tiene el siguiente resultado:

Teorema 45. *Consideremos la función de valor V asociada al sistema (6.7) y supongamos que valen las Hipótesis (6.10). Entonces V es la única solución viscosa de la ecuación de Hamilton-Jacobi-Bellman:*

$$-[V_t + H(x, \nabla V)] = 0, \quad (6.16)$$

para $(t, x) \in (0, T) \times \mathbb{R}^d$ con condición de borde $V(T, x) = \Psi(x)$ para $x \in \mathbb{R}^d$ y para el Hamiltoniano:

$$H(x, p) = \min_{\omega \in U} \{L(x, \omega) + p \cdot \varphi(x, w)\} \quad (6.17)$$

Existe una relación fundamental entre este sistema y el Principio de Pontryagin: las trayectorias que satisfacen el Principio del Máximo de Pontryagin proveen de las curvas características de la ecuación de HJB.

Dada la condición inicial $x(0) = x_0$, sea $t \mapsto x^*(t) = x(t, \pi^*)$ la trayectoria óptima que corresponde al control óptimo π^* . Existen una aplicación absolutamente continua $t \mapsto p(t) \in \mathbb{R}^d$ llamada vector adjunto, y un escalar $p_0 \geq 0$, tales que (p, p_0) es no trivial y tales que para casi todo $t \in [0, T]$:

$$\begin{aligned} \dot{x}^* &= \varphi(x^*, \pi^*), \\ x(0) &= x_0, \\ \dot{p}^* &= -\frac{\partial H}{\partial x}(x^*, p^*, \pi^*), \\ p^*(T) &= \nabla \Psi(x(T)), \\ \pi^* &= \operatorname{argmin}_{\pi} H(x^*, p^*, \pi), \end{aligned} \quad (6.18)$$

donde el Hamiltoniano del sistema es $H = p_0 L + p \varphi$.

6.4. Pseudo-código de los modelos EB-DEVS

```

1 AgentState:
2   id = incremental id
3   outdegree = 0
4
5 state = AgentState()
6 # Agent state change, no state change, only upward causation.
7 AtomicInternalTransition:
8   Yup = (id, outdegree)
9
10 CoupledState:
11 # Model explicit initial topology
12 topology = Parameters.INITIAL_TOPOLOGY
13 # Model state with nodes degrees
14 nodes_degree = {}
15
16 sG = CoupledState()
17 CoupledGlobalTransition(eg, xmicrob, sGmacro):
18   for elem in xmicrob:
19     nodes_degree[elem.id] = elem.outdegree
20     CoupledModelTransition()
21
22 CoupledModelTransition():
23 # Get nodes degree sequence
24 degree_sequence = nodes_degree.values()
25 # Create size-biased probability array
26 pk = [degree / sum(degree_sequence) for degree in degree_sequence]
27 # Sample from the weighted distribution the nodes to connect to
28 connect_to_node = choice(nodes_degree.keys(), pk, replace=False, number=
    Parameters.CONNECT_TO)
29 atomic = create_atomic_model()
30 # Create, connect and update topology internal values
31 for node in connect_to_node:
32   connect_models(atomic, node)
33 update_topology()

```

Listing 6.1: Pseudocódigo para el modelo de *Preferential Attachment*.

```

1 AtomicState:
2   id = incremental id
3   # One initial infected agent on the system
4   state = Susceptible if id!=0 else Infected
5   neighbours_state = {}
6   free_degree = random_poisson(lambda)
7
8 state = AtomicState()
9 AtomicInternalTransition():
10 # State change into Recovered
11 if state == Infected and to_recover:
12   state = Recovered
13   share_state()
14   ta = INFINITY
15 else:
16 # Restart to_recover and infect exponential clocks
17   set_infection_values()
18
19 AtomicExternalTransition(message):
20   share_state = False
21   new_infected = False

```

```

22 # If received an infect message and is Susceptible, get infected
23 if message == 'infect':
24     if state == Susceptible:
25         state = Infected
26         share_state = True
27         state.model_transition = True
28         new_infected = True
29     else:
30         # Update the neighbours known state
31         update_neighbours_state()
32         # Upward causation message to sync the agent state with the coupled model
33         Yup = (state.id, state.outdegree, new_infected)
34
35 AtomicTimeAdvance():
36 # Time advance for the infected agent
37 if state == Infected:
38     if any(susceptible_neighbours):
39         # If there are any susceptible neighbours
40         prob = RHO_PROB / (number_of_susceptible_neighbours * BETA_PROB +
41                             Parameters.RHO_PROB)
42         to_recover = random() < prob
43         ta = random_exponential(1/(number_of_susceptible_neighbours * BETA_PROB
44                                 + RHO_PROB))
45     else:
46         to_recover = True
47         ta = random_exponential(1/RHO_PROB)
48 # If the mode is not infected it will wait indefinitely
49 elif state == Susceptible or state == Recovered:
50     ta = INFINITY
51
52 AtomicLambdaFunction():
53 ret = {}
54 # If sharing its own state, share it with all the neighboring models
55 if state.share:
56     for output in self.OPorts:
57         ret[output] = (state.id, state.state)
58     return ret
59 # If Infected and not recovering in this time slot, then an infect message
60 # must be sent
61 if self.state.state == SIRStates.I and self.state.to_recover == False:
62     # Ignore the case where there are no neighboring agents
63     if len(self.OPorts) == 0:
64         return
65     susceptible_ids = state.susceptible_neighbors_ids
66     if susceptible_ids == None:
67         return
68     # Randomly choose one susceptible neighbor
69     outmodel_id = random_choice(susceptible_ids)
70     output = get_outputport(from=state.id, to=outmodel_id)
71     if output != None:
72         ret = {output[0]: "infect"}
73     return ret
74
75 CoupledState:
76 topology = Parameters.INITIAL_TOPOLOGY
77 nodes_degree = {}
78
79 sG = CoupledState()
80 CoupledGlobalTransition(eg, xbmicro, sGmacro):
81 # Update the out degree for the node with id=id

```

```

80  for id, outdegree, new_infected in  $x_{micro}^b$ :
81      nodes_degree[id] = outdegree
82      # If a new infected node, then change the structure
83      if new_infected:
84          CoupledModelTransition(id)
85
86      # Structure change function
87      CoupledModelTransition(newly_infected):
88          # Generate the probability distribution for nodes connection
89          degree_sequence = nodes_degree.values()
90          pk = [degree / sum(degree_sequence) for degree in degree_sequence]
91          # Pick one with the discrete distribution
92          connect_to_node = choice(nodes_degree.keys(), pk, replace=False, number=
93              Parameters.CONNECT_TO)
94          # Connect the newly_infected to each of the selected nodes (all susceptible)
95          for node in connect_to_node:
96              connect_nodes(newly_infected, node)
97          update_topology()

```

Listing 6.2: Pseudocódigo para el Modelo SIR. Los diferentes niveles están coloreados: rojo para v_{down} y azul para Y_{up}

Bibliografía

- [1] N. Fournier, S. Méléard, A microscopic probabilistic description of a locally regulated population and macroscopic approximations, *The Annals of Applied Probability* 14 (4) (2004) 1880–1919.
- [2] L. Decreusefond, J.-S. Dhersin, P. Moyal, V. C. Tran, Large graph limit for an SIR process in random network with heterogeneous connectivity, *The Annals of Applied Probability* 22 (2) (2012) 541–575.
- [3] V. C. Tran, Modèles particuliers stochastiques pour des problèmes d'évolution adaptative et pour l'approximation de solutions statistiques, Ph.D. thesis, Université de Nanterre-Paris X (2006).
- [4] S. Méléard, N. Champagnat, Some stochastic models in eco-evolution (2016).
- [5] S. Cléménçon, V. Chi Tran, H. De Arazoza, A stochastic sir model with contact-tracing: large population limits and statistical inference, *Journal of Biological Dynamics* 2 (4) (2008) 392–414.
- [6] E. J. Ferreyra, M. Jonckheere, J. P. Pinasco, Sir dynamics with vaccination in a large configuration model, *Applied Mathematics & Optimization* (2021) 1–50.
- [7] A. Joffe, M. Métivier, Weak convergence of sequences of semimartingales with applications to multitype branching processes, *Advances in Applied Probability* 18 (1) (1986) 20–65.
- [8] Y. Moreno, R. Pastor-Satorras, A. Vespignani, Epidemic outbreaks in complex heterogeneous networks, *The European Physical Journal B-Condensed Matter and Complex Systems* 26 (4) (2002) 521–529.
- [9] R. Pastor-Satorras, C. Castellano, P. Van Mieghem, A. Vespignani, Epidemic processes in complex networks, *Rev. Mod. Phys.* 87 (2015)

- 925–979. doi:10.1103/RevModPhys.87.925.
URL <https://link.aps.org/doi/10.1103/RevModPhys.87.925>
- [10] R. M. Anderson, R. M. May, *Infectious diseases of humans: dynamics and control*, Oxford University Press, 1992.
- [11] P. Turnes Jr, L. Monteiro, An epidemic model to evaluate the homogeneous mixing assumption, *Communications in Nonlinear Science and Numerical Simulation* 19 (11) (2014) 4042–4047.
- [12] D. J. Foguelman, P. Henning, A. Uhrmacher, R. Castro, Eb-devs: A formal framework for modeling and simulation of emergent behavior in dynamic complex systems (2020). arXiv:2010.05042.
- [13] M. E. J. Newman, Spread of epidemic disease on networks, *Phys. Rev. E* 66 (2002) 016128. doi:10.1103/PhysRevE.66.016128.
URL <https://link.aps.org/doi/10.1103/PhysRevE.66.016128>
- [14] F. Brauer, C. Castillo-Chavez, C. Castillo-Chavez, *Mathematical models in population biology and epidemiology*, Vol. 2, Springer, 2012.
- [15] M. E. Newman, The structure and function of complex networks, *SIAM review* 45 (2) (2003) 167–256.
- [16] E. Volz, SIR dynamics in random networks with heterogeneous connectivity, *Journal of Mathematical Biology* 56 (3) (2008) 293–310.
- [17] G. Toscani, et al., Kinetic models of opinion formation, *Communications in mathematical sciences* 4 (3) (2006) 481–496.
- [18] G. Aletti, G. Naldi, G. Toscani, First-order continuous models of opinion formation, *SIAM Journal on Applied Mathematics* 67 (3) (2007) 837–853.
- [19] J. A. Canizo, J. A. Carrillo, J. Rosado, A well-posedness theory in measures for some kinetic models of collective motion, *Mathematical Models and Methods in Applied Sciences* 21 (03) (2011) 515–539.
- [20] D. Dawson, Measure-valued markov processes, in: *École d’été de probabilités de Saint-Flour XXI-1991*, Springer, 1993, pp. 1–260.
- [21] J. F. C. Kingman, *Poisson processes*, Vol. 3, Clarendon Press, 1992.
- [22] P. Billingsley, *Convergence of probability measures*, John Wiley & Sons, 2013.

- [23] M. Métivier, *Semimartingales*, de Gruyter, 2011.
- [24] D. Revuz, M. Yor, *Continuous martingales and Brownian motion*, Vol. 293, Springer Science & Business Media, 2013.
- [25] S. Roelly-Coppoletta, A criterion of convergence of measure-valued processes: application to measure branching processes, *Stochastics: An International Journal of Probability and Stochastic Processes* 17 (1-2) (1986) 43–65.
- [26] D. Aldous, Stopping times and tightness, *The Annals of Probability* (1978) 335–340.
- [27] R. Rebolledo, et al., *La méthode des martingales appliquée à l'étude de la convergence en loi de processus*, Société mathématique de France, 1979.
- [28] P. Bermolen, M. Jonckheere, P. Moyal, The jamming constant of uniform random graphs, *Stochastic Processes and their Applications* 127 (7) (2017) 2138–2178.
- [29] M. Jonckheere, M. Sáenz, Asymptotic optimality of degree-greedy discovering of independent sets in configuration model graphs, *Stochastic Processes and their Applications* 131 (2021) 122–150.
- [30] R. Ferriere, V. C. Tran, Stochastic and deterministic models for age-structured populations with genetically variable traits, in: *ESAIM: Proceedings*, Vol. 27, EDP Sciences, 2009, pp. 289–310.
- [31] S. Méléard, V. C. Tran, Slow and fast scales for superprocess limits of age-structured populations, *Stochastic Processes and their Applications* 122 (1) (2012) 250–276.
- [32] B. Bollobás, Random graphs, in: *Modern Graph Theory*, Springer, 1998, pp. 215–252.
- [33] S. Janson, The probability that a random multigraph is simple, *Combinatorics, Probability and Computing* 18 (1-2) (2009) 205–225.
- [34] R. Durrett, *Random graph dynamics*, Vol. 200, Cambridge university press Cambridge, 2007.
- [35] J. C. Miller, A. C. Slim, E. M. Volz, Edge-based compartmental modelling for infectious disease spread, *Journal of the Royal Society Interface* 9 (70) (2012) 890–906.

- [36] M. Mitzenmacher, E. Upfal, Probability and computing: Randomized algorithms and probabilistic analysis, 2005.
- [37] E. Volz, L. A. Meyers, Susceptible–infected–recovered epidemics in dynamic contact networks, *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences* 274 (1628) (2007) 2925–2934.
- [38] G. St-Onge, J.-G. Young, E. Laurence, C. Murphy, L. J. Dubé, Susceptible-infected-susceptible dynamics on the rewired configuration model, *arXiv preprint arXiv:1701.01740* (2017).
- [39] D. Juher, J. Ripoll, J. Saldaña, Outbreak analysis of an sis epidemic model with rewiring, *Journal of mathematical biology* 67 (2) (2013) 411–432.
- [40] D. Yao, R. Durrett, Epidemics on evolving graphs, *arXiv preprint arXiv:2003.08534* (2020).
- [41] F. Ball, T. Britton, Epidemics on networks with preventive rewiring (2020). *arXiv:2008.06375*.
- [42] T. E. Harris, et al., *The theory of branching processes*, Vol. 6, Springer Berlin, 1963.
- [43] T. M. Liggett, *Interacting particle systems*, Vol. 276, Springer Science & Business Media, 2012.
- [44] I. Kiss, J. Miller, P. Simon, *Mathematics of Epidemics on Networks: From Exact to Approximate Models*, *Interdisciplinary Applied Mathematics*, Springer International Publishing, 2017.
URL <https://books.google.com.ar/books?id=D1EnDwAAQBAJ>
- [45] R. M. May, A. L. Lloyd, Infection dynamics on scale-free networks, *Physical Review E* 64 (6) (2001) 066112.
- [46] S. Janson, M. Luczak, P. Windridge, Law of large numbers for the SIR epidemic on a random graph with given degrees, *Random Structures & Algorithms* 45 (4) (2014) 726–763.
- [47] J. C. Miller, A note on a paper by Erik Volz: SIR dynamics in random networks, *Journal of Mathematical Biology* 62 (3) (2011) 349–358.
- [48] A. P. Galvani, T. C. Reluga, G. B. Chapman, Long-standing influenza vaccination policy is in accord with individual self-interest but not with the utilitarian optimum, *Proceedings of the National Academy of Sciences* 104 (13) (2007) 5692–5697.

- [49] Z. Lu, X. Chi, L. Chen, The effect of constant and pulse vaccination on SIR epidemic model with horizontal and vertical transmission, *Mathematical and Computer Modelling* 36 (9-10) (2002) 1039–1057.
- [50] F. Takeuchi, K. Yamamoto, Effectiveness of realistic vaccination strategies for contact networks of various degree distributions, *Journal of Theoretical Biology* 243 (1) (2006) 39 – 47. doi:<https://doi.org/10.1016/j.jtbi.2006.05.033>. URL <http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S00225193060021>
- [51] G. Zaman, Y. H. Kang, I. H. Jung, Stability analysis and optimal vaccination of an SIR epidemic model, *BioSystems* 93 (3) (2008) 240–249.
- [52] H. W. Hethcote, P. Waltman, Optimal vaccination schedules in a deterministic epidemic model, *Mathematical Biosciences* 18 (3) (1973) 365 – 381. doi:[https://doi.org/10.1016/0025-5564\(73\)90011-4](https://doi.org/10.1016/0025-5564(73)90011-4). URL <http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/002555647390011>
- [53] F. Fu, D. I. Rosenbloom, L. Wang, M. A. Nowak, Imitation dynamics of vaccination behaviour on social networks, *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences* 278 (1702) (2010) 42–49.
- [54] M. L. N. Mbah, J. Liu, C. T. Bauch, Y. I. Tekel, J. Medlock, L. A. Meyers, A. P. Galvani, The impact of imitation on vaccination behavior in social contact networks, *PLoS Computational Biology* 8 (4) (2012).
- [55] M. A. Pires, N. Crokidakis, Dynamics of epidemic spreading with vaccination: impact of social pressure and engagement, *Physica A: Statistical Mechanics and its Applications* 467 (2017) 167–179.
- [56] Y. Yang, A. McKhann, S. Chen, G. Harling, J.-P. Onnela, Efficient vaccination strategies for epidemic control using network information, *Epidemics* 27 (2019) 115–122.
- [57] D. M. Cornforth, T. C. Reluga, E. Shim, C. T. Bauch, A. P. Galvani, L. A. Meyers, Erratic flu vaccination emerges from short-sighted behavior in contact networks, *PLoS Comput Biol* 7 (1) (2011) e1001062.
- [58] F. Ball, D. Sirl, Acquaintance vaccination in an epidemic on a random graph with specified degree distribution, *Journal of Applied Probability* 50 (4) (2013) 1147–1168.

- [59] T. Britton, S. Janson, A. Martin-Löf, Graphs with specified degree distributions, simple epidemics, and local vaccination strategies, *Advances in Applied Probability* 39 (4) (2007) 922–948.
- [60] R. Cohen, S. Havlin, D. Ben-Avraham, Efficient immunization strategies for computer networks and populations, *Physical review letters* 91 (24) (2003) 247901.
- [61] A. Barbour, G. Reinert, et al., Approximating the epidemic curve, *Electronic Journal of Probability* 18 (2013).
- [62] J. Doncel, N. Gast, B. Gaujal, A mean-field game analysis of SIR dynamics with vaccination, hal01496885 (2017).
- [63] A. Bressan, Viscosity solutions of Hamilton-Jacobi equations and optimal control problems, *Lecture notes* (2011).
- [64] E. Trélat, *Contrôle optimal: théorie & applications*, Vol. 865, Vuibert, 2008.
- [65] I. I. Gikhman, A. V. Skorokhod, *The theory of stochastic processes I*, Springer, 2015.
- [66] R. J. DiPerna, P.-L. Lions, Ordinary differential equations, transport theory and sobolev spaces, *Inventiones Mathematicae* 98 (3) (1989) 511–547.
- [67] J. Doncel, N. Gast, B. Gaujal, Discrete mean field games: Existence of equilibria and convergence, *Journal of Dynamics and Games* 6 (3) (2019) 1–19. doi:10.3934/jdg.2019016.
URL <https://hal.inria.fr/hal-01277098>
- [68] L. Laguzet, G. Turinici, Global optimal vaccination in the SIR model: Properties of the value function and application to cost-effectiveness analysis, *Mathematical Biosciences* 263 (2015) 180 – 197. doi:<https://doi.org/10.1016/j.mbs.2015.03.002>.
URL <http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S00255564>
- [69] M. L. Puterman, *Markov decision processes: discrete stochastic dynamic programming*, John Wiley & Sons, 2014.
- [70] M. McAsey, L. Mou, W. Han, Convergence of the forward-backward sweep method in optimal control, *Computational Optimization and Applications* 53 (2012) 207–226.

- [71] H. A. Herrmann, J.-M. Schwartz, Using network science to propose strategies for effectively dealing with pandemics: The covid-19 example, medRxiv (2020). arXiv:<https://www.medrxiv.org/content/early/2020/04/06/2020.04.02.20050468.full.pdf>, doi:10.1101/2020.04.02.20050468.
URL <https://www.medrxiv.org/content/early/2020/04/06/2020.04.02.20050468>.
- [72] J. C. Miller, A primer on the use of probability generating functions in infectious disease modeling, *Infectious Disease Modelling* 3 (2018) 192 – 248. doi:<https://doi.org/10.1016/j.idm.2018.08.001>.
URL <http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S24680427183003>.
- [73] L. Amaral, A. Scala, M. Barthelemy, H. Stanley, Classes of small-world networks, *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 97 (2000) 11149–52. doi:10.1073/pnas.200327197.
- [74] F. Liljeros, C. R. Edling, L. A. N. Amaral, H. E. Stanley, Y. Åberg, The web of human sexual contacts, *Nature* 411 (6840) (2001) 907–908.
- [75] A. L. Lloyd, R. M. May, How viruses spread among computers and people, *Science* 292 (5520) (2001) 1316–1317.
- [76] R. Pastor-Satorras, A. Vespignani, Epidemic spreading in scale-free networks, *Physical review letters* 86 (14) (2001) 3200.
- [77] A. Hagberg, P. Swart, D. S Chult, Exploring network structure, dynamics, and function using networkx, Tech. rep., Los Alamos National Lab.(LANL), Los Alamos, NM (United States) (2008).
- [78] P. W. Holland, S. Leinhardt, Transitivity in structural models of small groups, *Comparative Group Studies* 2 (2) (1971) 107–124. arXiv:<https://doi.org/10.1177/104649647100200201>, doi:10.1177/104649647100200201.
URL <https://doi.org/10.1177/104649647100200201>
- [79] S. P. Borgatti, Centrality and network flow, *Social networks* 27 (1) (2005) 55–71.
- [80] R. Albert, A.-L. Barabási, Statistical mechanics of complex networks, *Reviews of modern physics* 74 (1) (2002) 47.
- [81] J. O. Lloyd-Smith, S. J. Schreiber, P. E. Kopp, W. M. Getz, Superspreading and the effect of individual variation on disease emergence, *Nature* 438 (7066) (2005) 355–359.

- [82] G. De Serres, F. Markowski, E. Toth, M. Landry, D. Auger, M. Mercier, P. Bélanger, B. Turmel, H. Arruda, N. Boulianne, et al., Largest measles epidemic in north america in a decade—quebec, canada, 2011: contribution of susceptibility, serendipity, and superspreading events, *The Journal of infectious diseases* 207 (6) (2013) 990–998.
- [83] A. P. Galvani, R. M. May, Dimensions of superspreading, *Nature* 438 (7066) (2005) 293–295.
- [84] R. A. Stein, Super-spreaders in infectious diseases, *International Journal of Infectious Diseases* 15 (8) (2011) e510–e513.
- [85] A. Jenness, Social influences in the change of opinion., *The Journal of Abnormal and Social Psychology* 27 (1) (1932) 29.
- [86] A. Jenness, The role of discussion in changing opinion regarding a matter of fact., *The Journal of Abnormal and Social Psychology* 27 (3) (1932) 279.
- [87] L. Festinger, S. Schachter, K. Back, Social pressures in informal groups; a study of human factors in housing. (1950).
- [88] G. C. Homans, Social behavior as exchange, *American journal of sociology* 63 (6) (1958) 597–606.
- [89] M. D. Krohn, L. Lanza-Kaduce, R. L. Akers, Community context and theories of deviant behavior: An examination of social learning and social bonding theories, *The Sociological Quarterly* 25 (3) (1984) 353–372.
- [90] S. Bikhchandani, D. Hirshleifer, I. Welch, A theory of fads, fashion, custom, and cultural change as informational cascades, *Journal of political Economy* 100 (5) (1992) 992–1026.
- [91] S. E. Asch, Studies of independence and conformity: I. a minority of one against a unanimous majority., *Psychological monographs: General and applied* 70 (9) (1956) 1.
- [92] L. Festinger, *A theory of cognitive dissonance*, Vol. 2, Stanford university press, 1957.
- [93] F. Heider, On social cognition., *American Psychologist* 22 (1) (1967) 25.

- [94] E. Burnstein, A. Vinokur, Persuasive argumentation and social comparison as determinants of attitude polarization, *Journal of experimental social psychology* 13 (4) (1977) 315–332.
- [95] A. Vinokur, E. Burnstein, Novel argumentation and attitude change: The case of polarization following group discussion, *European Journal of Social Psychology* 8 (3) (1978) 335–348.
- [96] W. Wood, Attitude change: Persuasion and social influence, *Annual review of psychology* 51 (1) (2000) 539–570.
- [97] E. Berscheid, Opinion change and communicator-communicatee similarity and dissimilarity., *Journal of Personality and Social Psychology* 4 (6) (1966) 670.
- [98] A. Van Knippenberg, H. Wilke, Social categorization and attitude change, *European journal of social psychology* 18 (5) (1988) 395–406.
- [99] C. Castellano, S. Fortunato, V. Loreto, Statistical physics of social dynamics, *Reviews of modern physics* 81 (2) (2009) 591.
- [100] A. Barrat, M. Barthélemy, A. Vespignani, *Dynamical Processes on Complex Networks*, Cambridge University Press, 2008. doi:10.1017/CBO9780511791383.
- [101] F. Harary, A criterion for unanimity in french's theory of social power. (1959).
- [102] R. L. Winkler, The consensus of subjective probability distributions, *Management science* 15 (2) (1968) B–61.
- [103] M. H. DeGroot, Reaching a consensus, *Journal of the American Statistical Association* 69 (345) (1974) 118–121.
- [104] N. E. Friedkin, E. C. Johnsen, Social influence and opinions, *Journal of Mathematical Sociology* 15 (3-4) (1990) 193–206.
- [105] W. Weidlich, The statistical description of polarization phenomena in society, *British Journal of Mathematical and Statistical Psychology* 24 (2) (1971) 251–266.
- [106] M. Pérez-Llanos, J. P. Pinasco, N. Saintier, A. Silva, Opinion formation models with heterogeneous persuasion and zealotry, *arXiv preprint arXiv:1803.10114* (2018).

- [107] F. R. Sharpe, A. J. Lotka, L. a problem in age-distribution, *The London, Edinburgh, and Dublin Philosophical Magazine and Journal of Science* 21 (124) (1911) 435–438.
- [108] A. G. M’Kendrick, Applications of mathematics to medical problems, *Proceedings of the Edinburgh Mathematical Society* 44 (1925) 98–130. doi:10.1017/S0013091500034428.
- [109] H. von Foerster, Some remarks on changing populations, *The Kinetics of Cellular Proliferation*, Grune and Stratton (1959) 382–407.
- [110] S. Méléard, S. Roelly-Coppoletta, A propagation of chaos result for a system of particles with moderate interaction, *Stochastic processes and their applications* 26 (1987) 317–332.
- [111] J. A. Cañizo, J. A. Carrillo, S. Cuadrado, Measure solutions for some models in population dynamics, *Acta applicandae mathematicae* 123 (1) (2013) 141–156.
- [112] R. Dudley, Convergence of baire measures, *Studia Mathematica* 27 (1966) 251–268.
- [113] A. S. Ackleh, N. Saintier, Well-posedness of a system of transport and diffusion equations in space of measures, *Journal of Mathematical Analysis and Applications* 492 (1) (2020) 124397.
- [114] A. S. Ackleh, N. Saintier, Diffusive limit to a selection-mutation equation with small mutation formulated on the space of measures, *Discrete & Continuous Dynamical Systems-B* 26 (3) (2021) 1469.
- [115] J. Gómez-Serrano, C. Graham, J.-Y. Le Boudec, The bounded confidence model of opinion dynamics, *Mathematical Models and Methods in Applied Sciences* 22 (02) (2012) 1150007.
- [116] J. Jacod, A. Shiryaev, *Limit theorems for stochastic processes*, Vol. 288, Springer Science & Business Media, 2013.
- [117] A. V. Skorokhod, *Limit theorems for stochastic processes*, *Theory of Probability & Its Applications* 1 (3) (1956) 261–290.
- [118] T. Lindvall, Weak convergence of probability measures and random functions in the function space $d [0, \infty)$, *Journal of Applied Probability* 10 (1) (1973) 109–121.
- [119] W. Whitt, Some useful functions for functional limit theorems, *Mathematics of operations research* 5 (1) (1980) 67–85.