

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 ^a, R. Villafuerte-Segura ^{b,*}, J.E. Velázquez-Velázquez ^c, R. Ávila-Pozos ^d

^aÁrea Académica de Computación y Electrónica, Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo, 42184, Pachuca, Hidalgo, México.

^bÁrea Académica de Computación y Electrónica, Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo, 42184, Pachuca, Hidalgo, México.

^cUnidad Profesional Interdisciplinaria de Ingeniería Campus Hidalgo, Instituto Politécnico Nacional, 42162, San Agustín Tlaxiaca, Hidalgo, México.

^dÁrea 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 como 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 una discusión sobre el empleo de retardos en los modelos matemáticos y el uso del observador para estimar poblaciones compartimentales.

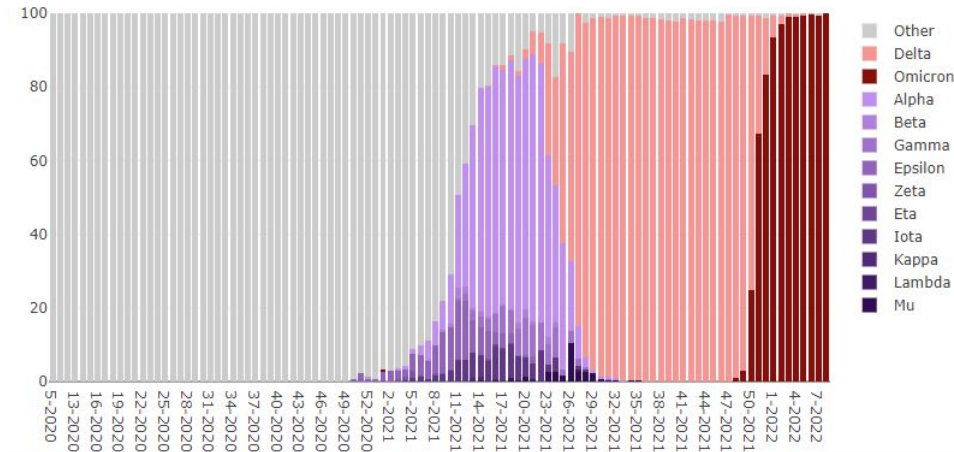


Figura 1: Proporción de las variantes del SARS-CoV-2 por semana (imagen tomada de (GISAID, 2022))

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 β y γ 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

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

donde:

- β es la tasa de transmisión de la enfermedad.
- γ y α son los recíprocos de los tiempos promedios que tarda un individuo en recuperarse de la enfermedad y en perder su inmunidad, respectivamente.
- τ_1 es el tiempo que tarda un individuo infeccioso en dejar de serlo, para así recuperarse de la enfermedad y adquirir inmunidad.
- τ_2 es el tiempo que tarda un individuo recuperado en volver a la clase susceptible.
- τ_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 τ_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 τ_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 τ_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 $\frac{\beta S(t)}{\gamma} \frac{I(t - \tau_3)}{I(t - \tau_1)} > 1$. 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:

$$\begin{aligned} \frac{d}{dt}I(t) &= (\beta S_0 - \gamma)I(t) \\ \implies I(t) &= I_0 e^{(\beta S_0 - \gamma)t} = I_0 e^{\gamma \left(\frac{\beta S_0}{\gamma} - 1\right)t} = I_0 e^{\gamma(\mathcal{R}_0 - 1)t}. \end{aligned}$$

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:

$$\begin{aligned} \frac{d}{dt}\hat{S}(t) &= -y(t) + \alpha \hat{R}(t - \tau_2) + L_1(\hat{y}(t) - y(t)), \\ \frac{d}{dt}\hat{I}(t) &= y(t) - \gamma \hat{I}(t - \tau_1) + L_2(\hat{y}(t) - y(t)), \\ \frac{d}{dt}\hat{R}(t) &= \gamma \hat{I}(t - \tau_1) - \alpha \hat{R}(t - \tau_2) + L_3(\hat{y}(t) - y(t)), \end{aligned} \tag{3}$$

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 β , el recíproco del tiempo promedio de recuperación γ , el tiempo promedio de pérdida de inmunidad α , así como el valor de los retardos τ_1 , τ_2 y τ_3 , son dados en la Tabla 2.

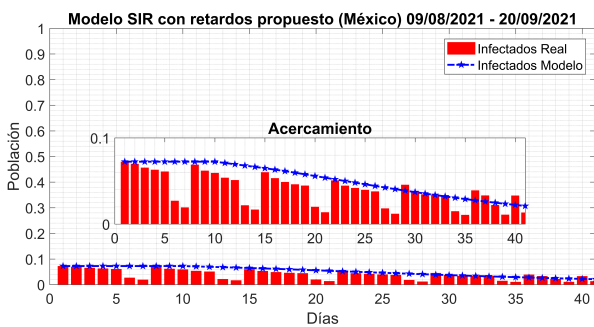


Figura 3: Simulación del modelo SIR (2) empleando β , γ , α , τ_1 , τ_2 y τ_3 dados en la Tabla 2.

En la Figura 3, es posible observar que el comportamiento obtenido por medio del modelo, utilizando los valores de la Tabla 2, se apegan 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 β , γ , α , τ_1 , τ_2 y τ_3 para el modelo SIR (2).

β	γ	α	τ_1	τ_2	τ_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.

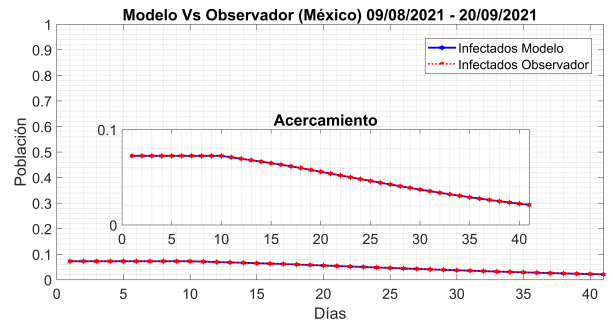


Figura 4: Simulación del modelo SIR (2) y del observador (3) empleando β , γ , α , τ_1 , τ_2 y τ_3 dados en la Tabla 2.

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 %).

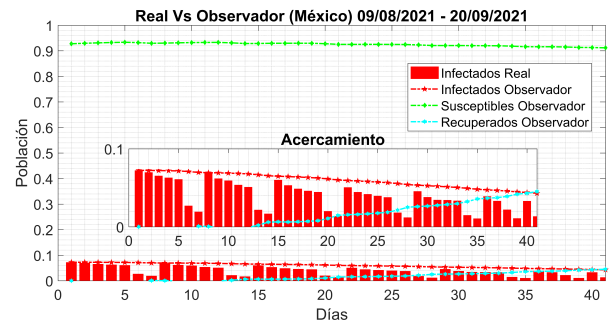


Figura 5: Simulación del observador (3) comparado con los datos reales empleando β , γ , α , τ_1 , τ_2 y τ_3 dados en la Tabla 2.

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 β , el recíproco del tiempo promedio de recuperación γ , el tiempo promedio de pérdida de inmunidad α , así como el valor de los retardos τ_1 , τ_2 y τ_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 apegan a los datos reales correspondientes a los casos

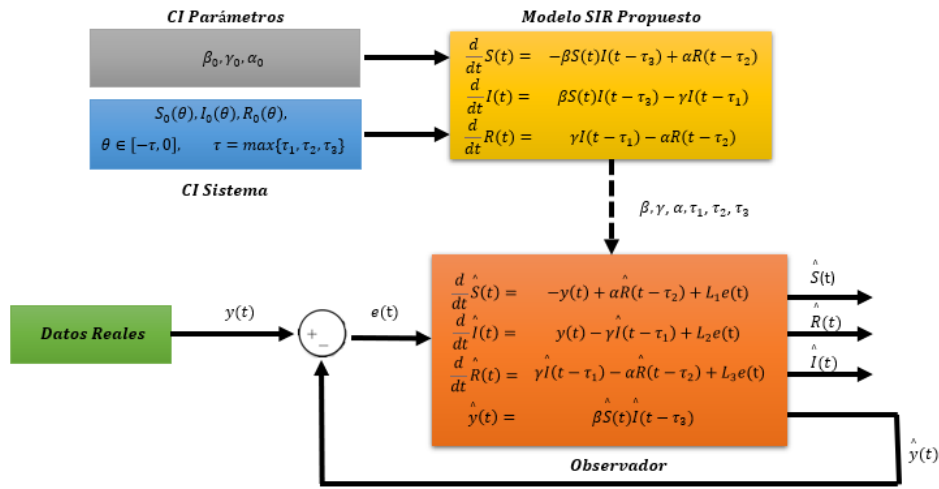


Figura 2: Comparación de la salida del observador contra los datos reales reportados por la OMS.

confirmados reportados por la OMS. Obteniendo un ECM de 0.0306 (3.06 %).

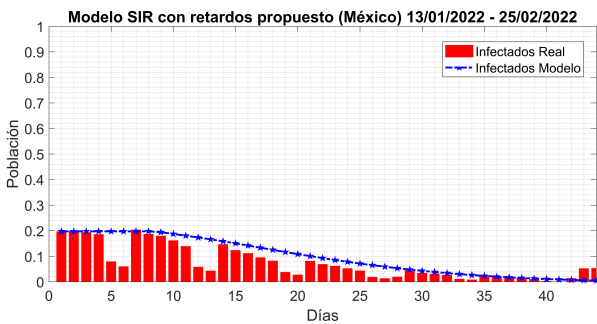


Figura 6: Simulación del modelo SIR (2) empleando $\beta, \gamma, \alpha, \tau_1, \tau_2$ y τ_3 dados en la Tabla 3.

Tabla 3: Valores $\beta, \gamma, \alpha, \tau_1, \tau_2$ y τ_3 para el modelo SIR (2).

β	γ	α	τ_1	τ_2	τ_3
0.059	0.081	0.0018	7.5	3	3.2

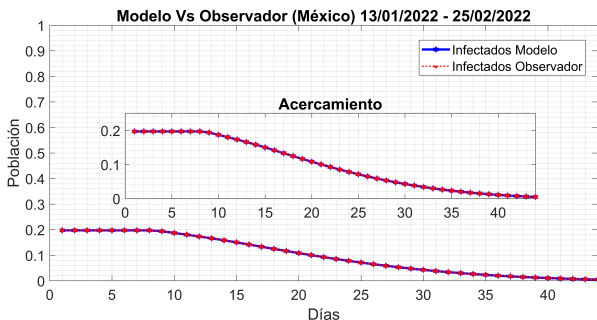


Figura 7: Simulación del modelo SIR (2) y del observador (3) empleando $\beta, \gamma, \alpha, \tau_1, \tau_2$ y τ_3 dados en la Tabla 3.

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.

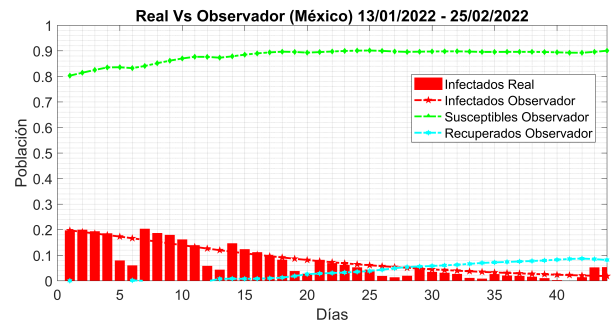


Figura 8: Simulación del observador (3) comparado con los datos reales empleando $\beta, \gamma, \alpha, \tau_1, \tau_2$ y τ_3 dados en la Tabla 3.

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.s1h.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).