



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL ESTADO DE HIDALGO  
INSTITUTO DE CIENCIAS BÁSICAS E INGENIERÍA  
**MAESTRÍA EN CIENCIAS EN AUTOMATIZACIÓN Y CONTROL**

**PROYECTO TERMINAL**

**OBSERVADOR DE ESTADO PARA MODELOS SIR CON RETARDOS**

Para obtener el grado de  
Maestro en Ciencias en Automatización y Control

PRESENTA

Ing. Jorge Antonio Hernández Ávila

Director:

Dr. Raúl Villafuerte Segura

Codirector:

Dr. Juan Eduardo Velázquez Velázquez

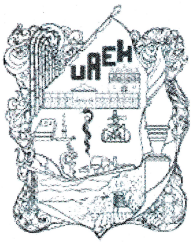
Pachuca Hgo., México 27 de noviembre de 2022





Ing. Jorge Antonio Hernández Ávila

**Observador de estado para  
modelos SIR con retardos**



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL ESTADO DE HIDALGO

Instituto de Ciencias Básicas e Ingeniería

School of Engineering and Basic Sciences

Área Académica de Computación y Electrónica

Department of Electronics and Computer Science

Mineral de la Reforma Hidalgo, a 25 de noviembre de 2022

Número de control: ICBI-AACyE/1510/2022

Asunto: Autorización de impresión de tema de tesis

**MTRA. OJUKY DEL ROCÍO ISLAS MALDONADO  
DIRECTORA DE ADMINISTRACIÓN ESCOLAR DE LA UAEH**

El Comité Tutorial del nombre del producto que indique el documento curricular del programa educativo de posgrado titulado “**Observador de estado para modelos SIR con retardos**”, realizado por el sustentante **Jorge Antonio Hernández Ávila** con número de cuenta 250186, perteneciente al programa de la Maestría en Ciencias en Automatización y Control, una vez que se ha revisado, analizado y evaluado el documento recepcional de acuerdo a lo estipulado en el artículo 110 del Reglamento de Estudios de Posgrado, tiene a bien extender la presente.

**AUTORIZACIÓN DE IMPRESIÓN**

Por lo que el sustentante deberá cumplir con los requisitos del Reglamento de Estudios de Posgrado y con lo establecido en el proceso de grado vigente.

Atentamente

“Amor, Orden y Progreso”

**Dr. Raúl Villafuerte Segura**  
Director de Tesis

**Dr. Juan Eduardo Velázquez Velázquez**  
Codirector de Tesis

**Comité Tutorial**

Dr. Omar Jacobo Santos Sánchez	Presidente
Dr. Eduardo Cornejo Velázquez	Secretario
Dr. Raúl Villafuerte Segura	Vocal 1
Dr. Juan Eduardo Velázquez Velázquez	Vocal 2
Dr. Roberto Ávila Pozos	Vocal 3

UAEH	
UAEH	
UAEH	
UPIIH-IPN	
UAEH	

Ciudad del Conocimiento  
Carretera Pachuca-Tulancingo km 4.5 Colonia  
Carboneras, Mineral de la Reforma, Hidalgo,  
México. C.P. 42184  
Teléfono: +52 (771) 71 720 00 ext. 2250, 2251  
Fax 2109  
aacye\_icbi@uaeh.edu.mx



*El presente trabajo, fruto del esfuerzo de dos años,  
está dedicado a mis padres y hermanos,  
quienes me han educado y enseñado,  
me han brindado su cariño y comprensión,  
han estado conmigo en los buenos y malos momentos,  
y me han dado los medios para concluir  
de manera exitosa todos mis proyectos.  
Por todo eso y mucho más, gracias.*

Gracias a

**CONACYT** por la beca de Maestría  
otorgada durante el periodo  
Agosto 2020 - Julio 2022.

**CITIS-UAEH**, por la formación académica  
brindada durante el posgrado y el  
apoyo para la realización de la presente  
memoria de tesis.

# Agradecimientos

Agradezco primeramente a Dios por brindarme la oportunidad de estudiar un posgrado en una de las mejores instituciones del país, además de darme la oportunidad de superar y afrontar los retos que esto conlleva, así como guiar mi camino hacia la investigación.

Agradezco a mis padres por su apoyo incondicional a lo largo de mi desarrollo profesional y personal, por darme ánimos en los malos y buenos momentos, por apapacharme cuando lo necesite, por acompañarme en todas las noches de desvelo y siempre procurar darme lo mejor de ellos para superarme y ser una mejor persona día con día. Pero sobre todo por brindarme y enseñarme los valores y virtudes que poseen. También, agradezco a mis hermanos por ser siempre ser un ejemplo a seguir, por enseñarme que la vida no es fácil y que cuando algo se quiere, siempre se puede alcanzar, siempre y cuando se luche por obtenerlo, y también por siempre ponerme los pies en la tierra y guiar mi camino cuando fue necesario. En especial agradezco a mi hermano, por brindarme la oportunidad de poder ser tío por primera vez, por darme la oportunidad de saber lo que es cuidar a alguien desde su nacimiento y verlo crecer todos los días, por darme a alguien a quien amar, guiar y enseñar, pero sobre todo por darme un motivo por quien luchar todos los días.

Agradezco a CONACYT por el apoyo otorgado para sustentar mis estudios a lo largo de dos años y por la confianza brindada para la realización de un posgrado. Así como a la Universidad autónoma del Estado de Hidalgo por permitirme continuar ser parte de su institución, donde fue posible conocer a excelentes personas del cuerpo académico y estudiantil.

Agradezco a mi director de tesis el Dr. Raúl Villafuerte Segura y codirector el Dr. Juan Eduardo Velázquez Velázquez quienes creyeron en mi para la realización de esta tesis y por ser mis guías durante su realización, además de brindarme las bases necesarias para un correcto desarrollo profesional.

Agradezco a mis sinodales quienes siempre apoyaron este tema de tesis, proporcionando comentarios que ayudaron a fortalecer el presente trabajo.

Por último, agradezco a mis compañeros Giovanni, Francisco y David, por siempre confiar en mi y darme ánimos cuando los necesite, por hacer el posgrado más ameno, por el apoyo para el desarrollo de esta tesis y por convertirse en mis amigos.



# Resumen

En este trabajo se propone un modelo matemático no lineal con retardos tipo SIR para describir la dinámica compartimental de enfermedades infecciosas, además se presenta el diseño y la convergencia de observadores de estado no lineales con retardos para la reconstrucción de compartimentos poblacionales no reportados por la Organización Mundial de la Salud (OMS) durante la pandemia de la COVID-19. Para este fin, se realiza una recopilación de los modelos matemáticos epidemiológicos más empleados en la historia de la humanidad, centrandó la atención en los modelos tipo SIR. Los modelos tipo SIR son modelos epidemiológicos que agrupan al total de la población en compartimentos poblacionales de Susceptibles, Infecciosos y Removidos.

En el modelo con retardos propuesto se contemplan los tiempos muertos de incubación, recuperación y pérdida de inmunidad por haber adquirido la enfermedad. Mientras que para la reconstrucción/estimación de los compartimentos no reportados, se presenta el diseño de tres observadores empleando técnicas como el álgebra de Lie y cambios de variables para la obtención de una parte nominal lineal. La convergencia del error de observación se asegura mediante un análisis empleando funciones de Lyapunov y funcionales de Lyapunov-Krasovskii.

Finalmente, el modelo y los observadores propuestos son validados mediante simulaciones (Simulink-Matlab) empleando los datos compartimentales poblacionales de Infecciosos, reportados por la OMS para la actual pandemia de la COVID-19 en México. La estimación de los datos poblaciones compartimentales no reportadas son el número de Susceptibles y Removidos.



# Abstract

In this thesis, a nonlinear mathematical SIR-type model with delays is proposed to describe the compartmental dynamics of infectious diseases. The design and convergence of nonlinear state observers with delays are presented for reconstructing population compartments unreported by the World Health Organization (WHO) during the COVID-19 pandemic. To this end, a compilation of the most used mathematical epidemiological models in the history of humanity is made, focusing on SIR-type models. The SIR-type models are epidemiological models that group the total population into population compartments of Susceptible, Infectious, and Removed.

In the proposed model with delays, the dead times of incubation, recovery, and loss of immunity due to acquiring the disease are contemplated. While for the reconstruction/estimation of the unreported compartments, the design of three observers is presented using techniques such as the Lie algebra and variables changes to obtain a nominal linear part. The convergence of the observation error is ensured by an analysis using Lyapunov functions and Lyapunov-Krasovskii functionals.

Finally, the model and the proposed observers are validated through simulations (Simulink-Matlab) using the compartmental population data of Infectious reported by the WHO for the current COVID-19 pandemic in Mexico. The unreported data compartmental populations are estimated as the number of Susceptible and Removed.

# Acrónimos

**SLIT:** Sistemas Lineales Invariantes en el Tiempo.

**SLITR:** Sistemas Lineales Invariantes en el Tiempo con Retardos.

**FLK:** Funcionales de Lyapunov-Krasovskii.

**SLVT:** Sistemas Lineales Variantes en el Tiempo.

**SLVTR:** Sistemas Lineales Variantes en el Tiempo con Retardos.

**OMS:** Organización Mundial de la Salud.

**EDO:** Ecuación Diferencial Ordinaria.

**EDR:** Ecuación Diferencial Retardada.

**EED:** Ecuación en Diferencias.

**ECM:** Error Cuadrático Medio.

**AO:** Observabilidad Algebraica (Algebraic Observability).

**GOCF:** Forma Canónica de Observabilidad Generalizada (Generalized Observability Canonical Form).

**LMI:** Desigualdad Matricial Lineal (Linear Matrix Inequality).

**TDS:** Sistemas con retardos (Time-Delay Systems).

**NPIs:** Intervenciones no farmacéuticas (Non-pharmaceutical Interventions).

# Glosario

- **Brote Epidémico.** Ocurrencia de dos o más casos asociados epidemiológicamente entre sí. La existencia de un caso único bajo vigilancia en un área donde no existía el padecimiento se considera también un brote [1].
- **Cuarentena.** Consiste en restringir el movimiento de las personas sanas que pueden haber estado expuestas al virus, pero no están enfermas [1].
- **Enfermedad Infecciosa.** Enfermedad provocada por un agente infeccioso recientemente identificado y anteriormente desconocido, capaz de causar problemas de salud pública a nivel local, regional o mundial [2].
- **Epidemiología.** Estudio de la frecuencia y distribución de los eventos de salud y de sus determinantes en las poblaciones humanas, y la aplicación de este estudio en la prevención y control de los problemas de salud. [1].
- **Epidemia.** Aumento inusual del número de casos de una determinada enfermedad en una población específica, en un periodo de tiempo determinado [2].
- **Endemia.** Presencia constante o la prevalencia habitual de casos de una enfermedad o agente infeccioso en poblaciones humanas dentro de un área geográfica determinada [2].
- **Pandemia.** Propagación mundial de una nueva enfermedad [2].
- **Individuo Susceptible.** Es aquella persona propensa a adquirir una enfermedad al tener contacto con una persona infecciosa [3].
- **Individuo Infeccioso.** Es aquella persona capaz de transmitir la enfermedad a una persona susceptible al tener contacto con ella [3].
- **Individuo Removido.** Es aquella persona que tuvo la infección pero ya no es capaz de transmitir la enfermedad, y en ocasiones adquiere inmunidad [3].
- **Modelo Matemático.** Es una representación simplificada, a través de ecuaciones, funciones o fórmulas matemáticas, de un fenómeno o de la relación entre dos o más variables [4].
- **Modelo SIR.** Es un modelo matemático de compartimentos donde la población bajo estudio se divide en tres clases epidemiológicas (Susceptibles, Infecciosos y Removidos) y se describe la interacción entre ellas [5].

- **Número Reproductivo Básico.** Es el número esperado de casos secundarios que un individuo infeccioso producirá en una población completamente susceptible y caracteriza el riesgo de propagación de una enfermedad infecciosa [6].
- **Periodo de Latencia.** Tiempo que transcurre desde la exposición al agente hasta el momento en que la persona puede transmitir la enfermedad [1].

# Índice general

Agradecimientos . . . . .	III
Resumen . . . . .	V
Abstract . . . . .	VII
Índice general . . . . .	XI
Índice de figuras . . . . .	XIII
Índice de tablas . . . . .	XV
<b>1. Introducción</b>	<b>1</b>
1.1. Planteamiento del problema . . . . .	3
1.2. Justificación . . . . .	3
1.3. Objetivos . . . . .	4
1.3.1. Objetivo general . . . . .	4
1.3.2. Objetivos específicos . . . . .	4
1.4. Productos obtenidos . . . . .	5
1.5. Organización . . . . .	5
<b>2. Resultados preliminares</b>	<b>7</b>
2.1. Sistemas libres de retardos . . . . .	7
2.2. Estabilidad en el sentido de Lyapunov . . . . .	8
2.3. Sistemas con retardos . . . . .	9
2.4. Estabilidad en el sentido de Lyapunov-Krasovskii . . . . .	10
2.5. Observadores de estado lineales . . . . .	12
2.6. Observadores de estado no lineales . . . . .	13
2.6.1. Observador de alta ganancia . . . . .	14
2.7. Modelos matemáticos epidemiológicos . . . . .	16
2.7.1. Modelos SIR . . . . .	19
2.8. Conclusiones . . . . .	24

<b>3. Resultados principales</b>	<b>27</b>
3.1. Modelo tipo SIR con tres retardos . . . . .	27
3.2. Observadores de estado para modelos SIR . . . . .	28
3.2.1. Observador de estado para un modelo SIR libre de retardos . . . . .	28
3.2.2. 1ra propuesta de observador de estado para modelo SIR con tres retardos . . . . .	34
3.2.3. 2da propuesta de observador de estado para modelo SIR con tres retardos . . . . .	36
3.2.4. 3ra propuesta de observador de estado para modelo SIR con tres retardos . . . . .	42
3.3. Conclusiones . . . . .	52
<b>4. Aplicaciones de resultados teóricos</b>	<b>53</b>
4.1. Modelos matemáticos tipo SIR implementados a la COVID-19 . . . . .	53
4.1.1. Aplicación de modelo SIR libre de retardos . . . . .	53
4.1.2. Aplicación de modelo SIR con dos retardos . . . . .	57
4.1.3. Aplicación de modelo SIR con tres retardos . . . . .	59
4.2. Observadores de estado para modelos SIR implementados a la COVID-19 . . . . .	62
4.2.1. Observador para modelo SIR libre de retardos . . . . .	63
4.2.2. 1ra propuesta de observador para modelo SIR con tres retardos . . . . .	66
4.2.3. 2da propuesta de observador para modelo SIR con tres retardos . . . . .	68
4.2.4. 3ra propuesta de observador para modelo SIR con tres retardos . . . . .	71
4.3. Comparación/discusión . . . . .	75
4.4. Conclusiones . . . . .	78
<b>5. Conclusiones y trabajo futuro</b>	<b>81</b>
5.1. Conclusiones . . . . .	81
5.2. Trabajo futuro . . . . .	83
<b>Bibliografía</b>	<b>84</b>
<b>A. Primer artículo</b>	<b>91</b>
<b>B. Segundo artículo</b>	<b>103</b>
<b>C. Tercer artículo</b>	<b>111</b>
<b>D. Constancias de congresos, cursos y seminarios</b>	<b>140</b>

# Índice de figuras

2.1. Representación gráfica de la propagación de una enfermedad en la población, considerando como ejemplo $\mathcal{R}_0 = 3$ . . . . .	18
2.2. Simulación del modelo SIR (2.18) realizada en Matlab, con $N = 83000$ , $S_0 = 82408/N$ , $I_0 = 547/N$ , $R_0 = 45/N$ , así como $\beta = 0.345$ y $\gamma = 0.045$ . . . . .	21
3.1. Esquema de observación del modelo SIR con retardos y datos reales reportados . . . . .	35
4.1. Simulación del modelo <i>SIR</i> (2.18) empleando $\beta$ y $\gamma$ dados en la Tabla 4.1 inciso (i). . . . .	55
4.2. Simulación del modelo <i>SIR</i> (2.18) empleando $\beta$ y $\gamma$ dados en la Tabla 4.1 inciso (ii). . . . .	55
4.3. Número reproductivo básico del modelo <i>SIR</i> (2.18) empleando $\beta$ y $\gamma$ dados en la Tabla 4.1 inciso (i). . . . .	56
4.4. Simulación del modelo <i>SIR</i> (2.21) empleando $\beta$ , $\gamma$ , $\tau_1$ y $\tau_2$ dados en la Tabla 4.3 inciso (iii). . . . .	58
4.5. Número reproductivo básico del modelo <i>SIR</i> (2.21) empleando $\beta$ , $\gamma$ , $\tau_1$ y $\tau_2$ dados en la Tabla 4.3 inciso (iii). . . . .	59
4.6. Simulación del modelo <i>SIR</i> (3.1) empleando $\beta$ , $\gamma$ , $\alpha$ , $\tau_1$ , $\tau_2$ y $\tau_3$ dados en la Tabla 4.5 inciso (iii). . . . .	61
4.7. Número reproductivo básico del modelo <i>SIR</i> (3.1) empleando $\beta$ , $\gamma$ , $\alpha$ , $\tau_1$ , $\tau_2$ y $\tau_3$ dados en la Tabla 4.5 inciso (iii). . . . .	62
4.8. Simulación del observador (3.18) comparado con el modelo SIR sin retardos (3.2). . . . .	64
4.9. Simulación del observador (3.18) comparado con datos reales de la COVID-19. . . . .	65
4.10. Simulación del modelo <i>SIR</i> (3.1) empleando $\beta$ , $\gamma$ , $\alpha$ , $\tau_1$ , $\tau_2$ y $\tau_3$ dados en la Tabla 4.8. . . . .	67
4.11. Simulación del modelo <i>SIR</i> (3.1) y del observador (3.19) empleando $\beta$ , $\gamma$ , $\alpha$ , $\tau_1$ , $\tau_2$ y $\tau_3$ dados en la Tabla 4.8. . . . .	67

---

4.12. Simulación del observador (3.19) comparado con los datos reales empleando $\beta$ , $\gamma$ , $\alpha$ , $\tau_1$ , $\tau_2$ y $\tau_3$ dados en la Tabla 4.8. . . . .	68
4.13. Simulación del observador (3.31) comparado con el modelo SIR con tres retardos reducido (3.20). . . . .	70
4.14. Simulación del observador (3.31) comparado con datos reales de la COVID-19.	71
4.15. Simulación del observador (3.61) comparado con el modelo SIR con tres retardos (3.1). . . . .	74
4.16. Simulación del observador (3.61) comparado con datos reales de la COVID-19.	75
4.17. Comparación de la dinámica de infecciosos de los observadores (3.18), (3.19), (3.31) y (3.61). . . . .	76
4.18. Comparación de la dinámica de Susceptibles de los observadores (3.18), (3.19), (3.31) y (3.61). . . . .	77
4.19. Comparación de la dinámica de recuperados de los observadores (3.18), (3.19), (3.31) y (3.61). . . . .	77

# Índice de tablas

4.1. Valores empíricos de $\beta$ y $\gamma$ para el modelo <i>SIR</i> (2.18). . . . .	54
4.2. ECM de datos dados en la Tabla 4.1. . . . .	56
4.3. Valores empíricos de $\beta$ , $\gamma$ , $\tau_1$ y $\tau_2$ para el modelo <i>SIR</i> (2.21) del 1 de diciembre de 2020 al 1 de marzo de 2021. . . . .	57
4.4. ECM de datos dados en la Tabla 4.3. . . . .	58
4.5. Valores empíricos de $\beta$ , $\gamma$ , $\alpha$ , $\tau_1$ , $\tau_2$ y $\tau_3$ para el modelo <i>SIR</i> (3.1) del 1 de diciembre de 2020 al 1 de marzo de 2021. . . . .	60
4.6. ECM de datos dados en la Tabla 4.5. . . . .	60
4.7. Valores $\beta$ , $\gamma$ , $L_1$ y $L_2$ para el observador (3.18). . . . .	65
4.8. Valores $\beta$ , $\gamma$ , $\alpha$ , $\tau_1$ , $\tau_2$ y $\tau_3$ para el modelo <i>SIR</i> (3.1). . . . .	66
4.9. Comparación de los ECM obtenidos de los observadores diseñados. . . . .	75

# Notación

$S(t)$ : Población de individuos susceptibles.

$I(t)$ : Población de individuos infectados.

$R(t)$ : Población de individuos removidos.

$E(t)$ : Población de individuos expuestos.

$N$ : Total de la población.

$\beta$ : Tasa media de transmisión de la enfermedad.

$\gamma$ : Recíproco del tiempo promedio de recuperación de la enfermedad.

$\mu$ : Tasa media de mortalidad natural.

$\mu_1$ : Tasa media de mortalidad por infección.

$\alpha$ : Recíproco del tiempo promedio de pérdida de inmunidad de la enfermedad.

$\mathcal{R}_0$ : Número reproductivo básico.

$\mathcal{R}_e$ : Número efectivo de reproducción.

$\tau, \tau_1, \tau_2, \tau_3, \tau_4, \tau_5, \tau_6$ : Efecto de retardo en el tiempo.

$\lambda_W$ : Valores propios de la matriz  $W$ .

$S_0$ : Condición inicial de la población de susceptibles.

$I_0$ : Condición inicial de la población de infectados.

$R_0$ : Condición inicial de la población de recuperados.

$\hat{S}_0$ : Condición inicial del observador para la población de susceptibles.

$\hat{I}_0$ : Condición inicial del observador para la población de infectados.

$\hat{R}_0$ : Condición inicial del observador para la población de recuperados.

$\kappa_1, \kappa_2, b$ : Constantes positivas.

$\|\phi\|_h$ : Norma  $h$ .

$u, z, w$ : Funciones continuas no decrecientes.

$\mathbb{R}^n$ : Espacio vectorial.

$\mathbf{C}$ : Conjunto de funciones continuas.

$\|\cdot\|_c$ : Norma continua.

# Capítulo 1

## Introducción

A lo largo de su historia, la humanidad ha enfrentado diversas afectaciones a su salud, una de las más temibles son aquellas que tienen que ver con enfermedades infecciosas. Estas, según su propagación, se suelen clasificar en *brote*, *epidemia* o *pandemia*. Se cataloga como *brote* epidémico a aquella aparición repentina de una enfermedad debida a una infección en una localidad específica y en un momento determinado. Es *epidemia* cuando una enfermedad se propaga activamente debido a que el brote se descontrola y se mantiene durante algún tiempo en un país o en una área geográfica concreta. Mientras que, para que se pueda denominar *pandemia*, según la Organización Mundial de la Salud (OMS), se deben cumplir como mínimo dos criterios: 1) el brote epidémico afecte a más de un continente y 2) los casos de cada país ya no sean importados sino provocados por transmisión comunitaria [7]. Sin duda, además del impacto sanitario, provocado por las enfermedades infecciosas, también se presentan afectaciones en los ámbitos económicos, sociales y emocionales, por mencionar algunos [8, 9, 10, 11]. De manera que, el conocer y el prevenir este tipo de afectaciones es de vital importancia, porque se pueden desarrollar medidas o estrategias de acción preventiva que mitiguen el daño de dichos impactos. Caso particular de una enfermedad infecciosa, es la COVID-19, la cual se toma como caso de estudio para la aplicación de los productos obtenidos en esta tesis.

Una de las herramientas más comúnmente utilizadas para reducir estos impactos y describir la dinámica de propagación de una enfermedad infecciosa para determinar estrategias/decisiones, es conocida como modelo matemático. Con un modelo matemático se puede mejorar la comprensión de la enfermedad y con base al comportamiento obtenido del modelo, se pueden implementar intervenciones para tratar de reducir la tasa de transmisión de dicha enfermedad o se pueden tomar decisiones a corto o largo plazo, las cuales favorezcan en el control o erradicación de la enfermedad [12]. Al hablar de modelos matemáticos, existe variedad de ellos, los cuales se diferencian de acuerdo al número de

compartimentos incluidos en su análisis, entre los más conocidos se encuentran los tipo *SI*, *SIS*, *SIR*, *SIRS*, *SEIR*, *SEIRS*, por mencionar algunos [5, 13, 14, 15].

En general, en ingeniería de control se busca resolver los problemas de regulación y seguimiento de trayectoria; y comúnmente se asume que las mediciones del vector de estado están disponibles. Sin embargo, esta suposición es bastante restrictiva puesto que solo algunas variables de estado están disponibles. Por ejemplo, al emplear modelos epidemiológicos compartimentales, existen algunas dinámicas de las cuales dependiendo el modelo, no se cuenta con información reportada por las organizaciones de salud. Por lo que, el diseño de observadores para estimar las variables de estado no medidas es una tarea recurrente, ya que el observador proporciona una estimación del estado, la cual converge asintóticamente al estado real del sistema [16].

Es por ello, que en este trabajo se analiza la convergencia del error del observador en comparación con el modelo original, es decir, de los modelos epidemiológicos *SIR* (Susceptibles, Infecciosos y Recuperados), los cuales son modelos no lineales, utilizados para describir el comportamiento de la dinámica de propagación de una enfermedad infecciosa. El modelo tipo *SIR* entre los modelos matemáticos epidemiológicos previamente mencionados, ha tenido un papel crucial [12]. Al hablar de modelos no lineales, es bien sabido que se presentan algunos fenómenos, tales como: múltiples puntos de equilibrio, bifurcaciones, ciclos límite, caos, escape en tiempo finito, entre otros, los cuales se deben tomar en consideración cuando se emplean estos modelos [17]. La importancia de los sistemas con retardos esta en una amplia gama de problemas físicos que pueden ser representados a través de estos sistemas: procesos químicos, aplicaciones automotrices, teleoperación, sistemas biológicos. Dado que las enfermedades infecciosas por su naturaleza presentan retardos, es por ello que estos deben ser considerados en el diseño de los modelos matemáticos epidemiológicos.

A lo largo de la historia, han surgido numerosas pandemias, las cuales difieren en su comportamiento. Por lo que han surgido cambios en algunos modelos matemáticos epidemiológicos para tratar de describir su comportamiento dinámico. Pero existe un problema, estos modelos por si solos no son capaces de describir correctamente el comportamiento dinámico de una enfermedad, debido al desconocimiento de algunas dinámicas poblacionales consideradas en los modelos. Sin embargo, para cubrir la falta de información en estos modelos, se pueden emplear herramientas del área de control tales como los observadores de estado, ya que es bien sabido que el objetivo principal de la síntesis de un observador es la reconstrucción completa del estado del sistema. El diseño de observadores para modelos tipo *SIR* con retardos puede coadyuvar a describir de mejor manera el comportamiento dinámico de una enfermedad y con ello desarrollar acciones que permitan su erradicación.

## 1.1. Planteamiento del problema

En la actualidad el erradicar o controlar una pandemia se ha convertido en una necesidad para la comunidad científica y organizaciones de la salud. Dado que estas provocan importantes afectaciones en distintos ámbitos, tales como económicos, sociales, emocionales, por mencionar algunos. Para poder mitigar dichos impactos y en el mejor de los casos apoyar a erradicar la propagación de una enfermedad infecciosa, es necesario el empleo de herramientas que ayuden a tener un mejor entendimiento de su propagación, tales como los modelos matemáticos epidemiológicos tipo SIR con y sin retardos. Pero existe un problema, estos modelos por si solos no son capaces de describir correctamente el comportamiento dinámico de una enfermedad, debido al desconocimiento de algunas dinámicas poblacionales consideradas en los modelos. Algunas organizaciones, como la Organización Mundial de la Salud, proporciona únicamente información de los casos confirmados, por lo que al emplear este tipo de modelos se desconocen las poblaciones de Susceptibles y Recuperados. Sin embargo, para cubrir la falta de información en estos modelos, se pueden emplear herramientas del área de control tales como los observadores de estado, ya que es bien sabido que el objetivo principal de la síntesis de un observador es la reconstrucción completa del estado del sistema. El diseño de observadores para modelos tipo *SIR* con retardos puede coadyuvar a describir de mejor manera el comportamiento dinámico de una enfermedad y con ello desarrollar acciones que permitan su erradicación, al reconstruir aquellos compartimentos poblacionales de los que no se cuente con información.

## 1.2. Justificación

El estudio del comportamiento dinámico de las enfermedades infecciosas, se ha convertido en una tarea recurrente entre los investigadores y las organizaciones de la salud, debido a que es difícil poder modelar el comportamiento de una enfermedad de forma matemática. Para lo cual, ha nacido un interés sobresaliente por el empleo de modelos matemáticos epidemiológicos del tipo SIR, los cuales tienen un papel crucial entre las investigaciones [12, 18, 19]. Mas aún, en el modelado dinámico del comportamiento de una enfermedad infecciosa, es común considerar retardos, debido a los tiempos no triviales asociados a los periodos de incubación y/o los tiempos muertos en el monitoreo de la población, por mencionar algunos [20]. Debido a que es indispensable contar con información de la dinámica real de una enfermedad infecciosa para poder obtener una correcta descripción de su comportamiento por medio de la utilización de modelos matemáticos y en ocasiones dicha información no es reportada por las organizaciones de la salud. Surge la necesidad de diseñar un observador de estado para reconstruir las dinámicas no reportadas, es decir las dinámicas de Susceptibles y Removidos, utilizando la información disponible

correspondiente a la población de Infecciosos, esta última reportada por la OMS. El diseño de un observador tiene la finalidad de poder en el mejor de los casos coadyuvar a la prevención de brotes epidemiológicos o a la concepción de sistemas de alerta sanitaria temprana, gracias a que son una herramienta clave para la toma de decisiones [21].

## 1.3. Objetivos

### 1.3.1. Objetivo general

Diseñar observadores para sistema *SIR* con y sin retardos, empleando funcionales de Lyapunov-Krasovskii de tipo reducido y/o funciones de Lyapunov para analizar la convergencia de la dinámica del error de observación.

### 1.3.2. Objetivos específicos

1. Realizar una búsqueda en literatura especializada sobre modelos *SIR* sin y con retardos para entender la interacción entre cada compartimento y conocer su aplicación en la epidemiología matemática.
2. Realizar simulaciones numéricas empleando modelos tipo *SIR* sin y con retardos, para comprender la relación existente entre los parámetros incluidos en los modelos y como afectan en la dinámica compartimental.
3. Diseñar un modelo matemático tipo *SIR* con tres retardos que incorpore la pérdida de inmunidad de la población recuperada y que satisfaga las características necesarias del diseño de modelos *SIR*.
4. Redactar artículos en donde se apliquen modelos *SIR* sin y con retardos a la pandemia de la COVID-19, con la finalidad de comparar estos modelos contra datos reales.
5. Estudiar los criterios básicos sobre el diseño de observadores para sistemas no lineales mediante un estudio en literatura especializada, con la finalidad de diseñar observadores para modelos tipo *SIR* sin o con retardos, y validar los conocimientos adquiridos por medio de la escritura de un manuscrito.
6. Entudiar los resultados básicos sobre sistemas con retardos empleando el enfoque de Lyapunov-Krasovskii, para analizar la convergencia del error de observación obtenida entre los modelos y observadores diseñados.

7. Redactar un artículo en donde se apliquen observadores de estado para modelos *SIR* sin y con retardos a la pandemia de la COVID-19, con la finalidad de reconstruir los compartimentos poblacionales no reportados por las organizaciones de la salud.

## 1.4. Productos obtenidos

- Participación en el Primer Encuentro Garza de Jóvenes Investigadores “Unidos contra el COVID-19, el nuevo cisne verde”, con el manuscrito titulado “Cómo coadyuvan los modelos matemáticos a entender y combatir a la COVID-19”, el cual fue seleccionado para ser publicado en Padi Boletín Científico de Ciencias Básicas e Ingenierías del ICBI.
- Publicación en el marco del “IX Congreso Internacional de Robótica y Computación 2022 (CIRC 2022)”, organizado por el El Instituto Tecnológico de La Paz, México. Con el manuscrito titulado “Estudio de la pandemia COVID-19 en México usando un modelo compartimental con retardos”.
- Publicación del manuscrito titulado “Modelos matemáticos compartimentales para describir la dinámica de la transmisión de la COVID-19”, en Nova Scientia Revista de Investigación de la Universidad De La Salle Bajío.
- Escritura de un artículo para revista indexada al JCR.

## 1.5. Organización

La organización de esta tesis es como sigue. En el Capítulo 2, se presentan los resultados preliminares, donde se incluyen los modelos matemáticos epidemiológicos tipo *SIR*, con y sin retardos, más empleados para modelar las dinámicas poblacionales de enfermedades infecciosas, así como algunos conceptos importantes que se deben considerar para el diseño de observadores, además de incluir la teoría necesaria para realizar el análisis de estabilidad de sistemas con y sin retardos. Mientras que en el Capítulo 3, como aportación sustancial, se propone un modelo matemático tipo *SIR* que contempla los tiempos muertos de incubación, recuperación y pérdida de inmunidad por haber adquirido la enfermedad. Así como el diseño de observadores y análisis de convergencia del error de observación para algunos modelos tipo *SIR* con y sin retardos. En el Capítulo 4 se presentan simulaciones de algunos modelos matemáticos epidemiológicos tipo *SIR*, incluido el propuesto con tres retardos para aproximar las curvas poblacionales de la COVID-19 en México, así como simulaciones de los observadores diseñados alimentados con datos reales. Finalmente, en el Capítulo 5 se dan las conclusiones obtenidas del presente trabajo de investigación.



# Capítulo 2

## Resultados preliminares

En este capítulo se presenta teoría asociada a sistemas lineales sin y con retardos, así como los teoremas de Lyapunov y Lyapunov-Krasovskii para analizar la estabilidad de estos sistemas. Además, se incluye teoría del diseño de observadores de estado, así como algunos modelos matemáticos epidemiológicos del tipo *SIR*, con retardos y sin retardos, en donde se presentan sus principales características y los parámetros que cada uno de ellos toman en consideración para su análisis.

### 2.1. Sistemas libres de retardos

Considere un sistema compuesto por un número finito de ecuaciones diferenciales ordinarias acopladas no lineales controladas como sigue:

$$\begin{aligned}\dot{x}_1(t) &= f_1(x_1(t), \dots, x_n(t), u_1(t), \dots, u_p(t)), \\ \dot{x}_2(t) &= f_2(x_1(t), \dots, x_n(t), u_1(t), \dots, u_p(t)), \\ &\vdots \\ \dot{x}_n(t) &= f_n(x_1(t), \dots, x_n(t), u_1(t), \dots, u_p(t)),\end{aligned}\tag{2.1}$$

donde  $\dot{x}_i(t)$  es la derivada de  $x_i(t)$  con respecto al tiempo, y  $u_1(t), \dots, u_p(t)$  son las variables de entrada [17]. Las variables  $x_1, \dots, x_n$  se conocen como variables de estado. Reescribiendo al sistema de ecuaciones (2.1), se obtiene la siguiente representación

$$\dot{x}(t) = f(x(t), u(t)),\tag{2.2}$$

donde (2.2) es la ecuación de estado, refiriendo a  $x(t)$  como el estado y  $u(t)$  la entrada del sistema. Algunas veces, se considera otra ecuación, dada por

$$y(t) = h(x(t), u(t)),\tag{2.3}$$

la cual es asociada con la ecuación (2.2), definiendo así un vector de salida que comprende variables de particular interés en el análisis del sistema dinámico (por ejemplo, variables que pueden medirse físicamente o que deben comportarse de una manera específica). El sistema conformado por las ecuaciones (2.2) y (2.3), se conoce como una representación de espacio estado de un sistema no lineal, donde (2.3) es la ecuación de salida con respecto a la ecuación (2.2). Sin embargo, en la literatura existen sistemas no lineales sin entrada de control  $u$ , por lo que para este caso su representación en espacio estado es

$$\dot{x}(t) = f(x(t)). \quad (2.4)$$

Un concepto importante al tratar con la ecuación de estado es el concepto de punto de equilibrio.

**Definición 2.1** (Punto de equilibrio). [22] *Se dice que un punto  $x = x^*$  en el espacio de estados es un punto de equilibrio de un sistema de la forma (2.4) si tiene la propiedad de que siempre que el estado del sistema comience en  $x^*$ , este permanecerá en  $x^*$  para todo el tiempo futuro.*

En sistemas lineales, el equivalente a las ecuaciones (2.2) y (2.3) es de la forma siguiente:

$$\begin{aligned} \dot{x}(t) &= Ax(t) + Bu(t), \\ y(t) &= Cx(t) + Du(t), \end{aligned}$$

donde  $A$ ,  $B$ ,  $C$  y  $D$  son matrices no variantes en el tiempo de dimensiones  $n \times n$ ,  $n \times p$ ,  $q \times n$  y  $q \times p$ , respectivamente [23, 24]. Como es bien sabido, un sistema se dice que es no lineal si no cumple con la propiedad de superposición y homogeneidad [23]. Para poder analizar la convergencia de sistemas libres de retardo a un punto de equilibrio, en el siguiente apartado se presenta el teorema de estabilidad en el sentido de Lyapunov.

## 2.2. Estabilidad en el sentido de Lyapunov

En este apartado se presenta el teorema de estabilidad en el sentido de Lyapunov para sistemas libres de retardos, ya que es indispensable para el estudio de estabilidad. Para ello, considere un sistema lineal autónomo de la forma

$$\dot{x}(t) = Ax(t), \quad (2.5)$$

donde  $A \in \mathbb{R}^{n \times n}$  es la matriz de estado,  $x(t) \in \mathbb{R}^n$  es el estado del sistema [17].

En 1892, Lyapunov mostró que existen funciones basadas en la energía que podían ser utilizadas para determinar la estabilidad de un punto de equilibrio. Sea  $v : \mathbb{D} \rightarrow \mathbb{R}$

una función continuamente diferenciable definida en el dominio  $\mathbb{D} \subset \mathbb{R}^n$  que contiene al origen. La derivada de  $v$  a lo largo de las trayectorias del sistema, denotada por  $\dot{v}$ , es dependiente del sistema (2.5). Por lo que,  $\dot{v}$  es diferente para sistemas diferentes. Si  $\phi(t, x)$  es la solución del sistema (2.5) que comienza en el estado  $x$  en el tiempo  $t = 0$ , entonces

$$\dot{v}(x) = \frac{d}{dt} v(\phi(t, x))|_{t=0}.$$

Si  $\dot{v}$  es negativa,  $v$  será decreciente a lo largo de la solución de (2.5). Razón por la cual surge el siguiente teorema de estabilidad de Lyapunov.

**Teorema 2.1** (Estabilidad de Lyapunov). [17] *Sea  $x = 0$  un punto de equilibrio para el sistema (2.5) y  $\mathbb{D} \subset \mathbb{R}^n$  sea un dominio que contiene a  $x = 0$ . Sea  $v : \mathbb{D} \rightarrow \mathbb{R}$  una función continuamente diferenciable tal que*

$$v(0) = 0 \quad y \quad v(x) > 0,$$

$$\dot{v}(x) \leq 0.$$

*Entonces,  $x = 0$  es estable. Es más, si*

$$\dot{v}(x) < 0,$$

*entonces  $x = 0$  es asintóticamente estable.*

Sin embargo, el Teorema 2.1 sirve para analizar la estabilidad de sistemas libres de retardo, pero cuando se desea trabajar con sistemas retardados es necesario utilizar otro enfoque. Para lo cual, en el siguiente apartado se parte de describir a los sistemas con retardos.

## 2.3. Sistemas con retardos

En este apartado se presentan conceptos fundamentales referentes a sistemas con retardos. Considere un sistema retardado de la forma siguiente

$$\dot{x}(t) = \sum_{i=0}^n A_i x(t - \tau_i), \quad (2.6)$$

donde  $A_i$  representa las matrices del sistema, y  $\tau_i > 0$  es el tiempo de retardo (es un número real), el cual siempre debe ser positivo. La forma general de un sistema de ecuaciones diferenciales retardadas es

$$\dot{x}(t) = f(t, x_t), \quad (2.7)$$

donde  $x(t) \in \mathbb{R}^n$  y  $f : \mathbb{R} \times \mathbf{C} \rightarrow \mathbb{R}^n$  con  $\mathbf{C} = \mathbf{C}([-\tau, 0], \mathbb{R}^n)$ . Aquí,  $\mathbf{C}$  es el conjunto de funciones continuas mapeando el intervalo  $[-\tau, 0]$  a  $\mathbb{R}^n$ . De este tipo de sistemas, si se desea saber que ocurre en  $t = 0$ , es necesario conocer lo que pasó en todo el intervalo contenido entre los puntos  $x(0)$  y  $x(-\tau)$ . Similarmente para calcular  $x$  en el instante de tiempo  $t = \theta$ , es decir conocer la solución en el intervalo  $0 \leq \theta < \tau$ , es necesario conocer todo lo que pasó desde  $-\tau < \theta - \tau < 0$ , caso contrario la solución no puede ser generada. En otras palabras se necesita especificar el valor de  $x(\theta)$  para todo el intervalo  $-\tau \leq \theta \leq 0$ , que se conoce como condición inicial

$$x(\theta) = \phi(\theta), \quad \theta \in [-\tau, 0],$$

con una función continua dada  $\phi : [-\tau, 0] \rightarrow \mathbb{R}$ . Una vez que la condición inicial es dada, la solución está definida. Para poder analizar la convergencia a un punto de equilibrio de sistemas con retardos, en el siguiente apartado se presenta el teorema de estabilidad en el sentido de Lyapunov-Krasovskii, el cual sirve para este fin.

## 2.4. Estabilidad en el sentido de Lyapunov-Krasovskii

De la misma manera que en los sistemas libres de retardo, el método de Lyapunov es un enfoque efectivo para determinar la estabilidad de un sistema. Para un sistema sin retardo, este método consiste en la construcción de una función de Lyapunov  $v(t, x(t))$ , la cual es de alguna manera, una medida que cuantifica la desviación del estado  $x(t)$  de la solución trivial 0. Para los sistemas libres de retardo, el estado  $x(t)$  es necesario para especificar la evolución futura del sistema en el tiempo  $t$ , debido a que en un sistema con retardo el estado en el tiempo  $t$  es requerido con el mismo propósito, este estado está representado por  $x(\theta)$  en el intervalo  $\theta \in [t - \tau, t]$ , es natural esperar que para un sistema con retardos la función de Lyapunov es en realidad una funcional  $v(t, x_t)$  dependiente de  $x_t$ , la cual también es una medida de desviación de  $x_t$  de la solución trivial 0. Tal funcional es conocida como la funcional de Lyapunov-Krasovskii.

Específicamente, sea  $v(t, \phi)$  diferenciable, y siendo  $x_t(\tau, \phi)$  una solución de (2.6) en el tiempo  $t$  con condiciones iniciales  $x_t = \phi$ . Es posible calcular la derivada de la funcional  $v(t, x(t))$  con respecto a  $t$  y evaluarla en el instante  $t = \tau$ . Esto da lugar a

$$\begin{aligned} \dot{v}(\tau, \phi) &= \left. \frac{d}{dt} v(t, x_t) \right|_{t=\tau, x_t=\phi} \\ &= \lim_{\Delta t \rightarrow 0} \sup \frac{1}{\Delta t} [v(\tau + \Delta t, x_{t+\Delta t}(\tau, \phi)) - v(\tau, \phi)]. \end{aligned}$$

Intuitivamente, una  $\dot{v}$  no positiva indica que  $x_t$  no crece conforme crece  $t$ , lo cual significa que el sistema es estable [25]. Una declaración más precisa de esta observación es enunciada en el siguiente teorema.

**Teorema 2.2** (Estabilidad de Lyapunov-Krasovskii). [26, 27] Suponga que  $f : \mathbb{R} \times \mathbf{C}[-\tau, 0] \rightarrow \mathbb{R}^n$  dada en (2.7) mapea  $\mathbb{R} \times \mathbf{C}[-\tau, 0]$  hacia el conjunto acotado de  $\mathbb{R}^n$ , y que  $u, z$  y  $w : \mathbb{R}_+ \rightarrow \mathbb{R}_+$  son funciones continuas no decrecientes,  $u(s)$  y  $z(s)$  son positivas para toda  $s > 0$ , y  $u(0) = z(0) = 0$ . Si existe una funcional diferenciable continua  $v : \mathbb{R} \times \mathbf{C}[-\tau, 0] \rightarrow \mathbb{R}$  tal que

$$u(\|\phi(0)\|) \leq v(t, \phi) \leq z(\|\phi\|_c), \quad x_t = \phi,$$

y

$$\dot{v}(t, \phi) \leq -w(\|\phi(0)\|),$$

entonces la solución trivial de (2.6) es uniformemente estable. Si  $w(s) > 0$  para  $s > 0$ , entonces es uniforme asintóticamente estable. Si, además, el  $\lim_{s \rightarrow \infty} u(s) = \infty$ , entonces la solución es global uniforme asintóticamente estable.

**Definición 2.2** (Norma continua). [25] Para una función  $\phi \in \mathbf{C}([t - \tau, t], \mathbb{R}^n)$ , se define la norma continua  $\|\cdot\|_c$  por

$$\|\phi\|_c = \max_{\theta \in [t - \tau, t]} \|\phi(\theta)\|.$$

Para analizar la estabilidad exponencial de sistemas con retardos, se enuncia el siguiente teorema.

**Teorema 2.3** (Estabilidad exponencial). [28] La solución trivial del sistema (2.7) es exponencialmente estable, si existe una funcional  $\dot{v}(t, \phi)$  positiva definida, tal que se satisfacen las condiciones siguientes.

1. Existen dos constantes positivas  $\kappa_1$  y  $\kappa_2$ , tales que

$$\kappa_1 \|\phi(0)\|^2 \leq v(t, \phi) \leq \kappa_2 \|\phi\|_h^2, \quad \text{para } t \geq 0.$$

2. La funcional es diferenciable a lo largo de las trayectorias del sistema, y existe una constante positiva  $b$ , tal que

$$\dot{v}(t, x_t) + 2bv(t, x_t) \leq 0.$$

**Observación 1.** Es bien sabido que la estabilidad exponencial del sistema (2.6) es equivalente a la estabilidad asintótica del mismo, ver [28].

**Observación 2.** Es importante mencionar, que para poder aplicar los Teoremas 2.1, 2.2 y 2.3 a los modelos tipo SIR que son de naturaleza no lineal, es necesario utilizar herramientas como el álgebra de Lie y/o transformaciones por cambio de variable, por mencionar algunas, para llevar el sistema no lineal a uno con parte nominal lineal y poder aplicar la teoría de sistemas lineales a este tipo de modelos epidemiológicos.

Una vez presentada la teoría necesaria para el análisis de estabilidad de sistemas con y sin retardos, en la siguiente sección se presenta una recopilación de observadores de estado para sistemas lineales.

## 2.5. Observadores de estado lineales

En esta sección se presentan algunos observadores comúnmente utilizados para sistemas lineales. Es bien sabido que el objetivo principal de la síntesis de un observador es la reconstrucción completa del estado del sistema. En el caso de sistemas lineales, es fácil ver que el observador es una copia del sistema original con un término de corrección dado por el error de salida. Por lo que, si las salidas coinciden, las trayectorias del sistema original y del sistema de observación son las mismas. Dependiendo del número de estados observados, el observador es de orden completo o reducido [29]. Un observador de estado de orden completo capta todas las variables de estado del sistema, sin importar si algunas están disponibles por medición directa. Mientras que, si se estiman menos de  $n$  variables de estado, donde  $n$  es la dimensión del vector de estado, se denomina observador de estado de orden reducido o, simplemente, un observador de orden reducido [30]. En la literatura se ha estudiado un problema de estimación distribuida para sistemas lineales utilizando dos enfoques, los cuales se pueden clasificar en dos ramas principales conocidas como: 1) técnicas basadas en filtros de Kalman y 2) técnicas basadas en observadores. Los primeros han sido estudiados en [31, 32, 33, 34], donde el sistema observado se separa en varios subsistemas interconectados. Aquí, cada estimador local es de orden reducido y solo estima una parte del vector de estado.

Por otro lado, el enfoque de observadores se estudia en [35, 36, 37], en donde se construye un observador de estado aumentado para proyectar el problema de estimación distribuida como el problema de diseñar un controlador estabilizador, usando la noción de modos fijos. Sobre la base de la descomposición canónica observable de Kalman, los observadores locales de Luenberger en cada nodo se construyen en [38, 39, 40]. El observador reconstruye una determinada parte del estado únicamente mediante el uso de sus propias medidas y utiliza la dinámica de consenso para estimar las partes no observables del estado en cada nodo. Específicamente, en [41] se diseñan dos ganancias del observador para lograr la estimación del estado distribuido, una para mediciones locales y la otra para el intercambio de información. Además, en la literatura existen trabajos que estudian el problema del observador distribuido para sistemas lineales invariantes en el tiempo (SLIT) observados por una red de observadores de Luenberger para estimar asintóticamente el estado completo del sistema observado [42]. Es claro que en la literatura existe una amplia cantidad de investigaciones enfocadas a observadores lineales, sin embargo también existen algunas relacionadas al tipo no lineal. Es por ello que en el siguiente apartado, se da un pequeño

resumen de los observadores más comúnmente utilizados para la clase de sistemas no lineales.

## 2.6. Observadores de estado no lineales

En esta sección se da un pequeño resumen de los observadores más utilizados para la clase de sistemas no lineales. Es bien sabido que el objetivo principal de la síntesis de un observador es la reconstrucción completa del estado del sistema. A diferencia de los sistemas lineales, ¿qué es lo que sucede para el caso de los sistemas no lineales? [43], algunos autores conciben que existen observadores que funcionan para cualquier entrada, pero únicamente para una clase particular de sistemas no lineales (sistemas de entrada-afines), estos con ciertas restricciones en la clase de entradas [44].

Por ejemplo, autores como Hara y Furuta [45] consideran observadores de orden infinito que no dependen de la entrada y las condiciones iniciales, pero no funcionan para ningún sistema afín de entrada dado. En [46], el autor afirma que la clase de sistemas con un observador es mayor que los dados por Hara y Furuta. El observador de Williamson [47] trabaja para una cierta clase de sistemas afines de entrada con entradas no singulares.

Algunos tipos de observadores comúnmente encontrados en la literatura, son los observadores de tipo Luenberger variable en el tiempo, tipo Kalman y proporcional de orden reducido, entre otros, por mencionar algunos [16]. El primero de ellos es un observador con una matriz de ganancia con entradas en un campo diferencial  $K(u)$  en el que el error de salida disminuye exponencialmente a cero con una constante positiva independiente de la entrada; este observador es de tipo inicializado (independiente de las condiciones iniciales). El sistema de observación presentado es de construcción simple. Dada la forma canónica de observabilidad generalizada (GOCF), la dinámica del observador es una copia de ella, con un error de salida ponderado por una matriz de ganancia, donde las entradas de esta matriz están en un campo diferencial  $K(u)$  [16].

El segundo tipo es un observador de Kalman propuesto por algunos autores [2, 6] en el caso de una sola variable (sistemas SISO) en general con una matriz de ganancia en un grupo lineal de matrices simétricas definidas positivas de dimensión  $n \times n$  con entradas en  $\mathbb{R}$ . El observador se asemeja a un observador exponencial cuya matriz de ganancia viene dada por la solución de una ecuación diferencial de Lyapunov. En general, la matriz de ganancia está en un grupo lineal de matrices simétricas definidas positivas de dimensión  $n \times n$ , pero ahora con coeficientes en un campo diferencial  $K(u)$ . La primera solución depende de un coeficiente constante que determina la aceleración de la convergencia del error de salida y, por tanto, de las trayectorias de estado. Este observador es de tipo inicializado, es decir, es independiente de las condiciones iniciales.

Finalmente, el tercer tipo de observador es el observador proporcional de orden reducido

(el llamado tipo libre de modelo). En este caso, no es necesario conocer de antemano el sistema en sí, es decir, se construye un observador de orden reducido utilizando la condición de observabilidad algebraica (AO) aplicada al problema de observación. La metodología propuesta consiste en definir primero una función como un estado extra del sistema original. Esta función se da en términos de estados y se desconoce la dinámica de este nuevo estado. El sistema original luego se convierte en un sistema extendido (inmersión), donde la dinámica del estado extra es desconocida y se supone que está limitada. Dado que se desconoce la dinámica de este nuevo estado, se propone un observador de orden reducido para la parte desconocida de los sistemas [16].

Por otro lado, en la literatura es posible encontrar trabajos en los cuales, se aplica la teoría del diseño de observadores, enfocados a modelos matemáticos epidemiológicos tipo *SIR*, los cuales como ya se mencionó son sistemas no lineales. En [48] se realiza el diseño de un observador no lineal adaptable para un modelo epidemiológico tipo *SIR* libre de retardos, el cual parte por el diseño de un observador Luenberger del modelo original, es decir una copia del mismo sistema en donde se suman ganancias, esto con el fin de compensar la discrepancia entre el modelo original y el observador. Aquí, se analiza la convergencia de la dinámica del error de estimación del observador por medio de una función de Lyapunov, además de estimar el valor de la tasa de infección.

En [21] se realiza un observador-predicor para un modelo *SIR* con retardos. En donde, se parte de diseñar el observador para el sistema libre de retardos (el cual es linealizado), y posteriormente modificado para compensar a los retardos en la entrada y salida. Aquí, se analiza la convergencia del error de observación por medio de funcionales de Lyapunov-Krasovskii. En este trabajo de tesis, lo que se busca es diseñar un observador de estado para modelos *SIR* con retardos, con la finalidad de poder estimar aquellos estados de los cuales no se cuenta con información, además de utilizar funcionales de Lyapunov-Krasovskii del tipo reducido para analizar la convergencia del error de observación. Uno de los observadores utilizados en el desarrollo de esta tesis, es dado en el siguiente apartado.

### 2.6.1. Observador de alta ganancia

En este apartado se presenta teoría relacionada a los observadores de alta ganancia, para lo cual, considere un sistema no lineal de la forma

$$\begin{aligned} \dot{x}(t) &= f(x(t)) + g(x(t))u(t), & t \geq -\Delta, & & x(-\Delta) &= \bar{x} \\ y(t) &= h(x(t - \Delta)), & t \geq 0, & & & \end{aligned} \quad (2.8)$$

donde  $\Delta > 0$  es el retardo de medición,  $x(t) \in \mathbb{R}^n$ ,  $u(t) \in \mathbb{R}$ ,  $y(t) \in \mathbb{R}$ , el vector de funciones  $f$ ,  $g$  y  $h$  son  $C^\infty$ . Para el sistema (2.8), es útil definir el mapeo  $z = \Phi(x)$  como

$$z(t) = \begin{bmatrix} h(x(t)) \\ L_f h(x(t)) \\ \vdots \\ L_f^{n-1} h(x(t)) \end{bmatrix} = \Phi(x(t)), \quad (2.9)$$

donde el símbolo  $L_f^k h(x(t))$  denota la  $k$ -ésima derivada de Lie repetida de la función  $h(x)$  a lo largo del campo vectorial  $f$ .

**Definición 2.3.** [49, 50] *El sistema (2.8) se dice que es globalmente observable, si la función  $z = \Phi(x(t))$  es un difeomorfismo en todo  $\mathbb{R}^n$ .*

La suposición principal necesaria para la derivación del observador es la siguiente.

**Proposición 2.1.** [49] *El sistema (2.8) es globalmente observable, y el difeomorfismo  $z(t) = \Phi(x)$  y su inversa  $x(t) = \Phi^{-1}(z(t))$  son globalmente uniformemente Lipschitz en  $\mathbb{R}^n$ , i.e.,*

$$\begin{aligned} \|\phi(x_1(t)) - \phi(x_2(t))\| &\leq \gamma_\Phi \|x_1(t) - x_2(t)\|, \quad \forall x_1(t), x_2(t) \in \mathbb{R}^n, \\ \|\phi^{-1}(z_1(t)) - \phi^{-1}(z_2(t))\| &\leq \gamma_{\Phi^{-1}} \|z_1(t) - z_2(t)\|, \quad \forall z_1(t), z_2(t) \in \mathbb{R}^n. \end{aligned} \quad (2.10)$$

Bajo la Proposición 2.1, para verificar que es posible transformar al sistema a uno con parte nominal, se obtiene el Jacobiano del mapeo  $\Phi(x(t))$ , denotado como  $Q(x(t))$ , así como el Jacobiano de la inversa del mapeo, los cuales son no singulares en todo  $\mathbb{R}^n$ . Su obtención es como sigue:

$$Q(x(t)) = \frac{\partial \Phi(x(t))}{\partial x(t)}, \quad \left. \frac{\partial \Phi^{-1}(z)}{\partial z} \right|_{z(t)=\Phi(x(t))} = Q^{-1}(x(t)). \quad (2.11)$$

De la definición (2.9) de  $\Phi(x(t))$ , las siguientes propiedades son obtenidas:

$$Q(x(t))f(x(t)) = A_n \Phi(x(t)) + B_n L_f^n h(x(t)), \quad h(x(t)) = C_n \Phi(x(t)), \quad (2.12)$$

donde, las matrices  $A_n$ ,  $B_n$  y  $C_n$  son de tipo Brunowski

$$\begin{aligned} A_n &= \begin{bmatrix} 0_{(n-1) \times 1} & I_{n-1} \\ 0 & 0_{1 \times (n-1)} \end{bmatrix}, & B_n &= \begin{bmatrix} 0_{(n-1) \times 1} \\ 1 \end{bmatrix}, \\ C_n &= [1 \quad 0_{1 \times (n-1)}]. \end{aligned} \quad (2.13)$$

Bajo la proposición 2.1, el mapeo  $z(t) = \Phi(x(t))$  define un cambio de coordenadas global. Diferenciando  $z(t) = \Phi(x(t))$  con respecto al tiempo y usando las propiedades (2.12) el sistema de ecuaciones en las coordenadas de  $z$  es obtenido, ver [50]. Definido como

$$\begin{aligned} \dot{z}(t) &= A_n z(t) + \bar{H}(z(t), u(t)), & t \geq -\Delta, & & z(-\Delta) &= \Phi(\bar{x}) \\ y(t) &= C_n z(t - \Delta), & t \geq 0, & & & \end{aligned} \quad (2.14)$$

donde,

$$\begin{aligned} \bar{H}(z(t), u(t)) &= H(x(t), u(t))|_{x(t)=\Phi^{-1}(z(t))}, \\ H(x(t), u(t)) &= B_n L_f^n h(x(t)) + Q(x(t))g(x(t))u(t). \end{aligned} \quad (2.15)$$

**Proposición 2.2.** [50] *El vector de funciones  $\bar{H}(z(t), u(t))$  definido en (2.15) es globalmente uniformemente Lipschitz con respecto a  $z$ , y la constante de Lipschitz  $\gamma_{\bar{H}}$  es una función no decreciente de  $|u|$ , i.e.,*

$$\|\bar{H}(z_1(t), u(t)) - \bar{H}(z_2(t), u(t))\| \leq \gamma_{\bar{H}}(|u|) \|z_1(t) - z_2(t)\|, \quad \forall z_1(t), z_2(t) \in \mathbb{R}^n. \quad (2.16)$$

El observador equivalente en las coordenadas de  $x$  bajo la proposición 2.1, es de la forma

$$\dot{\hat{x}}(t) = f(\hat{x}(t)) + g(\hat{x}(t))u(t) + Q^{-1}(\hat{x}(t))K(y(t) - h(\hat{x}(t))), \quad (2.17)$$

donde,  $K$  es el vector de ganancias del observador [43, 49, 50].

## 2.7. Modelos matemáticos epidemiológicos

Como se menciona en la introducción, los modelos matemáticos, son una de las herramientas más comúnmente utilizadas para describir el comportamiento de una enfermedad infecciosa, para con ello, determinar estrategias/decisiones que ayuden a erradicar, mitigar y/o controlar dicha enfermedad. Actualmente, existen diferentes formas de determinar un modelo matemático, las cuales solo quedan limitadas por la imaginación y el sustento científico. Típicamente, los modelos se clasifican en dos tipos: los determinísticos y los estocásticos [51]. Aunque también se pueden clasificar en tres tipos [52]: 1) modelos basados en métodos estadísticos para la vigilancia de epidemias como los son los métodos estadísticos de control de procesos, modelos autorregresivos con técnicas de series de tiempo; técnicas de regresión; de cadenas de Markov; 2) modelo mecanicista de espacio de estado como los modelos complejos basados en red; sistemas basados en agentes; modelos SIR deterministas discretos; y modelos estocásticos de cadenas de Markov, y 3) modelos de aprendizaje empírico tales como los basados en minería de datos. En este momento, se aprecia una

preferencia, por parte de la comunidad científica, por el empleo de modelos mecanicistas de espacio de estado cuando se desean describir enfermedades respiratorias [52].

El conocimiento temprano de la dinámica de una enfermedad infecciosa puede coadyuvar en el diseño de estrategias para controlar o erradicar una enfermedad infecciosa. Entre dichas estrategias se pueden mencionar, campañas de vacunación, planes de distanciamiento entre personas, adquisición de equipo de seguridad en hospitales, entre otras medidas. Dichas estrategias tienen como objetivo, prevenir, estabilizar, contrarrestar o erradicar rápidamente a las enfermedades infecciosas y no generar daños severos a la población [53].

**Observación 3.** *Los modelos matemáticos más comúnmente utilizados en la epidemiología matemática son los llamados modelos SIR, SEIR y SIS, los cuales se caracterizan de acuerdo a las clases epidemiológicas en las cuales se divide la población [54].*

Los modelos tipo *SIR* toman en cuenta tres poblaciones: individuos *Susceptibles*, *Infecciosos* y *Recuperados*. Mientras que, los modelo tipo *SEIR* consideran cuatro poblaciones: individuos *Susceptibles*, *Expuestos*, *Infecciosos* y *Recuperados*. Finalmente, los modelos *SIS* consideran: *Susceptibles* e *Infecciosos*. Claramente, el empleo de estos modelos está en función del tipo de individuos/población que se involucran en el análisis/comportamiento de la enfermedad que se estudia, asimismo el número reproductivo básico cambia, al estar también en función de las poblaciones consideradas. Cabe señalar que este número es uno de los parámetros más importantes en el estudio de la transmisión de enfermedades infecciosas [55, 56].

**Observación 4.** *El número reproductivo básico, denotado por  $\mathcal{R}_0$  y pronunciado como *R-naught*, es el número esperado de casos secundarios que un individuo infeccioso producirá en una población completamente susceptible durante su periodo de infecciosidad.  $\mathcal{R}_0$  caracteriza el riesgo de infección de una enfermedad infecciosa [55, 57].*

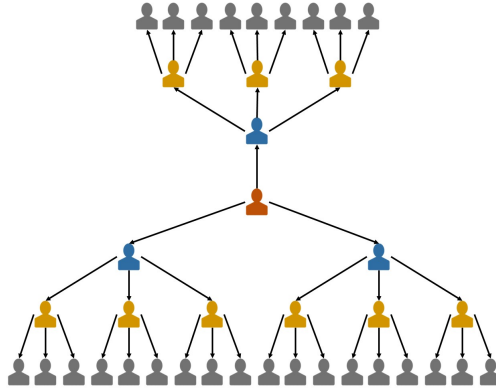


Figura 2.1: Representación gráfica de la propagación de una enfermedad en la población, considerando como ejemplo  $\mathcal{R}_0 = 3$ .

**Observación 5.** En la Figura 2.1, el color naranja, representa el primer individuo infeccioso introducido en una población completamente susceptible, mientras que los colores azul, amarillo y gris representan a los casos secundarios generados paulatinamente a partir de solo un caso confirmado con  $\mathcal{R}_0 = 3$ .

El número reproductivo básico es considerado un indicador del contagio o transmisión de una enfermedad infecciosa, por lo que es muy común encontrar este término en literatura de epidemiología y salud pública. El número  $\mathcal{R}_0$  ha sido descrito por ser una métrica fundamental para el estudio de la dinámica de enfermedades infecciosas. En [58], se hace mención que  $\mathcal{R}_0$  fue originalmente llamado como *tasa de reproducción de casos básicos*, cuando MacDonald introdujo el concepto en la literatura epidemiológica en el contexto de la Malaria en 1952, además, de utilizar el término  $Z_0$  para denotarlo. Este número, cuenta con dos interpretaciones que son: 1) Si  $\mathcal{R}_0$  es menor que la unidad, la enfermedad se va a extinguir a lo largo del tiempo, 2) Si  $\mathcal{R}_0$  es mayor que la unidad, la enfermedad se extenderá entre la población. Típicamente, este número está en función de la duración del período infeccioso, la tasa/probabilidad de infectar a un individuo susceptible durante el contacto con un individuo infeccioso, y el número de nuevos individuos susceptibles contactados por unidad de tiempo (tasa de contacto) [58].

En la literatura también se encuentran propuestas que aseguran que  $\mathcal{R}_0$  se ve afectado por numerosos factores biológicos, socioconductuales y ambientales que gobiernan la transmisión de la enfermedad. Sin embargo,  $\mathcal{R}_0$  no puede modificarse mediante campañas de vacunación, rara vez se mide directamente y su valor depende de las estructuras y supuestos del modelo, por lo que algunos valores encontrados en la literatura son inadecuados. Lo que queda claro es que  $\mathcal{R}_0$  debe estimarse e informarse con mucha

precaución porque esta métrica básica está lejos de ser simple [57].

Como ya se mencionó, los modelos matemáticos epidemiológicos son fundamentales para comprender la dinámica de una enfermedad, porque ayudan a pronosticar brotes importantes, a detectar patrones y monitorear características que pueden sugerir medidas adecuadas para controlar la propagación de enfermedades infecciosas y evitar sus mecanismos de propagación. Los modelos tipo *SIR* que describen la transmisión de humano a humano, han sido adaptados/modificados para tomar en cuenta diferentes características del comportamiento de la enfermedad. A continuación, se presentan algunos modelos comúnmente utilizados. Cabe mencionar que estos modelos son de gran utilidad al momento de querer describir el comportamiento que una enfermedad tuvo en la población, es decir cómo ocurrió una epidemia, puesto que al contar con los datos registrados de lo que ya ocurrió, es posible estimar los parámetros utilizados en estos modelos. Cuando aún no se dispone de información, esto es muy complicado, por lo que, en general, el poder predictivo de estos modelos es limitado. A pesar de la existencia de distintos modelos epidemiológicos en la literatura, este trabajo únicamente se centrará en el empleo de modelos *SIR*, por medio de los cuales se busca diseñar un observador de estado, para poder reconstruir aquellos compartimentos poblacionales de los cuales no se cuenta con información.

### 2.7.1. Modelos SIR

En esta sección se presenta el modelo *SIR* clásico de Kermack y McKendrick, así como una adecuación al modelo en donde se añaden dos retardos para el tiempo de incubación y de recuperación de la enfermedad. Los modelos tipo *SIR*, consideran que la población total de individuos se divide en tres clases, las cuales se representan por los términos  $S(t)$ ,  $I(t)$  y  $R(t)$ , y son las siguientes:

- Las personas Susceptibles  $S(t)$  son todas aquellas que no tiene inmunidad contra el agente infeccioso, por lo que se vuelven infecciosos al tener contacto con una persona infecciosa, en función de la tasa media de transmisión de la enfermedad, usualmente conocida como  $\beta$ .
- Las personas Infecciosas  $I(t)$  son todas aquellas capaces de transmitir la enfermedad a las personas susceptibles, por medio del contacto físico.
- Las personas Recuperadas (removidas),  $R(t)$  son aquellos individuos que dejan de ser infecciosos después de un tiempo promedio de recuperación  $1/\gamma$ , y por lo tanto adquieren inmunidad contra la enfermedad.

Los modelos epidemiológicos *SIR* pueden ser representados por medio de ecuaciones diferenciales ordinarias (EDO's), ecuaciones diferenciales retardadas (EDR's) o ecuaciones

en diferencias (EED's), dependiendo de la estructura del modelo, es decir, si incluye retardos o no. Dichas ecuaciones describen la dinámica del comportamiento de una enfermedad infecciosa en cada una de las clases consideradas (Susceptibles, Infecciosos y Recuperados), por lo que a su vez se cuenta con algunas consideraciones importantes ([3], [59]), las cuales son:

- La población se considera cerrada (no se toma en consideración la inmigración y emigración), es decir, permanece constante y su tamaño generalmente se denota como  $N$ . En caso de considerar algún parámetro como la tasa de nacimiento, se toma en cuenta que la mortalidad es igual a la natalidad. La población total es  $N = S(t) + I(t) + R(t)$ .
- La población se encuentra uniformemente mezclada, y la transmisión de la enfermedad entre los compartimentos poblacionales, se rige por la ley de acción de masas.
- En los modelos libres de retardos, la transición entre los compartimentos poblacionales es inmediata. Es decir, no se consideran periodos de incubación, recuperación, entre otros.

### 2.7.1.1. Modelo clásico de Kermack y McKendrick

Uno de los primeros modelos que emplean dinámicas tipo *SIR*, es el modelo clásico dado por Kermack y McKendrick en 1927 [60, 5], el cual ha sido utilizado para determinar el comportamiento de la pandemia generada por la influenza H1N1, además de otras pandemias. En este modelo *SIR*, los términos  $S(t)$ ,  $I(t)$  y  $R(t)$  representan las poblaciones normalizadas de los grupos de personas Susceptibles, Infecciosas y Recuperadas, respectivamente. Cuyas ecuaciones son

$$\begin{aligned}\dot{S}(t) &= -\beta S(t)I(t), & S(0) &= S_0, \\ \dot{I}(t) &= \beta S(t)I(t) - \gamma I(t), & I(0) &= I_0, \\ \dot{R}(t) &= \gamma I(t), & R(0) &= R_0,\end{aligned}\tag{2.18}$$

donde  $\beta \in [0, 1]$  y  $\gamma \in [0, 1]$  son parámetros que representan la tasa de infección y el recíproco del tiempo promedio de recuperación de la enfermedad, respectivamente. Aquí, los términos con signo positivo representan una contribución a ese compartimento, y los términos con signo negativo son aquellos que en algún momento van a salir de esa clase. El producto  $\beta S(t)I(t)$  es el número promedio de nuevos infecciosos en función de la tasa  $\beta$ . El producto  $\gamma I(t)$  representa al número de personas infecciosas que después de un tiempo promedio de recuperación  $1/\gamma$ , van a dejar de serlo y por lo tanto dejan de pertenecer a la población de Infecciosos para integrarse a la población de Recuperados. Para este modelo, se presupone que las personas recuperadas de la enfermedad adquieren inmunidad.

Cabe mencionar que este modelo ha sido empleado para describir la pandemia de la COVID-19 en Corea del Sur [61], Ucrania [62] y Qatar [63], entre otros. Notemos que  $\dot{S}(t) + \dot{I}(t) + \dot{R}(t) = 0$ , por lo que la población total se considera constante y se asume que,

$$N(t) = S(t) + I(t) + R(t). \quad (2.19)$$

Mientras que el número reproductivo básico  $\mathcal{R}_0$ , es obtenido de la solución de la ecuación diferencial de infecciosos dada en (2.18), esto es,

$$\dot{I}(t) = (\beta S_0 - \gamma) I(t) \implies I(t) = I_0 e^{(\beta S_0 - \gamma)t} = I_0 e^{\gamma(\mathcal{R}_0 - 1)t}.$$

El número reproductivo básico se define de la siguiente manera

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\beta S_0}{\gamma},$$

por lo que, si  $\mathcal{R}_0 < 1$  la infección desaparece, en tanto que si  $\mathcal{R}_0 > 1$  surge una epidemia.

En la Figura 2.2, como ejemplo ilustrativo se puede apreciar el comportamiento dinámico del modelo SIR (2.18), bajo las siguientes condiciones iniciales:  $N = 83000$ ,  $S_0 = 82408/N$ ,  $I_0 = 547/N$  y  $R_0 = 45/N$ . Los valores de las tasas de infección y recuperación de la enfermedad se asume que son:  $\beta = 0.345$  y  $\gamma = 0.045$ , respectivamente.

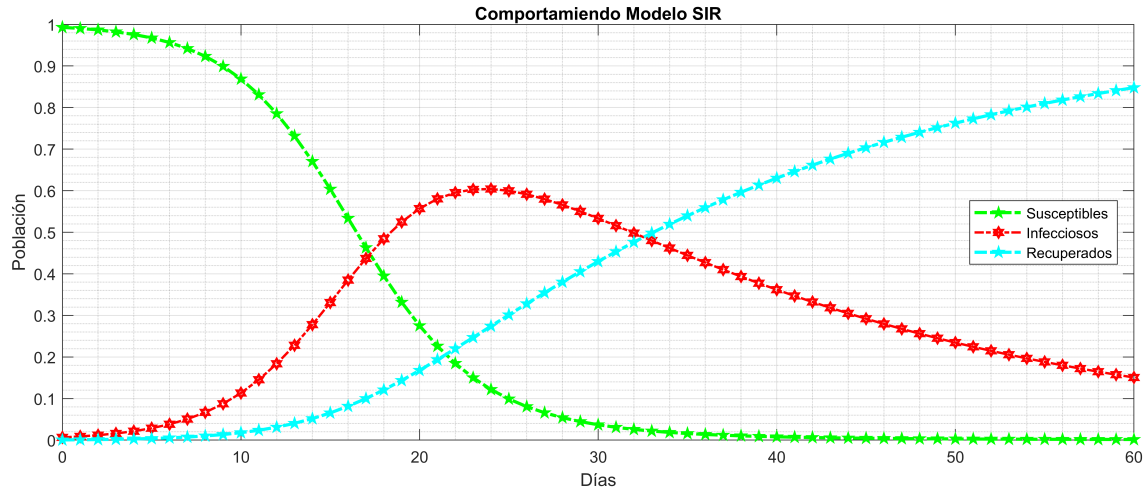


Figura 2.2: Simulación del modelo SIR (2.18) realizada en Matlab, con  $N = 83000$ ,  $S_0 = 82408/N$ ,  $I_0 = 547/N$ ,  $R_0 = 45/N$ , así como  $\beta = 0.345$  y  $\gamma = 0.045$ .

**Observación 6.** Es importante mencionar que la elección del modelo epidemiológico a utilizar, depende mucho de las características de la enfermedad que se desea analizar, por ejemplo, si los individuos recuperados no desarrollan inmunidad y vuelven a la población

*susceptible, se debería de utilizar un modelo SIS, en el cual se supone que los individuos susceptibles pasan a ser infecciosos y posteriormente vuelven a ser susceptibles, es decir pueden volver a adquirir la enfermedad [3].*

En la literatura, es posible encontrar adecuaciones hechas al modelo fundamental propuesto por Kermack y McKendrick [5], las cuales son utilizadas para describir/analizar escenarios específicos. Aquí, se mencionan algunos casos con el fin de ejemplificar las adecuaciones que se pueden realizar al modelo. Tales adecuaciones no solo consideran la tasa de infección  $\beta$  y el recíproco del tiempo promedio de recuperación de la enfermedad  $\gamma$ , sino que también la tasa de mortalidad/natalidad natural, la tasa de pérdida de la inmunidad y la tasa de mortalidad infecciosa, por mencionar algunas [48, 59]. Algunas variaciones a este modelo, toman en consideración intervenciones no farmacéuticas (cierre de fronteras, aislamiento, distanciamiento social, restricciones de movilidad, entre otras), con el fin de minimizar todos aquellos impactos sociales que son generados por el brote de una enfermedad, y garantizar que el número de infecciones no exceda la capacidad de los servicios de salud, evitando muertes innecesarias y la saturación de los servicios de salud [64]. Otras, son utilizadas para determinar las condiciones de propagación de una enfermedad infecciosa, cuando el número de infecciosos, recuperados y fallecimientos es mucho menor que la cantidad de susceptibles en la población [65]. Además de que existen modificaciones en donde se añaden compartimentos poblacionales no utilizados en los modelos *SIR* clásicos. Por mencionar alguna, es en donde se considera una población adicional  $E(t)$ , la cual considera a los individuos expuestos, quienes tienen una mayor probabilidad de infectarse en comparación con el resto de la población, en esta clase se incluye por ejemplo al personal de salud que se encuentra al cuidado de las personas que se encuentren infectadas por la enfermedad en estudio [66]. Así como variantes de estos modelos en donde se consideran retardos para describir de una mejor manera el proceso infeccioso en la población [65]. En la siguiente subsección, se presenta un modelo que contempla un retardo en pérdida de inmunidad en las poblaciones de Susceptibles y Recuperados.

### 2.7.1.2. Modelo SIR con un retardo

En esta apartado se presenta un modelo *SIR* con un retardo en donde se considera que las personas recuperadas de la enfermedad, en algún periodo de tiempo pierden su inmunidad, por lo que vuelven a ser susceptibles a la enfermedad, como lo ha demostrado la actual pandemia de la COVID-19, donde las personas no adquieren inmunidad total ni permanente. El modelo propuesto se conforma por el siguiente sistema de ecuaciones de la

forma:

$$\begin{aligned}\dot{S}(t) &= -\beta S(t)I(t) + \alpha R(t - \tau), \\ \dot{I}(t) &= \beta S(t)I(t) - \gamma I(t), \\ \dot{R}(t) &= \gamma I(t) - \alpha R(t - \tau),\end{aligned}\tag{2.20}$$

donde  $\alpha$  es el recíproco del tiempo promedio que tarda en ocurrir la pérdida de inmunidad de la enfermedad, el cual se supone constante, y  $\tau$  es el tiempo de pérdida de inmunidad. En este modelo el producto  $\alpha R(t - \tau)$  representa a las personas que en un tiempo  $\tau$  pierden su inmunidad por lo que vuelven a ser susceptibles, mientras que el producto  $\gamma I(t)$  representa la fracción de los infecciosos que se recuperan de la enfermedad en función de una tasa  $\gamma$ . Por otro lado, el producto  $\beta S(t)I(t)$  representa toda aquella población de individuos que se infectaron y comienzan a ser infecciosos. En el siguiente apartado se presenta un modelo *SIR* con dos retardos, considerados en las poblaciones de Infecciosos y Recuperados.

### 2.7.1.3. Modelo SIR con dos retardos

En este apartado se presenta el siguiente modelo *SIR*, el cual es la representación del modelo (2.18) considerando retardos en las poblaciones correspondientes a Infecciosos y Recuperados [67]. En este modelo se toman en cuenta las consideraciones siguientes:

- Las poblaciones de los individuos Susceptibles e Infecciosos, son muy grandes, por lo que se pueden despreciar las diferencias aleatorias entre individuos.
- No se consideran nacimientos y muertes en este modelo.
- La enfermedad se transfiere de persona a persona por medio del contacto.
- Los individuos que se recuperan de la enfermedad tienen inmunidad.
- La población se considera cerrada, por lo que no se toma en cuenta la migración.

Los parámetros  $\beta$  y  $\gamma$  representan la tasa de transmisión de la enfermedad debido al contacto con infecciosos y el recíproco del tiempo promedio de recuperación de los infecciosos, respectivamente. Cuyas ecuaciones están dadas por

$$\begin{aligned}\dot{S}(t) &= -\beta S(t)I(t - \tau_1), \\ \dot{I}(t) &= \beta S(t)I(t - \tau_1) - \gamma I(t - \tau_2), \\ \dot{R}(t) &= \gamma I(t - \tau_2),\end{aligned}\tag{2.21}$$

donde los parámetros  $\tau_1$  y  $\tau_2$ , representan la transición de los individuos susceptibles a infecciosos y de infecciosos a recuperados, respectivamente. Estos retardos se asumen,

debido a que se toma en cuenta la implicación de que las personas susceptibles no se infectan inmediatamente al tener contacto con una persona infecciosa, por lo que se consideran los efectos del retardo en el tiempo para el periodo de incubación de la enfermedad  $\tau_1$ . El efecto del retardo en el tiempo también se aplica a las personas recuperadas, dado que las personas infecciosas no inmediatamente dejan de serlo, por lo que se considera un periodo de recuperación de la enfermedad  $\tau_2$ . Mientras que el número efectivo de reproducción  $\mathcal{R}_e$  para el presente modelo, es de la forma

$$\mathcal{R}_e = \frac{\beta S_0 I(t - \tau_1)}{\gamma I(t - \tau_2)},$$

donde  $S_0$  es la condición inicial de la población susceptible, ver [20]. En el Capítulo 3, se presenta una propuesta de un modelo matemático tipo *SIR* en donde a diferencia del modelo (2.21), se contempla la pérdida de inmunidad  $\alpha$ , así como un retardo que representa el tiempo que tarda un individuo susceptible en presentar síntomas y afectar a la dinámica de propagación de la enfermedad. Este modelo es propuesto debido a que la actual pandemia de la COVID-19, ha mostrado que las personas no adquieren inmunidad total ni permanente, es decir pueden volver a infectarse de alguna otra variante de la enfermedad después de un tiempo posterior a haberse recuperado. Siendo así que la finalidad de proponer un modelo, es poder describir de una mejor manera las dinámicas reportadas de la COVID-19.

## 2.8. Conclusiones

En esta tesis se trabaja con modelos tipo *SIR*, los cuales son de naturaleza no lineal y pueden ser sin y con retardos. Los modelos *SIR*, son modelos matemáticos epidemiológicos que describen el comportamiento de la dinámica de una enfermedad infecciosa por medio de ecuaciones diferenciales ordinarias o retardadas, representadas mediante las clases Susceptibles, Infecciosos y Recuperados (*SIR*). Además, cabe mencionar que estos modelos han sido modificados a lo largo de la historia, dependiendo de los distintos parámetros que sean necesarios para el análisis de una enfermedad, por lo que existe en la literatura gran variedad de modelos *SIR*, con consideración de diferentes parámetros y libres de retardo o con efectos de retardos en el tiempo, considerando los retardos generalmente para describir el periodo de latencia y recuperación de la enfermedad en cuestión, por mencionar algunos. La extinción o prevalencia de una enfermedad infecciosa en la población, se rige por medio del número reproductivo básico, el cual se considera como un parámetro de bifurcación al provocar un intercambio entre estabilidad e inestabilidad.

La importancia de un observador radica en que por medio de estos, es posible reconstruir completamente el estado del sistema, y con ello lograr tener el conocimiento de como el

---

sistema evoluciona, lo que requiere asegurar la convergencia del error de observación, lo cual es muy importante si es aplicado a modelos matemáticos epidemiológicos en donde existe gran cantidad de información no disponible. Es por ello que utilizando la teoría plasmada en este capítulo, en esta tesis se desarrollan observadores de estado diseñados para modelos matemáticos tipo SIR con retardos con la finalidad de aplicar conocimientos del área de control para la reconstrucción completa del estado de estos sistemas de naturaleza no lineal. Además de utilizar los teoremas de Lyapunov y Lyapunov-Krasovskii para analizar la convergencia del error de observación obtenido por medio de los observadores que se diseñan en el siguiente capítulo.



# Capítulo 3

## Resultados principales

En el presente Capítulo se presentan los resultados obtenidos a lo largo del desarrollo de la tesis, donde se presenta un modelo SIR propuesto con tres retardos. Además, de incluir una serie de observadores diseñados para el modelo clásico de Kermack y McKendrick, así como para el modelo con tres retardos.

### 3.1. Modelo tipo SIR con tres retardos

En esta sección se presenta la propuesta de un modelo *SIR* con retardos en donde se considera que una parte de las personas recuperadas vuelven a ser susceptibles después de un periodo de tiempo posterior a su recuperación. Este modelo es propuesto debido a que la actual pandemia de la COVID-19, ha mostrado que las personas no adquieren inmunidad total ni permanente, es decir pueden volver a infectarse de alguna otra variante de la enfermedad después de un tiempo posterior a haberse recuperado. El modelo propuesto se conforma de tres ecuaciones diferenciales retardadas, las cuales son de la forma

$$\begin{aligned}\dot{S}(t) &= -\beta S(t)I(t - \tau_3) + \alpha R(t - \tau_2), \\ \dot{I}(t) &= \beta S(t)I(t - \tau_3) - \gamma I(t - \tau_1), \\ \dot{R}(t) &= \gamma I(t - \tau_1) - \alpha R(t - \tau_2),\end{aligned}\tag{3.1}$$

donde  $\alpha$  es el recíproco del tiempo promedio que tarda en ocurrir la pérdida de inmunidad de la enfermedad, el cual se supone constante. Aquí, se propone utilizar tres retardos, los cuales son  $\tau_1$ ,  $\tau_2$  y  $\tau_3$ , y representan lo siguiente:

- $\tau_1$  es el tiempo que tarda un individuo infeccioso en dejar de serlo, para así recuperarse de la enfermedad y adquirir inmunidad.
- $\tau_2$  es el tiempo que tarda un individuo recuperado en volver a la clase susceptible.

- $\tau_3$  es el tiempo que transcurre entre estar infectado y volverse infeccioso.

En este modelo el producto  $\alpha R(t - \tau_2)$  representa a las personas que en un tiempo  $\tau_2$  pierden su inmunidad por lo que vuelven a ser susceptibles, mientras que el producto  $\gamma I(t - \tau_1)$  representa la fracción de los infecciosos que en un tiempo  $\tau_1$  dejan de serlo y por lo tanto se recuperan. El producto  $\beta S(t)I(t - \tau_3)$  representa toda aquella población de individuos que se infectaron y después de un tiempo  $\tau_3$  comienzan a ser infecciosos. El número efectivo de reproducción  $\mathcal{R}_e$  define el comportamiento umbral de modelos epidemiológicos de la forma (3.1): si  $\mathcal{R}_e < 1$  el evento epidémico tenderá a desaparecer rápidamente, mientras que si  $\mathcal{R}_e > 1$  se espera que la epidemia continúe. Aquí, entre más alto es el valor del  $\mathcal{R}_e$ , más difícil será controlar una epidemia [68]. Del modelo (3.1), se puede observar que  $\frac{d}{dt}I(t) > 0$  si y solo si  $\beta S(t)I(t - \tau_3) - \gamma I(t - \tau_1) > 0$ , o equivalentemente si  $\frac{\beta S(t)}{\gamma} > \frac{I(t - \tau_1)}{I(t - \tau_3)}$ , o  $\frac{\beta S(t)}{\gamma} \frac{I(t - \tau_3)}{I(t - \tau_1)} > 1$ , por lo que, una epidemia/pandemia continua si  $\mathcal{R}_e = \frac{\beta S_0}{\gamma} \frac{I(t - \tau_3)}{I(t - \tau_1)} > 1$ , para toda  $t \in [t_0, T]$ , donde  $T$  se define como la primera vez que el número de infecciosos se vuelve cero y  $S_0$  es la condición inicial de la población susceptible, ver [20]. Observe que  $\frac{\beta S_0}{\gamma} = \mathcal{R}_0$  es el número reproductivo básico del modelo SIR clásico (2.18).

**Observación 7.** *Dos factores importantes utilizados en la epidemiología para la predicción del impacto del curso epidémico, son el número reproductivo básico y el número efectivo de reproducción [68]. La diferencia entre estos dos, radica en que  $\mathcal{R}_0$  se define como el número promedio de individuos que pueden llegar a infectarse a partir del primer individuo infectado en una población completamente susceptible, por lo que, puede interpretarse como la velocidad inicial de propagación de la infección (contagiosidad) en una población sin inmunización alguna [69]. Mientras que  $\mathcal{R}_e$  viene definido como el número promedio de individuos que pueden llegar a ser infectados por un individuo cualquiera en un determinado instante de tiempo después de haberse iniciado el brote, es decir en  $t > 0$  [6].*

## 3.2. Observadores de estado para modelos SIR

En esta sección se realiza el diseño de observadores para modelos tipo SIR libres de retardo y con retardos, además de realizar el análisis de convergencia del error de observación para los observadores diseñados.

### 3.2.1. Observador de estado para un modelo SIR libre de retardos

En esta sección se realiza el diseño y análisis de convergencia del error de observación para un modelo SIR libre de retardos, empleando álgebra de Lie para transformar al sistema sin parte nominal a uno con parte nominal. Para el sistema transformado se

diseña un observador de estado y se analiza la convergencia del error de observación, para comprobar que el error converge a cero a largo del tiempo.

### 3.2.1.1. Obtención del sistema con parte nominal para un modelo SIR libre de retardos

En este apartado se emplea álgebra de Lie para transformar al sistema sin parte nominal a uno con parte nominal. Para dicho análisis, considere el modelo SIR libre de retardos clásico de Kermack y McKendrick (2.18), compuesto por el sistema de ecuaciones diferenciales siguiente:

$$\begin{aligned}\dot{S}(t) &= -\beta S(t)I(t), \\ \dot{I}(t) &= \beta S(t)I(t) - \gamma I(t), \\ \dot{R}(t) &= \gamma I(t).\end{aligned}$$

Por simplicidad se puede reducir el modelo (2.18) a dos compartimentos, debido a que la población es considerada normalizada, cumpliéndose que  $N = S(t) + I(t) + R(t) = 1$  a lo largo del tiempo. Es por ello, que la población de los recuperados se puede inferir como  $R(t) = 1 - S(t) - I(t)$ . Las ecuaciones consideradas son las siguientes:

$$\begin{aligned}\dot{S}(t) &= -\beta S(t)I(t), \\ \dot{I}(t) &= \beta S(t)I(t) - \gamma I(t).\end{aligned}\tag{3.2}$$

Tomando en cuenta las ecuaciones diferenciales del modelo reducido (3.2), se conforma un sistema de la forma  $\dot{x}(t) = f(x(t))$  con salida  $\bar{y}(t) = Cx(t)$ . Para proceder a realizar el álgebra de Lie, es necesario definir a  $h(x)$ , por lo que se toma a  $h(x) = \beta S(t)I(t)$ , dado que representa el producto de los nuevos infecciosos en el modelo. Se procede a realizar el mapeo de la forma planteada en (2.9), obteniendo el difeomorfismo  $\Phi(t)$  para el presente modelo como sigue:

$$\Phi(t) = \begin{bmatrix} h(x(t)) \\ L_f^1 h(x(t)) \end{bmatrix},$$

donde  $x(t) = \begin{bmatrix} S(t) \\ I(t) \end{bmatrix}$  y las entradas que conforman al mapeo  $\Phi(t)$  se obtienen realizando las operaciones dadas en (2.9), siendo estas las siguientes:

$$\begin{aligned}h(x(t)) &= \beta S(t)I(t), \\ L_f^1 h(x(t)) &= [\beta I(t) \quad \beta S(t)] \begin{bmatrix} -\beta S(t)I(t) \\ \beta S(t)I(t) - \gamma I(t) \end{bmatrix} = -\beta^2 S(t)I^2(t) + \beta^2 S^2(t)I(t) - \beta\gamma S(t)I(t).\end{aligned}$$

Agrupando, el mapeo queda conformado de la siguiente forma

$$\Phi(t) = \begin{bmatrix} \beta S(t)I(t) \\ -\beta^2 S(t)I^2(t) + \beta^2 S^2(t)I(t) - \beta\gamma S(t)I(t) \end{bmatrix}.$$

Para verificar que es posible transformar al sistema a uno con parte nominal, se procede a obtener el jacobiano del mapeo  $\Phi(t)$  denominado como  $Q_0$ , para verificar que tiene inversa, como se muestra en la Subsección 2.6.1. Aquí  $Q_0$  es

$$Q_0 = \frac{\partial \Phi(t)}{\partial x} = \begin{bmatrix} \beta I(t) & \beta S(t) \\ -\beta^2 I^2(t) + 2\beta^2 S(t)I(t) - \beta\gamma I(t) & -2\beta^2 S(t)I(t) + \beta^2 S^2(t) - \beta\gamma S(t) \end{bmatrix}.$$

Aquí, existe  $\left(\frac{\partial \Phi(t)}{\partial x}\right)^{-1}$ , debido a que el determinante es distinto de cero para todo  $t$ . Dado que  $Q_0^{-1}$  existe, es posible realizar el cambio de variable para obtener un sistema con parte nominal. Para lo cual, se retoma a  $\Phi(t)$  como  $\zeta(t)$  para realizar el cambio de coordenadas en términos de  $\zeta(t)$

$$\zeta(t) = \begin{bmatrix} \zeta_1 \\ \zeta_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \beta S(t)I(t) \\ -\beta^2 S(t)I^2(t) + \beta^2 S^2(t)I(t) - \beta\gamma S(t)I(t) \end{bmatrix}.$$

Se procede a realizar el cambio de coordenada, por lo que se obtiene a  $\dot{\zeta}_1(t)$  y  $\dot{\zeta}_2(t)$ . Para obtener a  $\dot{\zeta}_1(t)$  se deriva la primer entrada de  $\zeta(t)$  y se sustituye a  $\dot{S}(t)$  e  $\dot{I}(t)$  dadas por el modelo (3.2), obteniendo que

$$\dot{\zeta}_1(t) = \beta S(t)\dot{I}(t) + \beta\dot{S}(t)I(t) = \beta^2 S^2(t)I(t) - \beta\gamma S(t)I(t) - \beta^2 S(t)I^2(t) = \zeta_2.$$

Realizando el mismo procedimiento para obtener a  $\dot{\zeta}_2(t)$ , se llega a que

$$\begin{aligned} \dot{\zeta}_2(t) = & -\beta^2 \dot{S}(t)I^2(t) - 2\beta^2 S(t)I(t)\dot{I}(t) + 2\beta^2 S(t)\dot{S}(t)I(t) + \beta^2 S^2(t)\dot{I}(t) \\ & - \beta\gamma \dot{S}(t)I(t) - \beta\gamma S(t)\dot{I}(t), \end{aligned}$$

donde se sustituye a  $\dot{S}(t)$  e  $\dot{I}(t)$ , obteniendo lo siguiente:

$$\begin{aligned} \dot{\zeta}_2(t) = & -\beta^2(-\beta S(t)I(t))I^2(t) - 2\beta^2 S(t)I(t)(\beta S(t)I(t) - \gamma I(t)) + 2\beta^2 S(t)(-\beta S(t)I(t))I(t) \\ & + \beta^2 S^2(t)(\beta S(t)I(t) - \gamma I(t)) - \beta\gamma(-\beta S(t)I(t))I(t) - \beta\gamma S(t)(\beta S(t)I(t) - \gamma I(t)) \\ = & \beta^3 S(t)I^3(t) - 2\beta^3 S^2(t)I^2(t) + 2\beta^2 \gamma S(t)I^2(t) - 2\beta^3 S^2(t)I^2(t) + \beta^3 S^3(t)I(t) \\ & - \beta^2 \gamma S^2(t)I(t) + \beta^2 \gamma S(t)I^2(t) - \beta^2 \gamma S^2(t)I(t) + \beta\gamma^2 S(t)I(t). \end{aligned}$$

Factorizando términos, se obtiene

$$\begin{aligned} \dot{\zeta}_2(t) = & -\beta I(t)(-\beta^2 S(t)I^2(t) + \beta^2 S^2(t)I(t) - \beta\gamma S(t)I(t)) \\ & + \beta S(t)(-\beta^2 S(t)I^2(t) + \beta^2 S^2(t)I(t) - \beta\gamma S(t)I(t)) \\ & - \gamma(-\beta^2 S(t)I^2(t) + \beta^2 S^2(t)I(t) - \beta\gamma S(t)I(t)) \\ & - \beta^3 S^2(t)I^2(t) + \beta^2 \gamma S(t)I^2(t) - \beta^3 S^2(t)I^2(t). \end{aligned}$$

De la expresión anterior, es posible sustituir a  $\zeta_1(t)$  y  $\zeta_2(t)$ , obteniendo la expresión de  $\dot{\zeta}_2(t)$  siguiente

$$\dot{\zeta}_2(t) = -\beta I(t)\zeta_2(t) + \beta S(t)\zeta_2(t) - \gamma\zeta_2(t) - 2\beta\zeta_1^2(t) + \beta^2\gamma S(t)I^2(t). \quad (3.3)$$

Dado que no se conoce el valor de  $S(t)$  de la expresión (3.3), es posible obtenerlo por medio de un despeje con  $\zeta_1(t)$  de la siguiente manera

$$\zeta_1(t) = \beta S(t)I(t) \implies S(t) = \frac{\zeta_1(t)}{\beta I(t)}. \quad (3.4)$$

Una vez identificado el valor de  $S(t)$ , se sustituye  $S(t) = \frac{\zeta_1(t)}{\beta I(t)}$  en la ecuación (3.3), y realizando algunas cancelaciones se obtiene la expresión siguiente:

$$\dot{\zeta}_2(t) = -\beta I(t)\zeta_2(t) + \frac{\zeta_1(t)\zeta_2(t)}{I(t)} - \gamma\zeta_2(t) - 2\beta\zeta_1^2(t) + \beta\gamma\zeta_1(t)I(t), \quad (3.5)$$

donde es posible observar que la ecuación (3.5) aun contiene términos con  $I(t)$ . Por lo que, se procede a encontrar el valor de  $I(t)$  despejándose de

$$\zeta_2(t) = -\beta I(t)\zeta_1(t) + \beta^2 I(t) \left( \frac{\zeta_1(t)}{\beta I(t)} \right)^2 - \gamma\zeta_1(t) = -\beta I(t)\zeta_1(t) + \frac{\zeta_1^2(t)}{I(t)} - \gamma\zeta_1(t).$$

Ocupando la fórmula general  $\frac{-b \pm \sqrt{b^2 - 4ac}}{2a}$  y tomando las variables como:  $a = \zeta_1(t)\beta$ ,  $b = -\gamma\zeta_1(t) - \zeta_2(t)$  y  $c = \zeta_1^2(t)$ , se tiene que

$$I(t) = -\frac{\gamma\zeta_1(t) + \zeta_2(t) \pm \sqrt{4\beta\zeta_1^3(t) + \gamma^2\zeta_1^2(t) + 2\gamma\zeta_1(t)\zeta_2(t) + \zeta_2^2(t)}}{2\zeta_1(t)\beta}. \quad (3.6)$$

Una vez obtenido el valor de  $I(t)$ , se sustituye en la ecuación (3.5), obteniendo que

$$\dot{\zeta}_2(t) = \frac{\Lambda_1\zeta_2(t)}{2\zeta_1(t)} - \frac{2\beta\zeta_1^2(t)\zeta_2(t)}{\Lambda_1} - \frac{\Lambda_1\gamma}{2} - \gamma\zeta_2(t) - 2\beta\zeta_1^2,$$

donde  $\Lambda_1 = \gamma\zeta_1(t) + \zeta_2(t) + \sqrt{4\beta\zeta_1^3(t) + \gamma^2\zeta_1^2(t) + 2\gamma\zeta_1(t)\zeta_2(t) + \zeta_2^2(t)}$ . Realizado el cambio de coordenadas, entonces se tiene que  $\dot{\zeta}_1(t)$  y  $\dot{\zeta}_2(t)$  son:

$$\begin{aligned} \dot{\zeta}_1(t) &= \zeta_2(t), \\ \dot{\zeta}_2(t) &= f(\zeta(t)), \end{aligned} \quad (3.7)$$

donde  $f(\zeta(t))$  es una no linealidad, definida como

$$f(\zeta(t)) = \frac{\Lambda_1\zeta_2(t)}{2\zeta_1(t)} - \frac{2\beta\zeta_1^2(t)\zeta_2(t)}{\Lambda_1} - \frac{\Lambda_1\gamma}{2} - \gamma\zeta_2(t) - 2\beta\zeta_1^2.$$

Las ecuaciones (3.7), se pueden escribir de la forma siguiente:

$$\dot{\zeta}(t) = \begin{bmatrix} 0 & 1 \\ 0 & 0 \end{bmatrix} \zeta(t) + \begin{bmatrix} 0 \\ \mathbf{f}(\zeta(t)) \end{bmatrix}, \quad (3.8)$$

lo que es equivalente a tener un sistema con parte nominal de la forma siguiente:

$$\dot{\zeta}(t) = A\zeta(t) + F(\zeta(t)), \quad (3.9)$$

con salida  $\bar{y} = C\zeta(t)$ , donde  $A \in \mathbb{R}^{2 \times 2}$ ,  $\zeta(t) \in \mathbb{R}^{2 \times 1}$  y  $F(\zeta(t)) \in \mathbb{R}^{2 \times 1}$ . En el siguiente apartado se diseña el observador para el sistema (3.9) y se analiza la convergencia del error de observación para demostrar que converge a cero a lo largo del tiempo.

### 3.2.1.2. Diseño de observador y análisis de convergencia del error de observación para un modelo SIR libre de retardos

En este apartado, una vez realizado el cambio de coordenadas y obtenido un sistema de la forma (3.9) con parte nominal, se diseña el observador para el sistema transformado, quedando como sigue

$$\dot{\hat{\zeta}}(t) = A\hat{\zeta}(t) + F(\hat{\zeta}(t)) + L(C\zeta(t) - C\hat{\zeta}(t)), \quad (3.10)$$

donde  $\hat{\zeta}(t) \in \mathbb{R}^{2 \times 1}$ ,  $F(\hat{\zeta}(t)) \in \mathbb{R}^{2 \times 1}$ ,  $L \in \mathbb{R}^{2 \times 1}$  y  $C \in \mathbb{R}^{1 \times 2}$ . Aquí  $L$  es el vector de ganancias del observador, por medio del cual se ajusta el error de observación. Sea  $e(t) = \zeta(t) - \hat{\zeta}(t)$ , el error de estimación en las coordenadas de  $\zeta(t)$ . De la resta entre el modelo (3.9) y el observador (3.10) se obtiene que la dinámica del error es

$$\dot{e}(t) = \dot{\zeta}(t) - \dot{\hat{\zeta}}(t) = (A - LC)e(t) + F(\zeta) - F(\hat{\zeta}). \quad (3.11)$$

Para comprobar que la dinámica del error de observación (3.11) converge a cero, considere la función candidata de Lyapunov de la forma siguiente:

$$v(e) = e^T(t)Pe(t), \quad (3.12)$$

donde  $P = P^T > 0$ , es una matriz positiva definida. Para analizar la convergencia de la dinámica del error de observación con base al Teorema 2.1, se procede a derivar la función candidata de Lyapunov (3.12) a lo largo de las trayectorias del sistema (3.11) como sigue:

$$\begin{aligned} \dot{v}(e) &= \frac{d}{dt}v(e) = \frac{d}{dt}e^T(t)Pe(t) \\ &= \dot{e}^T(t)Pe(t) + e^T(t)P\dot{e}(t). \end{aligned}$$

Como sabemos que  $\dot{e}(t) = (A - LC)e(t) + F(\zeta) - F(\hat{\zeta})$ , se sustituye al sistema en la derivada anterior, obteniendo que

$$\dot{v}(e) = \left[ (A - LC)e(t) + F(\zeta) - F(\hat{\zeta}) \right]^T P e(t) + e^T(t) P \left[ (A - LC)e(t) + F(\zeta) - F(\hat{\zeta}) \right] \quad (3.13)$$

donde es posible realizar una serie de factorizaciones para poder separar los términos cruzados y facilitar las operaciones, por lo que (3.13) pasa a ser

$$\dot{v}(e) = e^T(t) \left[ (A - LC)^T P + P(A - LC) \right] e(t) + \bar{F}^T(\zeta, \hat{\zeta}) P e(t) + e^T(t) P \bar{F}(\zeta, \hat{\zeta}), \quad (3.14)$$

con  $\bar{F}(\zeta, \hat{\zeta}) = F(\zeta) - F(\hat{\zeta})$ . Ahora, se realiza el supuesto que la función no lineal  $\bar{F}(\zeta, \hat{\zeta})$  es Lipschitz, cumpliéndose que

$$\|\bar{F}(\zeta, \hat{\zeta})\|_2 \leq \omega \|e(t)\|_2,$$

donde  $\omega$  es una constante de Lipschitz. Lo que implica que maximizando a (3.14), se tiene que

$$\dot{v}(e) \leq e^T(t) \left[ (A - LC)^T P + P(A - LC) \right] e(t) + 2 \|e^T(t) P\|_2 \omega \|e(t)\|_2. \quad (3.15)$$

Considerando la desigualdad  $2ab \leq a^2 + b^2$ , donde se toma  $a = \omega \|e(t)\|_2$  y  $b = \|e^T(t) P\|_2$ , se tiene que

$$\dot{v}(e) \leq e^T(t) \left[ (A - LC)^T P + P(A - LC) \right] e(t) + \omega^2 e^T(t) e(t) + e^T(t) P P e(t),$$

de tal forma que se pueden factorizar los términos cruzados, quedando una expresión de la forma

$$\dot{v}(e) \leq e^T(t) \left[ (A - LC)^T P + P(A - LC) + \omega^2 I + P P \right] e(t),$$

donde  $I$  es la identidad y  $\omega$  es una constante de Lipschitz. Encontrando la expresión siguiente:

$$A^T P - C^T L^T P + P A - P L C + \omega^2 I + P P < 0,$$

la cual se cumple para  $P > 0$  positiva definida. Para dejar la expresión anterior de la forma de una ecuación de Riccati, se realiza el cambio de variable  $R = P L \implies (R^T = L^T P^T = L^T P)$ , entonces:

$$A^T P + P A - C^T R^T - R C + \omega^2 I + P P < 0. \quad (3.16)$$

Utilizando el complemento de Schur, es posible acomodar la ecuación (3.16) como una Desigualdad Matricial Lineal (LMI, por sus siglas en inglés) de la forma siguiente:

$$\begin{bmatrix} A^T P + P A - C^T R^T - R C + \omega^2 I & P \\ P & -I \end{bmatrix} < 0, \quad P > 0. \quad (3.17)$$

Razón por la cual es posible escribir el siguiente teorema.

**Teorema 3.1.** *La dinámica del error de observación obtenida entre un sistema de la forma (3.9) y un observador de estado con estructura (3.10), es de la forma*

$$\dot{e}(t) = (A - LC)e(t) + \bar{F}(\zeta, \hat{\zeta}),$$

donde  $A \in \mathbb{R}^{n \times n}$ ,  $L \in \mathbb{R}^{n \times p}$ ,  $C \in \mathbb{R}^{p \times n}$ ,  $e(t) \in \mathbb{R}^{n \times p}$  y  $\bar{F}(\zeta, \hat{\zeta}) \in \mathbb{R}^{n \times p}$ , es estable en el sentido de Lyapunov si existe una matriz  $P = P^T > 0$  tal que

$$\begin{bmatrix} A^T P + PA - C^T R^T - RC + \omega^2 I & P \\ P & -I \end{bmatrix} < 0,$$

donde  $\omega$  es una constante de Lipschitz.

*Demostración.* La demostración del Teorema 3.1 se observa en la Subsección 3.2.1.2.  $\square$

### 3.2.1.3. Observador equivalente en coordenadas originales para un modelo SIR libre de retardos

Una vez garantizado que el error de observación (3.11), obtenido entre el sistema transformado (3.9) y el observador del sistema transformado (3.10) converge a cero, en este apartado se procede a obtener el observador equivalente para el sistema en las coordenadas originales con base a la Proposición 2.1. Ya que al garantizar la convergencia del observador del sistema transformado, también se garantiza que el observador en las coordenadas originales converge, ya que solo se trata de una transformación.

Por lo que el observador equivalente en las coordenadas de  $x$  con base a la Proposición 2.1, es de la forma

$$\dot{\hat{x}}(t) = f(\hat{x}(t)) + Q_0^{-1}(t)L(\bar{y} - \hat{y}), \quad (3.18)$$

con  $\bar{y} = Cx(t)$ ,  $\hat{y} = C\hat{x}(t)$  y  $Q_0^{-1} = \left(\frac{\partial \Phi}{\partial x}\right)^{-1}$ . En el Capítulo 4 se realiza la programación de la LMI (3.17), utilizando la herramienta Sedumi dentro del Software Matlab<sup>®</sup> para dar solución a la LMI y comprobar que es negativa definida. Así como la simulación del observador (3.18) alimentado con datos reales de la pandemia de la COVID-19.

## 3.2.2. 1ra propuesta de observador de estado para modelo SIR con tres retardos

En este apartado como primer propuesta de observador para un modelo SIR con tres retardos de la forma (3.1), se diseña un observador de tipo Luenberger. Para el diseño del observador, se considera como salida del modelo  $y(t) = \beta S(t)I(t - \tau_3)$ , correspondiente a los nuevos infecciosos. Dado a que el observador del tipo Luenberger consiste en una

copia del sistema con ganancias para ajustar el error de estimación, se propone la siguiente estructura para el observador:

$$\begin{aligned}\dot{\hat{S}}(t) &= -y(t) + \alpha \hat{R}(t - \tau_2) + L_1(\hat{y} - y), \\ \dot{\hat{I}}(t) &= y(t) - \gamma \hat{I}(t - \tau_1) + L_2(\hat{y} - y), \\ \dot{\hat{R}}(t) &= \gamma \hat{I}(t - \tau_1) - \alpha \hat{R}(t - \tau_2) + L_3(\hat{y} - y),\end{aligned}\tag{3.19}$$

donde,  $\hat{y}(t) = \beta \hat{S}(t) \hat{I}(t - \tau_3)$  se toma como la salida estimada del observador. Aquí  $\hat{S}$ ,  $\hat{I}$  y  $\hat{R}$  representan las variables estimadas por medio del observador, correspondientes a Susceptibles, Infecciosos y Recuperados, respectivamente.

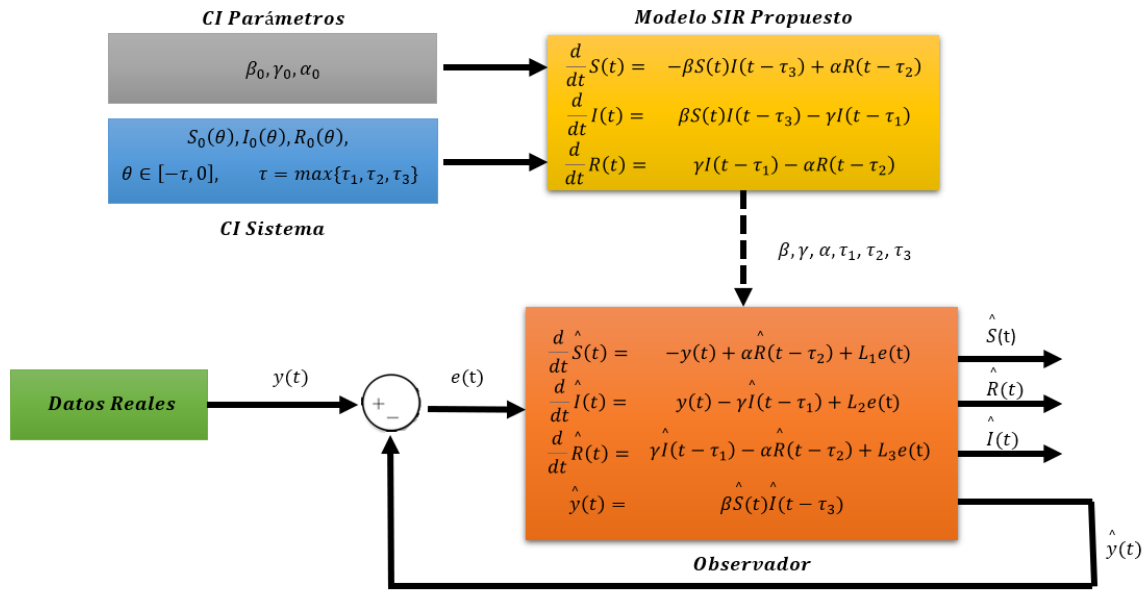


Figura 3.1: Esquema de observación del modelo SIR con retardos y datos reales reportados

En la Figura 3.1, se muestra a grandes rasgos el procedimiento que se realiza para comparar las dinámicas obtenidas por medio del observador diseñado para el modelo SIR propuesto en comparación con los datos reales de los casos confirmados, reportados por la OMS. Donde, podemos observar que el modelo se alimenta de condiciones iniciales del sistema (recuadro azul), las cuales son funciones definidas en un intervalo de tiempo, además de alimentarse de condiciones iniciales para los parámetros (recuadro gris). Las condiciones iniciales de los parámetros son ajustadas por medio de una rutina exhaustiva, la cual consiste en variaciones paramétricas para obtener una mejor correspondencia entre la solución numérica del modelo matemático y los datos reales de la dinámica de la

COVID-19 reportada por la OMS. Una vez que se logra que el modelo se apegue a los datos reales, se alimenta al observador con los parámetros identificados, esta transición se representa en el diagrama por medio de una línea punteada. Finalmente, se alimenta al observador con los parámetros previamente mencionados, así como los datos reales y la misma salida del observador, para ajustar el error y poder estimar de mejor manera la dinámica de acuerdo a los datos reales. Además, el observador estima las dinámicas no reportadas de Susceptibles y Recuperados.

Sin embargo, cabe señalar que al ser la primer propuesta de observador, aquí no se realiza un análisis de convergencia debido a que se hace la suposición de que el observador al ser una copia del modelo, éste convergerá. En el Capítulo 4 se realiza la simulación del observador (3.19) para aproximar la curva de la dinámica de infecciosos y reconstruir las dinámicas de susceptibles y recuperados. En el siguiente apartado se realiza la segunda propuesta de observador para el modelo SIR con tres retardos, en donde se emplea álgebra de Lie para transformar al sistema sin parte nominal a uno con parte nominal y se analiza el error de observación por medio de una función de Lyapunov.

### 3.2.3. 2da propuesta de observador de estado para modelo SIR con tres retardos

En esta sección se realiza el diseño y análisis de convergencia del error de observación para el modelo SIR con tres retardos (3.1), empleando álgebra de Lie para transformar al sistema sin parte nominal a uno con parte nominal. Para el sistema transformado se diseña un observador de estado y se analiza la convergencia del error de observación, para comprobar que el error converge a cero a lo largo del tiempo.

#### 3.2.3.1. Obtención del sistema con parte nominal de la 2da propuesta

En este apartado se emplea álgebra de Lie para transformar al sistema sin parte nominal a uno con parte nominal. Para dicho análisis, considere el siguiente modelo SIR con tres retardos propuesto (3.1), compuesto por medio del sistema de ecuaciones diferenciales retardadas siguiente:

$$\begin{aligned}\dot{S}(t) &= -\beta S(t)I(t - \tau_3) + \alpha R(t - \tau_2), \\ \dot{I}(t) &= \beta S(t)I(t - \tau_3) - \gamma I(t - \tau_1), \\ \dot{R}(t) &= \gamma I(t - \tau_1) - \alpha R(t - \tau_2).\end{aligned}$$

Por simplicidad se puede reducir el modelo (3.1) a dos compartimentos, debido a que la población es considerada normalizada, suponiendo que  $N = S(t) + I(t) + R(t) = 1$  a lo

largo del tiempo. Es por ello, que la población de los recuperados se puede inferir como  $R(t) = 1 - S(t) - I(t)$ . Las ecuaciones consideradas son las siguientes:

$$\begin{aligned}\dot{S}(t) &= -\beta S(t)I(t - \tau_3) + \alpha R(t - \tau_2), \\ \dot{I}(t) &= \beta S(t)I(t - \tau_3) - \gamma I(t - \tau_1).\end{aligned}\tag{3.20}$$

**Observación 8.** *Para poder aplicar el álgebra de Lie a un sistema con retardos, es necesario expandir el sistema dependiendo del número de retardos considerados. Es decir, a cada ecuación del sistema retardado, se le debe de sumar cada retardo de forma independiente, tal como se muestra en [70].*

Con base al modelo (3.20), se realiza una expansión del mismo considerando cada uno de los retardos, quedando de la forma

$$\begin{aligned}\dot{S}(t) &= -\beta S(t)I(t - \tau_3) + \alpha R(t - \tau_2), \\ \dot{I}(t) &= \beta S(t)I(t - \tau_3) - \gamma I(t - \tau_1), \\ \dot{S}(t - \tau_1) &= -\beta S(t - \tau_1)I(t - \tau_3 - \tau_1) + \alpha R(t - \tau_2 - \tau_1), \\ \dot{I}(t - \tau_1) &= \beta S(t - \tau_1)I(t - \tau_3 - \tau_1) - \gamma I(t - 2\tau_1), \\ \dot{S}(t - \tau_2) &= -\beta S(t - \tau_2)I(t - \tau_3 - \tau_2) + \alpha R(t - 2\tau_2), \\ \dot{I}(t - \tau_2) &= \beta S(t - \tau_2)I(t - \tau_3 - \tau_2) - \gamma I(t - \tau_1 - \tau_2), \\ \dot{S}(t - \tau_3) &= -\beta S(t - \tau_3)I(t - 2\tau_3) + \alpha R(t - \tau_2 - \tau_3), \\ \dot{I}(t - \tau_3) &= \beta S(t - \tau_3)I(t - 2\tau_3) - \gamma I(t - \tau_1 - \tau_3),\end{aligned}$$

donde se puede considerar que  $\tau_3 + \tau_1 = \tau_4$ ,  $\tau_2 + \tau_1 = \tau_5$  y  $\tau_3 + \tau_2 = \tau_6$  para simplificar la notación. El modelo extendido queda como:

$$\begin{aligned}\dot{S}(t) &= -\beta S(t)I(t - \tau_3) + \alpha R(t - \tau_2), \\ \dot{I}(t) &= \beta S(t)I(t - \tau_3) - \gamma I(t - \tau_1), \\ \dot{S}(t - \tau_1) &= -\beta S(t - \tau_1)I(t - \tau_4) + \alpha R(t - \tau_5), \\ \dot{I}(t - \tau_1) &= \beta S(t - \tau_1)I(t - \tau_4) - \gamma I(t - 2\tau_1), \\ \dot{S}(t - \tau_2) &= -\beta S(t - \tau_2)I(t - \tau_6) + \alpha R(t - 2\tau_2), \\ \dot{I}(t - \tau_2) &= \beta S(t - \tau_2)I(t - \tau_6) - \gamma I(t - \tau_5), \\ \dot{S}(t - \tau_3) &= -\beta S(t - \tau_3)I(t - 2\tau_3) + \alpha R(t - \tau_6), \\ \dot{I}(t - \tau_3) &= \beta S(t - \tau_3)I(t - 2\tau_3) - \gamma I(t - \tau_4).\end{aligned}\tag{3.21}$$

Tomando en cuenta las ecuaciones diferenciales retardadas del modelo expandido (3.21), se conforma un sistema de la forma  $\dot{x}(t, \tau_1, \tau_2, \tau_3) = f(x(t), x(t - \tau_1), x(t - \tau_2), x(t - \tau_3))$

con salida  $\bar{y}(t) = Cx(t)$ . Para proceder a realizar el álgebra de Lie, es necesario definir a  $h(x(t))$ , por lo que se toma a  $h(x(t)) = I(t)$ , dado que representa a los infecciosos en el modelo. Se procede a realizar el mapeo de la forma planteada en (2.9), obteniendo el difeomorfismo  $\Phi(t)$  para el presente modelo como sigue:

$$\Phi(t) = \begin{bmatrix} h(x(t)) \\ L_f^1 h(x(t)) \end{bmatrix},$$

donde las entradas que conforman al mapeo  $\Phi(t)$ , se obtienen realizando las operaciones dadas en (2.9), siendo estas las siguientes:

$$\begin{aligned} h(x(t)) &= I(t), \\ L_f^1 h(x(t)) &= [0 \ 1 \ 0 \ 0 \ 0 \ 0 \ 0 \ 0] f(x(t), x(t - \tau_1), x(t - \tau_2), x(t - \tau_3)) \\ &= \beta S(t)I(t - \tau_3) - \gamma I(t - \tau_1). \end{aligned}$$

Agrupando las soluciones anteriores, el mapeo queda conformado de la siguiente forma

$$\Phi(t) = \begin{bmatrix} I(t) \\ \beta S(t)I(t - \tau_3) - \gamma I(t - \tau_1) \end{bmatrix}.$$

**Observación 9.** *Observe que el mapeo  $\Phi(t)$  contiene retardos, dado que se parte de un sistema con retardos en el estado. Si se considera alguna salida con retardo y un modelo sin retardos en el estado, de igual manera el mapeo contendría retardos.*

Para verificar que es posible transformar al sistema a uno con parte nominal, se procede a obtener el jacobiano con respecto a  $x(t)$  del mapeo  $\Phi(t)$  denominado como  $Q_0$ , para verificar que tiene inversa. Aquí  $Q_0$  es

$$Q_0 = \frac{\partial \Phi(t)}{\partial x(t)} = \begin{bmatrix} 0 & 1 \\ \beta I(t - \tau_3) & 0 \end{bmatrix},$$

con  $x(t) = \begin{bmatrix} S(t) \\ I(t) \end{bmatrix}$ . Es claro que existe  $(\frac{\partial \Phi}{\partial x})^{-1}$ , dado que no hay filas y columnas linealmente dependientes en  $Q_0$ . Una vez verificado que  $Q_0^{-1}$  existe, es posible realizar el cambio de variable para obtener un sistema con parte nominal. Para lo cual, se retoma a  $\Phi(t)$  como  $\zeta(t)$  para realizar el cambio de coordenadas en términos de  $\zeta(t)$

$$\zeta(t) = \begin{bmatrix} \zeta_1 \\ \zeta_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} I(t) \\ \beta S(t)I(t - \tau_3) - \gamma I(t - \tau_1) \end{bmatrix}.$$

Se procede a realizar el cambio de coordenada, por lo que se obtiene a  $\dot{\zeta}_1(t)$  y  $\dot{\zeta}_2(t)$ . Para obtener a  $\dot{\zeta}_1(t)$  se deriva la primer entrada de  $\zeta(t)$  y se sustituye a  $\dot{S}(t)$  e  $\dot{I}(t)$  dadas por el modelo (3.21), obteniendo que

$$\dot{\zeta}_1(t) = \dot{I}(t) = \beta S(t)I(t - \tau_3) - \gamma I(t - \tau_1) = \zeta_2.$$

Realizando el mismo procedimiento para obtener a  $\dot{\zeta}_2(t)$  y realizando una serie de factorizaciones y sustituciones, se llega a que

$$\begin{aligned}\dot{\zeta}_2(t) &= \beta S(t)\dot{I}(t - \tau_3) + \beta I(t - \tau_3)\dot{S}(t) - \gamma \dot{I}(t - \tau_1) \\ &= \beta^2 S(t - \tau_3)I(t - 2\tau_3) - \gamma\beta S(t)I(t - \tau_4) - \beta^2 S(t)I^2(t - \tau_3) + \alpha\beta I(t - \tau_3)R(t - \tau_2) \\ &\quad - \gamma\beta S(t - \tau_1)I(t - \tau_4) + \gamma^2 I(t - 2\tau_1) = L_f^2 h(x).\end{aligned}$$

Realizado el cambio de coordenadas, entonces se tiene que  $\dot{\zeta}_1(t)$  y  $\dot{\zeta}_2(t)$  son:

$$\begin{aligned}\dot{\zeta}_1(t) &= \zeta_2(t), \\ \dot{\zeta}_2(t) &= L_f^2 h(x).\end{aligned}\tag{3.22}$$

**Observación 10.** Observe que el modelo expandido (3.21) sirve para tener que  $\dot{\zeta}_2(t) = L_f^2 h(x)$ , lo que corrobora que el cambio de coordenadas es posible, dado que si se trabajara directamente con el modelo (3.20), no sería posible realizar el cambio de variable dado que implicaría que  $\dot{\zeta}_2(t) \neq L_f^2 h(x)$ . Si se cumple que  $\dot{\zeta}_2(t) \neq L_f^2 h(x)$ , no es posible realizar el cambio de coordenadas.

Las ecuaciones (3.22), se pueden escribir de la forma siguiente:

$$\dot{\zeta}(t) = \begin{bmatrix} 0 & 1 \\ 0 & 0 \end{bmatrix} \zeta(t),\tag{3.23}$$

donde no se considera a  $L_f^2 h(x)$ , debido a que esta última sirve únicamente para corroborar que el cambio de coordenadas es posible, ver [70]. La ecuación (3.23) es equivalente a tener un sistema con parte nominal de la forma siguiente:

$$\dot{\zeta}(t) = A\zeta(t),\tag{3.24}$$

con salida  $\bar{y} = C\zeta(t)$ , donde  $A \in \mathbb{R}^{2 \times 2}$  y  $\zeta(t) \in \mathbb{R}^{2 \times 1}$ . En el siguiente apartado se diseña el observador para el sistema (3.24) y se analiza la convergencia del error de observación para demostrar que converge a cero a lo largo del tiempo.

**Observación 11.** Observe que se parte de un sistema no lineal con retardos sin parte nominal y al aplicar el álgebra de Lie se llega a un sistema de la forma (3.24), el cual no contempla retardos. Además que la matriz  $A$  no depende de los parámetros del modelo, por lo que no se describe adecuadamente al sistema original con retardos.

**Observación 12.** Cabe mencionar que en la literatura se encuentran trabajos en donde se aplica el álgebra de Lie partiendo de modelos y/o salidas retardadas y se llega a un sistema transformado con parte nominal de la forma (3.24), en donde desaparecen los retardos. Por ejemplo, en [70] parten de un modelo con retardos y utilizan una salida no retardada, mientras que hay trabajos en los que se parte de sistemas sin retardo y utilizan salidas retardadas [49, 50], llegando siempre a un sistema de la forma  $\dot{\zeta}(t) = A\zeta(t)$ .

### 3.2.3.2. Diseño de observador y análisis de convergencia del error de observación para la 2da propuesta

En este apartado, una vez realizado el cambio de coordenadas y obtenido un sistema de la forma (3.24) con parte nominal, se diseña el observador para el sistema transformado, quedando como sigue

$$\dot{\hat{\zeta}}(t) = A\hat{\zeta}(t) + L(C\zeta(t) - C\hat{\zeta}(t)), \quad (3.25)$$

donde  $\hat{\zeta}(t) \in \mathbb{R}^{2 \times 1}$ ,  $L \in \mathbb{R}^{2 \times 1}$  y  $C \in \mathbb{R}^{1 \times 2}$ . Aquí  $L$  es el vector de ganancias del observador, por medio del cual se ajusta el error de observación. Sea  $e(t) = \zeta(t) - \hat{\zeta}(t)$ , el error de estimación en las coordenadas de  $\zeta(t)$ . De la resta entre el modelo (3.24) y el observador (3.25) se obtiene que la dinámica del error es

$$\dot{e}(t) = (A - LC)e(t). \quad (3.26)$$

Para comprobar que la dinámica del error de observación (3.26) converge a cero, considere la función candidata de Lyapunov de la forma siguiente:

$$v(e) = e^T(t)Pe(t), \quad (3.27)$$

donde  $P = P^T > 0$ , es una matriz positiva definida.

**Observación 13.** *Observe que la dinámica del error  $\dot{e}(t)$  no contiene retardos, por lo que no es posible utilizar una FLK.*

Para analizar la estabilidad de la dinámica del error con base al Teorema 2.1 de estabilidad en el sentido de Lyapunov, se procede a derivar la función candidata de Lyapunov (3.27) a lo largo de las trayectorias del sistema como sigue:

$$\dot{v}(e) = \dot{e}^T(t)Pe(t) + e^T(t)P\dot{e}(t).$$

Como sabemos que  $\dot{e}(t) = (A - LC)e(t)$ , se sustituye al sistema en la derivada anterior, obteniendo que

$$\dot{v}(e) = [(A - LC)e(t)]^T Pe(t) + e^T(t)P[(A - LC)e(t)] \quad (3.28)$$

donde es posible realizar una serie de factorizaciones para poder separar los términos cruzados y facilitar las operaciones, por lo que (3.28) pasa a ser

$$\dot{v}(e) = e^T(t) [(A - LC)^T P + P(A - LC)] e(t). \quad (3.29)$$

Encontrando la expresión siguiente:

$$A^T P - C^T L^T P + PA - PLC < 0,$$

la cual se cumple para  $P > 0$  positiva definida. Para dejar la expresión anterior de la forma de una LMI, se realiza el cambio de variable  $R = PL \implies (R^T = L^T P^T = L^T P)$ , entonces:

$$A^T P + PA - C^T R^T - RC < 0, \quad P > 0. \quad (3.30)$$

Razón por la cual es posible escribir el siguiente teorema.

**Teorema 3.2.** *La dinámica del error de observación obtenida entre un sistema de la forma (3.24) y un observador de estado con estructura (3.25), es de la forma*

$$\dot{e}(t) = (A - LC)e(t),$$

donde  $A \in \mathbb{R}^{n \times n}$ ,  $L \in \mathbb{R}^{n \times p}$ ,  $C \in \mathbb{R}^{p \times n}$  y  $e(t) \in \mathbb{R}^{n \times p}$ , es estable en el sentido de Lyapunov si existe una matriz  $P = P^T > 0$  tal que

$$A^T P + PA - C^T R^T - RC < 0.$$

*Demostración.* La demostración del Teorema 3.2 se observa en la Subsección 3.2.3.2.  $\square$

### 3.2.3.3. Observador equivalente en coordenadas originales de la 2da propuesta

Una vez garantizado que el error de observación (3.26), obtenido entre el sistema transformado (3.24) y el observador del sistema transformado (3.25) converge a cero, en este apartado se procede a obtener el observador equivalente para el sistema en las coordenadas originales con base a la proposición 2.1. Ya que al garantizar la convergencia del observador del sistema transformado, también se garantiza que el observador en las coordenadas originales converge, ya que solo se trata de una transformación.

El observador equivalente en las coordenadas de  $x$  con base a la proposición 2.1, es de la forma

$$\dot{\hat{x}}(t) = f(\hat{x}(t)) + Q_0^{-1}(t)L(\bar{y} - \hat{y}), \quad (3.31)$$

con  $\bar{y} = Cx(t)$ ,  $\hat{y} = C\hat{x}(t)$  y  $Q_0^{-1} = \left(\frac{\partial \Phi(t)}{\partial x(t)}\right)^{-1}$ . En el Capítulo 4 se realiza la programación de la LMI (3.30), utilizando la herramienta Sedumi dentro del Software Matlab<sup>®</sup> para dar solución a la LMI y comprobar que es negativa definida. Así como la simulación del observador (3.31) alimentado con datos reales de la pandemia de la COVID-19.

Por otro lado, es posible observar que por medio de la aplicación del álgebra de Lie es posible transformar un sistema no lineal a uno con parte nominal lineal. Sin embargo, cuando el sistema no lineal tiene retardos, estos desaparecen durante la aplicación, llegando a un sistema con parte nominal lineal libre de retardos, el cual no es posible analizar por medio de una funcional. Es por ello que en el siguiente apartado se introduce una tercera propuesta, en donde se propone un nuevo enfoque para transformar un sistema no lineal

con retardos a uno con parte nominal lineal y parte no lineal con retardos, por medio del cual es posible diseñar un observador con retardos y analizar la convergencia del error de observación por medio de una funcional de L-K.

### 3.2.4. 3ra propuesta de observador de estado para modelo SIR con tres retardos

En esta sección se realiza el diseño y análisis de convergencia del error de observación para un modelo SIR con tres retardos, empleando un nuevo enfoque que consiste en un cambio de variable para transformar al sistema no lineal a uno con parte nominal lineal y parte retardada no lineal, con la finalidad de poder emplear una FLK. Para el sistema transformado se diseña un observador de estado y se analiza la convergencia del error de observación, para comprobar que el error converge a cero a lo largo del tiempo.

#### 3.2.4.1. Obtención del sistema con parte nominal de la 3ra propuesta

En este apartado se realiza la transformación de un sistema no lineal a uno con parte nominal, para lo cual, considere el modelo SIR propuesto con tres retardos de la forma (3.1), compuesto por el sistema de ecuaciones diferenciales retardadas siguiente:

$$\begin{aligned}\dot{S}(t) &= -\beta S(t)I(t - \tau_3) + \alpha R(t - \tau_2), \\ \dot{I}(t) &= \beta S(t)I(t - \tau_3) - \gamma I(t - \tau_1), \\ \dot{R}(t) &= \gamma I(t - \tau_1) - \alpha R(t - \tau_2).\end{aligned}$$

Por simplicidad y dado a que  $R(t) = 1 - S(t) - I(t)$ , al igual que en la Subsección 3.2.3, se reduce el modelo a dos ecuaciones, por lo que se retoma el modelo (3.20) compuesto como sigue:

$$\begin{aligned}\dot{S}(t) &= -\beta S(t)I(t - \tau_3) + \alpha R(t - \tau_2), \\ \dot{I}(t) &= \beta S(t)I(t - \tau_3) - \gamma I(t - \tau_1).\end{aligned}$$

Para comenzar con la transformación, es necesario reescribir al sistema anterior en sus puntos de equilibrio. Recordando que en un equilibrio la posición es constante y no depende del retardo, se obtienen las igualdades siguientes:

$$0 = -\beta S^* I^* + \alpha R^*, \quad (3.32)$$

$$0 = \beta S^* I^* - \gamma I^*. \quad (3.33)$$

Dado que no se conocen los valores de  $S^*$ ,  $I^*$  y  $R^*$ , se procede a obtenerlos como sigue. De la ecuación (3.33), se obtiene el valor de  $S^*$  por medio de un despeje de la forma

siguiente:

$$0 = \beta S^* I^* - \gamma I^* = (\beta S^* - \gamma) I^* \implies S^* = \frac{\gamma}{\beta}.$$

Por otro lado, para encontrar el valor de  $I^*$ , se sustituye a  $S^* = \frac{\gamma}{\beta}$  en la ecuación (3.32), obteniendo que

$$0 = -\beta \left( \frac{\gamma}{\beta} \right) I^* + \alpha R^* = -\gamma I^* + \alpha R^* \implies I^* = \frac{\alpha}{\gamma} R^*,$$

por lo que se tiene que

$$S^* = \frac{\gamma}{\beta}, \quad (3.34)$$

$$I^* = \frac{\alpha}{\gamma} R^*. \quad (3.35)$$

Una vez obtenido a  $S^*$  e  $I^*$ , se procede a obtener  $R^*$ , por lo que se sustituye (3.34) y (3.35) en la ecuación (3.32), obteniendo que

$$0 = -\beta S^* I^* + \alpha R^*, \quad (3.36)$$

$$0 = -\beta \left( \frac{\gamma}{\beta} \right) \left( \frac{\alpha}{\gamma} R^* \right) + \alpha R^*, \quad (3.37)$$

$$0 = -\alpha R^* + \alpha R^*. \quad (3.38)$$

Observe que la igualdad (3.38) se cumple para cualquier valor de  $R^*$ , por lo que  $R^* = R$ , donde  $R \in [0, 1]$ . Por practicidad, se propone que  $R^* = \gamma$ , por lo que

$$S^* = \frac{\gamma}{\beta}, \quad I^* = \alpha, \quad R^* = \gamma. \quad (3.39)$$

Ahora, para poder transformar al sistema en términos de nuevas variables, se realizan los cambios de variable siguientes:

$$x_1 = S - S^*, \quad x_2 = I - I^*, \quad x_3 = R - R^*, \quad (3.40)$$

donde es posible obtener nuevamente las variables  $S$ ,  $I$  y  $R$  por medio de un despeje, obteniendo que

$$S = x_1 + S^*, \quad I = x_2 + I^*, \quad R = x_3 + R^*. \quad (3.41)$$

Una vez obtenidos los compartimentos  $S$ ,  $I$  y  $R$ , se procede a obtener  $\dot{x}_1$  y  $\dot{x}_2$ , tomando como base los cambios de variable dados en (3.40). Realizando las derivadas de  $x_1$  y  $x_2$

como sigue. Primero se parte de obtener a  $\dot{x}_1$  por medio de derivar a  $x_1$ , donde se hace uso de las igualdades dadas en (3.41) y se realizan algunas factorizaciones, se llega a que

$$\begin{aligned}\dot{x}_1 = \dot{S} &= -\beta(x_1 + S^*)(x_2(t - \tau_3) + I^*) + \alpha(x_3(t - \tau_2) + R^*) \\ &= -\beta x_1 x_2(t - \tau_3) - \alpha\beta x_1 - \gamma x_2(t - \tau_3) + \alpha x_3(t - \tau_2).\end{aligned}$$

Por otro lado, para obtener a  $\dot{x}_2$  se realiza el mismo procedimiento, obteniendo como resultado que

$$\begin{aligned}\dot{x}_2 = \dot{I} &= \beta(x_1 + S^*)(x_2(t - \tau_3) + I^*) - \gamma(x_2(t - \tau_1) + I^*) \\ &= \beta x_1 x_2(t - \tau_3) + \alpha\beta x_1 + \gamma x_2(t - \tau_3) - \gamma x_2(t - \tau_1).\end{aligned}$$

Obteniendo como resultado que las ecuaciones equivalentes al modelo (3.20) en las nuevas coordenadas son las siguientes:

$$\dot{x}_1 = -\beta x_1 x_2(t - \tau_3) - \alpha\beta x_1 - \gamma x_2(t - \tau_3) + \alpha x_3(t - \tau_2), \quad (3.42)$$

$$\dot{x}_2 = \beta x_1 x_2(t - \tau_3) + \alpha\beta x_1 + \gamma x_2(t - \tau_3) - \gamma x_2(t - \tau_1), \quad (3.43)$$

donde solo se obtiene  $\dot{x}_1$  y  $\dot{x}_2$ , dado que son las dinámicas equivalentes a  $\dot{S}$  e  $\dot{I}$  del modelo (3.20). Acomodando las ecuaciones (3.42) y (3.43) en la forma espacio de estado, se obtiene la estructura siguiente

$$\begin{aligned}\dot{x}(t) &= \begin{bmatrix} -\alpha\beta & 0 \\ \alpha\beta & 0 \end{bmatrix} x(t) + \begin{bmatrix} 0 & 0 \\ 0 & -\gamma \end{bmatrix} x(t - \tau_1) + \begin{bmatrix} 0 & 0 \\ 0 & 0 \end{bmatrix} x(t - \tau_2) + \begin{bmatrix} 0 & -\gamma \\ 0 & \gamma \end{bmatrix} x(t - \tau_3) \\ &+ \begin{bmatrix} -\beta x_1(t)x_2(t - \tau_3) \\ \beta x_1(t)x_2(t - \tau_3) \end{bmatrix}.\end{aligned} \quad (3.44)$$

Quedando el sistema transformado de la forma

$$\dot{x}(t) = A_0 x(t) + A_1 x(t - \tau_1) + A_2 x(t - \tau_2) + A_3 x(t - \tau_3) + \eta(x_1(t), x_2(t - \tau_3)), \quad (3.45)$$

donde,  $A_0, A_1, A_2, A_3 \in \mathbb{R}^{2 \times 2}$ ,  $x(t), x(t - \tau_1), x(t - \tau_2), x(t - \tau_3) \in \mathbb{R}^{2 \times 1}$  y  $\eta(x_1(t), x_2(t - \tau_3)) \in \mathbb{R}^{2 \times 1}$ . Con  $x(t) = \begin{bmatrix} S(t) \\ I(t) \end{bmatrix}$ .

**Observación 14.** *Observe que utilizando el enfoque propuesto en esta sección se puede llevar un sistema no lineal a uno con parte nominal lineal con retardos más una parte no lineal también con retardos, de la forma (3.45), para el cual es posible diseñar un observador con retardos de tal forma que no se desprecien aquellos tiempos muertos existentes en el modelo no lineal como ocurre aplicando el álgebra de Lie en la Subsección 3.2.3.*

En el siguiente apartado se diseña el observador para el sistema (3.45) y se analiza la convergencia del error de observación para demostrar que converge a cero a lo largo del tiempo.

### 3.2.4.2. Diseño de observador y análisis de convergencia del error de observación para la 3ra propuesta

En este apartado se diseña el observador para el sistema de la forma (3.45) y se analiza la convergencia del error de observación para demostrar que converge a cero a lo largo del tiempo. Para lo cual, se parte del sistema transformado (3.45), y se diseña un observador de la forma siguiente:

$$\begin{aligned}\dot{\hat{x}}(t) = & A_0\hat{x}(t) + A_1\hat{x}(t - \tau_1) + A_2\hat{x}(t - \tau_2) + A_3\hat{x}(t - \tau_3) + \eta(\hat{x}_1(t), \hat{x}_2(t - \tau_3)) \\ & + L_0(Cx(t) - C\hat{x}(t)) + L_1(Cx(t - \tau_1) - C\hat{x}(t - \tau_1)) \\ & + L_2(Cx(t - \tau_2) - C\hat{x}(t - \tau_2)) + L_3(Cx(t - \tau_3) - C\hat{x}(t - \tau_3)),\end{aligned}\quad (3.46)$$

donde,  $L_0, L_1, L_2, L_3 \in \mathbb{R}^{2 \times 1}$ ,  $\hat{x}(t), \hat{x}(t - \tau_1), \hat{x}(t - \tau_2), \hat{x}(t - \tau_3) \in \mathbb{R}^{2 \times 1}$  y  $C \in \mathbb{R}^{1 \times 2}$ . Una vez obtenido el sistema (3.45) y el observador (3.46), se procede a calcular la dinámica del error de observación  $\dot{e}(t) = \dot{x}(t) - \dot{\hat{x}}(t)$ , quedando como sigue

$$\begin{aligned}\dot{e}(t) = & (A_0 - L_0C)e(t) + (A_1 - L_1C)e(t - \tau_1) + (A_2 - L_2C)e(t - \tau_2) \\ & + (A_3 - L_3C)e(t - \tau_3) + H(x_1(t), x_2(t - \tau_3), \hat{x}_1(t), \hat{x}_2(t - \tau_3)).\end{aligned}\quad (3.47)$$

donde

$$H(x_1(t), x_2(t - \tau_3), \hat{x}_1(t), \hat{x}_2(t - \tau_3)) = \eta(x_1(t), x_2(t - \tau_3)) - \eta(\hat{x}_1(t), \hat{x}_2(t - \tau_3)). \quad (3.48)$$

Una vez obtenido  $\dot{e}(t)$ , se procede a comprobar que la parte nominal del error de observación converge a cero con base al Teorema 2.2. Para comprobar que la parte nominal lineal de (3.47) converge a cero, se propone la siguiente FLK

$$\begin{aligned}v(e_t) = & e^T(t)Pe(t) + \int_{-\tau_1}^0 e^T(t + \theta_1)e^{2b\theta_1}Q_1e(t + \theta_1)d\theta_1 \\ & + \int_{-\tau_2}^0 e^T(t + \theta_2)e^{2b\theta_2}Q_2e(t + \theta_2)d\theta_2 \\ & + \int_{-\tau_3}^0 e^T(t + \theta_3)e^{2b\theta_3}Q_3e(t + \theta_3)d\theta_3.\end{aligned}\quad (3.49)$$

**Observación 15.** Observe que a diferencia de la Sección 3.2.3, por medio del enfoque propuesto en esta sección, se llega a una dinámica de  $\dot{e}(t)$  con retardos, por lo que aquí si es posible utilizar FLK para analizar la dinámica del error de observación partiendo de un modelo con retardos.

Para facilitar la derivada de  $v(e_t)$  se propone realizar los siguientes cambios de variable  $\varepsilon_1 = t + \theta_1$ ,  $\varepsilon_2 = t + \theta_2$  y  $\varepsilon_3 = t + \theta_3$ , quedando la funcional como:

$$\begin{aligned} v(e_t) = & e^T(t)Pe(t) + \int_{t-\tau_1}^t e^T(\varepsilon_1)e^{2b(\varepsilon_1-t)}Q_1e(\varepsilon_1)d\varepsilon_1 + \int_{t-\tau_2}^t e^T(\varepsilon_2)e^{2b(\varepsilon_2-t)}Q_2e(\varepsilon_2)d\varepsilon_2 \\ & + \int_{t-\tau_3}^t e^T(\varepsilon_3)e^{2b(\varepsilon_3-t)}Q_3e(\varepsilon_3)d\varepsilon_3. \end{aligned} \quad (3.50)$$

Ahora, se procede a obtener la derivada a lo largo de las trayectorias del sistema de la funcional (3.50), haciendo uso de la Regla de Leibnitz, obteniendo lo siguiente:

$$\begin{aligned} \dot{v}(e_t) = & 2e^T(t)P\dot{e}(t) \\ & - 2b \int_{t-\tau_1}^t e^T(\varepsilon_1)e^{2b(\varepsilon_1-t)}Q_1e(\varepsilon_1)d\varepsilon_1 + e^T(t)Q_1e(t) - e^T(t-\tau_1)e^{-2b\tau_1}Q_1e(t-\tau_1) \\ & - 2b \int_{t-\tau_2}^t e^T(\varepsilon_2)e^{2b(\varepsilon_2-t)}Q_2e(\varepsilon_2)d\varepsilon_2 + e^T(t)Q_2e(t) - e^T(t-\tau_2)e^{-2b\tau_2}Q_2e(t-\tau_2) \\ & - 2b \int_{t-\tau_3}^t e^T(\varepsilon_3)e^{2b(\varepsilon_3-t)}Q_3e(\varepsilon_3)d\varepsilon_3 + e^T(t)Q_3e(t) - e^T(t-\tau_3)e^{-2b\tau_3}Q_3e(t-\tau_3), \end{aligned}$$

donde es posible sustituir la dinámica nominal lineal del error de observación dada por

$$\dot{e}(t) = (A_0 - L_0C)e(t) + (A_1 - L_1C)e(t - \tau_1) + (A_2 - L_2C)e(t - \tau_2) + (A_3 - L_3C)e(t - \tau_3). \quad (3.51)$$

Realizando algunas factorizaciones, así como regresando las integrales al mismo cambio de variable, se obtiene como resultado que

$$\begin{aligned} \dot{v}(e_t) = & e^T(t) [PA_0 + A_0^T P - PL_0C - C^T L_0^T P + Q_1 + Q_2 + Q_3] e(t) \\ & + 2e^T(t)P(A_1 - L_1C)e(t - \tau_1) + 2e^T(t)P(A_2 - L_2C)e(t - \tau_2) \\ & + 2e^T(t)P(A_3 - L_3C)e(t - \tau_3) + \Omega, \end{aligned} \quad (3.52)$$

donde  $\Omega$  es

$$\begin{aligned} \Omega = & - 2b \int_{-\tau_1}^0 e^T(t + \theta_1)e^{2b\theta_1}Q_1e(t + \theta_1)d\theta_1 - e^T(t - \tau_1)e^{-2b\tau_1}Q_1e(t - \tau_1) \\ & - 2b \int_{-\tau_2}^0 e^T(t + \theta_2)e^{2b\theta_2}Q_2e(t + \theta_2)d\theta_2 - e^T(t - \tau_2)e^{-2b\tau_2}Q_2e(t - \tau_2) \\ & - 2b \int_{-\tau_3}^0 e^T(t + \theta_3)e^{2b\theta_3}Q_3e(t + \theta_3)d\theta_3 - e^T(t - \tau_3)e^{-2b\tau_3}Q_3e(t - \tau_3). \end{aligned}$$

De la expresión (3.52), se realizan las operaciones correspondientes para agrupar los términos cuadráticos y los cruzados, de tal forma que sean más sencillos de identificar y agrupar de forma matricial, obteniendo que

$$\begin{aligned} \dot{v}(e_t) = & e^T(t) [PA_0 + A_0^T P - PL_0 C - C^T L_0^T P + Q_1 + Q_2 + Q_3] e(t) + \Omega \\ & + e^T(t) PA_1 e(t - \tau_1) + e^T(t - \tau_1) A_1^T P e(t) - e^T(t) PL_1 C e(t - \tau_1) \\ & - e^T(t - \tau_1) C^T L_1^T P e(t) + e^T(t) PA_2 e(t - \tau_2) + e^T(t - \tau_2) A_2^T P e(t) \\ & - e^T(t) PL_2 C e(t - \tau_2) - e^T(t - \tau_2) C^T L_2^T P e(t) + e^T(t) PA_3 e(t - \tau_3) \\ & + e^T(t - \tau_3) A_3^T P e(t) - e^T(t) PL_3 C e(t - \tau_3) - e^T(t - \tau_3) C^T L_3^T P e(t). \end{aligned}$$

La expresión anterior, se puede reescribir como una LMI, donde un asterisco (\*) representa a la transpuesta del elemento simétrico, obteniendo la estructura siguiente:

$$\dot{v}(e_t) = \begin{bmatrix} e(t) \\ e(t - \tau_1) \\ e(t - \tau_2) \\ e(t - \tau_3) \end{bmatrix}^T \begin{bmatrix} \Theta_{1,1} & (*) & (*) & (*) \\ \Theta_{2,1} & \Theta_{2,2} & (*) & (*) \\ \Theta_{3,1} & 0 & \Theta_{3,3} & (*) \\ \Theta_{4,1} & 0 & 0 & \Theta_{4,4} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} e(t) \\ e(t - \tau_1) \\ e(t - \tau_2) \\ e(t - \tau_3) \end{bmatrix} + \Omega, \quad (3.53)$$

donde se tiene que cada una de las entradas son:

$$\begin{aligned} \Theta_{1,1} &= PA_0 + A_0^T P - PL_0 C - C^T L_0^T P + Q_1 + Q_2 + Q_3, \\ \Theta_{2,1} &= A_1^T P - C^T L_1^T P, \\ \Theta_{3,1} &= A_2^T P - C^T L_2^T P, \\ \Theta_{4,1} &= A_3^T P - C^T L_3^T P, \\ \Theta_{2,2} &= -e^{-2b\tau_1} Q_1, \\ \Theta_{3,3} &= -e^{-2b\tau_2} Q_2, \\ \Theta_{4,4} &= -e^{-2b\tau_3} Q_3. \end{aligned}$$

Por otro lado, observe que la funcional (3.49), también se puede reescribir de la forma siguiente:

$$\begin{aligned} v(e_t) = & \begin{bmatrix} e(t) \\ e(t - \tau_1) \\ e(t - \tau_2) \\ e(t - \tau_3) \end{bmatrix}^T \begin{bmatrix} P & (*) & (*) & (*) \\ 0 & 0 & (*) & (*) \\ 0 & 0 & 0 & (*) \\ 0 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} e(t) \\ e(t - \tau_1) \\ e(t - \tau_2) \\ e(t - \tau_3) \end{bmatrix} + \int_{-\tau_1}^0 e^T(t + \theta_1) e^{2b\theta_1} Q_1 e(t + \theta_1) d\theta_1 \\ & + \int_{-\tau_2}^0 e^T(t + \theta_2) e^{2b\theta_2} Q_2 e(t + \theta_2) d\theta_2 + \int_{-\tau_3}^0 e^T(t + \theta_3) e^{2b\theta_3} Q_3 e(t + \theta_3) d\theta_3. \end{aligned} \quad (3.54)$$

Observe que aplicando  $\dot{v}(e_t) + 2bv(e_t)$  se eliminan las integrales, obteniendo lo siguiente:

$$\begin{aligned}
\dot{v}(e_t) + 2bv(e_t) &= \begin{bmatrix} e(t) \\ e(t - \tau_1) \\ e(t - \tau_2) \\ e(t - \tau_3) \end{bmatrix}^T \begin{bmatrix} \Theta_{1,1} & (*) & (*) & (*) \\ \Theta_{2,1} & \Theta_{2,2} & (*) & (*) \\ \Theta_{3,1} & 0 & \Theta_{3,3} & (*) \\ \Theta_{4,1} & 0 & 0 & \Theta_{4,4} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} e(t) \\ e(t - \tau_1) \\ e(t - \tau_2) \\ e(t - \tau_3) \end{bmatrix} + \Omega \\
&+ \begin{bmatrix} e(t) \\ e(t - \tau_1) \\ e(t - \tau_2) \\ e(t - \tau_3) \end{bmatrix}^T \begin{bmatrix} 2bP & (*) & (*) & (*) \\ 0 & 0 & (*) & (*) \\ 0 & 0 & 0 & (*) \\ 0 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} e(t) \\ e(t - \tau_1) \\ e(t - \tau_2) \\ e(t - \tau_3) \end{bmatrix} - \Omega \quad (3.55) \\
&= \begin{bmatrix} e(t) \\ e(t - \tau_1) \\ e(t - \tau_2) \\ e(t - \tau_3) \end{bmatrix}^T \begin{bmatrix} \Theta_{1,1} + 2bP & (*) & (*) & (*) \\ \Theta_{2,1} & \Theta_{2,2} & (*) & (*) \\ \Theta_{3,1} & 0 & \Theta_{3,3} & (*) \\ \Theta_{4,1} & 0 & 0 & \Theta_{4,4} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} e(t) \\ e(t - \tau_1) \\ e(t - \tau_2) \\ e(t - \tau_3) \end{bmatrix},
\end{aligned}$$

donde

$$W = \begin{bmatrix} \Theta_{1,1} + 2bP & (*) & (*) & (*) \\ \Theta_{2,1} & \Theta_{2,2} & (*) & (*) \\ \Theta_{3,1} & 0 & \Theta_{3,3} & (*) \\ \Theta_{4,1} & 0 & 0 & \Theta_{4,4} \end{bmatrix}. \quad (3.56)$$

Haciendo los cambios de variable  $R_0 = PL_0 \implies R_0^T = L_0^T P$ ,  $R_1 = PL_1 \implies R_1^T = L_1^T P$ ,  $R_2 = PL_2 \implies R_2^T = L_2^T P$  y  $R_3 = PL_3 \implies R_3^T = L_3^T P$ , en cada una de las entradas de  $W$ , se obtiene que

$$\begin{aligned}
\Theta_{1,1} &= PA_0 + A_0^T P - R_0 C - C^T R_0^T + Q_1 + Q_2 + Q_3, \\
\Theta_{2,1} &= A_1^T P - C^T R_1^T, \\
\Theta_{3,1} &= A_2^T P - C^T R_2^T, \\
\Theta_{4,1} &= A_3^T P - C^T R_3^T, \\
\Theta_{2,2} &= -e^{-2b\tau_1} Q_1, \\
\Theta_{3,3} &= -e^{-2b\tau_2} Q_2, \\
\Theta_{4,4} &= -e^{-2b\tau_3} Q_3.
\end{aligned}$$

Así, si  $W < 0$ , donde  $W$  es dada en (3.56), entonces

$$\dot{v}(e_t) + 2bv(e_t) < 0 \implies \dot{v}(e_t) < -2bv(e_t).$$

Asegurando que  $e(t)$  converge exponencial a cero, cuando  $t$  tiende al infinito. Es decir,

$$\|e(t)\| < be^{-bt} e_0, \quad t > 0.$$

Lo anterior se formaliza en el siguiente resultado.

**Teorema 3.3.** *Considere el sistema (3.45) y el observador dado en (3.46). Entonces la dinámica nominal lineal del error de observación dada por*

$$\begin{aligned} \dot{e}(t) = & (A_0 - L_0C)e(t) + (A_1 - L_1C)e(t - \tau_1) + (A_2 - L_2C)e(t - \tau_2) \\ & + (A_3 - L_3C)e(t - \tau_3), \end{aligned}$$

*converge exponencialmente a cero si existen matrices simétricas y positivas definidas  $P$ ,  $Q_1$ ,  $Q_2$  y  $Q_3$  en  $\mathbb{R}^{3 \times 3}$  y matrices  $R_0$ ,  $R_1$ ,  $R_2$  y  $R_3$  en  $\mathbb{R}^{3 \times 1}$  tales que*

$$W = \begin{bmatrix} \Theta_{1,1} + 2bP & (*) & (*) & (*) \\ \Theta_{2,1} & \Theta_{2,2} & (*) & (*) \\ \Theta_{3,1} & 0 & \Theta_{3,3} & (*) \\ \Theta_{4,1} & 0 & 0 & \Theta_{4,4} \end{bmatrix} < 0.$$

*Más aún, las ganancias del observador son:*

$$\begin{aligned} L_0 &= P^{-1}R_0, \\ L_1 &= P^{-1}R_1, \\ L_2 &= P^{-1}R_2, \\ L_3 &= P^{-1}R_3. \end{aligned}$$

*Demostración.* La demostración del Teorema 3.3 se observa en la Subsección 3.2.4.2.  $\square$

**Corolario 3.1.** *Si la dinámica nominal lineal del error de observación dada en (3.51) converge exponencialmente a cero, entonces la dinámica no lineal del error de observación dada en (3.47) también converge exponencialmente a cero.*

*Demostración.* Considere que el Teorema 3.3 se cumple, se tiene que  $e(t)$  converge exponencialmente a cero, cuando  $t$  tiende a infinito. Así basta demostrar que  $H(x_1(t), x_2(t - \tau_3), \hat{x}_1(t), \hat{x}_2(t - \tau_3)) = \|\eta(x_1(t), x_2(t - \tau_3)) - \eta(\hat{x}_1(t), \hat{x}_2(t - \tau_3))\|$ , dada en (3.48), es una no linealidad desvaneciente a lo largo del tiempo, es decir

$$\lim_{t \rightarrow \infty} H(x_1(t), x_2(t - \tau_3), \hat{x}_1(t), \hat{x}_2(t - \tau_3)) = 0.$$

Lo que significa que mientras el tiempo tiende al infinito, la no linealidad tiene a ser cero, por lo que recibe el nombre de desvaneciente. Realizando la maximización, se tiene que

$$\begin{aligned} H(x_1(t), x_2(t - \tau_3), \hat{x}_1(t), \hat{x}_2(t - \tau_3)) &= \|\eta(x_1(t), x_2(t - \tau_3)) - \eta(\hat{x}_1(t), \hat{x}_2(t - \tau_3))\| \\ &= \left\| \begin{bmatrix} -\beta x_1(t)x_2(t - \tau_3) \\ \beta x_1(t)x_2(t - \tau_3) \end{bmatrix} - \begin{bmatrix} -\beta \hat{x}_1(t)\hat{x}_2(t - \tau_3) \\ \beta \hat{x}_1(t)\hat{x}_2(t - \tau_3) \end{bmatrix} \right\| \\ &= 4\beta^4 \|(x_1(t)x_2(t - \tau_3) - \hat{x}_1(t)\hat{x}_2(t - \tau_3))^2\| \\ &= 4\beta^4 \|x_1(t)x_2(t - \tau_3) - \hat{x}_1(t)\hat{x}_2(t - \tau_3)\|^2 \\ &= 4\beta^4 \|x_1(t)x_2(t - \tau_3) + x_1(t)\hat{x}_2(t - \tau_3) \\ &\quad - x_1(t)\hat{x}_2(t - \tau_3) - \hat{x}_1(t)\hat{x}_2(t - \tau_3)\|^2. \end{aligned} \quad (3.57)$$

Si en la expresión (3.57) se factoriza a  $x_1(t)$  y  $\hat{x}_2(t - \tau_3)$ , se tiene que

$$H(x_1(t), x_2(t - \tau_3), \hat{x}_1(t), \hat{x}_2(t - \tau_3)) = 4\beta^2 \|x_1(t)e_2(t - \tau_3) + \hat{x}_2(t - \tau_3)e_1(t)\|,$$

donde  $e_1(t) = x_1(t) - \hat{x}_1(t)$  y  $e_2(t - \tau_3) = x_2(t - \tau_3) - \hat{x}_2(t - \tau_3)$ . Ahora bajo la suposición de que las poblaciones están acotadas, se puede mayorizar de la forma siguiente:

$$H(x_1(t), x_2(t - \tau_3), \hat{x}_1(t), \hat{x}_2(t - \tau_3)) \leq 4\beta^2 M \|e_2(t - \tau_3) + e_1(t)\|, \quad (3.58)$$

con  $M = \max\{x_1(t), \hat{x}_2(t - \tau_3)\}$ . De la expresión (3.58) es posible observar que si  $e_1(t)$  y  $e_2(t - \tau_3)$  tienden a cero cuando  $t$  tiende a infinito, entonces se cumple que

$$\lim_{t \rightarrow \infty} H(x_1(t), x_2(t - \tau_3), \hat{x}_1(t), \hat{x}_2(t - \tau_3)) = 0.$$

□

Debido a que las operaciones realizadas con el observador del sistema transformado, se cumplen para el sistema original, en el siguiente apartado se obtiene el observador equivalente en coordenadas originales para poder ser simulado.

### 3.2.4.3. Observador equivalente en coordenadas originales de la 3ra propuesta

Una vez garantizado que el error de observación (3.47), obtenido entre el sistema transformado (3.45) y el observador del sistema transformado (3.46) converge a cero, en este apartado se procede a obtener el observador equivalente para el sistema en las coordenadas originales por medio del procedimiento inverso. Ya que al garantizar la convergencia del observador del sistema transformado, también se garantiza que el observador en las coordenadas originales converga, ya que solo se trata de una transformación.

Para lo cual, se parte de las siguientes ecuaciones previamente obtenidas

$$\begin{aligned} \dot{x}_1 &= -\beta x_1 x_2(t - \tau_3) - \alpha \beta x_1 - \gamma x_2(t - \tau_3) + \alpha x_3(t - \tau_2), \\ \dot{x}_2 &= \beta x_1 x_2(t - \tau_3) + \alpha \beta x_1 + \gamma x_2(t - \tau_3) - \gamma x_2(t - \tau_1). \end{aligned}$$

Las cuales con base al observador diseñado de la forma (3.46), se reescriben en función del observador como sigue

$$\begin{aligned} \dot{\hat{x}}_1 &= -\beta \hat{x}_1 \hat{x}_2(t - \tau_3) - \alpha \beta \hat{x}_1 - \gamma \hat{x}_2(t - \tau_3) + \alpha \hat{x}_3(t - \tau_2) + L_{0_1}(y(t) - \hat{y}(t)) \\ &+ L_{1_1}(y(t - \tau_1) - \hat{y}(t - \tau_1)) + L_{2_1}(y(t - \tau_2) - \hat{y}(t - \tau_2)) \\ &+ L_{3_1}(y(t - \tau_3) - \hat{y}(t - \tau_3)), \end{aligned} \quad (3.59)$$

$$\begin{aligned} \dot{\hat{x}}_2 &= \beta \hat{x}_1 \hat{x}_2(t - \tau_3) + \alpha \beta \hat{x}_1 + \gamma \hat{x}_2(t - \tau_3) - \gamma \hat{x}_2(t - \tau_1) + L_{0_2}(y(t) - \hat{y}(t)) \\ &+ L_{1_2}(y(t - \tau_1) - \hat{y}(t - \tau_1)) + L_{2_2}(y(t - \tau_2) - \hat{y}(t - \tau_2)) \\ &+ L_{3_2}(y(t - \tau_3) - \hat{y}(t - \tau_3)). \end{aligned} \quad (3.60)$$

Se sabe que

$$S^* = \frac{\gamma}{\beta}, \quad I^* = \alpha, \quad R^* = \gamma.$$

Además, que para transformar al sistema en términos de las variables originales, se hacen los siguientes cambios de variable

$$\hat{x}_1 = \hat{S} - S^*, \quad \hat{x}_2 = \hat{I} - I^*, \quad \hat{x}_3 = \hat{R} - R^*.$$

Se procede a obtener  $\dot{\hat{I}}$  por medio de la ecuación (3.59), donde se realizan las operaciones correspondientes, obteniendo como resultado lo siguiente:

$$\begin{aligned} \dot{\hat{x}}_1 &= \dot{\hat{S}} = -\beta\hat{x}_1\hat{x}_2(t - \tau_3) - \alpha\beta\hat{x}_1 - \gamma\hat{x}_2(t - \tau_3) + \alpha\hat{x}_3(t - \tau_2) + L_{0_1}(y(t) - \hat{y}(t)) \\ &\quad + L_{1_1}(y(t - \tau_1) - \hat{y}(t - \tau_1)) + L_{2_1}(y(t - \tau_2) - \hat{y}(t - \tau_2)) \\ &\quad + L_{3_1}(y(t - \tau_3) - \hat{y}(t - \tau_3)), \\ &= -\beta\hat{S}\hat{I}(t - \tau_3) + \alpha\hat{R}(t - \tau_2) + L_{0_1}(y(t) - \hat{y}(t)) + L_{1_1}(y(t - \tau_1) - \hat{y}(t - \tau_1)) \\ &\quad + L_{2_1}(y(t - \tau_2) - \hat{y}(t - \tau_2)) + L_{3_1}(y(t - \tau_3) - \hat{y}(t - \tau_3)). \end{aligned}$$

Realizando el mismo procedimiento pero ahora para obtener a  $\dot{\hat{x}}_2$ , se obtiene que

$$\begin{aligned} \dot{\hat{x}}_2 &= \dot{\hat{I}} = \beta\hat{x}_1\hat{x}_2(t - \tau_3) + \alpha\beta\hat{x}_1 + \gamma\hat{x}_2(t - \tau_3) - \gamma\hat{x}_2(t - \tau_1) + L_{0_2}(y(t) - \hat{y}(t)) \\ &\quad + L_{1_2}(y(t - \tau_1) - \hat{y}(t - \tau_1)) + L_{2_2}(y(t - \tau_2) - \hat{y}(t - \tau_2)) \\ &\quad + L_{3_2}(y(t - \tau_3) - \hat{y}(t - \tau_3)), \\ &= \beta\hat{S}\hat{I}(t - \tau_3) - \gamma\hat{I}(t - \tau_1) + L_{0_2}(y(t) - \hat{y}(t)) + L_{1_2}(y(t - \tau_1) - \hat{y}(t - \tau_1)) \\ &\quad + L_{2_2}(y(t - \tau_2) - \hat{y}(t - \tau_2)) + L_{3_2}(y(t - \tau_3) - \hat{y}(t - \tau_3)). \end{aligned}$$

Por lo que, el observador equivalente en las coordenadas originales, es de la forma

$$\begin{aligned} \dot{\hat{\chi}}(t) &= \begin{bmatrix} \dot{\hat{S}}(t) \\ \dot{\hat{I}}(t) \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} -\beta\hat{S}\hat{I}(t - \tau_3) + \alpha\hat{R}(t - \tau_2) \\ \beta\hat{S}\hat{I}(t - \tau_3) - \gamma\hat{I}(t - \tau_1) \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} L_{0_1} \\ L_{0_2} \end{bmatrix} (y(t) - \hat{y}(t)) \\ &\quad + \begin{bmatrix} L_{1_1} \\ L_{1_2} \end{bmatrix} (y(t - \tau_1) - \hat{y}(t - \tau_1)) + \begin{bmatrix} L_{2_1} \\ L_{2_2} \end{bmatrix} (y(t - \tau_2) - \hat{y}(t - \tau_2)) \\ &\quad + \begin{bmatrix} L_{3_1} \\ L_{3_2} \end{bmatrix} (y(t - \tau_3) - \hat{y}(t - \tau_3)), \end{aligned} \quad (3.61)$$

donde  $y(t) = I(t)$ ,  $y(t - \tau_1) = I(t - \tau_1)$ ,  $y(t - \tau_2) = I(t - \tau_2)$ ,  $y(t - \tau_3) = I(t - \tau_3)$ ,  $L_0 = \begin{bmatrix} L_{0_1} \\ L_{0_2} \end{bmatrix}$ ,  $L_1 = \begin{bmatrix} L_{1_1} \\ L_{1_2} \end{bmatrix}$ ,  $L_2 = \begin{bmatrix} L_{2_1} \\ L_{2_2} \end{bmatrix}$  y  $L_3 = \begin{bmatrix} L_{3_1} \\ L_{3_2} \end{bmatrix}$ . En el Capítulo 4 se realiza la

programación de la LMI (3.56), utilizando la herramienta Sedumi dentro del Software Matlab<sup>®</sup> para dar solución a la LMI y comprobar que es negativa definida. Así como la simulación del observador (3.61) alimentado con datos reales de la pandemia de la COVID-19.

### 3.3. Conclusiones

Lo expuesto anteriormente en este capítulo permite concluir que el considerar retardos en el diseño de modelos matemáticos epidemiológicos ayuda al mejor entendimiento y comprensión de la dinámica de una enfermedad infecciosa en cada uno de los compartimentos considerados, ya que es posible considerar o caracterizar matemáticamente aquellos tiempos muertos, tales como el periodo de incubación, recuperación y pérdida de inmunidad. Además, es posible observar que el aplicar el álgebra de Lie para transformar un sistema no lineal a uno con parte nominal por medio de un difeomorfismo, es útil cuando se trabaja con sistemas sin retardos o se desea analizar la convergencia del error de observación de un modelo con retardos por medio de una función en lugar de una funcional. Por otro lado, si se desea transformar un sistema no lineal a uno con parte nominal lineal y parte retardada no lineal se presenta un nuevo enfoque, el cual es útil debido a que permite diseñar un observador con retardos y por lo tanto obtener una dinámica del error de observación con retardos que puede ser analizada por medio de una funcional. Por consiguiente es posible observar la importancia de un observador, ya que por medio de estos, es posible reconstruir completamente el estado del sistema, y con ello lograr la convergencia del error, lo cual es muy importante si es aplicado a modelos matemáticos epidemiológicos en donde existe información no disponible. En el siguiente Capítulo se realizan las simulaciones de los observadores diseñados en este capítulo, para verificar la efectividad de cada uno de ellos, alimentándose con datos reales de la pandemia de la COVID-19 en México.

# Capítulo 4

## Aplicaciones de resultados teóricos

En el presente capítulo se presentan simulaciones de algunos modelos matemáticos epidemiológicos tipo *SIR*, incluido el propuesto con tres retardos para aproximar las curvas poblacionales de la COVID-19 en México, así como simulaciones de los observadores diseñados en el Capítulo 3 para modelos *SIR* sin y con retardos, con la finalidad de lograr la reconstrucción completa de la dinámica compartimental por medio de la información disponible. Cabe señalar que las comparaciones son para un conjunto de datos que no corresponden al total de los casos confirmados de la población de México, ya que son datos que permiten hacer una comparación en el curso temporal de las dinámicas. Sólo los datos de la OMS que se utilizan son reales; los datos de la población total y condiciones iniciales son artificiales y seleccionados para poder comparar.

### 4.1. Modelos matemáticos tipo *SIR* implementados a la COVID-19

En esta sección se presentan simulaciones de algunos de los modelos matemático más representativos presentados en el Capítulo 2, así como del modelo con tres retardos dado en (3.1), los cuales son ajustados de acuerdo a los datos oficiales de la población de México, reportados por la OMS [71], para ilustrar el comportamiento de la evolución de la pandemia en este país y poder ejemplificar la aplicación de estos modelos. Dichas simulaciones, son realizadas en Matlab<sup>®</sup>.

#### 4.1.1. Aplicación de modelo *SIR* libre de retardos

En este apartado considere el modelo *SIR* libre de retardos de la forma (2.18), así como los datos registrados por la OMS, considerando una ventana de tiempo comprendida del 1

de diciembre de 2020 al 1 de marzo de 2021. Para este periodo de tiempo,  $N = 200000$  es la población total, de la cual  $S_0 = 87957/N$ ,  $I_0 = 6388/N$  y  $R_0 = 105655/N$  son las condiciones iniciales normalizadas de la población Susceptible, Infecciosa y Recuperada, respectivamente. Aquí se toma como condición inicial de Infecciosos y Recuperados el número de casos reportados por la OMS, mientras que la condición inicial para susceptibles es la diferencia para obtener el total  $N$ . Cabe señalar que cuando cambia la propagación de la enfermedad entre la población del país este número  $N$  varia. Mientras que los valores de la tasa de infección  $\beta$  y el recíproco del tiempo promedio de recuperación  $\gamma$  son propuestos mediante una rutina empírica exhaustiva, la cual consiste en variaciones paramétricas para obtener las mejores correspondencias entre la solución numérica del modelo matemático y los datos reales en el período de tiempo. En la Tabla 4.1 los mejores valores obtenidos.

Caso	$\beta$	$\gamma$
(i)	0.2942	0.0597
(ii)	0.3012	0.0486

Tabla 4.1: Valores empíricos de  $\beta$  y  $\gamma$  para el modelo *SIR* (2.18).

Como ya se mencionó anteriormente, el comportamiento dinámico del modelo está en función de la tasa de infección y el recíproco del tiempo promedio de recuperación de la enfermedad, para determinar este impacto a continuación se presentan simulaciones para los dos casos con valores  $\beta$  y  $\gamma$  distintos obtenidos de forma exhaustiva, es decir por medio de variaciones paramétricas para lograr que el modelo se apegue a los datos reales, ver Tabla 4.1.

En la Figura 4.1, se puede observar el caso (i),  $\beta = 0.2942$  y  $\gamma = 0.0597$ . Es claro que usando una tasa de infección de aproximadamente 29.42% y el recíproco del tiempo promedio de recuperación del 5.9%, el modelo *SIR* representa una evolución cercana al comportamiento con los datos registrados por la OMS, en donde se puede observar que la estimación de la dinámica de la población de recuperados se encuentra por arriba de los datos reales en el tiempo de simulación comprendido entre los 20 a 75 días, por otro lado, se puede observar que la dinámica de la población Infecciosa estimada por el modelo se asemeja mucho a los datos reales.

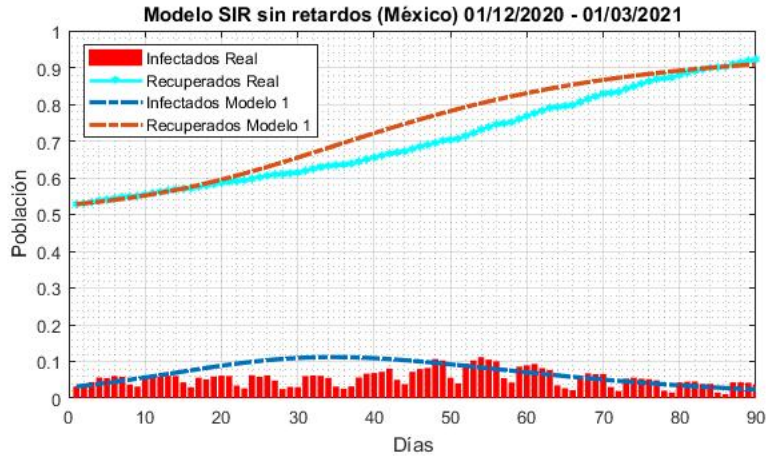


Figura 4.1: Simulación del modelo  $SIR$  (2.18) empleando  $\beta$  y  $\gamma$  dados en la Tabla 4.1 inciso (i).

En la Figura 4.2, se puede observar el caso (ii),  $\beta = 0.3012$  y  $\gamma = 0.0486$ . En donde se incrementa el parámetro  $\beta$  y se disminuye el parámetro  $\gamma$ , siendo claro que al igual que en el caso (i), el modelo  $SIR$  representa una evolución cercana al comportamiento con los datos registrados por la OMS, pero aquí la estimación de los recuperados se ve por encima de la dinámica real por un mayor número de días, los cuales se encuentran comprendidos de los 20 a los 85 días de simulación.

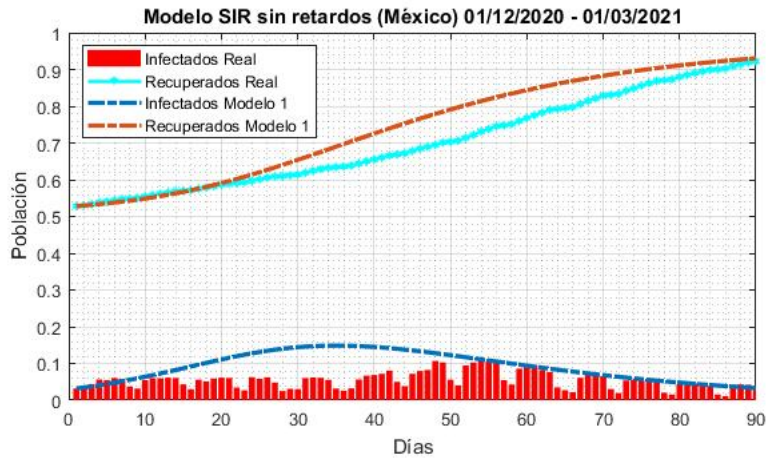


Figura 4.2: Simulación del modelo  $SIR$  (2.18) empleando  $\beta$  y  $\gamma$  dados en la Tabla 4.1 inciso (ii).

**Observación 16.** Observe que  $\mathcal{R}_0$  depende de  $\beta$  y  $\gamma$ , por lo que su valor se mueve si cualquiera de los dos parámetros se altera. En otras palabras,  $\mathcal{R}_0$  es sensible a variaciones.

Es claro que para ambas simulaciones, existe una pequeña variación entre los datos reales y los estimados por el modelo en el curso temporal de las dinámicas, con los datos seleccionados para poder realizar la comparación. El error cuadrático medio (ECM) obtenido de los casos (i) y (ii), se observa en la Tabla 4.2.

Caso	ECM Infecciosos	ECM Recuperados
(i)	0.0276	0.0345
(ii)	0.0399	0.0419

Tabla 4.2: ECM de datos dados en la Tabla 4.1.

Comparando el valor del ECM de los casos (i) y (ii), respectivamente, es posible visualizar que las dinámicas aproximadas en comparación con las reales, se ajustan de mejor manera al ocupar los valores de  $\beta$  y  $\gamma$  del caso (i), ya que el valor del ECM es menor para la dinámica de la población Infecciosa y Recuperada.

**Observación 17.** *El empleo de algoritmos para identificar los parámetros de modelos de la forma (2.18), puede coadyuvar a la obtención de la tasa de infección  $\beta$  y el recíproco del tiempo promedio de recuperación  $\gamma$  en una ventana de tiempo. Esto puede, bajo un análisis adecuado y que sale del alcance de esta tesis, contribuir a determinar estrategias más eficientes para contener futuras pandemias.*

En la Figura 4.3, se ilustra la evolución del número reproductivo básico del modelo (2.18), para el caso (i) de la Tabla 4.1, donde es posible observar que hasta aproximadamente los 33 días la propagación de la enfermedad es mayor comparado con los días posteriores.

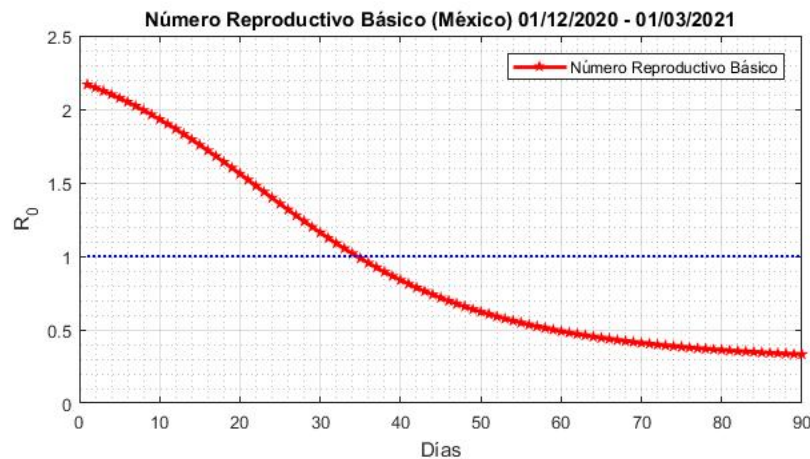


Figura 4.3: Número reproductivo básico del modelo *SIR* (2.18) empleando  $\beta$  y  $\gamma$  dados en la Tabla 4.1 inciso (i).

Cabe recordar que este modelo no cuenta con parámetros que tomen en consideración las intervenciones implementadas por parte del gobierno para la erradicación de la COVID-19, por lo que, de no haberse implementado intervenciones, fuese posible que el comportamiento de la enfermedad fuera muy parecido al comportamiento obtenido por simulación.

#### 4.1.2. Aplicación de modelo SIR con dos retardos

Considere el modelo *SIR* con dos retardos de la forma (2.21), así como los datos registrados por la OMS del 1 de diciembre de 2020 al 1 de marzo de 2021. Aquí,  $N = 200000$  es la población total, de la cual  $S_0 = 87957/N$ ,  $I_0 = 6388/N$  y  $R_0 = 105655/N$  son las condiciones iniciales normalizadas de la población Susceptible, Infecciosa y Recuperada, respectivamente. Cabe recordar que las condiciones iniciales son funciones debido a que se tiene en cuenta el valor de los retardos. Los valores de la tasa de infección  $\beta$ , el recíproco del tiempo promedio de recuperación  $\gamma$ , el periodo de incubación  $\tau_1$  y el periodo de recuperación de la enfermedad infecciosa  $\tau_2$ , son dados en la Tabla 4.3.

Caso	$\beta$	$\gamma$	$\tau_1$	$\tau_2$
(i)	0.2367	0.0522	5.8	12
(ii)	0.2582	0.0518	6.5	11.6
(iii)	0.2561	0.0518	6	11

Tabla 4.3: Valores empíricos de  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $\tau_1$  y  $\tau_2$  para el modelo *SIR* (2.21) del 1 de diciembre de 2020 al 1 de marzo de 2021.

**Observación 18.** *Los valores de los retardos debido al periodo de incubación son de entre 5 a 6 días aproximadamente, pero puede variar entre 1 y 14 días, mientras que para el periodo de recuperación se puede considerar de 10 a 14 días o hasta 6 semanas [72, 73]. Estos dependiendo de la gravedad de la enfermedad según informan las organizaciones de la salud. En este modelo se deben introducir los retardos en función de los días.*

Se realizaron algunas iteraciones para encontrar los valores de  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $\tau_1$  y  $\tau_2$  que proporcionaran una correcta aproximación de la dinámica real del COVID-19 por medio del Modelo *SIR* dado en (2.21), ver Tabla 4.3. El ECM obtenido de los casos (i), (ii) y (iii), se observa en la Tabla 4.4.

Caso	ECM Infecciosos	ECM Recuperados
(i)	0.0305	0.0183
(ii)	0.0357	0.0120
(iii)	0.0347	0.0111

Tabla 4.4: ECM de datos dados en la Tabla 4.3.

En la Figura 4.4, se puede observar el caso (iii),  $\beta = 0.2661$ ,  $\gamma = 0.0518$ ,  $\tau_1 = 6.5$  y  $\tau_2 = 11$ . Es claro que usando una tasa de infección de aproximadamente 26.61% y el recíproco del tiempo promedio de recuperación del 0.0518, el modelo *SIR* representa una evolución cercana al comportamiento con los datos registrados por la OMS a lo largo de la dinámica de la COVID-19 en la ventana de tiempo considerada, existiendo una variación entre los datos reales y los estimados por el modelo, la cual se puede observar en la Tabla 4.4, y por medio de la cual se puede verificar que el caso (iii) es el que proporciona la mejor estimación con base al ECM obtenido para cada población.

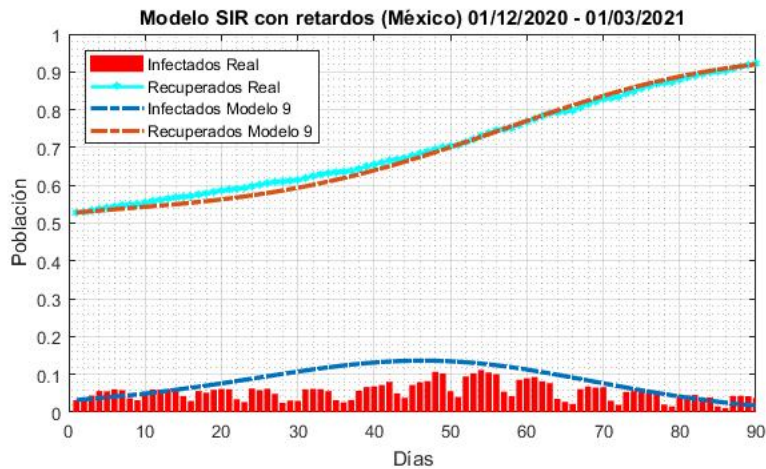


Figura 4.4: Simulación del modelo *SIR* (2.21) empleando  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $\tau_1$  y  $\tau_2$  dados en la Tabla 4.3 inciso (iii).

El comportamiento estimado por el modelo es válido, debido a las intervenciones que han sido aplicadas en la población. Siendo que por ello se puede observar que la dinámica real de las personas recuperadas esta por encima de la estimada, y la dinámica real de la población Infecciosa por debajo, ya que lo que busca reducir las intervenciones, es la tasa de contagio y debido a esa reducción los datos reales de los casos confirmados, se ven por debajo de los estimados.

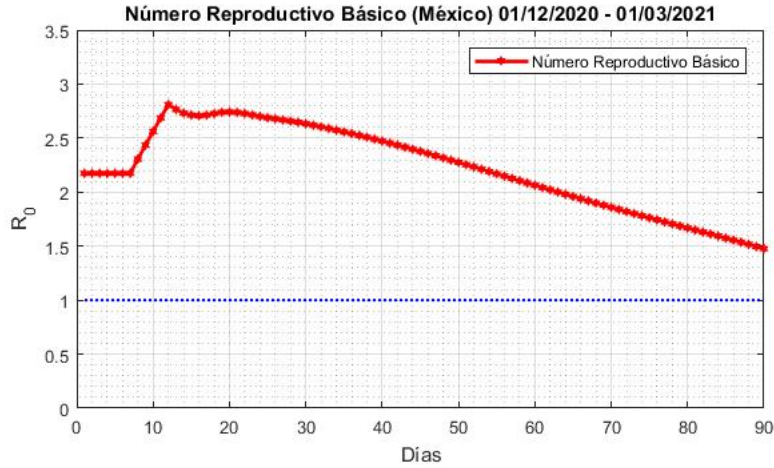


Figura 4.5: Número reproductivo básico del modelo *SIR* (2.21) empleando  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $\tau_1$  y  $\tau_2$  dados en la Tabla 4.3 inciso (iii).

En la Figura 4.5, se ilustra la evolución del número reproductivo básico del modelo (2.21), para el caso (iii) de la Tabla 4.3, donde es posible observar que durante todo el periodo comprendido en la simulación, el número reproductivo básico se mantiene mayor a uno, dando pauta que la propagación de la enfermedad en la población continua. Por otro lado, se puede observar que dicha propagación en la población disminuye a razón que las personas infecciosas decrecen y las recuperadas aumentan.

### 4.1.3. Aplicación de modelo *SIR* con tres retardos

Por último, se realizó la simulación por medio del modelo propuesto con tres retardos dado en (3.1), con la finalidad de observar si efectivamente el modelo se comporta de forma semejante a los modelos previamente utilizados. Para lo cual se realizó la simulación en la ventana de tiempo considerada del 1 de diciembre del 2020 al 1 de marzo del 2021, con  $N = 200000$  y las condiciones iniciales  $S_0 = 87957/N$ ,  $I_0 = 6388/N$  y  $R_0 = 105655/N$ . Los valores de la tasa de infección  $\beta$ , el recíproco del tiempo promedio de recuperación  $\gamma$ , el periodo de incubación  $\tau_1$  y el periodo de recuperación de la enfermedad infecciosa  $\tau_2$  y el tiempo que tarda una persona recuperada en perder la inmunidad  $\tau_3$ , son dados en la Tabla 4.5.

Caso	$\beta$	$\gamma$	$\alpha$	$\tau_1$	$\tau_2$	$\tau_3$
(i)	0.2061	0.0622	0.003	11	11	6.5
(ii)	0.2058	0.0622	0.0024	14	17	6.5
(iii)	0.2058	0.0639	0.0018	14	17	6.8

Tabla 4.5: Valores empíricos de  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $\alpha$ ,  $\tau_1$ ,  $\tau_2$  y  $\tau_3$  para el modelo *SIR* (3.1) del 1 de diciembre de 2020 al 1 de marzo de 2021.

Se realizaron algunas iteraciones para encontrar los valores de  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $\alpha$ ,  $\tau_1$ ,  $\tau_2$  y  $\tau_3$  que proporcionaran una correcta aproximación de la dinámica real de la COVID-19 por medio del Modelo *SIR* dado en (3.1), ver Tabla 4.5. El ECM obtenido de los casos (i), (ii) y (iii), se observa en la Tabla 4.6.

Caso	ECM Infecciosos	ECM Recuperados
(i)	0.0222	0.1024
(ii)	0.0235	0.0820
(iii)	0.0162	0.0808

Tabla 4.6: ECM de datos dados en la Tabla 4.5.

En la Figura 4.6, se puede observar el caso (iii),  $\beta = 0.2058$ ,  $\gamma = 0.0639$  y  $\alpha = 0.0018$ . En donde es posible visualizar que el comportamiento obtenido por medio del modelo dado en (3.1) es muy parecido a los obtenidos por medio de los modelos (2.18) y (2.21). En donde es posible visualizar que la dinámica de los recuperados tenderá a crecer y estabilizarse en algún momento, mientras que la dinámica de los infecciosos se asemeja en gran medida a la dinámica real reportada por la OMS. Aunque al hablar de la propagación de una enfermedad en la población, es difícil dar certeza de lo que posiblemente pudiera pasar.

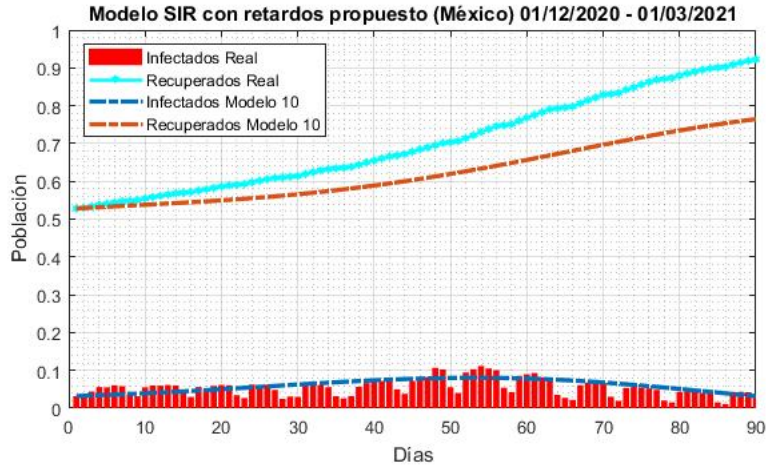


Figura 4.6: Simulación del modelo *SIR* (3.1) empleando  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $\alpha$ ,  $\tau_1$ ,  $\tau_2$  y  $\tau_3$  dados en la Tabla 4.5 inciso (iii).

Para este caso los valores del ECM de los casos (i), (ii) y (iii), se pueden visualizar en la Tabla 4.6, siendo el caso (iii) el que proporciona un error de estimación menor. Comparando los resultados obtenidos de los modelos con retardos empleados, es posible observar que el modelo propuesto dado en (3.1), proporciona un error de estimación menor en la dinámica de infecciosos en comparación con el modelo (2.21), por lo que es posible asumir que el considerar la pérdida de inmunidad en el diseño de este tipo de modelos epidemiológicos, es adecuado.

En la Figura 4.7, se ilustra la evolución del número reproductivo básico del modelo (3.1), para el caso (iii) de la Tabla 4.5, donde es posible observar que durante todo el periodo comprendido en la simulación, el número reproductivo básico se mantiene mayor a uno, donde es posible inferir que la propagación de la enfermedad en la población continúa. Dando pauta a que el modelo propuesto, describe de buena manera como es la propagación de la enfermedad en la ventana de tiempo considerada.

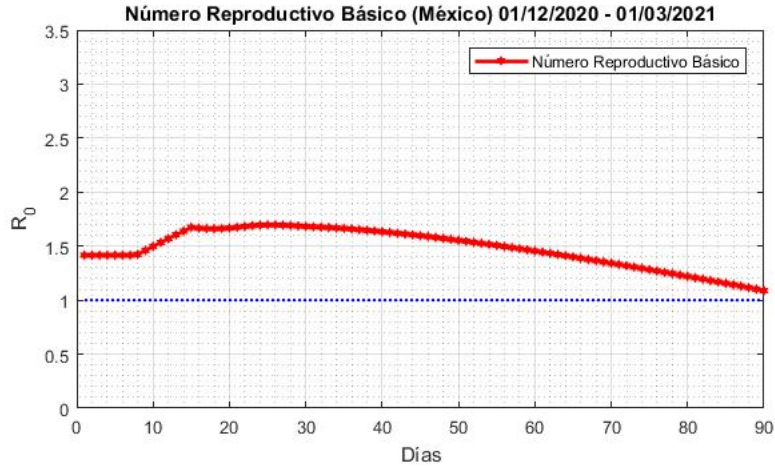


Figura 4.7: Número reproductivo básico del modelo *SIR* (3.1) empleando  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $\alpha$ ,  $\tau_1$ ,  $\tau_2$  y  $\tau_3$  dados en la Tabla 4.5 inciso (iii).

Para evitar rutinas exhaustivas, en la literatura se encuentran diferentes estrategias/métodos/técnicas que ayudan a obtener/identificar los parámetros de un modelo matemático de una manera más eficiente. Sin embargo, para el caso de los modelos con retardos, el ECM se determina fijando el valor del retardo (dado que no se consideran como parámetros libres), debido a que no hay un método de identificación que permita aproximarlos de manera apropiada, por lo que su mejor aproximación es la heurística.

## 4.2. Observadores de estado para modelos SIR implementados a la COVID-19

En esta sección se presentan simulaciones de los observadores de estado diseñados en el Capítulo 3, los cuales son alimentados con los datos oficiales de la población de México, reportados por la OMS [71], para ilustrar el comportamiento de la evolución de la pandemia en este país y poder ejemplificar la aplicación de los observadores de estado para la reconstrucción completa del estado de un sistema. Cabe señalar que las comparaciones son para un conjunto de datos que no corresponden al total de los casos confirmados de la población de México, ya que son datos que permiten hacer una comparación en el curso temporal de las dinámicas. Sólo los datos de la OMS que se utilizan son reales; los datos de  $N$ ,  $S_0$ ,  $I_0$  y  $R_0$  son artificiales y seleccionados para poder comparar. Dichas simulaciones, son realizadas en Matlab<sup>®</sup>.

### 4.2.1. Observador para modelo SIR libre de retardos

En esta sección se presentan algunas simulaciones utilizando el modelo matemático epidemiológico clásico de Kermack y McKendrick, así como su observador presentado en el capítulo 3. Aquí el observador es alimentado con los datos oficiales de los casos confirmados en México, reportados por la OMS [71], para ilustrar el comportamiento de la evolución de la pandemia en este país y poder ejemplificar la aplicación de los observadores de estado en la epidemiología matemática para la reconstrucción completa de la dinámica compartimental. Dichas simulaciones, son realizadas por medio de Matlab®.

#### 4.2.1.1. Solución de la LMI: Modelo SIR libre de retardos

Una vez realizado el análisis de convergencia del error de observación y obtenida la LMI de la forma (3.17), en este apartado se procede a darle solución a la LMI utilizando la herramienta Sedumi dentro del Software Matlab. Para ello se utilizan los valores de  $A$  y  $C$ , dados en (3.8). Los valores con los que se alimenta a la LMI son:  $A = \begin{bmatrix} 0 & 1 \\ 0 & 0 \end{bmatrix}$ ,  $C = [1 \ 0]$ ,  $I = \begin{bmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{bmatrix}$ , y  $\omega = 0.7$ , con la finalidad de obtener los valores de las matrices  $P$  y  $R$ . Los valores obtenidos para estas matrices son:

$$P = \begin{bmatrix} 0.5917 & -0.3680 \\ -0.3680 & 0.2772 \end{bmatrix},$$

$$R = \begin{bmatrix} 0.7322 \\ 0.2801 \end{bmatrix},$$

con los cuales es posible encontrar los valores que contiene el vector de ganancias  $L$ , como sigue

$$L = P^{-1}R = \begin{bmatrix} 10.6987 \\ 15.2131 \end{bmatrix}, \quad (4.1)$$

observando que se cumple que son positivos. Retomando la LMI (3.17), nombrada  $W$  y sustituyendo los valores encontrados, se obtiene como resultado que

$$W = \begin{bmatrix} -0.9744 & 0.3116 & 0.5917 & -0.3680 \\ 0.3116 & -0.2460 & -0.3680 & 0.2772 \\ 0.5917 & -0.3680 & -1.0000 & 0 \\ -0.3680 & 0.2772 & 0 & -1.0000 \end{bmatrix},$$

donde es posible observar que la diagonal principal es negativa, pudiendo notar que se cumple que  $W < 0$ , sin embargo, para corroborar que  $W$  es definida negativa, se obtienen

sus valores propios, obteniendo como resultado los siguientes:

$$\lambda_W = \begin{bmatrix} -1.868582826215747 \\ -1.001431033228581 \\ -0.323224849157720 \\ -0.027143715424049 \end{bmatrix},$$

comprobando que todos son negativos, por lo que cumple que

$$\begin{bmatrix} A^T P + PA - C^T R^T - RC + \omega^2 I & P \\ P & -I \end{bmatrix} < 0, \quad P > 0,$$

garantizando que el error de observación va a converger a cero a lo largo de las trayectorias del sistema.

#### 4.2.1.2. Simulación del observador: Modelo SIR libre de retardos

En este apartado, considere el observador de la forma (3.18), así como el modelo clásico de Kermack y McKendrick reducido (3.2), con los cuales se realiza la simulación del observador para visualizar que tan rápido se apegan a la dinámica obtenida por el modelo. Aquí,  $N = 350000$  es la población hipotética considerada, de la cual  $S_0 = 1 - I_0 - R_0$ ,  $I_0 = 69025/N$  y  $R_0 = 0$  son las condiciones iniciales artificiales normalizadas del modelo, correspondientes de la población Susceptible, Infecciosa y Recuperada, respectivamente. Las condiciones iniciales del observador son  $\hat{S}_0 = 1 - \hat{I}_0 - \hat{R}_0$ ,  $\hat{I}_0 = 0.2272$  y  $\hat{R}_0 = 0.05$ . Aquí, se considera que la tasa de infección es  $\beta = 0.199$  y el recíproco del tiempo promedio de recuperación es  $\gamma = 0.085$ . Las ganancias  $L$ , son dadas en (4.1).

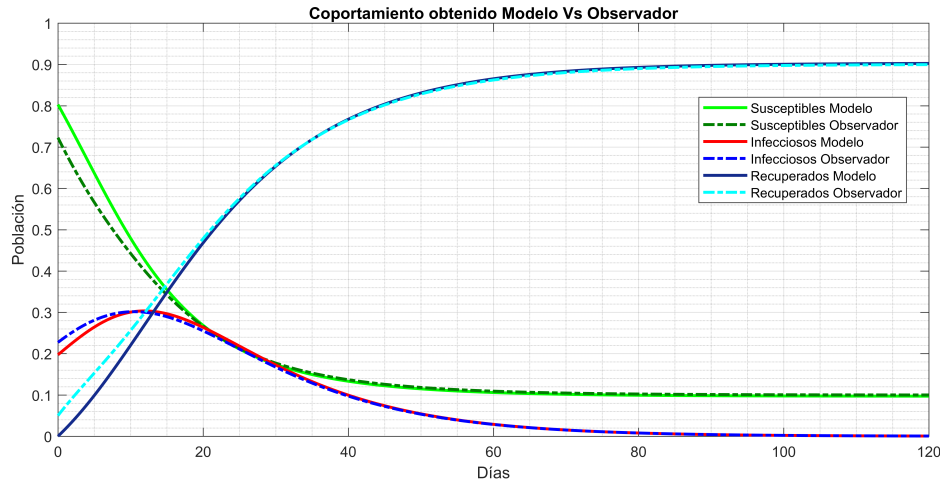


Figura 4.8: Simulación del observador (3.18) comparado con el modelo SIR sin retardos (3.2).

En la Figura 4.8, es posible observar que el comportamiento obtenido por medio del observador se aproxima correctamente, a la dinámica obtenida por medio del modelo (3.2), utilizando los valores previamente mencionados. En donde es posible observar que el observador estima adecuadamente las dinámicas obtenidas por medio del modelo, obteniendo un ECM de 0.9393 %, 0.2954 % y 0.8396 % en las dinámicas observadas de Susceptibles, Infecciosos y Recuperados, respectivamente.

Ahora, se analiza el comportamiento del observador alimentándolo con datos reales de los casos confirmados de Infecciosos de la pandemia de la COVID-19, para ello, considere el observador de la forma (3.18), así como los datos registrados por la OMS del 13 de enero al 8 de marzo de 2022, ventana de tiempo en la que tuvo lugar el virus SARS-CoV-2. Aquí,  $N = 350000$  es la población total, de la cual  $\hat{S}_0 = 1 - \hat{I}_0 - \hat{R}_0$ ,  $\hat{I}_0 = 69025/N$  y  $\hat{R}_0 = 0$  son las condiciones iniciales normalizadas del observador, correspondientes de la población Susceptible, Infecciosa y Recuperada, respectivamente. Aquí, se consideran los mismos valores de  $\beta$  y  $\gamma$  de la simulación 4.8 y las ganancias  $L$ , dadas en (4.1). Sin embargo el observador no da una estimación adecuada con dichas ganancias, dado que la función de Lyapunov utilizada para obtener la LMI es simple, por lo que no se logra un buen ajuste del observador respecto a los datos reales. Sin embargo, se realiza un ajuste empírico de  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $L_1$  y  $L_2$ , los cuales se muestran en la Tabla 4.7.

Tabla 4.7: Valores  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $L_1$  y  $L_2$  para el observador (3.18).

$\beta$	$\gamma$	$L_1$	$L_2$
1.354948	0.7885	15.55	2.001

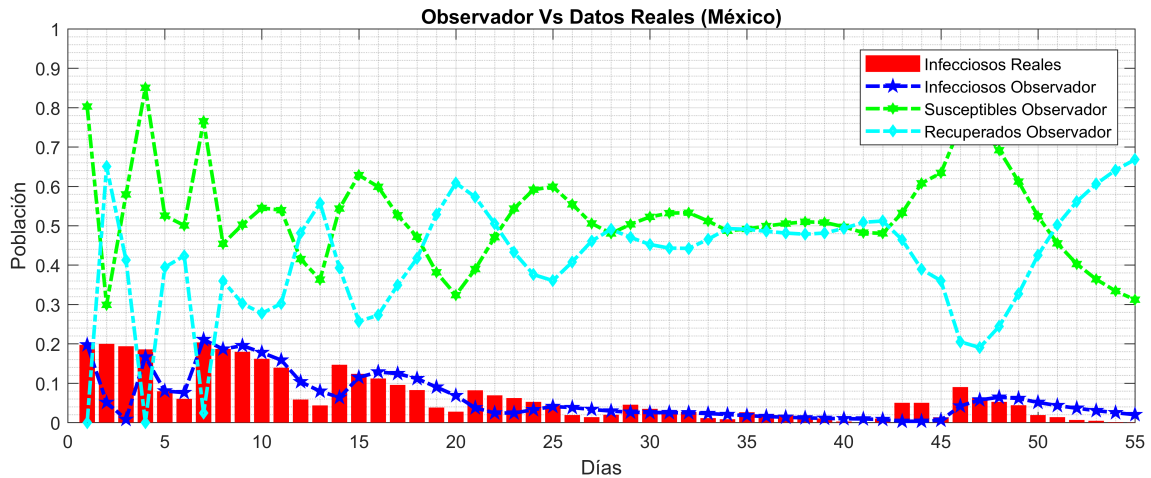


Figura 4.9: Simulación del observador (3.18) comparado con datos reales de la COVID-19.

En la Figura 4.9, es posible observar que el comportamiento obtenido por medio del observador ajustado de manera empírica se apega adecuadamente a los datos reales correspondientes a los casos confirmados reportados por la OMS. Obteniendo un Error Cuadrático Medio (ECM) de 2.5712 % en la dinámica de infecciosos. Además, es posible observar que solo con la información disponible, se estiman las dinámicas de Susceptibles y Recuperados con la ayuda del observador de estado, manteniéndose siempre la población constante.

#### 4.2.2. 1ra propuesta de observador para modelo SIR con tres retardos

En este apartado se presentan algunas simulaciones utilizando el modelo matemático epidemiológico propuesto con tres retardos, así como su observador correspondiente, presentados en el Capítulo 3, los cuales son ajustados de acuerdo a los datos oficiales de la población de México, reportados por la OMS [71], para ilustrar el comportamiento de la evolución de la pandemia en este país y poder ejemplificar la aplicación de los observadores de estado en la epidemiología matemática. Dichas simulaciones, son realizadas por medio de Matlab<sup>®</sup> y siguiendo el procedimiento planteado en la Subsección 3.2.2.

Para ello, considere el modelo SIR epidémico propuesto con tres retardos de la forma (3.1), así como los datos registrados por la OMS del 13 de enero al 8 de marzo de 2022, ventana de tiempo en la que tuvo lugar la variante Ómicron del virus SARS-CoV-2. Aquí,  $N = 350000$  es la población total, de la cual  $S_0 = I_0 - R_0$ ,  $I_0 = 69025/N$  y  $R_0 = 0$  son las condiciones iniciales normalizadas de la población Susceptible, Infecciosa y Recuperada, respectivamente. Cabe recordar que las condiciones iniciales son funciones debido a que se tiene en cuenta el valor de los retardos. Los valores de la tasa de infección  $\beta$ , el recíproco del tiempo promedio de recuperación  $\gamma$ , el tiempo promedio de pérdida de inmunidad  $\alpha$ , así como el valor de los retardos  $\tau_1$ ,  $\tau_2$  y  $\tau_3$ , son dados en la Tabla 4.8.

$\beta$	$\gamma$	$\alpha$	$\tau_1$	$\tau_2$	$\tau_3$
0.059	0.081	0.0018	3	5	6

Tabla 4.8: Valores  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $\alpha$ ,  $\tau_1$ ,  $\tau_2$  y  $\tau_3$  para el modelo SIR (3.1).

En la Figura 4.10, es posible observar que el comportamiento obtenido por medio del modelo, utilizando los valores de la Tabla 4.8, se apega a los datos reales correspondientes a los casos confirmados reportados por la OMS. Obteniendo un ECM del 3.50 %.

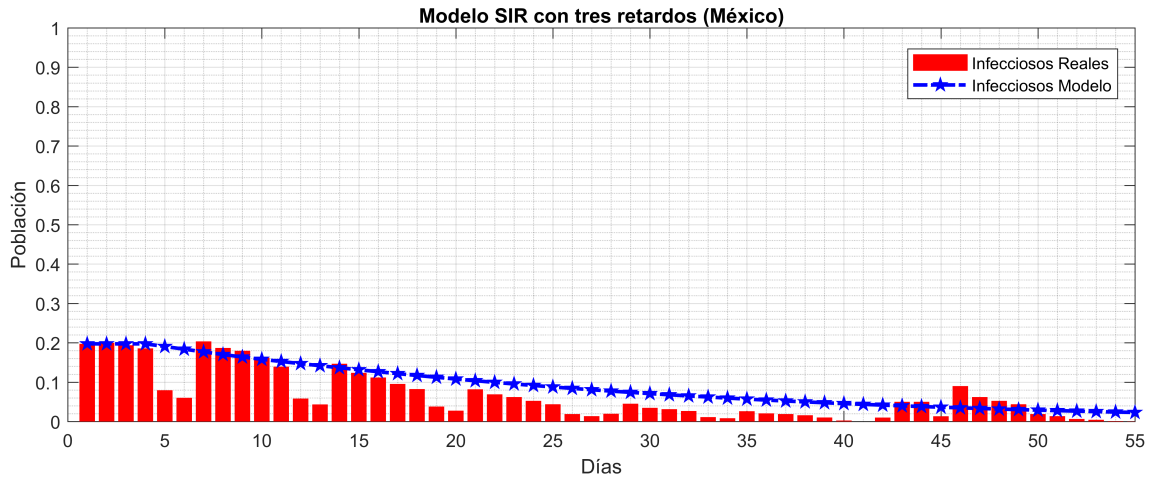


Figura 4.10: Simulación del modelo *SIR* (3.1) empleando  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $\alpha$ ,  $\tau_1$ ,  $\tau_2$  y  $\tau_3$  dados en la Tabla 4.8.

Al utilizar los mismos datos de la Tabla 4.8 para alimentar al observador, es posible corroborar que la dinámica del observador es igual a la obtenida por el modelo, esto, debido a que se trata de una copia del mismo. Mas aún, al comparar las estimaciones obtenidas en la Figura 4.11 por el observador y el modelo, se obtiene un ECM igual a cero.

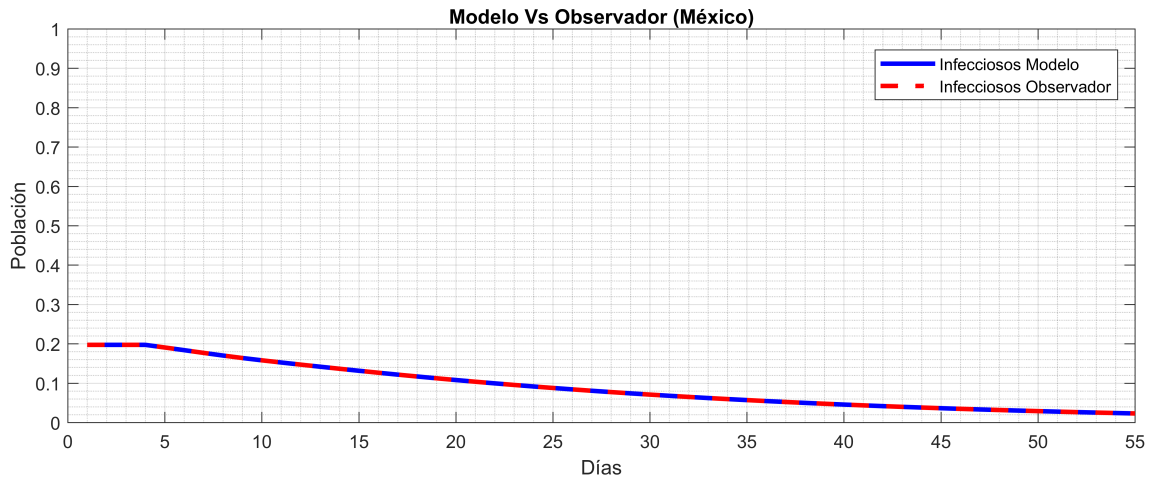


Figura 4.11: Simulación del modelo *SIR* (3.1) y del observador (3.19) empleando  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $\alpha$ ,  $\tau_1$ ,  $\tau_2$  y  $\tau_3$  dados en la Tabla 4.8.

Por último, alimentando al observador con los datos reales, correspondientes a los datos de las personas confirmadas registrados por la OMS, y utilizando los valores para

las ganancias igual a  $L_1 = -1.108$ ,  $L_2 = 0.998$  y  $L_3 = 0.11$ , se obtiene como resultado las dinámicas de la Figura 4.12.

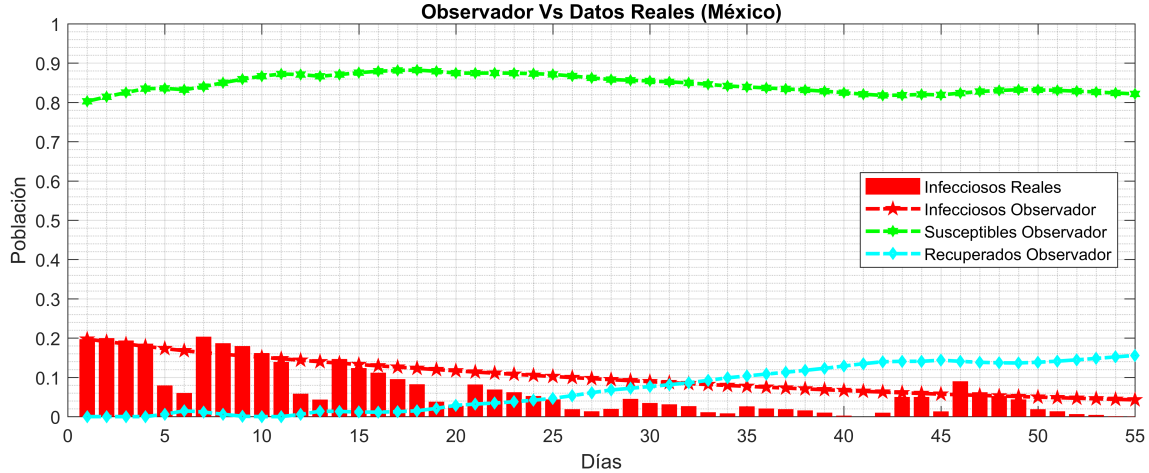


Figura 4.12: Simulación del observador (3.19) comparado con los datos reales empleando  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $\alpha$ ,  $\tau_1$ ,  $\tau_2$  y  $\tau_3$  dados en la Tabla 4.8.

En la Figura 4.12, es posible observar que solo con la información disponible, se estiman las dinámicas de Susceptibles y Recuperados con la ayuda del observador de estado. Por medio de lo cual, es posible observar que mientras los casos confirmados disminuyen, la dinámica de los recuperados aumenta. El ECM obtenido entre los datos reales de la OMS y el observador es del 4.3966 %.

### 4.2.3. 2da propuesta de observador para modelo SIR con tres retardos

En esta sección se presentan algunas simulaciones utilizando el modelo matemático epidemiológico propuesto con tres retardos, así como su observador presentado en el Capítulo 3. Aquí el observador es alimentado con los datos oficiales de los casos confirmados en México, reportados por la OMS [71], para ilustrar el comportamiento de la evolución de la pandemia en este país y poder ejemplificar la aplicación de los observadores de estado en la epidemiología matemática para la reconstrucción completa de la dinámica compartimental. Dichas simulaciones, son realizadas por medio de Matlab®.

#### 4.2.3.1. Solución de la LMI: 2da propuesta

Una vez realizado el análisis de convergencia del error de observación y obtenida la LMI de la forma (3.30), en este apartado se procede a darle solución a la LMI utilizando

la herramienta Sedumi dentro del Software Matlab. Para ello se utilizan los valores de  $A$  y  $C$ , dados en (3.23). Los valores con los que se alimenta a la LMI son:  $A = \begin{bmatrix} 0 & 1 \\ 0 & 0 \end{bmatrix}$  y  $C = [1 \ 0]$ , con la finalidad de obtener los valores de las matrices  $P$  y  $R$ . Los valores obtenidos para estas matrices son:

$$P = \begin{bmatrix} 0.3648 & -0.1517 \\ -0.1517 & 0.3648 \end{bmatrix},$$

$$R = \begin{bmatrix} 0.3303 \\ 0.3648 \end{bmatrix},$$

con los cuales es posible encontrar los valores que contiene el vector de ganancias  $L$ , como sigue

$$L = P^{-1}R = \begin{bmatrix} 1.5979 \\ 1.6646 \end{bmatrix}, \quad (4.2)$$

observando que se cumple que son positivos. Redomando la LMI (3.30), la cual se nombra como  $W$  y sustituyendo los valores encontrados, se obtiene como resultado que

$$W = \begin{bmatrix} -0.6607 & 0 \\ 0 & -0.3034 \end{bmatrix},$$

donde es posible observar que la diagonal principal es negativa, pudiendo notar que se cumple que  $W < 0$ , sin embargo, para corroborar que  $W$  es definida negativa, se obtienen sus valores propios, obteniendo como resultado los siguientes:

$$\lambda_W = \begin{bmatrix} -0.6607 \\ -0.3034 \end{bmatrix},$$

comprobando que todos son negativos, por lo que cumple que

$$A^T P + P A - C^T R^T - R C < 0, \quad P > 0,$$

dando pauta a que el error de observación va a converger a cero a lo largo de las trayectorias del sistema.

#### 4.2.3.2. Simulación del observador: 2da propuesta

En este apartado, considere el observador de la forma (3.31), así como el modelo con tres retardos reducido (3.20), con los cuales se realiza la simulación del observador para observar que tan rápido se apegue a la dinámica obtenida por el modelo. Aquí,  $N = 350000$  es la población total, de la cual  $S_0 = 1 - I_0 - R_0$ ,  $I_0 = 69025/N$  y  $R_0 = 0$  son las condiciones

iniciales normalizadas del modelo, correspondientes de la población Susceptible, Infecciosa y Recuperada, respectivamente. Las condiciones iniciales del observador son  $\hat{S}_0 = 1 - \hat{I}_0 - \hat{R}_0$ ,  $\hat{I}_0 = 0.225$  y  $\hat{R}_0 = 0.05$ . Aquí, se considera que la tasa de infección es  $\beta = 0.199$ , el recíproco del tiempo promedio de recuperación es  $\gamma = 0.085$  y el recíproco del tiempo promedio de pérdida de inmunidad es  $\alpha = 0.02$ . Las ganancias  $L$ , son dadas en (4.2).

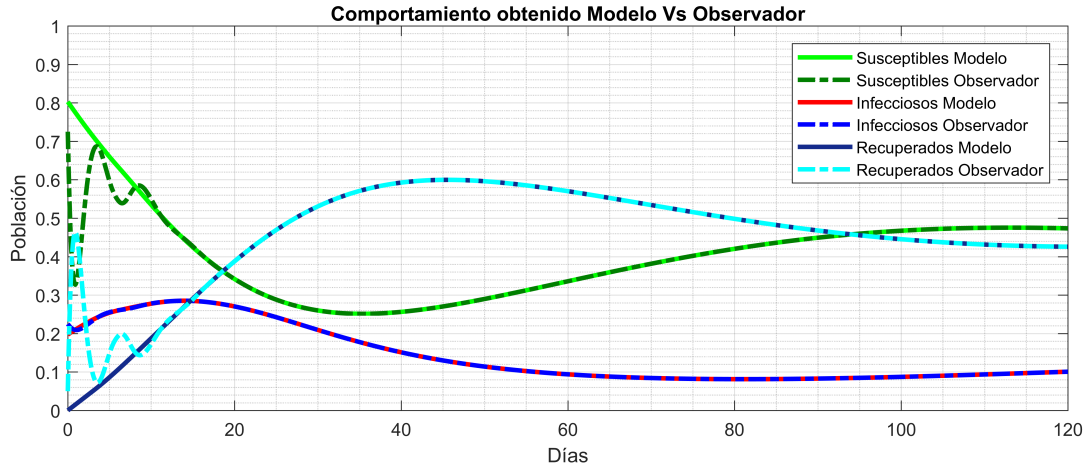


Figura 4.13: Simulación del observador (3.31) comparado con el modelo SIR con tres retardos reducido (3.20).

En la Figura 4.13, es posible observar que el comportamiento obtenido por medio del observador se aproxima correctamente, a la dinámica obtenida por medio del modelo (3.20), utilizando los valores previamente mencionados. En donde es posible apreciar que el observador estima adecuadamente las dinámicas obtenidas por medio del modelo, obteniendo un ECM de 0.9289 %, 0.0241 % y 0.9284 % en las dinámicas observadas de Susceptibles, Infecciosos y Recuperados, respectivamente.

Ahora, se analiza el comportamiento del observador alimentándolo con datos reales de la pandemia de la COVID-19 correspondientes a los casos confirmados de Infecciosos, para ello, considere el observador de la forma (3.18), así como los datos registrados por la OMS del 13 de enero al 8 de marzo de 2022, ventana de tiempo en la que tuvo lugar el virus SARS-CoV-2. Aquí,  $N = 350000$  es la población total, de la cual  $\hat{S}_0 = 1 - \hat{I}_0 - \hat{R}_0$ ,  $\hat{I}_0 = 69025/N$  y  $\hat{R}_0 = 0$  son las condiciones iniciales normalizadas del observador, correspondientes de la población Susceptible, Infecciosa y Recuperada, respectivamente. Aquí, se considera que  $\beta = 0.559$ ,  $\gamma = 0.065$  y  $\alpha = 0.11$  y las ganancias  $L$ , dadas en (4.2).

En la Figura 4.14, es posible observar que el comportamiento obtenido por medio del observador ajustado de manera empírica los valores de  $\beta$ ,  $\gamma$  y  $\alpha$ , se apega adecuadamente a los datos reales correspondientes a los casos confirmados reportados por la OMS. Obteniendo

un Error Cuadrático Medio (ECM) del 1.0602% en la dinámica de infecciosos. Además, es posible observar que solo con la información disponible, se estiman las dinámicas de Susceptibles y Recuperados con la ayuda del observador de estado, manteniéndose siempre la población constante.

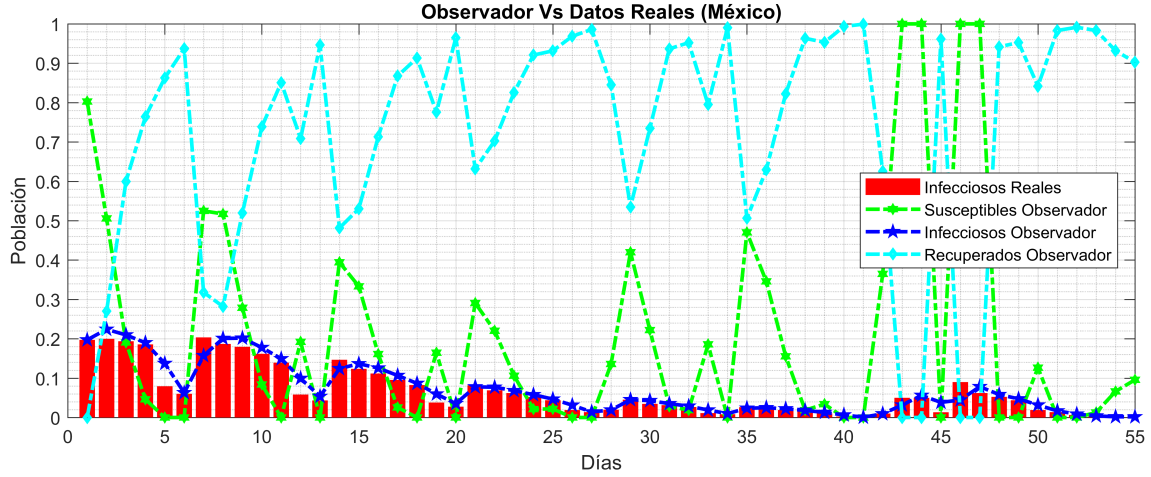


Figura 4.14: Simulación del observador (3.31) comparado con datos reales de la COVID-19.

**Observación 19.** *Observe que utilizar un modelo con retardos para el diseño del observador y análisis de convergencia del error de observación es mejor que utilizar un modelo con retardos, ya que es posible obtener una mejor estimación utilizando datos reales de alguna enfermedad, además que las ganancias  $L$  pueden obtenerse por medio de la LMI, mismas que se utilizan para su simulación sin necesidad de hacer un ajuste empírico de las ganancias.*

#### 4.2.4. 3ra propuesta de observador para modelo SIR con tres retardos

En esta sección se presentan algunas simulaciones utilizando el modelo matemático epidemiológico propuesto con tres retardos, así como el observador (3.61) presentado en el capítulo 3. Aquí el observador es alimentado con los datos oficiales de los casos confirmados en México, reportados por la OMS [71], para ilustrar el comportamiento de la evolución de la pandemia en este país y poder ejemplificar la aplicación de los observadores de estado en la epidemiología matemática para la reconstrucción completa de la dinámica compartimental. Dichas simulaciones, son realizadas por medio de Matlab<sup>®</sup>.

##### 4.2.4.1. Solución de la LMI: 3ra propuesta

Se procedió a programar la LMI (3.56) en el solver sedumi para comprobar que la parte nominal  $\dot{e}(t) = (A_0 - L_0C)e(t) + (A_1 - L_1C)e(t - \tau_1) + (A_2 - L_2C)e(t - \tau_2) + (A_3 - L_3C)e(t - \tau_3)$

converge a cero. Tomando como salida,

$$C = [0 \ 1].$$

Para verificar que la parte nominal sea estable, se fijan los retardos  $\tau_1 = 3$ ,  $\tau_2 = 5$ ,  $\tau_3 = 6$  y se propone a  $b = 0.01$ , obteniendo las matrices  $P$ ,  $Q_1$ ,  $Q_2$  y  $Q_3$  simétricas positivas siguientes:

$$P = \begin{bmatrix} 0.587988168164896e^2 & -2.144643928500998e^2 \\ -2.144643928500998e^2 & 8.258168537304432e^2 \end{bmatrix},$$

$$Q_1 = \begin{bmatrix} 0.236143255886145 & 1.464513070255975 \\ 1.464513070255975 & 69.442531585645469 \end{bmatrix},$$

$$Q_2 = \begin{bmatrix} 0.281368876355370 & 0.761817780813248 \\ 0.761817780813248 & 42.910516939833691 \end{bmatrix},$$

$$Q_3 = \begin{bmatrix} 0.214663692699667 & 0.545682411167953 \\ 0.545682411167953 & 33.146936135105236 \end{bmatrix},$$

así como

$$R_0 = \begin{bmatrix} 3.418117042392057 \\ 91.635083303447047 \end{bmatrix}, \quad R_1 = \begin{bmatrix} 17.769633079658362 \\ -76.923672372585486 \end{bmatrix},$$

$$R_2 = \begin{bmatrix} 0.487366400967261 \\ -3.698866999907665 \end{bmatrix}, \quad y \quad R_3 = \begin{bmatrix} -23.312326804009487 \\ 76.753034484667623 \end{bmatrix}.$$

Los valores de las ganancias  $L_0$ ,  $L_1$ ,  $L_2$  y  $L_3$  obtenidas, son:

$$L_0 = \begin{bmatrix} 8.772254489150619 \\ 2.389114859224827 \end{bmatrix}, \quad L_1 = \begin{bmatrix} -0.711502980802110 \\ -0.277925700019998 \end{bmatrix},$$

$$L_2 = \begin{bmatrix} -0.152532382446566 \\ -0.044091654979925 \end{bmatrix}, \quad y \quad L_3 = \begin{bmatrix} -1.089318638582646 \\ -0.189953771530147 \end{bmatrix}. \quad (4.3)$$

Para verificar que la LMI (3.56) sea definida negativa, se sustituyen los valores obtenidos en la LMI siguiente:

$$W = \begin{bmatrix} \Theta_{1,1} + 2bP & (*) & (*) & (*) \\ \Theta_{2,1} & \Theta_{2,2} & (*) & (*) \\ \Theta_{3,1} & 0 & \Theta_{3,3} & (*) \\ \Theta_{4,1} & 0 & 0 & \Theta_{4,4} \end{bmatrix}.$$

Es posible verificar que es definida negativa por medio de la obtención de los valores propios de  $W$  para verificar que  $\dot{v}(e_t) + 2bv(e_t) < 0$ . Los valores propios obtenidos son los siguientes:

$$\lambda_W = \begin{bmatrix} -66.5336 \\ -40.4260 \\ -35.9342 \\ -12.0851 \\ -0.2473 \\ -0.2164 \\ -0.1917 \\ -0.1781 \end{bmatrix},$$

garantizando que  $\dot{v}(e_t) + 2bv(e_t) < 0$ .

#### 4.2.4.2. Simulación del observador: 3ra propuesta

En este apartado, considere el observador de la forma (3.61), así como el modelo con tres retardos (3.1), con los cuales se realiza la simulación del observador para visualizar que tan rápido se apega a la dinámica obtenida por el modelo. Aquí,  $N = 350000$  es la población total, de la cual  $S_0 = 1 - I_0 - R_0$ ,  $I_0 = 69025/N$  y  $R_0 = 0$  son las condiciones iniciales normalizadas del modelo, correspondientes de la población Susceptible, Infecciosa y Recuperada, respectivamente. Las condiciones iniciales del observador son  $\hat{S}_0 = 1 - \hat{I}_0 - \hat{R}_0$ ,  $\hat{I}_0 = 0.225$  y  $\hat{R}_0 = 0.05$ . Aquí, se considera que la tasa de infección es  $\beta = 0.199$ , el recíproco del tiempo promedio de recuperación es  $\gamma = 0.085$  y el recíproco del tiempo promedio de pérdida de inmunidad es  $\alpha = 0.02$ . Los valores de los retardos considerados son  $\tau_1 = 3$ ,  $\tau_2 = 5$  y  $\tau_3 = 6$ . Las ganancias de  $L_0$ ,  $L_1$ ,  $L_2$  y  $L_3$ , son dados en (4.3).

En la Figura 4.15, es posible observar que el comportamiento obtenido por medio del observador se aproxima correctamente, a la dinámica obtenida por medio del modelo (3.1), utilizando los valores previamente mencionados. En donde es posible observar que el observador estima adecuadamente las dinámicas obtenidas por medio del modelo, obteniendo un ECM de 0.8145 %, 0.0318 % y 0.7858 % en las dinámicas observadas de Susceptibles, Infecciosos y Recuperados, respectivamente.

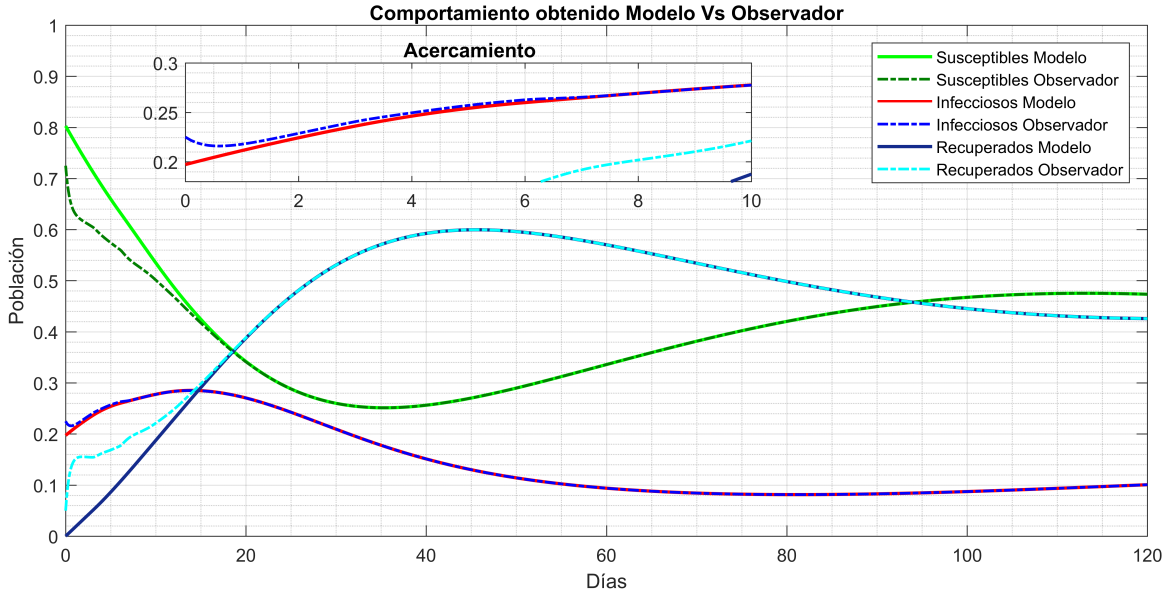


Figura 4.15: Simulación del observador (3.61) comparado con el modelo SIR con tres retardos (3.1).

Ahora, se analiza el comportamiento del observador alimentándolo con datos reales de Infecciosos de la pandemia de la COVID-19, para ello, considere el observador de la forma (3.61), así como los datos registrados por la OMS del 13 de enero al 8 de marzo de 2022, ventana de tiempo en la que tuvo lugar el virus SARS-CoV-2. Aquí,  $N = 350000$  es la población total, de la cual  $\hat{S}_0 = 1 - \hat{I}_0 - \hat{R}_0$ ,  $\hat{I}_0 = 69025/N$  y  $\hat{R}_0 = 0$  son las condiciones iniciales normalizadas del modelo, correspondientes de la población Susceptible, Infecciosa y Recuperada, respectivamente. Aquí, se considera que la tasa de infección es  $\beta = 0.199$ , el recíproco del tiempo promedio de recuperación es  $\gamma = 0.085$  y el recíproco del tiempo promedio de pérdida de inmunidad es  $\alpha = 0.02$ . Los valores de los retardos considerados son  $\tau_1 = 3$ ,  $\tau_2 = 5$  y  $\tau_3 = 6$ . Las ganancias de  $L_0$ ,  $L_1$ ,  $L_2$  y  $L_3$ , son dados en (4.3).

En la Figura 4.16, es posible observar que el comportamiento obtenido por medio del observador se apega adecuadamente a los datos reales correspondientes a los casos confirmados reportados por la OMS. Obteniendo un Error Cuadrático Medio (ECM) de 2.4888% en la dinámica de infecciosos. Además, es posible observar que solo con la información disponible, se estiman las dinámicas de Susceptibles y Recuperados con la ayuda del observador de estado, manteniéndose siempre la población constantes.

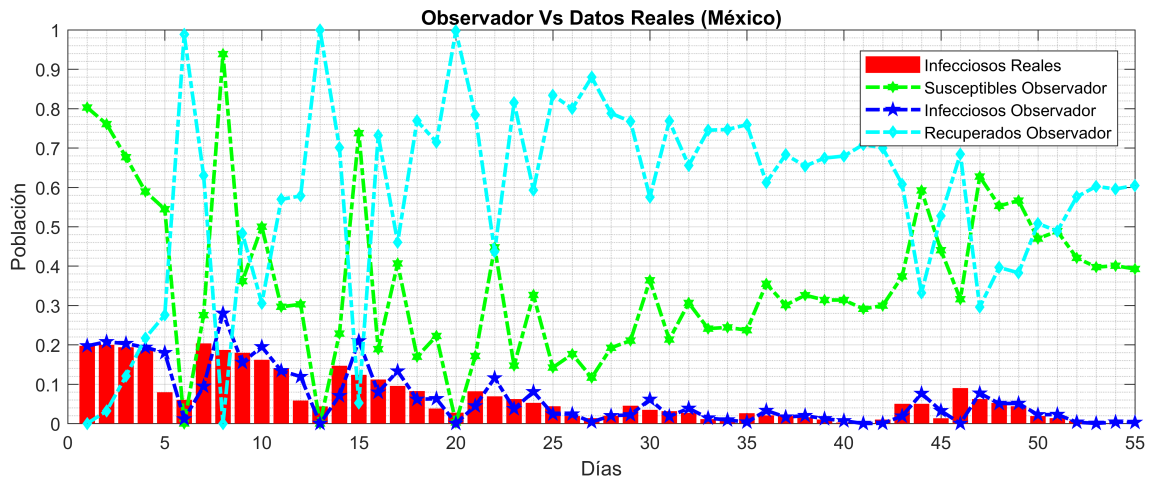


Figura 4.16: Simulación del observador (3.61) comparado con datos reales de la COVID-19.

### 4.3. Comparación/discusión

En la sección anterior se realizó la simulación de los observadores diseñados en el capítulo 3, dentro de los cuales se encuentra uno para el modelo clásico de Kermack y McKendrick y tres propuestas de observadores para el modelo con tres retardos. Las simulaciones presentadas en la sección anterior correspondientes a los observadores de estado, proporcionan estimaciones adecuadas de la dinámica de infecciosos, sin embargo cada una de ellas presenta cierta discrepancia entre los datos reales y los estimados, lo cual se cuantifica por medio del Error Cuadrático Medio (ECM). En la Tabla 4.9 se presenta una recopilación de los ECM obtenidos de los observadores diseñados dados en (3.18), (3.19), (3.31) y (3.61).

ECM	Sin Retardos	1ra Propuesta	2da Propuesta	3ra Propuesta
Infecciosos	2.5712 %	4.3966 %	1.0602 %	2.4888 %

Tabla 4.9: Comparación de los ECM obtenidos de los observadores diseñados.

Por medio de la Tabla 4.9 es posible comparar los ECM obtenidos, donde se observa que la 2da propuesta de observador de estado para el modelo con tres retardos es la que proporciona una discrepancia menor entre los datos reales y los estimados en la ventana de tiempo comprendida del 13 de enero al 8 de marzo de 2022. Sin embargo cabe señalar que se trata de la propuesta que utiliza álgebra de Lie con retardos para transformar al sistema no lineal a uno con parte nominal en donde los retardos desaparecen, por lo que el análisis de convergencia del error de observación se hace por medio de una función de

Lyapunov y no por medio de una funcional como se esperaría al trabajar con sistemas retardados.

Si se ordenan de menor a mayor los ECM obtenidos, es posible observar que los observadores correspondientes al modelo sin retardos y a la 1ra propuesta, se encuentran por encima del observador diseñado por medio del enfoque propuesto. Sin embargo, cabe mencionar que para obtener dinámicas adecuadas correspondientes a la población de infecciosos por medio de los observadores tales como las que se muestran en la Figura 4.17 para el caso sin retardos y para la 1ra propuesta fue necesario hacer un ajuste empírico de las ganancias del observador, dado que utilizando los valores obtenidos por medio de sus análisis correspondientes no fue posible obtener dinámicas aceptables. Mientras que por medio del análisis del observador de la 3ra propuesta si fue posible obtener las ganancias utilizadas para la simulación de manera computacional por medio de la solución de su LMI sin necesidad de hacer un ajuste empírico de ellas. Además es importante mencionar que utilizando el nuevo enfoque planteado en el diseño del observador de la 3ra propuesta, es posible llevar un sistema no lineal a uno con parte nominal lineal y parte no lineal retardada, logrando que el análisis de convergencia se realice por medio de funcionales de Lyapunov-Krasovskii, además de mantener los retardos en el modelado del observador, es decir, el análisis se empieza con un modelo de tres retardos y el observador diseñado también contiene los mismos tres retardos.

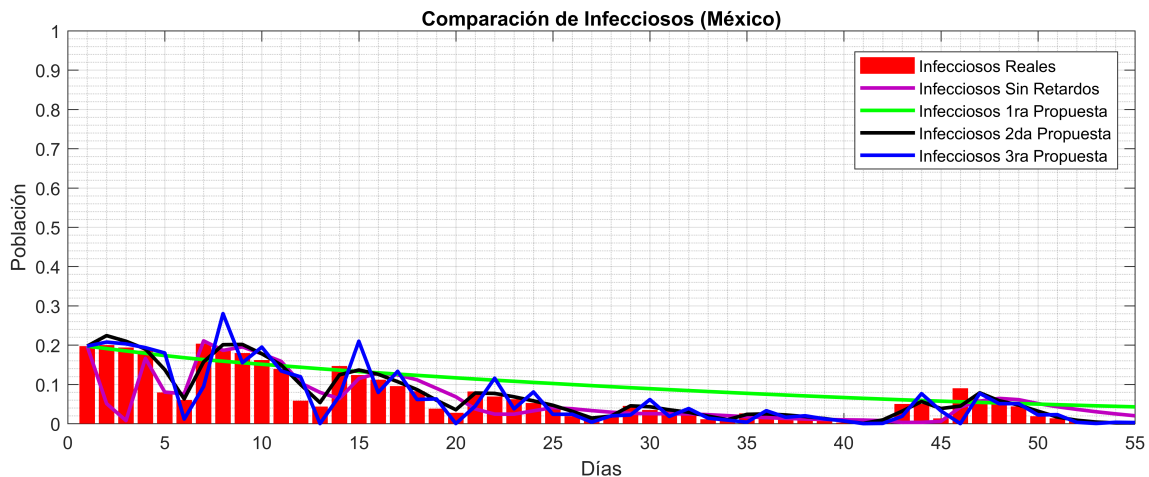


Figura 4.17: Comparación de la dinámica de infecciosos de los observadores (3.18), (3.19), (3.31) y (3.61).

En la Figura 4.17 es posible observar gráficamente el comportamiento de los observadores de estado en comparación con los datos reales de infecciosos de la COVID-19, donde es claro que todos se logran aproximar de forma correcta, mientras que el observador sin

retardos en los primeros cinco días de simulación tiene un error más notorio a diferencia de los demás. Las dinámicas de las poblaciones de Susceptibles y Recuperados se pueden observar en las Figuras 4.18 y 4.19, respectivamente.

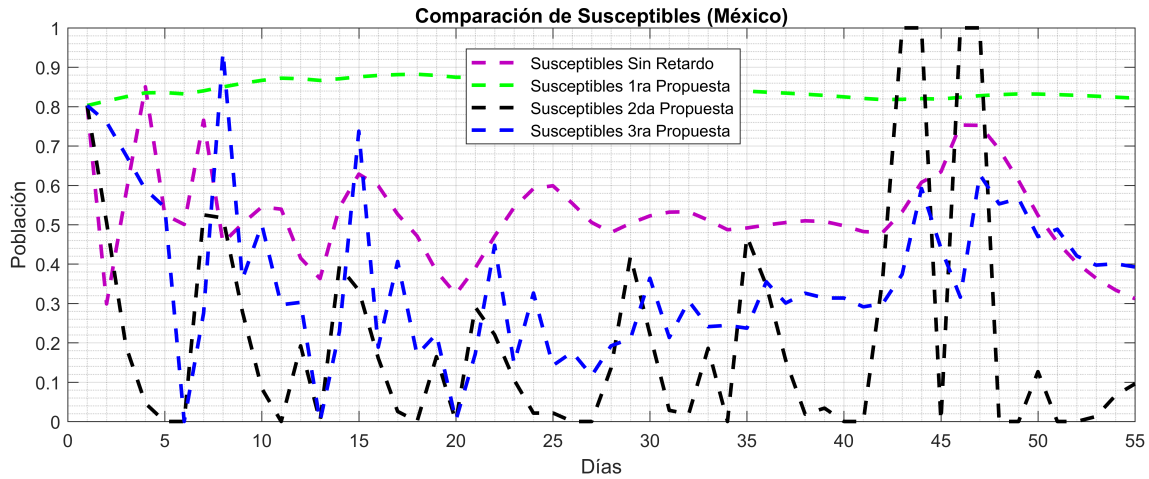


Figura 4.18: Comparación de la dinámica de Susceptibles de los observadores (3.18), (3.19), (3.31) y (3.61).

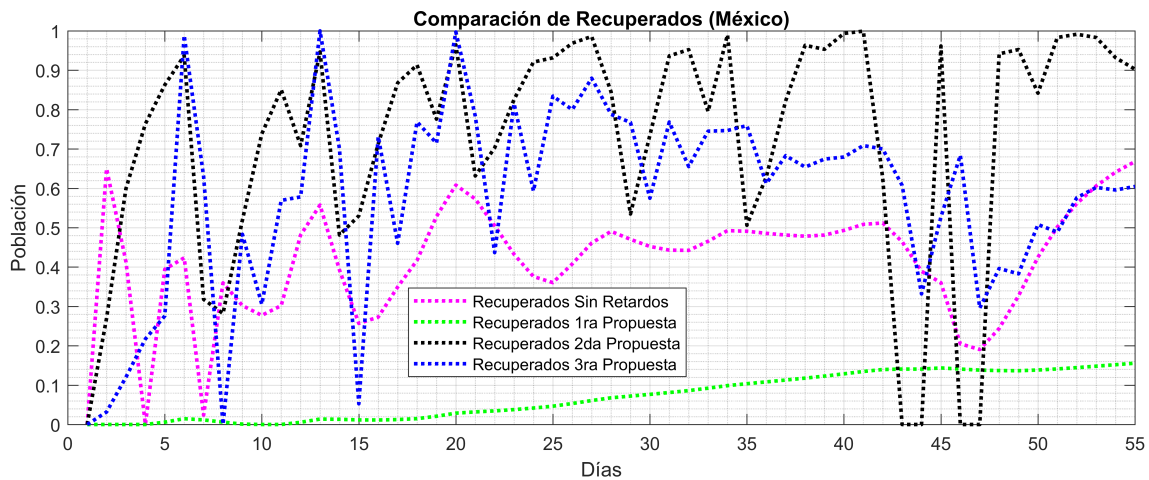


Figura 4.19: Comparación de la dinámica de recuperados de los observadores (3.18), (3.19), (3.31) y (3.61).

Es claro que las dinámicas reconstruidas de Susceptibles y Recuperados obtenidas por los distintos observadores a partir de la dinámica de infecciosos, presentan diferencias significativas debido a que se trata de distintos diseños de observadores y las ganancias

para cada uno de ellos son distintas. Donde es notorio que existe una correspondencia entre ambas dinámicas ya que es posible observar que mientras los Susceptibles aumentan, los Recuperados disminuyen y viceversa. En la siguiente sección se dan las conclusiones obtenidas del presente capítulo.

## 4.4. Conclusiones

Por medio de la aplicación de modelos *SIR* sin y con retardos a la población de México para estimar el comportamiento de la COVID-19 en distintas ventanas de tiempo, es posible concluir que los modelos matemáticos son herramientas muy utilizadas que proporcionan una estimación al considerar los valores de los parámetros adecuados en cada simulación. También, es claro que los modelos con retardos son de gran utilidad porque contemplan de mejor manera lo que ocurre con el proceso infeccioso. En ocasiones, estos modelos permiten determinar de manera más cercana las dinámicas de las poblaciones consideradas, lo cual puede coadyuvar a la toma de decisión e intervenciones adecuadas que pueden verse reflejadas en la reducción de personas infectadas/infecciosas. Como una contribución, se propone un modelo matemático tipo *SIR* que contempla tiempos muertos de incubación, de recuperación y pérdida de inmunidad, por medio de cual se realizaron algunas simulaciones, mostrando que el añadir la pérdida de inmunidad en el modelo es adecuado. Para compensar la falta de información que existe por parte de las organizaciones de la salud y poder dar una mejor estimación de lo que ha ocurrido, es posible utilizar herramientas de sistemas de control, como los observadores de estado, con la finalidad de poder estimar los compartimentos poblacionales no reportados por las organizaciones de salud y con ello medir la gravedad de la enfermedad, cuantificar sus incidencias en una población completamente susceptible y poder ayudar a la toma de decisiones, con el apoyo de las estimaciones que se obtienen.

Aquí, el modelo se utiliza para poder identificar aquellos parámetros no conocidos y buscar seguir la trayectoria real que la enfermedad en cuestión ha seguido. Con los valores que se obtienen para los parámetros y los datos reales de los casos confirmados, es posible observar que se reconstruyen las dinámicas no reportadas, es decir la de Susceptibles y Recuperados. Mismas que, dan un mejor panorama de como al disminuir el número de casos confirmados y susceptibles, el número de recuperados aumenta. Sin embargo, la población siempre se mantiene cerrada, siendo esta igual a la población inicial durante todo el tiempo de simulación.

En cuando al diseño de observadores utilizando álgebra de Lie y el enfoque propuesto se encontraron algunas diferencias significativas obtenidas a lo largo de la tesis. Al utilizar álgebra de Lie para el diseño y análisis del observador, se tiene que:

- Transforma un sistema no lineal a uno con parte nominal.

- Al partir de un sistema con retardos, el sistema con parte nominal obtenido desprecia los retardos.
- No existe dependencia de los parámetros del modelo en las matrices obtenidas para el sistema nominal.
- El observador de estado en las nuevas coordenadas no presenta retardos.
- La convergencia del error de observación se analiza por medio de funciones de Lyapunov.

Mientras que utilizando el enfoque propuesto se percibió lo siguiente:

- Transforma un sistema no lineal a uno con parte nominal y retardada.
- Al partir de un sistema con retardos, el sistema con parte retardada obtenido contiene los mismos retardos del modelo que se parte.
- Existe dependencia de los parámetros del modelo en las matrices obtenidas para el sistema nominal y retardado.
- El observador de estado en las nuevas coordenadas presenta el mismo número de retardos que el modelo original.
- La convergencia del error de observación se analiza por medio de funcionales de Lyapunov-Krasovskii.



# Capítulo 5

## Conclusiones y trabajo futuro

En este capítulo se presentan las conclusiones obtenidas a lo largo de la elaboración del presente trabajo de tesis.

### 5.1. Conclusiones

Existe una amplia variedad de modelos *SIR* que permiten describir el comportamiento de la dinámica de una enfermedad infecciosa por medio de ecuaciones diferenciales ordinarias o retardadas, y con ello poder tomar decisiones que permitan controlar o erradicar un enfermedad en un lugar específico. Los modelos *SIR* representan la interacción entre los compartimentos poblacionales. En general la cantidad de individuos pertenecientes a un compartimento no siempre es conocida. Además, la cantidad de individuos cambia según la propagación de la enfermedad. De manera que, surge la necesidad de diseñar observadores para poder estimar dichas variables no reportadas y con ello reconstruir completamente la dinámica compartimental de una enfermedad infecciosa.

Además, por medio de la aplicación del modelo *SIR* sin y con retardos a la población de México para estimar el comportamiento del COVID-19 en distintas ventanas de tiempo, es posible concluir que los modelos matemáticos son herramientas muy utilizadas que proporcionan un descripción del comportamiento dinámico de una enfermedad infecciosa, al considerar los valores de los parámetros adecuados en cada simulación. Los parámetros pueden ser calculados o estimados por medio de herramientas de identificación paramétrica, como el algoritmo de mínimos cuadrados, que disminuye el ECM entre los datos reales y los estimados.

Los modelos con retardos son de gran utilidad porque contemplan de mejor manera lo que ocurre con el proceso infeccioso. Estos modelos permiten determinar de manera más cercana las dinámicas de las poblaciones consideradas, lo cual puede coadyuvar a la

toma de decisión e intervenciones adecuadas que pueden verse reflejadas en la reducción de personas infectadas/infecciosas en el mejor de los casos. Estos modelos también permiten evaluar la eficacia de las vacunas.

Un punto a destacar es que a lo largo del desarrollo de la tesis, se observa que no existe una metodología universal para trabajar con este tipo de modelos, los cuales son de naturaleza no lineal, por lo que su análisis es complicado. Observe que existen herramientas para transformar al sistema no lineal a uno con parte nominal como es el álgebra de Lie, sin embargo, esta metodología no es adecuada cuando se trabaja con sistemas retardados y se quiere analizar su convergencia por medio de FLK.

Por medio de las simulaciones realizadas para estimar el comportamiento de la COVID-19, se puede verificar que por medio del modelo propuesto con retardos es posible obtener un menor ECM en cuanto a la dinámica de infecciosos en comparación con los demás modelos utilizados, lo que hace pensar que el añadir un parámetro que represente la pérdida de inmunidad es adecuado. Cabe señalar que las comparaciones son para un conjunto de datos (incluyendo el tamaño de la población y los parámetros) que no corresponden al total de los casos confirmados de la población de México, ya que son datos que permiten hacer una comparación en el curso temporal de las dinámicas. Sólo los datos de la OMS que se utilizan son reales; los datos de  $N$ ,  $S_0$ ,  $I_0$  y  $R_0$  son artificiales y seleccionados para poder comparar.

Si bien, es notorio que ningún modelo matemático corresponde completamente a la dinámica real representada por los datos reportados por la OMS, también es claro que el desarrollo y el análisis de modelos matemáticos que representen fielmente dicho comportamiento real es tan complejo como la comprensión completa de todas y cada una de las variables y los parámetros involucrados, sobre todo el comportamiento humano. Sin embargo, los modelos matemáticos son una de las herramientas más poderosas que se pueden emplear para tratar de describir la dinámica de la transmisión de la COVID-19 y alguna otra enfermedad infecciosa. Por otro lado, es notorio que los observadores de estado permiten la reconstrucción completa de la dinámica compartimental de una enfermedad infecciosa, por medio de la información disponible, es decir los datos reales de los casos confirmados. Aquí, se reconstruyen las dinámicas de la población de susceptibles y recuperados por medio del empleo de un observador de estado, proporcionando un mejor panorama de como al disminuir el número de casos confirmados y susceptibles, el número de recuperados aumenta y viceversa. La población siempre se mantiene cerrada, siendo esta igual a la población inicial durante todo el tiempo de simulación. Los individuos que fallecen en la población, son considerados en el compartimento de los Recuperados dado que no afectan en la dinámica de propagación de la enfermedad.

## 5.2. Trabajo futuro

Como continuación de este trabajo de tesis, existen diversas líneas de investigación que quedan abiertas y en las que es posible continuar trabajando para mejorarse. Algunas de ellas, están más directamente relacionadas con este trabajo de tesis y son el resultado de cuestiones que han ido surgiendo durante la realización de la misma. A continuación se presentan algunos trabajos futuros que pueden desarrollarse como resultado de esta investigación. Entre los posibles trabajos futuros se destacan:

- Mejorar el diseño del modelo propuesto con tres retardos para describir más adecuadamente el proceso infeccioso de una enfermedad infecciosa en sus compartimentos poblacionales.
- Formalizar el enfoque propuesto utilizado en esta tesis para transformar un sistema no lineal con retardos a uno con parte nominal lineal y parte no lineal retardada, pensando en que pueda ser utilizado/aplicado para la mayoría de sistemas no lineales con retardos.
- Desarrollar un observador adaptable que pueda ajustar los parámetros del sistema de forma automática.

# Bibliografía

- [1] PAHO. Glosario sobre brotes y epidemias. <https://www.paho.org/es/file/64120/download?token=M21XE-K4#:~:text=%E2%88%8E%20Brote%3A%20dos%20o%20m%C3%A1s,m%C3%A1s%20all%C3%A1%20de%20lo%20normal.>, 2022. [Web; accedido el 24-10-2022].
- [2] Instituto Nacional de Salud Pública. Glosario epidemiológico. <https://www.insp.mx/nuevo-coronavirus-2019/glosario-epidemiologico.html>, 2013. [Web; accedido el 24-10-2022].
- [3] Gonzalez. A. *Modelos de ecuaciones diferenciales para la propagación de enfermedades infecciosas*. PhD thesis, Universidad de Cantabria - Facultad de Ciencias, Diciembre 2014.
- [4] Roldán P. Modelo matemático. <https://economipedia.com/definiciones/modelo-matematico.html>, 2019. [Web; accedido el 24-10-2022].
- [5] Kermack W.O and McKendrick A.G. A contribution to the mathematical theory of epidemics. *Proceedings of the royal society of london. Series A, Containing papers of a mathematical and physical character*, 115(772):700–721, 1927.
- [6] Ridenhour B, Kowalik J, and Shay D. El número reproductivo básico ( $R_0$ ): consideraciones para su aplicación en la salud pública. *Revista Panamericana de Salud Pública*, 38(2):167–176, 2015.
- [7] Pulido S. ¿Cuál es la diferencia entre brote, epidemia y pandemia? <https://gacetamedica.com/investigacion/cual-es-la-diferencia-entre-brote-epidemia-y-pandemia/>, 2020. [Web; accedido el 14-11-2021].
- [8] Vega A. Hospitales colapsarán en enero si los contagios de covid no bajan en diciembre, alertan médicos. <https://www.animalpolitico.com/2020/12/>

- hospitales-colapsaran-enero-si-contagios-covid-no-bajan/, 2020. [Web; accedido el 13-11-2021].
- [9] Unmubig B. Las consecuencias de la pandemia del coronavirus y lo que se debería hacer. <https://bit.ly/3HiwiQH>, 2020. [Web; accedido el 13-11-2021].
- [10] Banco Mundial. La Covid-19 (coronavirus) hunde a la economía mundial en la peor recesión desde la Segunda Guerra Mundial. <https://bit.ly/30qDoC3>, 2020. [Web; accedido el 12-04-2021].
- [11] UNESCO. Covid-19: Problemas sociales y psicológicos en la pandemia. <https://es.unesco.org/news/covid-19-problemas-sociales-y-psicologicos-pandemia>, 2020. [Web; accedido el 13-11-2021].
- [12] Gupta R and Kumar A. Endemic bubble and multiple cusps generated by saturated treatment of an sir model through hopf and bogdanov–takens bifurcations. *Mathematics and Computers in Simulation*, 197:1–21, 2022.
- [13] Vargas-De-León C. On the global stability of SIS, SIR and SIRS epidemic models with standard incidence. *Chaos, Solitons & Fractals*, 44(12):1106–1110, 2011.
- [14] Anderson R and May R. Regulation and stability of Host-Parasite population interactions: I. regulatory processes. *The journal of animal ecology*, 47(1):219–247, 1978.
- [15] Anderson R and May R. *Infectious diseases of humans: dynamics and control*. Oxford university press, 1992.
- [16] Martínez-Guerra R and Cruz-Ancona C. *Algorithms of estimation for nonlinear systems*. Springer, 2017.
- [17] Hassan K. *Nonlinear systems third edition*. Prentice Hall, 2002.
- [18] Lorenzo A.F and Contrera F.J.R. Simulación de dos enfermedades epidemiológicas de República Dominicana a través del modelo SIR (original). *Roca: Revista Científico-Educaciones de la provincia de Granma*, 15(4):1–10, 2019.
- [19] Homero-Wilches-Visbal J and Castillo-Pedraza M.C. Aproximación matemática del modelo epidemiológico SIR para la comprensión de las medidas de contención contra la COVID-19. *Rev. esp. salud pública*, pages 0–0, 2020.

- 
- [20] Cumsille P, Rojas-Díaz O, de Espanés P, and Verdugo-Hernández P.M. Forecasting covid-19 chile's second outbreak by a generalized sir model with constant time delays and a fitted positivity rate. *Mathematics and Computers in Simulation*, 193:1–18, 2022.
- [21] Castaños F and Mondié S. Observer-based predictor for a SIR model with delays: An optimal-control case study. *International Journal of Robust and Nonlinear Control*, 31(11):5118–5133, 2021.
- [22] Isidori A. *Nonlinear control systems: an introduction*. Springer, 1985.
- [23] Chi-Tsong Chen. *Linear system theory and design*. Saunders college publishing, 1984.
- [24] Hespanha J.P. *Linear systems theory*. Princeton university press, 2018.
- [25] Gu K, Chen J, and Kharitonov V. *Stability of time-delay systems*. Springer Science & Business Media, 2003.
- [26] Fridman E. *Introduction to time-delay systems: Analysis and control*. Springer, 2014.
- [27] Gu K and Liu Y. Lyapunov–krasovskii functional for uniform stability of coupled differential-functional equations. *Automatica*, 45(3):798–804, 2009.
- [28] Kharitonov V. *Time-delay systems: Lyapunov functionals and matrices*. Springer Science & Business Media, 2012.
- [29] Mantz R.J. Observadores de estados. *Catedra, Departamento de electrotécnica, Facultad de ingeniería, Universidad nacional de La Plata, Argentina*, 2003.
- [30] Ogata K. *Ingeniería de control moderna*. Pearson Educación, 2003.
- [31] Mutambara A and Durrant-Whyte H. Modular scalable robot control. In *Proceedings of 1994 IEEE International Conference on MFI'94. Multisensor Fusion and Integration for Intelligent Systems*, pages 121–127. IEEE, 1994.
- [32] Mutambara A and Durrant-Whyte H. Estimation and control for a modular wheeled mobile robot. *IEEE Transactions on Control Systems Technology*, 8(1):35–46, 2000.
- [33] Kupper M, Gil I, and Hohmann S. Distributed and decentralized state estimation of fractional order systems. In *2016 American Control Conference (ACC)*, pages 2765–2771. IEEE, 2016.

- 
- [34] Hilgers P and Ament C. Distributed and decentralised estimation of non-linear systems. In *2010 IEEE International Conference on Control Applications*, pages 328–333. IEEE, 2010.
- [35] Park S and Martins N. An augmented observer for the distributed estimation problem for lti systems. In *2012 American Control Conference (ACC)*, pages 6775–6780. IEEE, 2012.
- [36] Park S and Martins N. Necessary and sufficient conditions for the stabilizability of a class of lti distributed observers. In *2012 IEEE 51st IEEE Conference on Decision and Control (CDC)*, pages 7431–7436. IEEE, 2012.
- [37] Park S and Martins N. Design of distributed lti observers for state omniscience. *IEEE Transactions on Automatic Control*, 62(2):561–576, 2016.
- [38] Mitra A and Sundaram S. An approach for distributed state estimation of lti systems. In *2016 54th Annual Allerton Conference on Communication, Control, and Computing (Allerton)*, pages 1088–1093. IEEE, 2016.
- [39] Mitra A, Sundaram S, and Shreya. Distributed observers for lti systems. *IEEE Transactions on Automatic Control*, 63(11):3689–3704, 2018.
- [40] Mitra A, Sundaram S, and Shreyas. Secure distributed observers for a class of linear time invariant systems in the presence of byzantine adversaries. In *2016 IEEE 55th Conference on Decision and Control (CDC)*, pages 2709–2714. IEEE, 2016.
- [41] Taekyoo K, Hyungbo S, and Dongil-Dan C. Distributed luenberger observer design. In *2016 IEEE 55th Conference on Decision and Control (CDC)*, pages 6928–6933. IEEE, 2016.
- [42] Han W, Trentelman H, Wang Z, and Shen Y. A simple approach to distributed observer design for linear systems. *IEEE Transactions on Automatic Control*, 64(1):329–336, 2018.
- [43] Besançon G. *Nonlinear observers and applications*, volume 363. Springer, 2007.
- [44] Bornard G, Couenne N, and Celle F. Regularly persistent observers for bilinear systems. In *New trends in nonlinear control theory*, pages 130–140. Springer, 04 1989.
- [45] Hara S and Furuta K. Minimal order state observers for bilinear systems. *International Journal of Control*, 24(5):705–718, 1976.

- 
- [46] Funahashi Y. Stable state estimator for bilinear systems. *International Journal of Control*, 29(2):181–188, 1979.
- [47] Williamson D. Observation of bilinear systems with application to biological control. *Automatica*, 13(3):243–254, 1977.
- [48] Pierre-Alexandre Bliman, Denis Efimo, and Rosane Ushirobir. A class of nonlinear adaptive observers for sir epidemic model. In *2018 European Control Conference (ECC)*, pages 1–6. IEEE, 2018.
- [49] Germani A, Manes C, and Pierdomenico P. State observation of nonlinear systems with delayed output measurements. *IFAC Proceedings Volumes*, 33(23):115–120, 2000.
- [50] Germani A, Manes C, and Pierdomenico P. A new approach to state observation of nonlinear systems with delayed output. *IEEE Transactions on Automatic Control*, 47(1):96–101, 2002.
- [51] Montesinos-López O and Hernández-Suárez C. Modelos matemáticos para enfermedades infecciosas. *Salud pública de México*, 49(3):218–226, 2007.
- [52] Vytla V, Ramakuri S, Peddi A, Srinivas K, and Ragav N. Mathematical models for predicting covid-19 pandemic: a review. In *Journal of Physics: Conference Series*, volume 1797. IOP Publishing, feb 2021.
- [53] Ávila Pozos R and Rangel-Zuñiga D. Revisión histórica sobre la Epidemiología Matemática. *Pädi Boletín Científico de Ciencias Básicas e Ingenierías del ICBI*, 4(8), 2017.
- [54] Casals M, Guzmán K, and Caylà J. Modelos matemáticos utilizados en el estudio de las enfermedades transmisibles. *Revista española de salud pública*, 83:689–695, 2009.
- [55] Hartemink N, Randolph S, Davis S, and Heesterbeek J. The basic reproduction number for complex disease systems: Defining  $R_0$  for tick-borne infections. *The American Naturalist*, 171(6):743–754, 2008.
- [56] Wang W and Xiao-Qiang Z. Basic reproduction numbers for reaction-diffusion epidemic models. *SIAM Journal on Applied Dynamical Systems*, 11(4):1652–1673, 2012.
- [57] Delamater P, Street E, Timothy L, Yang T, and Jacobsen K. Complexity of the basic reproduction number ( $r_0$ ). *Emerging infectious diseases*, 25(1):1, 2019.

- [58] Klaus D. The estimation of the basic reproduction number for infectious diseases. *Statistical methods in medical research*, 2(1):23–41, 1993.
- [59] Zarate-Siordia A. *Modelación de enfermedades infecciosas con información geográfica*. PhD thesis, Universidad Autónoma Metropolitana - Iztapalapa, División de Ciencias Básicas e Ingeniería, 38 2012.
- [60] Gómez A and Vargas C. Modeling control strategies for influenza A H1N1 epidemics: SIR models. *Revista Mexicana de Física*, 58(1):37–43, 2012.
- [61] Nesteruk I. Estimations of the coronavirus epidemic dynamics in South Korea with the use of SIR model. *Institute of Hydromechanics. National Academy of Sciences of Ukraine, Kyiv, Ukraine*, 2020.
- [62] Nesteruk I. COVID-19 pandemic dynamics in Ukraine after September 1, 2020. *Institute of Hydromechanics. National Academy of Sciences of Ukraine, Kyiv, Ukraine*, 2020.
- [63] Nesteruk I. COVID-19 pandemic dynamics in 2021. SIR simulations for Ukraine and Qatar. *Institute of Hydromechanics. National Academy of Sciences of Ukraine, Kyiv, Ukraine*, 2021.
- [64] Marco-Tulio A, Castaños F, Moreno-Morton R, Velasco-Hernandez Jorge, and Moreno J. A simple criterion to design optimal non-pharmaceutical interventions for mitigating epidemic outbreaks. *Journal of the Royal Society Interface*, 18(178):20200803, 2021.
- [65] Volpert V, Banerjee M, and Petrovskii S. On a quarantine model of coronavirus infection and data analysis. *Mathematical Modelling of Natural Phenomena*, 15:24, 2020.
- [66] Wang K, Ding L, Yan Y, Dai C, Qu M, Jiayi D, and Hao X. Modelling the initial epidemic trends of covid-19 in italy, spain, germany, and france. *PLoS One*, 15(11):e0241743, 2020.
- [67] Maleewong M. Time delay epidemic model for COVID-19. *medRxiv*, 2020.
- [68] Comincini-Cantillo E, Wilches-Visbal J, and Saraví F. Factores epidemiológicos  $R_0$  y  $R_e$  durante la COVID-19: ¿qué son y en qué difieren? *rev. cuid.(Bucaramanga. 2010)*, pages 1393–1396, 2021.
- [69] Aronson J.K, Brassey J, and Mahtani K.R. "When will it be over?": An introduction to viral reproduction numbers,  $R_0$  and  $R_e$ . *The Centre for Evidence-Based Medicine*, 14, 2020.

- 
- [70] Germani A, Manes C, and Pierdomenico P. An asymptotic state observer for a class of nonlinear delay systems. *Kybernetika*, 37(4):459–478, 2001.
- [71] OMS. Seguimiento de las variantes del SARS-CoV-2. <https://www.who.int/es/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/>, 2022. [Web; accedido el 06-03-2022].
- [72] Quesada J.A, López-Pineda A, Gil-Guillén V.F, Arriero-Marín J.M, Gutiérrez F, and Carratala-Munuera C. Período de incubación de la covid-19: revisión sistemática y metaanálisis. *Revista Clinica Espanola*, 221(2):109–117, 2021.
- [73] MedlinePlus. Alta-COVID-19 leve a moderada. <https://medlineplus.gov/spanish/ency/patientinstructions/000976.htm>, 2019. [Web; accedido el 09-11-2022].

# **Apéndice A**

## **Primer artículo**

## Cómo coadyuvan los modelos matemáticos a entender y combatir a la COVID-19 How mathematical models help to understand and combat COVID-19

J. A. Hernández-Ávila <sup>a</sup>, R. Villafuerte-Segura <sup>a</sup>, J. E. Velázquez-Velázquez <sup>b</sup>, R. Ávila-Pozos <sup>c</sup>

<sup>a</sup> Área Académica de Computación y Electrónica, Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo, 42184, Pachuca, Hidalgo, México.

<sup>b</sup> Unidad Profesional Interdisciplinaria de Ingeniería Campus Hidalgo, Instituto Politécnico Nacional, 42162, San Agustín Tlaxiaca, Hidalgo, México.

<sup>c</sup> Área Académica de Matemáticas y Física, Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo, 42184, Pachuca, Hidalgo, México.

### Resumen

En la actualidad, debido a la COVID-19 es común escuchar sobre curvas y dinámicas de contagio, de hospitalización, de recuperación y de defunción, así como de predicciones y/o proyecciones de estas curvas/dinámicas a futuros en corto y mediano plazo. Sin embargo, salvo aquellas personas inmersas en el tema, la comprensión o entendimiento de toda la jerga empleada para describir este comportamiento es escasa, sobre todo cuando se habla del empleo de modelos matemáticos para respaldar lo dicho. En este trabajo de investigación se presenta una breve descripción de los modelos matemáticos más empleados para describir el comportamiento y el impacto de la enfermedad infecciosa denominada COVID-19, además de explicar el empleo de estos modelos para coadyuvar a combatir esta pandemia. Para ilustrar la efectividad de estos modelos, se presentan simulaciones de algunos modelos matemáticos y se cotejan con datos reportados por la OMS. Como una aportación de los autores, se propone un modelo matemático inédito tipo SIR que contempla tiempos muertos de incubación, de recuperación y de pérdida de inmunidad.

*Palabras Clave:* COVID-19, Modelos Matemáticos, Simulaciones de modelos SIR en México

### Abstract

At the present, due to COVID-19, it is common to hear about curves and dynamics of contagion, hospitalization, recovery and death, as well as predictions and / or projections of these curves / dynamics in the future in the short and medium term. However, except for those people immersed in the subject, the understanding of all the jargon used to describe this behavior is scarce, especially when talking about the use of mathematical models to support what has been said. In this research work, a brief description of the mathematical models most used to describe the behavior and impact of the infectious disease called COVID-19 is presented, in addition to explain the use of these models to help combat this pandemic. To illustrate the effectiveness of these models, simulations of some mathematical models are presented and compared with data reported by the WHO. As a contribution by the authors, an unpublished SIR-type mathematical model is proposed that contemplates incubation, recovery and loss of immunity dead times.

*Keywords:* COVID-19, Mathematical models, SIR model simulations in Mexico.

## 1. Introducción

En los últimos años, la humanidad se ha visto inmersa en diversas afectaciones, entre las cuales se encuentran todas aquellas que tienen un impacto sobre la salud de las personas, como es el caso de la actual pandemia de la COVID-19 causada por el virus SARS-CoV-2, la cual tuvo sus orígenes en Wuhan China en diciembre de 2019 y que el 11 de marzo de 2020, la Organización Mundial de la Salud (OMS) declaró como pandemia (Huamán-Saavedra, 2020), debido a que su diseminación entre la población mundial aumentó

rápidamente, provocando severos daños a la salud de las personas, colapsos en los sistemas de salud y una tasa de mortalidad asociada a la enfermedad, que encendió las alarmas de la OMS.

El número de casos confirmados a nivel mundial derivado de la actual pandemia de la COVID-19 hasta la fecha [11 de agosto del 2021], corresponde a 203,944,144, incluyendo 4,312,902 fallecimientos a nivel global por esta enfermedad, reportados por la OMS (WHO, 2021). En la Tabla 1, se puede consultar la distribución de los casos y decesos confirmados provocados por la COVID-19 en las distintas regiones.

\*Autor para la correspondencia: he250186@uaeh.edu.mx

Correo electrónico: he250186@uaeh.edu.mx (Jorge Antonio Hernández-Ávila), villafuerte@uaeh.edu.mx (Raúl Villafuerte-Segura), jvelazquezv@ipn.mx (Juan Eduardo Velázquez-Velázquez), ravila@uaeh.edu.mx (Roberto Ávila-Pozos)

Tabla 1: Distribución por región de los casos confirmados y decesos derivados por la COVID-19 a nivel global

Región	Casos confirmados	Muertes confirmadas
América	79,146,270	2,036,829
Europa	61,730,332	1,235,432
El Sudeste de Asia	39,486,375	599,738
Mediterráneo oriental	13,313,951	245,271
África	5,200,406	123,652
Pacífico oeste	5,066,046	71,967

Las enfermedades infecciosas, como la COVID-19, no solo impactan en el ámbito sanitario como comúnmente se piensa, sino que también provocan importantes afectaciones tales como: económicos, sociales, emocionales, entre otras (Unmubig, 2020; Vega, 2020; Banco Mundial, 2020; UNESCO, 2020), debido a que en ocasiones no es posible erradicar, controlar y/o mitigar la infección rápidamente, por falta de conocimientos y/o entendimiento acerca del comportamiento de la enfermedad, así como aspectos referentes a su propagación en la población (capacidad de transmisión, medios de transmisión, población susceptible, entre otros).

La OMS define como enfermedad infecciosa, a toda aquella enfermedad que puede transmitirse de persona a persona por medio del contacto físico y/o a través del aire, los alimentos y/o el agua. De acuerdo a la OMS se le denomina pandemia a toda aquella nueva enfermedad que se propaga a nivel mundial. Más aún, para fortalecer dicha definición, la OMS en el año 2009 estableció y divulgó seis fases que una enfermedad infecciosa debe cumplir para poder ser catalogada como una pandemia (Rosselli, 2020).

Para reducir estos impactos y determinar estrategias/decisiones que ayuden a erradicar, mitigar y/o controlar una enfermedad, se utilizan modelos matemáticos que coadyuvan a comprender mejor la dinámica del comportamiento de dicha enfermedad. Actualmente, existen diferentes formas de determinar un modelo matemático, las cuales solo quedan limitadas por la imaginación y el sustento científico. Típicamente, los modelos se clasifican en dos tipos: los determinísticos y los estocásticos (Montesinos-López and Hernández-Suárez, 2007). Aunque también se pueden clasificar en tres tipos (Vytla et al., 2021): 1) modelos basados en métodos estadísticos para la vigilancia de epidemias como los son los métodos estadísticos de control de procesos, modelos autorregresivos con técnicas de series de tiempo; técnicas de regresión; modelos ocultos de Markov; 2) modelo mecanicista de espacio de estados como los modelos complejos basados en red; sistemas basados en agentes; modelos SIR deterministas continuos; y modelos estocásticos de cadenas de Markov, y 3) modelos de aprendizaje empírico tales como los basados en minería de datos. En este momento, se aprecia una preferencia, por parte de la comunidad científica, por el empleo de modelos mecanicistas de espacio de estados cuando se desean describir enfermedades respiratorias. Específicamente, cuando se trata de estudiar la

actual pandemia de la COVID-19, hay un interés sobresaliente sobre el empleo de modelos tipo SIR, SEIR y SIS (David et al., 2020; Angulo et al., 2021; Ghosh et al., 2020), los cuales se caracterizan de acuerdo a las poblaciones consideradas en el modelo. En México, se están empleando modelos matemáticos tales como el AMA y el AMMA (siglas que corresponden a los nombres de los autores, Antonio, Marcos y Andrés; y Antonio, Marcos, María y Andrés), ver (CONACYT, 2021). Estos modelos tienen la finalidad de coadyuvar a pronosticar brotes importantes, a detectar patrones y monitorear características que pueden sugerir medidas adecuadas para apoyar en la política de reconversión hospitalaria México. Estos modelos son del tipo SEIRD y SEIR, respectivamente y usan inferencia bayesiana de asimilación secuencial de datos para la estimación de los parámetros.

En el caso del modelo SIR se considera la dinámica e interacción de tres poblaciones las cuales son: susceptibles, infecciosos y recuperados, lo cual da razón a su nombre. En el caso del modelo SEIR las poblaciones son susceptibles, expuestos, infecciosos y recuperados; y en el caso del modelo SIS, sus poblaciones son únicamente susceptibles e infecciosos. Cada uno de estos modelos tiene hipótesis diferentes y utilizan información pasada para recrear un fenómeno para así predecir el comportamiento de este si las condiciones no cambian. En el modelo SIR se asume que una persona infecciosa, después de un tiempo, deja de serlo y ya no vuelve a ser susceptible, mientras que el SIS una persona que deja de ser infecciosa, vuelve a ser susceptible.

Si bien, los modelos deterministas SIR, SEIR y SIS se pueden diferenciar de acuerdo a las poblaciones involucradas, también entre modelos del mismo tipo, por ejemplo SIR, se pueden marcar diferencias contundentes sólo al considerar diferentes interacciones poblacionales en el modelo. Tal vez esta sea una de las razones de su popularidad, ya que permite una libre adición y/o modificación de interacciones poblacionales, con la consigna de proveer una explicación razonable y sustentable del por qué se está realizando. A simple vista, pareciera que estas adiciones/modificaciones son consecuencia de un sentido común razonable y bien justificado.

Por ejemplo, uno de los temas centrales al aparecer una enfermedad infecciosa es el determinar si esta se puede catalogar como epidemia. Para determinar esto, se debe conocer la velocidad de propagación o contagio de la enfermedad. En los modelos SIR, SEIR y SIS esta propagación se cuantifica por su número reproductivo básico  $R_0$ , el cual representa el parámetro más importante en el estudio de la transmisibilidad media del patógeno de la enfermedad infecciosa al definir el comportamiento umbral para muchos modelos epidemiológicos (Hartemink et al., 2008; Wang and Zhao, 2012). Dicho en otras palabras, representa el número esperado de casos secundarios que un individuo infeccioso producirá en una población completamente susceptible y caracteriza el riesgo de propagación/esparcimiento de una enfermedad infecciosa en una población (Kribs-Zaleta and Velasco-Hernández, 2000; Etxeberria-Etxaniz et al., 2020), como se muestra en la Figura 1.

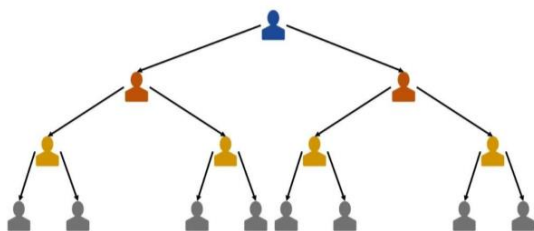


Figura 1. : Representación gráfica de la propagación de una enfermedad en la población, considerando como ejemplo a  $R_0 = 2$ .

El número reproductivo básico  $R_0$ , es un parámetro de bifurcación debido a que provoca un intercambio entre estabilidad e inestabilidad del punto de equilibrio libre de enfermedad, por lo que, es común que una enfermedad se extinga si  $R_0$  es menor que la unidad, mientras que la enfermedad se extenderá entre la población si  $R_0$  es mayor que la unidad.

Típicamente, el propósito de estos modelos es conocer y estimar la dinámica (evolución/comportamiento a lo largo del tiempo) de una enfermedad, para con ello poder determinar/implementar estrategias para reducir el índice de transmisión y/o propagación de la enfermedad (Angulo et al., 2021), tales como cuarentena para aislar a las personas infectadas, distanciamiento social, cierre de fronteras, entre otras (Volpert et al., 2020).

Si bien resulta complicado o imposible conocer a ciencia cierta el comportamiento de la propagación de una enfermedad infecciosa, los modelos matemáticos pueden coadyuvar, con cierto grado de certidumbre, a la toma de decisiones para tratar de mitigar/controlar la enfermedad. Sin duda, todos los modelos matemáticos existentes son perfectibles y hasta el momento no se cuenta con uno que identifique fielmente el comportamiento/dinámica de la actual pandemia. Aun así, parece ser que el empleo de modelos matemáticos es la mejor opción para la toma de decisiones.

Últimamente, se ha hecho notorio escuchar que no ha sido posible aplanar la curva de contagios o que el semáforo epidemiológico se encuentra en rojo, pero no explican qué análisis se realizó, qué modelo utilizaron o qué consideraciones se tomaron para poder llegar a esa conclusión y/o decisión. Es por ello, que en este artículo se propone la explicación de una serie de modelos matemáticos tipo SIR, que han sido utilizados para caracterizar la dinámica de la COVID-19 en distintos países. Así como el empleo de estos para la toma de decisiones y coadyuvar a combatir y/o reducir la propagación/transmisibilidad de dicha enfermedad.

*Contribución.* En este manuscrito se propone lo siguiente. Primero, se presentan algunos de los modelos matemáticos más empleados para analizar la pandemia actual, estos modelos son del tipo SIR (libres de retardos y con retardos). Además de una explicación de la estructura/composición de las ecuaciones que conforman el modelo y su empleo para coadyuvar a combatir a la COVID-19. Segundo, se realizan simulaciones de algunos de estos modelos y se comparan los resultados obtenidos con datos poblacionales de México reportados por la OMS. Adicionalmente, como aportación sustancial de los autores, se propone un modelo matemático inédito tipo SIR que contempla los tiempos muertos de incubación, de recuperación y de inmunidad por haber

adquirido la enfermedad. Para determinar la efectividad del modelo propuesto, se presentan simulaciones que son cotejadas con datos oficiales de México reportados por la OMS.

## 2. Modelos matemáticos SIR y su aplicación a la pandemia de la COVID-19.

Como ya se mencionó en la introducción, los modelos matemáticos son fundamentales para comprender y predecir los mecanismos de propagación de una epidemia porque ayudan a pronosticar brotes importantes, a detectar patrones y monitorear características que pueden sugerir medidas adecuadas para controlar la propagación de enfermedades. En particular para la pandemia actual de la COVID-19, el deseo de poder implementar estrategias con el fin de erradicar, controlar o mitigar sus efectos se ha vuelto un reto para los investigadores y personas del sector salud. Los modelos tipo SIR que describen la transmisión de humano a humano han sido adaptados/modificados para tomar en cuenta diferentes características del comportamiento de la enfermedad. A continuación, se presentan algunos modelos comúnmente utilizados agrupándolos en modelos libres de retardos y con retardos. Cabe mencionar que estos modelos son de gran utilidad al momento de querer describir el comportamiento que una enfermedad tuvo en la población, es decir cómo ocurrió una epidemia, puesto que al contar con los datos registrados de lo que ya ocurrió, es posible estimar los parámetros utilizados en estos modelos. Cuando aún no se dispone de información, esto es muy complicado, por lo que, en general, el poder predictivo de estos modelos es limitado.

### 2.1. Modelos SIR libres de retardo

El modelo fundamental para describir la transmisión de humano a humano es el modelo SIR propuesto por (Kermack y McKendrick, 1927) que se representa por tres ecuaciones diferenciales ordinarias que modelan la interacción de tres compartimentos poblacionales:

- 1)  $S(t)$ , son las personas susceptibles, es decir son todas aquellas que no tienen inmunidad contra el agente infeccioso por lo que podrán volverse infecciosos si tienen contacto con una persona infecciosa.
- 2)  $I(t)$ , son las personas infecciosas, las cuales son capaces de transmitir la enfermedad a las personas susceptibles con las que entran en contacto.
- 3)  $R(t)$ , son las personas recuperadas (removidos), aquellas que tienen o han tenido la infección y que se convierten en inmunes a la enfermedad y como consecuencia estos individuos no afectan a la dinámica de la transmisión de la enfermedad cuando entran en contacto con otras personas.

La población total se denota como  $N(t) = S(t) + I(t) + R(t)$  y se considera constante. Las ecuaciones diferenciales ordinarias que representan la dinámica de los compartimentos poblacionales son:

$$\begin{aligned} \frac{d}{dt}S(t) &= -\beta S(t)I(t), \\ \frac{d}{dt}I(t) &= \beta S(t)I(t) - \gamma I(t), \\ \frac{d}{dt}R(t) &= \gamma I(t), \end{aligned} \quad (1)$$

donde  $\beta$  y  $\gamma$  son parámetros que representan la tasa de infección (número de personas infectadas por unidad de tiempo) y el recíproco del tiempo promedio que tarda en recuperarse una persona de la enfermedad, respectivamente. El número reproductivo básico es de la forma  $R_0 = \frac{\beta}{\gamma}$ .

Los términos con signo positivo representan una contribución a ese compartimento, y los términos con signo negativo son aquellos que en algún momento van a salir de esa clase. El producto  $\beta S(t)I(t)$  describe el número de personas susceptibles por unidad de tiempo que pasan a la clase de infecciosos por medio del contacto en función de la tasa  $\beta$ . El producto  $\gamma I(t)$  representa al número de personas infecciosas que después de un tiempo promedio de recuperación  $1/\gamma$ , van a dejar de serlo y por lo tanto dejan de pertenecer a la población de infecciosos para integrarse a la población de recuperados. Para este modelo, se presupone que las personas recuperadas de la enfermedad adquieren inmunidad. Observe que este modelo no describe apropiadamente a la pandemia de la COVID-19, comenzando por que las personas recuperadas pueden volver a infectarse. Este modelo permite saber que independientemente de la tasa de infección, si el número de susceptibles se reduce, también el número de infecciosos disminuye. Por esa razón, una de las medidas adoptadas en México fue la Jornada Nacional de Sana Distancia.

El modelo (1) ha marcado la pauta para distintos modelos epidemiológicos porque ha sido empleado para conocer el comportamiento de numerosas enfermedades infecciosas. Con la finalidad de ser utilizado para la pandemia de la COVID-19 en Angulo et al. (2021) el modelo SIR dado en (1), se modificó para tomar en cuenta intervenciones no farmacéuticas con la finalidad de reducir la tasa de transmisión de la enfermedad, y para garantizar que el número de infecciones no exceda la capacidad de los servicios de salud. El modelo propuesto en Angulo et al. (2021), considera las siguientes ecuaciones que definen el comportamiento dinámico de cada compartimento poblacional

$$\begin{aligned} \frac{d}{dt}S(t) &= -(1-u)\beta S(t)I(t), \\ \frac{d}{dt}I(t) &= (1-u)\beta S(t)I(t) - \gamma I(t), \\ \frac{d}{dt}R(t) &= \gamma I(t), \end{aligned} \quad (2)$$

donde  $u(t) \in [0, u_{max}]$  representa a las intervenciones no farmacéuticas que se busca sean óptimas para estabilizar o erradicar la enfermedad. En este modelo el número reproductivo básico, es de la forma  $R_0 = \frac{(1-u)\beta}{\gamma}$ . En dicho trabajo se emplean conceptos de sistemas y de control automático para encontrar una estrategia de control que asegure que la tasa de transmisión disminuya.

**Observación 1.** *Las intervenciones óptimas  $u(t) \in [0, u_{max}]$ , deben minimizar el periodo en que necesitan ser aplicadas.*

En Volpert, et al. (2020) se presenta el siguiente modelo SIR, que considera una tasa de mortalidad debida a la infección en la dinámica de la población de infecciosos. Las ecuaciones para este modelo son las siguientes:

$$\begin{aligned} \frac{d}{dt}S(t) &= -\beta I(t)S(t), \\ \frac{d}{dt}I(t) &= \beta I(t)S(t) - \gamma I(t) - \mu_i I(t), \\ \frac{d}{dt}R(t) &= \gamma I(t), \end{aligned} \quad (3)$$

donde  $\mu_i$  es la tasa de mortalidad debida solo a la infección, por lo que, el producto  $\mu_i I(t)$  representa la parte correspondiente a todos aquellos individuos infecciosos que fallecen únicamente por causas debidas a la infección y al tener signo negativo representa una salida en la población de los infecciosos. Observe que, en este modelo, la población no se considera constante, dado que no existe ningún término que compense a las personas fallecidas de la ecuación de infecciosos.

Debido a que en el modelo (3) se incluye el parámetro de la tasa de mortalidad debida a la infección  $\mu_i$  en la ecuación correspondiente a la dinámica de infecciosos, el número reproductivo básico para este modelo es  $R_0 = \frac{\beta S_0}{\gamma + \mu_i}$ , donde  $S_0$  representa la condición inicial de la población susceptible.

**Observación 2.** *El modelo no toma en cuenta el período de incubación de la enfermedad que ha demostrado ser importante en el caso de la propagación del coronavirus, por lo que, los individuos pueden volverse infecciosos antes de mostrar cualquier síntoma.*

Por otro lado, a diferencia de los modelos SIR anteriores, en Arango, et al. (2020) se presenta una modelo SEIR, en donde se considera una población adicional  $E(t)$ , la cual considera a los individuos expuestos, es decir, la fracción de individuos infectados que aún no son capaces de transmitir la infección a otros individuos susceptibles durante el periodo de latencia. Este modelo asume que la población se mantiene constante  $S(t) + I(t) + R(t) + E(t) = N$ , que la tasa de letalidad de la enfermedad es baja, y que, además, todos los individuos infecciosos que logran recuperarse adquieren inmunidad. El sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias del modelo SEIR es el siguiente:

$$\begin{aligned} \frac{d}{dt}S(t) &= \mu(N - S(t)) - \beta \frac{S(t)I(t)}{N} - vS(t), \\ \frac{d}{dt}E(t) &= \beta \frac{S(t)I(t)}{N} - (\mu + \sigma)E(t), \\ \frac{d}{dt}I(t) &= \sigma E(t) - (\gamma + \mu)I(t), \\ \frac{d}{dt}R(t) &= \gamma I(t) - \mu R(t) + vS(t), \end{aligned} \quad (4)$$

donde,  $\mu$  es la tasa de mortalidad en la población debida a causas ajenas a la enfermedad,  $\beta$  es la tasa efectiva de contacto que produce una nueva exposición,  $v$  es la tasa de vacunación (que al comienzo de la pandemia se asume igual a cero),  $\sigma$  es la tasa a la cual un individuo expuesto se convierte en infeccioso, y  $\gamma$  es el recíproco del tiempo promedio que un individuo tarda en recuperarse de la enfermedad.

El número reproductivo básico es de la forma  $\mathcal{R}_0 = \frac{(\sigma\beta)}{(\sigma+\mu)(\gamma+\mu)}$ , sin tener en cuenta la existencia de una vacuna. En

la práctica, este parámetro puede ser difícil de medir, debido a que depende de datos de seguimiento muy específicos en la población, como la frecuencia de un nuevo individuo expuesto en la población y la tasa por medio de la cual una persona se vuelve infecciosa, entre otros.

**Observación 3.** *Este modelo es apropiado para enfermedades que se extienden rápidamente y dan inmunidad a los recuperados, es por ello que este modelo fue utilizado al principio de la pandemia de la COVID-19 cuando se creía que las personas recuperadas adquirirían inmunidad.*

Por otro lado, en Shan, et al. (2014), se considera un modelo SIR, en donde a diferencia de los modelos anteriores, se incluye el parámetro  $b$ , el cual hace mención a los recursos hospitalarios disponibles (número de camas hospitalarias para atender a pacientes infecciosos). Las ecuaciones diferenciales de este modelo son las siguientes:

$$\begin{aligned} \frac{d}{dt}S(t) &= A - \mu S(t) - \frac{\beta S(t)I(t)}{S(t)+I(t)+R(t)}, \\ \frac{d}{dt}I(t) &= -(\mu + \mu_i)I(t) - \gamma(b, I)I(t) + \frac{\beta S(t)I(t)}{S(t)+I(t)+R(t)}, \\ \frac{d}{dt}R(t) &= \gamma(b, I)I(t) - \mu R(t), \end{aligned} \tag{5}$$

donde,  $\gamma = \gamma(b, I) = \gamma_0 + (\gamma_1 - \gamma_0) \frac{b}{1+b}$ , lo cual es el recíproco del tiempo promedio que un individuo tarda en recuperarse y dejar de ser infeccioso. En este modelo  $A$  es la tasa de reclutamiento de nuevos susceptibles,  $1/\gamma_0$  es el tiempo promedio mínimo de recuperación de los individuos,  $1/\gamma_1$  es el tiempo promedio máximo de recuperación de los individuos,  $\mu$  es la tasa de mortalidad de la población no causada por la enfermedad y  $\mu_i$  es la tasa de mortalidad debida a la infección. A diferencia de los modelos anteriores, este involucra parte de la dinámica propia de la población en la tasa de mortalidad natural.

En dicho trabajo se emplean conceptos de sistemas y de control automático para llevar al sistema a su forma lineal y con ello analizar los puntos de equilibrio libres de enfermedad y en el equilibrio endémico, así como distintos tipos de bifurcación.

**Observación 4.** *Una bifurcación se da cuando una pequeña variación en los valores de los parámetros de un sistema (parámetros de bifurcación) causa un brusco cambio en su comportamiento. En algunos modelos el parámetro de bifurcación es el número reproductivo básico o en otros casos como en el modelo (5) es la disponibilidad de recursos hospitalarios (número de camas).*

### 2.2. Modelos SIR con retardo

En esta sección se describirán modelos tipo SIR con retardos, los cuales son todos aquellos tiempos muertos que tarda en ejecutarse una acción o un acontecimiento. Estos modelos son importantes dado que como es bien sabido, cualquier enfermedad cuenta con periodos de incubación, recuperación, entre otros, los cuales deben ser contemplados para poder comprender correctamente el comportamiento dinámico de cada una de las enfermedades. Para este tipo de

modelos, no todos los individuos infectados se consideran infecciosos inmediatamente, debido a que existe un periodo de tiempo en el que las personas ya pueden estar infectadas, pero aún no son capaces de transmitir la enfermedad.

El presente modelo SIR de infección en progreso dado en Volpert, et al. (2020), es una variante del modelo (3), en donde se adicionan retardos. Aquí, el parámetro  $\beta$  es la tasa de infección de la enfermedad debida al contacto entre personas susceptibles e infecciosas. Las ecuaciones diferenciales retardadas para este modelo son las siguientes:

$$\begin{aligned} \frac{d}{dt}S(t) &= -\beta I(t)S(t), \\ \frac{d}{dt}I(t) &= \beta I(t)S(t) - \beta I(t - \tau)S(t - \tau), \end{aligned} \tag{6}$$

donde  $\tau$  es el retardo y representa al período de recuperación de la enfermedad. En este modelo se asume que el producto  $\beta I(t)S(t)$  representa la cantidad de individuos susceptibles por unidad de tiempo que pasan a ser inmediatamente infecciosos por medio del contacto entre individuos susceptibles e infecciosos en función de la tasa  $\beta$ , por lo que, al tener signo negativo representa una salida en la población susceptible. Mientras que la cantidad  $\beta I(t - \tau)S(t - \tau)$  representa una salida de la clase de infecciosos en un tiempo  $\tau$ . Debido a que la población que se recupera de la enfermedad no vuelve a ser susceptible, la población en este modelo no se considera constante.

**Observación 5.** *Este modelo contempla que todas las personas son sintomáticas, por lo que la existencia de los individuos asintomáticos es una desventaja, ya que, al no presentar síntomas, no es posible ponerlos en cuarentena y por lo tanto son capaces de continuar transmitiendo la enfermedad.*

Por otro lado, en Cumsille et al. (2021), se presenta una variante del modelo SIR dado en (1), en donde se consideran los efectos de retardo en el tiempo  $\tau_1$  y  $\tau_2$ . En este modelo, el parámetro  $\beta$  es la tasa de transmisión de la enfermedad debido al contacto entre susceptibles e infecciosos, mientras que  $\gamma$  es el recíproco del tiempo promedio que un individuo tarda en recuperarse de la enfermedad. Aquí, se asume que la población se mantiene constante y que las personas recuperadas adquieren inmunidad. Para este modelo las ecuaciones son:

$$\begin{aligned} \frac{d}{dt}S(t) &= -\beta S(t)I(t - \tau_1), \\ \frac{d}{dt}I(t) &= \beta S(t)I(t - \tau_1) - \gamma I(t - \tau_2), \\ \frac{d}{dt}R(t) &= \gamma I(t - \tau_2), \end{aligned} \tag{7}$$

donde los parámetros  $\tau_1$  y  $\tau_2$ , representan la transición de los individuos susceptibles a infecciosos y de infecciosos a recuperados, respectivamente. Estos retardos se asumen, debido a que se toma en cuenta la implicación de que las personas susceptibles no se infectan inmediatamente al tener contacto con una persona infecciosa, por lo que se consideran los efectos del retardo en el tiempo para el periodo de incubación de la enfermedad  $\tau_1$ . Por otro lado, el efecto del retardo en el tiempo también se aplica a las personas recuperadas, dado que las personas infecciosas no inmediatamente dejan de serlo, por lo que se considera un

periodo de recuperación de la enfermedad  $\tau_2$ . Debido a que en la ecuación correspondiente a la población infecciosa del modelo (7) contiene ambos retardos, el número reproductivo básico  $R_0$ , es de la forma  $R_0 = \frac{\beta S_0 I(t-\tau_1)}{\gamma I(t-\tau_2)}$ , donde  $S_0$  es la condición inicial de la población susceptible.

Otra variante del modelo SIR dado en (1), es considerada en Castaños, et al. (2021), donde se asume que la tasa de transmisión  $\beta$ , puede ser controlada aplicando medidas de distanciamiento social, las cuales toman efecto  $\tau_1$  unidades de tiempo después. La única información disponible para este modelo en el tiempo  $t$ , es el número de personas infecciosas en el tiempo  $t - \tau_2$ . El recíproco del tiempo promedio de recuperación  $\gamma$ , así como los retardos  $\tau_1$  y  $\tau_2$  se asumen conocidos. Las ecuaciones diferenciales retardadas para este modelo son las siguientes:

$$\begin{aligned} \frac{d}{dt} S(t) &= -\beta(t - \tau_1)S(t)I(t), \\ \frac{d}{dt} I(t) &= (\beta(t - \tau_1)S(t) - \gamma)I(t), \\ y(t) &= I(t - \tau_2). \end{aligned} \tag{8}$$

En dicho trabajo se emplean conceptos de sistemas y de control automático para diseñar un estimador (observador) de estados, con la finalidad de poder estimar el comportamiento real del fenómeno a estudiar. Por otro lado, el observador es adaptado para funcionar como un predictor que contempla los efectos de retardo en el tiempo, con la finalidad de poder anticipar el comportamiento de la pandemia de la COVID-19, esperando que la dinámica del error, es decir, la comparación entre las estimaciones y los datos reales, sea lo más pequeña posible.

Esta sección finaliza con la propuesta de un modelo con retardos donde se considera que una parte de las personas recuperadas vuelven a ser susceptibles después de un periodo de tiempo posterior a su recuperación. El modelo propuesto es de la forma

$$\begin{aligned} \frac{d}{dt} S(t) &= -\beta S(t)I(t - \tau_3) + \alpha R(t - \tau_2), \\ \frac{d}{dt} I(t) &= \beta S(t)I(t - \tau_3) - \gamma I(t - \tau_1), \\ \frac{d}{dt} R(t) &= \gamma I(t - \tau_1) - \alpha R(t - \tau_2), \end{aligned} \tag{9}$$

donde

- $\beta$  es la tasa de transmisión de la enfermedad.
- $\gamma$  y  $\alpha$  son los recíprocos de los tiempos promedios que tarda un individuo en recuperarse de la enfermedad y en ocurrir la pérdida de inmunidad de la enfermedad, respectivamente. Las cuales se suponen constantes, es decir sus valores se mantienen fijos.
- $\tau_1$  es el tiempo que tarda un individuo infeccioso en dejar de serlo, para así recuperarse de la enfermedad y adquirir inmunidad.
- $\tau_2$  es el tiempo que tarda un individuo recuperado en volver a la clase susceptible.
- $\tau_3$  es el tiempo que tarda un individuo susceptible en presentar síntomas de la enfermedad, es decir en volverse infeccioso.

Este modelo es propuesto debido a que la actual pandemia de la COVID-19, ha mostrado que las personas no adquieren inmunidad total ni permanente, es decir pueden volver a

infectarse de alguna otra variante de la enfermedad después de un tiempo posterior a haberse recuperado. En este modelo el producto  $\alpha R(t - \tau_2)$  representa a las personas que en un tiempo  $\tau_2$  pierden su inmunidad por lo que vuelven a ser susceptibles, mientras que el producto  $\gamma I(t - \tau_1)$  representa la fracción de los infecciosos que en un tiempo  $\tau_1$  dejan de serlo y por lo tanto se recuperan. Por otro lado, el producto  $\beta S(t)I(t - \tau_3)$  representa toda aquella población de individuos que se infectaron y después de un tiempo  $\tau_3$  comienzan a ser infecciosos. El número reproductivo básico  $R_0$  derivado de este modelo, es de la forma  $R_0 = \frac{\beta S_0 I(t-\tau_3)}{\gamma I(t-\tau_1)}$ , donde  $S_0$  es la condición inicial de la población susceptible.

### 3. Aplicación del modelo SIR a la población de México.

Es sabido que la simulación de los modelos matemáticos bajo escenarios específicos ha permitido hacer evaluaciones rápidas de situaciones para la asignación adecuada de recursos, tales como son los modelos SIR que únicamente contemplan tres poblaciones o modelos más complejos como es el caso del modelo matemático AMMA (CONACYT (2021)), el cual es un tipo de modelo SEIRD basado en inferencia bayesiana de asimilación secuencial de datos, que toma en consideración a las personas: susceptibles, expuestas, infecciosas, recuperadas y las defunciones, y que actualmente permite estimar el aumento y/o disminución del número de casos de la enfermedad para la Zona Metropolitana del Valle de México, a partir de los casos confirmados diarios, defunciones acumuladas y la demanda de los recursos hospitalarios utilizados diariamente (número de camas).

Los modelos aquí presentados comparados con el modelo AMMA, son modelos más sencillos, los cuales utilizan menos información, la cual se encuentra disponible en organizaciones tales como la OMS para la población en general. Es por esto que en esta sección se presentan simulaciones de algunos modelos matemáticos presentados en la sección anterior, para ilustrar el comportamiento de la evolución de la pandemia en México. Se considera una ventana de simulación comprendida del 1 de diciembre de 2020 al 1 de marzo de 2021, así como la estimación obtenida por los modelos para los 60 días siguientes. Los resultados de simulación de los modelos se contrastan con datos oficiales reportados por la OMS (WHO, 2021). Cabe mencionar que los parámetros asociados a la tasa de infectados y al tiempo promedio de recuperación tienen un papel clave en la evolución de los compartimentos descrita por los modelos. Para efectos de simulación se hicieron estimaciones de forma exhaustiva de estos parámetros con los datos de la ventana de tiempo considerada.

#### 3.1. Modelo SIR libre de retardos

Considere el modelo SIR libre de retardos de la forma (1), así como los datos registrados por la OMS del 1 de diciembre de 2020 al 1 de marzo de 2021. Aquí,  $N = 200000$  es la población considerada en la ventana de tiempo seleccionada anteriormente, de la cual  $S_0 = 87957/N$ ,  $I_0 = 6388/N$  y  $R_0 = 105655/N$  son las condiciones iniciales normalizadas de la población susceptible, infecciosa y recuperada, respectivamente. Los valores de la tasa de infección  $\beta$  y el

recíproco del tiempo promedio de recuperación  $\gamma$  son propuestos para obtener un ajuste entre la dinámica del modelo matemático y los datos reales en una ventana de tiempo. En la Tabla 2 se presentan los dos mejores obtenidos, así como sus errores cuadráticos medios (ECM), los cuales ayudan a comprender cuándo las dinámicas estimadas se asemejan más a las reales. Es otras palabras, el ECM nos proporciona un aspecto cuantitativo para determinar cuáles parámetros ( $\beta, \gamma$ ) hacen que la respuesta dinámica del modelo se aproxime/ajuste más a los datos reales.

Tabla 2: Error Cuadrático Medio (ECM)

Caso	$\beta$	$\gamma$	ECM Infecciosos	ECM Recuperados
(i)	0.2890	0.0615	0.0256	0.0310
(ii)	0.2930	0.0605	0.0269	0.0335

En la Figura 2, se puede observar el caso (i),  $\beta = 0.2890$  y  $\gamma = 0.0615$ . Es claro que usando una tasa de infección de aproximadamente 28.90% y un tiempo promedio de 16 días de recuperación, el modelo SIR representa una evolución cercana a la dinámica real de la COVID-19, cotejado con los datos registrados por la OMS.

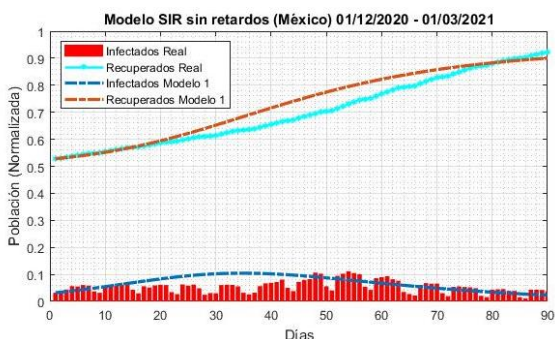


Figura 2: Simulación del modelo SIR (1) empleando  $\beta$  y  $\gamma$  dados en (i) de la Tabla 2.

Es posible observar que el comportamiento obtenido por medio del modelo, se asemeja bastante al comportamiento real de la pandemia, existiendo una discrepancia mayor durante aproximadamente los 25 y 75 días de simulación de acuerdo a los datos reales de las personas recuperadas y los datos estimados obtenidos por medio del modelo. Comparando el valor del ECM de los casos (i) y (ii), respectivamente, es posible visualizar que las dinámicas aproximadas en comparación con las reales, se ajustan de mejor manera al ocupar los valores de  $\beta$  y  $\gamma$  del caso (i), ya que el valor del ECM es menor para las dinámicas de las poblaciones de infecciosos y recuperados, en otras palabras, logrando que la dinámica estimada sea por lo tanto más cercana a la evolución real de la COVID-19 en la ventana de tiempo considerada.

Dado a que normalmente estos modelos son utilizados para estimar el comportamiento que una enfermedad ha tenido a lo largo del tiempo, se decide analizar qué es lo que sucede tomando en consideración los parámetros de  $\beta$  y  $\gamma$  del caso (i), que se muestran en la Tabla 2 y analizando los siguientes 60 días, comprendidos del 1 de marzo al 29 de abril de 2021. Para

$N = 250000$ , las condiciones iniciales son  $S_0 = 57497/N$ ,  $I_0 = 7246/N$  y  $R_0 = 185257/N$  debido a que para el periodo de tiempo considerado el progreso de la enfermedad ha sido mayor, por lo que el número de personas recuperadas e infecciosas aumentó.

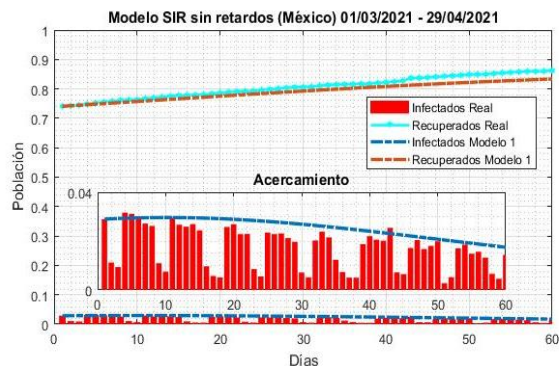


Figura 3: Simulación del modelo SIR (1) empleando  $\beta$  y  $\gamma$  dados en (i) de la Tabla 2, para el periodo comprendido del 1 de marzo al 29 de abril de 2021.

En la Figura 3, es posible observar que utilizando los mismos valores para  $\beta$  y  $\gamma$ , el comportamiento estimado por medio del modelo, continúa siendo muy parecido al real de la COVID-19 en México, lo que hace pensar que debido a que se mantuvieron las medidas sanitarias propuestas por las organizaciones de salud, esto implicó que la tasa de transmisión y el tiempo de recuperación de las personas infecciosas, no aumentaron. Por lo que, para este caso, el modelo dado en (1) si logró estimar lo que realmente pasó en los próximos 60 días (1 de marzo al 29 de abril de 2021). El ECM para las dinámicas de infectados y recuperados, es 0.87% y 1.52%, respectivamente, los cuales son menores a los obtenidos en el periodo comprendido del 1 de diciembre de 2020 al 1 de marzo de 2021.

### 3.2. Modelo SIR con retardos

Por otro lado, considerando el modelo SIR con retardos de la forma (7), así como los datos registrados por la OMS en la primera ventana de tiempo considerada (1 de diciembre de 2020 al 1 de marzo de 2021), con  $N = 200000$  y las condiciones iniciales  $S_0 = 87957/N$ ,  $I_0 = 6388/N$  y  $R_0 = 105655/N$ . Los valores de la tasa de infección  $\beta$ , el recíproco del tiempo promedio de recuperación  $\gamma$ , el periodo de incubación  $\tau_1$  y el periodo de recuperación de la enfermedad infecciosa  $\tau_2$ , son dados en la Tabla 3.

Tabla 3: Valores empíricos de  $\beta, \gamma, \tau_1$  y  $\tau_2$  para el modelo (7)

Caso	$\beta$	$\gamma$	$\tau_1$	$\tau_2$
(i)	0.2561	0.0518	6	11
(ii)	0.2367	0.0522	5.8	12

Los valores de los ECM obtenidos para los casos (i) y (ii), son dados en la Tabla 4.

Tabla 4: Error Cuadrático Medio (ECM)

Caso	ECM	ECM
	Infecciosos	Recuperados
(i)	0.0347	0.0111
(ii)	0.0269	0.0335

En la Figura 4, se puede observar el caso (i),  $\beta = 0.2561$  y  $\gamma = 0.0518$ . En donde es posible observar los efectos de los retardos en el tiempo, proporcionando de igual forma una evolución cercana al comportamiento con los datos registrados por la OMS.

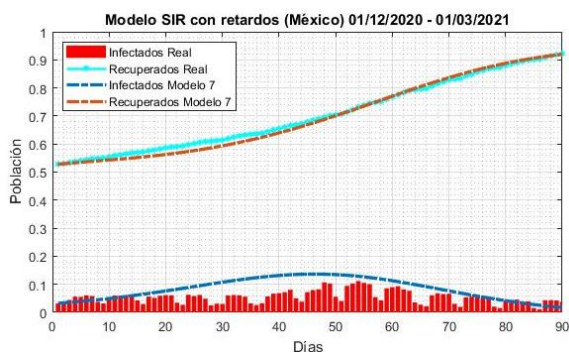


Figura 4: Simulación del modelo SIR (7) empleando  $\beta, \gamma, \tau_1$  y  $\tau_2$  dados en (i) de la Tabla 3.

Aquí es posible observar que los retardos provocan los efectos de campana en ambas dinámicas obtenidas por medio del modelo, debido al tiempo de retardo tomado en consideración. Dado a que el modelo utilizado no cuenta con parámetros que tomen en consideración las intervenciones realizadas por las autoridades para la erradicación de la COVID-19, es posible que, de no haber sido aplicadas, el comportamiento de la enfermedad se asemejara al comportamiento obtenido por medio del modelo. Por otro lado, es claro que existe un error entre la estimación y los datos reales, el cual comparando el valor del ECM de los casos (i) y (ii), respectivamente, es posible visualizar que las dinámicas aproximadas en comparación con las reales, se ajustan de mejor manera a ocupar los valores de  $\beta, \gamma, \tau_1$  y  $\tau_2$  del caso (i) de la Tabla 3, ya que el valor del ECM es menor para las dinámicas de las poblaciones de infecciosos y recuperados.

Por otro lado, se analizan los siguiente 60 días comprendidos del 1 de marzo al 29 de abril de 2021, con  $N = 250000$ ; y  $S_0 = 57497/N, I_0 = 7246/N$  y  $R_0 = 185257/N$ , así como los parámetros correspondientes al caso (i) de la Tabla 3. Lo anterior se realiza con el fin de ejemplificar la eficiencia del modelo (7) empleando  $\beta, \gamma, \tau_1$  y  $\tau_2$  dados en (i) de la Tabla 3.

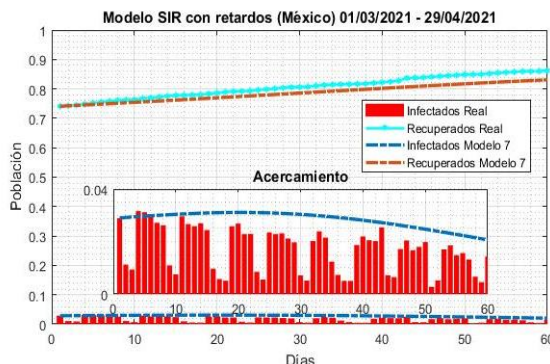


Figura 5: Simulación del modelo SIR (7) empleando  $\beta, \gamma, \tau_1$  y  $\tau_2$  dados en (i) de la Tabla 3, para el periodo comprendido del 1 de marzo al 29 de abril de 2021.

En la Figura 5, se observa que, considerando los mismos parámetros más adecuados encontrados para el periodo del 1 de diciembre de 2020 al 1 de marzo de 2021, el modelo se sigue aproximando de buena manera en ambas dinámicas, pero con una pequeña diferencia. En cuanto a la dinámica de la población de infecciosos, se puede observar que el modelo indica un comportamiento muy cercano al comportamiento que realmente se ha tenido en la población, mientras que para la dinámica de los recuperados, el modelo estimó que existiría un número ligeramente menor de personas recuperadas, siendo que realmente este número fue mayor, dando pauta a que los servicios de salud fueron más eficientes en el cuidado de las personas infecciosas, y que por otro lado las personas si respetaron las medidas sanitarias, provocando una propagación menor que la estimada dicha por el modelo. El ECM para las dinámicas de infecciosos y recuperados, es 1.13% y 1.99%, respectivamente, donde el obtenido para la población infecciosa fue menor que el obtenido en el periodo comprendido del 1 de diciembre de 2020 al 1 de marzo de 2021, mientras que el de recuperados fue mayor.

### 3.3. Propuesta de Modelo SIR con retardos

Por último, se realizó la simulación por medio del modelo propuesto dado en (9), con la finalidad de observar si efectivamente el modelo se comporta de forma semejante a los modelos previamente utilizados. Para lo cual se realizó la simulación en la primera ventana de tiempo considerada del 1 de diciembre de 2020 al 1 de marzo de 2021, con  $N = 200000$  y las condiciones iniciales  $S_0 = 87957/N, I_0 = 6388/N$  y  $R_0 = 105655/N$ . Los valores de  $\beta, \gamma, \alpha, \tau_1, \tau_2$  y  $\tau_3$ , considerados, son dados en la Tabla 5. Recordando que en este modelo  $\alpha$  representa el recíproco del tiempo promedio que tarda un individuo recuperado en volver a ser susceptible (perder su inmunidad).

Tabla 5: Valores empíricos de  $\beta, \gamma, \alpha, \tau_1, \tau_2$  y  $\tau_3$  para el modelo (9)

Caso	$\beta$	$\gamma$	$\alpha$	$\tau_1$	$\tau_2$	$\tau_3$
(i)	0.2058	0.0639	0.0018	14	17	6.8
(ii)	0.2061	0.0622	0.003	11	11	6.5

Los valores de los ECM obtenidos para los casos (i) y (ii), son dados en la Tabla 6.

Tabla 6: Error Cuadrático Medio (ECM)

Caso	ECM	ECM
	Infeciosos	Recuperados
(i)	0.0162	0.0808
(ii)	0.0222	0.1024

En la Figura 6, se puede observar el caso (i),  $\beta = 0.2058$ ,  $\gamma = 0.0639$  y  $\alpha = 0.0018$ . En donde es posible visualizar que el comportamiento obtenido por medio del modelo dado en (9) es muy parecido a los obtenidos por medio de los modelos (1) y (7). En donde es posible visualizar que la dinámica de los recuperados tenderá a crecer y posteriormente estabilizarse en algún momento, mientras que la dinámica de los infecciosos, tenderá a decrecer. Aunque al hablar de la propagación de una enfermedad en la población, es difícil dar certeza de lo que posiblemente pudiera pasar.

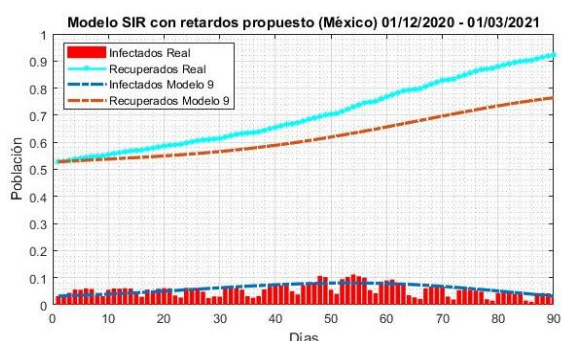


Figura 6: Simulación del modelo SIR (9) empleando  $\beta, \gamma, \alpha, \tau_1, \tau_2$  y  $\tau_3$  dados en (i) de la Tabla 5.

Para este caso los valores del ECM de los casos (i) y (ii), respectivamente, se pueden visualizar en la Tabla 6, siendo el caso (i) el que proporciona un error de estimación menor. Comparando los resultados obtenidos de los modelos con retardos empleados, es posible observar que el modelo propuesto dado en (9), proporciona un error de estimación menor en la dinámica de infecciosos en comparación con el modelo (7), por lo que es posible asumir que el considerar la pérdida de inmunidad en el diseño de este tipo de modelos epidemiológicos, es adecuado.

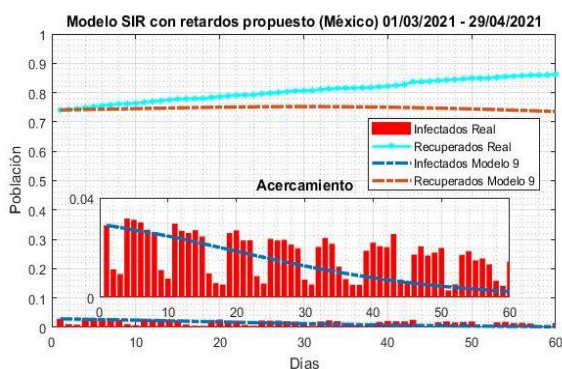


Figura 7: Simulación del modelo SIR (9) empleando  $\beta, \gamma, \alpha, \tau_1, \tau_2$  y  $\tau_3$  dados en (i) de la Tabla 5, para el periodo comprendido del 1 de marzo al 29 de abril de 2021.

En la Figura 7, de la misma forma que los modelos anteriores, se observa que considerando los mismos parámetros correspondientes al caso (i) encontrados para el

periodo del 1 de diciembre de 2020 al 1 de marzo de 2021 dados en la Tabla 5, con  $N = 250000$  y condiciones iniciales  $S_0 = 57497/N$ ,  $I_0 = 7246/N$  y  $R_0 = 185257/N$ , el modelo sigue proporcionando una estimación semejante a los datos reales para los 60 días siguientes. En donde es posible visualizar que la dinámica de la población infecciosa se asemeja bastante a los datos reales, generando un ECM del 0.84% el cual es menor comparado con el obtenido con el modelo (7), lo que da idea que el modelo es capaz de estimar de mejor manera el comportamiento de esta población, por otro lado, en cuanto a la estimación de la población de los recuperados comparado con los datos reales, se obtiene un ECM de 5.93% el cual para este caso es mayor al obtenido con el modelo (7) en la ventana de tiempo del 1 de marzo al 29 de abril de 2021 y los parámetros considerados.

Dado que ya se cuenta con los parámetros más adecuados encontrados para cada uno de los modelos utilizados en esta sección, durante la ventana de tiempo comprendida del 1 de diciembre de 2020 al 1 de marzo de 2021, es posible ilustrar como es el comportamiento del número reproductivo básico  $R_0$  para cada uno de estos modelos. En las Figuras 8, 9 y 10, es posible observar el comportamiento de  $R_0$  para el modelo libre de retardos, con retardos y con retardos propuesto.

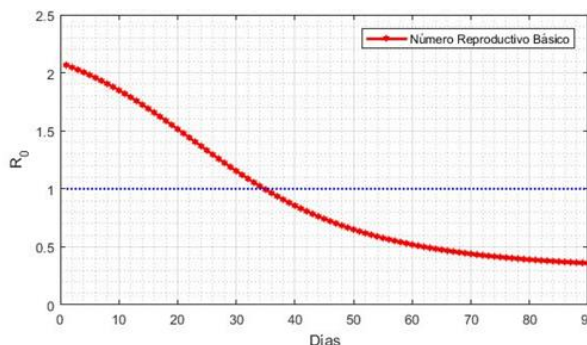


Figura 8: Simulación de  $R_0$  del modelo SIR (9).

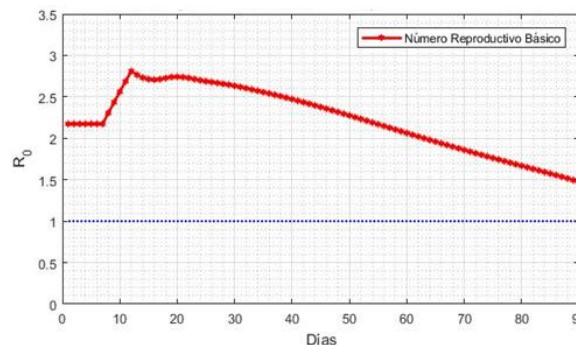


Figura 9: Simulación de  $R_0$  del modelo SIR (7).

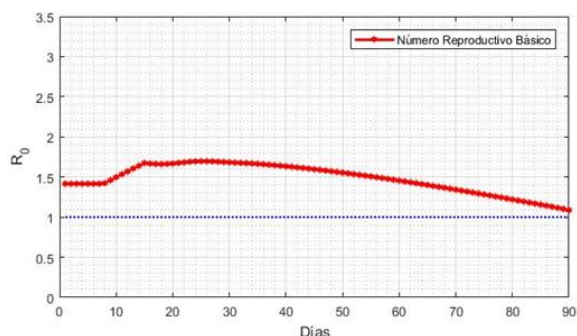


Figura 10: Simulación de  $R_0$  del modelo SIR (9).

En la Figura 8, se muestra la dinámica del valor de  $R_0$  para el modelo libre de retardos (1). Aquí se puede observar que  $R_0$  es menor a uno a partir de los 35 días, aproximadamente. Esto se debe a que en el modelo se tiene un decremento en la dinámica de infecciosos, sin embargo, la dinámica real (datos reportados) muestran que la enfermedad continúa siendo alarmante. Mientras que las Figuras 9 y 10, correspondiente a los modelos con retardos (7) y (9), respectivamente, se puede observar un comportamiento de  $R_0$  más semejante al ocurrido en la dinámica real (datos reportados), ya que, a pesar de tener un comportamiento fluctuante, este no es menor a uno, indicando aún la amenaza de pandemia.

Tabla 7: Comparación del ECM

Modelo	ECM	
	Infecciosos	Recuperados
(1)	0.0256 (2.56%)	0.0310 (3.10%)
(7)	0.0347 (3.47%)	0.0111 (1.11%)
(9)	0.0162 (1.62%)	0.0808 (8.08%)

En la Tabla 7, se puede verificar que por medio del modelo propuesto (9) es posible obtener un menor ECM en cuanto a la dinámica de infecciosos en comparación con los modelos (1) y (7), pero, por otro lado, un error mayor en la dinámica de los recuperados. Para la ventana de tiempo considerada, es posible observar que el modelo (7), es el que mejor estima la dinámica real de la población de los recuperados.

#### 4. Conclusiones.

En este manuscrito se presentaron algunos de los modelos matemáticos más empleados para analizar la dinámica/comportamiento de la COVID-19, así como una descripción de cada uno de los modelos mencionados. Esto con el fin de que el lector conozca más sobre el uso de estos modelos y cómo ellos coadyuvan a la toma de decisiones. Asimismo, se realizaron simulaciones de algunos modelos matemáticos SIR (con y sin retardos) que son comparados con datos de México reportados por la OMS. Como una contribución de los autores, se propone un modelo matemático inédito tipo SIR que contempla tiempos muertos de incubación, de recuperación y pérdida de inmunidad.

Los modelos presentados permiten justificar algunas medidas que se han tomado durante la crisis sanitaria que hemos vivido a nivel mundial. El modelo básico permite saber

que el aislamiento social es fundamental para reducir el número de susceptibles y con ello, reducir el número de infecciosos. Lamentablemente, cuando las medidas de confinamiento no pueden ser obligatorias, esta medida deja de ser eficiente. Además, el confinamiento es una medida que se desgasta rápidamente, por lo que deben buscarse alternativas en el caso de que la epidemia se prolongue.

Los modelos con retardos son de gran utilidad porque contemplan de mejor manera lo que ocurre con el proceso infeccioso. Estos modelos permiten determinar de manera más cercana las dinámicas de las poblaciones consideradas, lo cual puede coadyuvar a la toma de decisión e intervenciones adecuadas que pueden verse reflejadas en la reducción de personas infectadas/infecciosas. Estos modelos también permiten evaluar la eficacia de las vacunas. En el caso de que hubiera bifurcaciones hacia atrás, como se ha demostrado que ocurre con otras vacunas, el modelo sugeriría que habría que replantear la estrategia, evitando la vacunación universal.

Por medio de las simulaciones realizadas para estimar el comportamiento de la COVID-19, se puede verificar que por medio del modelo propuesto con retardos es posible obtener un menor ECM en cuanto a la dinámica de infecciosos en comparación con los demás modelos utilizados, lo que hace pensar que el añadir un parámetro que represente la pérdida de inmunidad es adecuado.

Si bien, es notorio que ningún modelo matemático corresponde completamente a la dinámica real representada por los datos reportados por la OMS, también es claro que el desarrollo y el análisis de modelos matemáticos que representen fielmente dicho comportamiento real es tan complejo como la comprensión completa de todas y cada una de las variables y los parámetros involucrados, sobre todo el comportamiento humano. Sin embargo, los modelos matemáticos son una de las herramientas más poderosas que se pueden emplear para entender y combatir a la COVID-19.

#### Referencias

- Angulo, M. T., Castaños, F., Moreno-Morton, R., Velasco-Hernández, J. X., & Moreno, J. A. (2021). A simple criterion to design optimal non-pharmaceutical interventions for mitigating epidemic outbreaks. *Journal of the Royal Society Interface*, 18(178), 20200803.
- Arango-Londoño, D., Ortega-Lenis, D., Muñoz, E., Cuartas, D. E., Caicedo, D., Mena, J. & Mendez, F. (2020). Predicciones de un modelo SEIR para casos de COVID-19 en Cali, Colombia. *Revista De Salud Pública*, 22(2):1-6.
- Banco Mundial. (2020). La COVID-19 (coronavirus) hunde a la economía mundial en la peor recesión desde la Segunda Guerra Mundial. <https://www.bancomundial.org/es/news/press-release/2020/06/08/covid-19-to-plunge-global-economy-into-worst-recession-since-world-war-ii>. [Web; accedido el 06-07-2021].
- Castaños, F., & Mondié, S. (2021). Observer-based predictor for a susceptible-infectious-recovered model with delays: An optimal-control case study. *International Journal of Robust and Nonlinear Control*, 31(11):5118-5133.
- CONACYT. (2021). Modelo AMMA. <https://www.coronavirus.conacyt.mx/proyectos/ama.html>. [Web; accedido el 08-08-2021].
- Cumsille, P., Rojas-Díaz, Ó., de Espanés, P. M., and Verdugo-Hernández, P. (2021). Forecasting COVID-19 Chile 'second outbreak by a generalized SIR model with constant time delays and a fitted positivity rate. *Mathematics and Computers in Simulation*.
- David, A., Criado, R., and Romance, M. (2020). Predicción de la evolución de la epidemia de COVID-19 usando un modelo SEIR. <https://www.dcnsciences.com/wp-content/uploads/2020/04/Informe02-1.pdf>.





- Etzeberria-Etxaniz, M., Alonso-Quesada, S., and De la Sen, M. (2020). On an SEIR epidemic model with vaccination of newborns and periodic impulsive vaccination with eventual on-line adapted vaccination strategies to the varying levels of the susceptible subpopulation. *Applied Sciences*, 10(22):8296.
- Fresnadillo, M. M., José, García, S., Enrique, García, S., José. (2013). Modelización matemática de la propagación de enfermedades infecciosas: de dónde venimos y hacia dónde vamos, 26(2):81-91.
- García Piñera, A. (2014). Modelos de ecuaciones diferenciales para la propagación de enfermedades infecciosas.
- Ghosh, P., Ghosh, R., and Chakraborty, B. (2020). COVID-19 in India: Statewise analysis and prediction. *JMIR public health and surveillance*, 6(3):e20341.
- Hartemink, N., Randolph, S., Davis, S., and Heesterbeek, J. (2008). The basic reproduction number for complex disease systems: Defining R0 for tickborne infections. *The American Naturalist*, 171(6):743–754.
- Huamán-Saavedra, J. J. (2020). La pandemia del COVID-19. *Revista Médica de Trujillo*, 15(2).
- Kermack, W. O. and McKendrick, A. G. (1927). A contribution to the mathematical theory of epidemics. *Proceedings of the Royal Society of London. Series A*, 115(772):700–721.
- Kribs-Zaleta, C. M. and Velasco-Hernández, J. X. (2000). A simple vaccination model with multiple endemic states. *Mathematical biosciences*, 164(2):183–201.
- Montesinos-López, O. A. and Hernández-Suárez, C. M. (2007). Modelos matemáticos para enfermedades infecciosas. *Salud pública de México*, 49(3):218–226.
- Naresh, R., Tripathi, A., Tchuente, J. M., & Sharma, D. (2009). Stability analysis of a time delayed SIR epidemic model with nonlinear incidence rate. *Computers & Mathematics with Applications*, 58(2):348–359.
- Rosselli, D. (2020). Epidemiología de las pandemias. *Medicina (Bogotá)*, 42(2):168-174.
- Shan, C., & Zhu, H. (2014). Bifurcations and complex dynamics of an SIR model with the impact of the number of hospital beds. *Journal of Differential Equations*, 257(5):1662-1688.
- UNESCO (2020). COVID-19: Problemas sociales y psicológicos en la pandemia. <https://es.unesco.org/news/covid-19-problemas-sociales-y-psicologicos-pandemia>. [Web; accedido el 06-07-2021].
- Unmubig, B. (2020). Las consecuencias de la pandemia del coronavirus y lo que se debería hacer. <https://mx.boell.org/es/2020/09/22/las-consecuencias-de-la-pandemia-del-coronavirus-y-lo-que-se-deberia-hacer>. [Web; accedido el 06-07-2021].
- Vega, A. (2020). Hospitales colapsarán en enero si los contagios de COVID no bajan en diciembre, alertan médicos. <https://www.animalpolitico.com/2020/12/hospitales-colapsaran-enero-si-contagios-covid-no-bajan/>. [Web; accedido el 06-07-2021].
- Volpert, V., Banerjee, M., and Petrovskii, S. (2020). On a quarantine model of coronavirus infection and data analysis. *Mathematical Modelling of Natural Phenomena*, 15(24)1-6.
- Vytla, V., Ramakuri, S. K., Peddi, A., Srinivas, K. K., & Ragav, N. N. (2021, February). Mathematical models for predicting COVID-19 pandemic: a review. In *Journal of Physics: Conference Series* (Vol. 1797, No. 1, p. 012009), IOP Publishing.
- Wang, W., & Zhao, X. Q. (2012). Basic reproduction numbers for reaction-diffusion epidemic models. *SIAM Journal on Applied Dynamical Systems*, 11(4), 1652-1673.
- WHO (2021). WHO Coronavirus (COVID-19) Dashboard. <https://covid19.who.int/table>. [Web; accedido el 06-07-2021].

## **Apéndice B**

### **Segundo artículo**

# Estudio de la pandemia COVID-19 en México usando un modelo compartimental con retardos

## Study of the COVID-19 pandemic in Mexico using a compartmental model with delays

J.A. Hernández-Ávila <sup>a</sup>, R. Villafuerte-Segura <sup>b,\*</sup>, J.E. Velázquez-Velázquez <sup>c</sup>, R. Ávila-Pozos <sup>d</sup>

<sup>a</sup>Área Académica de Computación y Electrónica, Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo, 42184, Pachuca, Hidalgo, México.

<sup>b</sup>Área Académica de Computación y Electrónica, Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo, 42184, Pachuca, Hidalgo, México.

<sup>c</sup>Unidad Profesional Interdisciplinaria de Ingeniería Campus Hidalgo, Instituto Politécnico Nacional, 42162, San Agustín Tlaxiaca, Hidalgo, México.

<sup>d</sup>Área Académica de Matemáticas y Física, Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo, 42184, Pachuca, Hidalgo, México.

### Resumen

En este trabajo se propone un modelo matemático tipo SIR, el cual contempla compartimentos poblacionales de Susceptibles, Infecciosos y Removidos, así como tiempos muertos de incubación, de recuperación y de pérdida de inmunidad. En Removidos se pueden considerar tanto los Recuperados como las Defunciones. Asimismo, se emplea un observador de estado tipo Luenberger para estimar datos de las poblaciones compartimentales no reportadas como lo son el número de Susceptibles y Removidos, a partir de los datos de casos confirmados por la Organización Mundial de Salud. Finalmente, para ilustrar el comportamiento del modelo y del observador, se presentan simulaciones considerando las variantes con más impacto de la COVID-19, en ventanas de tiempo con mayor afectación en la población de México.

**Palabras Clave:** Modelos SIR, Observadores Luenberger, COVID-19, Sistemas con retardos.

### Abstract

In this work, a mathematical model of the SIR-type is proposed, which contemplates population compartments of Susceptible, Infectious and Removed, as well as dead times of incubation, recovery and loss of immunity. In Removed, both Recovered and Deaths can be considered. In addition, a Luenberger-type status observer is used to estimate data on unreported populations, such as the number of Susceptible and Removed, based on data on cases confirmed by the World Health Organization. Finally, to illustrate the behavior of the model and the observer, simulations are presented considering the variants with the greatest impact of COVID-19, in time windows with the greatest impact on the population of Mexico.

**Keywords:** SIR Models, Luenberger Observers, COVID-19, Time-delay systems.

## 1. Introducción

A lo largo de su historia, la humanidad se ha visto inmersa en el surgimiento de numerosas enfermedades infecciosas letales, las cuales, dada su prevalencia y rápida propagación en la población, han sido clasificadas como pandemias. La COVID-19 (Corona Virus Disease 2019), causada por el virus SARS-CoV-2 (Síndrome Agudo Respiratorio Severo Corona Virus tipo 2) es una de estas. Las pandemias conllevan importantes afectaciones a la salud (mental, emocional, física), la economía, la sociedad, entre otras. Además, pueden provocar un colapso

en los sistemas de salud (Vega, 2020), desplome masivo del comercio mundial (Unmubig, 2020), contracción de la economía mundial (Banco Mundial, 2020), impactos en el proceso de aprendizaje de los estudiantes (UNESCO, 2020), entre otros. Al inicio de esta pandemia, los altos índices de contagio y de hospitalización asociados a la COVID-19, encendieron las alertas en las autoridades sanitarias. Más aún, a medida que estos indicadores aumentaron, también creció el interés por conocer y entender el comportamiento de esta enfermedad infecciosa y con ello poder realizar estimaciones, y en el mejor de los casos,

\*Autor para correspondencia: villafuerte@uaeh.edu.mx

**Correo electrónico:** he250186@uaeh.edu.mx (Jorge Antonio Hernández-Avila), villafuerte@uaeh.edu.mx (Raúl Villafuerte-Segura), jvelazquezv@ipn.mx (Juan Eduardo Velázquez-Velázquez), ravila@uaeh.edu.mx (Roberto Ávila-Pozos).

**Historial del manuscrito:** recibido el 19/05/2022, última versión-revisada recibida el 28/07/2022, aceptado el 23/08/2022, publicado el 05/10/2022. **DOI:** <https://doi.org/10.29057/icbi.v10iEspecial4.9304>



predicciones de su propagación en corto y mediano plazo. Una de las herramientas más utilizadas para describir la dinámica de la propagación de una enfermedad infecciosa en la población, son los conocidos modelos matemáticos epidemiológicos. Estos modelos permiten conocer el impacto de las enfermedades infecciosas, dependiendo de su capacidad de transmisión, de sus medios de transmisión y del tamaño de la población susceptible e infecciosa (Angulo *et al.*, 2020; Cumsille *et al.*, 2022; Goel y Sharma, 2020; Volpert *et al.*, 2020).

En la actualidad, el virus SARS-CoV-2, se encuentra en constante evolución, generando nuevas formas de la enfermedad. Las variantes del virus presentan características distintas, en aspectos tales como: el tiempo de prevalencia de la enfermedad en las personas, la cantidad de carga viral, la eficacia del virus para infectar a las células, la facilidad de propagación, la eficacia de las vacunas, entre otros (Martínez, 2022). Con el fin de priorizar el seguimiento y la investigación a escala mundial de las distintas variantes del SARS-CoV-2, estas se clasifican en dos categorías: 1) Variantes preocupantes (VOC, por sus siglas en inglés) y 2) Variantes de interés (VOI, por sus siglas en inglés). Las primeras, presentan un aumento de la transmisibilidad, virulencia y/o disminución de la eficacia de las medidas sociales y de salud pública o de los medios de diagnóstico, las vacunas y los tratamientos disponibles. Mientras que las segundas, presentan cambios en el genoma que, afectan a características del virus como su transmisibilidad, su gravedad y su capacidad para escapar a la acción del sistema inmunitario, así como otras características que indiquen que pueden entrañar un nuevo riesgo para la salud pública mundial (OMS, 2022). En la Tabla 1, se muestra cómo es la clasificación de las variantes del virus SARS-CoV-2, según la Organización Mundial de la Salud (OMS) hasta el 26 de noviembre de 2021 (BBC News Mundo, 2021).

Tabla 1: Clasificación de las variantes del SARS-CoV-2 según la OMS.

Variante	VOC	VOI	Primera aparición
Alpha	X		Reino Unido
Beta	X		Sudáfrica
Gamma	X		Brasil
Delta	X		India
Ómicron	X		Varios países
Lambda		X	Perú
Mu		X	Colombia

En GISAID (2022), se presenta una recopilación de cómo es la proporción de los casos confirmados correspondientes a cada una de las variantes del SARS-CoV-2 de forma semanal, a partir del año 2020 hasta el año en curso, ver Figura 1.

El conocimiento temprano de la dinámica de una enfermedad infecciosa puede coadyuvar en el diseño de estrategias, entre las cuales, se pueden mencionar, campañas de vacunación, planes de distanciamiento entre personas, adquisición de equipo de seguridad en hospitales, reconversión hospitalaria, entre otras medidas. Dichas estrategias tienen como objetivo principal no generar daños severos a la población y en caso de ser posible, apoyar en la erradicación de la enfermedad infecciosa (Ávila Pozos y Rangel Zuñiga, 2017). Hoy en día, existe un interés sobresaliente por el uso de herramientas que puedan predecir

de manera temprana la dinámica de una enfermedad infecciosa, entre las cuales, se encuentran los conocidos modelos matemáticos epidemiológicos. Entre los modelos más conocidos, destacan los tipo SIS, SIR y SEIR, los cuales se diferencian de acuerdo al número de compartimentos (subpoblaciones) considerados en cada uno de ellos (Casals *et al.*, 2009). Con un modelo matemático se puede mejorar la comprensión de la enfermedad, determinar prevalencias e incidencias, y con base en el comportamiento obtenido del modelo, se pueden implementar intervenciones para estabilizar a la tasa de transmisión de dicha enfermedad o se pueden tomar decisiones a corto, mediano o largo plazo, las cuales favorezcan el control o posible erradicación de la enfermedad. Por otro lado, dado que la OMS solo reportan datos de los casos confirmados de la COVID-19, se puede emplear un observador de estado tipo Luenberger, para estimar el número de personas susceptibles en la población. Estos observadores consisten en una copia del sistema original con un término de corrección dado por el error de salida, cuyo objetivo principal es la reconstrucción completa o parcial del estado del sistema (Funahashi, 1979; Hara y Furuta, 1976; Williamson, 1977; Bornard *et al.*, 1989). Algunos trabajos encontrados en la literatura referentes al diseño de observadores, enfocados a modelos matemáticos epidemiológicos libres de retardo son: (Bliman *et al.*, 2018; Castaños y Mondié, 2021; De la Sen *et al.*, 2012; Ibeas *et al.*, 2015).

El propósito de este trabajo es presentar un estudio de la pandemia COVID-19 en México usando un modelo compartimental con retardos junto con un observador para describir su dinámica y estimar datos no reportados por la OMS, tales como Susceptible y Removidos. Para ilustrar el comportamiento del modelo y el observador, se presentan simulaciones considerando diferentes variantes de la COVID-19. Las ventanas de tiempo que se consideran son aquellas donde cada variante tuvo mayor impacto en la población de México. Otros autores han empleado el método *k-means* y las series temporales, para determinar el tamaño de las ventanas de tiempo (Watanabe, 2022).

La organización del trabajo es la siguiente: en la Sección 2 se presenta la motivación y el planteamiento del presente trabajo, mientras que en la Sección 3 se presentan algunos resultados preliminares en torno a uno de los modelos fundamentales de la epidemiología matemática. Los resultados principales de este trabajo de investigación son dados en la Sección 4. Aquí, se propone un modelo matemático tipo SIR con tres retardos para considerar los tiempos muertos de incubación, de recuperación y de pérdida de inmunidad. El observador es de tipo Luenberger y tiene como objetivo estimar datos de las poblaciones compartimentales no reportadas por la OMS para algunas de las nuevas variantes del SARS-CoV-2 con mayor impacto y afectación en la población de México. Para ilustrar el comportamiento del modelo y el observador, en la Sección 5 se presentan simulaciones para ajustar la dinámica del modelo propuesto a las curvas de datos reportados por la OMS, así como el empleo del observador para estimar datos no reportados. Aquí se asume que la población total solo a una fracción de la población de México; por simplicidad, las subpoblaciones consideradas están normalizadas. Finalmente, en la Sección 6 se plantea un discusión sobre el empleo de retardos en los modelos matemáticos y el uso del observador para estimar poblaciones compartimentales.

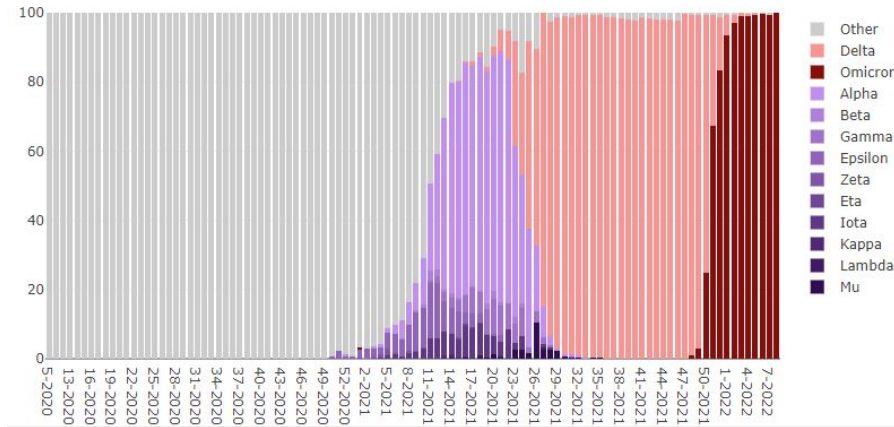


Figura 1: Proporción de las variantes del SARS-CoV-2 por semana (imagen tomada de (GISAID, 2022))

### 2. Motivación y planteamiento del problema

En la actualidad, la pandemia de la COVID-19 causada por el virus SARS-CoV-2 es una enfermedad de preocupación, puesto que ha traído distintos impactos a nivel mundial. Entre los impactos que se han generado, existen aquellos del ámbito de la salud y economía, por mencionar algunos. Debido a estos impactos, ha crecido el interés por parte de los investigadores por tratar de predecir, estimar o conocer el comportamiento certero que ha tenido la propagación de la COVID-19. Un problema adicional es que el virus se encuentra en constante cambio, trayendo consigo distintas variantes de preocupación e interés que encienden las alertas de las autoridades sanitarias y gubernamentales. En este trabajo, se utiliza un modelo compartimental con tres retardos para estimar el comportamiento de la COVID-19 en México para distintas ventanas de tiempo. El cual proporciona tres dinámicas correspondientes a Susceptibles, Infecciosos y Recuperados, las cuales se pueden estimar únicamente con este modelo si se contara con información disponible de las tres dinámicas reales. Por lo que el problema aquí es la falta de información, y es por ello que se diseña un observador de estado del tipo Luenberger para el modelo con retardos propuesto, con la finalidad de poder estimar aquellos estados/compartimentos de los cuales no se cuenta con información. Para dar una idea más clara de la dinámica de la COVID-19. Por lo que el problema es reconstruir las dinámicas no conocidas de la COVID-19 por medio del observador que se diseña para el modelo propuesto con tres retardos.

### 3. Modelo básico Kermack y McKendrick

Como ya se mencionó en la introducción, los modelos matemáticos son útiles para lograr una mejor comprensión de la dinámica de propagación de una enfermedad infecciosa, dado que proporcionan información valiosa para detectar brotes importantes, a visualizar patrones y monitorear características que puedan sugerir medidas adecuadas para controlar/reducir la propagación de enfermedades. En particular para la pandemia actual de la COVID-19, el deseo de poder implementar estrategias con el fin de erradicar, controlar o mitigar sus efectos se ha vuelto un reto para los investigadores y personas del sector

salud. A continuación, se presenta un modelo fundamental de la epidemiología matemática conocido como modelo de Kermack y McKendrick.

El modelo fundamental para describir la transmisión por contacto entre personas, es el modelo SIR propuesto por Kermack y McKendrick Kermack y McKendrick (1927) que se representa por tres ecuaciones diferenciales ordinarias que modelan la interacción de tres compartimentos poblacionales:

$S(t)$  son las personas susceptibles, es decir son todas aquellas que no tienen inmunidad contra el agente infeccioso por lo que podrán volverse infecciosos al tener contacto con un individuo infeccioso.

$I(t)$  son las personas infecciosas, portadoras de la enfermedad y capaces de transmitirla a las personas susceptibles por medio del contacto físico.

$R(t)$  son las personas removidas, quienes tuvieron la enfermedad y por lo tanto se convierten en inmunes a esta. Más aún, estos individuos no afectan a la dinámica de la transmisión de la enfermedad.

La población total se denota como  $N(t) = S(t) + I(t) + R(t)$  y se considera constante. Las ecuaciones diferenciales ordinarias que representan la dinámica de los compartimentos poblacionales son:

$$\begin{aligned} \frac{d}{dt}S(t) &= -\beta S(t)I(t), \\ \frac{d}{dt}I(t) &= \beta S(t)I(t) - \gamma I(t), \\ \frac{d}{dt}R(t) &= \gamma I(t), \end{aligned} \tag{1}$$

donde  $\beta$  y  $\gamma$  son parámetros que representan la tasa de infección (número de personas infectadas por unidad de tiempo) y el recíproco del tiempo promedio que tarda en recuperarse una persona de la enfermedad, respectivamente. El número reproductivo básico es de la forma  $\mathcal{R}_0 = \frac{\beta S_0}{\gamma}$ . El cual, hace mención al número esperado de casos secundarios que un individuo infeccioso producirá en una población completamente susceptible durante su periodo de infecciosidad.

Para comprender mejor el comportamiento dinámico descrito por el modelo (1), todos los términos con signo positivo

representan una contribución a ese compartimento, y los términos con signo negativo son aquellos que en algún momento van a salir de esa clase. Sin embargo, es claro que este modelo no describe apropiadamente el comportamiento de la actual pandemia de la COVID-19, comenzando por que la enfermedad ha mostrado que las personas recuperadas pueden volver a infectarse. Además, que en este modelo la transición entre cada uno de los compartimentos poblacionales se considera de forma inmediata. Debido a que este modelo permite saber que independientemente de la tasa de infección, si el número de susceptibles se reduce, también el número de infecciosos disminuye. Por esa razón, una de las medidas adoptadas en México fue la Jornada Nacional de Sana Distancia.

#### 4. Modelo y observador propuesto

El modelo (1) ha marcado la pauta para distintos modelos epidemiológicos porque ha sido empleado para conocer el comportamiento de numerosas enfermedades infecciosas. Con la finalidad de ser utilizado para la pandemia de la COVID-19, esta sección comienza con la propuesta de un modelo con retardos donde se considera que una parte de las personas recuperadas vuelven a ser susceptibles después de un periodo de tiempo posterior a su recuperación. El modelo propuesto es de la forma

$$\begin{aligned} \frac{d}{dt}S(t) &= -\beta S(t)I(t - \tau_3) + \alpha R(t - \tau_2), \\ \frac{d}{dt}I(t) &= \beta S(t)I(t - \tau_3) - \gamma I(t - \tau_1), \\ \frac{d}{dt}R(t) &= \gamma I(t - \tau_1) - \alpha R(t - \tau_2), \end{aligned} \quad (2)$$

donde:

- $\beta$  es la tasa de transmisión de la enfermedad.
- $\gamma$  y  $\alpha$  son los recíprocos de los tiempos promedios que tarda un individuo en recuperarse de la enfermedad y en perder su inmunidad, respectivamente.
- $\tau_1$  es el tiempo que tarda un individuo infeccioso en dejar de serlo, para así recuperarse de la enfermedad y adquirir inmunidad.
- $\tau_2$  es el tiempo que tarda un individuo recuperado en volver a la clase susceptible.
- $\tau_3$  es el tiempo que tarda un individuo susceptible en presentar síntomas y afectar a la dinámica de propagación de la enfermedad.

Este modelo es propuesto debido a que la actual pandemia de la COVID-19, ha mostrado que las personas no adquieren inmunidad total ni permanente, es decir pueden volver a infectarse de alguna otra variante de la enfermedad después de un tiempo posterior a haberse recuperado. En este modelo el producto  $\alpha R(t - \tau_2)$  representa a las personas que en un tiempo  $\tau_2$  pierden su inmunidad por lo que vuelven a ser susceptibles, mientras que el producto  $\gamma I(t - \tau_1)$  representa la fracción de los infecciosos que en un tiempo  $\tau_1$  dejan de serlo y por lo tanto se recuperan. Por otro lado, el producto  $\beta S(t)I(t - \tau_3)$  representa

toda aquella población de individuos que se infectaron y después de un tiempo  $\tau_3$  comienzan a ser infecciosos.

El número efectivo de reproducción  $\mathcal{R}_e$  puede define el comportamiento umbral de modelos epidemiológicos de la forma (2): si  $\mathcal{R}_e < 1$  el evento epidémico tenderá a desaparecer rápidamente, mientras que si  $\mathcal{R}_e > 1$  se espera que la epidemia continúe. Aquí, entre más alto es el valor del  $\mathcal{R}_e$ , más difícil será controlar una epidemia (Comincini-Cantillo *et al.*, 2021). Del modelo (2), se puede observar que  $\frac{d}{dt}I(t) > 0$  si y solo si  $\beta S(t)I(t - \tau_3) - \gamma I(t - \tau_1) > 0$ , o equivalentemente si  $\frac{\beta S(t)}{\gamma} > \frac{I(t - \tau_1)}{I(t - \tau_3)}$ , o  $\frac{\beta S_0}{\gamma} \frac{I(t - \tau_3)}{I(t - \tau_1)} > 1$ . Por lo cual, una epidemia/pandemia continua si  $\mathcal{R}_e = \frac{\beta S_0}{\gamma} \frac{I(t - \tau_3)}{I(t - \tau_1)} > 1$ , donde  $S_0$  es la condición inicial de la población susceptible. Observe que  $\frac{\beta S_0}{\gamma} = \mathcal{R}_0$  es el número reproductivo básico del modelo SIR clásico (1), el cual se obtiene como sigue:

$$\begin{aligned} \frac{d}{dt}I(t) &= (\beta S_0 - \gamma)I(t) \\ \implies I(t) &= I_0 e^{(\beta S_0 - \gamma)t} = I_0 e^{\gamma(\frac{\beta S_0}{\gamma} - 1)t} = I_0 e^{\gamma(\mathcal{R}_0 - 1)t}. \end{aligned}$$

Aquí, una enfermedad infecciosa se podrá clasificar como epidemia si  $\mathcal{R}_0 > 1$ , se extinguirá cuando  $\mathcal{R}_0 < 1$  y permanecerá constante si  $\mathcal{R}_0 = 1$ , ver (Cumsille *et al.*, 2022).

Con base al modelo (2) se diseña un observador de estado del tipo Luenberger, con la finalidad de poder estimar/reconstruir la dinámica de las poblaciones de recuperados y susceptibles, dado que no se cuenta con información reportada por las organizaciones de salud. Esto último, con la finalidad de tener una mejor comprensión de como ha sido la propagación de la COVID-19, en las poblaciones consideradas en el modelo y a su vez estimar aquellos parámetros tales como, la tasa de infección, el recíproco del tiempo promedio de recuperación y el recíproco del tiempo promedio de pérdida de inmunidad.

Para el diseño del observador, se considera como salida del modelo a  $y(t) = \beta S(t)I(t - \tau_3)$ , correspondiente a los nuevos infecciosos. Y dado a que el observador del tipo Luenberger consiste en una copia del sistema con ganancias para ajustar el error de estimación, se propone la siguiente estructura para el observador:

$$\begin{aligned} \frac{d}{dt}\hat{S}(t) &= -y(t) + \alpha \hat{R}(t - \tau_2) + L_1(\hat{y}(t) - y(t)), \\ \frac{d}{dt}\hat{I}(t) &= y(t) - \gamma \hat{I}(t - \tau_1) + L_2(\hat{y}(t) - y(t)), \\ \frac{d}{dt}\hat{R}(t) &= \gamma \hat{I}(t - \tau_1) - \alpha \hat{R}(t - \tau_2) + L_3(\hat{y}(t) - y(t)), \end{aligned} \quad (3)$$

donde  $\hat{y}(t) = \beta \hat{S}(t)\hat{I}(t - \tau_3)$  se toma como la salida estimada del observador. Aquí,  $\hat{S}$ ,  $\hat{I}$  y  $\hat{R}$  representan las variables estimadas por medio del observador, correspondientes a Susceptibles, Infecciosos y Recuperados, respectivamente. En la Figura 2, se muestra a grandes rasgos el procedimiento que se realiza para comparar las dinámicas obtenidas por medio del observador diseñado para el modelo SIR propuesto en comparación con los datos reales de los casos confirmados, reportados por la OMS. Donde, podemos observar que el modelo se alimenta de condiciones iniciales del sistema (recuadro azul) y condiciones iniciales para los parámetros (recuadro gris), las cuales son ajustadas por medio de una rutina exhaustiva, la cual consiste en variaciones paramétricas para obtener una mejor correspondencia entre la solución numérica del modelo matemático y los

datos reales de la dinámica de la COVID-19 reportada por la OMS (2022). Una vez que se logra que el modelo se apegue a los datos reales, se alimenta al observador con los parámetros identificados, esta transición se representa en el diagrama por medio de una línea punteada. Finalmente, se alimenta al observador con los parámetros previamente mencionados, así como los datos reales y la misma salida del observador, para ajustar el error y poder estimar de mejor manera la dinámica de acuerdo a los datos reales. Además, el observador estima las dinámicas no reportadas de Susceptibles y Removidos/Recuperados.

### 5. Estudio de las variantes de la COVID-19 en México

#### 5.1. Variante Delta

En este apartado, considere el modelo SIR epidémico propuesto con tres retardos de la forma (2), así como los datos registrados por la OMS del 9 de agosto al 20 de septiembre de 2021, ventana de tiempo en la que tuvo lugar la variante Delta del virus SARS-CoV-2. Aquí,  $N = 350000$  es la población total, de la cual  $S_0 = I_0 - R_0$ ,  $I_0 = 25339/N$  y  $R_0 = 0$  son las condiciones iniciales normalizadas de la población susceptible, infecciosa y recuperada, respectivamente. Los valores de la tasa de infección  $\beta$ , el recíproco del tiempo promedio de recuperación  $\gamma$ , el tiempo promedio de pérdida de inmunidad  $\alpha$ , así como el valor de los retardos  $\tau_1$ ,  $\tau_2$  y  $\tau_3$ , son dados en la Tabla 2.

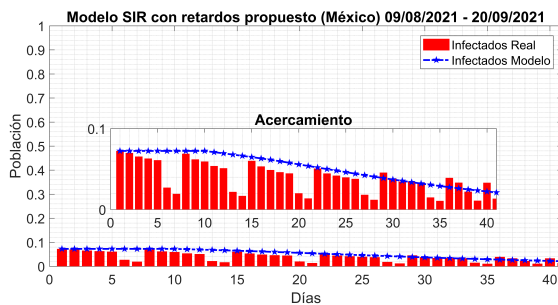


Figura 3: Simulación del modelo SIR (2) empleando  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $\alpha$ ,  $\tau_1$ ,  $\tau_2$  y  $\tau_3$  dados en la Tabla 2.

En la Figura 3, es posible observar que el comportamiento obtenido por medio del modelo, utilizando los valores de la Tabla 2, se apegue a los datos reales correspondientes a los casos confirmados reportados por la OMS. Obteniendo un Error Cuadrático Medio (ECM) de 0.0144 (1.44%).

Tabla 2: Valores  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $\alpha$ ,  $\tau_1$ ,  $\tau_2$  y  $\tau_3$  para el modelo SIR (2).

$\beta$	$\gamma$	$\alpha$	$\tau_1$	$\tau_2$	$\tau_3$
0.061	0.077	0.0021	9	3	5

Al utilizar los mismos datos de la Tabla 2 para alimentar al observador, es posible corroborar que la dinámica del observador es igual a la obtenida por el modelo, esto, debido a que se trata de una copia del mismo. Mas aún, al comparar las estimaciones obtenidas en la Figura 4 por el observador y el modelo, se obtiene un ECM igual a cero.

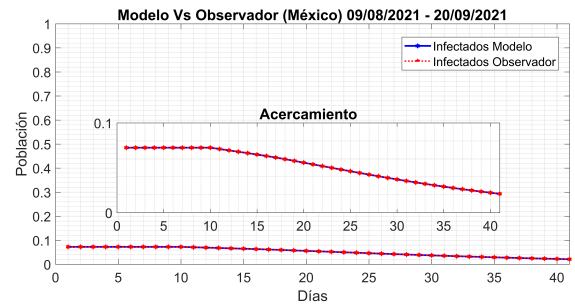


Figura 4: Simulación del modelo SIR (2) y del observador (3) empleando  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $\alpha$ ,  $\tau_1$ ,  $\tau_2$  y  $\tau_3$  dados en la Tabla 2.

Por último, alimentando al observador con los datos reales, correspondientes a los datos de las personas confirmadas registrados por la OMS, y utilizando los valores para las ganancias igual a  $L_1 = -1.089$ ,  $L_2 = 0.979$  y  $L_3 = 0.11$ , se obtiene como resultado las dinámicas de la Figura 5. Las ganancias  $L_1$ ,  $L_2$  y  $L_3$  consideradas en ambas variantes de la COVID-19, son obtenidas por medio de variaciones paramétricas, permitiendo una mejor correspondencia entre las dinámicas del observador y los datos reales mediante el ajuste del error.

En la Figura 5, es posible observar que solo con la información disponible, se estiman las dinámicas de susceptibles y recuperados con la ayuda del observador de estado. Por medio de la cual, es posible observar que mientras los casos confirmados disminuyen, la dinámica de los recuperados aumenta. El ECM obtenido entre los datos reales de la OMS y el observador es de 0.0205 (2.05%).

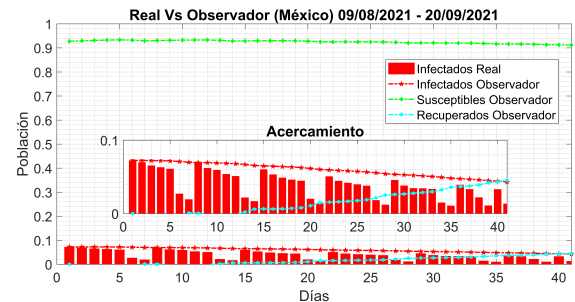


Figura 5: Simulación del observador (3) comparado con los datos reales empleando  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $\alpha$ ,  $\tau_1$ ,  $\tau_2$  y  $\tau_3$  dados en la Tabla 2.

#### 5.2. Variante Ómicron

En este apartado, considere el modelo SIR epidémico propuesto con tres retardos de la forma (2), así como los datos registrados por la OMS del 13 de enero al 25 de febrero de 2022, ventana de tiempo en la que tuvo lugar la variante Ómicron del virus SARS-CoV-2. Aquí,  $N = 350000$  es la población total, de la cual  $S_0 = I_0 - R_0$ ,  $I_0 = 69025/N$  y  $R_0 = 0$  son las condiciones iniciales normalizadas de la población susceptible, infecciosa y recuperada, respectivamente. Los valores de la tasa de infección  $\beta$ , el recíproco del tiempo promedio de recuperación  $\gamma$ , el tiempo promedio de pérdida de inmunidad  $\alpha$ , así como el valor de los retardos  $\tau_1$ ,  $\tau_2$  y  $\tau_3$ , son dados en la Tabla 3.

En la Figura 6, es posible observar que el comportamiento obtenido por medio del modelo, utilizando los valores de la Tabla 3, se apegue a los datos reales correspondientes a los casos

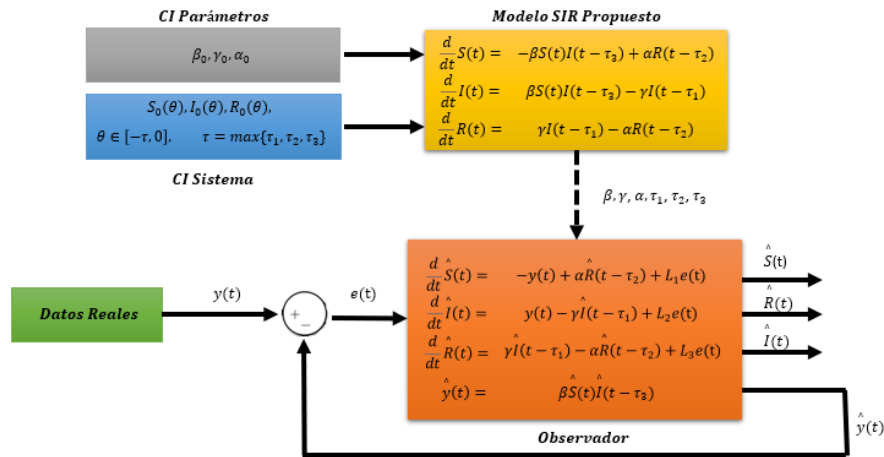


Figura 2: Comparación de la salida del observador contra los datos reales reportados por la OMS.

confirmados reportados por la OMS. Obteniendo un ECM de 0.0306 (3.06 %).

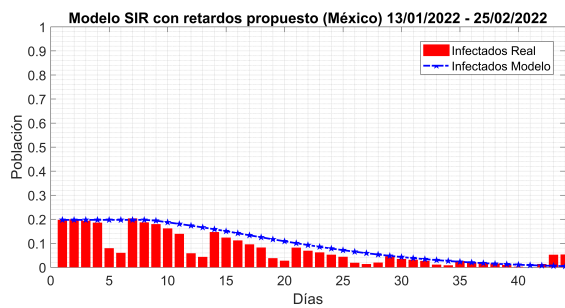


Figura 6: Simulación del modelo SIR (2) empleando  $\beta, \gamma, \alpha, \tau_1, \tau_2$  y  $\tau_3$  dados en la Tabla 3.

Tabla 3: Valores  $\beta, \gamma, \alpha, \tau_1, \tau_2$  y  $\tau_3$  para el modelo SIR (2).

$\beta$	$\gamma$	$\alpha$	$\tau_1$	$\tau_2$	$\tau_3$
0.059	0.081	0.0018	7.5	3	3.2

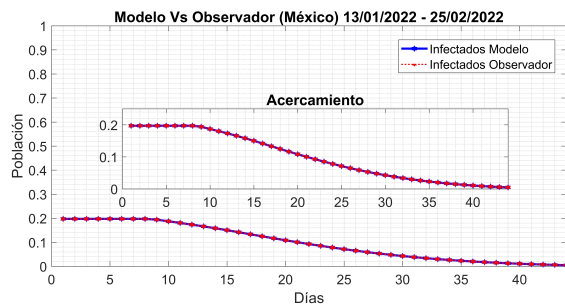


Figura 7: Simulación del modelo SIR (2) y del observador (3) empleando  $\beta, \gamma, \alpha, \tau_1, \tau_2$  y  $\tau_3$  dados en la Tabla 3.

Al utilizar los mismos datos de la Tabla 3 para alimentar al observador, es posible corroborar que la dinámica del observador es igual a la obtenida por el modelo, esto, debido a que se trata de una copia del mismo. Mas aún, al comparar las estimaciones obtenidas en la Figura 7 por el observador y el modelo, se obtiene un ECM igual a cero.

Por último, alimentando al observador con los datos reales, correspondientes a los datos de las personas confirmadas registrados por la OMS, y utilizando los valores para las ganancias igual a  $L_1 = -1.108, L_2 = 0.998$  y  $L_3 = 0.11$ , se obtiene como resultado las dinámicas de la Figura 8.

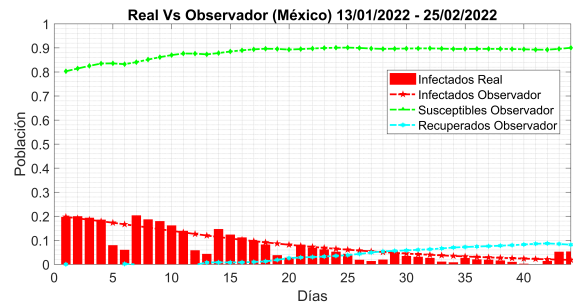


Figura 8: Simulación del observador (3) comparado con los datos reales empleando  $\beta, \gamma, \alpha, \tau_1, \tau_2$  y  $\tau_3$  dados en la Tabla 3.

En la Figura 8, es posible observar que solo con la información disponible, se estiman las dinámicas de susceptibles y recuperados con la ayuda del observador de estado. Por medio de la cual, es posible observar que mientras los casos confirmados disminuyen, la dinámica de los recuperados aumenta. El ECM obtenido entre los datos reales de la OMS y el observador es de 0.0248 (2.48 %).

## 6. Discusión y conclusiones

Con el fin coadyuvar a entender el comportamiento de la enfermedad infecciosa denominada COVID-19, en este manuscrito se propone un modelo matemático epidemiológico con tres retardos. Pero ¿Por qué utilizar un modelo con retardos en lugar de uno libre de retardos? Si bien, los modelos libres de retardos han sido de gran utilidad para describir el comportamiento de una enfermedad infecciosa, el empleo de retardos en los modelos pueden acercarse más a la dinámica real observada de una pandemia, esto debido principalmente al considerar tiempos muertos no triviales y muy importantes debidos a los procesos de incubación, de recuperación y de pérdida de inmunidad, por mencionar algunos.

Por otro lado, ¿Para qué diseñar y/o emplear un observador de estado? Un observador es una herramienta empleadas en teoría de control que permite reconstruir una o varias variables del estado de un sistema cuando no es posible tener medición/datos de dichas variables. Para este caso, un observador puede ser empleado para estimar los datos de las poblaciones compartimentales no reportados por parte de la OMS y con ello poder estimar la gravedad de la enfermedad, cuantificar sus incidencias en las poblaciones Susceptible y Removidos (Recuperados y Defunciones), y poder coadyuvar a la toma de decisiones por las autoridades pertinentes.

La utilidad del modelo matemático con retardos y del observador de estado propuestos es determinada mediante simulaciones utilizando los datos de la población de Infecciosos reportados por la OMS de la COVID-19 en México para las variantes Ómicron y Delta en distintas ventanas de tiempo. La simulación realizada para la variante Delta en la ventana de tiempo comprendida del 9 de agosto al 20 de septiembre de 2021, muestra que la tasa de infección, recuperación y de pérdida de inmunidad son del 6.1 %, 7.7 % y 0.21 %, respectivamente. Mismas que para la variante Ómicron en la ventana de tiempo comprendida del 13 de enero al 25 de febrero de 2022, son de 5.9 %, 8.1 % y 0.18 %, respectivamente. Comparando los retardos es posible observar que la variante Ómicron en comparación con la Delta, tiene un tiempo de incubación menor, lo que nos dice que las personas comienzan a presentar síntomas más rápido y volverse infecciosos.

También, es claro que no se logra seguir por completo la dinámica de los infecciosos, que es con la que se alimenta al observador pero esto continua siendo un caso abierto en cuanto a la estimación de la dinámica de enfermedades infecciosas en la epidemiología matemática. Se podría pensar que utilizar algún modelo más complejo y utilizar alguna otra técnica de control mejoraría las estimaciones. Sin embargo, para el estudio de la evolución de una enfermedad se ha demostrado que es mejor trabajar con modelos sencillos, debido a que la estimación de parámetros no es una tarea sencilla. Por lo que este trabajo de investigación busca aportar un breve panorama de lo que es posible realizar con el apoyo de un modelo matemático epidemiológico y técnicas del área de control, dejando en claro que los resultados que se obtienen pueden mejorar.

## Agradecimientos

Se agradece al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología de México (CONACYT) por la beca de posgrado, No. CVU 1076719, por medio de la cual este manuscrito es parcialmente financiado.

## Referencias

- Angulo, M. T., Castaños, F., Velasco, J. X., y Moreno, J. A. (2020). A simple criterion to design optimal nonpharmaceutical interventions for epidemic outbreaks.
- Banco Mundial (2020). La COVID-19 (coronavirus) hunde a la economía mundial en la peor recesión desde la Segunda Guerra Mundial. <https://www.bancomundial.org/es/news/press-release/2020/06/08/covid-19-to-plunge-global-economy-into-worst-recession-since-world-war-ii>. [Web; accedido el 10-03-2022].






- BBC News Mundo (2021). Ómicron: los gráficos que muestran las 5 variantes de SARS-CoV-2 que la OMS considera "de preocupación". <https://www.bbc.com/mundo/noticias-57527964>. [Web; accedido el 04-03-2022].
- Bliman, P.-A., Efimo, D., y Ushirobir, R. (2018). A class of nonlinear adaptive observers for SIR epidemic model. En *2018 European Control Conference (ECC)*, pp. 1–6. IEEE.
- Bornard, G., Couenne, N., y Celle, F. (1989). Regularly persistent observers for bilinear systems. En *New trends in nonlinear control theory*, pp. 130–140. Springer.
- Casals, M., Guzmán, K., y Caylà, J. A. (2009). Modelos matemáticos utilizados en el estudio de las enfermedades transmisibles. *Revista española de salud pública*, 83(5):689–695.
- Castaños, F. y Mondié, S. (2021). Observer-based predictor for a SIR model with delays: An optimal-control case study.
- Comincini-Cantillo, E., Wilches Visbal, J. H., y Saraví, F. D. (2021). Factores epidemiológicos  $R_0$  y  $R_e$  durante la COVID-19: ¿qué son y en qué difieren? *rev. cuid.(Bucaramanga, 2010)*, pp. e1393–e1393.
- Cumsille, P., Rojas-Díaz, Ó., de Españés, P. M., y Verdugo-Hernández, P. (2022). Forecasting COVID-19 chile's second outbreak by a generalized SIR model with constant time delays and a fitted positivity rate. *Mathematics and Computers in Simulation*, 193:1–18.
- De la Sen, M., Alonso-Quesada, S., Ibeas, A., y Nistal, R. (2012). An observer-based vaccination law for a SEIR epidemic model. *International Journal of Computer Theory and Engineering*, 4(3):379.
- Funahashi, Y. (1979). Stable state estimator for bilinear systems. *International Journal of Control*, 29(2):181–188.
- GISAID (2022). Wisconsin SARS-CoV-2 (hCoV-19) Genomic Dashboard. <https://dataportal.sls.wisc.edu/sc2dashboard>. [Web; accedido el 06-03-2022].
- Goel, R. y Sharma, R. (2020). Mobility based SIR model for pandemics-with case study of COVID-19. En *2020 IEEE/ACM International Conference on Advances in Social Networks Analysis and Mining (ASONAM)*, pp. 110–117. IEEE.
- Hara, S. y Furuta, K. (1976). Minimal order state observers for bilinear systems. *International Journal of Control*, 24(5):705–718.
- Ibeas, A., de la Sen, M., Alonso-Quesada, S., y Zamani, I. (2015). Stability analysis and observer design for discrete-time SEIR epidemic models. *Advances in Difference Equations*, 2015(1):1–21.
- Kermack, W. O. y McKendrick, A. G. (1927). A contribution to the mathematical theory of epidemics. *Proceedings of the royal society of london. Series A, Containing papers of a mathematical and physical character*, 115(772):700–721.
- Martínez, J. (2022). COVID-19: La variante delta del SARS-COV-2, un enemigo de cuidado. <https://www.anahuac.mx/mexico/noticias/Variante-Delta-del-SARS-Cov-2>. [Web; accedido el 06-03-2022].
- OMS (2022). Seguimiento de las variantes del SARS-CoV-2. <https://www.who.int/es/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/>. [Web; accedido el 06-03-2022].
- UNESCO (2020). COVID-19: Problemas sociales y psicológicos en la pandemia. <https://es.unesco.org/news/covid-19-problemas-sociales-y-psicologicos-pandemia>. [Web; accedido el 10-03-2022].
- Unmubig, B. (2020). Las consecuencias de la pandemia del coronavirus y lo que se debería hacer. <https://mx.boell.org/es/2020/09/22/las-consecuencias-de-la-pandemia-del-coronavirus-y-lo-que-se-deberia-hacer>. [Web; accedido el 10-03-2022].
- Vega, A. (2020). Hospitales colapsarán en enero si los contagios de COVID no bajan en diciembre, alertan médicos. <https://www.animalpolitico.com/2020/12/hospitales-colapsaran-enero-si-contagios-covid-no-bajan/>. [Web; accedido el 11-03-2022].
- Volpert, V., Banerjee, M., y Petrovskii, S. (2020). On a quarantine model of coronavirus infection and data analysis. *Mathematical Modelling of Natural Phenomena*, 15:24.
- Watanabe, N. (2022). A k-means method for trends of time series: An application to time series of covid-19 cases in japan. *Jpn J Stat Data Sci*, 3:1–17.
- Williamson, D. (1977). Observation of bilinear systems with application to biological control. *Automatica*, 13(3):243–254.
- Ávila Pozos, R. y Rangel Zuñiga, D. (2017). Revisión histórica sobre la epidemiología matemática. *Páidi Boletín Científico de Ciencias Básicas e Ingenierías del ICBI*, 4(8).

# Apéndice C

## Tercer artículo


## Modelos matemáticos compartimentales para describir la dinámica de la transmisión de la COVID-19

### Compartment mathematical models to describe the dynamics of COVID-19 transmission

Jorge Antonio Hernández Ávila <sup>1</sup>  - Raúl Villafuerte Segura <sup>1</sup>   - Juan Eduardo Velázquez <sup>2</sup>   
Roberto Ávila-Pozos <sup>1</sup> 

<sup>1</sup> Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo, Área Académica de Computación y Electrónica. Pachuca, Hidalgo, México

<sup>2</sup> Instituto Politécnico Nacional, Unidad Profesional Interdisciplinaria de Ingeniería Campus Hidalgo. San Agustín Tlaxiaca, Hidalgo, México

 Autor de correspondencia: [villafuerte@uaeh.edu.mx](mailto:villafuerte@uaeh.edu.mx)

Recepción: 18-01-2022 / Aceptación: 26-05-2022

© Nova Scientia, bajo licencia Creative Commons

---

### Resumen

A lo largo de su historia, la humanidad ha padecido diferentes tipos de pandemias causadas por enfermedades infecciosas letales. Los modelos matemáticos son herramientas muy útiles para entender la dinámica del comportamiento/propagación de estas. Algunos de estos modelos son conocidos como *SIS*, *SIR* y *SEIR*. En este manuscrito se presenta una sucinta explicación de la estructura de estos modelos y su empleo en algunas pandemias. En particular, se analizan con especial interés algunos modelos tipo *SIR* sin y con retardos, así como sus aplicaciones a la actual pandemia causada por el virus SARS-CoV-2. Para determinar la correspondencia entre algunos de los modelos analizados y los datos/casos Infecciosos/Recuperados de México reportados por la Organización Mundial de la Salud (OMS), se presentan simulaciones en tres periodos de tiempo distintos entre el 2020-2021. Además, como una contribución principal, se propone un modelo matemático inédito tipo *SIR* con tres retardos. Finalmente, se realiza una discusión sobre la aplicación de algoritmos numéricos, como el de mínimos cuadrados ordinarios, para identificar algunos parámetros de los modelos matemáticos.

**Palabras clave:** modelos compartimentales; COVID-19; número reproductivo básico; retardo en el tiempo; estimación; sistemas libres de retardo; sistemas con retardos; identificación paramétrica; enfermedades infecciosas; pandemia; coronavirus

### Abstract

Humanity has suffered throughout its history from different types of pandemics caused by deadly infectious diseases. Mathematical models are very useful tools to understand the dynamics of the behavior and propagation of these. Among these models are those known as *SIS*, *SIR* and *SEIR*. This paper presents a brief explanation of the structure of these models and its use in some pandemics. In particular, some *SIR*-type models without and with delays are analyzed with special interest, as well as their applications to the current pandemic caused by the SARS-CoV-2 virus. To determine the correspondence between some of the models analyzed and the data of Infectious and Recovered from Mexico reported by the World Health Organization (WHO), simulations are presented in three different time periods between the years 2020-2021. In addition, an unpublished *SIR*-type mathematical model with three delays is proposed as a main contribution. Finally, a discussion is given on the application of numerical algorithms to identify some parameters of mathematical models, such as ordinary least squares.

**Keywords:** compartment models; COVID-19; basic reproductive number; time delay; estimation; delay-free systems; systems with delays; parametric identification; infectious diseases; pandemics; coronavirus

---

## 1. Introducción

A lo largo de su historia, la humanidad ha enfrentado diversas afectaciones a su salud, unas de las más temibles son aquellas que tienen que ver con enfermedades infecciosas. Estas, según su propagación, se suelen clasificar en brote, epidemia o pandemia. La Organización Mundial de la Salud (OMS), cataloga como brote epidémico a aquella aparición repentina de una enfermedad debida a una infección en una localidad específica y en un momento determinado. Es epidemia cuando una enfermedad se propaga activamente debido a que el brote se descontrola y se mantiene durante algún tiempo en un país o en un área geográfica concreta. Mientras que, para denominarse pandemia, se deben cumplir como mínimo dos criterios: 1) el brote epidémico afecte a más de un continente, y 2) los casos de cada país ya no sean importados sino provocados por transmisión comunitaria. Sin duda, además del impacto sanitario provocado por las enfermedades infecciosas, también se presentan afectaciones en los ámbitos económicos, sociales y emocionales, por mencionar algunos. De manera que, conocer el comportamiento de la dinámica de transmisión de las enfermedades infecciosas es de vital importancia, porque se pueden desarrollar medidas o estrategias de acción preventiva que mitiguen los daños y/o impactos antes mencionados.

Las enfermedades infecciosas pueden transmitirse de persona a persona, ya sea directamente por medio del contacto físico, a través del aire, los alimentos, el agua, mediante vectores (mosquitos, chinches, entre otros) o por transmisión vertical (de madre a hijo). Por definición, en una pandemia la diseminación de las enfermedades infecciosas entre la población mundial es muy rápida, debido a la interconectividad global, provocando severos daños a la salud de las personas y/o altos índices de mortandad en la población.

La mayoría de las veces se piensa que una enfermedad infecciosa y su propagación, surgen únicamente por descuido o por casualidad, pero detrás de todo esto, existe una gran variedad de factores que intervienen en su aparición. Entre algunos de esos factores, existen aquellos relacionados con la falta de higiene en las personas, las mutaciones de enfermedades, la falta de recursos económicos proporcionados a los servicios de salud, la falta de conocimiento necesario para poder prevenir una enfermedad o el desconocimiento de la dinámica que una enfermedad pudiera tener a lo largo del tiempo, ver (Ramonet, 2020). Hoy en día existe una gran variedad de enfermedades infecciosas y, sin lugar a dudas, con el paso de los años surgirán nuevas.

**Observación 1:** *De acuerdo a la OMS, se denomina pandemia a toda aquella nueva enfermedad que se propaga a nivel mundial. Mas aún, para fortalecer dicha definición, la OMS en el año 2009 estableció y divulgó seis fases que una enfermedad infecciosa debe cumplir para poder ser catalogada como una pandemia (Rosselli, 2020).*

Históricamente han surgido diversas enfermedades infecciosas que han afectado gravemente a la humanidad, entre las cuales se encuentra la llamada gripe española (Carbonetti, 2010; Huguet-Pané, 2020), el síndrome respiratorio (MERS) (Ramonet, 2020), la influenza A/H1N1 (Talledo et al., 2009; Hays, 2005), entre otras. Los expertos han señalado a la peste de Justiniano (541-542), a la peste negra (1346-1353), a la gripe española (1918-1920) y al VIH-SIDA (2005-2012) como las pandemias más catastróficas que ha sufrido la humanidad, debido a su gran letalidad y repercusiones en las épocas en las que estas ocurrieron. El 11 de marzo de 2020 la OMS declaró como pandemia a la COVID-19, enfermedad causada por el virus SARS-CoV-2 que tuvo su origen en Wuhan, China a finales de 2019 (Huamán-Saavedra, 2020). Hasta la fecha [10 de mayo del 2022] el impacto en el mundo corresponde a 512,748,861 casos confirmados, incluyendo 6,255,835 fallecimientos a nivel global por esta enfermedad, reportados de acuerdo a los datos registrados en la OMS. En Castañeda-Gullot y Ramos-Serpa (2020) se presenta un reporte de algunas de las pandemias más importantes que ha enfrentado la humanidad a lo largo de su historia (tabla 1).

Las pandemias pueden provocar colapso en los sistemas de salud (Vega, 2020), desplome masivo del comercio mundial (Unmubig, 2020), contracción de la economía mundial (Banco Mundial, 2020), impactos en el proceso de aprendizaje de los estudiantes (UNESCO, 2020), entre otros.

**Tabla 1.** Principales pandemias en la historia de la humanidad y porcentajes de decesos.**Table 1.** Main pandemics in the history of humanity and percentages of deaths.

Pandemia	Año	Decesos
Peste Antonino (Huguet-Pané, 2020)	165-180	5 millones (7 %)
Peste de Justiniano (Huguet-Pané, 2020)	541-542	25 millones (25 %)
Peste negra (Peste bubónica) (Huguet-Pané, 2020)	1346-1353	75-200 millones (50 %)
Gripe Rusa (Hays, 2005)	1889-1890	> 1 millón (8 %)
Cólera (Hays, 2005)	1910-1911	> 800 000 (3 %)
Gripe española (Influenza H1N1) (Huguet-Pané, 2020)	1918-1920	50-100 millones (10 %)
Gripe Asiática (Influenza H2N2) (Huguet-Pané, 2020)	1957-1958	1.2-2 millones (7 %)
Gripe de Hong-Kong (Influenza H3N2) (Hays, 2005)	1968	1 millón (1 %)
VIH-SIDA (Hays, 2005)	2005	31-35 millones (1.4 %)
COVID-19	2019-2021	En desarrollo

**Observación 2:** Cabe destacar que la pandemia causada por el VIH-SIDA aún prevalece entre la humanidad desde hace más de 40 años.

El conocimiento temprano de la dinámica de una enfermedad infecciosa puede coadyuvar en el diseño de estrategias para controlar y/o erradicar una enfermedad infecciosa. Entre dichas estrategias se pueden mencionar, campañas de vacunación, planes de distanciamiento entre personas, adquisición de equipo de seguridad en hospitales, entre otras medidas. Dichas estrategias tienen como objetivo, prevenir, estabilizar, contrarrestar y/o erradicar rápidamente a las enfermedades infecciosas y no generar daños severos a la población (Ávila-Pozos y Rangel-Zúñiga, 2017).

Una de las herramientas más comúnmente utilizadas para poder predecir de manera temprana la dinámica de una enfermedad infecciosa es conocida como modelo matemático. Un modelo matemático epidemiológico puede interpretarse como un conjunto de técnicas, herramientas y ecuaciones que pueden ser adaptadas para definir la interacción entre individuos, poblaciones y/o ambientes (Chubb y Jacobsen, 2010). Con un modelo matemático se puede mejorar la comprensión de la enfermedad, determinar prevalencias e incidencias, y con base al comportamiento obtenido del modelo, se pueden implementar intervenciones para modificar la tasa de transmisión de dicha enfermedad o se pueden tomar decisiones a corto o largo plazo, las cuales favorezcan en el control o erradicación de la enfermedad.

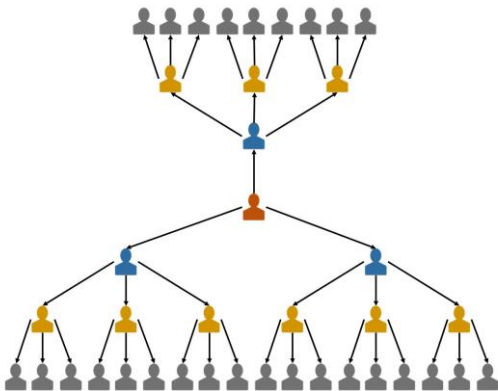
Típicamente, los modelos matemáticos empleados para este fin se clasifican en dos tipos: 1) los estocásticos, y 2) los determinísticos (Montesinos-López y Hernández-Suárez, 2007). En los estocásticos al menos una variable se toma como un dato al azar y las relaciones entre variables son consideradas como funciones probabilísticas. Entre estos se encuentran aquellos que emplean cadenas de Markov (Reynoso et al., 2020), el método de Monte Carlo (Pérez-Morelo et al., 2021), inferencia bayesiana (Villamizar-Lara, 2021), basada en agentes (Jiménez-Romero et al., 2020), entre otros. Mientras que, en los modelos determinísticos las mismas entradas producirán las mismas salidas, no contempla el azar, ni el principio de incertidumbre y no reflejan la incertidumbre de la propagación de la enfermedad (Bianco et al., 2020).

**Observación 3:** Los modelos matemáticos compartimentales (aquellos que consideran varios subconjuntos de una población) más comúnmente utilizados en la epidemiología matemática son los llamados modelos SIS, SIR y SEIR, los cuales se caracterizan de acuerdo a los grupos epidemiológicos en los cuales se divide la población.

Los modelos tipo SIR toman en cuenta tres subconjuntos poblacionales: susceptibles, infecciosos y recuperados. Los susceptibles son individuos sanos que al entrar en contacto con la enfermedad pueden resultar infectados. Los infecciosos son individuos que pueden transmitir la enfermedad y los recuperados son aquellos recuperados de la enfermedad, en algunas ocasiones en este subconjunto también se consideran los removidos

(decesos). Todos en función del tiempo. Mientras que, los modelo tipo SEIR consideran cuatro subconjuntos poblacionales: individuos susceptibles, expuestos, infecciosos y recuperados. Los expuestos son aquellos que ya están infectados, pero aún no son infecciosos porque aún no son capaces de transmitir la enfermedad. Finalmente, los modelos SIS consideran: susceptibles e infecciosos. El empleo de estos modelos está en función del tipo de individuos/población que se involucran en el análisis/comportamiento de la enfermedad que se estudia, asimismo el número reproductivo básico cambia, al estar también en función de las poblaciones consideradas. Cabe señalar que este número es uno de los parámetros más importantes en el estudio de la transmisión de enfermedades infecciosas (Hartemink et al., 2008; Wang y Zhao, 2012).

**Observación 4:** El número reproductivo básico, denotado por  $\mathcal{R}_0$ , es el número esperado de casos secundarios que un individuo infeccioso producirá en una población completamente susceptible durante su periodo de infecciosidad. Así,  $\mathcal{R}_0$  caracteriza el riesgo de infección de una enfermedad infecciosa. Por ejemplo, si  $\mathcal{R}_0 = 3$  entonces se espera que cada individuo infeccioso pueda transmitir la infección a tres personas más (figura 1).



**Figura 1.** Representación gráfica de la propagación de una enfermedad en la población, cuando  $\mathcal{R}_0 = 3$ .  
**Figure 1.** Graphic representation of the spread of a disease in the population, when  $\mathcal{R}_0 = 3$ .

Más importante aún,  $\mathcal{R}_0$  define el comportamiento umbral para muchos modelos epidemiológicos, y su interpretación es la siguiente: si  $\mathcal{R}_0 > 1$  se espera que la propagación de la enfermedad infecciosa continúe, mientras que si  $\mathcal{R}_0 < 1$  esta se extingue. Si  $\mathcal{R}_0 = 1$  el número de infecciosos permanece constante. El valor de  $\mathcal{R}_0$  está en función de la duración del período infeccioso, la tasa de infectar a un individuo susceptible durante el contacto con un individuo infeccioso, y el número de nuevos individuos susceptibles que tuvieron contacto con un individuo infeccioso por unidad de tiempo (Dietz, 1993). En la literatura de la epidemiología matemática, también se encuentran propuestas que aseguran que  $\mathcal{R}_0$  se ve afectado por numerosos factores biológicos, socioconductuales y ambientales que gobiernan la transmisión de la enfermedad, por lo cual, este debe estimarse empleando modelos matemáticos que describan los mecanismos asociados a la enfermedad infecciosa (Delamater et al., 2019).

Conocer el comportamiento dinámico de una pandemia permite implementar estrategias por medio de las cuales se controla o erradica una enfermedad infecciosa que tiene en emergencia sanitaria a un país, por ejemplo: intervenciones no farmacéuticas para reducir el índice de transmisión de la enfermedad (Angulo et al., 2021), cuarentena para que las personas infecciosas no contagien a las personas susceptibles (Volpert et al., 2020) y medidas de distanciamiento social para controlar la enfermedad durante su brote (Maleewong, 2020). Debido a esto, en el año 2020 algunos de los países afectados por el virus SARS-CoV-2, lograron reducir la crisis y volver paulatinamente a sus actividades, debido a que estos países hicieron obligatoria la cuarentena. Entre esos países se encuentran: Alemania (Giedion y Góngora, 2020), Dinamarca (Makooi, 2020), Finlandia

(EFE,2020; Corral, 2020), Islandia (Mackenzie, 2021), Noruega (Noruega, 2021), Nueva Zelanda (BBC News Mundo, 2020) y Taiwán (Khaliq,2020).

Desde un punto de vista se podría asumir que los países más desarrollados, con mejor economía y tecnología, tendrían una mejor respuesta ante la actual pandemia, pero de acuerdo a los recientes datos, se muestran casos de lo contrario, como: Estados Unidos, España, Francia o Reino Unido, por citar algunos, en donde se han registrado altos números de contagios y decesos causados por la COVID-19.

En Casals et al. (2009) se presenta un reporte en donde es posible visualizar que el modelo de transmisión de enfermedades infecciosas más utilizado ha sido el modelo *SIR*, seguido del modelo *SIS* y posteriormente de los modelos *SEIR*, *SI*, *SEIS* (Vidal et al., 2020). En la tabla 2, se muestra una pequeña recopilación de algunas de las pandemias en las que se han aplicado los modelos *SIS*, *SIR* y *SEIR*, en los últimos años.

**Tabla 2.** Modelos epidemiológicos aplicados a pandemias.

**Table 2.** Epidemiological models applied to pandemics.

Pandemia	Modelo aplicado
Peste negra (Peste bubónica) (Uribarri et al., 2013)	SIR
Cólera (Nkhoma, 2004)	SIR
Influenza (H1N1) (Alcaraz y Vargas, 2012; Saito et al., 2013)	SIR y SEIR
VIH-SIDA (Sepúlveda-Salcedo et al., 2011)	SIR y SEIR
COVID-19 (David et al., 2020; Angulo et al., 2021; Ghosh et al., 2020)	SIS, SIR y SEIR

**Observación 5:** Para la pandemia en curso de la COVID-19, causada por el virus SARS-CoV-2, según el leal saber y entender de los autores, los modelos *SIR* predominan entre las investigaciones que buscan describir el comportamiento de la pandemia.

Los modelos matemáticos en epidemiología han demostrado ser muy eficientes para describir la dinámica de las enfermedades, una vez que se tiene toda la información de la evolución de la pandemia (Saldaña y Velasco-Hernández, 2021). Puesto que la mayoría de los modelos suponen parámetros constantes en el tiempo y transiciones de una subpoblación a otra de manera inmediata, en este trabajo se proponen parámetros diferentes para épocas diferentes, además de los tiempos para transitar de una subpoblación a otra. De esta manera, la descripción mediante este modelo de la evolución de la pandemia, se acerca más a la forma en la que se han registrado los datos durante estos dos años.

La organización de este manuscrito continúa de la forma siguiente. En *Métodos, técnicas e instrumentos*, se presentan algunos modelos matemáticos tipo *SIR* empleados para modelar las dinámicas poblacionales de las últimas pandemias, así como una sucinta explicación de su estructura. Mientras que en *Modelos matemáticos SIR empleados a la pandemia de la COVID-19*, se muestran algunos modelos tipo *SIR*, con y sin retardos, empleados para atender la emergencia sanitaria provocada por la COVID-19. Así como la propuesta de un modelo matemático inédito tipo *SIR* con tres retardos. Continuando con *Resultados y discusión*, en donde se propone la simulación de algunos modelos matemáticos sin y con retardos para aproximar las curvas de infectados y recuperados de la COVID-19 en México reportadas por la OMS, esto se realiza en tres periodos de tiempo diferentes comprendidas entre el 2020-2021. En *Discusión*, se plantea la posibilidad de aplicar algoritmos numéricos para identificación paramétrica. Este manuscrito finaliza con las Conclusiones del presente trabajo de investigación.

## 2. Métodos, técnicas e instrumentos

En la actualidad existe una gran cantidad de contribuciones a la epidemiología matemática que emplean modelos matemáticos tipos *SIR*, sus variedades modélicas y aplicaciones científicas son amplias. Algunos de estos modelos suelen destacar debido a consideraciones/ajustes en su estructura, con el fin de obtener

una correspondencia/correlación lo más apegada posible a lo observado en el mundo real. A continuación, se presenta una muestra pequeña de estos para ejemplificar lo dicho anteriormente.

### **Modelo SIR básico KMK**

En Alcaraz y Vargas (2012) se menciona que uno de los primeros modelos que describen dinámicas tipo *SIR* fue dado en Kermack y McKendrick (1927), el cual, en lo sucesivo se denotará por KMK. En este modelo, las variables  $S(t)$ ,  $I(t)$  y  $R(t)$  representan las poblaciones de los grupos de personas susceptibles, infecciosas y recuperadas, respectivamente y supone que la población total permanece constante. Las ecuaciones que describen el cambio del tamaño de estas subpoblaciones en el tiempo son:

$$\begin{aligned} \frac{d}{dt}S(t) &= -\beta S(t)I(t), \\ \frac{d}{dt}I(t) &= \beta S(t)I(t) - \gamma I(t), \\ \frac{d}{dt}R(t) &= \gamma I(t), \end{aligned} \quad (1)$$

Donde:  $\beta > 0$  y  $\gamma > 0$  son parámetros que representan la fracción de individuos susceptibles que se vuelven infecciosos y la fracción de individuos infecciosos que se recuperan de la enfermedad, respectivamente. Cabe mencionar que este modelo ha sido empleado para describir pandemias en Corea del Sur (Nesteruk, 2020b), Ucrania (Nesteruk, 2020a) y Qatar (Nesteruk, 2021). En ocasiones, para simplificar, la población total  $N(t)$  es normalizada, por lo cual  $N(t) = S(t) + I(t) + R(t) = 1$ .

**Observación 6:** En este modelo, el número reproductivo básico  $\mathcal{R}_0$  se obtiene de la solución de la ecuación diferencial de infectados de (1), esto es:

$$\frac{d}{dt}I(t) = (\beta S_0 - \gamma)I(t) \Rightarrow I(t) = I_0 e^{(\beta S_0 - \gamma)t} = I_0 e^{\gamma(\mathcal{R}_0 - 1)t},$$

Donde:  $I_0$  y  $S_0$ , son la población inicial infecciosa y susceptible, respectivamente, y

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\beta}{\gamma},$$

por lo cual, si  $\mathcal{R}_0 < 1$  la infección desaparecerá eventualmente para tiempos largos, en tanto que si  $\mathcal{R}_0 > 1$  surge una epidemia.

### **Modelo SIR con tasa de mortalidad**

En Kuznetsov et al. (1994) y Bliman et al. (2018), una adecuación del modelo *SIR* dado en (1) es propuesta al incorporar la tasa de crecimiento per cápita  $\mu$  de la población de la forma siguiente:

$$\begin{aligned} \frac{d}{dt}S(t) &= \mu - \beta S(t)I(t) - \mu S(t), \\ \frac{d}{dt}I(t) &= \beta S(t)I(t) - (\gamma + \mu)I(t), \\ \frac{d}{dt}R(t) &= \gamma I(t) - \mu R(t). \end{aligned} \quad (2)$$

El número reproductivo básico para este modelo es:

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\beta}{\gamma + \mu}.$$

### **Modelo SIR con tasa de pérdida de la inmunidad**

Una variación del modelo *SIR* anterior, es el modelo *SIR* propuesto en Zarate-Siordia (2012). En este modelo, a comparación de (2), se añade un parámetro  $\delta$ , el cual representa la tasa de pérdida de inmunidad. Este coeficiente determina la tasa a la cual los miembros recuperados pierden su inmunidad a la enfermedad y son susceptibles de nuevo.

$$\begin{aligned}\frac{d}{dt}S(t) &= \mu - \beta S(t)I(t) + \delta R(t) - \mu S(t), \\ \frac{d}{dt}I(t) &= \beta S(t)I(t) - (\gamma + \mu)I(t), \\ \frac{d}{dt}R(t) &= \gamma I(t) - \delta R(t) - \mu R(t).\end{aligned}\quad (3)$$

Si se considera una tasa de mortalidad asociada a la enfermedad  $\mu_i$ , es decir, la tasa a la cual la población infecciosa muere específicamente por la enfermedad, entonces el modelo (3) queda como sigue:

$$\begin{aligned}\frac{d}{dt}S(t) &= \mu - \beta S(t)I(t) + \delta R(t) - \mu S(t), \\ \frac{d}{dt}I(t) &= \beta S(t)I(t) - \gamma I(t) - (\mu + \mu_i)I(t), \\ \frac{d}{dt}R(t) &= \gamma I(t) - \delta R(t) - \mu R(t),\end{aligned}\quad (4)$$

Donde:  $(\mu + \mu_i)$  es la tasa neta de mortalidad (Zarate-Siordia, 2012).

Los modelos tipo *SIR* descritos anteriormente suelen ser empleados para tratar de comprender el comportamiento de la dinámica de algunas de las pandemias que ha padecido la humanidad (tabla 2). A continuación, se presentan algunos modelos que se han adecuado específicamente para coadyuvar a entender la actual pandemia de la COVID-19.

### **Modelos matemáticos SIR empleados a la pandemia de la COVID-19**

En esta sección, se presentan algunos modelos tipo *SIR* libres de retardos y con retardos que se han empleado y/o propuesto para describir la propagación de la pandemia de la COVID-19.

#### *Modelos libres de retardo*

Modelo *SIR*-COVID-19 con intervenciones no farmacéuticas

En Angulo et al. (2021) se presenta el siguiente modelo *SIR*, donde se toman en consideración intervenciones no farmacéuticas  $u(t) \in [0, u_{max}]$ , con la finalidad de reducir la tasa de transmisión de la enfermedad. Aquí,  $u(t) = 0$  si las intervenciones no logran ninguna reducción, mientras que  $u_{max} \in (0,1)$  debido a que no es posible reducir la transmisión de la enfermedad completamente. Las ecuaciones son:

$$\begin{aligned}\frac{d}{dt}S(t) &= -(1 - u)\beta S(t)I(t), \\ \frac{d}{dt}I(t) &= (1 - u)\beta S(t)I(t) - \gamma I(t), \\ \frac{d}{dt}R(t) &= \gamma I(t),\end{aligned}\quad (5)$$

Donde:  $D(1 - u)$  es el factor que representa la reducción de la transmisión de la enfermedad debido las intervenciones. Note que a diferencia del modelo (2), no se toma en cuenta la tasa de crecimiento per cápita. El número reproductivo básico para el presente modelo es de la forma:

$$\mathcal{R}_0 = \frac{(1-u)\beta}{\gamma}.$$

Modelo *SIR*-COVID-19 de propagación de una enfermedad infecciosa

En Volpert et al. (2020) se propone el siguiente modelo *SIR*, el cual ha sido utilizado para determinar las condiciones de propagación de una enfermedad infecciosa, cuando el número de infecciosos, recuperados y fallecimientos es mucho menor que la cantidad de susceptibles en la población. Cuyas ecuaciones son:

$$\begin{aligned} \frac{d}{dt}S(t) &= -\beta I(t)S(t), \\ \frac{d}{dt}I(t) &= \beta I(t)S(t) - \gamma I(t) - \mu_i I(t), \\ \frac{d}{dt}R(t) &= \gamma I(t), \end{aligned} \quad (6)$$

Donde:  $\mu_i$  es la tasa de mortalidad debida solo a la infección, por lo que, el producto  $\mu_i I(t)$  representa la parte correspondiente a todos aquellos individuos infecciosos que fallecen únicamente por causas debidas a la infección. Observe que, en este modelo, la población no se considera constante, dado que no existe ningún término que compense a las personas fallecidas de la ecuación de infecciosos. El número reproductivo básico  $\mathcal{R}_0$  para el presente modelo, es de la forma:

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\beta S_0}{\gamma + \mu_i},$$

Donde:  $S_0$  representa la condición inicial de la población susceptible.

#### Modelos con retardos

Modelo *SIR*-COVID-19 de infección en progreso con un retardo

El modelo *SIR* de infección en progreso, es una variante del modelo (6), aquí se considera el retardo  $\tau$ , que representa al período de recuperación de la enfermedad, y no se toma en cuenta los efectos demográficos. Las ecuaciones son:

$$\begin{aligned} \frac{d}{dt}S(t) &= -\beta I(t)S(t), \\ \frac{d}{dt}I(t) &= \beta I(t)S(t) - \beta I(t-\tau)S(t-\tau), \\ \frac{d}{dt}R(t) &= \beta I(t)S(t). \end{aligned} \quad (7)$$

En este modelo se asume que el producto  $\beta I(t)S(t)$  representa la cantidad de individuos susceptibles por unidad de tiempo que pasan a ser inmediatamente infecciosos por medio del contacto entre individuos susceptibles e infecciosos en función de la tasa  $\beta$ , mientras que la cantidad  $\beta I(t-\tau)S(t-\tau)$  representa una salida de la clase de infecciosos en un tiempo  $\tau$ . Debido a que la población que se recupera de la enfermedad no vuelve a ser susceptible, la población en este modelo no se considera constante (Volpert, et al., 2020).

Modelo *SIR*-COVID-19 epidémico con dos retardos

En Cumsille et al. (2021) se presente el siguiente modelo *SIR*, el cual es la representación del modelo (1) considerando retardos en las poblaciones correspondientes a infecciosos y recuperados, cuyas ecuaciones están dadas por:

$$\begin{aligned}
\frac{d}{dt}S(t) &= -\beta S(t)I(t - \tau_1), \\
\frac{d}{dt}I(t) &= \beta S(t)I(t - \tau_1) - \gamma I(t - \tau_2), \\
\frac{d}{dt}R(t) &= \gamma I(t - \tau_2),
\end{aligned}
\tag{8}$$

Donde los parámetros  $\tau_1$  y  $\tau_2$ , representan la transición de los individuos susceptibles a infecciosos y de infecciosos a recuperados, respectivamente. Estos retardos se asumen, debido a que se considera que las personas susceptibles no se infectan inmediatamente al tener contacto con una persona infecciosa, por lo que se consideran los efectos del retardo en el tiempo para el periodo de incubación de la enfermedad  $\tau_1$ . Por otro lado, el efecto del retardo en el tiempo también se aplica a las personas recuperadas, dado que las personas infecciosas no inmediatamente dejan de serlo, por lo que se considera un periodo de recuperación de la enfermedad  $\tau_2$ . El número reproductivo básico para el presente modelo, es de la forma:

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\beta S_0 I(t - \tau_1)}{\gamma I(t - \tau_2)}.$$

#### Modelo *SIR*-COVID-19 propuesto con tres retardos

Esta sección finaliza con la propuesta de un modelo con retardos, en donde se considera que una parte de las personas recuperadas vuelven a ser susceptibles después de un periodo de tiempo posterior a su recuperación. Este modelo es propuesto debido a que la actual pandemia de la COVID-19, ha mostrado que las personas no adquieren inmunidad total ni permanente, es decir pueden volver a infectarse de alguna otra variante de la enfermedad después de un tiempo posterior a haberse recuperado. El modelo propuesto es de la forma:

$$\begin{aligned}
\frac{d}{dt}S(t) &= -\beta S(t)I(t - \tau_1) + \alpha R(t - \tau_3), \\
\frac{d}{dt}I(t) &= \beta S(t)I(t - \tau_1) - \gamma I(t - \tau_2), \\
\frac{d}{dt}R(t) &= \gamma I(t - \tau_2) - \alpha R(t - \tau_3),
\end{aligned}
\tag{9}$$

Donde  $\alpha$  es el recíproco del tiempo promedio que tarda en ocurrir la pérdida de inmunidad de la enfermedad, el cual se supone constante. Aquí, se proponen tres retardos, los cuales son  $\tau_1$ ,  $\tau_2$  y  $\tau_3$ , y representan lo siguiente:

- $\tau_1$  es el tiempo que tarda un individuo susceptible en presentar síntomas de la enfermedad, es decir en volverse infeccioso.
- $\tau_2$  es el tiempo que tarda un individuo infeccioso en dejar de serlo, para así recuperarse de la enfermedad y adquirir inmunidad.
- $\tau_3$  es el tiempo que tarda un individuo recuperado en volver a la clase susceptible.

En este modelo el producto  $\alpha R(t - \tau_3)$  representa a las personas que en un tiempo  $\tau_3$  pierden su inmunidad por lo que vuelven a ser susceptibles, mientras que el producto  $\gamma I(t - \tau_2)$  representa la fracción de los infecciosos que en un tiempo  $\tau_2$  dejan de serlo y por lo tanto se recuperan. Por otro lado, el producto  $\beta S(t)I(t - \tau_1)$  representa toda aquella población de individuos que se infectaron y después de un tiempo  $\tau_1$  comienzan a ser infecciosos. El número reproductivo básico es:

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\beta S_0 I(t - \tau_3)}{\gamma I(t - \tau_1)}.$$

### 3. Resultados y discusión

Se presentan simulaciones de algunos de los modelos matemático presentados en las secciones anteriores, los cuales son empleados para ajustar su dinámica a los datos oficiales de la población de México, reportados por la OMS (WHO, 2021), esto con el propósito de ilustrar el comportamiento de la evolución de la pandemia en este país y para ejemplificar la aplicación de estos modelos.

#### 3.1. Simulaciones del modelo SIR básico KMK

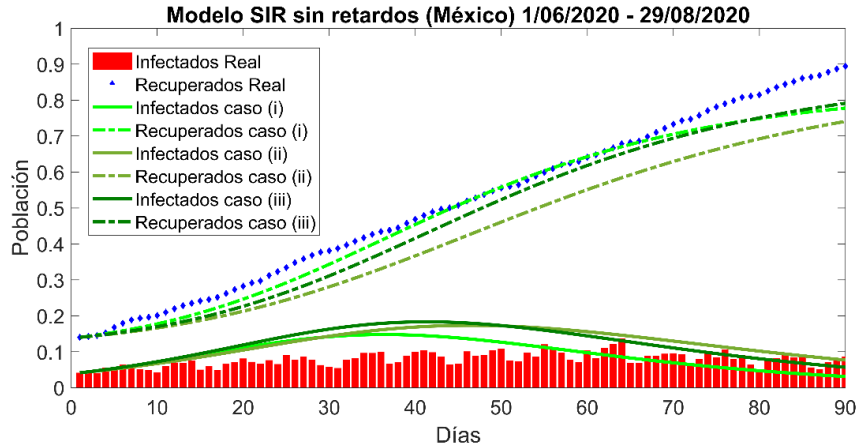
##### *1er período de tiempo (1 de junio al 29 de agosto de 2020)*

Considere el modelo SIR básico de KMK de la forma (1), así como los datos/casos registrados por la OMS en México del 1 de junio al 29 de agosto de 2020. Para fines de simulación, se considera que  $N$  es la población total para recuperar los datos reportados. Para este período de tiempo  $N = 70000$ , y las condiciones iniciales normalizadas de la población susceptible, infecciosa y recuperada son  $S_0 = 57336/N$ ,  $I_0 = 2885/N$  y  $R_0 = 9779/N$ , respectivamente. Aquí se toma como condición inicial de Infecciosos y Recuperados el número de casos reportados por la OMS, mientras que la condición inicial para susceptibles es la diferencia para obtener el total  $N$ . Cabe señalar que cuando cambia la propagación de la enfermedad entre la población del país este número  $N$  varía. Mientras que, los valores de la tasa de infección  $\beta$  y el recíproco del tiempo promedio de recuperación  $\gamma$ , son propuestos mediante una rutina empírica exhaustiva, la cual consiste en variaciones paramétricas para obtener las mejores correspondencias entre la solución numérica del modelo matemático y los datos reales en el período de tiempo. En la tabla 3 se presentan los tres mejores valores de  $\beta$  y  $\gamma$ , obtenidos por medio de una rutina exhaustiva, así como su correspondiente error cuadrático medio (ECM). Mientras que en la figura 2 se muestran los datos reportados por la OMS y la dinámica del modelo SIR básico de KMK de la forma (1), cuando se emplean los parámetros dados en la tabla 3. Observe que cuando se emplean los parámetros correspondientes al Caso (i), es decir, cuando se usa una tasa de infección de aproximadamente 17.25 % y un tiempo promedio de recuperación de 0.757, el modelo SIR básico de KMK de la forma (1) representa una evolución cercana al comportamiento con los datos registrados por la OMS para la población de México en los primeros 50 días considerados en este período de tiempo.

**Tabla 3.** Valores  $\beta$  y  $\gamma$  para el modelo SIR (1) en el 1er período de tiempo.

**Table 3.**  $\beta$  and  $\gamma$  for the SIR model (1) in 1st time window.

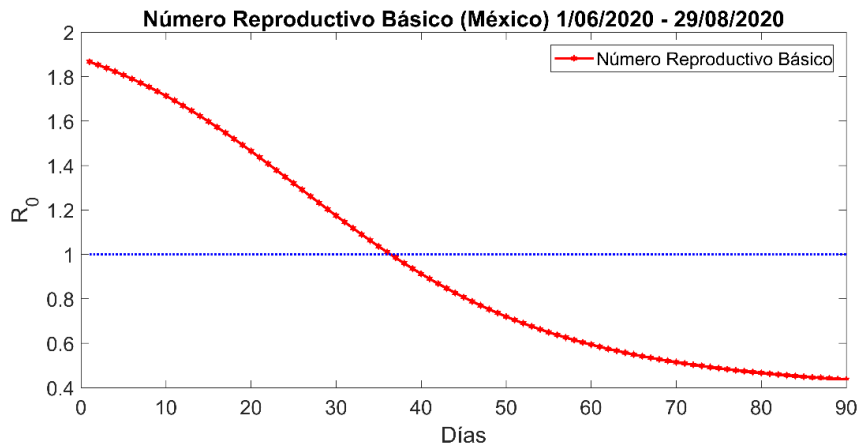
Caso	$\beta$	$\gamma$	ECM Infecciosos	ECM Recuperados
(i)	0.1725	0.0757	0.0343	0.0308
(ii)	0.1365	0.0547	0.0451	0.0893
(iii)	0.1542	0.0597	0.0469	0.0473



**Figura 2.** Simulación del modelo SIR (1) empleando  $\beta$  y  $\gamma$  dados en la tabla 3.  
**Figure 2.** Simulation of the SIR model (1) using  $\beta$  and  $\gamma$  given in table 3.

**Observación 7:** Observe que  $\beta$  y  $\gamma$  son parámetros que se encuentran estrechamente relacionados, es por ello que dichos parámetros son sensibles a las variaciones que el otro tenga. Es decir, si por ejemplo se varía el valor de  $\gamma$  para ajustar mejor los datos de la población infecciosa, entonces se podría observar una disconformidad mayor entre los datos reales y el comportamiento del modelo para la población recuperada, y viceversa.

**Observación 8:** Con base al ECM para los casos (i), (ii) y (iii) dados en la tabla 3, se puede decir que la aproximación que más se acerca a los datos reportados del comportamiento de la COVID-19 en México, es cuando se consideran los valores de  $\beta$  y  $\gamma$  del Caso (i). Cabe mencionar que el modelo SIR utilizado en este caso, no considera las intervenciones aplicadas en la población para reducir la transmisión de la enfermedad, es por ello que existe siempre una discrepancia (error) entre los datos reales y los estimados.



**Figura 3.** Número reproductivo básico del modelo SIR (1) empleando  $\beta$  y  $\gamma$  dados en (i) de la tabla 3.  
**Figure 3.** Basic reproductive number of the SIR model (1) using  $\beta$  and  $\gamma$  given in (i) of table 3.

En la figura 3, se ilustra la evolución del número reproductivo básico  $\mathcal{R}_0$  del modelo (1), para el Caso (i) de la tabla 3, donde es posible observar que hasta aproximadamente los 35 días su valor es mayor a uno, dando pauta a que, en los primeros días considerados en el período de tiempo comprendido del 1 de junio al 29 de agosto de 2020, la propagación de la enfermedad es mayor.

**2do período de tiempo (1 de diciembre de 2020 al 1 de marzo de 2021)**

Considere nuevamente el modelo SIR básico KMK dado en (1), así como los datos registrados por la OMS del 1 de diciembre de 2020 al 1 de marzo de 2021. Aquí,  $N = 200000$  es la población total, de la cual  $S_0 = 87957/N$ ,  $I_0 = 6388/N$  y  $R_0 = 105655/N$  son las condiciones iniciales normalizadas de la población susceptible, infecciosa y recuperada, respectivamente. Mientras que los valores de  $\beta$  y  $\gamma$ , obtenidos mediante una rutina empírica exhaustiva, y sus correspondiente ECM son dados en la tabla 4.

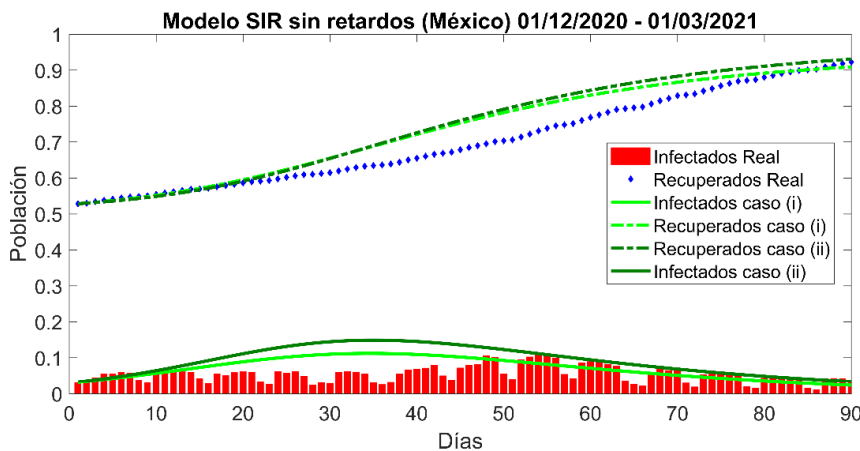
**Tabla 4.** Valores  $\beta$  y  $\gamma$  para el modelo SIR (1) en el 2do período de tiempo.

**Table 4.**  $\beta$  and  $\gamma$  for the SIR model (1) in 2nd time period.

Caso	$\beta$	$\gamma$	ECM Infecciosos	ECM Recuperados
(i)	0.2942	0.0597	0.0276	0.0345
(ii)	0.3012	0.0486	0.0399	0.0419

Comparando el valor del ECM de los casos (i) y (ii), respectivamente, es posible visualizar que las dinámicas aproximadas en comparación con las reales, se ajustan de mejor manera al emplear los valores de  $\beta$  y  $\gamma$  del Caso (i), ya que el valor del ECM es menor para la dinámica de la población infecciosa y recuperada.

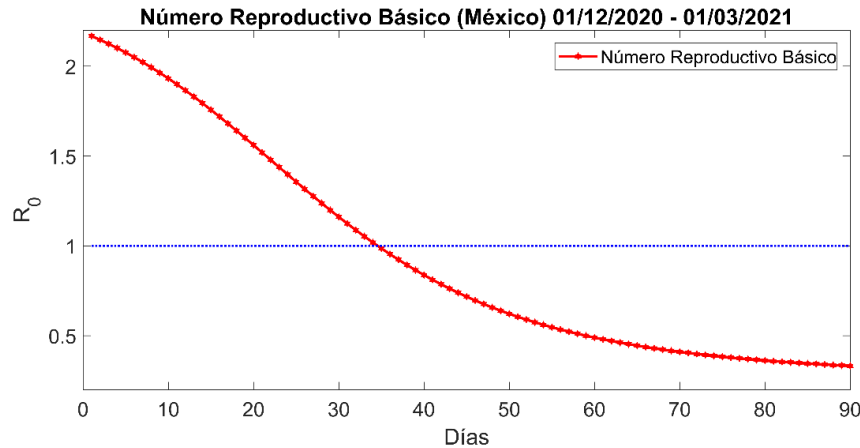
En la figura 4, se muestra la evolución de la dinámica del modelo SIR básico KMK dado en (1) empleando los parámetros  $\beta$  y  $\gamma$  dados en la tabla 4. Para el Caso (i),  $\beta = 0.2942$  y  $\gamma = 0.0597$ . Es claro que usando una tasa de infección de aproximadamente 29.42 % y un tiempo promedio de recuperación de 0.0597, el modelo SIR representa una evolución cercana al comportamiento con los datos registrados por la OMS, en donde se puede observar que la estimación de la dinámica de la población de recuperados se encuentra por arriba de los datos reales en el tiempo de simulación comprendido entre los 20 a 75 días, pero por otro lado, se puede observar que la dinámica de la población infecciosa estimada por el modelo se asemeja mucho a los datos reales. Mientras que para el Caso (ii),  $\beta = 0.3012$  y  $\gamma = 0.0486$ , incremento del parámetro  $\beta$  y disminución del parámetro  $\gamma$ , se observa que la estimación de los recuperados está por encima de la dinámica real en un mayor número de días, los cuales se encuentran comprendidos de los 20 a los 85 días de la simulación.



**Figura 4.** Simulación del modelo SIR (1) empleando  $\beta$  y  $\gamma$  dados en la tabla 4.

**Figure 4.** Simulation of the SIR model (1) using  $\beta$  and  $\gamma$  given in table 4.

En la figura 5, se ilustra la evolución del número reproductivo básico  $\mathcal{R}_0$  del modelo (1), para el caso (i) de la tabla 4, donde es posible observar que hasta aproximadamente los 33 días la propagación de la enfermedad es mayor comparado con los días posteriores.



**Figura 5.** Número reproductivo básico del modelo SIR (1) empleando  $\beta$  y  $\gamma$  dados en (i) de la tabla 4.  
**Figure 5.** Basic reproductive number of the SIR model (1) using  $\beta$  and  $\gamma$  given in (i) of table 4.

Cabe recordar que este modelo no cuenta con parámetros que tomen en consideración las intervenciones implementadas por parte del gobierno para la erradicación de la COVID-19, por lo que, de no haberse implementado intervenciones, fuese posible que el comportamiento de la enfermedad fuera muy parecido al comportamiento obtenido por simulación.

**3er período de tiempo (15 de agosto al 12 de noviembre de 2021)**

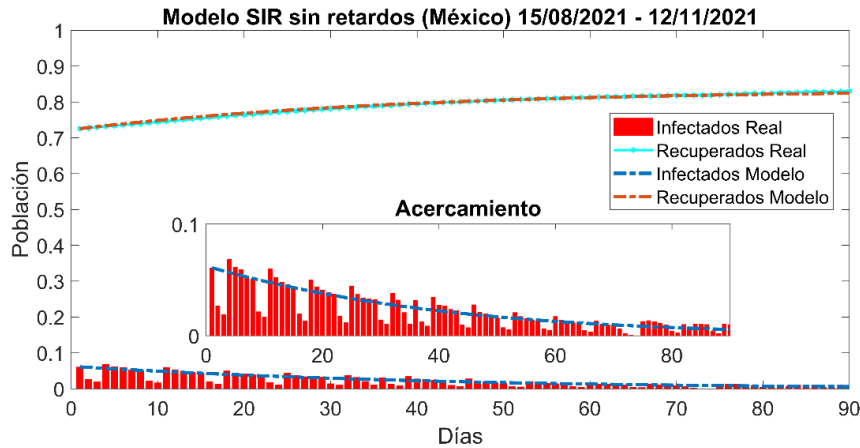
Considere el modelo SIR básico KMK de la forma (1) y los datos registrados por la OMS, en el período de tiempo comprendido del 15 de agosto al 12 de noviembre de 2021. Aquí,  $N = 350000$  es la población total, de la cual  $S_0 = 74882/N$ ,  $I_0 = 21277/N$  y  $R_0 = 253841/N$  son las condiciones iniciales normalizadas de la población susceptible, infecciosa y recuperada, respectivamente. En la tabla 5 se presentan los valores  $\beta$  y  $\gamma$ , obtenidos de manera empírica y exhaustiva, para los cuales el ECM fue el mínimo encontrado por los autores.

**Tabla 5.** Valores  $\beta$  y  $\gamma$  obtenidos mediante una rutina empírica exhaustiva de para el modelo SIR (1) en 3er período de tiempo.

**Table 5.**  $\beta$  and  $\gamma$  values obtained through an exhaustive empirical routine for the SIR model (1) in 3rd time period.

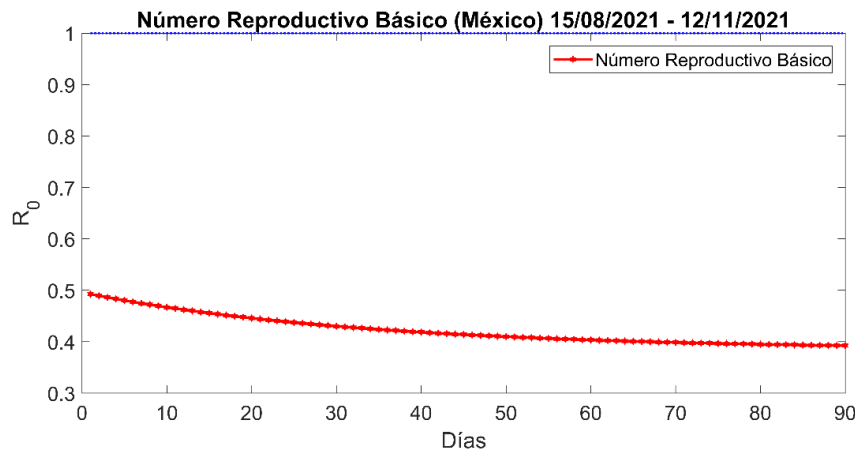
$\beta$	$\gamma$	ECM Infecciosos	ECM Recuperados
0.1077	0.0468	0.0071	0.0023

Como ya se mencionó, el comportamiento dinámico del modelo está en función de la tasa de infección y el recíproco del tiempo promedio de recuperación de la enfermedad. En la figura 6, se puede observar el comportamiento del modelo SIR (1), utilizando valores de  $\beta = 0.1077$  y  $\gamma = 0.0468$ . Es claro que usando una tasa de infección de aproximadamente 10.77 % y un tiempo promedio de recuperación de 0.0468, el modelo SIR representa una evolución cercana al comportamiento con los datos registrados por la OMS, es decir, se puede observar que las dinámicas compartimentales (infectados, recuperados) se asemeja mucho a los datos reales, sin embargo, es claro que, para ambas dinámicas, existe una pequeña variación entre los datos reales y los estimados por el modelo.



**Figura 6.** Simulación del modelo SIR (1) empleando  $\beta$  y  $\gamma$  dados en la tabla 5.  
**Figure 6.** Simulation of the SIR model (1) using  $\beta$  and  $\gamma$  given in table 5.

En la figura 7, se ilustra la evolución del número reproductivo básico del modelo (1), para los valores de  $\beta$  y  $\gamma$  de la tabla 5, donde es posible observar que  $\mathcal{R}_0$  se encuentra por debajo de la unidad, durante todo el período considerado, dando pauta a que la propagación de la enfermedad en la población se encuentra en declive.



**Figura 7.** Número reproductivo básico del modelo SIR (1) empleando  $\beta$  y  $\gamma$  dados en la tabla 5.  
**Figure 7.** Basic reproductive number of the SIR model (1) using  $\beta$  and  $\gamma$  given in table 5.

### 3.2. Simulaciones del modelo SIR-COVID-19 epidémico con dos retardos 1er período de tiempo (1 de junio al 29 de agosto de 2020)

En este apartado, considere el modelo SIR-COVID-19 epidémico con dos retardos de la forma (8), así como los datos registrados por la OMS del 1 de junio al 29 de agosto de 2020. Aquí,  $N = 70000$  es la población total, de la cual  $S_0 = 57336/N$ ,  $I_0 = 2885/N$  y  $R_0 = 9779/N$  son las condiciones iniciales normalizadas de la población susceptible, infecciosa y recuperada, respectivamente. Los valores de la tasa de infección  $\beta$ , el recíproco del tiempo promedio de recuperación  $\gamma$ , el periodo de incubación  $\tau_1$  y el periodo de recuperación de la enfermedad infecciosa  $\tau_2$ , son dados en la tabla 6 y fueron obtenidos mediante una rutina empírica exhaustiva. Cabe mencionar que, aunque  $\tau_1$  y  $\tau_2$  fueron seleccionados empíricamente para obtener una mejor correspondencia con los datos reales, estos se presupusieron dentro de intervalos de tiempo reportados por la OMS, ver Observación 9.

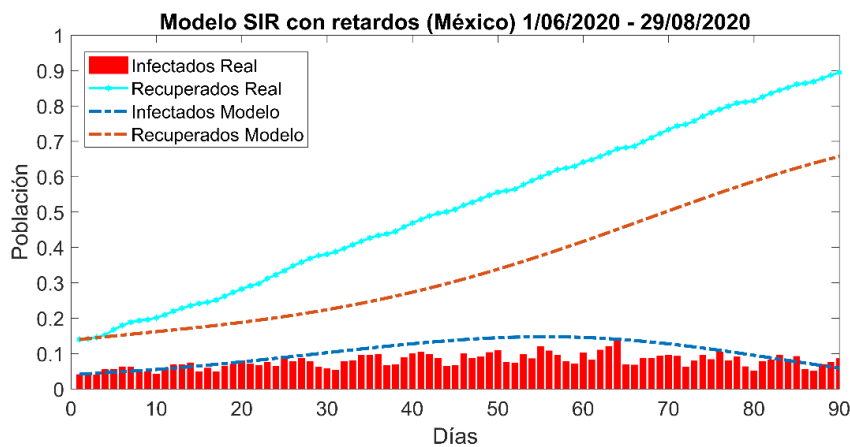
**Tabla 6.** Valores  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $\tau_1$  y  $\tau_2$  para el modelo SIR (8).

**Table 6.** Empirical values of  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $\tau_1$  and  $\tau_2$  for the SIR model (8).

Caso	$\beta$	$\gamma$	$\tau_1$	$\tau_2$	ECM Infecciosos	ECM Recuperados
(i)	0.0997	0.0596	4.9	16.2	0.0152	0.2097
(ii)	0.1163	0.0587	5.6	15.3	0.0400	0.1675
(iii)	0.1167	0.0592	5.6	12.2	0.0281	0.1686

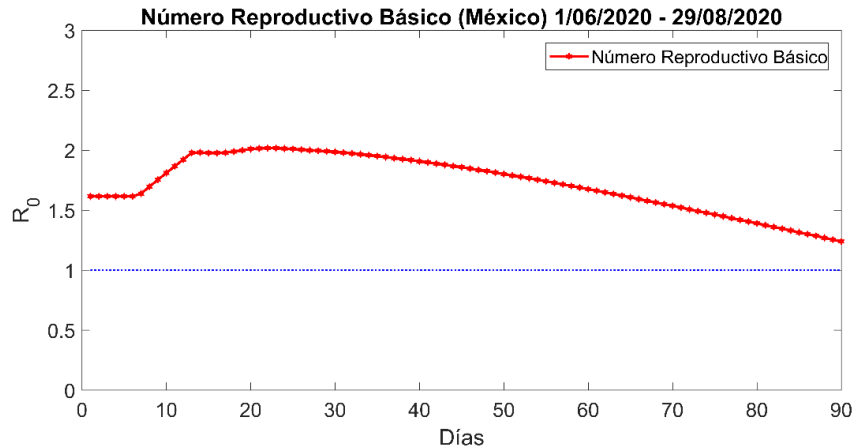
**Observación 9:** Los valores de los retardos debido al periodo de incubación son de entre 5 a 6 días aproximadamente, pero puede variar entre 1 y 14 días, mientras que para el periodo de recuperación se puede considerar de 10 a 14 días o hasta 6 semanas. Estos dependiendo de la gravedad de la enfermedad según informan las organizaciones de la salud. En este modelo se deben introducir los retardos en función de los días.

En la figura 8, se muestra la dinámica del modelo SIR-COVID-19 epidémico con dos retardos de la forma (8) empleando los parámetros que proporcional el ECM menor encontrado por los autores, caso (iii),  $\beta = 0.1167$ ,  $\gamma = 0.0592$ ,  $\tau_1 = 5.6$  y  $\tau_2 = 12.2$ . Es claro que usando una tasa de infección de aproximadamente 11.67 % y un tiempo promedio de recuperación de 0.0592, el modelo SIR representa una evolución cercana al comportamiento con los datos registrados por la OMS a lo largo de la dinámica de la COVID-19 en el periodo de tiempo considerado.



**Figura 8.** Simulación del modelo SIR (8) en 1er período de tiempo usando  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $\tau_1$  y  $\tau_2$  dados en (iii) de la tabla 6.  
**Figure 8.** Simulation of the SIR model (8) in 1st time period using  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $\tau_1$  and  $\tau_2$  given in (iii) of table 6.

El comportamiento estimado por el modelo es válido, ya que como se han implementado medidas para controlar o erradicar la enfermedad, estas han influido en la dinámica de la población y por ello se puede observar que la dinámica real de las personas recuperadas está por encima de la estimada, y la dinámica real de la población infecciosa por debajo.



**Figura 9.** Número reproductivo básico del modelo SIR (8) empleando  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $\tau_1$  y  $\tau_2$  dados en (iii) de la tabla 6.  
**Figure 9.** Basic reproductive number of the SIR model (8) using  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $\tau_1$  and  $\tau_2$  given in (iii) of table 6.

En la figura 9, se ilustra la evolución del número reproductivo básico del modelo (8), para el caso (iii) de la tabla 6, donde es posible observar que su evolución a lo largo de los 90 días de simulación, se mantiene por encima de uno, dando pauta a que la propagación de la COVID-19 continua. Por otro lado, es posible observar que el valor de  $R_0$ , decrece a partir de los 30 días, por lo que se puede pensar que el contagio de las personas susceptibles va en decremento, debido a las intervenciones realizadas por parte de las autoridades.

**2do período de tiempo (1 de diciembre de 2020 al 1 de marzo de 2021)**

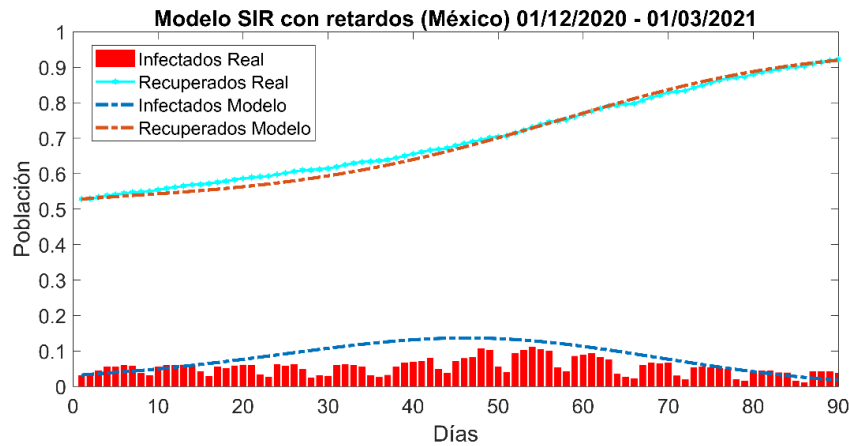
Considere el modelo SIR-COVID-19 epidémico con dos retardos de la forma (8), así como los datos registrados por la OMS del 1 de diciembre de 2020 al 1 de marzo de 2021. Aquí,  $N = 200000$  es la población total, de la cual  $S_0 = 87957/N$ ,  $I_0 = 6388/N$  y  $R_0 = 105655/N$  son las condiciones iniciales normalizadas de la población susceptible, infecciosa y recuperada, respectivamente. Los valores de la tasa de infección  $\beta$ , el recíproco del tiempo promedio de recuperación  $\gamma$ , el periodo de incubación  $\tau_1$  y el periodo de recuperación de la enfermedad infecciosa  $\tau_2$ , fueron obtenidos mediante una rutina empírica exhaustiva y son dados en la tabla 7, así como su correspondientes ECM.

**Tabla 7.** Valores  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $\tau_1$  y  $\tau_2$  para el modelo SIR (8) en 2do período de tiempo.

**Table 7.** Values of  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $\tau_1$  and  $\tau_2$  for the SIR model (8) in 2nd time period.

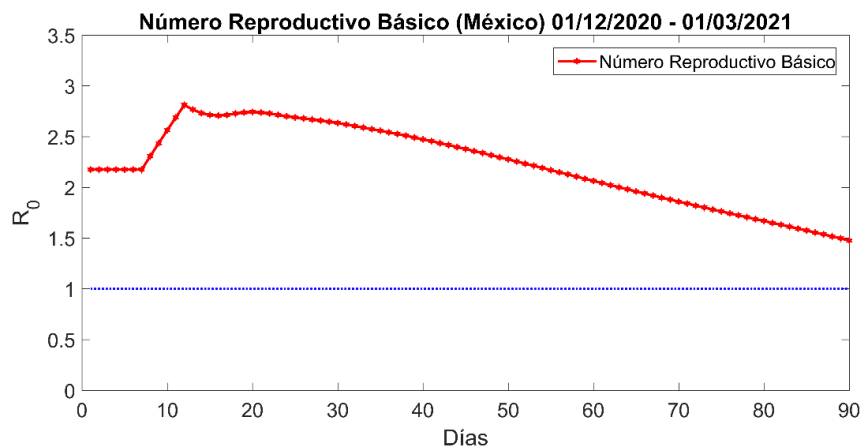
Caso	$\beta$	$\gamma$	$\tau_1$	$\tau_2$	ECM Infecciosos	ECM Recuperados
(i)	0.2367	0.0522	5.8	12	0.0305	0.0183
(ii)	0.2582	0.0518	6.5	11.6	0.0357	0.0120
(iii)	0.2561	0.0518	6	11	0.0347	0.0111

En la figura 10, se puede observar la dinámica compartimental del modelo (8) empleando una tasa de infección de aproximadamente 26.61 % y un tiempo de recuperación de 0.0518, es cercana al comportamiento con los datos registrados por la OMS a lo largo de la dinámica de la COVID-19 en el período de tiempo considerado.



**Figura 10.** Simulación del modelo SIR (8) en 2do período de tiempo usando  $\beta, \gamma, \tau_1$  y  $\tau_2$  dados en (iii) de tabla 7.  
**Figure 10.** Simulation of the SIR model (8) in 2nd time period using  $\beta, \gamma, \tau_1$  and  $\tau_2$  given in (iii) of table 7.

El comportamiento estimado por el modelo es válido, debido a las intervenciones que han sido aplicadas en la población. Siendo que por ello se puede observar que la dinámica real de las personas recuperadas está ligeramente por encima de la estimada durante los primeros 40 días de la simulación, y la dinámica real de la población infecciosa por debajo, ya que lo que buscan reducir las intervenciones, es la tasa de contagio y debido a esa reducción los datos reales de los casos confirmados, se ven por debajo de los estimados.



**Figura 11.** Número reproductivo básico del modelo SIR (8) empleando  $\beta, \gamma, \tau_1$  y  $\tau_2$  dados en (iii) de la tabla 7.  
**Figure 11.** Basic reproductive number of the SIR model (8) using  $\beta, \gamma, \tau_1$  and  $\tau_2$  given in (iii) of table 7.

En la figura 11, se ilustra la evolución del número reproductivo básico  $\mathcal{R}_0$  del modelo (8), para el caso (iii) de la tabla 7, donde es posible observar que, durante todo el periodo comprendido en la simulación, el número reproductivo básico se mantiene mayor a uno, dando pauta que la propagación de la enfermedad en la población continua. Por otro lado, se puede observar que dicha propagación en la población disminuye a razón que las personas infecciosas decrecen y las recuperadas aumentan.

**3er período de tiempo (15 de agosto al 12 de noviembre de 2021)**

En este apartado se considere el modelo SIR con retardos de la forma (8), así como los datos registrados por la OMS, en la venta de tiempo comprendida del 15 de agosto al 12 de noviembre de 2021. Aquí,  $N = 350000$  es la población total, de la cual  $S_0 = 74882/N$ ,  $I_0 = 21277/N$  y  $R_0 = 253841/N$  son las condiciones iniciales normalizadas de la población susceptible, infecciosa y recuperada, respectivamente. Los valores empíricos

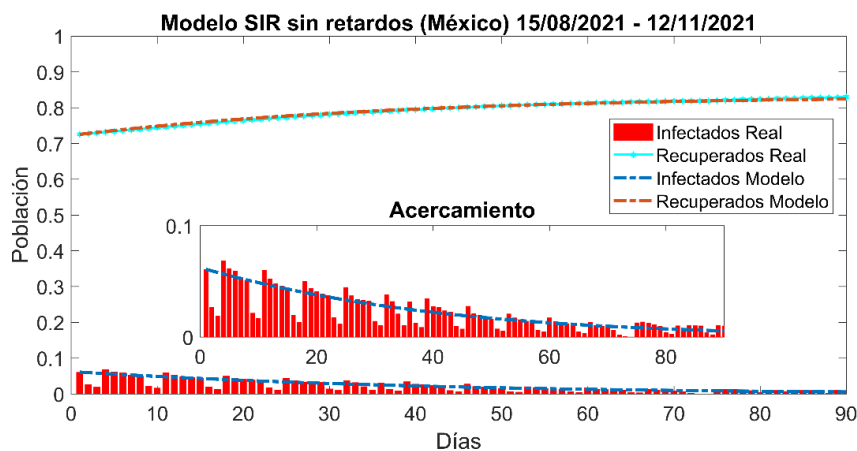
obtenidos de la tasa de infección  $\beta$ , el recíproco del tiempo promedio de recuperación  $\gamma$ , los retardos  $\tau_1$  y  $\tau_2$ , así como sus errores cuadráticos medios (ECM), son dados en la tabla 8.

**Tabla 8.** Valores de  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $\tau_1$  y  $\tau_2$ , así como ECM para el modelo SIR (8) en 3er período de tiempo.

**Table 8.** Values of  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $\tau_1$  and  $\tau_2$ , as well as ECM for the SIR model (8) in 3rd time period.

$\beta$	$\gamma$	$\tau_1$	$\tau_2$	ECM Infecciosos	ECM Recuperados
0.1077	0.0308	5.5	16.2	0.0111	0.0043

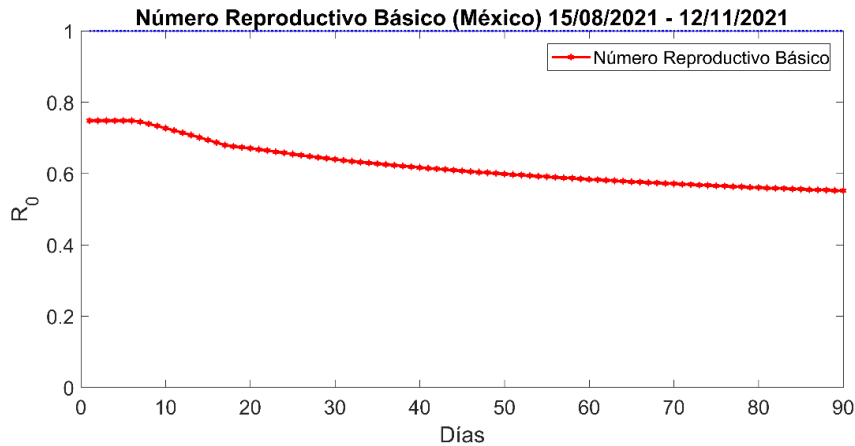
El comportamiento dinámico del modelo está en función de la tasa de infección, el recíproco del tiempo promedio de recuperación de la enfermedad y de los retardos considerados. En la figura 12, se puede observar el comportamiento del modelo SIR (8), utilizando los valores de  $\beta = 0.1077$ ,  $\gamma = 0.0308$ ,  $\tau_1 = 5.5$  y  $\tau_2 = 16.2$ . Es claro que usando una tasa de infección de aproximadamente 10.77 % y un tiempo promedio de recuperación de 0.0308, el modelo SIR representa una evolución cercana al comportamiento con los datos registrados por la OMS, en donde se puede observar que ambas dinámicas se asemejan mucho al comportamiento real de la COVID-19, sin embargo, en comparación con el modelo (1), aquí existe un ECM mayor para ambas estimaciones.



**Figura 12.** Simulación del modelo SIR (8) en el 3er período de tiempo empleando  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $\tau_1$  y  $\tau_2$  dados en la tabla 8.

**Figure 12.** Simulation of the SIR model (8) in 3rd time period using  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $\tau_1$  and  $\tau_2$  given in table 8.

En la figura 13, se ilustra la evolución del número reproductivo básico  $\mathcal{R}_0$  del modelo (8), para los valores de  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $\tau_1$  y  $\tau_2$  de la tabla 8, donde es posible observar que  $\mathcal{R}_0$  es menor a la unidad durante todo el periodo de simulación considerado, lo que hace pensar que la propagación de la enfermedad está disminuyendo.



**Figura 13.** Número reproductivo básico del modelo SIR (8) empleando  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $\tau_1$  y  $\tau_2$  dados en la tabla 8.

**Figure 13.** Basic reproductive number of the SIR model (8) using  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $\tau_1$  and  $\tau_2$  given in table 8.

Es claro que, los modelos con retardos son de gran utilidad porque contemplan de mejor manera lo que ocurre con el proceso infeccioso. También, es claro que este modelo no cuenta con parámetros que tomen en consideración las intervenciones implementadas por parte del gobierno para la erradicación de la COVID-19, lo cual se ve reflejado en las simulaciones por medio del ECM.

### 3.3 Simulación del modelo SIR-COVID-19 propuesto con tres retardos

#### 1er período de tiempo (1 de junio de 2020 al 29 de agosto del 2020)

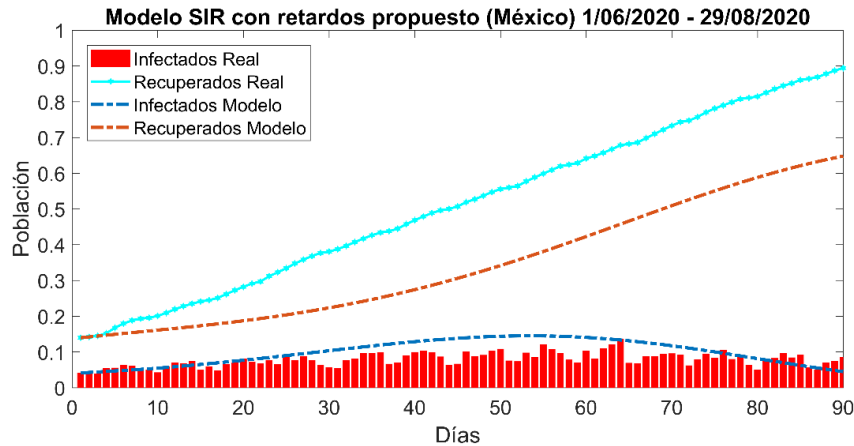
En este apartado, se realizó la simulación considerando el modelo propuesto dado en (9), con la finalidad de observar si efectivamente el modelo se comporta de forma semejante a los modelos previamente utilizados. Para lo cual, se realizó la simulación en el primer período de tiempo considerado del 1 de junio al 29 de agosto del 2020, con  $N = 70000$  y las condiciones iniciales  $S_0 = 57336/N$ ,  $I_0 = 2885/N$  y  $R_0 = 9779/N$ . Los valores de la tasa de infección  $\beta$ , el recíproco del tiempo promedio de recuperación  $\gamma$ , el recíproco del tiempo promedio de pérdida de inmunidad  $\alpha$ , el periodo de incubación  $\tau_1$ , el periodo de recuperación de la enfermedad infecciosa  $\tau_2$  y el tiempo que tarda una persona recuperada en perder la inmunidad  $\tau_3$ , empleando una rutina empírica son dados en la tabla 9, así como su correspondiente ECM.

**Tabla 9.** Valores empíricos de  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $\alpha$ ,  $\tau_1$ ,  $\tau_2$  y  $\tau_3$  para el modelo SIR (9).

**Table 9.** Empirical values of  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $\alpha$ ,  $\tau_1$ ,  $\tau_2$  and  $\tau_3$  for the SIR model (9).

Caso	$\beta$	$\gamma$	$\alpha$	$\tau_1$	$\tau_2$	$\tau_3$	ECM Infecciosos	ECM Recuperados
(i)	0.1311	0.0652	0.0023	12	18	5.2	0.0377	0.1437
(ii)	0.1281	0.0661	0.0026	12.2	16.5	5.4	0.0316	0.1573
(iii)	0.1217	0.0639	0.0018	12	18	5.2	0.0267	0.1673

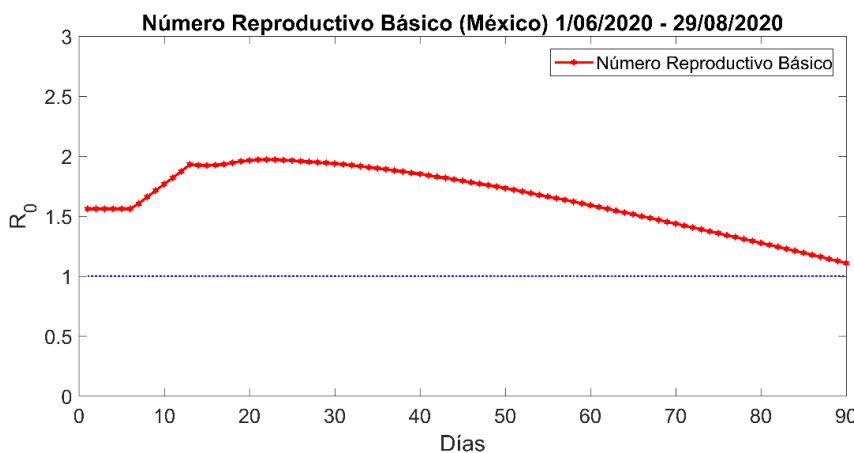
En la figura 14, se puede observar el Caso (iii),  $\beta = 0.1217$ ,  $\gamma = 0.0639$  y  $\alpha = 0.0018$ , ya que son los parámetros que proporcionan el menor ECM. Aquí, es posible visualizar que el comportamiento obtenido por medio del modelo dado en (9) es muy parecido al obtenido por medio del modelo (8) en el mismo período de tiempo. Además, la dinámica de los recuperados no se asemeja mucho a la dinámica real de la COVID-19 en México, mientras que por otro lado la dinámica de los infecciosos, se asemeja en gran medida a la dinámica real reportada por la OMS. Aunque al hablar de la propagación de una enfermedad en la población, es difícil dar certeza de lo que posiblemente pudiera pasar.



**Figura 14.** Simulación del modelo SIR (9) empleando  $\beta, \gamma, \alpha, \tau_1, \tau_2$  y  $\tau_3$  dados en (iii) de la tabla 9.  
**Figure 14.** Simulation of the SIR model (9) using  $\beta, \gamma, \alpha, \tau_1, \tau_2$  and  $\tau_3$  given in (iii) of table 9.

**Observación 10:** Comparando los resultados obtenidos de los modelos con retardos (8) y (9), es posible observar que el modelo (9) proporciona un error de estimación (ECM) menor en ambas dinámicas compartimentales en comparación con el modelo (8), por lo que es posible asumir que el considerar la pérdida de inmunidad en el diseño de este tipo de modelos epidemiológicos, es adecuado.

En la figura 15, se ilustra la evolución del número reproductivo básico  $\mathcal{R}_0$  del modelo (9), para el Caso (iii) de la tabla 9, donde es posible observar que, durante todo el periodo comprendido en la simulación, el número reproductivo básico se mantiene mayor a uno, dando pauta a que el modelo propuesto, realmente describe de buena manera como es la propagación de la enfermedad en el período de tiempo considerado.



**Figura 15.** Número reproductivo básico del modelo SIR (9) usando  $\beta, \gamma, \alpha, \tau_1, \tau_2$  y  $\tau_3$  dados en (iii) de la tabla 9.  
**Figure 15.** Basic reproductive number of the SIR model (9) using  $\beta, \gamma, \alpha, \tau_1, \tau_2$  and  $\tau_3$  given in (iii) of table 9.

**2do período de tiempo (1 de diciembre de 2020 al 1 de marzo de 2021)**

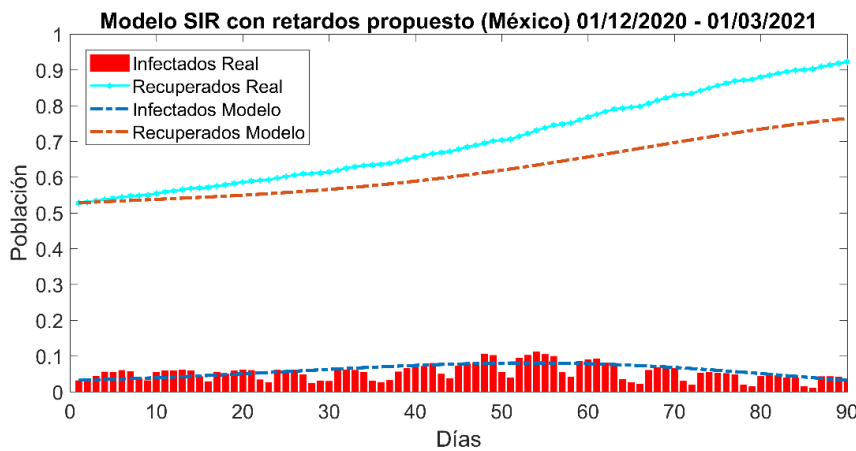
Ahora se realiza la simulación del modelo propuesto en (9), con la finalidad de observar si efectivamente este se comporta de forma semejante en un período de tiempo diferente. Para lo cual, se considera el segundo período de tiempo comprendido del 1 de diciembre del 2020 al 1 de marzo del 2021, con  $N = 200000$  y las condiciones iniciales  $S_0 = 87957/N, I_0 = 6388/N$  y  $R_0 = 105655/N$ . Los valores de  $\beta, \gamma, \alpha, \tau_1, \tau_2$  y  $\tau_3$  son dados en la tabla 10. Estos parámetros fueron obtenidos mediante una rutina empírica exhaustiva para reducir el ECM.

**Tabla 10.** Valores de  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $\alpha$ ,  $\tau_1$ ,  $\tau_2$  y  $\tau_3$  para el modelo SIR (9) en 2do período de tiempo.

**Table 10.** Values of  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $\alpha$ ,  $\tau_1$ ,  $\tau_2$  and  $\tau_3$  for the SIR model (9) in 2nd time period.

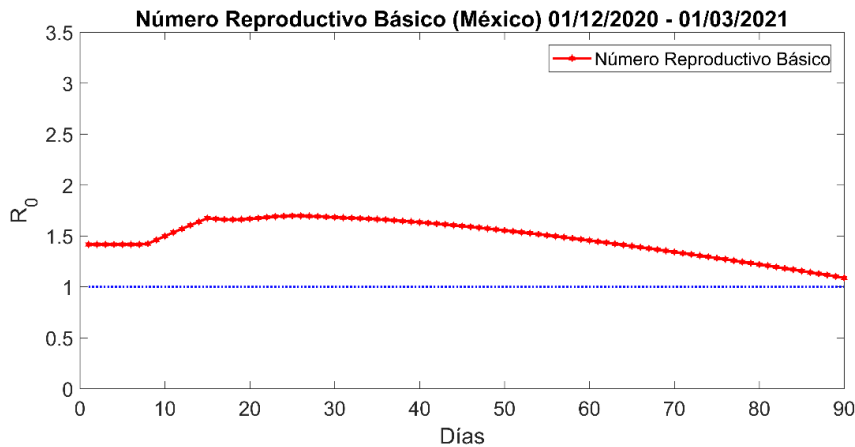
Caso	$\beta$	$\gamma$	$\alpha$	$\tau_1$	$\tau_2$	$\tau_3$	ECM Infecciosos	ECM Recuperados
(i)	0.2061	0.0622	0.003	11	11	6.5	0.0222	0.1024
(ii)	0.2058	0.0622	0.0024	14	17	6.5	0.0235	0.0820
(iii)	0.2058	0.0639	0.0018	14	17	6.8	0.0162	0.0808

En la figura 16, se pueden observar los datos reportados por la OMS, del 1 de diciembre de 2020 al 1 de marzo de 2021, usando los parámetros dados en el Caso (iii) de la tabla 10,  $\beta = 0.2058$ ,  $\gamma = 0.0639$  y  $\alpha = 0.0018$ , que proporciona un error de estimación menor. Aquí, es posible visualizar que la dinámica de los recuperados tenderá a crecer y estabilizarse en algún momento, mientras que la dinámica de los infecciosos se asemeja en gran medida a la dinámica real reportada por la OMS. Aunque al hablar de la propagación de una enfermedad en la población, es difícil dar certeza de lo que pudiera pasar.



**Figura 16.** Simulación del modelo SIR (9) empleando  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $\alpha$ ,  $\tau_1$ ,  $\tau_2$  y  $\tau_3$  dados en (iii) de la tabla 10.

**Figure 16.** Simulation of the SIR model (9) using  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $\alpha$ ,  $\tau_1$ ,  $\tau_2$  and  $\tau_3$  given in (iii) of table 10.



**Figura 17.** Número reproductivo básico del modelo SIR (9) usando  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $\alpha$ ,  $\tau_1$ ,  $\tau_2$  y  $\tau_3$  dados en (iii) de la tabla 10.

**Figure 17.** Basic reproductive number of the SIR model (9) using  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $\alpha$ ,  $\tau_1$ ,  $\tau_2$  and  $\tau_3$  given in (iii) of Table 10.

En la figura 17, se ilustra la evolución del número reproductivo básico  $\mathcal{R}_0$  del modelo (9), para el Caso (iii) de la tabla 10, donde es posible observar que, durante todo el periodo comprendido en la simulación, el número reproductivo básico se mantiene mayor a uno, dando pauta que la propagación de la enfermedad en la población continua. Por lo que, se vuelve a corroborar en un período de tiempo distinto que, al considerar la pérdida de inmunidad en el diseño de este tipo de modelos epidemiológicos es una buena propuesta para describir de manera razonable la propagación de la enfermedad.

**3er período de tiempo (15 de agosto al 12 de noviembre de 2021)**

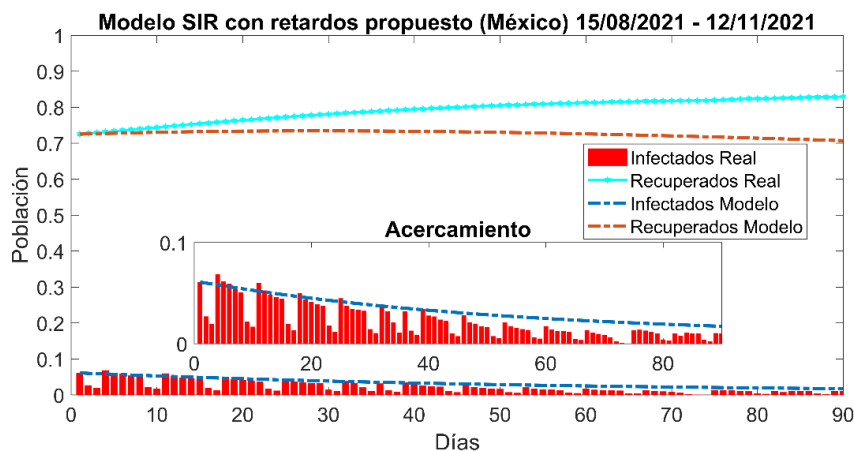
Nuevamente, considere el modelo SIR con retardos propuesto de la forma (9), así como los datos registrados por la OMS, en el período de tiempo comprendido del 15 de agosto al 12 de noviembre de 2021. Aquí,  $N = 350000$  es la población total, de la cual  $S_0 = 74882/N$ ,  $I_0 = 21277/N$  y  $R_0 = 253841/N$  son las condiciones iniciales. Aquí los valores de la tasa de infección  $\beta$ , el recíproco del tiempo promedio de recuperación  $\gamma$ , el recíproco del tiempo promedio de pérdida de inmunidad  $\alpha$ , los retardos  $\tau_1$ ,  $\tau_2$  y  $\tau_3$ , así como su correspondiente ECM, son dados en la tabla 11.

**Tabla 11.** Valores de  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $\alpha$ ,  $\tau_1$  y  $\tau_2$ , así como ECM para el modelo SIR (9).

**Table 11.** Values of  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $\alpha$ ,  $\tau_1$  and  $\tau_2$ , as well as ECM for the SIR model (9).

$\beta$	$\gamma$	$\alpha$	$\tau_1$	$\tau_2$	$\tau_3$	ECM Infecciosos	ECM Recuperados
0.0737	0.0308	0.0018	5.5	16.2	5.2	0.0124	0.0654

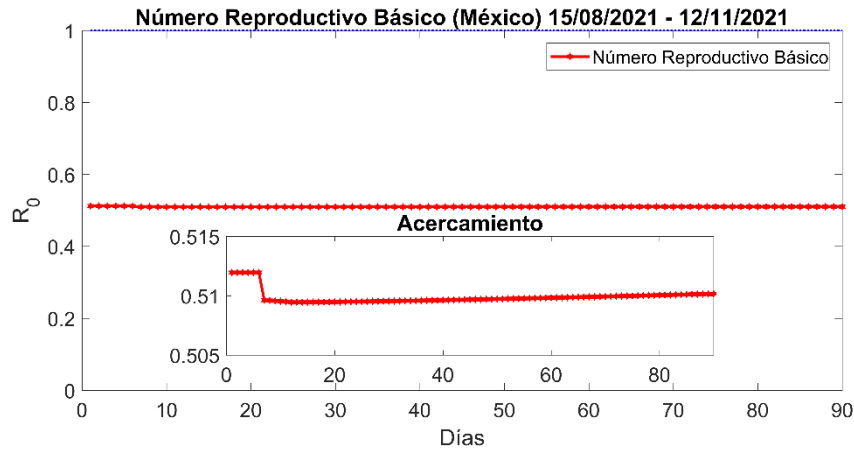
En la figura 18, se puede observar el comportamiento del modelo SIR (9), utilizando los valores dados en la tabla 11. Usando una tasa de infección de aproximadamente 7.37 % y un tiempo promedio de recuperación del 0.0308, el modelo SIR representa una evolución cercana al comportamiento con los datos registrados por la OMS, en donde se puede observar que la dinámica estimada de la población de infecciosos, se asemeje mucho a la dinámica real de la COVID-19, sin embargo, esto no pasa con la población de los recuperados, en donde existe un ECM mayor. La diferencia en el número de recuperados puede deberse a que la variación en la tasa de recuperación real es muy grande, incluso hasta de semanas.



**Figura 18.** Simulación del modelo SIR (9) empleando  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $\alpha$ ,  $\tau_1$ ,  $\tau_2$  y  $\tau_3$  dados en la tabla 11.

**Figure 18.** Simulation of the SIR model (9) using  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $\alpha$ ,  $\tau_1$ ,  $\tau_2$  and  $\tau_3$  given in table 11.

En la figura 19, se ilustra la evolución del número reproductivo básico del modelo (9), para los valores de la tabla 11, donde es posible observar que  $\mathcal{R}_0$  es menor a la unidad y tiene ligeros cambios durante todo el periodo de simulación considerado, lo que da pauta para pensar que la propagación de la enfermedad se mantuvo constante durante este periodo de tiempo.



**Figura 19.** Número reproductivo básico del modelo SIR (9) empleando  $\beta, \gamma, \alpha, \tau_1, \tau_2$  y  $\tau_3$  dados en la tabla 11.  
**Figure 19.** Basic reproductive number of the SIR model (9) using  $\beta, \gamma, \alpha, \tau_1, \tau_2$  and  $\tau_3$  given in table 11.

Es claro que, los modelos con retardos son de gran utilidad porque contemplan de mejor manera lo que ocurre con el proceso infeccioso, siempre y cuando se utilicen valores adecuados para cada parámetro.

### 3.4. Discusión

Para evitar rutinas exhaustivas, en la literatura se encuentran diferentes estrategias/métodos/técnicas que ayudan a obtener/identificar los parámetros de un modelo matemático de una manera más eficiente. Para ilustrar estos procesos de identificación, en este apartado se utilizará uno de los métodos más empleados para estimar los valores de  $\beta$  y  $\gamma$ , conocido como mínimos cuadrados no lineales (MCNL), ver (Johnson and Frasier, 1985). La cual, es una herramienta utilizada para lograr la identificación paramétrica de funciones no lineales (Sin y Gernaey, 2019), por medio de la cual se busca disminuir el ECM en comparación con las estimaciones obtenidas de manera exhaustiva en el período de tiempo comprendido del 1 de junio al 29 de agosto de 2020 para el modelo libre de retardos. Para el caso de los modelos con retardos, el ECM se determina fijando el valor del retardo (dado que no se consideran como parámetros libres), debido a que no hay un método que permita aproximarlos de manera apropiada, por lo que su mejor aproximación es la heurística.

Considere el modelo SIR libre de retardos de la forma (1), así como los datos registrados por la OMS del 1 de junio al 29 de agosto de 2020. Aquí,  $N = 70000$  es la población total, donde  $S_0 = 57336/N, I_0 = 2885/N$  y  $R_0 = 9779/N$  son las condiciones iniciales normalizadas de la población susceptible, infecciosa y recuperada, respectivamente. Los valores de la tasa de infección  $\beta$  y el recíproco del tiempo promedio de recuperación  $\gamma$  obtenidos por este algoritmo son dados en la tabla 12. Mientras que en la figura 20, se muestra el comportamiento de la dinámica de la COVID-19 empleando los valores  $\beta$  y  $\gamma$  contenidos en la tabla 12.

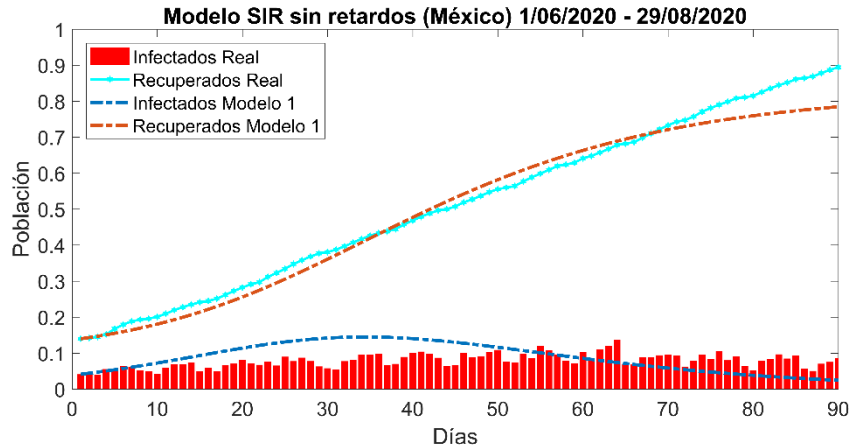
**Tabla 12.** Error Cuadrático Medio (ECM).

**Table 12.** Mean Square Error (ECM).

$\beta$	$\gamma$	ECM Infecciosos	ECM Recuperados
0.1825	0.0809	0.0354	0.0289

Aunque los parámetros  $\beta$  y  $\gamma$  dados en la tabla 12 no distan mucho de los valores obtenidos en la tabla 3, el ECM si disminuye al emplear el algoritmo de MCNL. Lo cual ratifica que la dinámica del modelo matemático es muy sensible ante ligeras variaciones paramétricas de  $\beta$  y  $\gamma$ .

**Observación 11:** Es importante mencionar que los resultados obtenidos por medio de este tipo de algoritmos proporcionan estimaciones, más no predicciones, ya que por medio de los modelos es posible decir que podría ocurrir bajo los escenarios planteados, pero no se asegura que eso suceda conforme lo obtenido, es decir, funcionan exclusivamente como apoyo para la toma de decisiones.



**Figura 20.** Simulación del modelo SIR (1) usando  $\beta$  y  $\gamma$  obtenidos por el algoritmo de MCNL y dados en la tabla 12

**Figure 20.** Simulation of the SIR model (1) using  $\beta$  and  $\gamma$  obtained by the MCNL algorithm and given in table 12.

**Observación 12:** En las figuras 2 y 20, se muestra simulaciones del modelo SIR (1) para el mismo período de tiempo, pero para diferentes valores de  $\beta$  y  $\gamma$ . Mientras en la primera se obtienen de manera exhaustiva los valores de  $\beta$  y  $\gamma$ , en la segunda se emplea un algoritmo de identificación paramétrica para obtener estos valores. Observe que el ECM en infecciosos para el Caso (i) de la tabla 3 es 0.0343, y 0.0354 usando MCNL. Mientras que el ECM para recuperados es 0.0308 y 0.0289, respectivamente. Así, con base al ECM de ambos casos, los parámetros  $\beta$  y  $\gamma$  obtenidos, las dinámicas compartimentales de un modelo matemático pueden asemejarse más a las dinámicas reales reportadas por la OMS, cuando se emplean algoritmos como el de MCNL.

La identificación paramétrica está en función de los datos considerados, por lo que considerar otro período de tiempo diferente, esto implica cambios en los valores de los parámetros del modelo. Para el caso de los modelos SIR y/o SEIR con retardos, es deseable realizar una identificación de parámetros tales como:  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $\tau_1$  y/o  $\tau_2$ . Sin embargo, las metodologías para realizar esto son aún vagas y por el momento, no está en los alcances de este manuscrito.

#### 4. Conclusiones

En este manuscrito, en primera instancia se presenta una breve cronología de las pandemias que la humanidad ha enfrentado y como estas han sido descritas a través de modelos matemáticos compartimentales. Para posteriormente utilizar tales modelos para estudiar la propagación de la COVID-19 entre la población de México. En particular se hace énfasis en el estudio de los modelos SIR con y sin retardos e incorporando diversos periodos de tiempo de la pandemia en México. El análisis de la propagación de la enfermedad entre los diferentes grupos compartimentales se hace vía simulación de los modelos utilizando los datos reportados de la pandemia por la OMS.

Las simulaciones en los diferentes periodos de tiempo muestran que el modelado matemático tiene un rol crucial en la cuantificación de indicadores que describen diversos aspectos de la pandemia. En consecuencia, en este trabajo se busca resaltar que el comportamiento dinámico del modelo que mejor reproduce las tendencias de las curvas de infectados y recuperados es el que incluye la tasa de infección, el recíproco del

tiempo promedio de recuperación de la enfermedad y el que considera retardos. El modelo SIR con retardos propuesto que incluye tres retardos, uno asociado al tiempo en que tarda un individuo en presentar síntomas, otro asociado al tiempo que tarda en recuperarse y otro asociado a la pérdida de inmunidad reproduce de mejor manera los datos reportados por la OMS.

Cabe destacar que actualmente las vacunas contra la COVID-19 son de uso emergente, de manera que sigue siendo relevante el determinar cómo se propaga esta enfermedad infecciosa. De manera que la certidumbre que pueda obtenerse sobre la evolución de la pandemia con ayuda de los modelos compartimentales sigue siendo crucial.

## 5. Información adicional

No.

## 6. Agradecimientos

Se agradece al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología de México (Conacyt) por la beca de posgrado —No. CVU 1076719— por medio de la cual este manuscrito fue parcialmente financiado.

## Información de los autores

Jorge Antonio Hernández Ávila <sup>1</sup>  [orcid.org/0000-0001-7114-5192](https://orcid.org/0000-0001-7114-5192)

Raúl Villafuerte Segura <sup>1</sup>  [orcid.org/0000-0003-3904-5401](https://orcid.org/0000-0003-3904-5401)

Juan Eduardo Velázquez Velázquez <sup>2</sup>  [orcid.org/0000-0001-9660-1182](https://orcid.org/0000-0001-9660-1182)

Roberto Ávila Pozos <sup>1</sup>  [orcid.org/0000-0002-8044-8766](https://orcid.org/0000-0002-8044-8766)

## Contribución de los autores en el desarrollo del trabajo

Los autores declaran que contribuyeron por igual para la realización de esta investigación.

## Conflicto de interés

Los autores declaran que no existe conflicto de interés.

## Referencias

Alcaraz, G., y Vargas, C. (2012). Modeling control strategies for influenza A H1N1 epidemics: SIR models. *Revista Mexicana de Física*, 58(1), 37–43. <https://www.redalyc.org/pdf/570/57030391007.pdf>

Angulo, M. T., Castaños, F., Moreno-Morton, R., Velasco-Hernández, J. X., y Moreno, J. A. (2021). A simple criterion to design optimal non-pharmaceutical interventions for mitigating epidemic outbreaks. *Journal of the Royal Society Interface*, 18(178), 20200803. <https://doi.org/10.1098/rsif.2020.0803>

Ávila-Pozos, R., y Rangel-Zúñiga, D. (2017). Revisión histórica sobre la Epidemiología Matemática. *Pädi Boletín Científico de Ciencias Básicas e Ingenierías del ICBI*, 4(8). <https://doi.org/10.29057/icbi.v5i8.2037>

Banco Mundial. (2020). La COVID-19 (coronavirus) hunde a la economía mundial en la peor recesión desde la Segunda Guerra Mundial. <https://www.bancomundial.org/es/news/press-release/2020/06/08/covid-19-to-plunge-global-economy-into-worst-recession-since-world-war-ii>

BBC News Mundo. (2020). Coronavirus en Nueva Zelanda: cómo logró dar por eliminado el COVID-19 y qué papel jugó Jacinda Ardern. <https://www.bbc.com/mundo/noticias-internacional-52448237>.

Bianco, M. J., Cruz, P. D., Fraquelli, A. D., y Gache, A. L. (2020). Modelo epidemiológico SIR: Una aplicación de las ecuaciones diferenciales al SARS-CoV-2 (COVID-19). *Revista de Investigación en Modelos Matemáticos aplicados a la Gestión y la Economía*, 7(1), 16-38. <http://www.economicas.uba.ar/wp-content/uploads/2016/04/Gache-Andrea-.pdf>

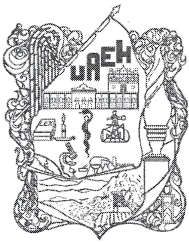
- Bliman, P. A., Efimov, D., y Ushirobira, R. (2018). A class of nonlinear adaptive observers for SIR epidemic model. In *2018 European Control Conference (ECC)*, pp. 1–6. IEEE.  
<https://doi.org/10.23919/ECC.2018.8550400>
- Carbonetti, A. (2010). Historia de una epidemia olvidada: La pandemia de gripe española en la argentina, 1918-1919. *Desacatos*, (32), 159-174.
- Casals, M., Guzmán, K., y Caylá, J. A. (2009). Modelos matemáticos utilizados en el estudio de las enfermedades transmisibles. *Revista española de salud pública*, 83(5):689–695. <https://doi.org/10.1590%2Fs1135-57272009000500010>
- Castañeda-Gullot, C., y Ramos-Serpa, G. (2020). Principales pandemias en la historia de la humanidad. *Revista Cubana de Pediatría*, 92. [http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0034-75312020000500008](http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0034-75312020000500008)
- Chubb, M. C., y Jacobsen, K. H. (2010). Mathematical modeling and the epidemiological research process. *European journal of epidemiology*, 25(1), 13-19. <https://doi.org/10.1007/s10654-009-9397-9>
- Corral, T. (2020). La estrategia de Finlandia para hacer frente a la crisis: reclutar a “influencers”. <https://www.lainformacion.com/mundo/finlandia-medidas-coronavirus-influencers/6556329/>.
- Cumsille, P., Rojas-Díaz, O., de Españés, P. M., y Verdugo-Hernández, P. (2021). Forecasting COVID-19 chile's second outbreak by a generalized sir model with constant time delays and a fitted positivity rate. *Mathematics and Computers in Simulation*. <https://doi.org/10.1016/j.matcom.2021.09.016>
- David, A., Criado, R., y Romance, M. (2020). Predicción de la evolución de la epidemia de COVID-19 usando un modelo SEIR. *Laboratorio de Computación Matemática en Redes Complejas y sus Aplicaciones Departamento de Matemática Aplicada, Ciencia e Ingeniería de los Materiales y Tecnología Electrónica, Universidad Rey Juan Carlos*.
- Delamater, P. L., Street, E. J., Leslie, T. F., Yang, Y. T., y Jacobsen, K. H. (2019). Complexity of the basic reproduction number ( $R_0$ ). *Emerging infectious diseases*, 25(1), 1.  
<https://doi.org/10.3201/eid2501.171901>
- Dietz, K. (1993). The estimation of the basic reproduction number for infectious diseases. *Statistical methods in medical research*, 2(1), 23-41. <https://doi.org/10.1177/096228029300200103>
- EFE. (2020). Finlandia anuncia que ha frenado la pandemia y ya ha superado su pico.  
<https://www.efe.com/efe/espana/mundo/finlandia-anuncia-que-ha-frenado-la-pandemia-y-ya-superado-su-pico/10001-4247394>.
- Ghosh, P., Ghosh, R., & Chakraborty, B. (2020). COVID-19 in India: Statewise analysis and prediction. *JMIR public health and surveillance*, 6(3), e20341. <https://doi.org/10.2196/20341>
- Giedion, U. y Góngora, P. (2020). Alemania frente al COVID-19: Un combo de acciones multisectoriales apoyado en la comunicación científica y un liderazgo creíble.  
<https://blogs.iadb.org/salud/es/alemaniacovid-19/>.
- Hartemink, N., Randolph, S., Davis, S., y Heesterbeek, J. (2008). The basic reproduction number for complex disease systems: Defining  $R_0$  for tickborne infections. *The American Naturalist*, 171(6), 743–754.  
<https://doi.org/10.1086/587530>
- Hays, J. N. (2005). *Epidemics and pandemics: their impacts on human history*. Abc-clio.
- Huamán-Saavedra, J. J. (2020). La pandemia del COVID-19. *Revista Médica de Trujillo*, 15(2).  
<https://scholar.archive.org/work/fvfdhvxnoje2zf5wvvsr4yxlx42m/access/wayback/https://revistas.unitru.edu.pe/index.php/RMT/article/download/2902/3075>
- Huguet-Pané, G. (2020). *Grandes pandemias de la historia*.  
[https://historia.nationalgeographic.com.es/a/grandes-pandemias-historia\\_15178](https://historia.nationalgeographic.com.es/a/grandes-pandemias-historia_15178)
- Jiménez-Romero, C., Tisnés, A., y Linares, S. (2020). *Modelo de simulación del COVID-19 basado en agentes: aplicación al caso argentino*.
- Johnson, M. L. & Frasier, S. G. (1985). Nonlinear least-squares analysis. *Methods in enzymology*, 117, 301–342.  
[https://doi.org/10.1016/S0076-6879\(85\)17018-7](https://doi.org/10.1016/S0076-6879(85)17018-7)

- Kermack, W. O. & McKendrick, A. G. (1927). A contribution to the mathematical theory of epidemics. *Proceedings of the Royal Society of London. Series A*, 115(772), 700–721. <https://doi.org/10.1098/rspa.1927.0118>
- Khaliq, R. (2020). *La estrategia de contención de Taiwán da frutos y no se reportan casos nuevos*. <https://www.aa.com.tr/es/mundo/la-estrategia-de-contenci%C3%B3n-de-taiw%C3%A1n-da-frutos-y-no-se-reportan-casos-nuevos/1805826>.
- Kuznetsov, Y. A., & Piccardi, C. (1994). Bifurcation analysis of periodic SEIR and SIR epidemic models. *Journal of mathematical biology*, 32(2), 109–121. <https://doi.org/10.1007/bf00163027>
- Mackenzie, J. (2021). *Coronavirus: como Islandia se convirtió en el primer país de Europa en deshacerse de la COVID-19*. <https://www.bbc.com/mundo/noticias-internacional-56492228>.
- Makooi, B. (2020). *Dinamarca: ¿excepción europea ante el COVID-19?* <https://www.france24.com/es/20200413-dinamarca-excepcion-europa-covid19-coronavirus-cuarentena>.
- Maleewong, M. (2020). *Time delay epidemic model for COVID-19*. <https://doi.org/10.1101/2020.05.23.20111500>
- Montesinos-López, O. A. y Hernández-Suárez, C. M. (2007). Modelos matemáticos para enfermedades infecciosas. *Salud pública de México*, 49(3), 218–226. <https://doi.org/10.1590/s0036-36342007000300007>
- Nesteruk, I. (2020a). COVID-19 pandemic dynamics in Ukraine after September 1, 2020. *Institute of Hydromechanics. National Academy of Sciences of Ukraine, Kyiv, Ukraine*. <https://doi.org/10.1101/2020.12.21.20248627>
- Nesteruk, I. (2020b). Estimations of the coronavirus epidemic dynamics in South Korea with the use of SIR model. *Institute of Hydromechanics. National Academy of Sciences of Ukraine, Kyiv, Ukraine*. <https://doi.org/10.13140/RG.2.2.15489.40807>
- Nesteruk, I. (2021). COVID-19 pandemic dynamics in 2021. SIR simulations for Ukraine and Qatar. *Institute of Hydromechanics. National Academy of Sciences of Ukraine, Kyiv, Ukraine*. <https://doi.org/10.13140/RG.2.2.12043.21283>
- Nkhoma, E. (2004). *Epidemiology of Cholera in Malawi, 2002-2003*. [Master's thesis]. University of North Texas Health Science Center at Fort Worth.
- Noruega (2021). *Coronavirus COVID-19: Así afecta a los viajes a Noruega*. <https://www.visitnorway.es/organiza-tu-viaje/informacion-coronavirus-covid-19/>.
- Pérez-Morelo, D., Centres, P. M., Guzmán-Arellano, R., y Giménez, M. C. (2021). Estudios de epidemias mediante simulaciones de Monte Carlo cinético: aplicaciones a Covid-19. <https://doi.org/10.33017/ReCyTPeru2021.0001/>
- Ramonet, I. (2020). La pandemia y el sistema-mundo. *Le Monde Diplomatique*, 25(04).
- Reynoso, L. H., Villarreal, C. C., Ochoa, G. L., y García, A. J. T. (2020). Efecto del COVID-19 en el empleo digital en México: un análisis con cadenas de Markov. *Panorama Económico*, 16(32), 151–168. <https://doi.org/10.29201/peipn.v16i32.13>
- Rosselli, D. (2020). Epidemiología de las pandemias. *Medicina (Bogotá)*, 42(2).
- Saito, M. M., Imoto, S., Yamaguchi, R., Sato, H., Nakada, H., Kami, M., Miyano, S., y Higuchi, T. (2013). Extension and verification of the SEIR model on the 2009 influenza A (H1N1) pandemic in Japan. *Mathematical biosciences*, 246(1), 47–54. <https://doi.org/10.1016/j.mbs.2013.08.009>
- Saldaña, F., y Velasco-Hernández, J. X. (2021). Modeling the COVID-19 pandemic: a primer and overview of mathematical epidemiology. *SeMA Journal*, 1–27. <https://doi.org/10.1007/s40324-021-00260-3>
- Sepúlveda-Salcedo, L. S., Salguero-Rivera, B., y Cardona-Salgado, D. (2011). Dinámica del VIH-SIDA en Cali. *Revista de Salud Pública*. <https://repositorio.unal.edu.co/handle/unal/32332>
- Sin, G., y Gernaey, K. V. (2019). *Manejo de Datos y Estimación de Parámetros*. <https://ocw.un->

- [ihe.org/pluginfile.php/19678/mod\\_folder/content/0/5.%20Manejo%20de%20Datos%20y%20Estimacion%20de%20Par%C3%A1metros?forcedownload=1](http://ihe.org/pluginfile.php/19678/mod_folder/content/0/5.%20Manejo%20de%20Datos%20y%20Estimacion%20de%20Par%C3%A1metros?forcedownload=1).
- Talledo, M., y Zumaeta, K. (2009). Los virus Influenza y la nueva pandemia A/H1N1. *Revista peruana de biología*, 16(2), 227-238. <https://doi.org/10.15381/rpb.v16i2.212>
- UNESCO (2020). *COVID-19: Problemas sociales y psicológicos en la pandemia*. <https://es.unesco.org/news/covid-19-problemas-sociales-y-psicologicos-pandemia>.
- Unmubig, B. (2020). *Las consecuencias de la pandemia del coronavirus y lo que se debería hacer*. <https://co.boell.org/es/2020/09/22/las-consecuencias-de-la-pandemia-del-coronavirus-y-lo-que-se-deberia-hacer>.
- Uribarri, S. G., Meza, M. A. R., y Cota, J. L. C. (2013). Las matemáticas de las epidemias: caso México 2009 y otros. *CIENCIA ergo-sum, Revista Científica Multidisciplinaria de Prospectiva*, 20(3), 238-246. <https://www.redalyc.org/pdf/104/10428759009.pdf>
- Vega, A. (2020). *Hospitales colapsarán en enero si los contagios de COVID no bajan en diciembre, alertan médicos*. <https://www.animalpolitico.com/2020/12/hospitales-colapsaran-enero-si-contagios-covid-no-bajan/>.
- Vidal-Ledo, M., Guinovart-Díaz, R., Baldoquín-Rodríguez, W., Valdivia-Onega, N. C., y Morales-Lezca, W. (2020). Modelos matemáticos para el control epidemiológico. *Educación Médica Superior*, 34(2). [http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0864-21412020000200026](http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0864-21412020000200026)
- Villamizar-Lara, J. G. (2021). *Inferencia bayesiana para la esperanza de la tasa de letalidad acumulada diaria por COVID-19 a nivel mundial para el periodo de enero de 2020 a marzo de 2021*. <https://repositorio.unbosque.edu.co/handle/20.500.12495/6674>
- Volpert, V., Banerjee, M., y Petrovskii, S. (2020). On a quarantine model of coronavirus infection and data analysis. *Mathematical Modelling of Natural Phenomena*, 15, 24. <https://doi.org/10.1051/mmnp/2020006>
- Wang, W. & Zhao, X.-Q. (2012). Basic reproduction numbers for reaction-diffusion epidemic models. *SIAM Journal on Applied Dynamical Systems*, 11(4), 1652-1673. <https://doi.org/10.1137/120872942>
- WHO (2021). *WHO Coronavirus (COVID-19) Dashboard*. <https://covid19.who.int/>.
- Zarate-Siordia, A. L. (2012). *Modelación de enfermedades infecciosas con información geográfica*. [Tesis de maestría]. Universidad Autónoma Metropolitana Iztapalapa, División de Ciencias Básicas e Ingeniería.

## **Apéndice D**

### **Constancias de congresos, cursos y seminarios**



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL ESTADO DE HIDALGO

Instituto de Ciencias Básicas e Ingeniería

School of Engineering and Basic Sciences

Área Académica de Computación y Electrónica

Department of Electronics and Computer Science

Mineral de la Reforma, Hgo., a 01 de julio de 2022

**Número de control:** ICBI-AACyE/1185/2022

**Asunto:** Constancia de participación como instructor.

**A QUIEN CORRESPONDA:**

Por este medio se hace constar que el alumno Jorge Antonio Hernández Ávila con número de cuenta 250186, de la Maestría en Ciencias en Automatización y Control, impartió el curso titulado "PLC's", dirigido a estudiantes de la Licenciatura en Ingeniería en Electrónica, el cual se efectuó en el periodo enero-junio del año 2022, cubriendo un total de 10 horas.

Se extiende la presente para los fines y efectos a los que haya lugar.

Atentamente  
"Amor, Orden y Progreso"

Ing. Emmanuel Gutiérrez Rojas  
Coordinador de la Licenciatura en  
Ingeniería en Electrónica

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL ESTADO DE HIDALGO



Dr. Jesús Patricio Ordaz Oliver  
Jefe del Área Académica de  
Computación y Electrónica  
Vo.Bo.

Dr. Otilio Arturo Acevedo Sandoval  
Director del ICBI  
Vo.Bo.

Instituto de Ciencias Básicas e Ingeniería  
Área Académica de Computación y Electrónica

EGR/GMV

Ciudad del Conocimiento  
Carretera Pachuca-Tulancingo km 4.5 Colonia  
Carboneras, Mineral de la Reforma, Hidalgo,  
México. C.P. 42184  
Teléfono: +52 (771) 71 720 00 ext. 2250, 2251  
Fax 2109  
aacye\_icbi@uaeh.edu.mx



[www.uaeh.edu.mx](http://www.uaeh.edu.mx)

Unidos contra el  
**COVID-19**  
el nuevo cisne verde



Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo

La Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo  
y la Dirección de Investigación  
otorgan la presente

# CONSTANCIA

a

**HERNÁNDEZ ÁVILA JORGE ANTONIO**

Por su destacada participación como Autor(a) del trabajo titulado “CÓMO COADYUVAN LOS MODELOS MATEMÁTICOS A ENTENDER Y COMBATIR A LA COVID-19” presentado en el Encuentro Garza de Jóvenes Investigadores contra el COVID-19: “el nuevo cisne verde”.

“AMOR, ORDEN Y PROGRESO”  
Pachuca, Hgo., 11 octubre 2021

**DR. ORLANDO ÁVILA POZOS**

Coordinador de la División de Investigación,  
Desarrollo e Innovación

**DR. MARIO CRUZ CRUZ**

Director de Investigación





**EDUCACIÓN**  
SECRETARÍA DE EDUCACIÓN PÚBLICA



TECNOLÓGICO  
NACIONAL DE MÉXICO

**EL TECNOLÓGICO NACIONAL DE MÉXICO  
A TRAVÉS DEL INSTITUTO TECNOLÓGICO DE LA PAZ**

OTORGA LA PRESENTE

**CONSTANCIA**

A

**JORGE ANTONIO HERNÁNDEZ ÁVILA, RAÚL VILLAFUERTE  
SEGURA, JUAN EDUARDO VELÁZQUEZ VELÁZQUEZ  
y ROBERTO ÁVILA POZOS**

POR SU PARTICIPACIÓN CON EL TRABAJO:

**ESTUDIO DE LA PANDEMIA COVID-19 EN MÉXICO USANDO UN  
MODELO COMPARTIMENTAL CON RETARDOS**

EN EL NOVENO CONGRESO INTERNACIONAL DE ROBÓTICA Y COMPUTACIÓN,  
REALIZADO DEL DÍA 11 AL 13 DE MAYO DE 2022, MODALIDAD EN LÍNEA

LA PAZ, B.C.S., A 13 DE MAYO DE 2022

Atentamente

**“Excelencia en Educación Tecnológica®”**

**DR. MARIO CORTÉS LARRINAGA  
DIRECTOR**





**EDUCACIÓN**  
SECRETARÍA DE EDUCACIÓN PÚBLICA



TECNOLÓGICO  
NACIONAL DE MÉXICO

**EL TECNOLÓGICO NACIONAL DE MÉXICO  
A TRAVÉS DEL INSTITUTO TECNOLÓGICO DE LA PAZ  
OTORGA LA PRESENTE  
CONSTANCIA**

A

**JORGE ANTONIO HERNÁNDEZ ÁVILA**

POR SU PARTICIPACIÓN COMO PONENTE DEL TRABAJO:  
**ESTUDIO DE LA PANDEMIA COVID-19 EN MÉXICO USANDO  
UN MODELO COMPARTIMENTAL CON RETARDOS**  
EN EL NOVENO CONGRESO INTERNACIONAL DE ROBOTICA Y COMPUTACIÓN,  
REALIZADO DEL DÍA 11 AL 13 DE MAYO DE 2022, MODALIDAD EN LÍNEA

LA PAZ, B.C.S., A 13 DE MAYO DE 2022

Atentamente

**“Excelencia en Educación Tecnológica®”**

**DR. MARIO CORTÉS LARRINAGA**  
DIRECTOR



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL ESTADO DE HIDALGO  
INSTITUTO DE CIENCIAS BÁSICAS E INGENIERÍA  
OBSERVATORIO TECNOLÓGICO DEL ESTADO DE HIDALGO

Otorgan la presente:

**CONSTANCIA**

a:

**Jorge Antonio Hernández Ávila**

Por su asistencia en el Seminario de Investigación del Posgrado en  
Ciencias en Automatización y Control:

*"Mecanismos de Transferencia Tecnológica"*

20 de abril 2021

Dr. Otilio Arturo Acevedo Sandoval  
Director del Instituto de Ciencias Básicas e  
Ingeniería UAeH

Roberto Morales Estrella  
Director del OTech UAeH

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL ESTADO DE HIDALGO  
INSTITUTO DE CIENCIAS BÁSICAS E INGENIERÍA  
OBSERVATORIO TECNOLÓGICO DEL ESTADO DE HIDALGO

Otorgan la presente:

**CONSTANCIA**

a:

**Jorge Antonio Hernández Ávila**

Por su asistencia en el Seminario de Investigación del Posgrado en  
Ciencias en Automatización y Control:

*"Mecanismos de Transferencia Tecnológica"*

27 de abril 2021

Dr. Otilio Arturo Alavezdo Sandoval  
Director del Instituto de Ciencias Básicas e  
Ingeniería UAEEH

Roberto Morales Estrella  
Director del OTech UAEEH

La Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo a través del Instituto de Ciencias Básicas e Ingeniería otorga el presente

## RECONOCIMIENTO

a

**Jorge Antonio Hernández Ávila**

Por su participación como Revisor de Pádi Boletín Científico de Ciencias Básicas e Ingenierías del ICBI (ISSN: 2007-6363) del Vol. 10 No. 19 (2022), durante el periodo Enero-Junio de 2022.

Mineral de la Reforma, Hgo., a 28 de julio de 2022.

Atentamente  
“Amor, Orden y Progreso”



Dr. Otilio Arturo Acevedo Sandoval  
Director del ICBI

Dir. Raúl Villafuerte Segura  
Editor en Jefe



La Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo

otorga el presente

# RECONOCIMIENTO

a

**Ing. Jorge Antonio Hernández Ávila**

por su participación en el Seminario de Investigación de la Maestría y el Doctorado en Ciencias en Automatización y Control con la ponencia "Modelos matemáticos para fenómenos epidemiológicos".

"AMOR, ORDEN Y PROGRESO"

Mineral de la Reforma, Hidalgo; 07 de mayo de 2021.

**Dr. Otilio Arturo Acevedo Sandoval**  
Director del ICBI

Escuela con Calidad



La Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo

otorga el presente

# RECONOCIMIENTO

a

**Ing. Jorge Antonio Hernández Ávila**

por su participación en el Seminario de Investigación de la Maestría y el Doctorado en Ciencias en Automatización y Control con la ponencia “Cómo coadyuvar los modelos matemáticos a entender y combatir a la Covid-19”.

“AMOR, ORDEN Y PROGRESO”

Mineral de la Reforma, Hidalgo; 10 de septiembre de 2021.

A handwritten signature in blue ink, appearing to read 'Otilio', is written over a horizontal line.

**Dr. Otilio Arturo Acevedo Sandoval**  
Director del ICBI

La Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo a través del Instituto de Ciencias Básicas e Ingeniería otorga el presente

## RECONOCIMIENTO

al

**Ing. Jorge Antonio Hernández Ávila**

por su participación en el Seminario de Investigación de la Maestría y el Doctorado en Ciencias en Automatización y Control con la ponencia “Modelos matemáticos compartimentales para describir la dinámica de la transmisión de la COVID-19”.

Mineral de la Reforma, Hgo., a 04 de febrero de 2022.

Atentamente  
“Amor, Orden y Progreso”



Dr. Otilio Arturo Arcevedo Sandoval  
Director del Instituto de Ciencias Básicas e Ingeniería

